

VERIFICAÇÃO DA ADAPTABILIDADE E ESTABILIDADE EM MILHOS PELO MÉTODO AMMI

Gabriela Ferreira Rosa¹
Damallys de Assis Oliveira¹
Fabiane de Lima Silva²
Neuber José Segri³
Kuang Hongyu³

RESUMO: Este trabalho tem o objetivo de avaliar os efeitos da interação genótipo por ambiente ($G \times E$) sobre caracteres de desenvolvimento plantação de milho e altura da planta, com base na análise AMMI (*Additive Main effects and Multiplicative Interaction*), possibilitando a diferenciação do comportamento entre os diferentes genótipos de avaliações e com a finalidade de identificar genótipos com ótimos desempenhos em diferentes ambientes. Foram analisados dados do CIMMYT (*International Maize and Wheat Improvement Center*), que referem a dados de milhos, compostos por 20 genótipos avaliados em 8 ambientes. A interação $G \times E$ é uma questão extremamente importante no melhoramento genético de plantas e produção. A seleção e recomendação de genótipos superiores são dificultadas devido à constante ocorrência de interação, que representa um grande desafio para os pesquisadores. Com isso, existem vários modelos na literatura para análise de dados multi-ambientais, o modelo AMMI é um dos mais utilizados que combina a análise de variância e a análise de componentes principais, para ajustar, respectivamente, os efeitos principais de genótipo e ambiente e os efeitos da interação. Utilizado do modelo AMMI para as variáveis de produção e altura, os genótipos G4 e o G19 foram os mais recomendados respectivamente nesse conjunto de dados.

Palavras-chaves: interação genótipo \times ambiente, método AMMI, multi-ambientes, *biplot*, análise de componentes principais.

VERIFICATION OF ADAPTABILITY AND STABILITY IN MAIZE BY AMMI METHOD

ABSTRACT: The objective of this paper is to evaluate the effects of the genotype by environment ($G \times E$) interaction on traits of maize planting and plant height, based on the AMMI analysis, allowing the differentiation of the behavior among the different genotypes of evaluations aiming to identify genotypes with good performance in different environments. Data from CIMMYT (International Maize and Wheat Improvement Center), which refer to maize data, composed of 20 genotypes evaluated in 8 environments were analyzed. The $G \times E$ interaction is an extremely important issue in plant breeding and production. The selection and recommendation of superior genotypes is hampered by the constant occurrence of interaction, which represents a great challenge for the researchers. With this, there are several models in the literature for multi-environmental data analysis, and the AMMI model is one of the most used that combines the analysis of variance and the principal components analysis, in order to adjust, respectively, the main effects of genotype and environment as well as the effects of interaction. The AMMI model was used for the production and height variables, G4 and G19 genotypes were the most recommended in this data set.

Key words: interaction genotype \times environment, AMMI method, multi-environments, *biplot*, principal component analysis.

¹ Graduandos em Estatística da Universidade Federal de Mato Grosso, Campus Universitário de Cuiabá - gabrielarosa5@hotmail.com; damallys@gmail.com

² Profa. Dra. Adjunto do Centro de Ciências Agrárias, Ambientais e Biológicas - Universidade Federal do Recôncavo da Bahia. fabianezte@yahoo.com.br

³ Prof. Dr. Adjunto do Departamento de Estatística. Universidade Federal de Mato Grosso, Av. Fernando Corrêa da Costa, nº 2367, Bairro Boa Esperança. CEP: 78060-900, Cuiabá, MT, Brasil - professor.neuber@gmail.com; prof.kuang@gmail.com

INTRODUÇÃO

O estudo de experimentos agrícolas é de grande importância e vem ganhando reconhecimento mundial por considerar uma fonte de vantagem econômica, uma vez que permite uma análise estatística adequada do comportamento diferenciado dos genótipos em multi-ambientes (MET). O entendimento das causas de interação genótipo \times ambiente ($G \times E$) pode ser usado para estabelecer os objetivos do melhoramento, que é considerada a etapa mais importante e dispendiosa do processo de análise. (HONGYU et al., 2014).

A interação $G \times E$ é definida como o comportamento diferencial dos genótipos em função da diversidade ambiental, e representa uma das principais dificuldades encontradas durante sua atividade seletiva, para a recomendação de cultivares. Deve ser vista como um fenômeno biológico em suas implicações no melhoramento genético de plantas e não como um simples efeito estatístico, buscando a explicação evolutiva do evento quando quiser obter proveito de seus efeitos benéficos bem como para corrigir seus efeitos indesejáveis sobre a avaliação de genótipos e recomendação de cultivares (CHAVES, 2001; HONGYU et al., 2015).

Nesse aspecto, antes de serem recomendados, os genótipos são avaliados em condições representativas da região alvo. Assim, em cada fase do programa de melhoramento, são conduzidos ensaios de valor de cultivo e uso em diversos ambientes com a finalidade de identificar, entre os genótipos avaliados, aqueles com ampla adaptabilidade e estabilidade de produção e também aqueles com adaptabilidade específica a cada região (FARIA, 2016).

