

Universidade de São Paulo
Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”

Comparação de métodos no estudo da estabilidade fenotípica

Elton Rafael Mauricio da Silva Pereira

Dissertação apresentada para obtenção do título de Mestre
em Ciências. Área de concentração: Estatística e
Experimentação Agronômica

Piracicaba
2009

Elton Rafael Mauricio da Silva Pereira
Licenciado em Matemática

Comparação de métodos no estudo da estabilidade fenotípica

Orientadora:
Prof.^a. Dr.^a. **SÔNIA MARIA DE STEFANO PIEDADE**

Dissertação apresentada para obtenção do título de Mestre em Ciências. Área de concentração: Estatística e Experimentação Agronômica

Piracicaba
2009

**Dados Internacionais de Catalogação na Publicação
DIVISÃO DE BIBLIOTECA E DOCUMENTAÇÃO - ESALQ/USP**

Pereira, Elton Rafael Mauricio da Silva

Comparação de métodos no estudo da estabilidade fenotípica / Elton Rafael Mauricio da Silva Pereira. - - Piracicaba, 2009.
69 p. : il.

Dissertação (Mestrado) - - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz", 2009.
Bibliografia.

1. Cana-de-açúcar 2. Interação genótipo-ambiente 3. Melhoramento genético vegetal
4. Modelos lineares 5. Modelos não lineares I. Título

CDD 633.61
P436c

"Permitida a cópia total ou parcial deste documento, desde que citada a fonte – O autor"

Dedicatória

A Deus

pelo dom da vida e por proporcionar
a concretização deste sonho.

Dedico este trabalho aos meus
pais Reinaldo e Marta,
pelo esforço e dedicação para que eu
chegasse até aqui.

AGRADECIMENTOS

A minha orientadora Profa. Dra. Sônia Maria De Stefano Piedade pela orientação e atenção no desenvolvimento neste trabalho.

Ao Prof. Dr. Roland Vencovsky, pela paciência, dedicação de seu tempo e discussões que enriqueceram este trabalho.

Ao Prof. Dr. Daniel Furtado Ferreira pelas valiosas sugestões e discussões por e-mail.

Ao Prof. Dr. José Silvio Govone pelo apoio durante o período de graduação fornecendo seu conhecimento em estatística para que eu conquistasse a vaga no mestrado.

Ao Programa de Melhoramento Genético da Cana-de-Açúcar da Universidade Federal de São Carlos - UFSCar pela concessão dos dados utilizados nesta pesquisa.

Aos professores do Departamento de Ciências Exatas da ESALQ/USP, Prof. Dr. Carlos Tadeu dos Santos Dias, Profa. Dra. Clarice Garcia Borges Demétrio, Prof. Dr. Décio Barbin, Prof. Dr. Edwin Moisés Ortega, Prof. Dr. Gerson Barreto, Profa. Dra. Roseli Aparecida Leandro, Prof. Dr. Silvio Sandoval Zocchi, e Prof. Dr. Vitor Augusto Ozaki.

A minha querida amiga e companheira Paula que me ajudou e incentivou.

Aos amigos de mestrado e doutorado, Bruno, Cássio, Edjane, Guilherme, Elizabeth, Júlio César, Luiz Trench, Lucas Mendes, Mariana, Michele, Raphael, Rodrigo, pelo apoio, discussões e pelos momentos descontraídos ao longo destes anos.

Aos funcionários do Departamento de Ciências Exatas da ESALQ/USP, especialmente às secretárias Solange de Assis Paes Sabadin e Luciane Brajão que sempre foram atenciosas e pacientes, aos técnicos em informática Jorge Alexandre Wiendl e Eduardo Bonilha, pela atenção e disponibilidade e ao Rosni Honofre Aparecido Pinto pela amizade.

Aos meus irmãos Eric e Marcela, pela confiança e apoio neste período.

Aos demais idealizadores, coordenadores e funcionários da ESALQ.

Ao Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico - CNPQ pelo apoio financeiro durante 10 meses.

A todos que de alguma forma ajudaram a lapidar este projeto.

SUMÁRIO

RESUMO	9
ABSTRACT	11
LISTA DE FIGURAS	13
LISTA DE TABELAS	15
1 INTRODUÇÃO	17
2 REVISÃO DE LITERATURA	21
2.1 Interação genótipos x ambientes	21
2.1.1 Adaptabilidade e estabilidade	23
2.1.2 Metodologias para diminuir o efeito $G \times E$	24
2.1.3 Métodos para estimar os parâmetros de estabilidade fenotípica	24
2.1.4 Método de Finlay e Wilkinson (1963)	25
2.1.5 Método de Eberhart e Russel (1966)	26
2.1.6 Modelos bi-segmentados	28
2.1.7 Verma, Chahal e Murty (1978)	28
2.1.8 Silva e Barreto (1986)	28
2.1.9 Cruz, Torres e Vencovsky (1989)	29
2.1.10 Modelos não-lineares	32
2.1.11 Classificação dos genótipos	35
2.1.12 Aplicações das Metodologias	37
3 MATERIAL E MÉTODOS	39
3.1 Material	39
3.2 Métodos	39
3.2.1 Análise estatística dos dados	39
3.2.2 Análise de Variância	39
3.2.3 Análise de variância em cada ambiente	39
3.2.4 Análise de variância conjunta	40
3.2.5 Estimação dos parâmetros de estabilidade do modelo de regressão proposto por Cruz, Torres e Vencovsky (1989)	42

3.2.6	Estimação dos parâmetros de estabilidade do modelo de regressão proposto por Toler e Burrows (1998).	42
3.2.7	Relação entre o padrão de resposta e a produtividade	43
4	RESULTADOS E DISCUSSÃO	45
4.1	Parâmetros de Estabilidade	48
4.2	Enquadramento segundo o nível de produtividade	53
4.2.1	Cruz, Torres e Vencovsky (1989).	54
4.2.2	Toler e Burrows (1998).	54
4.3	Gráficos	55
5	CONCLUSÕES	59
	REFERÊNCIAS	61
	ANEXOS	65

RESUMO

Comparação de métodos no estudo da estabilidade fenotípica

É comum o estudo da estabilidade fenotípica em genótipos de cana-de-açúcar. Várias são as metodologias para estudar a interação genótipos x ambientes (G x E). O desafio para os melhoristas é encontrar variedades de cana-de-açúcar com desempenho superior em diversos ambientes, ou seja, que sejam altamente produtivas e também responsivas com a melhoria do ambiente. O estudo das metodologias permite verificar se determinada técnica biométrica é eficiente para expressar o comportamento de genótipos em vários ambientes e também permite aprimorá-las para que as conclusões sejam mais confiáveis. Este trabalho teve como objetivo comparar dois métodos de regressão utilizados para avaliar a estabilidade fenotípica em variedades de cana-de-açúcar: o linear, de Cruz, Torres e Vencovsky (1989) e o não-linear, de Toler e Burrows (1998). Foram utilizados dados da variável tonelada de cana por hectare - TCH, fornecidos pelo Programa de Melhoramento Genético da Cana-de-Açúcar da UFSCar, compreendendo sete locais e 18 genótipos de cana-de-açúcar. Quando se realizou o enquadramento dos genótipos nos diferentes grupos, 17 genótipos dos 18 avaliados enquadraram-se nos mesmos grupos em ambos os métodos. Os coeficientes de determinação foram similares, sendo que 11 genótipos apresentaram melhor ajuste ao modelo de Cruz et al., enquanto que este número foi de sete para o modelo de Toler e Burrows. As análises indicaram que ambas metodologias produziram resultados similares.

Palavras-chave: Estabilidade Fenotípica; Modelo não-linear; Modelo linear; Interação genótipo ambiente

ABSTRACT

Comparasion of methods for the study of phenotypic stability

It is common to study the phenotypic stability of sugarcane genotypes. There are several methods to study the genotype by environment interaction . The challenge for breeders is to find varieties of sugarcane with superior performance different environments, i.e, that are highly productive and responsive to environmental improvement. The study of methodologies allows to verify whether certain technique biometrics is effective to express the behavior of genotypes in several environments and it also allows improving them so that the conclusions are more reliable. This study aimed to compare two regression methods used to evaluate the phenotypic stability of varieties of sugarcane: the linear method by Cruz, Torres e Vencovsky (1989), and non-linear, by Toler and Burrows (1998). We used the variable data tons of cane per hectare - TCH, which were provided by the Genetic Improvement Program of Sugarcane in UFSCar, including seven locations and 18 genotypes. When genotypes were grouped according to stability and yield, 17 of the 18 genotypes evaluated were classified in the same groups, in both methods. The coefficients of determination were similar, 11 genotypes showing better adjustment to the model of Cruz et al., while this number was seven for the Toler and Burrows' model. The analysis indicated that both methodologies produced similiar results.

Keywords: Phenotypic stability; No-linear model; Linear model; Genotype-environment interaction

LISTA DE FIGURAS

Figura 1 - Comportamento de dois genótipos considerando apenas um par de ambientes e um par de genótipos	22
Figura 2 - Comportamento de genótipos de acordo com Toler e Burrows (1998)	33
Figura 3 - Histograma de TCH obtido com os dados originais	46
Figura 4 - Ajuste do genótipo 3 pelo método de Cruz, Torres e Vencovsky (1989). Cana-de-açúcar. TCH. 2005	56
Figura 5 - Ajuste do genótipo 3 pelo método de Toler e Burrows (1998). Cana-de-açúcar. TCH. 2005	56
Figura 6 - Ajuste do genótipo 6 pelo método de Cruz, Torres e Vencovsky (1989). Cana-de-açúcar. TCH. 2005	57
Figura 7 - Ajuste do genótipo 6 pelo método de Toler e Burrows (1998). Cana-de-açúcar. TCH. 2005	58

LISTA DE TABELAS

Tabela 1 - Representação dos dados médios de p genótipos avaliados em q ambientes para um caráter genérico Y	25
Tabela 2 - Categorias de sensibilidade de resposta segundo Verma et al. (1978)	36
Tabela 3 - Critérios de classificação dos genótipos segundo Toler (1990)	36
Tabela 4 - Esquema da análise de variância para experimento de um grupo de genótipos avaliados em um local em r blocos	40
Tabela 5 - Esquema da análise de variância para experimentos de um mesmo grupo de genótipos avaliado em q locais com r blocos	41
Tabela 6 - Critérios de classificação dos genótipos segundo o modelo de Cruz, Torres e Vencovsky (1989)	42
Tabela 7 - Estatísticas descritivas para a variável TCH	45
Tabela 8 - Resultado da análise de variância para cada ambiente, obtidos dos dados de 18 genótipos avaliados em sete ambientes	46
Tabela 9 - Análise de variância conjunta do experimento com 18 genótipos avaliado em 7 ambientes com 3 blocos. Cana-de-açúcar. TCH. 2005	47
Tabela 10 - Teste de normalidade dos resíduos. Dados de cana-de-açúcar. TCH. 2005	48
Tabela 11 - Estimativa dos parâmetros do modelo proposto por Cruz, Torres e Vencovsky (1989) e os valores de R^2 estimados. Cana-de-açúcar. Variável TCH. 2005	49
Tabela 12 - Estimativa do contraste entre os parâmetros do modelo proposto por Toler e Burrows (1998), o erro padrão associado, o valor t calculado e suas probabilidades para o caráter TCH	50
Tabela 13 - Teste de hipótese para o parâmetro β_i comum do modelo de Toler, estimativa, erro padrão associado (EP), o valor t calculado e suas probabilidades para o caráter TCH. Cana-de-açúcar. 2005	51
Tabela 14 - Médias observadas e estimativas dos parâmetros de estabilidade segundo o método de Toler (1990) para a variável TCH. Cana-de-açúcar. 2005	52

Tabela 15 -Valores de R^2 dos genótipos de acordo com o método de Cruz, Torres e Vencovsky (1989) e de acordo com o método de Toler (1990). Cana-de-açúcar. Variável TCH. 2005	53
Tabela 16 -Número de variedades de cana-de-açúcar classificados de acordo com os níveis de produtividade e os grupos em que foram enquadrados conforme resultados obtidos pela metodologia de Cruz, Torres e Vencovsky (1989) . .	54
Tabela 17 -Número de variedades de cana-de-açúcar classificados de acordo com os níveis de produtividade e os grupos em que foram enquadrados conforme resultados obtidos pela metodologia de Toler e Burrows (1998)	55
Tabela 18 -Nome dos genótipos avaliados nos diferentes ambientes	68
Tabela 19 -Média dos 18 genótipos nos 7 ambientes avaliados. Cana-de-açúcar. TCH. 2005	69

1 INTRODUÇÃO

A cana-de-açúcar (*Saccharum spp.*) destaca-se como uma das mais importantes culturas, sendo a principal fonte de sacarose e de vários outros produtos (MATSUOKA et al. 1999) e é originária do Sudeste Asiático, na região centrada em Nova Guiné e Indonésia (DANIELS; ROACH, 1987). No Brasil estima-se que existam atualmente 5,9 milhões de ha plantados com cana-de-açúcar, sendo a produção de aproximadamente 314.452.000 toneladas de cana. As estimativas também indicam que 55 % da cana são utilizados na produção de álcool e 45 % na produção de açúcar, mas este indicativo pode variar em função dos preços, principalmente os de exportação. O Brasil é o líder mundial de produção de cana, sendo seguido pela Índia e Austrália. São Paulo é o maior produtor de cana com cerca de 3,1 milhões de ha, seguido dos estados do Paraná, Alagoas, Minas Gerais, Pernambuco e Santa Catarina (CRISPIM et al., 2006).

