

**MÉTODOS AMMI E GGE NO ESTUDO DA INTERAÇÃO
GENÓTIPOS X AMBIENTES EM ALGODÃO**

RUANA CHAGAS DA SILVA

UNIVERSIDADE ESTADUAL DA PARAÍBA

CAMPINA GRANDE – PB

MARÇO 2016

**MÉTODOS AMMI E GGE NO ESTUDO DA INTERAÇÃO GENÓTIPOS X
AMBIENTES EM ALGODÃO**

RUANA CHAGAS DA SILVA

Dissertação apresentada
ao Programa de Pós-
Graduação em Ciências
Agrárias da Universidade
Estadual da Paraíba /
Embrapa Algodão, como
parte das exigências para
obtenção do título de
Mestre em Ciências
Agrárias / Área de
Concentração:
Biotecnologia e
Melhoramento Vegetal.

Orientador: Prof. Dr. Diogo Gonçalves Neder

Coorientador: Dr. Francisco José Correia Farias

CAMPINA GRANDE – PB BRASIL

MARÇO 2016

É expressamente proibida a comercialização deste documento, tanto na forma impressa como eletrônica. Sua reprodução total ou parcial é permitida exclusivamente para fins acadêmicos e científicos, desde que na reprodução figure a identificação do autor, título, instituição e ano da dissertação.

S586m Silva, Ruana Chagas da.
Métodos AMMI e GGE no estudo da interação genótipos x ambientes em algodão [manuscrito] / Ruana Chagas da Silva. - 2016.
57 p. : il. color.

Digitado.
Dissertação (Mestrado em Ciências Agrárias) - Universidade Estadual da Paraíba, Pró-Reitoria de Pós-Graduação e Pesquisa, 2016.
"Orientação: Prof. Dr. Diogo Gonçalves Neder, Pró-Reitoria de Pós-Graduação e Pesquisa".
"Co-Orientação: Prof. Dr. Francisco José Correia Farias".

1. *Gossypium hirsutum*. 2. Cultivo do algodão. 3. Melhoramento genético. 4. Técnicas multivariadas. I. Título.
21. ed. CDD 633.51

**MÉTODOS AMMI E GGE NO ESTUDO DA INTERAÇÃO GENÓTIPOS X AMBIENTES
EM ALGODÃO**

RUANA CHAGAS DA SILVA

Dissertação apresentada ao Programa de Pós-Graduação em Ciências Agrárias da Universidade Estadual da Paraíba / Embrapa Algodão, como parte das exigências para obtenção do título de Mestre em Ciências Agrárias / Área de Concentração: Biotecnologia e Melhoramento Vegetal.

Apresentada em 8 de março de 2016

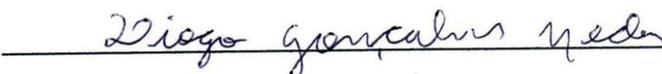
Banca Examinadora:



Dra. Nair Helena Castro Arriel (Recursos Genéticos e Melhoramento de Plantas) - EMBRAPA

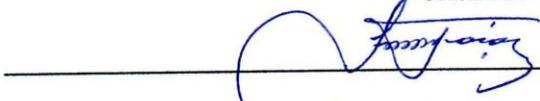


Prof. Dr. José Jaime Vasconcelos Cavalcanti (Genética e Melhoramento de Plantas) - EMBRAPA



Prof. Dr. Diogo Gonçalves Neder (Genética e Melhoramento de Plantas) - UEPB

Orientador



Prof. Dr. Francisco José Correia Farias (Genética e Melhoramento de plantas) – EMBRAPA

Coorientador

A Deus por me dar sabedoria, luz e força para lutar em busca dos meus objetivos e ultrapassar tantas barreiras.

Aos meus queridos pais, Pedro Mauricio e Jordânia Chagas pelo amor e dedicação o que me possibilitou de chegar ate o fim.

Ofereço

Aos meus amados avós, José Vicente Chagas (*in memoria*) e Maria do Carmo Silva Chagas que nunca mediram esforços para apoiar minha formação.

Aos meus queridos familiares e agregados por sempre me ensinarem a trilhar caminhos retos e confiar em Deus.

Dedico

AGRADECIMENTOS

A Deus, pela vida, por iluminar meus caminhos e por me dar forças para conquistar meus objetivos.

À minha família e ao meu namorado por ter me ensinado a acreditar que conseguiria alcançar mais essa vitória.

Ao Orientador Prof. Dr Diogo Gonçalves Neder, pela disponibilidade, confiança, paciência e suas valiosas orientações, o que me confortou a seguir nessa mais nova caminhada.

Ao professor Dr Francisco José Correia de Farias pelas orientações concedidas e pelo conhecimento compartilhado, pela disponibilização de dados para a realização dessa dissertação.

Ao programa de Pós-graduação em Ciências Agrárias da Universidade Estadual da Paraíba, pela oportunidade de realizar este estudo.

Aos professores do programa de Pós-graduação em Ciências Agrárias, por todos os ensinamentos, que foram fundamentais para o meu aprimoramento profissional, aos amigos de curso pelo companheirismo durante as atividades acadêmicas, em momentos divertidos e difíceis desse caminhar.

A todos que de alguma forma, direta e indiretamente contribuíram para realização deste trabalho. Minha gratidão!

SUMÁRIO

		i
	ABSTRACT	ii
1	INTRODUÇÃO.....	13
2	REVISÃO DE LITERATURA.....	15
2.1	A Cultura do algodão.....	15
2.2	Melhoramento genético do algodoeiro.....	16
2.3	Métodos de Melhoramento.....	18
2.4	Interação genótipos x ambientes.....	20
2.5	Métodos de adaptabilidade e estabilidade.....	22
2.6	Métodos Multivariados.....	23
2.7	Técnica de análise AMMI.....	24
2.8	Método GGE Biplot.....	25
3	MATERIAL E MÉTODOS.....	26
3.1	Dados utilizados nas análises.....	26
3.2	Análises de Variância.....	28
3.3	Estimativas dos efeitos genotípicos e de interação GxA.....	29
3.3.1	Método AMMI.....	31
3.3.2	Método GGE Biplot.....	32
4	RESULTADOS E DISCUSSÃO.....	33
4.1	Análises de Variância individuais.....	33
4.2	Análise de Variância Conjunta.....	35
4.3	Método AMMI.....	35
4.4	Método GGE Biplot.....	42
4.5	Comparação entre métodos.....	47
5	CONCLUSÕES.....	49
6	REFERÊNCIAS.....	50

LISTA DE TABELAS

Tabela 1	Genótipos utilizados para coleta de dados de produtividade ($\text{kg}\cdot\text{ha}^{-1}$) em oito localidades no Estado do Mato Grosso, safra 2008/2009.....	26
Tabela 2	Locais (Estado do Mato Grosso) de implantação dos ensaios de produtividade pelo programa de melhoramento genético do algodão da Embrapa Algodão, safra 2008/2009, com suas coordenadas geográficas e altitude.....	27
Tabela 3	Resumo do esquema das análises de variância individuais considerando todos os efeitos aleatórios.....	28
Tabela 4	Resumo do esquema da análise de variância conjunta considerando todos os efeitos aleatórios.....	29
Tabela 5	Representação da matriz dos efeitos da interação genótipos x ambientes (GxA).....	30
Tabela 6	Representação da matriz dos efeitos dos valores genotípicos somados aos efeitos da interação genótipos x ambientes (GxA).....	30

Tabela 7	Resumo das análises de variância para diferentes ambientes do Estado do Mato Grosso (Primavera do Leste – PVA, Pedra Preta – PET, Campo Verde – CV e Lucas do Rio Verde – LRV, Sapezal – SAP, Campo Novo dos Parecis – CNP, Novo Uiratã – NUB e Primavera do Leste 2 – PVA2).....	34
Tabela 8	Resumo da análise de variância conjunta para os diferentes ambientes do Estado do Mato Grosso.....	35
Tabela 9	Desdobramento da interação G x A, da análise AMMI, em seus componentes principais e seus respectivos testes de significância, conforme Gollob (1968).....	36
Tabela 10	Proporção da Soma de Quadrados da interação G x A por eixo singular.....	37

LISTA DE FIGURAS

- Figur a 1 GGE Biplot ‘Discriminative vs. Representativeness’ de 16 genótipos de algodão avaliadas em 8 ambientes do Estado do Mato Grosso.....39
- Figur a 2 Estimativas da produtividade dos genótipos vencedores (G2 – azul e G4 - vermelho), expressas em função dos escores AMMI1 dos ambientes.....40
- Figur a 3 Biplot AMMI₂ com os dois primeiros componentes principais de interação (IPCA₁ e IPCA₂), para os dados de produção em caroço (kg) de 16 genótipos em oito ambientes.....
....41
- Figur a 4 GGE Biplot ‘which won where’ de 16 genótipos de algodão avaliadas em 8 ambientes do Estado do Mato Grosso.....43
- Figur a 5 GGE Biplot ‘Mean vs. Stability’ de 16 genótipos de algodão avaliadas em 8 ambientes do Estado do Mato Grosso.....44
- Figur a 6 GGE Biplot ‘Ranking Genotypes’ de 16 genótipos de algodão avaliadas em 8 ambientes do Estado do Mato Grosso.....45
- Figur a 7 GGE Biplot ‘Discriminative vs. Representativeness’ de 16 genótipos de algodão avaliadas em 8 ambientes do Estado do Mato Grosso.....46

LISTA DE ABREVIATURAS

EMBRAPA	Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária
IAC	Instituto Agronômico de Campinas
AMMI	Additive Main Effects and Multiplicative Interaction Analysis
GGE	Genotype and Genotypes by Environment Interaction
CNPA	Centro Nacional de Pesquisa de Algodão

RESUMO

SILVA, Ruana Chagas da. M. Sc., Universidade Estadual da Paraíba/Embrapa Algodão, Março, 2016. **MÉTODOS AMMI E GGE NO ESTUDO DA INTERAÇÃO GENÓTIPOS X AMBIENTES EM ALGODÃO.** Diogo Gonçalves Neder. Francisco José Correia Farias.

O presente estudo foi realizado com o objetivo de avaliar os efeitos da interação genótipo x ambiente, analisar adaptabilidade e estabilidade dos genótipos, além do agrupamento dos ambientes, por meio dos métodos AMMI (Additive Main effects and Multiplicative Interaction Analysis), GGE Biplot (Genotype and Genotypes by Environment Interaction). Foram utilizados dados obtidos junto ao programa de melhoramento genético da Embrapa Algodão, referentes a 16 genótipos de algodão, em oito locais (ambientes) distribuídos no Mato Grosso. Foram realizadas análises de variância individual e conjunta, em seguida, as análises de adaptabilidade e estabilidade por meio dos métodos AMMI e GGE Biplot. Em relação à proporção da captura da interação GxA nos dois primeiros eixos, pelas duas metodologias, notou-se uma pequena superioridade do GGE (72,64%) em relação à análise AMMI (68,28%). Os ambientes A4 e A6 foram os que mais contribuíram para a interação GxA, enquanto os ambientes A2 e A3 os que menos influenciaram pelos dois métodos. Os genótipos G4 (FMT 701) e G9 (LD CV 05) destacaram-se como mais estáveis, combinando ampla adaptação e produtividade, seguidos por G12 (Nuopal), G14 (CNPA MT 04 2080), G15 (CNPA MT 04 2088) e G16 (CNPA GO 03 -1947). A metodologia GGE mostrou-se ser de mais fácil interpretação e com resultados menos subjetivos do que AMMI.

Palavras-Chave: *Gossypium hirsutum*, Melhoramento, Técnicas Multivariadas.

ABSTRACT

SILVA, Ruana Chagas da. M. Sc., Universidade Estadual da Paraíba / Embrapa Cotton March, 2016. **AMMI AND GGE METHODS OBSERVED DURING THE STUDY GENOTYPES X ENVIRONMENTS INTERACTION IN COTTON PLANTING.**

Diogo Gonçalves Neder. Francisco José Correia Farias.

This study aims to evaluate the effects of genotype x environment interaction by checking adaptability and stability, in addition to the grouping of environments through the AMMI methods (Additive Main effects and Multiplicative Interaction Analysis), GGE Biplot (Genotype and genotypes by Environment Interaction). The data were collected from the breeding program at Embrapa Cotton, referring to 16 cotton genotypes in eight locations (environment) in the state of Mato Grosso, Brazil. The analysis of individual and joint variance were carried out, then the analysis of adaptability and stability through the AMMI and GGE Biplot methods. Regarding the proportion of the capture of GE interaction in the first two axes, according to the two methodologies, a small superiority was noted of GGE (72.64%) compared to AMMI analysis (68.28%). The A4 and A6 environments were the main contributors to GE interaction, while the A2 and A3 environment the least influenced by GE interaction in both methods. The G4 genotypes (FMT 701) and G9 (LD CV 05) stood out as the most stable, combining broad adaptation and productivity, followed by G12 (Nuopal), G14 (CNPA MT 04 2080, G15 (CNPA MT 04 in 2088) and G16 (CNPA GO 03 -1947). The GGE methodology proved to be easier to interpret as well as less subjective to provide results than AMMI.

Keywords: *Gossypium hirsutum*, improvement, Multivariate analysis.

1. INTRODUÇÃO

O algodão herbáceo (*Gossypium hirsutum* L.) é uma das cinco principais culturas agrícolas do Brasil, destacando-se principalmente nos últimos dez anos, quando houve reconhecimento da qualidade de pluma produzida. Isto conduziu o país à condição de terceiro maior exportador dessa Commodity. O Brasil ocupa a quinta posição no ranking mundial dos países produtores de algodão, atrás apenas da China, Índia, Estados Unidos e Paquistão (ICAC, 2014).

A cultura do algodão vem se tornando cada vez mais importante no cenário agrícola nacional, sendo um dos principais produtos agrícolas cultivados no Cerrado. Nessa região os principais produtores são os estados do Mato Grosso, Bahia, Goiás e Mato Grosso do Sul. A área plantada de algodão no Brasil, 2014/2015, foi de 630,8 mil hectares de produção em caroço (CONAB, 2015).

Para que a Cottonicultura se torne mais competitiva, um dos principais aspectos a ser considerado é o uso de cultivares adaptável, produtivas e estáveis. Nesse contexto, o principal objetivo dos programas de melhoramento vegetal é a identificação de genótipos com alto potencial produtivo, associado à ampla adaptabilidade e estabilidade sendo o principal objetivo dos programas de melhoramento. No entanto, a interação genótipo x ambiente que é a resposta diferenciada dos genótipos perante os ambientes, especialmente quando a classificação muda de um ambiente para outro. Genótipos com esse tipo de resposta não possuem ampla adaptação ou estabilidade. A identificação da interação é importante para determinar os objetivos do programa de melhoramento, com a escolha dos genitores, identificação das condições ideais de teste e recomendação por região de adaptação das cultivares (YAN et al.,2000).