Estudar a adaptabilidade e a estabilidade fenotípica fazem com que identifique os efeitos da interação $G \times E$ ao nível de genótipo e ambiente, mostrando a contribuição relativa para a interação total. Várias técnicas de estatística e genéticas têm sido desenvolvidas com o intuito de melhor quantificar este efeito, mas, as posições críticas dos estatísticos, que atuam em programas de melhoramento genético, referem-se à falta de uma análise criteriosa da estrutura da interação $G \times E$. Tradicionalmente, a análise dessa estrutura é superficial, não detalhando os efeitos da complexidade da interação.

Entre os métodos já disponíveis, o modelo AMMI (*Additive Mean Effects and Multiplicative Interaction Analysis*) vem se destacando por maior número de aplicações (GAUCH, 2006; YAN et al., 2007; GAUCH ET AL., 2008; GAUCH, 2013; HONGYU et al., 2015). O AMMI permite um detalhamento maior de soma de quadrados da interação $G \times E$, e traz vantagens na seleção de genótipos quando comparados a outros métodos. Além disso,

esse método combina técnicas estatísticas, com a análise de variância e a análise de componentes principais para ajustar a interação G×E.

O uso do método AMMI se caracteriza em um único gráfico os efeitos de interação de cada genótipo e de cada ambiente. Esse gráfico denominado *biplot* (GABRIEL, 1971), resume-se na aproximação DVS (decomposição por Valor Singular) de uma matriz, por outra de posto inferior. A construção do gráfico se dá por meio do posto da matriz aproximada que deverá ser igual a um, dois ou três, que resultará em um *biplot* respectivamente em uma, duas ou três dimensões (HONGYU et al., 2015).

O objetivo deste trabalho foi avaliar os efeitos da interação G × E sobre caracteres de desenvolvimento plantação de milho (produtividade e altura), com base na análise AMMI, possibilitando a diferenciação do comportamento entre os diferentes genótipos de avaliações e com a finalidade de identificar genótipos com ótimos desempenhos em diferentes ambientes. Servindo como parâmetro comparativo em trabalhos futuros.

MATERIAL E MÉTODOS

Os dados dos experimentos foram retirados do CIMMYT (*International Maize and Wheat Improvement Center*). Para esse trabalho foi retirado os dados da triagem ILWH1103, no qual possuem 20 genótipos de milho e 8 ambientes conforme visualizado nas Tabelas 1 e 2.

TABELA 1. Relação dos ambientes e locais.

Identificação	Países	Localização
A1	Costa Rica	Veracruz, Pejibaye, Pérez Zeledón
A2	Costa Rica	Guagaral, Buenos Aires, Puntaenas
A3	Costa Rica	Pueblo Nuevom San José, Upala
A4	Mali	Katibougou
A5	México	Villa Flores, Chiapas
A6	Sudão	Sennar
A7	Sudão	Hudeiba (Eddaner)
A8	Venezuela	Las Velas, Edo. Yaracuy

TABELA 2. Códigos de genótipo de milho e seus pedigrees.

Genótipos	Pedigree
G1	(CL-RCWQ26/CML491)//(CL-RCWQ104/CML502)
G2	(CLQ-RCWQ10/CML491)//(CLQ-RCWQ26/CML503)
G3	(CLQ-RCWQ83/CML491)//(CLQ-RCWQ26/CML503)
G4	(CML491/CLQRCWQ116)//(CML502/CLQRCWQ26)
G5	(CML491/CLQRCWQ116)//(CML502/CLQRCWQ108)
G6	(CML491/CLQRCWQ116)//(CLQRCWQ10/CLQ6315)
G7	(CLRCW85/CLRCW97)//(CML269/CL-04343)
G8	(CLRCW96/CLRCW85)//(CML269/CL-04343)
G9	(CLRCW85/CLRCW97)//(CL-RCW76/CL-SPLW04)
G10	(CLRCW96/CLRCW85)//(CL-RCW76/CL-SPLW04)
G11	(CL-RCW42/CML448)//(CL-RCW76/CL-SPLW04)
G12	(CL-RCW76/CL-SPLW04)//(CML269/CL-04343)
G13	(CML491/CLQRCWQ116)//(CML503)
G14	(CML502/CLQRCWQ26)//(CML491)
G15	(CML502/CML491)//(CLQRCWQ108)
G16	(CLQRCWQ10/CLQ6315)//(CML491)
G17	(CLRCW97/CML494)//(CLRCW85)
G18	(CLRCW96/CML494)//(CLRCW85)
G19	Local Check-1
G20	Local Check-2