Segundo Raizer (1998), a cana-de-açúcar (*Saccharum spp.*) é um produto de grande importância econômica e social no Brasil, destacando-se os seus derivados, o álcool e o açúcar. O Estado de São Paulo contribui com cerca de 60% da produção nacional.

Apesar da importância do Brasil como produtor mundial de cana-de-açúcar, a produção desta cultura tem sido afetada por inúmeros fatores. Dentre eles, destacam-se: as condições climáticas desfavoráveis enfrentadas pela conquista de novas fronteiras agrícolas e a carência de variedades adaptadas a essas inúmeras condições existentes (PICELLI et al., 2008).

Uma característica marcante no melhoramento genético é identificar combinações gênicas superiores e, assim, lançar novas variedades que atendam as exigências do mercado para produção comercial (Berding et al., 1997; Hogarth et al., 1997).

Programas de melhoramento de plantas visam a obtenção de genótipos com alta produtividade, estabilidade de produção e ampla adaptabilidade aos mais variados ambientes da região para a qual são recomendados (SILVA; DUARTE, 2006).

Ao longo dos anos esses programas foram evoluindo chegando aos programas atuais de melhoramento genético, que fornecem inúmeras variedades, adaptadas a diferentes condições ambientais em todo o país (MATSUOKA; GARCIA; ARIZONO, 2005).

Os programas compreendem três etapas: obtenção de uma população-base, escolha dos indivíduos superiores dessa população e a avaliação destes indivíduos num grande número de ambientes. Esta última etapa visa a obtenção de dados de genótipos com alta produtividade com os quais procura-se obter novas variedades para serem recomendadas aos agricultores.

No entanto, há um fenômeno natural que agrava esta recomendação conhecida como "interação de genótipos com ambientes" GxE (EBERHART; RUSSEL, 1986). Obter estimativas da interação genótipo x ambiente é de suma importância tanto para os melhoristas quanto para os agricultores. Em relação aos agricultores, sua importância está no fato de que os cultivares devem ter o mínimo de interação com locais e ou anos, permitindo a redução dos riscos da produção agrícola e garantindo lucros na safra. Para os melhoristas, a existência de tais interações implica a necessidade do desenvolvimento de cultivares específicos para determinado ambiente. Desta forma, o ideal é que se observe na cultivar comportamento estável independente do local e do ano de cultivo, fato de limitada ocorrência (RAMALHO; SANTOS; ZIMMERMANN, 1993).

Por essa razão, os melhoristas empenham-se em conhecer o tipo de reação dos genótipos frente às variações ambientais pois ela reduz a precisão da seleção de um ambiente para outro, ou seja, procura-se indicar genótipos com baixa interação com os ambientes.

Análises de estabilidade e adaptabilidade permitem a identificação de genótipos de comportamento previsível e que sejam responsivos às variações do ambiente, em condições específicas ou amplas (CRUZ; REGAZZI, 1994). O estudo da estabilidade fenotípica permite sintetizar o enorme volume de informações obtidas, caracterizando a capacidade produtiva, a adaptação às variações ambientais e a estabilidade de novas variedades (RAIZER; VENCOVSKY, 1999).

Face à demanda dessa cultura no contexto nacional e internacional, o uso de metodologias que possam auxiliar a escolha correta e adequada de genótipos superiores, deverão ser empregadas pelos programas de melhoramento genético da cana-de-açúcar, com o objetivo de indicar variedades superiores utilizadas pela unidade produtora com maior confiabilidade e precisão.

Desta forma, o presente trabalho tem por objetivo geral estudar a “interação genótipos \times ambientes” na cultura de cana-de-açúcar pela análise de estabilidade comparando os métodos de Cruz, Torres e Vencovsky (1989) e o modelo não-linear de Toler e Burrows (1998).

2 REVISÃO DE LITERATURA

2.1 Interação genótipos x ambientes

De maneira geral, a interação genótipo \times ambiente pode ser encarada como o resultado da influência das mudanças que ocorrem de forma intra ou extracelular na expressão do genótipo (BREWBAKER, 1969; CRUZ; REGAZZI, 2004). A presença de interação entre genótipos e ambientes ($G \times E$) é decorrente do comportamento diferenciado de materiais genéticos frente a condições ambientais distintas (CRUZ; CARNEIRO, 2003).

Segundo Allard e Bradshaw (1964), pode-se classificar as variações ambientais em previsíveis e imprevisíveis. Nas previsíveis incluem-se, entre outras, os fatores controlados pelo homem, tais como: época de semeadura e colheita, doses e fórmulas de adubação, método de colheita, etc. Nas imprevisíveis estão os fatores que não podem ser previstos de forma segura, tais como: quantidade de chuva, oscilações de temperatura, etc. Para Fehr (1987), as variáveis imprevisíveis são as que mais contribuem para as interações genótipo \times anos e genótipos \times anos \times locais.

A interação $G \times E$ pode ser facilmente detectada através de uma tabela de dupla entrada. Pela tabela, pode-se observar três possíveis situações: ausência de interação, interação simples e interação complexa. A interação simples, é proporcionada pela diferença de variabilidade entre genótipos nos ambientes, e a interação complexa é causada pela falta de correlação entre genótipos. Segundo Ramalho et al. (1993), geralmente a presença de interação complexa indica a existência de cultivares especificamente adaptados a determinados ambientes impedindo que a recomendação de cultivares possa ser feita de maneira generalizada. Dessa forma, torna-se necessário utilizar medidas para minimizar tais efeitos.

Considerando apenas um par de ambientes e de genótipos, pode-se ilustrar a ocorrência ou não da interação entre dois genótipos G_1 e G_2 por meio da figura 1:

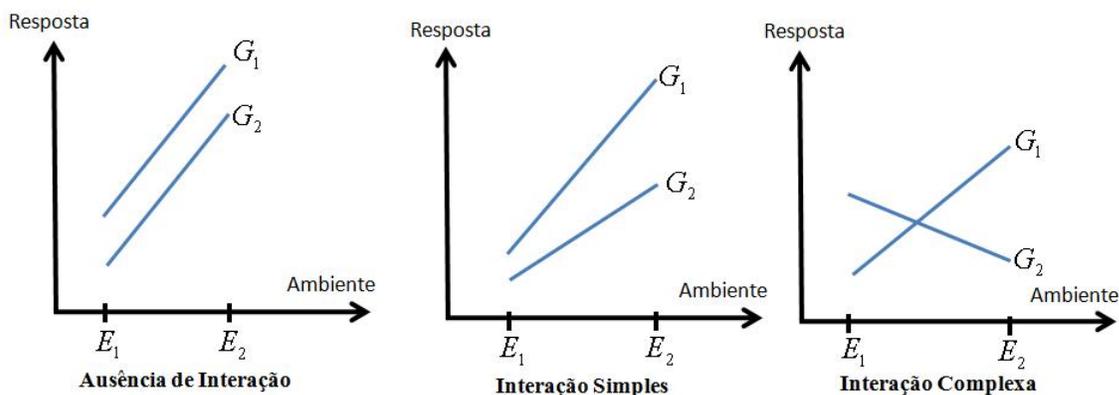


Figura 1 - Comportamento de dois genótipos considerando apenas um par de ambientes e um par de genótipos

Na prática, para se detectar a interação genótipo \times ambiente, precisa-se que um experimento seja repetido em vários ambientes. É necessário que se considere a interação de genótipos com diferentes ambientes, o modo como tal interação pode ocorrer e como pode ser detectada, medida e avaliada (VENCOVSKY; BARRIGA, 1992). Um estudo profundo sobre isso pode ser observado em vários autores: Comstock e Moll (1963), e em Mather e Jinks (1973).

Segundo Vencovsky e Barriga (1992), não se pode concentrar o estudo do melhoramento genético apenas em detectar a presença de interação; deve-se também preocupar-se com sua natureza.

A interação genótipos \times ambientes reflete as diferentes respostas dos genótipos às variações do ambiente, resultando em mudanças de seus desempenhos relativos. A magnitude na expressão fenotípica do caráter pode reduzir a correlação entre o fenótipo e o genótipo, colaborando com o aumento aparente da variância genética e, como consequência, de parâmetros dependentes desta, como a herdabilidade e o ganho genético com a seleção (ROCHA; VELLO, 1999).

Na análise estatística, apenas uma pequena porção da interação pode ser atribuída a fatores previsíveis. Para atenuar os efeitos da interação G \times E pode-se recorrer a algumas alternativas: identificar genótipos específicos para cada ambiente, no entanto,

esta forma envolve altos custos; realizar um zoneamento agrícola, ou seja, subdividir uma região heterogênea em regiões mais uniformes; contudo esta opção não controla a interação genótipo×anos ou o estudo da adaptabilidade e estabilidade fenotípica, esta última opção é a que vem sendo mais utilizada (ROSSE, 1999; CRUZ; CASTOLDI, 1991).

2.1.1 Adaptabilidade e estabilidade

Adaptabilidade e estabilidade, embora sejam fenômenos relacionados, não devem ser considerados como um só, no entanto é esta última a que mais interessa (VENCOVSKY; BARRIGA, 1992). Segundo Hoogerheide et al. (2007) o estudo da estabilidade e adaptabilidade é uma maneira de avaliar o fenômeno da interação entre genótipos e ambientes sendo de grande importância para o melhorista, cujo maior interesse é encontrar genótipos que se comportem bem em um determinado ambiente mas também sob diferentes condições ambientais.

Mariotti et al. (1976) utiliza o termo adaptabilidade para designar a capacidade potencial dos genótipos de responderem vantajosamente frente ao estímulo ambiental, do ponto de vista da produtividade. A estabilidade é considerada como a capacidade dos genótipos de exibirem um desempenho constante frente às variações da qualidade ambiental. Cruz e Regazzi (1994) referem-se à estabilidade como sendo a capacidade dos genótipos mostrarem um comportamento altamente previsível em função do estímulo ambiental.

VERMA et al. (1978) define o cultivar ideal como aquele que apresenta alta capacidade de produção, associada à alta estabilidade em ambientes desfavoráveis e à capacidade de responder satisfatoriamente frente à melhoria ambiental.

O estudo da estabilidade fenotípica tem sido uma estratégia bastante utilizada em várias culturas, tais como: arroz (SANTOS et al., 2005), milho (CARVALHO et al., 2005), alfafa (FERREIRA et al., 2004), feijão (CARBONELL et al., 2001), girassol (LÚQUEZ et al., 2002), melancia (SILVA et al., 2008) e cana-de-açúcar (RAIZER et al., 1999).

2.1.2 Metodologias para diminuir o efeito $G \times E$

De forma geral, os programas de melhoramento demandam muitos anos de grande trabalho, em condições de campo, onde são feitas seleções em gerações segregantes com o intuito de buscar boas propriedades agronômicas (AMORIM et al., 2006). Tal trabalho deve-se ao fato de que a recomendação do genótipo deve ser a mais precisa possível.

2.1.3 Métodos para estimar os parâmetros de estabilidade fenotípica

Várias são as metodologias propostas para se determinar a estabilidade de um grupo de genótipos para que estes possam ser recomendados ou descartados. A escolha de um método de análise depende dos dados experimentais e deve-se considerar que algumas metodologias são alternativas, enquanto outras são complementares, podendo ser utilizadas conjuntamente .

Desde Freeman (1973) a interação genótipo \times ambiente têm sido reconhecida, sendo a referência mais antiga feita por Fisher e Mackenzie (1923), a qual precede a análise de variância conjunta. Diversos métodos têm sido propostos para investigar a estabilidade fenotípica e as diferenças entre eles estão nos próprios conceitos e procedimentos biométricos para medir a interação $G \times E$. Destacam-se os métodos baseados na variância da interação $G \times E$ (PLAISTED; PETERSON, 1959), regressão linear simples (FINLAY; WILKINSON, 1963; EBERHART; RUSSELL, 1966) e múltipla (VERMA et al., 1978; SILVA; BARRETO, 1986; CRUZ et al., 1989; STORCK; VENCOSKY, 1994); modelos não-lineares (CHAVES et al., 1989; TOLER; BURROWNS, 1998) entre outros.