Para minimizar os desafios da baixa estabilidade, frente aos ambientes de seleção, é recomendável que análises de adaptabilidade e estabilidade sejam realizadas. Para analisar a adaptabilidade e estabilidade, encontram-se na literatura diversas metodologias, podendo-se destacar as análises multivariadas AMMI, GGE Biplot e

Análise de fatores e, dentro do conceito de modelos mistos, o REML/BLUP. Praticamente todos buscam quantificar o comportamento dos genótipos quanto a sua estabilidade nos diversos ambientes (CRUZ et al., 2001).

No contexto do melhoramento as características agronômicas e agroindustriais refletem as diferenças genéticas entre as cultivares (RAMALHO et al., 2001), portanto com base nesses parâmetros recomendam-se para cada região produtora, cultivares em função de seu respectivo ambiente de produção (LANDELL E BRESSIANI, 2008).

Diante disso, o objetivo desse estudo foi comparar os métodos AMMI e GGE Biplot na interação genótipos x ambientes em algodão, considerando adaptabilidade e estabilidade, além do agrupamento dos ambientes.

2. REVISÃO DE LITERATURA

2.1. A Cultura do algodão

O algodão é pertencente à família Malvaceae, gênero *Gossypium* do quais quatro espécies são cultivadas no mundo, *G. hirsutum* L, *G. barbadense* L, *G. arboreum* L e *G. herbaceum* L (Frexell, 1992). Esse gênero é constituído por mais de 50 espécies nativas de regiões áridas e semiáridas das Américas, Ásia, África e Austrália, sendo que destas, 45 são diploides ($2n = 2x = 26$ cromossomos) e 5 alotetraploides ($2n = 4x = 52$ cromossomos).

As espécies do gênero *Gossypium*, são divididas em grupos genômicos, sendo oito diploides ($2n=26$, dos grupos; A, B, C, D, E, F, G e K) e um tetraploide ($2n= 4x$ 52AD), baseado nos tamanhos dos cromossomos e pareamento de cromossomos homólogos de híbridos interespecíficos (Percival et. al., 1999; Freire, 2000), ou seja, as cinco espécies alotetraploides são anfidiplóides formadas a partir da duplicação de cromossomos em cruzamentos interespecíficos entre os genomas A e D (WENDEL E CRONN, 2003).

O local de origem do gênero *Gossypium* não é conhecido, mas os centros primários de diversidade são o México (18 espécies), nordeste da África e Arábia (14 espécies) e Austrália (17 espécies) (WENDEL E ALBERT, 1992).

O algodão é produzido em mais de 80 países de clima tropicais e temperados. Os principais produtores mundiais de algodão são, a Índia (5,98 milhões de toneladas), a China (6,58 milhões de toneladas), os Estados Unidos (2,82 milhões de toneladas), o Paquistão (2,31 milhões de toneladas), o Brasil (1,67 milhões de toneladas) e o Usbequistão (0,98 milhão de toneladas) (CONAB, 2016).

O algodoeiro produz a mais importante fibra têxtil do mundo e é grande fonte de óleo vegetal, prestando significativa contribuição à economia brasileira. Os crescentes avanços tecnológicos empregados na cultura na última década, principalmente nas áreas

de cerrado, têm permitido aos produtores brasileiros alcançar grande eficiência no processo produtivo. Parte desse sucesso é atribuída ao desenvolvimento de novas cultivares, mais adaptadas às regiões produtoras em termos de características agronômicas e de fibra (LANZA 2005).

2.2. Melhoramento genético do algodoeiro

O melhoramento do algodão no Brasil já foi marcado pela estreita base genética das cultivares, visto que os materiais utilizados nos cruzamentos eram descendentes exclusivamente das variedades Auburn 56 e da Tamcot SP, ambas originárias dos Estados Unidos. Somente a partir de 1995, que iniciou a inclusão nos trabalhos de seleção de novos materiais originados da Austrália (CARVALHO, 2008).

Atualmente o Brasil é considerado o sétimo maior produtor têxtil do mundo, apresentando oportunidades internas de expansão com aumento de seu consumo per capita, que é de 9 quilogramas por habitante ano de fibra de algodão. Para a indústria têxtil, é importante o crescimento do consumo e do cultivo do algodão, uma vez que os gastos com transportes tornam-se menores (BELTRÃO et al., 2008).

O Mato Grosso desenvolveu uma cotonicultura sólida nos últimos anos e se tornou líder no processo produtivo brasileiro, sendo responsável nesta safra por 57% da produção brasileira de algodão em pluma. Por essa razão a oferta nacional mantém uma estreita vinculação como o que ocorre com a safra mato-grossense. Com efeito, a área do estado para a safra 2014/15 atingiu 562,7 mil hectares, com a produtividade estimada em 1.546 kg/ha, em função das condições climáticas durante o desenvolvimento da cultura. A produção estadual atingiu 870 mil toneladas de pluma (CONAB, 2015).

Dentre as características de destaque a serem melhoradas no algodoeiro, estão as características agronômicas ligadas à produtividade, à arquitetura da planta, à porcentagem de fibra e as características tecnológicas da fibra. A produtividade é o fator de maior importância, pois é resultado de vários fatores como volume de frutificação, porcentagem de retenção de frutos, tamanho cápsula, e quantidade de fibra por semente, fatores estes que muitas vezes, se correlacionam negativamente (FARIAS et al., 2008).

Outra característica muito importante é a retenção de frutos pela planta, pois a retenção e a produção estão diretamente relacionadas. As partes que mais contribuem

para a produção são o terço médio e o terço inferior, em que juntos são responsáveis por 80% da produção de algodão (SOARES et al.,1999).

O melhoramento do algodoeiro no Brasil teve início em 1921, quando foi reativado, no Ministério da Agricultura, o Serviço Federal do Algodão com os objetivos de dar assistência técnica aos agricultores, estimular o melhoramento das variedades.

Em 1924, o Instituto Agrônômico de Campinas (IAC) iniciou os trabalhos de melhoramento genético do algodoeiro. Nessa época, foram iniciados também os programas de melhoramento do algodoeiro herbáceo e arbóreo no Maranhão, Paraíba, Rio Grande do Norte, Pernambuco, Ceará e Sergipe, nas estações experimentais de Coroatá, no Maranhão; Cruzeta, no Rio Grande do Norte; Pendência, no Município de Soledade, na Paraíba; Surubim e Serra Talhada, em Pernambuco; Santo Antônio do Pitaguari, Município de Maranguape; no Ceará e Quissamã, em Sergipe (MOREIRA; SANTOS, 1994).

Nas décadas de 1980 e 1990, os trabalhos de melhoramento do algodoeiro executados no Cerrado do Centro-Oeste eram restritos à avaliação de cultivares desenvolvidas pelo IAC, Iapar e Embrapa Algodoeiro, oriundas dos estados de São Paulo, Paraná e da região Nordeste do Brasil. As cultivares que apresentavam comportamento produtivo superior eram indicadas para plantio, adquirindo sementes produzidas nos estados de origem para distribuição aos produtores do Centro-Oeste. (FREIRE, 1998).

No Estado de Goiás, as pesquisas com melhoramento iniciaram na década de 1980, por meio de uma parceria entre o Instituto Agrônômico de Campinas com o Grupo Maeda. Nessa época, no Mato Grosso, os grandes produtores do Cerrado iniciaram a busca por novas alternativas agropecuárias, impulsionados pela crise de rentabilidade da soja, além dos problemas fitossanitários, advindos da exploração contínua dos solos com a soja, como o cancro-da-haste, olho-de-rã e o nematoide de cisto (FREIRE, 1998).

Em 1989, foi estabelecido um convênio entre a Embrapa – Centro Nacional de Pesquisa de Algodão – e a Itamarati Norte, com o objetivo de geração de tecnologia para a exploração do algodão no Cerrado de Mato Grosso, incluindo a introdução e avaliação de cultivares e melhoramento do algodoeiro para fibras médias e longas (FREIRE et al., 1998).

A partir de 1995, novas empresas de melhoramento passaram a investir no Cerrado. No início foi a Fundação Mato Grosso – em parceria com a Embrapa Algodão,

com o Instituto Agronômico de Campinas e com o Instituto Agronômico do Paraná – e a Coodetec – em parceria com o Cirad, da França. Posteriormente, vieram a Bayer CropScience, que se associou à CSD-Csiro da Austrália; a Delta and Pine Land Co., que se associou ao Grupo Maeda, criando a MDM para produção e distribuição de suas sementes no Cerrado e, por fim, a Monsanto, por meio da compra da Stoneville, que já atuava no Município de Primavera do Leste, MT, e posteriormente por meio da compra da Deltapine.

O advento da lei de proteção de cultivares atraiu as empresas privadas para o mercado brasileiro de cultivares de algodoeiro, aumentando o número de programas de melhoramento no Brasil. Segundo Freire et al. (2007), além da Embrapa, três instituições públicas (Epamig, IAC e Iapar) e cinco privadas (Delta Pine & Land Co., Stoneville, Bayer CropScience, Coodetec e Fundação MT) possuíam programas de pesquisa estruturados, no Brasil. Atualmente esse panorama já se modificou, porque a Monsanto comprou a Deltapine e a MDM, e o Instituto Mato-Grossense do Algodão (IMA) comprou o programa de melhoramento da Coodetec e da LD Melhoramento.

2.3. Métodos de melhoramento

Apesar das flores do algodoeiro ser hermafrodita, a fertilização do algodoeiro resulta da combinação da autofecundação e do cruzamento natural, dependendo da incidência de insetos, como vetores de pólen (FREIRE et al, 2008), apresentando assim um sistema intermediário de acasalamento. E portanto, utilizando métodos de melhoramento de plantas autógamas.

Os métodos de melhoramento do algodoeiro são agrupados em seleção massal, genealógica, pedigree-massal, recorrente, ou ainda por hibridação, retrocruzamento e uso do vigor híbrido (GRIDI PAPP, 1969; FREIRE, 1983; NILES; FEASTER, 1984; LEE, 1987).

Na seleção massal, a população original é avaliada e um número de plantas é selecionado com base no fenótipo. O ciclo de seleção pode ser repetido uma ou mais vezes para aumentar a frequência de alelos favoráveis. Um dos principais problemas da seleção massal é que ela é baseada somente no fenótipo. Por isso, este tipo de seleção é muito influenciado pelo ambiente. O principal uso desse método é na obtenção de novas variedades em espécies vegetais que ainda não foram muito trabalhadas geneticamente ou para caracteres de alta herdabilidade. Como ocorre para plantas autógamas, a seleção

massal também pode ser usada na produção de sementes para a manutenção da pureza varietal em campos de sementes (ALVES; RAMALHO; SOUZA, 2002).

A seleção genealógica, também conhecida como seleção individual, seleção de pedigree e seleção de progênies, é o principal método empregado na maioria dos programas de melhoramento do algodoeiro e consiste na seleção individual de plantas, baseando-se nas características fenotípicas, com estudo posterior das progênies, conduzidas predominantemente sob autofecundação artificial. Plantas superiores são eleitas nas melhores progênies, estudando-se comparativamente sua descendência, até optar-se por uma linhagem superior, que será multiplicada como a nova cultivar. Essa metodologia é aplicada tanto em populações com pouca variabilidade como em populações segregantes, derivadas de hibridações intra ou interespecíficas (CRISÓSTOMO, 1989).

O método denominado seleção pedigree-massal, adotado inicialmente por Harland (1944), e que consiste na seleção individual de plantas, no estudo das progênies sob polinização livre e na mistura das melhores para formar uma nova população denominada *bulk*, repetindo-se o processo, favorece a recombinação durante a seleção.

Os métodos de seleção recorrente foram designados para a melhoria da população, pelo aumento da frequência de genes desejáveis, para o caráter sob seleção, para manutenção da variabilidade genética, visando ao melhoramento contínuo e à oportunidade de seleção de genótipos superiores em qualquer ciclo. A seleção recorrente tem como pressupostos: a) o uso de uma população de base genética ampla; b) a inclusão do germoplasma mediante seleção; c) o uso da seleção cíclica para aumentar a frequência de alelos favoráveis para os caracteres em seleção; d) as populações como possíveis fontes de novas cultivares melhoradas (HALLAUER; MIRANDA FILHO, 1981).

O melhoramento de plantas por método de retrocruzamento envolve uma série de cruzamentos da progênie de duas variedades selecionadas com um dos genitores, por exemplo [(A x B) x A]. A variedade que participa apenas do cruzamento inicial, no exemplo a variedade B, é denominada genitor doador ou não recorrente e a que é utilizada nos cruzamentos repetidos, no exemplo, a variedade A, genitor recorrente. O termo recorrente indica que a variedade é utilizada repetidas vezes durante o programa (BORÉM, 1997).

O objetivo do método dos retrocruzamentos é a recuperação do genitor recorrente, exceto em relação ao alelo de interesse que estão sendo transferidos. Características com alta herdabilidade, controladas por um ou poucos genes, são mais facilmente melhoradas por esse método (BORÉM, 1997).

2.4. Interação genótipos x ambientes

A $G \times A$ tem sido um foco de pesquisa entre biometristas e geneticistas quantitativos desde o início de 1900 (Yan & Kang, 2003). Com a noção de que a $G \times E$ é indesejável e/ou que confunde avaliação de genótipos, muito trabalho tem sido dedicada ao desenvolvimento de índices de estabilidade para quantificar e selecionar contra $G \times A$. Diversos métodos estatísticos destinados à avaliação da $G \times A$ estão disponíveis no sentido de entender melhor este efeito e a escolha do método mais adequado depende dos dados experimentais, os estudos de $G \times E$ vêm se destacando e ganhando grande aplicabilidade nas duas últimas décadas (Hongyu et al., 2014; Arciniegas-Alarcón et al., 2014).

Em determinado ambiente (A), a manifestação fenotípica é o resultado da ação do genótipo (G) sob influência do meio. Entretanto, quando se considera uma série de ambientes, como é o caso de experimentos conduzido em programas de melhoramento, detecta-se, além dos efeitos genéticos e ambientais, um efeito adicional, proporcionado pela interação destes ($G \times A$). As causas da interação têm sido atribuídas a fatores fisiológicos e bioquímicos próprios de cada genótipo cultivado (CRUZ et al., 2001).

As interações $G \times A$ podem ser caracterizadas em simples ou complexa. É definido como interação simples, aquela em que se verificam apenas diferenças de comportamento entre os genótipos nos ambientes em que estes estão sendo avaliados. Esse tipo de interação não impõe nenhuma dificuldade à seleção dos genótipos superiores e à indicação de cultivares, pois, a ordem relativa desses, referente ao desempenho nos distintos ambientes, sempre é a mesma. As interações complexas são caracterizadas pela falta de correlação entre os genótipos em relação aos ambientes em que estes estão sendo avaliados (Cruz et al., 2001). Desse modo essa condição é verificada quando ocorre uma alteração na ordem relativa de classificação dos genótipos. Esse tipo de interação reduz a eficiência de seleção e a precisão na indicação de cultivares (CROSSA E CORNELIUS, 1997).