O modelo AMMI combina dois métodos na sua análise: análise de variância e a decomposição por valor singular em um único modelo. Componentes aditivos para os efeitos principais de genótipos (g_i), ambientes (e_j) e componentes multiplicativos para os efeitos da interação (ge) $_{ij}$ para a resposta média do i -ésimo genótipo no j -ésimo ambiente sobre r blocos (repetições) foi adotado o modelo conforme a equação (GAUCH, 2013; HONGYU *et al.*, 2014; HONGYU *et al.*, 2015):

$$Y_{ijr} = \mu + g_i + e_j + \sum_{k=1}^n \lambda_k \gamma_{ik} \alpha_{jk} + \rho_{ij} + b_{(r)j} + \varepsilon_{ijr}$$

em que: Y_{ijr} é a média do i -ésimo genótipo no j -ésimo ambiente e no r -ésimo bloco, com $i=1, 2, \dots, g$; $j=1, 2, \dots, e$ e $r=1, \dots, h$. μ é a média geral; g_i e e_j são os efeitos do i -ésimo genótipo e j -ésimo ambiente, respectivamente; λ_k é o k -ésimo valor singular da matriz (GE) e com $\lambda_1 \geq \lambda_2 \geq \dots \geq \lambda_n$; γ_{ik} e α_{jk} são elementos dos k -ésimos valores singulares correspondentes ao i -ésimo genótipo e j -ésimo ambiente respectivamente; ρ_{ij} é o resíduo da interação $G \times E$; n é o número de eixos ou componentes principais retidos pelo modelo; r é o número de repetições ou blocos; $b_{(r)j}$ é o efeito do r -ésimo bloco dentro do j -ésimo ambiente e ε_{ijr} é o erro médio experimental associado ao i -ésimo genótipo e_j -ésimo ambiente no r -ésimo bloco, assumidos independentes e $\varepsilon_{ijr} \sim N(0, \frac{\sigma^2}{r})$.

Na primeira fase os efeitos principais, na parte aditiva (média geral, efeitos de genótipos e ambientes), são ajustados por uma análise de variância comum aplicada à matriz de média

($Y_{(g \times e)}$), resultando em um resíduo de não aditividade, isto é, na interação $G \times E$, dada por $(ge)_{ij}$, essa interação constitui a parte multiplicativa do modelo. Na segunda fase a interação é analisada pela decomposição em valores singulares (DVS) ou por análise de componentes principais da matriz de interações ($\mathbf{GE}_{(g \times e)} = [(ge)_{ij}]$) (HONGYU *et al.*, 2014).

A matriz \mathbf{GE} é a matriz de interação entre os genótipos e os ambientes, (matriz de resíduo dos efeitos principais), em que cada elemento $(ge)_{ij}$ de \mathbf{GE} são dados por (GAUCH, 2013; HONGYU *et al.*, 2015):

$$(ge)_{ij} = Y_{ij} - \bar{Y}_{i.} - \bar{Y}_{.j} + \bar{Y}_{..}$$

em que Y_{ij} é a média das repetições do genótipo i no ambiente j , com $i = 1, 2, \dots, g$ e $j = 1, 2, \dots, e$; $\bar{Y}_{i.}$ é a média do genótipo i ; $\bar{Y}_{.j}$ é a média do ambiente j e $\bar{Y}_{..}$ é a média geral do experimento.

Existem inúmeras técnicas para atribuir os graus de liberdade a um modelo AMMI, um dos procedimentos usuais consiste em determina-los associando à cada parcela da $SQ_{G \times E}$, ou seja, associada a λ_k^2 , relacionada a cada membro da família de modelos AMMI, obtendo o quadrado médio (QM) correspondente a cada parcela (ou modelo), em seguida, é obtido um teste F avaliando-se a significância de cada componente em relação ao $QM_{\text{Erro médio}}$. Isso resulta em um quadro de análise de variância semelhante ao tradicional, com desdobramento para fonte de variação da interação $G \times E$ (GAUCH, 2013; HONGYU *et al.*, 2015).

Dessa forma, a definição do número de eixos a serem retidos para explicar o padrão relacionado à interação leva em consideração a proporção da $SQ_{G \times E}$ acumulada até o n -ésimo eixo ($\sum_{k=1}^n \lambda_k^2 / SQ_{G \times E}$). O ponto de parada que determina a seleção do modelo (AMMI0, AMMI1, ..., ou AMMIF) baseia-se na significância do teste F para os sucessivos termos da interação (HONGYU *et al.*, 2015). O método de Gollob (1968) é um dos mais utilizados para atribuir graus de liberdades a um modelo AMMI, a expressão do método é: $GL_{PC_k} = g + e - 1 - 2k$, com $k = 1, 2, \dots, p$, $p = \min(g-1, e-1)$, em que PC_k é o k -ésimo eixo de componente principal.