Nos últimos 50 anos, o método mais usado tem sido a análise de regressão linear (BECKER; LÉON, 1988). A análise da interação a partir da regressão linear foi usada por Yates e Cochran (1938). Mais tarde, Finlay e Wilkinson (1963) popularizaram este método.

Afim de um melhor entendimento dos modelos que se seguem, considera-se uma tabela de dupla entrada, em que se tem nas linhas, os genótipos, e nas colunas, os ambientes em que o experimento foi realizado. Quando se tem todos os genótipos avaliados em todos os ambientes, com o mesmo número de repetições por experimento, diz-se que os dados são balanceados.

Tabela 1 - Representação dos dados médios de p genótipos avaliados em q ambientes para um caráter genérico Y

Genótipos	Ambientes					Médias
	1	2	3	...	q	
1	Y_{11}	Y_{12}	Y_{13}	...	Y_{1q}	$\bar{Y}_{1.}$
2	Y_{21}	Y_{22}	Y_{23}	...	Y_{2q}	$\bar{Y}_{2.}$
3	Y_{31}	Y_{32}	Y_{33}	...	Y_{3q}	$\bar{Y}_{3.}$
...	
p	Y_{p1}	Y_{p2}	Y_{p3}	...	Y_{pq}	$\bar{Y}_{p.}$
Médias	$\bar{Y}_{.1}$	$\bar{Y}_{.2}$	$\bar{Y}_{.3}$...	$\bar{Y}_{.q}$	$\bar{Y}_{..}$

2.1.4 Método de Finlay e Wilkinson (1963)

Este método baseia-se numa regressão linear e permite avaliar o padrão de resposta de cada genótipo considerando as variações ambientais. Este método realiza uma regressão linear para a variável dependente (normalmente a produção) em relação a um índice ambiental, sendo que a variável dependente é submetida à transformação logarítmica com o objetivo de aumentar a linearidade na regressão.

Modelo de Regressão

$$Y_{ij} = \beta_{0i} + \beta_{1i}X_j + \delta_{ij} + \bar{\epsilon}_{ij}$$

em que:

$$i = 1, 2, \dots, p$$

$$j = 1, 2, \dots, q$$

Y_{ij} : média do genótipo i , no ambiente j , obtida de dados preliminarmente transformados para a escala logarítmica;

β_{0i} : constante de regressão;

β_{1i} : coeficiente da regressão;

X_j : índice ambiental definido por:

$$X_j = \frac{1}{p} \sum_{i=1}^p Y_{ij}$$

δ_{ij} : desvio da regressão;

$\bar{\epsilon}_{ij}$: erro experimental médio.

Considera-se como genótipo ideal aquele com média $\hat{\beta}_{oi}$ elevada e com coeficiente $\hat{\beta}_{1i}$ igual a 1. Genótipos com coeficientes de regressão maiores que 1,0 apresentam estabilidade abaixo da média, sendo mais adaptados para ambientes favoráveis. Caso apresentem coeficientes menores que 1,0, pode-se dizer que apresentam estabilidade acima da média e são mais adaptados para os ambientes desfavoráveis.

2.1.5 Método de Eberhart e Russel (1966)

O método baseia-se numa regressão linear simples e adota o índice ambiental como a variável independente e a produtividade média de cada cultivar em cada ambiente como a variável dependente. Para estes autores, o índice ambiental é calculado como a diferença entre a média de cada ambiente e a média geral de todos eles, e os dados analisados não são transformados.

Modelo de Regressão

$$Y_{ij} = \beta_{0i} + \beta_{1i}I_j + \delta_{ij} + \bar{\epsilon}_{ij}$$

$$i = 1, 2, \dots, p$$

$$j = 1, 2, \dots, q$$

Y_{ij} : média do genótipo i , no ambiente j ;

β_{0i} : média geral do genótipo i ;

β_{1i} : coeficiente da regressão linear que mede a resposta do i -ésimo genótipo à variação do ambiente;

I_j : $I_j = \bar{Y}_{.j} - \bar{Y}_{..}$ índice ambiental codificado ($\sum_{i=1} I_j = 0$)

δ_{ij} : desvio da regressão;

$\bar{\epsilon}_{ij}$: erro experimental médio.

Para Eberhart e Russel (1966) a estabilidade refere-se à capacidade de os genótipos mostrarem um comportamento previsível frente à variação ambiental e é avaliada pelo componente de variância atribuído aos desvios da regressão ($\hat{\sigma}_{di}^2$), podendo classificar os genótipos em:

- Genótipos com estabilidade ou previsibilidade alta: são aqueles com $\hat{\sigma}_{di}^2$ igual a 0.
- Genótipos com estabilidade ou previsibilidade baixa: são aqueles com $\hat{\sigma}_{di}^2$ maior que 0.

Se $\hat{\beta}_{1i} = 1$ tem-se que o cultivar modifica seu comportamento de modo regular, conforme se altera a qualidade do ambiente. Se $\hat{\beta}_{1i} > 1$ tem-se um cultivar mais adequado para ambientes favoráveis e este será mais responsivo à melhoria ambiental mas poderá desapontar em ambientes inferiores.

Se $\hat{\beta}_{1i} < 1$ tem-se um cultivar menos responsivo mas melhor adequado a ambientes de qualidade inferior (Vencovsky; Barriga, 1992). Um valor tal que $\hat{\sigma}_{di}^2 = 0$, indica que o cultivar apresenta um comportamento previsível. Caso $\hat{\sigma}_{di}^2$ seja alto, tem-se que o cultivar apresenta comportamento imprevisível. Considera-se como genótipo ideal o que tem média geral $\bar{Y}_{i.}$ adequada do caráter, coeficiente $\hat{\beta}_{1j} = 1$ e $\hat{\sigma}_{di}^2 = 0$.

Perkins e Jinks (1968) idealizaram um método baseado em regressão, que permite estimar os efeitos de genótipos, ambientes e a interação $G \times E$, em linhas puras e seus cruzamentos. Tai (1971) propôs um método que usa regressão linear para determinar as respostas linear e não-linear de genótipos com os ambientes.

2.1.6 Modelos bi-segmentados

2.1.7 Verma, Chahal e Murty (1978)

Verma et al. (1978) propuseram um método baseado na regressão linear bi-segmentada, capaz de medir a resposta do genótipo diante de dois tipos de ambientes caracterizados como favoráveis (índice ambiental positivo) e desfavoráveis (índice ambiental negativo). Dessa forma, tem-se duas equações, sendo que o cultivar ideal é caracterizado como aquele que apresenta alta capacidade de produtividade associada a alta estabilidade em ambientes desfavoráveis e que é mais responsivo à melhoria ambiental.

2.1.8 Silva e Barreto (1986)

Silva e Barreto (1986) modificaram o método proposto por Verma et al. (1978). Tal método adota uma regressão múltipla para cada genótipo, tendo-se dessa forma, uma única equação constituída por dois segmentos de reta conectados no ponto correspondente ao índice ambiental nulo (VENCOVSKY; BARRIGA, 1992).

Modelo de Regressão

De maneira geral, este modelo descreve a média de um caractere expressa pelo tratamento i no ambiente j . Pode-se expressar este modelo em termos de valores esperados:

$$E(Y_{ij}) = \beta_{0i} + \beta_{1i}I_j + \beta_{2i}I_{j(+)}$$

$$i = 1, 2, \dots, p$$

$$j = 1, 2, \dots, q$$

I_j : é o índice ambiental utilizado por Eberhart e Russell (1966), e

$$I_{j(+)} = I_j, \text{ se } I_j > 0$$

$$I_{j(+)} = 0, \text{ se } I_j \leq 0.$$

Tem-se, desta forma, nos ambientes inferiores ($I_j < 0$):

$$E(Y_{ij}) = \beta_{0i} + \beta_{1j}I_j,$$

e nos ambientes superiores ($I_j > 0$):

$$\begin{aligned} E(Y_{ij}) &= \beta_{0i} + \beta_{1i}I_j + \beta_{2i}I_j \\ &= \beta_{0i} + (\beta_{1i} + \beta_{2i})I_j \end{aligned}$$

O primeiro segmento abrange os ambientes desfavoráveis e a estabilidade é dada pelo coeficiente de regressão $\hat{\beta}_{1i}$. O segundo segmento considera os ambientes favoráveis e a estabilidade é dada por $\hat{\beta}_{1i} + \hat{\beta}_{2i}$, sendo $\hat{\beta}_{2i}$ a diferença entre os ângulos dos dois segmentos. Este método baseia-se em um modelo de regressão múltipla, com I_j e $I_{j(+)}$ como variáveis independentes. Um valor de $\hat{\beta}_{1i}$ baixo e $\hat{\beta}_{2i}$ alto indica que o cultivar é resistente a um ambiente de qualidade inferior mas é responsivo se as condições ambientais melhoram.

2.1.9 Cruz, Torres e Vencovsky (1989)

Cruz et al. (1989) e Storck e Vencovsky (1994) propuseram alterações na metodologia de Silva e Barreto (1986) que contribuíram para facilitar a estimação dos parâmetros e melhorar a precisão das estimativas tornando-a mais simples e com propriedades mais adequadas aos propósitos do melhoramento (CRUZ; RAGAZZI, 2001).

Modelo de Regressão

O modelo de regressão de Cruz et al (1989) pode ser descrito da seguinte forma:

$$Y_{ij} = \beta_{0i} + \beta_{1i}I_j + \beta_{2i}T(I_j) + \delta_{ij} + \bar{\epsilon}_{ij}$$

$$i = 1, 2, \dots, p$$

$$j = 1, 2, \dots, q$$

I_j e Y_{ij} são definidos da mesma forma que no modelo de Silva e Barreto;

$\hat{\beta}_{1i}$ é o coeficiente de regressão nos ambientes inferiores;

$\hat{\beta}_{1i} + \hat{\beta}_{2i}$ coeficiente de regressão nos ambientes superiores;

$\hat{\beta}_{0i}$ é a média geral do caráter;

$T_j = I_{j(+)} - \bar{I}_{.(+)}$ é a nova variável do eixo das abscissas sendo $\bar{I}_{.(+)}$ a média dos valores $I_{j(+)}$.

Para os valores negativos de I_j , T_j é nulo.

Os estimadores de mínimos quadrados das constantes e dos coeficientes de regressão são:

$$\hat{\beta}_{0i} = \bar{Y}_i$$

$$\hat{\beta}_{1i} = \frac{\sum_j Y_{ij} I_j - \sum_j Y_{ij} T(I_j)}{\sum_j Y_{ij}^2 - \sum_j T^2(I_j)}$$

$$\hat{\beta}_{2i} = \frac{\sum_j I_j^2 \sum_j Y_{ij} T(I_j) - \sum_j T^2(I_j) \sum_j Y_{ij} I_j}{\sum_j T^2(I_j) [\sum_j I_j^2 - \sum_j T^2(I_j)]}$$

$$\hat{\beta}_{1i} + \hat{\beta}_{2i} = \frac{\sum_j Y_{ij} T(I_j)}{\sum_j T^2(I_j)}$$

A estes estimadores estão associadas as seguintes variâncias:

$$\hat{V}(\hat{\beta}_{0i}) = \frac{\hat{\sigma}^2}{qr}$$

$$\hat{V}(\hat{\beta}_{1i}) = \frac{\hat{\sigma}^2}{r[\sum_j I_j^2 - \sum_j T^2(I_j)]}$$

$$\hat{V}(\hat{\beta}_{2i}) = \frac{\hat{\sigma}^2 \sum_j I_j^2}{r \sum_j T^2(I_j) [\sum_j I_j^2 - \sum_j T^2(I_j)]}$$

$$\hat{V}(\hat{\beta}_{1i} + \hat{\beta}_{2i}) = \frac{\hat{\sigma}^2}{r[\sum_j T^2(I_j)]}$$

em que: $\hat{\sigma}^2 = QMR$: quadrado médio do resíduo da análise de variância conjunta, com m graus de liberdade.

r : número de repetições que deram origem às médias submetidas à análise.

Para cada genótipo, tem-se as seguintes estatísticas t :

- $H_0 : \beta_{1i} = 0$ vs $H_a : \beta_{1i} \neq 0$

A estatística é avaliada pelo valor de t , associado ao nível de significância α e m graus de liberdade, sendo que $t = \frac{\hat{\beta}_{1i}}{\sqrt{\hat{V}(\hat{\beta}_{1i})}}$.

- $H_0 : \beta_{1i} = 1$ vs $H_a : \beta_{1i} \neq 1$

A estatística é avaliada pelo valor de t , associado ao nível de significância α e m graus de liberdade, sendo que $t = \frac{\hat{\beta}_{1i} - 1}{\sqrt{\hat{V}(\hat{\beta}_{1i})}}$.

- $H_0 : \beta_{1i} + \beta_{2i} = 1$ vs $H_a : \beta_{1i} + \beta_{2i} \neq 1$

A estatística é avaliada pelo valor de t , associado ao nível de significância α e m graus de liberdade, sendo que $t = \frac{\hat{\beta}_{1i} + \hat{\beta}_{2i}}{\sqrt{\hat{V}(\hat{\beta}_{1i} + \hat{\beta}_{2i})}}$.