A interação $G \times A$ é o componente da variação fenotípica resultante do comportamento dos genótipos, diferente do previsto pelo modelo apresentado, quando submetidos a mais de um ambiente. Sua magnitude na expressão fenotípica do caráter pode reduzir a correlação entre fenótipo e genótipo, alterando sua estimativa da variância genética e, por sua vez, parâmetros dependentes desta, como herdabilidade e ganho genético com a seleção (ROCHA; VELLO, 1999).

Dessa maneira, a interação $G \times A$ pode ser definida como sendo o efeito diferencial dos ambientes sobre os genótipos (Chaves, 2001). Essa interação pode ser provocada por fatores fisiológicos e adaptativos, entre outros (Cruz & Carneiro, 2003). Por outro lado, Cruz & Regazzi (2001) citam ainda que a interação pode ser atribuída a fatores bioquímicos próprios de cada genótipo cultivado. A interação $G \times A$ geralmente mostra diferença na expressão final do potencial dos genótipos (EBERHART & RUSSEL, 1966).

O estudo da interação $G \times A$ está presente na avaliação de diversas características, especialmente aquelas referentes aos componentes de produção, comprovada em vários trabalhos conduzidos com a cultura no Brasil (Ramalho et al., 1998, 2002; Carbonell et al., 2004; Oliveira et al., 2006; Melo et al., 2007; Pereira et al., 2009a, 2010; Torga, 2011). Poucos trabalhos relacionados à interação $G \times A$ existem para a qualidade de fibra em genótipos de algodão.

Em diversos trabalhos é apresentada a importância da interação $G \times A$ por meio da porcentagem de sua participação na soma de quadrados total (SQ) ou do valor da variância da interação (σ^2_{ij}). Rea et al. (2011) apontam que 14% da SQ da variável toneladas de cana de açúcar por hectare refere-se a interação $G \times A$. Já Mohammadi e Amri (2009) avaliando trigo encontraram 13,36% para produção de grãos, Malla et al. (2010) trabalhando com trigo de inverno apresentaram 42,2% da variação total devido à interação $G \times A$. Já Araújo et al. (2010) em um estudo com feijão encontrou 28%, Sabaghnia et al. (2008) estudando 11 genótipos de lentilhas em 20 ambientes observaram que 40% da variação total era devido à interação $G \times A$ e Samonte et al. (2005), pesquisando a cultura do arroz apresentou uma participação de 27,6% da variação total referente à interação $G \times A$.

As plantas têm o desenvolvimento afetado pelos efeitos de ambiente (A), genótipo (G) e da interação entre ambos $G \times A$, sendo o último efeito o que promove significativas diferenças no desempenho das cultivares quando estas são cultivadas em

diferentes locais (MOHAMMADI et al., 2007), em função disso é importante avaliar com eficiência a interação G x A, a fim de identificar e ou atenuar seus efeitos.

Dentre as metodologias mais recentes, têm-se o modelo AMMI (Gauch, 1992) é um método estatístico para compreender a estrutura de interações entre genótipos e ambientes e o modelo GGE biplot, proposto por Yan et al. (2000), que considera o efeito principal de genótipo mais a interação genótipo e ambiente. Ambas as análises, baseadas em gráficos biplot, representam uma matriz de dados.

2.5. Métodos de adaptabilidade e estabilidade

Há diversas teorias para a avaliação da adaptabilidade e estabilidade, as quais diferem quanto aos seus conceitos e procedimentos biométricos de estimação (Camargo Buitrago et al., 2011; Silva & Benin, 2012). As análises de adaptabilidade e estabilidade são, portanto, procedimentos estatísticos que permitem, de algum modo, identificar as cultivares de comportamento mais estável e que respondem previsivelmente às variações ambientais. (ROCHA, 2002).

Realizam-se análises de adaptabilidade e de estabilidade, pelas quais se torna possível a identificação de cultivares com comportamento previsível e que sejam responsivas às variações ambientais, seja em condições específicas ou amplas (Cruz & Regazzi, 2001). Para que as estimativas dos parâmetros de estabilidade possam ser úteis, as avaliações devem ser realizadas nas condições ambientais que melhor representem as condições de cultivo prevalentes (RAMALHO et al., 1998).

A adaptabilidade deve ser considerada sob duas perspectivas: de adaptação ampla ou específica. O objetivo do melhoramento para adaptação ampla é obter cultivares com bom desempenho em aproximadamente todos os locais de cultivo. Já no melhoramento para adaptação específica, o objetivo é obter cultivares que se desempenhem bem em apenas uma parte bem definida da região de cultivo (ANNICCHIARICO, 2002).

Uma variedade com estabilidade estática apresenta comportamento constante, independentemente das variações do ambiente, e não apresenta qualquer desvio em relação a seu desempenho. Estatisticamente, sua variância em diferentes ambientes é zero. A estabilidade estática, também denominada estabilidade biológica, é quantificada pela variância ambiental que mede os desvios em relação à média geral de cada genótipo. Esse tipo de estabilidade é desejável para características como resistência a

doenças, indeiscência de vagens e resistência ao acamamento (BORÉM; MIRANDA 2009).

Por outro lado uma variedade com estabilidade dinâmica, ou estabilidade agronômica, responde à variação de ambiente de forma previsível, ou seja, somente os desvios relacionados com a reação geral do genótipo contribuem para a instabilidade. Para a maioria das características quantitativas, os genótipos respondem às variações de ambiente com variações no fenótipo (BORÉM; MIRANDA, 2009).

O método de Eberhart e Russell (1966) fundamenta-se na regressão linear e considera desejáveis os genótipos com alto rendimento médio, coeficientes unitários de regressão e desvios da regressão praticamente nulos. A adaptabilidade é obtida pela média e pelo coeficiente de regressão β_1 enquanto que a estabilidade é estimada pela variância dos desvios da regressão (σ^2_{di}).

A metodologia proposta por Cruz et al. (1989) tem por base a análise de regressão bi-segmentada, considerando como parâmetros de adaptabilidade a média e a resposta linear aos ambientes favoráveis e desfavoráveis. A estabilidade dos genótipos é avaliada pelo desvio da regressão de cada cultivar e pelo valor do coeficiente de determinação, em função das variações ambientais.

A metodologia de Cruz et al. (1989) tem sido utilizada por vários pesquisadores para estudo da estabilidade e adaptabilidade de cultivares às variações ambientais (HAMAWAKI et al., 2003; GAMA et al., 2000; CARVALHO et al., 2000).

2.6. Métodos multivariados

É perceptível nos últimos anos, devido a quantidade de trabalhos dando ênfase nas análises de interação G x A o uso de técnicas multivariadas, pois apesar da facilidade de interpretação de varias técnicas univariadas, essas tem limitações e criticas de ambos os pontos de vista, biológico ou estatístico (Kandus et al.,2010), e é normal resumir a interação G x A em uma estatística univariada (Babic et al.,2010). Dentre as análises multivariadas, para dados de Multiambientes , destacam-se AMMI (*Additive Main Effect and Multiplicative Interaction*) e GGE (*Genotype plus Genotype by Environment*) por apresentarem os *biplots* para auxiliar a interpretação (SILVA et al., 2011).

Essas técnicas ficaram, por muito tempo, restritas a alguns pesquisadores devido à dificuldade de acesso aos recursos computacionais e falta de programas específicos que realizassem análises de uma forma mais prática e acessível. Atualmente, com o avanço dos recursos computacionais a dificuldade da realização das análises multivariadas para a interação G x A foram reduzidas, pois diversos programas estatísticos já estão disponíveis. Dentre eles destaca-se o ambiente estatístico R (R CORE TEAM, 2012), por ser um *software* livre, sem custos e amplamente reconhecido no meio científico.

A análise Multivariada é uma ferramenta estatística que possibilita uma visão global do fenômeno, pois estuda as relações entre as variáveis e como seus efeitos determinam o comportamento das variáveis e a totalidade do fenômeno (FERREIRA, 2008). Tal análise também é definida como um conjunto de métodos estatísticos e matemáticos, destinada a descrever e interpretar os dados que provêm da observação de diversas variáveis estudadas conjuntamente e algumas estruturas de correlação (JOHNSON e WICHERN, 2006).

Em relação à estatística multivariada, também cabe ressaltar a importância do conhecimento computacional, uma vez que, os mais diversos métodos de análises multivariadas são desenvolvidos em softwares estatísticos, o que facilita muito o trabalho do pesquisador. São muitas as técnicas para análise multivariada, cada uma com sua finalidade específica. Sendo assim, a técnica a ser aplicada vai depender daquilo que o pesquisador pretende afirmar em relação aos seus dados. Algumas técnicas são utilizadas para prever, outras para aperfeiçoar, outras para resumir, cada uma com seus respectivos métodos e aplicabilidades (YAN et al., 2000)

2.7. Técnica de análise AMMI

A técnica de análise AMMI (*Additive Main Effects and Multiplicative Interaction Analysis*), que significa modelo de efeitos principais aditivos e interação multiplicativa. Este procedimento combina técnicas estatísticas, como a análise de variância e a análise de componentes principais, para ajustar, respectivamente, os efeitos principais (genótipos e ambientes) e os efeitos da interação G x E (DUARTE E VENCOVSKY, 1999).

A análise AMMI combina a análise de variância e a análise de componentes principais, para ajustar, respectivamente, os efeitos principais (genótipos e ambientes) e os efeitos da interação GA. Gauch e Zobel (1997) informam que esta análise pode ajudar tanto na identificação de genótipos de alta produtividade e largamente adaptados, como na realização do chamado zoneamento agrônômico com fins de recomendações regionalizadas e seleção de locais de teste.

Zobel et. al. (1988) sustentam que o método AMMI permite uma análise mais detalhada da interação G x A, garante a seleção de genótipos mais produtivos (capazes de capitalizar interações positivas com ambientes), propicia estimativas mais precisas das respostas genotípicas e possibilita uma fácil interpretação gráfica dos resultados da análise estatística.

2.8. Método GGE Biplot

O GGE biplot enfatiza dois conceitos. Em primeiro lugar, embora o rendimento medido é o efeito combinado do genótipo (G), ambiente (A), e da interação de ambos (G x A), apenas G e G x A são relevantes, e devem ser considerados simultaneamente, na avaliação de genótipo, daí o termo GGE. Em segundo lugar, a técnica biplot, desenvolvido por Gabriel (1971), é empregada para aproximar e exibir o GGE de um ensaio multiambiental, daí o termo GGE biplot. Proposto por Yan et al. (2000) o método, nomeado GGE biplot, que permite a análise visual da interação genótipo ambiente de dados de ensaios multiambientais.

Os gráficos do GGE biplot visualizam três aspectos importantes: 1) a relação entre genótipo e ambiente, permitindo o agrupamento de genótipos e ambientes com comportamentos semelhantes, mostrando o genótipo com maior potencial e sua identificação em cada subgrupo de ambientes (mega-ambientes); 2) a interrelação entre ambientes, facilitando a identificação do melhor ambiente na avaliação das cultivares e indicando qual ambiente pode ser menos favorável; e 3), a interrelação entre genótipos, facilitando a comparação dos genótipos e do ordenamento (“ranking”) para os parâmetros de rendimento e estabilidade (YAN, 2001; YAN e RAJCAN, 2002).

Segundo Yan et al. (2000), o método GGE Biplot é superior ao AMMI, pois sempre resulta no melhor modelo da análise AMMI, com a diferença de que os efeitos

principais dos genótipos são considerados junto com o efeito da interação genótipo x ambiente, que no AMMI são estimados como efeitos aditivos (YAN et al., 2000).

3. MATERIAL E MÉTODOS

3.1. Dados utilizados nas análises

Para a realização das análises propostas foram utilizados dados de produção em caroço obtido junto ao programa de melhoramento genético da Embrapa Algodão, referentes a 16 genótipos (Tabela 1), sendo oito cultivares (FMT 701, FM 993, FM 910, DELTA OPAL, IPR JATAI, LD CV 05, LD CV 02 e NUOPAL) e oito linhagens oriundas do programa de melhoramento da EMBRAPA, nos núcleos do Mato Grosso, Goiás e Bahia (CNPA MT 98-6399, CNPA MT 96-1067, CNPA MT 05 1245, CNPA MT 04 2080, CNPA MT 04 2088, CNPA GO 03-1947, CNPA GO 2000-1167 e CNPA BA 2000-33), avaliados em oito locais (ambientes) no estado de Mato Grosso (Tabela 2), durante a safra 2008/2009. As análises foram realizadas utilizando os dados referentes à variável produtividade de algodão em caroço $\text{kg}\cdot\text{ha}^{-1}$.

O delineamento experimental usado foi de blocos ao acaso, com quatro repetições, espaçamento de 0,80 m entre linhas e densidade populacional de 110 mil plantas por hectare. As parcelas eram formadas por quatro linhas de 5,00 m de comprimento, sendo a área útil composta pelas duas fileiras centrais, totalizado $8,00 \text{ m}^2$. Os controles de pragas e de plantas daninhas foram realizados quando necessário, de acordo com as recomendações para a cultura.

TABELA 1 – Relação e identificação dos genótipos utilizados para coleta de dados de produtividade ($\text{kg}\cdot\text{ha}^{-1}$) em oito localidades no estado do Mato Grosso, safra 2008/2009.

Sigla	Genótipo	Sigla	Genótipo
G1	CNPA MT 98-6399	G9	LD CV 05
G2	CNPA GO 2000- 1167	G10	LD CV 02
G3	CNPA BA 2000-33	G11	CNPA MT 96 -1067
G4	FMT 701	G12	NUOPAL

G5	FM 993	G13	CNPA MT 05 1245
G6	FM 910	G14	CNPA MT 04 2080
G7	DELTA OPAL	G15	CNPA MT 04 2088
G8	IPR JATAI	G16	CNPA GO 03- 1947

TABELA 2 – Coordenadas geográficas e altitudes dos Locais (Estado do Mato Grosso) de implantação dos ensaios do programa de melhoramento genético do algodão da Embrapa Algodão, safra 2008/2009.