Na análise AMMI considera-se a possibilidade de representar, em um único gráfico, os efeitos de interação para cada genótipo e cada ambiente no *biplot* baseando-se na aproximação de DVS da matriz de \mathbf{GE} (interação genótipo \times ambiente). O conceito de *biplot* foi desenvolvido por Gabriel (1971) como uma representação gráfica que apresenta ambas as entradas (por exemplo, cultivares) e os testadores (por exemplo, ambientes) de um conjunto de dados em uma tabela de dupla entrada. O *biplot* permite a visualização dos dados conforme as seguintes propriedades: a) inter-relação entre as entradas (por exemplo, genótipos); b) inter-

relação entre os testadores (por exemplo, ambientes); c) inter-relação entre as entradas e as interações (DIAS et al., 2013).

Os gráficos *biplot* utilizados para o estudo da interação, construídos em duas dimensões, geralmente apresentam dois tipos de gráficos AMMI, o gráfico *biplot1* é apresentada no eixo das abscissas os efeitos principais (médias dos genótipos e dos locais) e no eixo das ordenadas os escores do primeiro eixo de interação e o *biplot2* apresenta somente os efeitos da interação, no eixo das abscissas dos escores do primeiro eixo de interação e no eixo das ordenadas os escores do segundo eixo de interação (HONGYU et al., 2015).

RESULTADOS E DISCUSSÃO

Na Tabela 3, apresenta-se a análise de variância conjunta bem como o desdobramento da interação genótipo \times ambiente efetuada com os dados da produtividade do milho (kg/ha). Verifica-se, ao nível de 1% de significância ($p < 0,01$), que o efeito de interação de genótipos e ambientes $G \times E$ foram significativos e suas somas de quadrados (SQ) corresponde a 4,83%, 69,06% e 12,45% respectivamente da soma de quadrados total. Isso indica que os genótipos apresentam comportamento diferenciado nos ambientes, justificando um estudo de comportamento dos genótipos a fim de identificar a magnitude da interação com os ambientes (GAUCH, 1992). O coeficiente de variação (CV%) do experimento mostrou ser médio a magnitude (18,93%), permitindo inferir que os experimentos foram bem conduzidos.

TABELA 3. Análise de variância conjunta do experimento com 20 genótipos avaliados em 8 ambientes e decomposição das somas de quadrados da interação GxE.

Fonte variação	GL	SQ	QM	Valor F	Pr(>F)
Ambientes (E)	7	1238,47	176,9240	60,45	<0,05
Genótipo (G)	19	86,65	4,4020	6,08	<0,0001
GxE	133	223,40	1,6920	2,34	<0,0001
PC1	25	100,58	4,0233	5,56	<0,0001
PC2	23	56,73	2,4664	3,41	<0,0001
PC3	21	32,32	1,5391	2,13	0,0030
PC4	19	12,02	0,6326	0,87	0,6210
PC5	17	8,78	0,5165	0,71	0,7928
PC6	15	5,95	0,3965	0,55	0,9109
PC7	13	1,79	0,1380	0,19	0,9992
Erro	304	249,85	0,7240	-	-
Total	463	1793,14	191,7624	-	-
Média	4,50	-	-	-	-
CV(%)	18,93	-	-	-	-

O resultado de maior interesse nessa tabela, pela análise AMMI, é a soma de quadrados da interação $G \times E$, sendo 223,40 que corresponde exatamente à soma dos autovalores ($\sum_{k=1}^n \lambda_k^2$), que pode estar inflacionada devido a presença de ruídos na variável resposta (Tabela 3). Em virtude disto, faz-se necessário realizar um ajuste da interação por decomposição em valores singulares, aplicada à matriz de interação $G \times E$, ou seja, pode ser decomposta em sete componentes principais. Também foi apresentada a análise de cada componente pelo teste F, com os graus de liberdade ajustados pelo método de Gollob (1968).

Pela Tabela 3, os dois primeiros componentes principais (PC1 e PC2) foram significativos com ($p < 0,001$) pelo teste F de Gollob (1968), o PC1 explicou 46,1% da variação da $SQ_{(G \times E)}$ com 25 graus de liberdade. O PC2 explicou 26% da variação da $SQ_{(G \times E)}$ com 23 graus de liberdade. Como os dois componentes principais explicaram 72,1% da variação total da interação, eles foram suficientes para avaliar estabilidade e adaptabilidade dos genótipos bem como o efeito da interação utilizando o *biplot* AMMI. Resultados semelhantes da variação explicada pelos dois primeiros componentes principais foram observados também por REZENDE E FERREIRA, 2000 (83,43%), SOUZA (2004) (81,10%) e ARAÚJO e DIAS, 2006 (73,64%). Os autores HONGYU et al. (2014) que utilizaram modelo AMMI, explicaram 81,7% da interação $G \times E$ para os dados de milho multi-ambientais.