- $H_0 : \beta_{2i} = 0$ vs $H_a : \beta_{2i} \neq 0$

A estatística é avaliada pelo valor de t , associado ao nível de significância α e m graus de liberdade, sendo que $t = \frac{\hat{\beta}_{2i}}{\sqrt{\hat{V}(\hat{\beta}_{2i})}}$.

A diferença entre esta metodologia e a de Silva e Barreto é que, na de Cruz et al. (1989) as duas linhas de regressão não se tocam necessariamente no ponto onde $I_j = 0$, tal como ocorre no método de Silva e Barreto. Dessa forma tem-se descontinuidade na regressão. Na metodologia de Silva e Barreto (1986), existe uma correlação residual entre as estimativas dos coeficientes β_{1i} e β_{2i} . Tal fato é uma desvantagem deste método. Caso ocorra essa correlação, ela é decorrente apenas das propriedades dos materiais genéticos estudados (ROSSE, 1999). A metodologia de Cruz et al. elimina essa correlação. A estabilidade é avaliada por dois parâmetros, os desvios de regressão de cada genótipo $\hat{\sigma}_{di}^2$ em função das variações ambientais e o coeficiente de determinação de cada genótipo R^2 . Segundo este método, o genótipo desejável é aquele que apresenta média alta, o menor valor possível de $\hat{\beta}_{1i}$ nos ambientes inferiores, alto valor de $\hat{\beta}_{1i} + \hat{\beta}_{2i}$ nos ambientes superiores e apresentando $\hat{\sigma}_{di}^2$ o mais próximo de zero.

2.1.10 Modelos não-lineares

Toler e Burrows (1998) propuseram um método baseado em regressão não-linear que permite estimar conjuntamente os parâmetros de adaptação e estabilidade. Também discutem que, um dado genótipo, quando avaliado em vários ambientes, pode mostrar dois padrões de resposta, definidos como resposta côncava (ou um padrão côncavo) e resposta convexa (ou um padrão convexo), além dos padrões lineares unisegmentados.

Os genótipos que apresentam padrão convexo, ou seja, de performance consistente em ambientes desfavoráveis e que conseguem explorar de maneira satisfatória as condições ambientais favoráveis, é considerado como duplamente desejável; por outro lado, genótipos definidos como duplamente desfavoráveis são aqueles que apresentam resposta côncava, ou seja, apresentam sensibilidade abaixo da média geral e não respondem às condições ambientais favoráveis. Estes são definidos como duplamente desfavoráveis.

A figura 2 apresenta as respostas côncava e convexa.

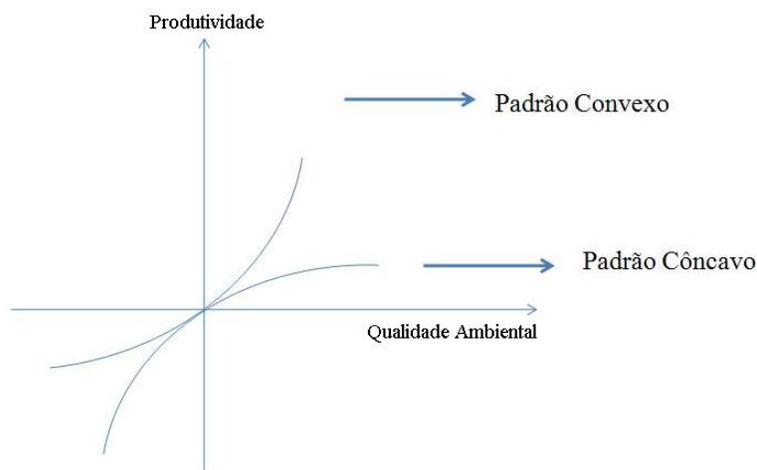


Figura 2 - Comportamento de genótipos de acordo com Toler e Burrows (1998)

O modelo de regressão não-linear nos parâmetros para avaliar a estabilidade fenotípica dos genótipos pode ser expressa da seguinte forma:

$$Y_{ij} = \alpha_i + [Z_j\beta_{1i} + (1 - Z_j)\beta_{2i}]\mu_j + \epsilon_{ij}$$

em que:

$$i = 1, 2, \dots, p;$$

$$j = 1, 2, \dots, q;$$

Y_{ij} é a resposta média do genótipo i no ambiente j ;

α_i é o parâmetro que reflete o valor da resposta do genótipo i no intercepto com $\mu = 0$, podendo assumir valor igual ou diferente da média geral do genótipo i conforme os testes das hipóteses.

β_{1i} e β_{2i} são os parâmetros que refletem o comportamento do genótipo i nos ambientes de baixa e alta produtividade média, respectivamente;

μ_j é o parâmetro que reflete o efeito do ambiente j ;

ϵ_{ij} é o erro experimental médio;

$$Z_j = 1, \text{ se } \mu_j \leq 0 \text{ e ,}$$

$$Z_j = 0, \text{ se } \mu_j > 0.$$

Neste modelo o ambiente j será caracterizado por μ_j e a resposta do genótipo i é caracterizada pelos parâmetros α_i , β_{1i} e β_{2i} . Tem-se que β_{1i} , β_{2i} e μ_j estão sujeitos à restrições:

$$\sum_i^p \beta_{1i} = \sum_i^p \beta_{2i} = p$$

e

$$\sum_j^q \mu_j = 0$$

Essas restrições asseguram que a performance média dos genótipos $\hat{\alpha}_i$ ocorra com $\hat{\mu} = 0$ na escala de efeitos ambientais $\hat{\mu}_j$ e que a resposta da sensibilidade média dos genótipos seja igual à unidade. (NOVAES, 1999) Quando $\beta_{1i} = \beta_{2i} = \beta_i$, para todo $i = 1, 2, \dots, p$ o modelo pode ser reduzido a:

$$Y_{ij} = \alpha_i + [Z_j \beta_{1i} + (1 - Z_j) \beta_{2i}] \mu_j + \epsilon_{ij}$$

$$Y_{ij} = \alpha_i + [Z_j \beta + (1 - Z_j) \beta] \mu_j + \epsilon_{ij}$$

$$Y_{ij} = \alpha_i + \beta \mu_j [Z_j + (1 - Z_j)] + \epsilon_{ij}$$

$$Y_{ij} = \alpha_i + \beta \mu_j + \epsilon_{ij}$$

Quando $\beta_{1i} \neq \beta_{2i}$, mesmo para um único valor de i , $\hat{\alpha}_i$ não pode ser formulado como uma simples função linear das observações Y_{ij} . Através de técnicas de quadrados mínimos não-lineares, Toler e Burrows (1998) mostra que, $\hat{\alpha}_i$ passa a ser expresso pela seguinte equação:

$$\hat{\alpha}_i = \bar{Y}_i + (\hat{\beta}_{2i} - \hat{\beta}_{1i}) \left[\frac{1}{q} \sum_{j=1}^q \hat{Z}_j \hat{\mu}_j \right]$$

Observando-se essa expressão, tem-se que o parâmetro α_i é função da divergência entre as respostas da sensibilidade nos ambientes abaixo ($\hat{\beta}_{1i}$) e acima da média ambiental ($\hat{\beta}_{2i}$) e da magnitude do componente $\frac{1}{q} \sum_{j=1}^q \hat{Z}_j \hat{\mu}_j$ (ROSSE, 1999).

Para verificar se o modelo de Toler pode ser representado por uma única linha de regressão, testa-se a hipótese de igualdade entre β_{1i} e β_{2i} . Este teste permite determinar se o comportamento de um genótipo poderá ser representado por uma única reta de regressão ou não. Caso a hipótese não seja rejeitada, tem-se que uma única linha com inclinação β_i é adequada para representar a performance média do genótipo i . Para verificar esta inclinação realiza-se o teste de hipótese $H(\beta = 1)$.

O modelo de Toler requer procedimentos de estimação não-linear. O emprego de quadrados mínimos não admite soluções algébricas para as equações normais dos modelos não-lineares. Dessa forma, as soluções são obtidas através de processos iterativos de quadrados mínimos não-lineares, empregando-se, para estimação dos parâmetros, o método de Gauss-Newton modificado (ROSSE, 1999).

2.1.11 Classificação dos genótipos

Segundo Verma et al. (1978) uma resposta não-linear dos genótipos aparece com mais frequência do que uma resposta linear, quando eles são ensaiados em ambientes constraintantes. Logo, quando a regressão linear não consegue explicar esse comportamento, um modelo que apresente dois segmentos de reta poderia ser empregado para solucionar o problema. Segundo Verma et al. (1978), a partir do padrão de resposta dos genótipos frente aos ambientes favoráveis e desfavoráveis, pode-se obter nove categorias de sensibilidade de resposta. A tabela 2 descreve tais categorias.

A partir do modelo de Toler e Burrows (1998), pode-se, através dos testes de hipóteses $H(\beta_1 = \beta_2)$ e $H(\beta_i = 1)$, classificar os genótipos baseado em seus padrões de respostas, em cinco categorias das apresentadas na tabela 2, que são: 1, 3, 5, 7 e 9. Para Toler e Burrows (1998), dessas nove categorias, seis são consideradas ambíguas (1, 2, 4, 6, 8 e 9) e três como não ambíguas (3, 5 e 7).

Tabela 2 - Categorias de sensibilidade de resposta segundo Verma et al. (1978)

Categorias	Ambientes Desfavoráveis	Ambientes Favoráveis
1	$\beta_1 < 1$	$\beta_2 < 1$
2	$\beta_1 < 1$	$\beta_2 = 1$
3	$\beta_1 < 1$	$\beta_2 > 1$
4	$\beta_1 = 1$	$\beta_2 < 1$
5	$\beta_1 = 1$	$\beta_2 = 1$
6	$\beta_1 = 1$	$\beta_2 > 1$
7	$\beta_1 > 1$	$\beta_2 < 1$
8	$\beta_1 > 1$	$\beta_2 = 1$
9	$\beta_1 > 1$	$\beta_2 > 1$

Toler (1990) afirma ser possível classificar os genótipos com base nos padrões de resposta através dos testes de hipóteses, da seguinte forma:

Tabela 3 - Critérios de classificação dos genótipos segundo Toler (1990)

Grupo	Critério
A	Rejeita-se $H(\beta_1 = \beta_2)$ e aceita-se $\beta_1 < 1 < \beta_2$.
B	Não se rejeita $H(\beta_1 = \beta_2)$ e rejeita-se $H(\beta = 1)$, sendo o comum $\beta > 1$.
C	Não se rejeita $H(\beta_1 = \beta_2)$ e não se rejeita $H(\beta = 1)$
D	Não se rejeita-se $H(\beta_1 = \beta_2)$ e rejeita-se $H(\beta = 1)$, sendo o comum $\beta < 1$.
E	Rejeita-se $H(\beta_1 = \beta_2)$ e aceita-se $\beta_1 > 1 > \beta_2$.

O significado prático de cada grupo, segundo Toler e Burrows (1998) é:

A: resposta convexa e duplamente desejável;

B: resposta linear simples e desejável em ambientes de alta qualidade;

C: resposta linear simples não desviando da resposta média dos ambientes;

D: resposta linear simples e desejável em ambientes de baixa qualidade;

E: resposta côncava e duplamente indesejável.

Nos genótipos pertencentes ao grupo B, C e D, tem-se que a resposta média de um dado genótipo i ($\hat{\alpha}_i$), no intercepto, coincide com a média do genótipo em todos os ambientes, isto é, $\hat{\alpha}_i = \bar{Y}_i$. Situação diferente ocorre nos grupos A e E, tem-se que $\hat{\alpha}_i \neq \bar{Y}_i$.

2.1.12 Aplicações das Metodologias

Nos programas de melhoramento, as aplicações das técnicas são fundamentais no estudo da estabilidade pois elas auxiliam na recomendação de cultivares para um grande número de ambientes. Neste trabalho, serão abordados apenas resultados da cultura de cana-de-açúcar. A importância da interação $G \times E$ na seleção de genótipos de cana-de-açúcar é amplamente reconhecida (MILLIGAN et al., 1990).

Rosse et al. (2002), trabalhando com 13 locais e 20 genótipos de cana-de-açúcar do Estado de São Paulo, concluíram que o modelo linear de Cruz et al. (1989), e o não-linear, de Toler e Burrows (1998) se ajustaram satisfatoriamente aos dados. Os valores referentes à qualidade ambiental foram discordantes mas foram suficientes para inferir sobre os melhores e piores ambientes.

Landell et al. (1999) estudando o efeito da interação $G \times E$, avaliaram doze clones de cana-de-açúcar em relação aos seguintes caracteres: pol % cana, fibra % cana, população de colmos e intensidade de florescimento. Estimando os parâmetros genéticos, observaram, mediante a componente da variância genótipos x ambientes, a significativa resposta dos genótipos a ambientes específicos.