Sigla	Município	Coordenadas Geográfica		Altitude m	Precipitação Pluviométrica ¹
		Latitude S	Longitude W		Anual Estimada (mm)
PVA1	Primavera do Leste-MT	15°18'53"	54°10'33"	636	735.6
PET	Pedra Preta-MT	16°40'24"	54°15'50"	850	513.1
CV	Campo Verde-MT	15°40'00"	55°25'00"	736	1,050. 2
SAP	Sapezal-MT	12°59'22"	58°45'51"	370	1.000
CNP	Campo Novo dos Parecis-MT	13°38'30"	58°17'15"	572	855.9
NUB	Nova Ubiratã-MT	12°48'47"	54°45'06"	400	682.1
LRV	Lucas do Rio Verde-MT	13°03'01"	55°54'40"	398	1,155. 6
PVA2	Primavera do Leste-MT	15°18'53"	54°10'33"	636	735.6

¹Estimativa da precipitação provável para o Estado de Mato Grosso (Fietz et al 2008).

3.2. Análises de variância.

Para confirmar a existência de variabilidade entre os tratamentos para o caráter Produção de algodão em caroço, foi realizada uma análise de variância individual para cada ambiente, utilizando o seguinte modelo:

$$Y_{ij} = m + g_i + b_j + e_{ij}$$

sendo, Y_{ij} - valor fenotípico do genótipo i no bloco j , m - média geral do experimento, g_i - efeito do genótipo i , b_j - efeito do bloco j , e_{ij} - erro experimental.

TABELA 3 – Resumo do esquema das análises de variância individuais considerando todos os efeitos aleatórios.

FV	GL	QM	F
Blocos	$j - 1$	Q1	Q1/Q3
Genótipos	$i - 1$	Q2	Q2/Q3
Resíduo	$(i*j) - 1$	Q3	

Segundo Pimentel-Gomes (1990), estudos realizados por Box (1954) indicam que, se em todos os experimentos os tratamentos tiverem o mesmo número de parcelas, e a relação entre o maior e o menor quadrado médio do resíduo for de 3:1 ou 4:1, a análise de variância conjunta e os testes estatísticos podem ser realizados sem maiores complicações. Considerando que os ensaios analisados apresentam o mesmo número de parcelas, após verificação da relação entre o maior e o menor quadrado médio residual, foi realizada a análise de variância conjunta.

O modelo utilizado na análise de variância conjunta consiste em:

$$Y_{ij} = m + (b/a)_{ka} + g_i + a_j + (ga)_{ij} + e_{ij},$$

em que, Y_{ij} - valor fenotípico do genótipo i no ambiente j ; m : média geral; $(b/a)_{ka}$: efeito de blocos ($k=1,2,\dots,r$) dentro de ambientes ($j=1,2,\dots,q$); g_i : efeito de genótipos ($i=1,2,\dots,p$); a_j : efeitos de ambientes ($j=1,2,\dots,q$); $(ga)_{ij}$: efeito da interação genótipos \times ambientes; e_{ij} : erro aleatório.

TABELA 4 – Resumo do esquema da análise de variância conjunta considerando todos os efeitos aleatórios.

FV	GL	QM	F
Blocos/Ambientes	$q(r - 1)$	Q1	Q1/Q4
Genótipos (G)	$p - 1$	Q2	Q2/Q4
Ambientes (A)	$q - 1$	Q3	Q3/Q4
G x A	$(p-1)(q-1)$	Q4	Q4/Q5
Resíduo	$r(p-1)(q-1)$	Q5	

3.3. Estimativa dos efeitos genotípicos e de interação G×A.

Para aplicação dos métodos de análise de adaptabilidade e estabilidade baseados em análise multivariada é necessário a estimação de uma matriz dos efeitos das interações genótipos x ambientes (GA) e dos valores genotípicos somados aos efeitos das interações genótipos x ambientes (G + GA). A primeira matriz para aplicação da análise AMMI e a segunda para GGE biplot.

A solução por quadrados mínimos ordinários para o sistema de equações normais correspondentes à análise conjunta, sob as restrições de identificabilidade $\sum_i g_i = \sum_j a_j = 0$, é dada por:

$$\text{Média geral: } \hat{\mu} = \bar{Y}_{..}$$

$$\text{Efeito genotípico: } \hat{g}_i = \bar{Y}_{i.} - \bar{Y}_{..}$$

$$\text{Efeito ambiental } \hat{a}_j = \bar{Y}_{.j} - \bar{Y}_{..}$$

considerando-se que: $Y_{..} = \sum Y_{ij}/ga$; $Y_{i.} = \sum Y_{ij}/a$; $Y_{.j} = \sum Y_{ij}/g$;

A aproximação de quadrados mínimos e seu respectivo resíduo, correspondente ao termo geral da interação GxA, ambos invariantes, são dados por $Y_{ij} = Y_{i.} + Y_{.j} - Y_{..}$; portanto, (ga) ij

$$= Y_{ij} - Y_{i.} - Y_{.j} + Y_{..}$$

A partir desse último resultado foi construída a matriz de interações (GA), bem como a matriz que inclui os efeitos genotípicos somados aos efeitos de interação (G+GA) que foi utilizada nessa proposta.

As análises de variância individuais e conjuntas, assim como a construção das matrizes GA e G + GA foram realizadas utilizando a plataforma web para análise de dados genéticos STATGEN (NEDER, 2013).

TABELA 5 – Representação da matriz dos efeitos da interação genótipos x ambientes (GxA).

gen _p /amb _q	1	2	...	Q
1	$(g\hat{a})_{11}$	$(g\hat{a})_{12}$...	$(g\hat{a})_{1q}$
2	$(g\hat{a})_{21}$	$(g\hat{a})_{22}$...	$(g\hat{a})_{2q}$
...
P	$(g\hat{a})_{p1}$	$(g\hat{a})_{p2}$...	$(g\hat{a})_{pq}$

TABELA 6 – Representação da matriz dos efeitos dos valores genotípicos somados aos efeitos da interação genótipos x ambientes (G x A).

gen _p /amb _q	1	2	...	Q
1	$g_1 + (g\hat{a})_{11}$	$g_1 + (g\hat{a})_{12}$...	$g_1 + (g\hat{a})_{1q}$
2	$g_2 + (g\hat{a})_{21}$	$g_2 + (g\hat{a})_{22}$...	$g_2 + (g\hat{a})_{2q}$
...
P	$g_p + (g\hat{a})_{p1}$	$g_p + (g\hat{a})_{p2}$...	$g_p + (g\hat{a})_{pq}$

3.3.1 Método AMMI

O modelo completo para a metodologia AMMI é dado por:

$$Y_{ij} = \mu + g_i + a_j + \sum_{k=1}^a \lambda_k \gamma_{ik} \delta_{jk} + \rho_{ij} + \varepsilon_{ij}$$

em que, Y_{ij} é o valor médio observado do i -ésimo genótipo no j -ésimo ambiente;
 μ é a média geral dos experimentos, g_i e a_j são os efeitos genotípicos e ambientais, respectivamente;

$$\sum_{k=1}^a \lambda_k \gamma_{ik} \delta_{jk}$$

é a interação genótipos por ambientes e é representado por k : é o *rank* do componente principal, $k = 1 \dots a$; λ_k : valor singular do k -ésimo componente principal, com $\lambda_1 > \lambda_2 > \dots > \lambda_a$. λ_k ao quadrado resulta na soma de quadrados explicada pelo k -ésimo componente principal; γ_{ik} e α_{jk} : vetor singular do genótipo i e ambiente j , respectivamente, do k -ésimo componente principal; ρ_{ij} é o erro do ajuste do modelo multiplicativo; e ε_{ij} é o erro experimental médio.

Para a verificação do número de eixos significativos foi utilizado o critério de Gollob (1968). A interpretação da adaptabilidade e estabilidade dos genótipos e ambientes foi feita com base na análise gráfica biplot -AMMI. Segundo Duarte & Vencovsky (1999), o termo biplot refere-se a um tipo de gráfico contendo duas categorias de pontos ou marcadores, um referindo-se a genótipos e outro a ambientes. A interpretação do biplot, quanto à interação $G \times A$ é feita observando para o(s) eixo(s) de interação, a magnitude e o sinal dos escores de genótipos e ambientes.

A aplicação do método AMMI à matriz de interação $G \times A$ e a construção dos gráficos com as médias e o primeiro componente principal (AMMI1) e do primeiro e segundo componente principal (AMMI2) foi realizado utilizando a plataforma web para análise de dados genéticos STATGEN (NEDER, 2013).

3.3.2 Método GGE biplot

Para o estudo pelo modelo GGE foi realizada a análise da parte multiplicativa, pelo método SDV, da matriz de dupla entrada $G + GA$ da seguinte forma:

$$G + GA_{(g+ga)} = [(g + ga)] = \sum_{k=1}^n \lambda_k \gamma_{ik} \delta_{jk} + \rho_{ij}$$

em que: $G+GA$ ($g+gxa$) é a matriz dos efeitos dos g genótipos somados aos efeitos das interações dos g genótipos por a ambientes; λ_k é o valor singular do k -ésimo eixo da análise dos componentes principais; γ_{ik} e δ_{jk} são os autovetores dos componentes principais genotípicos e ambientais para o k -ésimo eixo, respectivamente; n é o número dos componentes principais retidos no modelo; e ρ_{ij} é o ruído do ajuste do modelo multiplicativo.

A análise GGE, assim como a plotagem do gráfico com o primeiro e segundo componentes principais (biplot) foram realizadas por meio do Programa e Ambiente estatístico R 2.15.2 (R CORE TEAM, 2012) utilizando o pacote ‘GGEBiplotGUI’ (BERNAL; VILLARDON, 2012).

4. RESULTADOS E DISCUSSÃO

4.1. Análises de variância individuais

Por meio das análises de variância individuais para os oito ambientes (Tabela 7), foram constatados que os genótipos apresentaram comportamento distinto ($p < 0,05$) dentro de cada ambiente de estudo. Os coeficientes de variação (C.V. %) para produtividade de algodão em caroço oscilaram entre 6,01% (Campo Novo dos Parecis) e 24,68% (Lucas do Rio Verde), com média de 12,9%, indicando alta precisão experimental do conjunto de ensaios. As médias de produtividade ficaram compreendidas entre 3258,26 kg.ha⁻¹ (Lucas do Rio Verde) e 6254,35 kg.ha⁻¹ (Pedra Preta), refletindo o alto potencial produtivo das cultivares de algodão avaliado.

As magnitudes dos quadrados médios dos resíduos individuais máximos e mínimos foram de 4,96 e, portanto, menores que sete. Este valor de referência foi sugerido por Pimentel-Gomes (2000) e Cruz et al. (2012). Sendo assim, as variâncias residuais foram homogêneas, permitindo a aplicação da análise de variância conjunta dentro e entre os ambientes.

TABELA 7 – Resumo das análises de variância para diferentes ambientes do Estado do Mato Grosso (Primavera do Leste – PVA, Pedra Preta – PET, Campo Verde – CV e Lucas do Rio Verde - LRV), (Sapezal – SAP, Campo Novo dos Parecis – CNP, Novo Uiratã – NUB e Primavera do Leste 2 - PVA2).

FV	GL	Quadrados Médios							
		PVA1	PET	CV	LRV	SAP	CNP	NUB	PVA2
Blocos	3	804000ns	5626100**	2448600**	803995,66ns	1774300**	318830ns	1031900*	29706ns
Genótipos	15	864910**	2171200**	503530**	864914,50**	863900**	426040**	640380*	203480**
Resíduo	45	304260	691800	180740	304258,42	211210	129710	305950	61277
CV(%)		12	13,30	10,28	24,68	8,62	6,01	15,61	12,69
Média (kg.ha ⁻¹)		4597,35	6254,35	4137,49	3258,26	5329,23	5997,46	3542,40	4355,02

ns não significativo ; * significativo ao nível de 5%; ** significativo ao nível de 1%;

4.2. Análise de variância conjunta

A partir da análise conjunta (Tabela 8), foi constatada diferença significativa ($P < 0,01$) para a fonte de variação genótipos perante os oito ambientes. Alta significância também foi observada para fonte de variação nos ambientes, de onde se infere que o conjunto de ambientes foi distinto nas duas safras. Para a interação foi verificada alta significância ($P < 0,01$), o que indica que os genótipos apresentaram respostas diferenciadas em cada ambiente. O coeficiente de variação da análise conjunta foi de (12,81%), demonstrando alta precisão experimental do conjunto de ensaios. A média geral dos ensaios foi de $4679,64 \text{ kg.ha}^{-1}$, demonstrando o alto potencial produtivo das cultivares e ambientes dos ensaios. A partir desses resultados surge a possibilidade de aplicação dos estudos de adaptabilidade e estabilidade dos genótipos e a obtenção dos Mega-ambientes, procedendo-se as via análises multivariadas pelos métodos AMMI e GGE Biplot. .

TABELA 8 – Resumo da análise de variância conjunta para os diferentes ambientes do Estado do Mato Grosso.

Fontes de Variação	GL	Quadrados Médios
Blocos/Ambientes	24	1569116 **
Ambientes (A)	7	76415198 **
Genótipos (G)	15	2247856 **
Interação G x A	105	659284 **
Resíduo	360	346994
C.V.(%)		12,81
Média Geral		4679.64

** significativo ao nível de 1%;

4.3.Método AMMI

Observou-se que os cinco primeiros componentes principais apresentaram significância de acordo com o critério de Gollob (1968) (Tabela 9), desta forma o uso destes componentes principais permitiria a explicação da quase totalidade da interação

GxA. Entretanto, seria necessária a plotagem de 10 gráficos, combinação dois a dois dos cinco componentes significativos (AMMI5), dificultando a interpretação e o objetivo da técnica não seria alcançado.

Segundo Duarte e Vencovsky (1999), para que os biplots sejam apresentados é necessário que o primeiro componente principal acumule proporções entre 27,2% a 72%. Carbonell et al. (2004) mencionam que é conveniente uma análise visual prévia. No entanto, não há um consenso sobre qual seria o percentual mínimo sobre a proporção da SQ GxA que deve ser acumulada no primeiro componente. Ainda, segundo Piepho (1995) o número de eixos é uma escolha liberal, não havendo na literatura um consenso sobre o número de eixos e a proporção da variação capturada por eles. Com isso, o presente estudo optou por plotar dois gráficos, um com as médias-gerais versus o primeiro componente principal (CP1) (AMMI1) e outro entre os CP1 e o segundo componente principal (CP2) (AMMI2).

Observa-se na Tabela 10 que a proporção explicada pelo CP1 é de 43,99%, enquanto o CP2 permite explicar 24,29%. Desta forma, utilizando os dois primeiros componentes principais temos uma proporção acumulada da explicação da SQ_{GxA} de 68,28%, atendendo a recomendação de Duarte e Vencovsky (1999), e permitindo inferências com elevada confiabilidade a partir da interpretação dos biplots gerados pela metodologia AMMI1 e AMMI2.

TABELA 9 - Desdobramento da interação G x A, da análise AMMI, em seus componentes principais e seus respectivos testes de significância, conforme Gollob (1968).