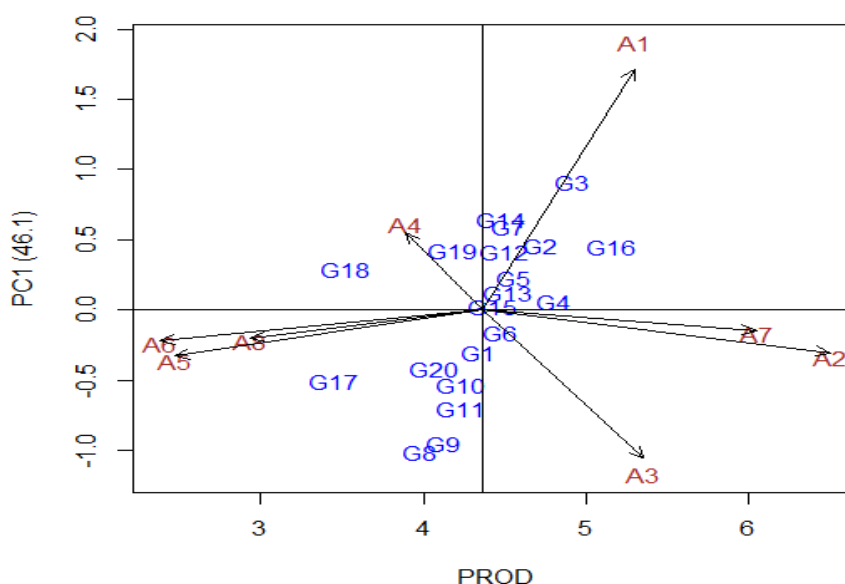


FIGURA 1. *Biplot* da análise AMMI1 para dados de produtividade de grãos (t/ha), em milhos, com 20 genótipos (G) e 8 ambientes (E).

O *biplot* AMMI1 mostra as médias da produção de genótipos e ambientes na abcissa e os escores do PC1 para genótipos e ambientes na ordenada. O *biplot* AMMI2 mostra seu PC1 na abcissa e PC2 na ordenada (GAUCH, 2008; HONGYU et al., 2014). No *biplot* AMMI1 (Figura 1), verificou-se que os genótipos G3, G14, G7, G2, G12, G5, G13, G15 e G4 apresentaram produtividade acima da média. Os genótipos mais estáveis foram G4, G15, G13 e G6, apresentaram produtividade acima da média e estabilidade (produtivos e estáveis). O mais recomendado é o G4 pois foi o que apresentou maior produtividade e estabilidade do grupo produtivos e estáveis. Entre os ambientes mais favoráveis para a produtividade dos genótipos foram A2, A7, A1 e A3.

Na Figura 2 o *biplot* AMMI2 (PC1 vs. PC2), verifica-se que os genótipos G19, G3, G2 e G12 obtiveram adaptação específica aos ambientes A1 e A4. Os genótipos G10, G13, G16, G15, G5 e G18 foram os que tiveram adaptação específica aos ambientes A3 e A1.

Os genótipos G20, G11, G17, G1 e G6 possuem melhor adaptabilidade aos ambientes A6, A5, A8, A7, A2 e A8. O genótipo G8 é o menos recomendável.

Quanto a estabilidade os genótipos, G6, G1, G17, G20, G13, G12 e G4 são os estáveis para (PC1 vs PC2). Os ambientes A2, A5, A6, A7 e A8 são estáveis e possuem características similares para a variável produção. O G4 possui produtividade acima da média conforme a Figura 1, logo é um genótipo melhor para recomendação, pois também é estável na Figura 2.

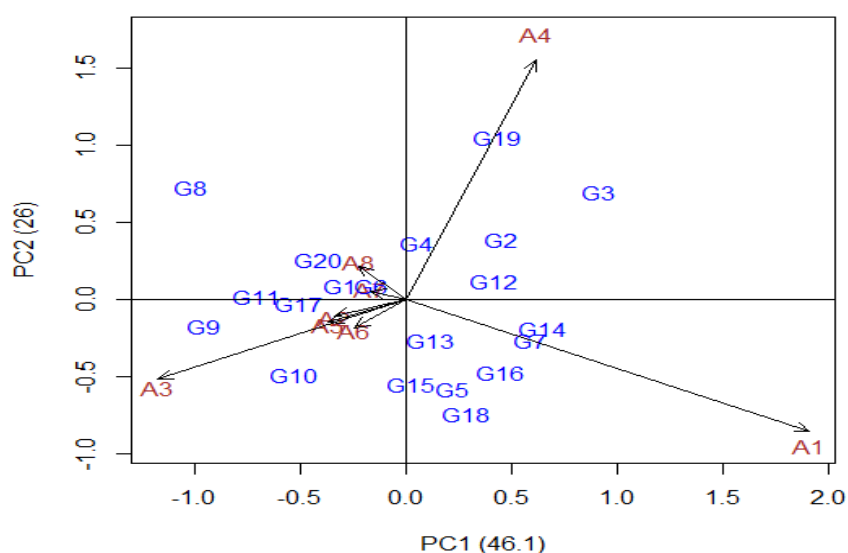


FIGURA 2. *Biplot* da análise AMMI2, para dados de produtividade de grãos (t/ha), em milhos, com 20 genótipos e 8 ambientes.