Braga Júnior (1994b) utilizando dados obtidos de 16 locais, caracterizou o comportamento relativo de clones SP (Copersucar) por meio do método de regressão bi-segmentada, classificando os diferentes genótipos quanto à produtividade e ao nível de resposta aos ambientes.

Peixoto et al. (1986) compararam vários métodos de regressão, avaliaram seis variedades de cana-de-açúcar cultivadas no Estado de São Paulo e concluíram que o método bi-segmentado fornecia informações mais completas, facilitando a alocação dessas variedades nos diversos ambientes estudados.

Objetivando verificar a magnitude da interação $G \times E$ de 14 genótipos e três

cultivares de cana-de-açúcar em seis locais durante dois anos na Venezuela, Rea e Vieira (2002) concluíram que a interação $G \times E$ para o rendimento de cana e o conteúdo de cana aparente (pol % cana) indicou que os genótipos apresentam comportamentos diferentes nos locais estudados.

Melo et al. (2006) pretendendo estudar, na Região da Mata Norte de Pernambuco, o desempenho de clones RB da série 94 de cana-de-açúcar da Universidade Federal Rural de Pernambuco (UFRPe) quanto à produtividade agroindustrial, bem como avaliar as interações genótipos \times ambientes e analisar a magnitude de alguns parâmetros genéticos, perceberam que o efeito de corte da cana foi significativo indicando o comportamento específico entre os genótipos nos diversos cortes.

3 MATERIAL E MÉTODOS

3.1 Material

Os dados utilizados neste trabalho foram fornecidos pelo Programa de Melhoramento Genético de cana-de-açúcar conduzido pelo Centro de Ciências Agrárias - UFSCar e são referentes ao ano de 2005. Foram utilizados 18 genótipos de cana-de-açúcar avaliados em 7 ambientes localizados nos municípios de Pradópolis/SP, Matão/SP, Tarumã/SP, Olímpia/SP, Santa Helena de Goiás/GO, Valparaíso/SP e Navirai/MS, o delineamento utilizado foi blocos casualizados com três blocos. A variável utilizada foi a de toneladas de cana por hectare - TCH, utilizou-se os dados do primeiro corte.

3.2 Métodos

3.2.1 Análise estatística dos dados

Realizou-se a análise descritiva dos dados originais utilizando o software R. Foram realizadas análises de variância individuais para cada local e uma análise de variância conjunta. A fim de implementar tais análises, utilizou-se o aplicativo computacional SAS via proc GLM. Na análise conjunta, avaliou-se a homogeneidade das variâncias residuais dos experimentos (QMR) pela razão entre o maior e o menor quadrado médio residual dos experimentos. Segundo Pimentel-Gomes (1990) as variâncias são consideradas homogêneas quando a relação entre o maior e o menor QMR for menor que 7,0.

3.2.2 Análise de Variância

3.2.3 Análise de variância em cada ambiente

Inicialmente, no j -ésimo ambiente, foi feita análise de variância (ANOVA) dos dados, considerando os efeitos dos genótipos como fixos, seguindo o modelo matemático de experimento em blocos ao acaso, dado por:

$$Y_{ih} = \mu + b_h + g_i + \epsilon_{ih}$$

Y_{ih} é a resposta do i -ésimo genótipo no h -ésimo bloco, com $i = 1, 2, \dots, p$ e $h = 1, 2, \dots, r$;

μ é uma constante;

g_i é o efeito do i -ésimo genótipo;

b_h é o efeito do h -ésimo bloco;

ϵ_{ih} é o erro experimental associado ao i -ésimo genótipo no h -ésimo bloco, assumido ser independente e $\epsilon_{ij} \sim \text{NID}(0, \sigma^2)$.

A tabela 4 apresenta o esquema da análise de variância para o modelo descrito anteriormente.

Tabela 4 - Esquema da análise de variância para experimento de um grupo de genótipos avaliados em um local em r blocos

Fontes de variação	Graus de Liberdade (GL)	Quadrado Médio (QM)
Blocos (B)	$r - 1$	QM_B
Genótipos (G)	$p - 1$	QM_G
Resíduos (Res)	$(p - 1)(r - 1)$	QM_{Res}
Total	$pr - 1$	

3.2.4 Análise de variância conjunta

Para verificar se existe a interação entre genótipos e ambientes, realizou-se uma análise de variância conjunta que envolve o estudo de todos os genótipos em todos os ambientes, lembrando que em cada ambiente teve-se um delineamento em blocos casualizados.

$$Y_{ijh} = \mu + g_i + e_j + (ge)_{ij} + b_{h(j)} + \epsilon_{ijh}$$

Y_{ijh} : é o valor observado do i -ésimo genótipo no j -ésimo ambiente e no h -ésimo bloco, com

$$i = 1, 2, \dots, p;$$

$$j = 1, 2, \dots, q;$$

$$h = 1, 2, \dots, r;$$

μ é uma constante, geralmente a média;

g_i é o efeito do i -ésimo genótipo;

e_j é o efeito do j -ésimo ambiente;

$(ge)_{ij}$ é o efeito da interação do i -ésimo genótipo com o j -ésimo ambiente;

$b_{h(j)}$ é o efeito do h -ésimo bloco dentro do j -ésimo ambiente;

ϵ_{ijh} é erro experimental associado ao i -ésimo genótipo, no j -ésimo ambiente e no h -ésimo bloco assumido ser independente e $\epsilon_{ih} \sim \text{NID}(0, \sigma^2)$.

A tabela 5 apresenta o esquema de análise de variância para o modelo descrito acima.

Tabela 5 - Esquema da análise de variância para experimentos de um mesmo grupo de genótipos avaliado em q locais com r blocos

Fontes de variação	Graus de liberdade (GL)	Quadrado Médio (QM)
Blocos d. ambientes (B d. E)	$q(r - 1)$	$QM_{Bd.A}$
Genótipos (G)	$(p - 1)$	QM_G
Ambientes (E)	$(q - 1)$	QM_E
Interação (G x E)	$(p - 1)(q - 1)$	QM_{GxE}
Resíduos (Res)	$q(p - 1)(r - 1)$	QM_{Res}
Total	$(pqr - 1)$	

Utilizaram-se os testes de Shapiro-Wilk, Kolmogorov-Sminorv, Cramer-von Mises e Anderson-Darling para a normalidade dos resíduos. Como a análise da variância

é feita com médias, torna-se necessário fazer o cálculo do QM_{EM} a parte. Segundo Duarte e Vencovsky (1999), pode-se obter esse valor fazendo a média ponderada dos Quadrados Médios Residuais (QMRes) obtidos em todas as ANOVA's individuais para cada experimento, assim:

$$QM_{Res} = \frac{\sum_j SQ_{Res_j}}{\sum_{j=1} GL_{Res_j}},$$

com

$$j = 1, 2, \dots, q.$$

3.2.5 Estimação dos parâmetros de estabilidade do modelo de regressão proposto por Cruz, Torres e Vencovsky (1989)

Para obtenção das estimativas dos parâmetros utilizou-se o software desenvolvido por Ferreira e Zambalde (1997). Os testes de hipóteses foram feitos e adotou-se o enquadramento utilizado por Rosse et al. (2002) conforme mostrado na tabela 6.

Tabela 6 - Critérios de classificação dos genótipos segundo o modelo de Cruz, Torres e Vencovsky (1989)

Grupo	Critério
A	Aceita-se $H(\beta_{1i} = 1)$ e $H(\beta_{1i} + \beta_{2i} > 1)$.
B	Aceita-se $H(\beta_{1i} > 1)$ e $H(\beta_{1i} + \beta_{2i} > 1)$.
C	Aceita-se $H(\beta_{1i} = 1)$ e $H(\beta_{1i} + \beta_{2i} = 1)$.
D	Aceita-se $H(\beta_{1i} < 1)$ e $H(\beta_{1i} + \beta_{2i} < 1)$.
E	Aceita-se $H(\beta_{1i} = 1)$ e $H(\beta_{1i} + \beta_{2i} < 1)$.

O ajustamento do modelo aos dados foi avaliado por meio do coeficiente de determinação (R^2) e os testes das hipóteses dos parâmetros do modelo feitos pelo teste t, ao nível de 5%, onde as hipóteses testadas foram $H(\beta_{1i} = 1)$, $H(\beta_{2i} = 0)$ e $H(\beta_{1i} + \beta_{2i} = 1)$.

3.2.6 Estimação dos parâmetros de estabilidade do modelo de regressão proposto por Toler e Burrows (1998).

Para obtenção das estimativas dos parâmetros foi utilizado o software desenvolvido por Ferreira e Zambalde (1997), que explora a técnica de quadrados mínimos não-

lineares, através de processos iterativos, utilizando o método de Gauss-Newton modificado para a estimação dos parâmetros do modelo.

Ferreira e Zambalde (1997) utilizaram o teste “t” de Student para testar as hipóteses. Foi utilizado o mesmo procedimento realizado por ROSSE (1999) para enquadramento dos genótipos nos diferentes grupos.

- a partir das estimativas dos parâmetros β_{1i} e β_{2i} , foi verificada a hipótese $H(\beta_1 = \beta_2)$;
- caso a hipótese fosse rejeitada, os genótipos poderiam ser enquadrados nos grupos A ou E, de acordo com o teste de hipótese $H(\beta_1 = 1)$ e $H(\beta_2 = 1)$;
- Se a hipótese β_{1i} e β_{2i} não fosse rejeitada, teria-se a existência de um β comum para esses genótipos e a hipótese a ser testada seria $H(\beta = 1)$;
- Caso a hipótese não fosse rejeitada, os genótipos seriam classificados como pertencentes ao grupo C, caso contrário, poderiam ser classificados como pertencentes aos grupos B, quando $(\beta > 1)$ ou no grupo D, quando $(\beta < 1)$.

Neste trabalho realizou-se para este método o enquadramento dos genótipos nos grupos A, B, C, D e E, seguindo os critérios descritos anteriormente.

3.2.7 Relação entre o padrão de resposta e a produtividade

Conforme sugerido por Toler e Burrows (1998), nesta pesquisa também foi feito agrupamento dos genótipos relacionando o grupo a que pertence cada um com seu desempenho produtivo em TCH.

4 RESULTADOS E DISCUSSÃO

As estatísticas descritivas para a variável TCH estão apresentadas na tabela 7.

Tabela 7 - Estatísticas descritivas para a variável TCH

Estatísticas	Estimativa
Média	117,90
Mediana	118,40
Desvio Padrão	23,12
Variância	534,65
Curtose	-0,27
Assimetria	-0,08
Amplitude	145,16
Mínimo	39,14
Máximo	184,30

O valor negativo da assimetria indica que existe uma maior concentração de dados à esquerda da média. O valor negativo da curtose indica que se trata de uma distribuição platicúrtica, ou seja, a distribuição dos dados apresenta uma reduzida concentração ao redor dos valores centrais da distribuição, este comportamento da curva da distribuição pode indicar que a assimetria pode ter sido afetada por valores extremos.

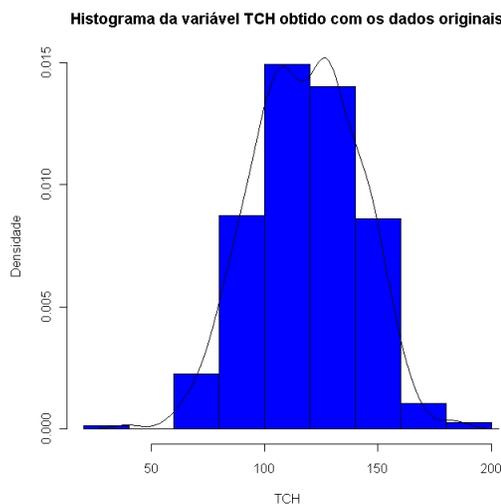


Figura 3 - Histograma de TCH obtido com os dados originais

Tabela 8 - Resultado da análise de variância para cada ambiente, obtidos dos dados de 18 genótipos avaliados em sete ambientes

FV	GL	QM						
		E_1	E_2	E_3	E_4	E_5	E_6	E_7
Blocos	2	-	-	-	-	-	-	-
Genótipos	17	586,11*	673,90*	528,55	649,01*	289,57	1140,70*	617,42*
Resíduo	34	201,59	123,38	435,89	187,26	225,20	301,04	199,96
Média		116,95	130,36	123,80	134,43	103,47	117,75	98,36
CV(%)		12,14	8,52	16,86	10,18	14,50	14,73	14,38

(*) significativo ao nível de 5% de probabilidade

E_1, E_2, \dots, E_7 : ambientes

A razão entre o maior e menor quadrado médio residual dos ensaios foi igual a (3,53), assim as variâncias foram consideradas homogêneas.

