

# AVALIAÇÃO DE RENDIMENTO DE GENÓTIPO DE MILHO EM MULTIAMBIENTES

Alexsandro Arruda Ferreira<sup>1</sup>

Kuang Hongyu<sup>2</sup>

**RESUMO:** Este estudo tem por objetivo a análise de interação ( $G \times E$ ), usando o método AMMI para obtenção de resultados em genótipos de milho, com o intuito de identificar os genótipos com melhores características para produção em vários ambientes. Os dados dos experimentos foram obtidos do Centro Internacional de Melhoramento de Milho e Trigo (CIMMYT) da triagem 12CHTTW para avaliação de rendimento dos genótipos, ambientes e genótipos ambientes, foi utilizado o modelo AMMI que combina análise de variância e análise de componentes principais. A tabela de análise de variância indica que a interação GE foi significativa a  $p < 0,001$ , sendo os dois primeiros eixos da decomposição da matriz de interação significativos que representam 77,6% da soma dos quadrados da interação genótipo ambiente. Na análise gráfica do AMMI biplot, os genótipos G8, G10, G11 e G9 apresentaram produção acima da média, os genótipos G6, G8 e G10 tiveram maior estabilidade, sendo o G10 considerado o ideótipo, genótipo mais indicado (estabilidade e produtividade).

**Palavras-chave:** Interação Genótipo x Ambiente; Decomposição da Matriz de Interação GE; Modelos AMMI.

## EVALUATION OF MAIZE GENOTYPE YIELD IN MULTI-ENVIRONMENTS

**ABSTRACT:** The objective of this study was to analyze interaction ( $G \times E$ ) using the AMMI method to obtain results on maize genotypes, in order to identify the genotypes with the best characteristics for the production in several environments. The data of the experiments were obtained from the International Center for Breeding Maize and Wheat (CIMMYT) of the 12CHTTW sorting for evaluation of yields of genotypes, environments and genotypes environments, was used as na AMMI model combining analysis of variance and analysis of principal components. A table of analysis of indicative variation of a GE interaction was significant and  $p < 0.001$ , with the first two axes of the decomposition of the interaction matrix being significant 77.6 % of the sum of the squares of the genotype environment interaction. The genotypes G8, G10, G11 and G9 presented the production above the media, genotypes G6, G8 and G10 were more stable, with G10 being considered the ideotype, the most indicated genotype (stability and productivity).

**Keywords:** Genotype x Environment interaction; Decomposition of the GE Interaction Matrix; AMMI models.

---

<sup>1</sup> Graduando em Estatística da Universidade Federal de Mato Grosso – Campus Cuiabá – alex.ferreira.aaf@gmail.com

<sup>2</sup> 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 - prof.kuang@gmail.com

## INTRODUÇÃO

Para potencializar a produção de cultivares, quando as regiões são heterogêneas, a princípio é recomendado subdividir uma região em vários mega ambientes relativamente homogêneos, para assim selecionar os cultivares melhores adaptados para cada mega ambiente (CAMARGO-BUITRAGO et al., 2011).

Os principais efeitos da interação ( $G \times E$ ), tem sido estudados com o objetivo de estimar e definir as estabilidades dos cultivares (CAMARGO-BUITRAGO et al., 2011) . A interação ( $G \times E$ ) esta relacionada nas diferenças de comportamento dos genótipos em função da diversidade ambiental, sendo assim na presença de interação, os resultados podem mudar de um ambiente para outro, podendo causar alterações nas posições relativas dos genótipos ou até mesmo na magnitude de suas diferenças (FALCONER; MACKAY, 1996).

Em melhoramento de plantas, os principais objetivos do estudo em multi-ambientes são: A interação genótipo x ambiente, analisar a adaptabilidade e estabilidade dos genótipos, estabelecer relações entre ambiente, entre os genótipos e entre os genótipos ambientes simultaneamente, fazer previsões precisas dos valores de produção genotípicas nos países para o ciclo de produção seguinte. A presença da interação genótipo ambiente complica o processo e muitas vezes é resultado de uma inconsistência de alguns genótipos em relação a outros, devido à mudança na classificação genotípica ou até mesmo diferenças entre os genótipos sem classificação (ARAÚJO et al., 2012; GAUCH, 2013).

Estudos sobre a existência da interação  $G \times E$  tem sido reconhecida a muito tempo por Freeman (1973), sendo os trabalhos mais antigos feito por Fisher e Markenzie em (1923), ao qual foram elaborados por análise de variância (ANOVA) conjunta. Desde então muitos trabalhos foram realizados com foco no estudo da interação  $G \times E$ , seja por agrônomos, geneticistas e estatísticos. Os métodos mais simples que utilizam componentes da variância para interpretação dos resultados quando existe interação, incluem método da regressão, métodos baseando em análise mortificada e métodos de variáveis ambientais externas. (DIAS et al., 2013).