FV	GL	SQ	QM	Fcalc.	Pvalue	Signif.
Genótipos (G)	15	9411914,04	627460,94	3,84	0,0000	**
Ambientes (A)	7	97724750,06	13960678,58	85,46	0,0000	**
G x A	105	17151909,37	163351,52	4,01	0,0000	**
IPCA 1	21	7544833,13	35927,77	8,83	0,0000	**
IPCA 2	19	4167026,53	219317,19	5,39	0,0000	**
IPCA 3	17	2269371,51	133492,44	3,28	0,0000	**
IPCA 4	15	1791582,79	11943,85	2,94	0,0002	**
IPCA 5	13	1097850,14	84450,01	2,08	0,0150	**
IPCA 6	11	281245,27	25567,75	0,63	0,8046	ns
Total	360	14649713,86	40693,65			

ns não significativo; ** significativo ao nível de 1% de confiabilidade.

TABELA 10 – Proporção da Soma de Quadrados da interação G x A por eixo singular.

Eixo singular	AutoValor	Proporção da $SQ_{G \times A}$ por eixo	Proporção acumulada(%)
1	7544833,1323	0,4399	43,9883
2	4167026,5286	0,2429	68,2831
3	2269371,5113	0,1323	81,5141
4	1791582,7904	0,1045	91,9595
5	1097850,1365	0,0640	98,3603
6	281245,2688	0,0164	100

A partir da interpretação gráfica do biplot originado da combinação das médias com o CP1 (AMMI1) (Figura 1) verifica-se que dos 16 genótipos avaliados, quatro apresentaram um desempenho produtivo abaixo da média, os genótipos G10 (LD CV 02), G7 (Delta Opal), G3 (CNPA BA 2000-33) e G8 (IPR Jataí). Dentre estes genótipos, G3 é uma linhagem desenvolvida pelo núcleo de melhoramento da Bahia e G8 uma cultivar desenvolvida para o estado do Paraná, assim o resultado apresentado mostra uma menor adaptação destes materiais, em comparação aos demais, para as condições ambientais encontradas no estado do Mato Grosso. Os outros dois genótipos, G10 e G7 são cultivares recomendadas para a região que apresentaram o menor desempenho produtivo e a maior instabilidade produtiva, respectivamente, dentre os genótipos avaliados.

Com relação aos genótipos com desempenho superior a média, os genótipos G4 (FMT 701), G9 (LD CV05) e G15 (CNPA MT 04 2088), destacaram-se por combinarem maior produtividade e estabilidade. G12 (NUOPAL) e G1(CNPA GO 03-1947) destacam-se como estáveis e de produtividade média elevada. Os genótipos G11(CNPA MT 96 -1067),G14(CNPA MT 04 2080) e G16(CNPA GO 03- 1947) apresentaram desempenho produtivo tendendo a média, porém com elevada estabilidade. G5(FM 993), G6(FM 910) e G13(CNPA MT 05 1245) apesar de produtivos, apresentam maiores níveis de contribuição à interação (menor estabilidade). G2 (CNPA GO 2000-

1167), linhagem desenvolvida no núcleo de melhoramento de Goiás, destaca-se como o genótipo mais produtivo dentre todos os avaliados, porém com a segunda maior contribuição para a interação, não podendo ser considerada estável para o plantio no Mato Grosso.

Ainda na Figura 1, em relação aos ambientes utilizados no estudo, apenas três dos oito ambientes apresentaram um rendimento acima da média geral. Desses, o ambiente A2 (Pedra Preta) foi o mais produtivo e o que apresentou maior contribuição para a interação $G \times A$ dentre todos os ambientes estudados, assim podemos considerá-lo o mais divergente e importante para estudos de adaptabilidade e estabilidade de genótipos de algodão na região. Os ambientes A5 (Sapezal) e A4 (Lucas do Rio Verde) foram o segundo e terceiro mais produtivos, respectivamente. Entretanto, ambos apresentaram uma contribuição para a interação praticamente nula.

Entre os ambientes com produtividade abaixo da média, A6 (Campo Novo dos Parecis) foi o menos produtivo e apresentou uma contribuição para interação praticamente nula. Enquanto, A3 (Campo Verde), A7 (Novo Ubiratã), A8 (Primavera do leste 2) e A1 (Primavera do leste 1) apresentaram uma contribuição média para a interação $G \times A$. Destaca-se o fato de A1 e A8 apesar de serem ambientes diferentes localizados no município de Primavera do Leste, demonstrando a alta similaridade, em função da plotagem do gráfico biplot AMMI.

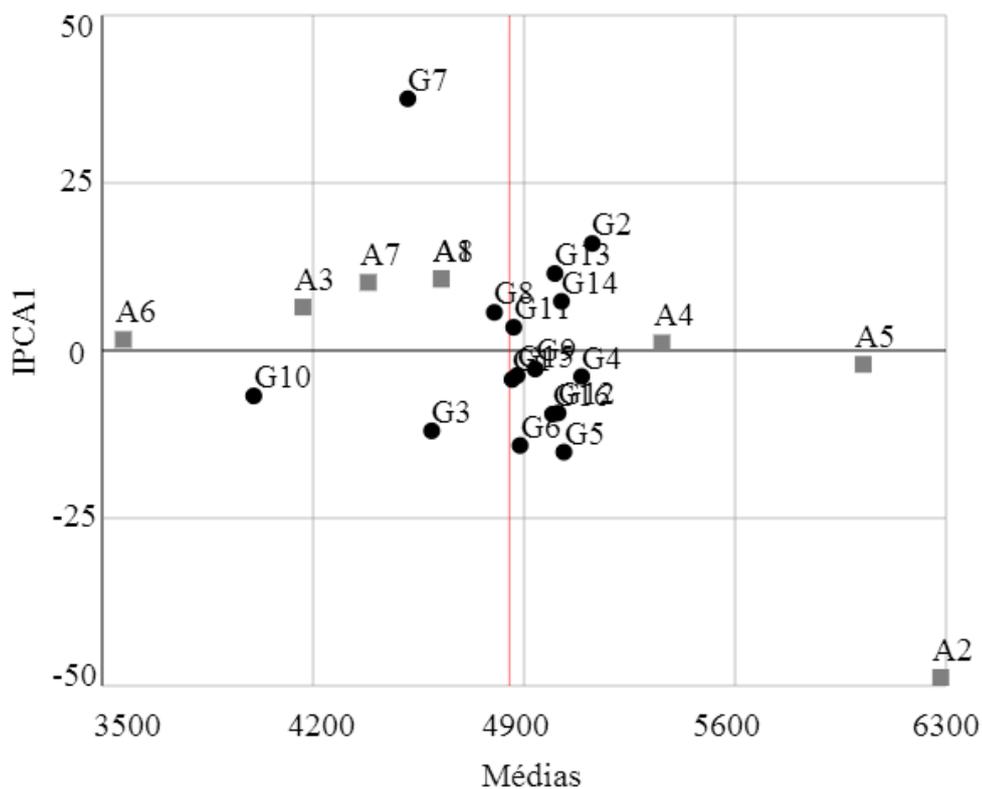


Figura 1- Biplot AMMI₁ para os dados de produtividade de algodão em caroço (kg), de 16 genótipos em oito ambientes. A linha na cor vermelha significa a média de produção de ambos.

Através do método AMMI 1 pode-se realizar a estratificação dos ambientes com base nos genótipos vencedores. Os genótipos com maior número de vitórias nos ambientes são considerados os mais responsivos. Desta forma, a diferença da produtividade nominal estimada por meio do primeiro componente principal, agrupa ambientes com comportamentos semelhantes (Figura 1). No presente estudo, optou-se por obter as estimativas de produtividade, para o primeiro componente, dos genótipos com maior número de vitórias (AMMI 1) (Figura 2).

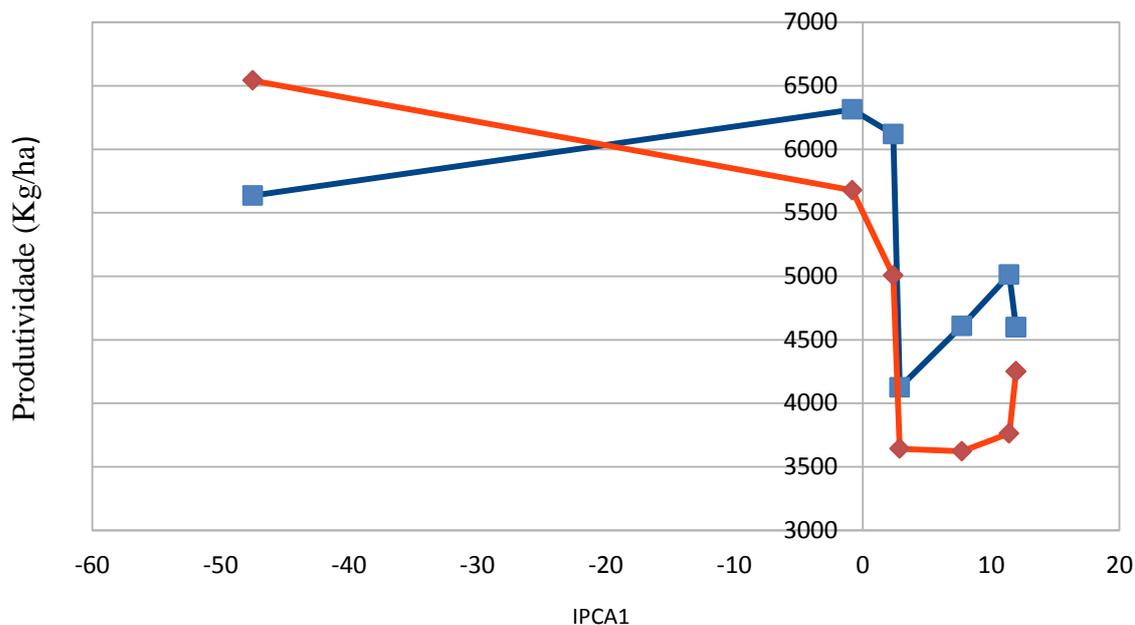


Figura 2 – Estimativa da produtividade dos genótipos vencedores (G2 – azul e G4 - vermelho), expressas em função dos escores AMMI1 dos ambientes.

A estratificação ambiental com base nos genótipos vencedores (G2 e G4), por meio do modelo AMMI 1, foi capaz de segregar os ambientes em três grupos. No grupo 1, o genótipo vencedor foi o G4 e o grupo formado pelo ambiente A2, como mencionado anteriormente o mais divergente e produtivo dentre os ambientes avaliados. No grupo 2, o genótipo vencedor foi o G2, sendo este grupo formado pelos ambientes A4 e A5, os quais apresentaram produtividade e escores muito próximos, assim este grupo pode ser representado por apenas um destes ambientes em avaliações futuras. No grupo 3, o genótipo vencedor foi o G2, formado pelos ambientes A1, A3, A6, A7 e A8, assim como ocorreu no grupo 2, estes apresentam produtividade e escores similares permitindo sua representação por apenas um dos ambientes.

Entretanto, considerando que os ambientes A4, A5 e A6 apresentam escores do IPCA1 próximos a zero, indicando a que sua eliminação pouco afetaria a explicação do IPCA1 sobre a interação, seria possível capturar a explicação de quase a totalidade do IPCA1 utilizando os ambientes A2 e algum outro ambiente do grupo 3.

O AMMI2 permite observações sobre adaptabilidade específica de genótipos e ambientes (Figura 3). Genótipos e ambientes situados no mesmo quadrante e próximos tem adaptação específica aquele ambiente (DUARTE; VENCOSKY, 1999).

O genótipo G8 (IPR JATA I) apresenta adaptabilidade específica com o ambiente A5 e o G11(CNPA MT 96-1067) com os ambientes A4, A6 e A7. Desse modo, é possível utilizar as informações fornecidas pela análise AMMI, na identificação de genótipos de alta produtividade e ampla adaptação, e também a seleção de locais “chaves”, para a recomendação dos genótipos específicos àquele ambiente.

REA et al.(2011), explicam que quando os ângulos formados entre os vetores são menores que 90° , os ambientes tem influencia similar para os genótipos . Podendo ser agrupados em mega ambientes. E quando os ângulos são de 90° não há correlação entre esses ambientes. Já ambientes que apresentam ângulos próximos de 180° entre si, são ambientes com fortes relações opostas.

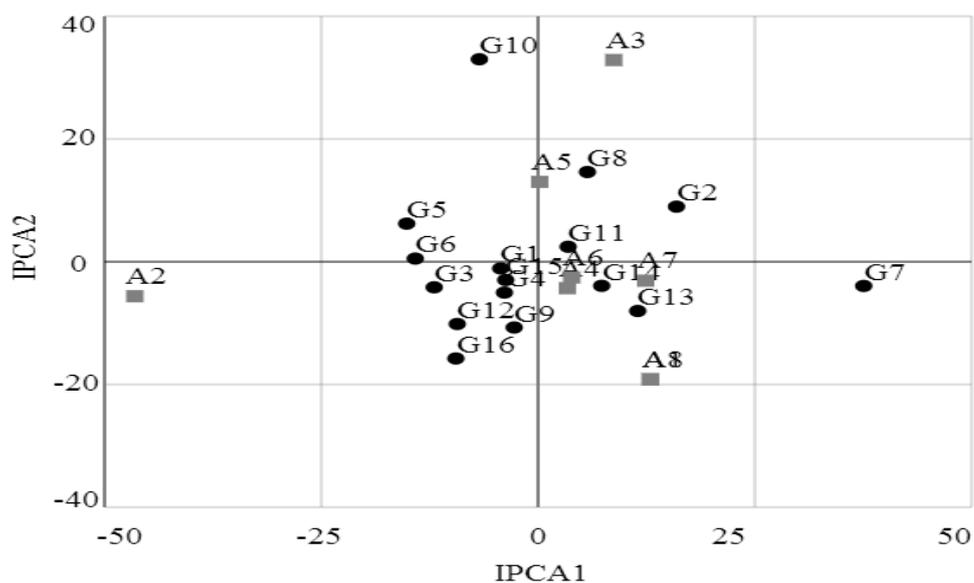


Figura 3 – Biplot AMMI₂ com os dois primeiros componentes principais de interação (IPCA₁ e IPCA₂), para os dados de produção em caroço (kg) de 16 genótipos e oito ambientes.

Constata-se, portanto na Figura 3 que o ambiente A2 forma um ângulo entre 90° e 180° , aproximadamente, em relação aos demais ambientes formando o Grupo 1, os ambientes A3 e A5 apresentam similaridade entre si, formando o Grupo 2 e os ambientes A1, A4, A6 e A7 e A8 podem ser agrupados e classificados como similares, formando o Grupo 3.

Ambientes mais próximos à origem dos eixos são classificados como mais estáveis. Portanto, A4 e A6 foram os ambientes que menos influenciaram a interação.