O resultado da análise conjunta de variância está apresentado na tabela 9. Detectaram-se efeitos significativos ao nível de 1% de probabilidade, pelo teste F, para ambientes, genótipos e interação genótipos \times ambientes, o que evidencia diferenças marcantes entre genótipos e ambientes, bem como a existência de diferenças genéticas entre os genótipos

quanto à resposta desses às variações ambientais. O teste F significativo para a interação genótipos x ambientes, indica que o grupo de genótipos apresentou comportamento diferenciado em, pelo menos, um dos ambientes avaliados. O coeficiente de variação (CV) é definido como a estimativa do erro experimental em porcentagem da estimativa da média e é uma das medidas estatísticas mais utilizadas pelos pesquisadores na avaliação da precisão dos experimentos (STEEL; TORRIE, 1980). Segundo Pimentel Gomes (2000), em ensaios de campo, quando o coeficiente de variação está compreendido no intervalo de 10% a 20%, pode-se dizer que o experimento tem boa precisão. Os coeficientes de variação experimental variaram de 8,52% a 14,73% (Tabela 8), indicando bom controle das causas de variação de ordem sistemática dos ambientes experimentais, para a variável estudada. Interessante notar que o local com maior média (130,36) apresentou o menor valor do coeficiente de variação. O coeficiente de variação obtido neste trabalho indica uma boa precisão experimental.

Tabela 9 - Análise de variância conjunta do experimento com 18 genótipos avaliado em 7 ambientes com 3 blocos. Cana-de-açúcar. TCH. 2005

Fontes de variação	GL	SQ	QM	F	Valor p
Blocos d. ambientes (B d. E)	14	11406,31	814,74	-	-
Genótipo (G)	17	38961,18	2291,83	9,58	< 0,0001
Ambientes (E)	6	56982,70	9497,11	39,71	< 0,0001
Interação (G x E)	102	37288,20	365,57	1,53	0,0044
Resíduo (Res)	238	56926,75	239,19		
Total	377	201565,15			

$R^2 = 0,72$ $C.V. = 13,12$ Média de TCH = 117,90

Os resultados dos testes de normalidade dos resíduos, de Shapiro-Wilk, Kolmogorov-Sminorv, Cramer-von-Mises e Anderson-Darling, dados na Tabela 10, foram semelhantes entre si para a variável em estudo. O p-valor foi maior que o α de (0,05) o que levou a não rejeitar a hipótese de normalidade dos resíduos.

Tabela 10 - Teste de normalidade dos resíduos. Dados de cana-de-açúcar. TCH. 2005

Teste	Estatística	Valor p
Shapiro-Wilk	0,96	< 0,4321
Kolmogorov-Smirnov	0,04	0,1166
Cramer-von Mises	0,09	< 0,1713
Anderson-Darling	0,46	< 0,2500

4.1 Parâmetros de Estabilidade

A tabela 11 mostra as estimativas dos parâmetros do modelo bi-segmentado de Cruz, Torres e Vencovsky (1989), bem como os valores de R^2 encontrados e o grupo em que foram enquadrados. Observando a tabela 11, de uma maneira geral, tem-se que os valores estimados de $\hat{\beta}_{1i}$ e $\hat{\beta}_{2i}$ apresentaram magnitudes diferentes. Isso vale também para aqueles genótipos que não acusaram significância para o teste de hipótese $H(\beta_{1i} = \beta_{2i})$.

Observa-se, de maneira geral, que o comportamento dos genótipos pode ser explicado por um único segmento de reta e que apenas nos genótipos 13 e 6 rejeitou-se a hipótese $H(\beta_2 = 0)$. O genótipo 6 seria indicado para produtores de baixa tecnologia pois este genótipo é responsivo em ambientes de baixa tecnologia e, diante de ambientes com alta tecnologia, é pouco responsivo. O genótipo 13 seria indicado para produtores de alta tecnologia já que apresenta alta produtividade diante de ambientes favoráveis. De maneira geral, os genótipos se enquadraram no grupo C, ou seja, o comportamento destes genótipos é linear frente às variações ambientais.

As tabelas 12 e 13 mostram as estimativas dos parâmetros do modelo não linear bi-segmentado de Toler e Burrows (1998) e também suas significâncias pelo teste “t” de Student para o ano de 2005. Observa-se na tabela 12 que a grande maioria dos materiais genéticos apresentaram padrões de resposta linear, ou seja, ($p > 0,05$) pelo teste da hipótese $H(\beta_1 = \beta_2)$. Assim, estes materiais não mostraram diferenças nos ambientes favoráveis e nos desfavoráveis e, portanto, serão enquadrados nos grupos B, C ou D. Apenas dois materiais apresentaram significância para o teste de hipótese $H(\beta_1 = \beta_2)$, assim, serão enquadrados nos grupos A (padrão de resposta convexo) ou E (padrão de resposta côncavo), para essa decisão,

Tabela 11 - Estimativa dos parâmetros do modelo proposto por Cruz, Torres e Vencovsky (1989) e os valores de R^2 estimados. Cana-de-açúcar. Variável TCH. 2005

Genotipo	$\hat{\beta}_0$	$\hat{\beta}_{1i}$	$\hat{\beta}_{2i}$	$\hat{\beta}_{1i} + \hat{\beta}_{2i}$	R^2	GRUPO
3	138,9	1,10	2,28	3,38*	75,9	C
18	130,7	1,05	-1,69	-0,64	49,5	C
15	130,6	0,68	-0,91	-0,23	62,4	C
2	124,5	1,44	1,49	2,93	84,3	C
1	123,2	1,08	1,62	2,70	78,7	C
7	123,0	1,59*	-0,34	1,25	90,3	B
11	121,3	1,12	-0,75	0,37	84,6	C
12	120,1	1,29	1,51	2,80	90,7	C
14	119,3	1,57	-2,26	-0,69	91,6	C
16	117,4	1,14	0,03	1,17	81,6	C
13	116,9	0,59	3,35*	3,94*	66,1	A
4	115,6	0,27*	0,27	0,54	36,4	D
6	114,4	0,55	-3,03*	-2,48*	60,6	E
17	109,8	0,74	0,97	1,70	69,4	C
5	109,0	1,12	-0,44	0,68	72,5	C
9	106,0	1,10	-1,63	-0,53	76,6	C
8	105,9	0,57	0,51	1,08	50,3	C
10	95,0	1,02	-0,99	0,04	70,6	C

(*) significativo ao nível de 5% de probabilidade

deve-se observar os valores estimados de $\hat{\beta}_{1i}$ e $\hat{\beta}_{2i}$. A tabela 13 apresenta as estimativas para os $\hat{\beta}$ comuns. Observa-se que apenas três materiais apresentaram significância para o teste de hipótese feito para os $\hat{\beta}$ comuns.

A tabela 14 apresenta as estimativas dos parâmetros do modelo $\hat{\alpha}_i$, $\hat{\beta}_{1i}$, $\hat{\beta}_{2i}$ e $\hat{\beta}$ comum, os respectivos grupos de cada material e as estimativas R^2 que informam sobre a previsibilidade. Observa-se que foi possível enquadrar os genótipos nos cinco grupos.

Quanto aos valores de R^2 encontrados, dos 18 genótipos avaliados, 11 apre-

Tabela 12 - Estimativa do contraste entre os parâmetros do modelo proposto por Toler e Burrows (1998), o erro padrão associado, o valor t calculado e suas probabilidades para o caráter TCH

Parâmetro	Estimativa	Erro Padrão	$t(\beta_1=\beta_2)$	$Pr > t $
$\beta_2-\beta_1(1)$	1,12	0,8971	1,251	0,212
$\beta_2-\beta_1(2)$	1,48	0,8966	1,654	0,100
$\beta_2-\beta_1(3)$	-0,47	0,8927	-0,529	0,597
$\beta_2-\beta_1(4)$	0,61	0,9049	0,672	0,502
$\beta_2-\beta_1(5)$	-0,55	0,8966	-0,610	0,543
$\beta_2-\beta_1(6)$	-0,60	0,9113	-0,658	0,511
$\beta_2-\beta_1(7)$	-1,16	0,8995	-1,288	0,199
$\beta_2-\beta_1(8)$	-0,16	0,9000	-0,181	0,857
$\beta_2-\beta_1(9)$	-0,13	0,9022	-0,141	0,888
$\beta_2-\beta_1(10)$	0,07	0,8966	0,082	0,935
$\beta_2-\beta_1(11)$	-0,89	0,9002	-0,988	0,324
$\beta_2-\beta_1(12)$	0,46	0,9092	0,508	0,612
$\beta_2-\beta_1(13)$	2,97	0,9063	3,274	0,001*
$\beta_2-\beta_1(14)$	-0,38	0,8991	-0,425	0,671
$\beta_2-\beta_1(15)$	0,81	0,9062	0,895	0,372
$\beta_2-\beta_1(16)$	-1,17	0,9031	-1,298	0,196
$\beta_2-\beta_1(17)$	0,66	0,8988	0,733	0,464
$\beta_2-\beta_1(18)$	-2,86	0,9517	-3,005	0,003*

(*) significativo ao nível de 5% de probabilidade

sentram R^2 acima de 70%, sugerindo que o comportamento foi previsível, ou seja, pode-se entender que estes genótipos apresentam um maior ajuste ao modelo. Seis genótipos apresentaram R^2 entre 49% a 65 % o que sugere um menor ajuste ao modelo, entretanto, observa-se que o genótipo 6 apresentou R^2 igual a 15%, isso indica uma alta imprevisibilidade de seu comportamento frente à variação ambiental. Interessante notar que na metodologia de Cruz, Torres e Vencovsky (1989) este genótipo apresentou R^2 igual a 60,6%. Tal diferença pode ser explicada pelo bi-segmento adotado nesta metodologia. Nota-se também, que as médias

Tabela 13 - Teste de hipótese para o parâmetro β_i comum do modelo de Toler, estimativa, erro padrão associado (EP), o valor t calculado e suas probabilidades para o caráter TCH. Cana-de-açúcar. 2005

Parâmetro	Estimativa	Erro Padrão	$t(\beta = 1)$	$Pr > t $
$\beta(1)$	1,18	0,2676	0,669	0,504
$\beta(2)$	1,53	0,2695	1,949	0,052
$\beta(3)$	1,24	0,2678	0,900	0,369
$\beta(4)$	0,29	0,2713	-2,627	0,009*
$\beta(5)$	1,08	0,2674	0,312	0,755
$\beta(6)$	0,37	0,2705	-2,339	0,020*
$\beta(7)$	1,58	0,2700	2,143	0,033*
$\beta(8)$	0,59	0,2686	-1,508	0,133
$\beta(9)$	1,00	0,2674	0,012	0,990
$\beta(10)$	0,97	0,2674	-0,111	0,912
$\beta(11)$	1,07	0,2674	0,272	0,786
$\beta(12)$	1,38	0,2685	1,407	0,161
$\beta(13)$	0,76	0,2678	-0,879	0,380
$\beta(14)$	1,44	0,2688	1,620	0,107
$\beta(15)$	0,61	0,2686	-1,456	0,147
$\beta(16)$	1,16	0,2676	0,595	0,552
$\beta(17)$	0,78	0,2677	-0,816	0,415
$\beta(18)$	0,97	0,2674	-0,115	0,908

(*) significativo ao nível de 5% de probabilidade

estimadas ($\hat{\alpha}_i$) dos dois genótipos enquadrados nos grupos A e E não corresponderam com as suas médias originais ($\bar{Y}_{i.}$), o mesmo não ocorreu com aqueles enquadrados nos grupos B, C e D. Verificou-se que, para o genótipo 18 enquadrado no grupo E, houve uma superestimativa da média em relação à média observada, o mesmo não se observa para o genótipo 13 no qual houve uma subestimativa. O genótipo 18 seria indicado para produtores de baixa tecnologia, pois é responsivo diante de ambientes inferiores mas com a melhora da qualidade ambiental não apresenta o mesmo comportamento. O genótipo 13 seria indicado para produtores de

Tabela 14 - Médias observadas e estimativas dos parâmetros de estabilidade segundo o método de Toler (1990) para a variável TCH. Cana-de-açúcar. 2005

Genótipo	\bar{Y}_i	$\hat{\alpha}_i$	$\hat{\beta}_{1i}$	$\hat{\beta}_{1i}$	β comum	Grupo	R^2
3	138,9	138,9	1,48	1,00	1,24	<i>C</i>	70,0
18	130,7	144,7	2,25	-0,61	-	<i>E</i>	78,0
15	130,6	130,6	0,24	1,05	0,61	<i>C</i>	60,0
2	124,5	124,5	0,86	2,35	1,53	<i>C</i>	88,0
1	123,2	123,2	0,71	1,83	1,18	<i>C</i>	82,0
7	123,0	123,0	2,08	0,93	1,58	<i>B</i>	94,0
11	121,3	121,3	1,45	0,56	1,07	<i>C</i>	84,0
12	120,1	120,1	1,19	1,65	1,38	<i>C</i>	89,0
14	119,3	119,3	1,57	1,19	1,44	<i>C</i>	77,0
16	117,4	117,4	1,69	0,52	1,16	<i>C</i>	93,0
13	116,9	102,3	-0,54	2,43	-	<i>A</i>	81,0
4	115,6	115,6	0,02	0,63	0,29	<i>D</i>	49,0
6	114,4	114,4	0,60	0,00	0,37	<i>D</i>	15,0
17	109,8	109,8	0,46	1,12	0,78	<i>C</i>	64,0
5	109,0	109,0	1,31	0,76	1,08	<i>C</i>	70,0
9	106,0	106,0	1,02	0,90	1,00	<i>C</i>	61,0
8	105,9	105,9	0,67	0,51	0,59	<i>C</i>	49,0
10	95,0	95,0	0,92	0,99	0,97	<i>C</i>	65,0

alta tecnologia pois apresenta alto rendimento diante de ambientes superiores. De maneira geral, observou-se que os materiais apresentaram comportamento que pode ser explicado por apenas um único segmento de reta (B, C e D).