Na Tabela 4, apresenta-se a análise de variância conjunta bem como o desdobramento da interação $G \times E$, efetuada com os dados da produção de milho (kg/ha) observados. Verifica-se, ao nível de 1% de significância ($p < 0,01$), que o efeito de genótipos, o efeitos de ambientes e o efeito da interação $G \times E$ foram significativos e suas somas de quadrados (SQ) correspondem a 2,07%, 84,68% e 5,46% respectivamente da soma de quadrados total. O coeficiente de variação (CV%) do experimento mostrou-se de baixa magnitude (5,36%), permitindo inferir que os experimentos foram bem conduzidos segundo Pimentel Gomes (1985).

O resultado de maior interesse nessa tabela, pela análise AMMI, é a soma de quadrados de interação $G \times E$, a $SQ_{(G \times E)} = 46147,73$ corresponde exatamente à soma dos autovalores ($\sum_{k=1}^n \lambda_k^2$), que pode estar inflacionado devido à presença de ruídos na variável resposta (Tabela 4). Da mesma forma, faz-se necessário realizar um ajuste da interação por DVS, aplicada à matriz de interação $G \times E$, ou seja, pode ser decomposta em sete componentes principais. Também foi apresentada a análise de cada componente pelo teste F, com os graus de liberdade ajustados pelo método de GOLLOB (1968). O coeficiente de variação (CV%) do experimento mostrou-se baixa magnitude (5,35%), permitindo inferir que os experimentos foram bem conduzidos.

TABELA 4. Análise de variância conjunta do experimento para altura das plantas com 20 genótipos avaliados em 8 ambientes e decomposição das somas de quadrados da interação $G \times E$.

Fonte variação	GL	SQ	QM	Valor F	Pr(>F)
Ambientes (E)	7	716086,24	102298,0348	297,047	>0,001
Genótipo (G)	19	17514,55	921,8186	6,828	<0,001
Interação ($G \times E$)	134	46147,73	344,3860	2,551	<0,001
PC1	25	18453,19	738,1277	5,470	<0,001
PC2	23	13338,94	579,9540	4,300	<0,001
PC3	21	7570,78	360,5135	2,670	<0,001
PC4	19	2800,19	147,3784	1,090	0,359
PC5	17	1895,62	111,5076	0,830	0,657
PC6	15	1167,44	77,8298	0,580	0,889
PC7	13	573,76	44,1359	0,330	0,987
Erro	304	41040,00	135,0000	-	-
Total	463	820440,73	105414,3002	-	-
Média	216,85	-	-	-	-
CV(%)	5,35	-	-	-	-

Pela Tabela 4, os dois primeiros componentes principais (PC1 e PC2) foram significativos com ($p < 0,001$) pelo teste F de Gollob (1968), o PC1 explicou 40,3% da variação da $SQ_{(G \times E)}$ com 25 graus de liberdade. O PC2 explicou 29,1% da variação da

$SQ_{(G \times E)}$ com 23 graus de liberdade. Como os dois componentes principais explicaram 69,4% da variação total da interação, esses foram suficientes para avaliar estabilidade e adaptabilidade dos genótipos e o efeito da interação utilizando o *biplot* AMMI.

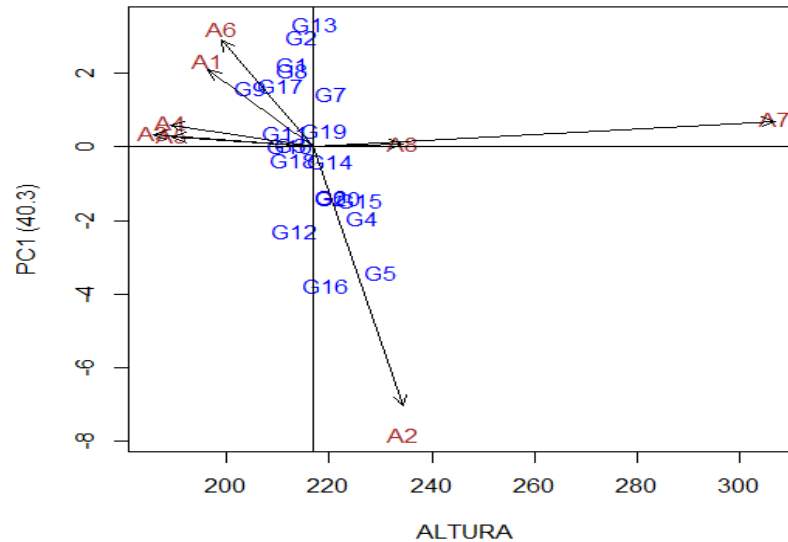


FIGURA 3. *Biplot* da análise AMMI1 para dados da Altura (cm), em milho, com 20 genótipos e 8 ambientes.