Enquanto, A2 e A3 apresentaram elevada contribuição para interação, seguidos de A1, A5, A7 e A8 com uma contribuição média (Figura 3).

Os genótipos mais estáveis foram G1, G4, G11, G14 e G15, apresentando baixa contribuição para a interação, o que pode ser evidenciado pela proximidade ao ponto central do gráfico. Enquanto, os genótipos G2, G3, G5, G6, G8, G9, G12, G13 e G16 apresentaram uma estabilidade média e os genótipos G7 e G10 uma baixa estabilidade, tendo em vista sua distância em relação ao centro da intersecção dos eixos.

4.4. GGE biplot

Para o método GGE biplot, foram apresentados os dois primeiros componentes principais (PC1 e PC2), derivados da decomposição dos valores singulares dos efeitos de genótipos (G) + interação (GxA). Os primeiros componentes representaram 72,64% da $SQG + SQ\ GxA$, percentual condizente com o preconizado em metodologias multivariadas.

Através do GGE biplot, pode-se realizar a estratificação dos ambientes com base nos genótipos vencedores. Na figura 4 é representada uma opção gráfica da técnica GGE Biplot denominada ‘quem-venceu-onde’ (Which-won-where). Os genótipos localizados nos vértices do polígono têm a maior distância da origem em relação aos genótipos dentro do setor delimitado por ele, sendo classificados como os mais responsivos. Estes podem ser os melhores ou os piores genótipos, em alguns ou todos os ambientes e podem ser utilizados para identificar possíveis mega-ambientes. Os genótipos localizados no interior do polígono são os menos responsivos aos estímulos dos ambientes.

Desse modo, os ambientes agrupados dentro desse espaço são considerados similares em relação à influência ambiental gerada sobre os indivíduos. Na Figura 4 é possível observar a formação de quatro agrupamentos ambientais. Os genótipos localizados no vértice do polígono formado na Figura 4, formadores de Mega-ambientes, são as mais favoráveis para aquele grupo, tendo o maior rendimento em pelo menos um dos ambientes e é um dos genótipos com melhor desempenho nos outros ambientes do grupo (YAN; RAJCAN, 2002).

O primeiro grupo (Grupo 1) é representado pelo ambiente A2, o Grupo 2 é formado pelo ambiente A5, o Grupo 3 pelos ambientes A1, A4, A6, A7 e A8 e o Grupo 4 pelo ambiente A3. Assim sendo, considerando o resultado da estratificação ambiental feita a partir do método GGE, seria necessária a avaliação em apenas quatro ambientes para se explicar, aproximadamente, a mesma proporção da interação Genótipos x Ambientes. Seriam eles, os ambientes A2, A5, A3 e um representante do Grupo 3.

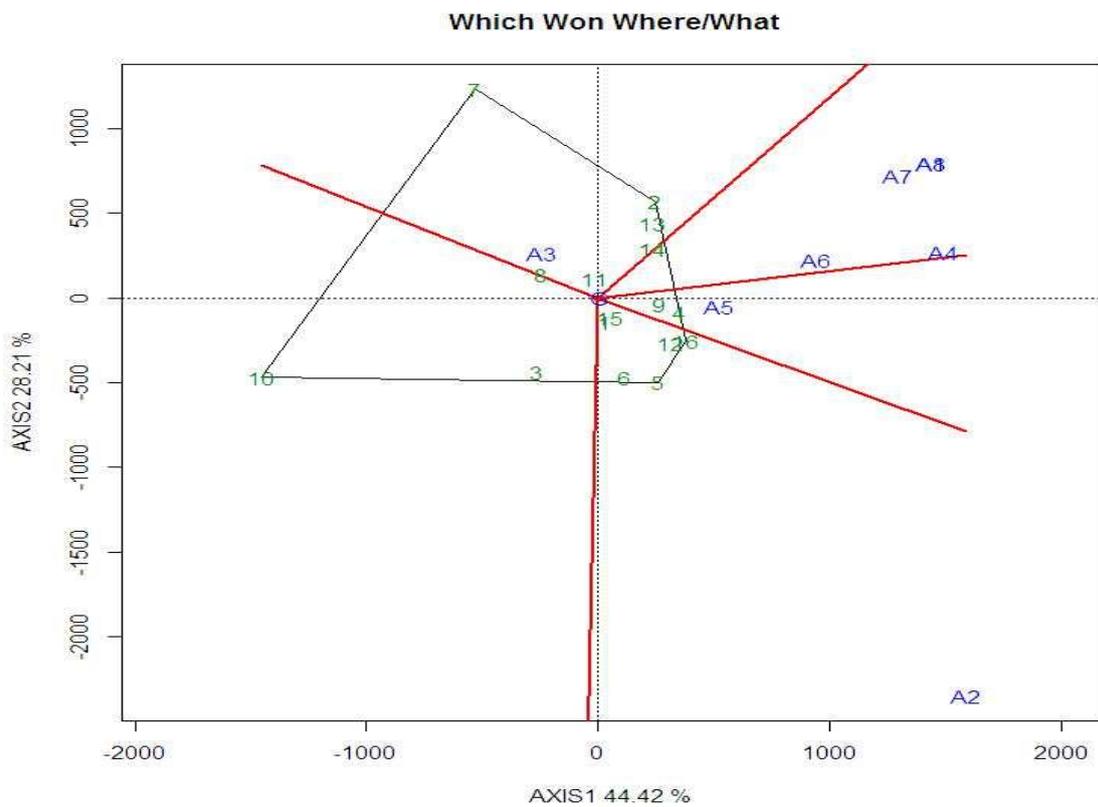


Figura 4 – GGE Biplot ‘which won where’ para os dados de produção de 16 genótipos de algodão avaliadas em 8 ambientes do estado do Mato Grosso.

Na Figura 5 é representado o gráfico ‘Mean vs. Stability’ (média versus estabilidade) onde é possível avaliar tanto o rendimento produtivo quanto sua estabilidade. Sendo que, os genótipos mais distantes do eixo y em direção à direita são os mais produtivos, assim sendo, os genótipos G6, G4 e G12 destacam-se como os mais produtivos, seguidos de G2, G13, G14, G6 e G9. Enquanto, os menos produtivos foram G10, G7, G3 e G8. Quanto à estabilidade, os genótipos menos estáveis são aqueles que têm as maiores distâncias do eixo horizontal. Assim, os genótipos G7, G10, G3, G2, G5 e G6 constituem os mais instáveis.

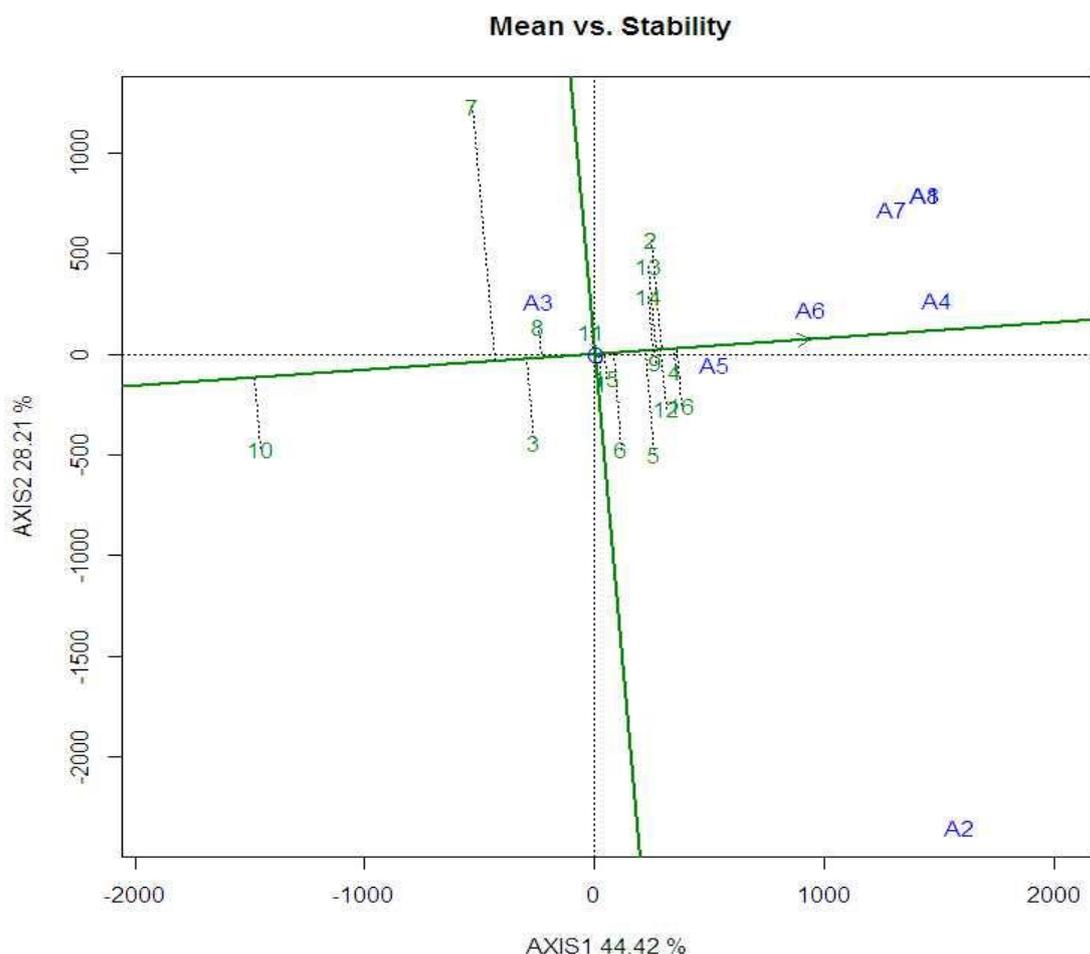


Figura 5 - GGE Biplot ‘Mean vs. Stability’ de 16 genótipos de algodão avaliadas em 8 ambientes do estado do Mato Grosso.

Na Figura 6, “ranking genotypes” (classificação dos genótipos) o círculo central representa o genótipo ideal, com elevada produtividade, boa adaptabilidade e estabilidade no grupo de ambientes testados. Considerando, os dois parâmetros em conjunto, os genótipos que apresentam tanto alto valor produtivo e boa adaptabilidade e estabilidade foram G4 e G9, seguidos por G12, G14, G15 e G16. Enquanto os menos estáveis e produtivos são G10, G7, G3 e G8.

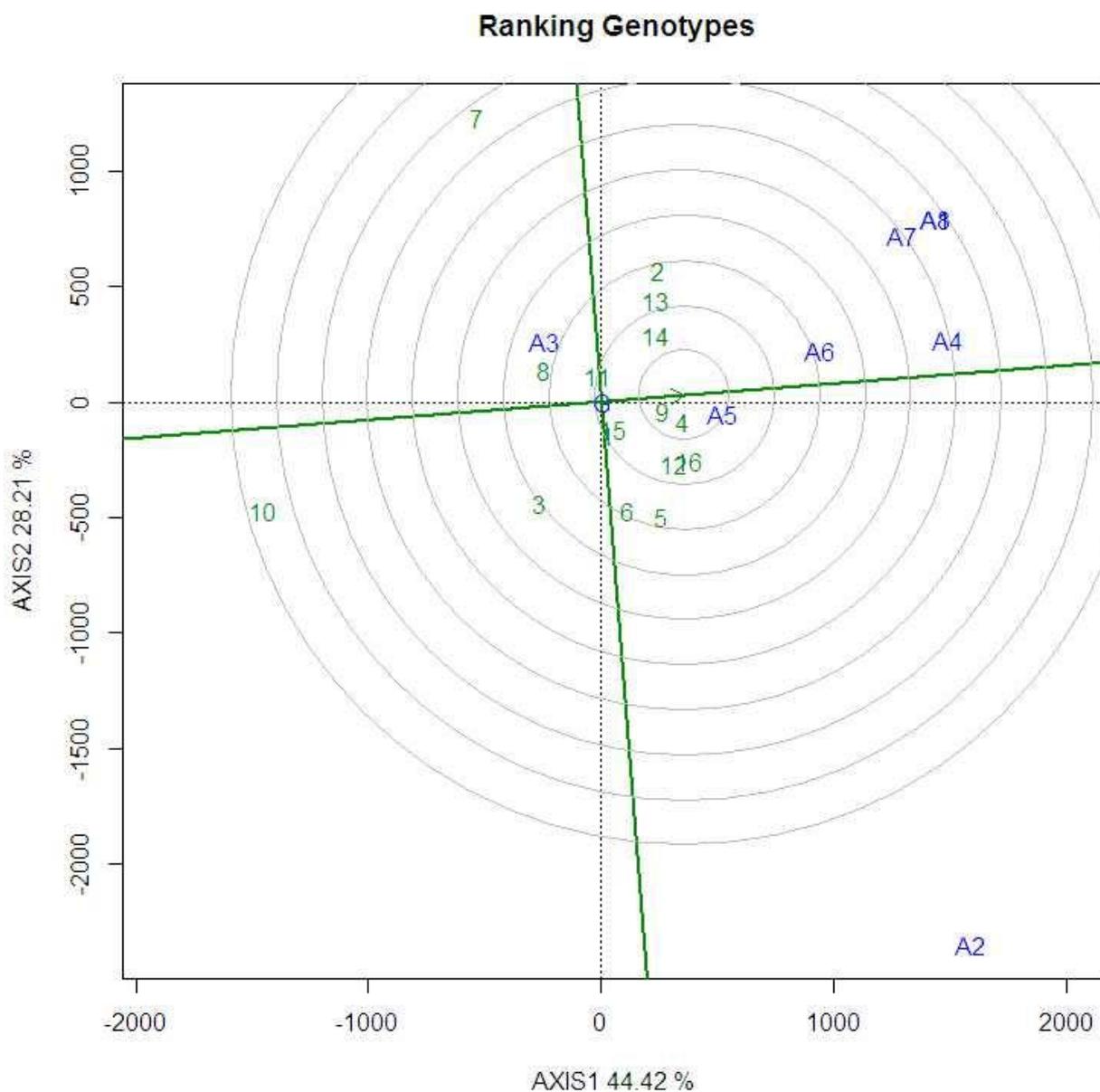


Figura 6 - GGE Biplot ‘Ranking Genotypes’ de 16 genótipos de algodão avaliadas em 8 ambientes do estado do Mato Grosso.

Para a verificação da relação entre os ambientes, fez-se uso da variação gráfica do GGE Biplot denominada de “Discriminante versus Representante” (Discriminative vs. Representativeness) (Figura 7). Sendo o comprimento do vetor do centro do gráfico ao ambiente informa o quanto esse ambiente é capaz de discriminar as linhagens e quanto mais próximo do eixo os ambientes estiverem mais representantes ele é. Os ambientes que têm maior capacidade de discriminar as linhagens foram A2, A4, A1 e A8. Desses ambientes o mais representante e discriminante é o ambiente A4 por estar bem próximo ao eixo e por ter um dos maiores vetores.