Com a finalidade de uma melhor visualização, a tabela 15 apresenta os valores de R^2 para os métodos de Cruz, Torres e Vencovsky (1989) e Toler e Burrows (1998). Comparando os valores, observa-se que dos 18 genótipos estudados, sete genótipos apresentaram melhor ajuste ao modelo de Toler e Burrows (1998) e onze apresentaram melhor ajuste ao modelo de Cruz, Torres e Vencovsky (1989). Pode-se dizer que de maneira geral, os valores

de R^2 foram concordantes entre si.

Tabela 15 - Valores de R^2 dos genótipos de acordo com o método de Cruz, Torres e Vencovsky (1989) e de acordo com o método de Toler (1990). Cana-de-açúcar. Variável TCH. 2005

Genótipo	R^2 (Cruz)	R^2 (Toler)
1	78,7	82,0
2	84,3	88,0
3	75,9	70,0
4	36,4	49,0
5	72,5	70,0
6	60,6	15,0
7	90,3	94,0
8	50,4	49,0
9	76,6	61,0
10	70,7	65,0
11	84,6	84,0
12	90,7	89,0
13	66,1	81,0
14	91,7	77,0
15	62,4	60,0
16	81,6	93,0
17	69,4	64,0
18	49,5	78,0

4.2 Enquadramento segundo o nível de produtividade

Além do enquadramento dos genótipos nos cinco grupos, classificou-se também os genótipos segundo seus níveis de produtividade. Com base nas médias observadas \bar{Y}_i , considerou-se para tal enquadramento, os 20% mais e menos produtivos, os 20% intermediários e os 20% localizados acima e abaixo dos intermediários.

4.2.1 Cruz, Torres e Vencovsky (1989).

Na tabela 16, nota-se que o grupo C concentrou o maior número de materiais genéticos, sendo este número o equivalente a aproximadamente 78% dos materiais estudados. Observa-se que apenas um material foi alocado no grupo A (6%) e apenas um no grupo E (6%) sendo que os do grupo A se encontram nos 20% intermediários, isso mostra que é raro encontrar um material que apresente alta produtividade e seja responsivo diante da melhoria ambiental.

Tabela 16 - Número de variedades de cana-de-açúcar classificados de acordo com os níveis de produtividade e os grupos em que foram enquadrados conforme resultados obtidos pela metodologia de Cruz, Torres e Vencovsky (1989)

Produtividade	Grupos				
	A	B	C	D	E
20 % mais produtivos	0	0	4	0	0
20 % seguintes	0	1	2	0	0
20 % intermediários	1	0	3	0	0
20 % seguintes	0	0	1	1	1
20 % menos produtivos	0	0	4	0	0
Total	1	1	14	1	1

4.2.2 Toler e Burrows (1998).

Na tabela 17 observa-se também que o grupo C concentrou 13 materiais, ou seja, aproximadamente 72% dos materiais, sendo que 3 destes materiais estão entre os 20% mais produtivos. Este valor é bem próximo do valor encontrado quando se trabalhou com a metodologia de Cruz, Torres e Vencovsky (1989). Apenas um material apresentou resposta convexa e se alocou entre os 20% intermediários. Indicando assim que é raro encontrar genótipos com resposta convexa e que se encontrem entre os 20% mais produtivos.

Tabela 17 - Número de variedades de cana-de-açúcar classificados de acordo com os níveis de produtividade e os grupos em que foram enquadrados conforme resultados obtidos pela metodologia de Toler e Burrows (1998)

Produtividade	Grupos				
	<i>A</i>	<i>B</i>	<i>C</i>	<i>D</i>	<i>E</i>
20 % mais produtivos	0	0	3	0	1
20 % seguintes	0	1	2	0	0
20 % intermediários	1	0	3	0	0
20 % seguintes	0	0	1	2	0
20 % menos produtivos	0	0	4	0	0
Total	1	1	13	2	1

4.3 Gráficos

Com a finalidade de uma melhor visualização dos resultados obtidos, serão apresentados os gráficos do genótipo 3 que foi o mais produtivo e do genótipo 6 que foi o mais imprevisível apresentando uma diferença significativa entre os valores de R^2 .

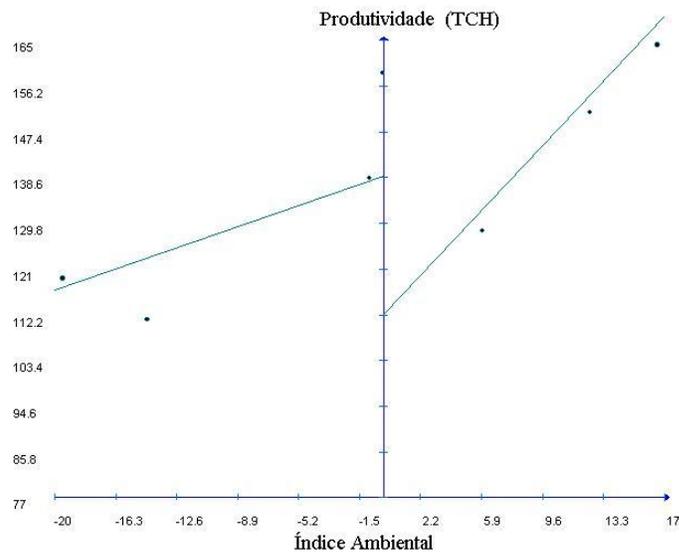


Figura 4 - Ajuste do genótipo 3 pelo método de Cruz, Torres e Vencovsky (1989). Cana-de-açúcar. TCH. 2005

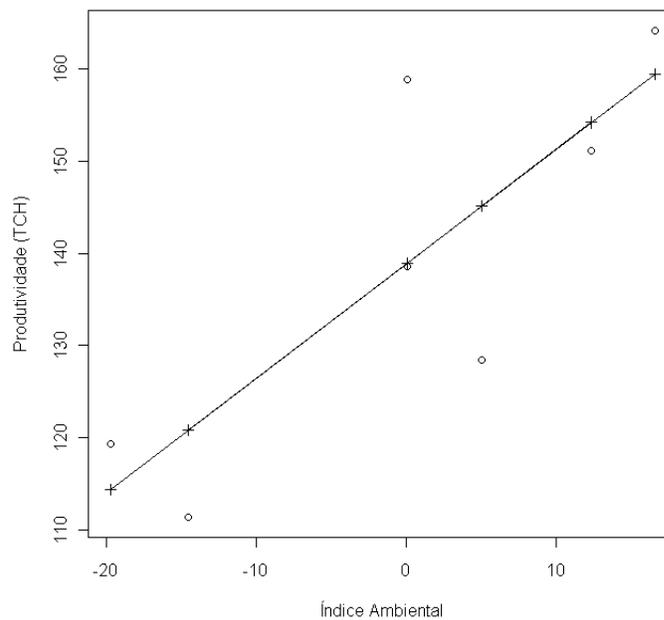


Figura 5 - Ajuste do genótipo 3 pelo método de Toler e Burrows (1998). Cana-de-açúcar. TCH. 2005

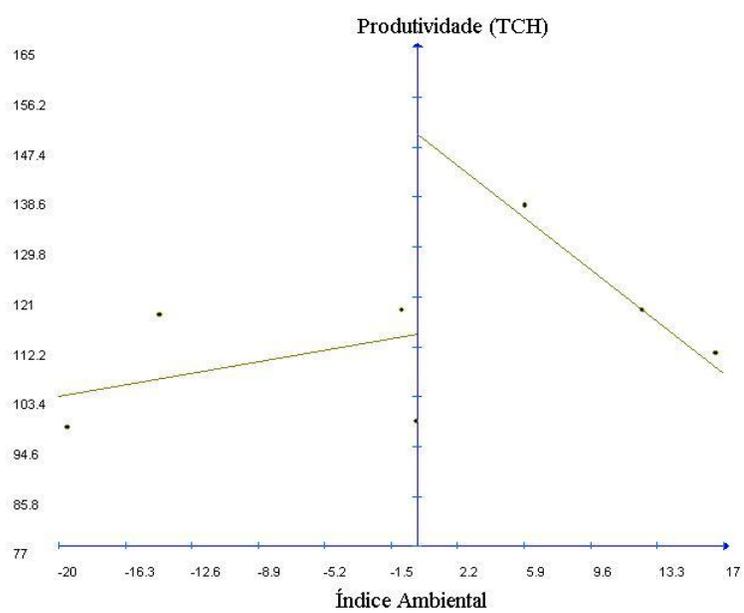


Figura 6 - Ajuste do genótipo 6 pelo método de Cruz, Torres e Vencovsky (1989). Cana-de-açúcar. TCH. 2005

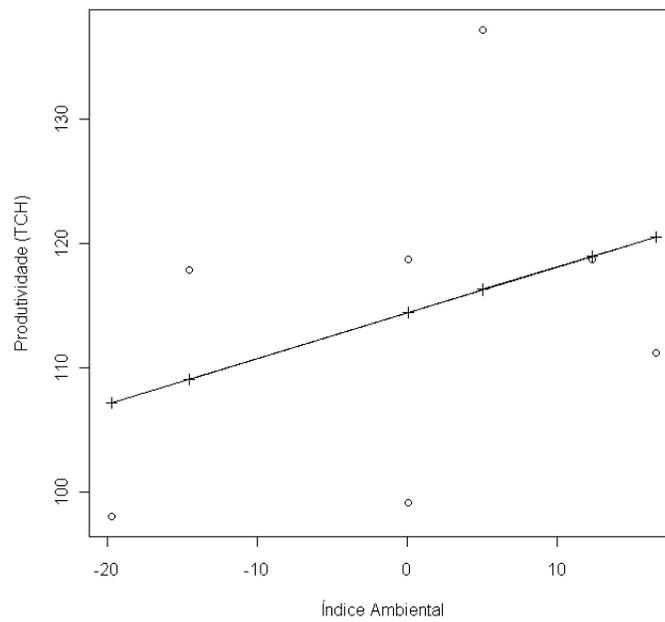


Figura 7- Ajuste do genótipo 6 pelo método de Toler e Burrows (1998). Cana-de-açúcar.
TCH. 2005

5 CONCLUSÕES

- Os métodos não apresentaram diferenças marcantes quanto aos desvios da regressão, avaliados pelo coeficiente R^2 .
- O enquadramento dos genótipos nos cinco grupos foi concordante entre os métodos estudados, diferenciando-se em apenas um genótipo.
- Quando os genótipos foram classificados em relação à produtividade e o grupo em que foram alocados, os métodos foram concordantes entre si, sendo que em ambos a maioria dos genótipos se enquadrou no grupo C.
- Verificou-se a maior ocorrência de materiais genéticos enquadrados nos grupos que são explicados por um único segmento de reta em ambos os métodos, sendo que o genótipo ideal, que apresenta padrão de resposta duplamente desejável com alta produtividade e alta previsibilidade não foi encontrado.
- Com os genótipos e ambientes utilizados nesta pesquisa, não foi possível indicar aos melhoristas a preferência por um ou outro método.