Na Figura 3 (PC1 vs Altura) no *biplot* AMMI1 que contribuiu com 40,3% no PC1, os genótipos com altura da planta acima da média foram G5, G15, G4, G20, G7, G14, G16 e G13. E os genótipos G3, G4, G6, G10, G11, G14 e G18 foram os genótipos que apresentaram estabilidade conforme a Figura 3. O G5 apresentou o maior valor, estando acima da média, ou seja, alta produtividade, e não estável.

Os ambientes mais favoráveis para Altura foram A7, A2 e A8. Os ambientes A3, A4 e A5 apresentaram características, similares e não são favoráveis para o crescimento da Altura das plantas em (cm).

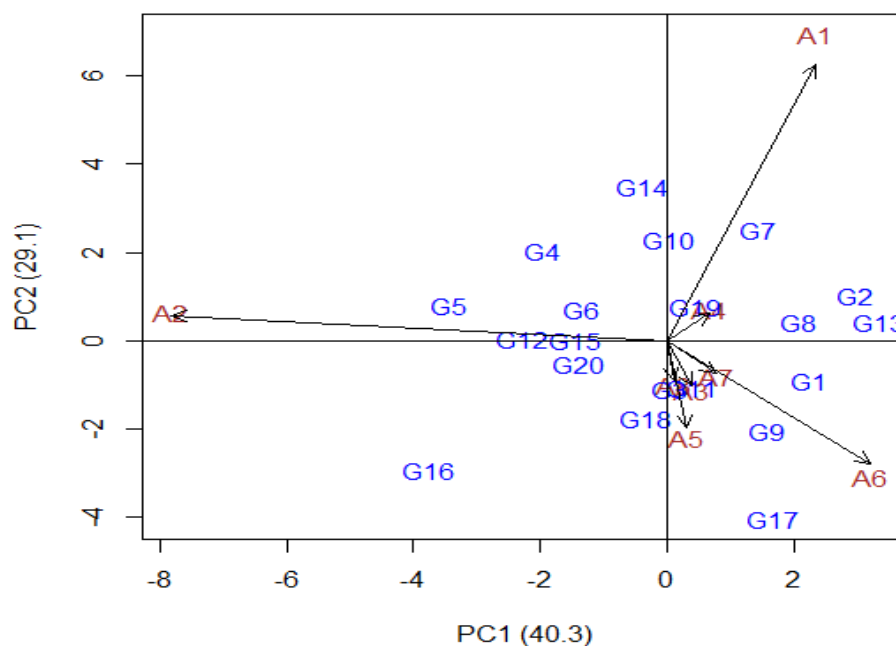


FIGURA 4. *Biplot* da análise AMMI2, para dados da altura (cm) em milho, com 20 genótipos e 8 ambientes.

No AMMI2 Figura 4, (PC1 vs PC2) que tiveram uma contribuição de 69,4% de interação GxE. Os genótipos mais estáveis foram o G19, G3 e G11. Apenas o G19 apresentou Altura acima da média conforme a Figura 3, logo é um genótipo melhor para recomendação. Em relação aos ambientes A3, A5, A7 e A8 possuem características similares para a variável altura e estáveis.

Os genótipos G7, G2, G8, G13 e G1 possuem melhor adaptabilidade nos ambientes A1 e A6, em relação a variável Altura.; Já G16, G12, G6, G5 e G4 no ambiente A2; G6, G4, G10 e G14 nos ambientes A1 e A2; G7, G2, G8, G13 e G1 nos ambientes A1 e A6; G18, G19, G3 e G11 nos ambientes A3, A5, A7 e A8. E os ambientes A4, A3, A7 e A8 não sofrem com o efeito de interação para a variável Altura.

Comparação do modelo AMMI com produção média e altura em cm.

Na Tabela 5 são apresentados os valores da proporção explicada dos dois componentes principais da análise AMMI. Esses valores foram importantes para a comparação entre as duas variáveis.

Tabela 5. Proporção explicada dos dois componentes principais (PCs) para o modelo AMMI.

Variáveis	Valores singulares (%)		Total
	PC1	PC2	
Produção	46,1	26	72,1
Altura (cm)	40,3	29,1	69,4

Calculando a correlação de Pearson entre a proporção explicada dos componentes principais das duas variáveis com $r = 0,9813$. Na comparação das variáveis existe uma positiva e forte correlação $r > 0,95$ (Camargo-Buitrago et al., 2011) de PCs entre genótipos e a produtividade média para todos os ambientes. Portanto, as variáveis que aqui apresentamos são muito semelhantes em relação à análise deste conjunto de dados.

Na análise AMMI, os dois primeiros componentes (PC1, PC2) explicam 72,1% (para a produção média) e 69,4% (para a altura em cm) da variação total da interação $G \times E$. Apesar da diferença pequena, o AMMI para a produção média foi o melhor para esse conjunto de dados, pois explicou maiores variações com os dois primeiros componentes, portanto, os gráficos de *biplot* são mais confiáveis para representar os padrões nos dados sobre genótipos e ambientes.