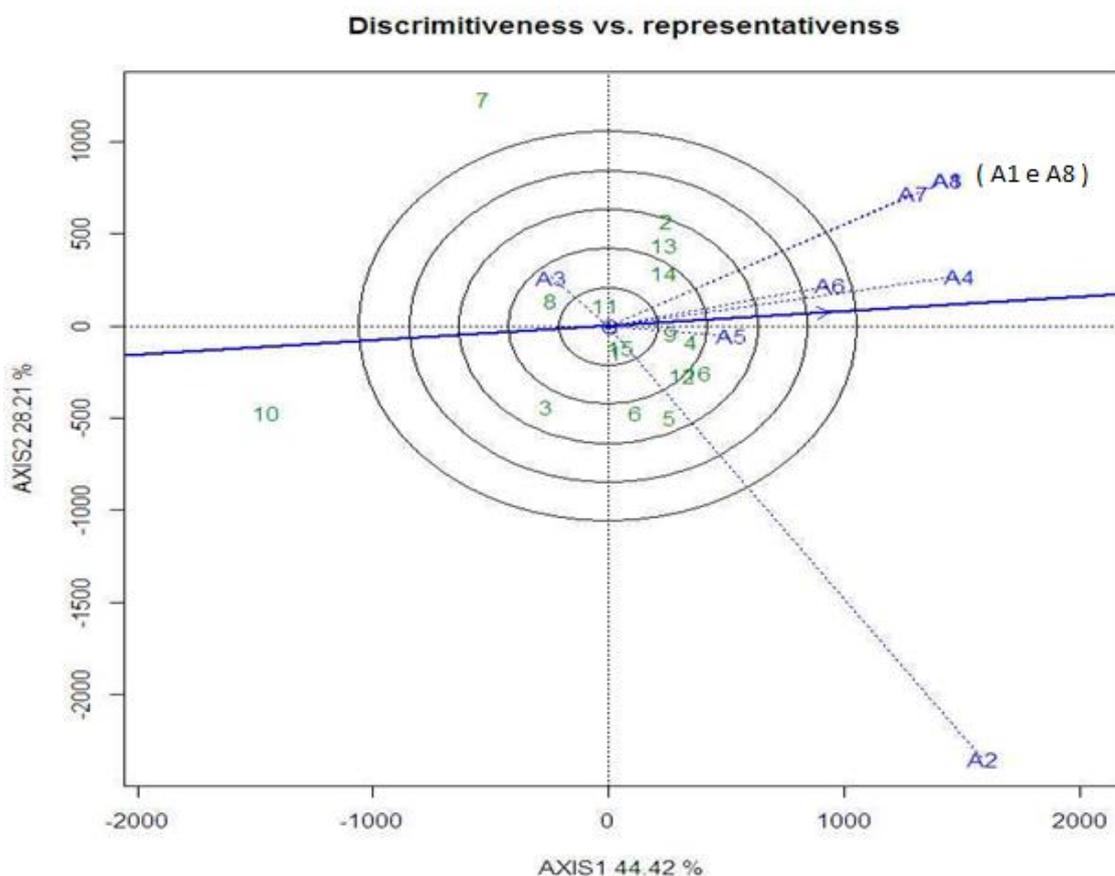


Figura 7 - GGE Biplot ‘Discriminative vs. Representativeness’ de 16 genótipos de algodão avaliadas em 8 ambientes do estado do Mato Grosso.

4.5. Comparação entre métodos

Em relação à proporção da captura da interação GxA nos dois primeiros eixos, pelas duas metodologias, notou-se uma pequena superioridade do GGE (72,64%) em relação à análise AMMI (68,28%). Na literatura, diversos trabalhos utilizam essa diferença para classificar as técnicas como superior a outra. Balestre et al. (2009a, 2009b), Garbuglio (2010), Oliveira et al. (2010) e Yan et al. (2007) evidenciaram a superioridade da técnica GGE Biplot em relação ao AMMI.

Outro ponto debatido é sobre o número de fatores utilizados, onde o GGE é duramente criticado por Gauch (2006) e Gauch, Piepho e Annicchiarico (2008) por apresentar apenas os dois primeiros eixos. Para o AMMI, o número de eixos utilizados é dado pela significância dos componentes principais. Sendo que não há um critério metodológico para a escolha do número de fatores, e essa escolha depende dos critérios pré-estabelecidos pelo pesquisador. É sabido que modelos que utilizem mais de três eixos são complexos na sua interpretação. Seguindo esse contexto, Yan et al. (2007) utilizando trabalhos de Gauch (2006) demonstraram que apesar de serem indicados os modelos AMMI2 e AMMI7, no entanto o AMMI1 é que foi utilizado para a recomendação de cultivares e classificação ambiental. Matos et al. (2013) observaram significância até o quarto componente principal na análise AMMI e no entanto também optaram por apresentar os AMMI1 e AMMI2, por serem mais fáceis de interpretação. Como também, que essas técnicas foram propostas para capturar a variação do conjunto de dados em um pequeno número de eixos que tenham a maior parte dos efeitos, deixando para os últimos eixos pouca variação e muito ruído. Dessa forma, optou-se por utilizar para as duas metodologias a plotagem gráfica até o segundo eixo.

A representação gráfica, “quem vence onde”, do GGE agrupa todos os ambientes baseando-se nos vértices do polígono formado. Sendo formados quatro grupos nessa técnica. Já na metodologia AMMI é possível realizar um agrupamento através dos ângulos das retas que ligam o centro do gráfico aos ambientes. No AMMI foi possível formar 3 grupos. O método GGE apresenta facilidade na visualização dos Mega-ambientes tornando a interpretação mais direta. Já o AMMI apresenta maior subjetividade na formação dos agrupamentos. Pode-se observar que houve coincidência na formação dos grupos realizadas pelas metodologias AMMI e GGE, sendo a principal

diferença o agrupamento dos ambientes A3 e A5, os quais foram agrupados no mesmo grupo pela metodologia AMMI e na GGE formaram grupos distintos.

Os ambientes que mais influenciaram a interação G x A (A4 e A6), e os que menos contribuíram (A2 e A3), foram coincidentes entre os métodos GGE e AMMI. Enquanto os genótipos G4 e G9 destacaram-se em ambos os métodos por combinarem o melhor desempenho produtivo associado a elevada adaptabilidade e estabilidade. Entretanto, evidencia-se uma classificação mais direta dos melhores genótipos a partir da representação gráfica 'Ranking Genotypes' da metodologia GGE do que a interpretação visual realizada na AMMI.

Outra possibilidade para o melhorista é selecionar indivíduos com adaptabilidade específica com um ambiente ou grupo de ambientes correlacionados. AMMI apresentou maior dificuldade de realizar essa dedução. Somente quando é muito clara a proximidade dos genótipos com os ambientes que essa recomendação deve ser realizada. GGE apresenta grande facilidade na obtenção dessa informação, com o uso da variação gráfica 'quem vence onde', torna fácil a visualização das relações dos genótipos com um ambiente ou grupo deles.

5. CONCLUSÕES

1 - A análise GGE é mais eficiente em explicar a maior porção da interação G x A comparada a AMMI.

2 - Há grande concordância na formação dos Mega-ambientes entre AMMI e GGE.

3 - A metodologia GGE mostra-se de mais fácil interpretação e com resultados menos subjetivos do que AMMI.

4 - Os ambientes A4 e A6 são os que mais contribuí para a interação G x A, enquanto os ambiente A2 e A3 os que menos influenciaram a interação GxA pelos métodos AMMI e GGE.

5 - Os genótipos G4 (FMT 701) e G9 (LD CV 05) destacam-se como mais estáveis, combinando ampla adaptação e produtividade, seguidos por G12 (Nuopal), G14 (CNPA MT 04 2080, G15 (CNPA MT 04 2088) e G16 (CNPA GO 03 -1947)).

6 - Os ambientes A1, A4, A6, A7 e A8 podem ser agrupados em um único mega-ambiente de avaliação.

6. REFERÊNCIAS

ALVES, G. F.; RAMALHO, M. A. P.; SOUZA, J. C. Alterações nas propriedades genéticas da população CMS 39 submetida à seleção massal para prolificidade. **Revista Brasileira de Milho e Sorgo**, Sete Lagoas, v.1, n.3, p.78 – 88, 2002.

ANNICCHIARICO, P. **Genotype x environment interactions: challenges and opportunities for plant breeding and cultivar recommendations**. Food&AgricultureOrg., 2002. ISBN 9251048703.

ARAÚJO, L. B. et al **Gráficos biplot e joint plot para o estudo da interação tripla**. Ciências Rural, Santa Maria, v. 40, n. 4,p. 833-839, abr. 2010.

ARCINIEGAS-ALARCÓN, S.; DIAS, C. T. S.; GARCIA-PEÑA. Imputação múltipla livre de distribuição em tabelas incompletas de dupla entrada. Pesquisa Agropecuária Brasileira, v.49, n.9, p.683-691, 2014.

BABIC V. et al. Understanding and utilization of genotype-byenvironment interaction in maize breeding. **Genetika**, Beograd, v.42, n. 1, p. 79-90, 2010.

BALESTRE,M. et al. Yield stability and adaptability of maize hybrids based on GGE biplot analysis characteristics. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, Londrina, v 9, p. 219-228, 2009a.

BALESTRE,M. et al. Genotypic stability and adaptability in tropical maize based on AMMI and GGE biplot analysis. **Genetics and Molecular Research**. Ribeirão Preto, v. 9, p. 123-1135, 2009b.

BELTRÃO, N. E. M.; AZEVEDO, D. M. P. (Ed) **O agronegócio do algodão no Brasil**. 2nd Ed. Brasília, DF: Embrapa Informação Tecnológica. 2008, p.413-430.

BERNAL,E.F.; VILLARDON,P. G. **GGEBiplot GUI**: interactive GGE Biplot in RSalamanca, Spain. 2012. Disponível em: <http://CRAN.R-project.org/package=GGEBiplotGUI>. Acesso em 21 Outubro 2015.

BORÉM, A.; MIRANDA, G. **Melhoramento de plantas**.5a.edição. Viçosa: Editora UFV. p, v. 529, 2009.

BORÉM, A. **Melhoramento de plantas**. Viçosa: UFV , 1997. 547p.

BOX, G. E.; COX, D. R. An analysis of transformatis. **Journal of the Royal Statistical Society**, Series B, v.26, n.2, p.211-252, 1964.

CAMARGO-BUITRAGO, I.; INTIRE, E. Q. M.; GORDÓN-MENDOZA, R. Identificación de mega-ambientes para potenciar el uso de genótipos superiores de arroz em Panamá. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, v.46, n.9, p.1601-1069, 2011.

CARBONELL, S. A. M.; AZEVEDO FILHO, J. A.; DIAS, L. A. S.; GARCIA, A. A. F.;MORAIS, L. K. Common bean cultivars and lines interactions with environments. **Scientia Agricola**, Piracicaba, v. 61, n. 2, p. 169-177, 2004.

CARVALHO, H.W.L. de; LEAL,M. de L. da S.; SANTOS, M. X. dos; CARDOSO, M.J; MONTEIRO, A.A.T.; TABOSA, J.N. 2000. Adaptabilidade e estabilidade de cultivares de milho no Nordeste Brasileiro. *Pesquisa Agropecuária Brasileira* 35: (6):1115-1123.

CARVALHO, L. P. de. O gênero *Gossypium* e suas espécies cultivadas e silvestres. In: BELTRÃO, N. E. de M. e AZEVEDO, D. M. P. de. (Org.). **O agronegócio do algodão no Brasil**. 2. ed. Brasília, DF: Embrapa Informação Tecnológica, 2008. v.1, p.252-70.

CHAVES, L. J. Interação de genótipos com ambientes. In: NASS, L. L.; VALOIS, A. C. C.; MELO, I. S.; VALADARES-INGLIS, M. C. (Ed.). **Recursos genéticos e melhoramento – plantas**. Rondonópolis: Fundação MT, 2001. cap. 22, p. 673-713.

CONAB- COMPANHIA NACIONAL DE ABASTECIMENTO. **Acompanhamento da safra Brasileira-Algodão**: v. 3 - Safra 2015/16, n. 1 – Primeiro levantamento, outubro 2015. Disponível em: <http://www.conab.gov.br> Acesso em: 10 novembro de 2015.

CONAB- COMPANHIA NACIONAL DE ABASTECIMENTO. **Acompanhamento da safra Brasileira-Algodão**: v. 3 - Safra 2015/16, n. 1 – Primeiro levantamento, outubro 2015. Disponível em: <http://www.conab.gov.br> Acesso em: 10 novembro de 2015.

CONAB- COMPANHIA NACIONAL DE ABASTECIMENTO. **Acompanhamento da safra Brasileira-Algodão**: v. 2 - Safra 2014/15, n. 12 – Décimo segundo levantamento, set. 2015. Disponível em: <http://www.conab.gov.br> Acesso em: 18 Março de 2016.

CROSSA, J.; CORNELIUS, P.L. Sites regression and shifted multiplicative model clustering of cultivar trial sites under heterogeneity of errors variances. **Crop Science**, v.37, p.406-415. 1997

CRUZ, C.D. et al. An alternative approach to the stability analysis proposed by Silva and Barreto. *Rev. Bras. Genét.*, Ribeirão Preto, v.12, n.2, p.567-580, 1989.

CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. Viçosa: UFV, 2001. 390 p.

CRUZ, C. D.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. Viçosa: UFV, 2003. 585 p.

CRUZ, C.D., REGAZZI, A.J., CARNEIRO, P.C.S. Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético. 4 ed. Viçosa: Ed. UFV, 2012. 514p.

CRISÓSTOMO, J. R. **Avaliação da estrutura e do potencial genético de uma população de algodoeiro (*G. hirsutum* L.) parcialmente autógama**. 1989. 191 f. Tese (Doutorado) - Universidade de São Paulo, Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiróz”, Piracicaba.

DUARTE, J.B.; VENCOVSKY, R. **Interação genótipos x ambientes: uma introdução à análise “AMMI”**. Ribeirão Preto: Sociedade Brasileira de Genética, 1999. 60p.

EBERHART, S. A.; RUSSELL, W. A. Stability parameters for comparing varieties. **Crop Science**, Madison, v. 6, n. 1, p. 36-40, 1966.

FAO. **Faostat database gateway**. Disponível em: <http://faostat.fao.org/site/567/default.aspx#ancor> Acesso em: 15 julho, 2015.