REFERÊNCIAS

- ALLARD, R.W.; BRADSHAW, A.D. Implications of genotype-environmental interactions in applied plant breeding. **Crop Science**, Madison, v.4, n.5, p.503-508, 1964.
- AMORIM, E.P.; CAMARGO, C.E.O.; FILHO, A.W.P.F.; JUNIOR, A.P.; GALLO, P.B.; FILHO, J.A.A. Adaptabilidade e estabilidade de linhagens de trigo no estado de São Paulo. **Bragantia**, Campinas, v.65, n.4, p.575-582, 2006.
- BECKER, H.C.; LÉON, J. Stability analysis in plant breeding. **Plant Breeding**, Berlin, v.101, n.1, p.1-23, 1988.
- BERDING, N.; MOORE, P.H.; SMITH, G. R. Advances in breeding technology for sugarcane. In: Keating, B. A.; Wilson, J. R., Eds. **Intensive sugarcane production: meeting the challenge beyond 2000**. Wallingford: CAB International; 1997. p.189-220.
- BREWBAKER, J. L. **Genética na agricultura**. São Paulo: Polígono e EDUSP, 224p. 1969.
- CARBONELL, S.A.M.; AZEVEDO FILHO, J.A. de; DIAS, L.A.S.; GONÇALVES, C.; ANTONIO, C.B. Adaptabilidade e estabilidade de produção de cultivares e linhagens de feijoeiro no Estado de São Paulo. **Bragantia**, Campinas, v.60, n.2, p.69-77, 2001.
- CARVALHO, H.W.L. de; CARDOSO, M.J.; LEAL, M.L.S.; SANTOS, M.X. dos; TABOSA, J.N.; SOUZA, E.M. de. Adaptabilidade e estabilidade de cultivares de milho no Nordeste brasileiro. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v.40, p.877-883, 2005.
- CHAVES, L.J.; VENCOSKY, R.; GERALDI, I.O. Modelo não linear aplicado ao estudo da interação genótipo x ambiente em milho. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v.24, n.2, p.259-269, fev. 1989.
- COMSTOCK, R.E.; R.H.MOLL. Genotype-by-environment interactions. **National Academy of Sciences-National Research Council**, Washington, p.164-196, 1963.
- CRISPIM, J.E.; CONTESSI, A.Z.; VIEIRA, S.A. **Manual da Produção de Aguardente de Qualidade**. Guaíba: Editora Agropecuária, 2000, 333p.
- CRUZ, C.D.; TORRES, R.A.A.; VENCOSKY, R. An alternative approach to the stability analysis proposed by Silva and Barreto. **Revista Brasileira de Genética**, Ribeirão Preto, v.12, n.3, p.567-580, 1989.
- CRUZ, C. D., CASTOLDI, F. L. Decomposição da interação genótipos x ambientes em partes simples e complexa. **Revista Ceres**, Viçosa, v. 38, n. 219, p.422-430, 1991.
- CRUZ, C.D.; REGAZZI, A.J. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. 3.ed. Viçosa: UFV. 2004. 480p.
- CRUZ, C. D.; CARNEIRO, P.C.S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. Viçosa: UFV. 2003. v.2, 585p.

DANIELS, J.; ROACH, B.T. Taxonomy and evolution. In: HEINZ, D.J. (Ed.). **Sugarcane improvement through breeding**. Amsterdam: Elsevier, 1987. p. 7-84.

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

FEHR, W.R. **Principles of cultivar development**. New York: Macmillan, 1987. cap.18, p.247-258.

FERREIRA, P. de R.; BOTREL, M. de A.; RUGGIERI, A.C.; PEREIRA, A.V.; COELHO, A.D.F.; LÉDO, F.J. da S.; CRUZ, C.D. Adaptabilidade e estabilidade de cultivares de alfafa em relação a diferentes épocas de corte. **Ciência Rural**, v.34, p.265-269, 2004.

FINLAY, K.W.; WILKINSON, G.N. The analysis of adaptation in a plant breeding programme. **Australian Journal of Agricultural Research**, East Melbourne, v.14, p.742-754, 1963.

FISHER, R.A.; MACKENZIE, W.A. Studies in crop variation. II. The manurial response of different potato varieties. **Journal of Agricultural Science**, Cambridge, v.23, p.311-320, 1923.

FREEMAN, G.H. Statistical methods for the analysis of genotype-environment interactions. **Heredity**, Edinburgh, v.31, p. 399-354, 1973.

HOGARTH, D. M.; COX, M. C.; BULL, J.K. Sugarcane improvement: past achievements and future prospects. In: *Crop Improvement for the 21st Century*, 1997. Louisiana State University, 1997. p.29-55.

HOOGERHEIDE, E.S.S.; FARIAS, F.J.; VENCOSKY, R.; FREIRE, E.C. Estabilidade fenotípica de genótipos de algodoeiro no Estado do Mato Grosso. **Pesquisa Agropecuária brasileira**, Brasília, v.42, n.5, p.695-698, maio 2007.

LÚQUEZ, J.E.; AGUIRREZÁBEL, L.A.N.; AGUERO, M.E.; PEREYRA, V.R. Stability and adaptability of cultivars in nonbalanced yield trials. Comparison of methods for selecting high oleic sunflower hybrids for grain yield and quality. **Journal of Agronomy and Crop Science**, Berlin, v.188, p.225-234, 2002.

MARIOTTI, J.A.; E.S. OYARZABAL; OSA, J.M.; BULACIO, A.N.R.; ALMADA, G.H. (1976). Analisis de estabilidad y adaptabilidad de genotipos de cana de azúcar. I. Interacciones dentro de una localidad experimental. **Revista Agronômica do Noroeste Argentino**, San Miguel de Tucumán, v.13, p.105-127, 1976.

MATHER, K.; J.L. JINKS. **Biometrical Genetics**. 2.ed. London: Chapman and Hall Ltda., 1971. 382p.

MATSUOKA, S.; GARCIA, A.A.F.; ARIZONO, H. Melhoramento da cana-de-açúcar. In: Borém, A (Ed.) **Melhoramento de espécies cultivadas**. Viçosa, UFV, 1999. p. 205-252.

MATSUOKA, S.; GARCIA, A. A. F.; ARIZONO, H. Melhoramento da cana-de-açúcar. In: Borém, A. **Melhoramento de espécies cultivadas**. Viçosa : UFV, 2005. p.205-251.

- PEIXOTO, T.C.; SILVA, J.G.C.; BARRETO, M.N. Técnicas de análises de interação genótipo por ambiente e estabilidade de clones de cana-de-açúcar. In: SEMINÁRIO DE TECNOLOGIA AGRONÔMICA, 3., 1986, Piracicaba. **Anais...** Piracicaba: COPERSUCAR, 1986. p.11-21.
- PIMENTEL-GOMES, F. **Curso de estatística experimental**. 13.ed. Piracicaba: Nobel. 1990, 468p.
- PLAISTED, R.L.; PETERSON, L.C. A technique for evaluating the ability of selections to yield consistently in different location or seasons. **American Potato Journal**, Orono, v. 6, n.11, p.381-385, 1959.
- RAIZER, A. J. **Interações genótipos x ambientes e estabilidade fenotípica em novas variedades de cana-de-açúcar (Saccharum spp.) para o Estado de São Paulo**.1998. 104 p. Dissertação - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz", Universidade de São Paulo, Piracicaba, 1998.
- RAIZER, A.J.; VENCOVSKY, R. Estabilidade fenotípica de novas variedades de cana-de-açúcar para o estado de São Paulo. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v.34, n.12, p.2241-2246, dez. 1999.
- RAMALHO, M.A.P. SANTOS, J.B. ZIMMERMANN, M.J. **Genética Quantitativa em plantas autógamas**. Goiânia: UFG, 1993. 272p.
- ROCHA, M.D.M.; VELLO, A.N. 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, 1999.
- ROSSE, L.N. **Modelo de regressão não-linear aplicado na avaliação da estabilidade fenotípica em plantas**. 1999. 179 p. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz, Piracicaba, 1999.
- SANTOS, P.G.; MELO, L.C.; SOARES, A.A.; REIS, M.S.; JULIATTI, F.C.; CORNÉLIO, V.M.O. Study of the interaction genotypes x environments in the selection process of upland rice. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, Viçosa, v.5, p.38-46, 2005.
- SILVA, J. G. C.; BARRETO, J. N. **An application of segmented linear regression to the study of genotype x environment interaction**. *Biometrics*, Washington, v. 41, n. 4, p. 1093, 1986.
- SILVA, J.C.W.; DUARTE, B. J. Métodos estatísticos para estudo de adaptabilidade e estabilidade fenotípica em soja. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v.41, n.1, p.23-30, jan. 2006.
- SILVA, J.R.; NUNES, G.H.S.; NEGREIROS, M.Z; TORRES, J.F.; DANTAS, M.S.M.; Interação genótipo x ambiente em melancia no estado do rio grande do norte. **Caatinga**, Mossoró, v.21, n.1, p.95-100, janeiro/março de 2008.
- STEEL, R. G. D.; TORRIE, J. H. **Principles and procedures of statistics: a biometrical approach**. New York: McGraw-Hill Book Company, 1980. 633 p.

STORCK, L.; VENCOVSKY, R. Stability analysis based on a bi-segmented discontinuous model with measurement errors in the variables. **Revista Brasileira de Genética**, Ribeirão Preto, v.17, n.1, p.75-81, 1994.

TOLER, J.E.; BURROWS, P.M. Genotypic performance over environmental arrays: A non-linear grouping protocol. **Journal of Applied Statistics**, Abingdon, v.25, n.1, p.131-143, 1998.

VENCOVSKY, R.; BARRIGA, P. **Genética biométrica no fitomelhoramento**. Sociedade Brasileira de Genética: Ribeirão Preto, 1992. 486p.

VERMA, M.M.; CHAHAL, G.S.; MURTY, B.R. Limitation of conventional regression analysis: a proposed modification. **Theoretical and Applied Genetics**, v.53, n.2, p. 89-91, 1978.

YATES, F.; COCHRAN, W.G. The analysis of groups of experiments. **The Journal of Agricultural Science**, Cambridge, v.28, n.4, p.556-580, 1938.

ANEXOS

ANEXO A - Programa para Análises de Variância realizadas no Programa Computacional SAS.

```

data elton ;
input local $ genotipo $ rep tch;
datalines;
. . .
. . .
. . .

proc sort data=elton;
by local;
run;
proc print;
title 'Dados Organizados por Local';
run;

title 'Análise exploratória com box-plot ';

proc univariate normal plot;
by local;
var tch;
run;
title 'Dispersão dos dados para cada tratamento';

proc plot;
plot tch*local;
run;
proc glm data=elton;
title 'Anavas individuais I';
by local;
class genotipo rep;
model tch=genotipo rep/ss3;
output out=residuos predicted=ychapeu residual=erro
student=res_stud;
run;
proc print data=residuos;run;

proc glm data=elton;
title 'ANÁLISE DE VARIÂNCIA CONJUNTA';
class local genotipo rep;
model tch= local rep(local) genotipo genotipo*local/ss3;
random local rep(local) genotipo*local / test;
output out=residuos predicted=ychapeu residual=erro
student=res_stud;
run;
proc print data=residuos;run;
proc univariate data=residuos plot normal;
var erro;run;

/*Normalidade dos resíduos*/
proc univariate data=residuos normal plot;

```

```
title 'Box-plot e normalidade dos residuos';  
var residuos;  
run;
```

ANEXO B - Descrição dos genótipos avaliados nos diferentes ambientesTabela 18 - Nome dos genótipos avaliados nos diferentes ambientes

	<u>Genótipo</u>
1	RB835054
2	RB855453
3	RB925211
4	RB975930
5	RB975931
6	RB975934
7	RB975935
8	RB975936
9	RB975937
10	RB975938
11	RB975939
12	RB975940
13	RB975941
14	RB975943
15	RB975944
16	RB975945
17	RB975946
18	RB975947

ANEXO C - Médias dos genótipos nos diferentes ambientes

Tabela 19 - Média dos 18 genótipos nos 7 ambientes avaliados. Cana-de-açúcar. TCH. 2005

Genótipos	Ambientes						
	1	2	3	4	5	6	7
1	129,05	152,08	116,06	141,70	106,02	112,97	104,67
2	129,49	150,89	124,92	154,90	109,61	105,66	96,14
3	138,57	151,19	128,43	164,23	111,34	158,93	119,29
4	118,53	125,00	114,96	119,63	106,43	108,63	116,10
5	97,39	117,26	118,76	127,00	103,52	120,77	78,00
6	118,71	118,75	137,23	111,20	117,91	99,22	98,05
7	126,62	133,93	134,61	149,43	90,24	131,25	94,91
8	94,28	111,31	105,64	117,37	98,89	121,67	92,29
9	108,07	111,01	127,15	123,70	96,91	92,50	82,52
10	105,09	107,74	108,43	109,00	78,97	77,73	78,14
11	116,13	128,57	132,56	137,53	111,12	130,65	92,62
12	118,08	145,54	114,84	142,53	108,23	122,56	88,71
13	98,41	139,58	102,05	142,00	104,07	115,48	116,95
14	121,49	135,42	144,62	138,07	100,38	105,95	88,91
15	115,94	140,48	143,56	141,37	120,42	128,63	124,10
16	129,12	134,52	118,20	129,17	98,19	122,09	90,52
17	100,06	109,82	113,81	134,47	104,98	112,08	93,38
18	140,07	133,33	142,48	136,47	95,14	152,74	114,76
Média Geral	116,95	130,36	123,80	134,43	103,47	117,75	98,34
CV(%)	11,95	11,50	10,72	10,94	9,50	16,56	14,59