CONCLUSÃO

A utilização do modelo AMMI tornou-se eficaz para a exploração da interação genótipo \times ambiente, com a vantagem de explicar a parcela das somas de quadrados da interação $G \times E$ e possibilitou uma fácil interpretação gráfica dos resultados na análise estatística. Verificou-se que o genótipo G4 foi o mais recomendável para a variável produção do milho e o genótipo G19 para a variável Altura. Destaca-se que ambos possuem uma ótima produtividade e estabilidade conforme pode ser visualizado com a análise *biplot* no modelo AMMI.

A análise AMMI foi capaz de separar os efeitos de genótipos, ambientes e da interação $G \times E$, como é necessário para a maioria dos objetivos da pesquisa agrícola. Além disso, o AMMI separou os ruídos e padrão da interação, para obter ótima precisão para melhores recomendações e seleções genotípicas.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- ARAÚJO, L. B.; DIAS, C. T. S. **Métodos de correlação de autovalores e regressão isotônica nos modelos AMMI** São Paulo, v.24, n.2, p.67-85, 2006.
- 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 & melhoramento de plantas**. Rondonópolis: Fundação MT, 2001. p.816-858.
- CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. Viçosa: UFV, 1994. 390p.
- DIAS, T. S.; HONGYU, K.; ARAÚJO, L. B.; SILVA, M. J. C.; PEÑA, M. G.; ARAÚJO, M. F. C.; RODRIGUES, P. C.; FARIA, P. N.; ALARCÓN, A. S. **A metodologia AMMI: com aplicação ao melhoramento genético**, Piracicaba: ESALQ, 2014. 169 p.
- DUARTE, J.B.; ZIMMERMANN, M. J. O. *Correlation among yield stability parameters in common bean*. Crop Science, Madison, v.35, n.3, p.905-912, 1995.
- FARIA, S. V. **Adaptabilidade e estabilidade de híbridos comerciais de milho pelos métodos de Eberhart & Russell, centróide, AMMI e Modelos Mistos**. 2016. 33f. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento) - Universidade Federal de Viçosa, Viçosa. 2016.
- FILHO, J. L. S.; MORELLO, C. L.; FARIAS, F. J. C.; LAMAS, F. M.; PEDROSA, M. B.; RIBEIRO, J. L. **Comparação de métodos para avaliar a adaptabilidade e estabilidade produtiva em algodoeiro** Pesq. agropec. bras., Brasília, v.43, n.3, p.349-355, mar. 2008.
- GABRIEL, K.R. *The biplot graphic display of matrices with application to principal component analysis*. Biometrika. v. 58, p. 453-467, 1971.
- GAUCH, H. G. *Statistical Analysis of Yield Trials by AMMI and GGE*, Maio 18, 2006.
- GAUCH, H. G.; ZOBEL, R. W. *Predictive and postdictive success of statistical Analysis of yield trials*. *Theor. Appl. Genet.*, Berlin, v.76, n.1, p.1-10, 1988.
- GAUCH, H. G.; ZOBEL, R. W. *AMMI analysis of yield trials*. In: KANG, M. S.
- GAUCH, H. G. (Ed.) *Genotype-by-environment interaction*. New York: CRC Press, 1996 p.85-122.
- 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.
- HONGYU, K.; SILVA, F. L.; OLIVEIRA, A. C. S.; SARTI, D. A.; ARAÚJO, L. B.; DIAS, C. T. S. **Comparação entre os MODELOS AMMI e GGE BILOT para os dados de ensaios multi-ambientais** Rev. Bras. Biom., São Paulo, v.33, n.2, p.139-155, 2015.
- LAVORANTI, O. J. **Modelagem AMMI para estudos de interação em modelos estatísticos de efeitos fixos**. Colombo: Embrapa Florestas, 2004. 7 p. (Comunicado Técnico, 124).

LAVORANTI, O. J. **Análise da divergência genética via modelo AMMI com reamostragem “BOOTSTRAP”** (Uberlândia, MG, 2004).

PIMENTEL, G. F., 1984. **O problema do tamanho das parcelas em experimentos com plantas arbóreas.** *Pesq. Agropec. Bras.*, Brasília, 19 (12): 1507-1512.

PIOVESAN, P; ARAÚJO, L. B; DIAS, C. T. S **Validação cruzada com correção de autovalores e regressão isotônica nos modelos de efeitos principais aditivos e interação multiplicativa,** *Ciência Rural* , Santa Maria, v.39, n.4, p.1018-1023, jul, 2009.

REZENDE, D. M. L. C.; FERREIRA, D. F. **Comparação de métodos de estimação da estabilidade fenotípica em animais da raça Holandesa.** Lavras, UFMG. *Pesq. agropec. bras.*[online]. 2001, vol.36, n.1, pp.179-186.

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

SOUZA, HERALDO.; **Análise AMMI e SREG da interação genótipos × ambientes em milho.** Viçosa,2004.

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