FARIAS, F. J. C.; FREIRE, E. C.; BELTRÃO, N. E. de M.; BÉLOT, J. L. Caracteres de importância econômica no melhoramento do algodoeiro. In: BELTRÃO, N. E. de M.; AZEVEDO, D. M. P. de. (Ed.). **O agronegócio do algodão no Brasil**. Brasília, DF: Embrapa Informação Tecnológica, 2008. v.1, p. 413-429.

FREIRE, E. C. **Algodão no cerrado**. Campina Grande: EMBRAPA-CNPA, 1998. 29p. (EMBRAPA-CNPA. Documentos, 57).

FREIRE, E. C. **Distribuição, coleta, uso e preservação das espécies silvestres de algodão no Brasil**. Campina Grande: EMBRAPA-CNPA, 2000. 28p. (EMBRAPA-CNPA. Documentos, 78).

FREIRE, E. C.; MORELLO, C. L.; FARIAS, F. J. C. Melhoramento do algodoeiro no Cerrado. In: FREIRE, E. C. (Org.). **Algodão no cerrado do Brasil**. 1. ed. Brasília, DF: Abrapa, 2007, v. 1, p. 267-318.

FREIRE, E.C.; MORELLO, C. DE L.; FARIAS, F.J.C.; FILHO, J.L. DA S.; NETO, F. das C.V.; PEDROSA, M.B.; SUINAGA, F.A.; COSTA, J.N.da; ANDRADE, F.P.de, Objetivos e métodos usados nos programas de melhoramento do algodão. *In:*

BELTRÃO, N.E. de; AZEVEDO, M.P. de, Eds. O Agronegócio do Algodão no Brasil. 2ªed., Brasília, Embrapa Informação Tecnológica, 2008. p.301-323.

FERREIRA, D. F.; **Estatística Multivariada**, 1ª edição, ed. UFLA, 2008

GABRIEL, K.R. The biplot graphic display of matrices with application to principal component analysis. *Biometrika*, v. 58, n. 3, p. 453 – 467, 1971.

GARBUGLIO, D. D. **Metodologia de estratificação ambiental e adaptabilidade via análise de fatores associada aos efeitos genotípicos e de interação genótipos por ambientes**. 2010. 105 p. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Universidade Federal de Lavras, Lavras, 2010.

GAUCH, H.G.; ZOBEL, R.W. Identifying mega-environments a targeting genotypes. *Crop Science*, Madison, v.37, p. 311-326, 1997.

GAUCH, H.G. Statistical analysis of yield trials by AMMI and GGE. **Crop Science**, v.46, n.4, p.1488-1500, 2006. Disponível em: <<https://www.crops.org/publications/cs/articles/46/4/1488>>. Acesso em: 05 outubro, 2015. doi: 10.2135/cropsci2005.07-0193.

GAUCH, H.G.; PIEPHO, H.P.; ANNICCHIARICO, P. Statistical Analysis of Yield Trials by AMMI and GGE: Further Considerations. *Crop Science*, v.48, p.866-889, 2008.

GAMA, E.E.G.; PARENTONI, S.N.; PACHECO, C.A.P.; OLIVEIRA, A.C. de; GUIMARAES, P.E. de O.; SANTOS, M.X. dos. 2000. Estabilidade da produção de germoplasma de milho avaliados em diferentes regiões do Brasil. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, 35: (6): 1143- 1149.

GRIDI-PAPP, I. L. Genética e melhoramento do algodoeiro. In: KERR, W.W. **Melhoramento e genética**. São Paulo: USP, 1969. cap.4, p.75-93.

GOLLOB, H. F. A statistical model which combines features of factor analytic and analysis of variance techniques. **Psychometrika**, Williamsburg, v. 33, p. 73-145, 1968.

HAMAWAKI, O T e SANTOS, P. G. 2003. Adaptabilidade e estabilidade de genótipos de milho avaliadas por meio do modelo de regressão. *Ciência Rural* 33: 195-199.

HARLAND, G. C. **Trabajos de selección del algodón Peruvian-Tanguis**. Lima: Sociedade Nacional Agraria, Instituto de Genetica de Algodon, 1944. 101p. (Boletin, 1).

HALLAUER, A. R.; MIRANDA FILHO, J. B. **Quantitative genetics in maize breeding**. Ames: Iowa State University, 1981. 468p.

HONGYU, K.; GARCIA-PEÑA, M.; ARAÚJO, L. B.; DIAS, C. T. S. Statistical analysis of yield trials by AMMI analysis of genotype x environment interaction. *Biometrical Letters*, Poznan, v.51, p.89-102, 2014.

ICAC.International Cotton Advisory Committee. **Cotton: World statistics 2014**. Disponível em: <https://icac.generation10.net/index/index>. Acesso em: 15 Agosto de 2015

JOHNSON, R.A.; WICHERN, D.W.; **Applied Multivariate Statistical Analysis**. New Jersey: Prentice-Hall, Fifth Edition, 2006. 767 p.

KANDUS, M. et al. Statistical models for evaluating the genotype-environment interaction in maize (*Zea mays* L.). **Phyton**, Buenos Aires, v. 79, n. 1, p. 1851-5657, 2010.

LONDERO, P. M. G.; RIBEIRO, N. D.; FILHO, A. C.; RODRIGUES, J. A.; ANTUNES, I. F. Herdabilidade dos teores de fibra alimentar e rendimento de grãos em populações de feijoeiro. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 41, n. 1, p. 51-58, 2006.

LANDELL, M.G.A, BRESSIANI, J.A. **Melhoramento genético , caracterização e manejo varietal**. In: DINARDO – MIRANDA, L.L; VASCONCELOS, A.C.M.; LANDELL, M.A.G. Cana-de-açúcar. Campinas: Instituto Agrônômico, 2008.p. 791-806.

LANZA, M. A.; Adaptabilidade e Estabilidade do Algodoeiro Herbáceo (*Gossypiumhirsutum* L.) no Estado de Minas Gerais. 2005. 62f. il. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Universidade Estadual de São Paulo, Jaboticabal, 2005.

LEE, J. A. Cotton. In: FERH, W. R. (Ed.). **Principles of cultivar development**. New York: MacMillan, 1987. p. 126-160.

MALLA, S. et al. Comparison of shifted multiplicative model, rank correlation, and biplot analysis for clustering winter wheat production environments. **Euphytica**, Wageningen, v. 174, p. 357-370, 2010.

MELO, L. C.; MELO, P. G. S.; FARIA, L. C.; DIAZ, J. L. C; DEL PELOSO, M. J.; RAVA, C. A.; COSTA, J. G. C. Interação com ambientes e estabilidade de genótipos de feijoeiro-comum na Região Centro-Sul do Brasil. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 42, n. 5, p. 715-723, 2007.

MOREIRA, J. de A. N.; SANTOS, R. F. dos. **Origem, crescimento e progresso da cotonicultura no Brasil.** Campina Grande: EMBRAPA-CNPA, 1994. 169p.

MOHAMMADI, R.; HAGHPARAST, R.; AGHAEI, M.; ROSTAEI, M.; POURDAD, S.S. Biplot Analysis of Multi-Environment Trials for Identification of Winter Wheat Megaenvironments in Iran. *World Journal of Agricultural Sciences*, v.3, p.475-480, 2007.

MOHAMMADI, R.; AMRI, A. **Analysis of genotype x environment interactions for grain yield in durum wheat.** *Crop Science*, Madison, v.49, p. 1177-1186, July/Aug. 2009.

NEDER, D. G. STATGEN - plataforma web para análise de dados genéticos. In: Reunião Anual da Região Brasileira da Sociedade Internacional de Biometria, 58., 2013, Campina Grande, PB. Anais... Campina Grande, 2013. p.155.

NILES, G.A.; FEASTER, C.V. Breeding. In: KOHER, R.J.; LEWIS, C.F. **Cotton.** Madison: American Society of Agronomy, 1984. cap. 7, p 202-229.

OLIVEIRA, R. L. et al. Evaluation of maize hybrids and environmental stratification by the methods AMMI and GGE biplot. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, Londrina, v. 10, n. 3, p. 247-253, Sept. 2010.

PERCIVAL, A. E.; STEWART, J. M.; AND WENDEL, J. F. Taxonomy and germplasm resources. In: SMITH, C. W.; COTHREN, J. T. (Ed.). **Cotton: origin, history, technology and production.** New York: John Wiley, 1999. p. 33-62.

PEREIRA, H. S.; MELO, L. C.; FARIA, L. C.; DEL PELOSO, M. J.; COSTA, J. G. C.; RAVA, C. A.; WENDLAND, A. Adaptabilidade e estabilidade de genótipos de feijoeiro comum com grãos tipo carioca na Região Central do Brasil. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 44, n. 1, p. 29-37, 2009.

PEREIRA, H. S.; MELO, L. C.; PEREIRA, H. S.; FARIA, L. C.; DEL PELOSO, M. J.; DIAZ, J. L. C.; WENDLAND, A. Indicação de cultivares de feijoeiro-comum baseada na avaliação conjunta de diferentes épocas de semeadura. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 45, n. 6, p. 571-578, 2010.

PIEPHO, H. P. Robustness of statistical test for multiplicative terms in additive main effects and multiplicative interaction model for cultivar trial. **Theoretical and Applied of Genetics**, Heidelberg, v. 89, p. 438-443, 1995.

PIMENTEL GOMES, F. **Curso de estatística experimental**. 8. ed. São Paulo: Nobel, 1990. 468 p.

PIMENTEL-GOMES, F.P. **Curso de estatística experimental**. 11.ed. São Paulo: Nobel, 2000. 466p

R CORE TEAM. R: a language and environment for statistical computing. Vienna: R Foundation for Statistical Computing , 2012.

RAMALHO, M. A. P.; ABREU, A. F. B.; SANTOS, P. S. J. Interações genótipos x épocas de semeadura, anos e locais na avaliação de cultivares de feijão nas Regiões sul e Alto Paranaíba em Minas Gerais. **Ciência e Agrotecnologia**, Lavras, v. 22, n. 2, p. 176-181, 1998.

RAMALHO, M.A. P, SANTOS, J.B., PINTO, C.A.B.P. **Genética na agropecuária**. 2 ed, Lavras: UFLA, 2001. 472p.

RAMALHO, M. A. P.; SILVA FILHO, J. L.; ABREU, A. F. B. A interação safras x cultivares no trabalho dos melhoristas de feijão. CONGRESSO NACIONAL DE PESQUISA DE FEIJÃO, 7., 2002, Viçosa. **Resumos...** Viçosa: Universidade Federal de Viçosa, 2002. p. 366-368.

REA , R.; Sousa-Vieira, O.; Ramón, M.; Alejos, G.; Díaz, A.; Briceño, R. 2011. **AMMI analysis and its application to sugarcane regional trials in Venezuela**. 2011 Sugar Tech 1–6. Disponível :<http://dx.doi.org/10.1007/s12355-011-0070-8>Acessado em 10 Dez 2014.

ROBERTSON, A. **Experimental design on the measurement of heritabilities and genetic correlations**: biometrical genetics. New York: Pergamon, 1959, 186p.

ROCHA, M.M.;VELLO, N.A. Interação genótipos e locais para rendimento de grãos de linhagens de soja com diferentes ciclos de maturação . **Bragantia** , Campinas, v.58, n.1, p.69-81, jun.1999.

ROCHA, M.M. **Seleção de linhagens experimentais de soja para adaptabilidade e estabilidade fenotípica**. 2002. 184p. Tese(Doutorado) - Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz, Piracicaba.

SILVA, J. W. **Emprego da simulação na escolha do número de indivíduos no método “bulk” no melhoramento de plantas autógamas**. 2009. 59 f. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas)–Universidade Federal de Lavras, Lavras, 2009.

SILVA, G. O. et al. Verificação da adaptabilidade e estabilidade de populações de cenoura pelos métodos AMMI, GGE biplot e REML/BLUP. **Bragantia**, Campinas, v. 70, n. 3, p. 494-501, Sept. 2011.

SILVA, R. R.; BENIN, G. Análises Biplot: conceitos, interpretações e aplicações. **Ciência Rural**, Santa Maria, v.42, n.8, p.1404-1412, 2012.

SABAGHNIA, N.; SABAGHPOUR, S. H.; DEHGHANI, H. The use of na AMMI model and its parameters to analyse yield stability in multi-environment trials. **Jours of agricultural Science** , Cambridge, v. 146, p. 517-581, 2008.

SAMONTE, S.O.P. B. et al. **Targeting cultivars onto rice growing environments using AMMI and SREG GGE biplot analyses.**Crop Science, Madison, v. 45, p 2124-2424, Nov/Dec. 2005.

SOARES, J. J.; LARA, F. M.; SILVA, C. A. D.; ALMEIDA, R. P.; WANDERLEY, D. S. **Influência da posição do fruto na planta sobre a produção do algodoeiro.** Pesquisa Agropecuária Brasileira, 34: 5, 1999.

OLIVEIRA, G. V.; CARNEIRO, P. C. S.; CARNEIRO, J. E. S.; CRUZ, C. D. Adaptabilidade e estabilidade de linhagens de feijão comum em Minas Gerais. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 41, n. 2, p. 257-265, 2006.

TORGA, P. P. **Interação de genótipos com ambientes em ensaios de feijoeiro-comum do grupo preto: implicações na recomendação de cultivares.** 2011. 104 f. Tese (Doutorado em Agronomia: Genética e Melhoramento de Plantas)–Escola de Agronomia e Engenharia de Alimentos, Universidade Federal de Goiás, Goiânia, 2011.

WENDEL, J. F.; ALBERT V. A. Phylogenetics of the cotton genus (*Gossypium*): Character-State Weighted Parsimony Analysis of chloroplast DNA restriction site data and its systematic and biogeographic implications. **Systematic Botany**. 17: 115-143. 1992.

WENDEL, J. F.; CROWN, R. C. Polyploidy and the evolutionary history of cotton. **Advances in Agronomy**, San Diego, v. 78, p. 139-136, 2003.

YAN, W.; HUNT, L.A.; SHENG, Q.L.; SZLAVNICS, Z. Cultivar evaluation and mega-environment investigation based on the GGE Biplot. **Crop Science**,Madison, v.40,n.3, p.597- 605, 2000.

YAN, W. et al. Two types of GGE Biplot for analyzing multienvironment trial data. **Crop Science**, v.41, p.656-663, 2001.

YAN, W., AND RAJCAN I.. Biplot evaluation of test sites and trait relations of soybean in Ontario. **Crop Science**. 42:11–20, 2002.

YAN, W.; KANG, M. S. *GGE Biplot Analysis: A Graphical Tool for Breeders, Geneticists, and Agronomists*. CRC Press, Boca Raton, FL, USA, 2003.271p.

ZOBEL R.; WRIGHT, M. J.; GAUCH, H. G. Statistical analysis of yield trial. **AgronomyJournal**, Madison, v. 80, p. 388-393, 1988.