O modelo AMMI (Additive Main and Multiplicative Interaction) é uma das melhores alternativas para análises, pois ajudam na interpretação e compreensão da interação dos fatores, problemas encontrados no melhoramento genético de plantas, principalmente na interação genótipo por ambiente ( $G \times E$ ). Vários autores afirmam que esse é o melhor método em comparação com o método de regressão (DIAS et al., 2013). Segundo Crossa et al., (1990) o método de regressão linear não é informativo se a linearidade falhar e dependendo do grupo de

genótipos e ambientes, tendem a simplificar as respostas explicando a variação em uma única dimensão, quando na realidade pode ser bem mais complexa. Com o objetivo de otimizar os recursos e fazer previsões mais precisas, vários autores (GAUCH JUNIOR & ZOBEL, 1997; EBDON & GAUCH, 2002; SAMONTE et al., 2005; YAN & TINKER, 2005; FELIPE et al., 2010), recomendaram identificar mega ambientes pelo modelo AMMI, aplicando o conceito de “genótipo ganhador”, em outras palavras, aquele que alcança a produção mais elevada em um ou em vários ambientes (CAMARGO-BUITRAGO et al., 2011).

No modelo AMMI são combinados dois modelos estatísticos: análise de variância e a decomposição por valores singulares, em um único modelo possui componentes aditivos para os efeitos principais (linhas ou genótipos e colunas ou ambientes) e os componentes multiplicativo para os efeitos de interação. Hongyu (2014), relatam que os efeitos principais como a média, efeitos genotípicos e ambientais são ajustados por uma análise de variância comum (univariada) aplicada a matriz de dados, isto é, na interação ( $G \times E$ ) constituinte da parte multiplicativa do modelo e depois analisada por decomposição de valores singulares da matriz de resíduos (DIAS et al., 2013).

Este estudo tem por objetivo a análise de interação ( $G \times E$ ) usando o método AMMI para obtenção de resultados em genótipos de milho, com o intuito de identificar os genótipos com melhores características para produção em vários ambientes.

## MATERIAL E MÉTODOS

Os dados dos experimentos foram retirados do Centro Internacional de Melhoramento de Milho e Trigo (CIMMYT). Para esse trabalho foi retirado os dados da triagem 12CHTTW, onde possui 11 genótipos de milho: G1: (CLQRCWQ48)/(CLQRCWQ83), G2: (CLQRCWQ26)/(CML491), G3: (CLWQ219)/(CLQRCWQ10), G4: 9CLQRCWQ118)/(CLQRCWQ10), G5: (CLQECWQ1)/(CML491), G6: (CLQRCWQ26)/(CML4910, G7: (CML502)/(CML4), G8: (CLWN208)/(CML491), G9: (CML494)/(CML495), G10: (CML495)/(CLWN201) E G11: (CLWN201)/(CLRCW105), realizados em 5 países, como mostra a Tabela 1. Cada genótipo foi avaliado com três repetições, porém apenas as médias sobre as repetições estão disponível na publicação.

**Tabela 1:** Identificação, Países e Localização dos genótipos de milho para avaliação de rendimento.

<b>Identificação</b>	<b>Países</b>	<b>Localização</b>
A1	Costa Rica	<u>Changuena</u> , Buenos Aires
A4	Costa Rica	San Jorge, Los Chiles, <u>Alajuela</u>
A5	Costa Rica	<u>Veracruz</u> , <u>Pejibaye</u>
A7	Uganda	<u>Nalweyo</u> , <u>Kibaale District</u>
A8	México	Zapata, <u>Villacorzo</u> , Chiapas
A10	Bolívia	<u>Algarrobal</u>
A17	Colômbia	Palmira

Para os ensaios, avaliação de previsão e rendimentos dos genótipos nos meios ambientes estudados, foi conduzido utilizando o método AMMI (GABRIEL,1971; GAUCH,1988.) O modelo AMMI combina dois métodos de análise em sua estrutura, análise de variância e decomposição por valor singular, componentes aditivos para os efeitos principais dos genótipos ( $g_i$ ), ambientes ( $e_j$ ) e componentes multiplicativo para a interação ( $ge$ ) $_{ij}$ . O modelo de equação adotada foi proposto por (GAUCH, 1992; DIAS & KRZANOWSKI, 2006; HONGYU et al., 2014):

$$Y_{ij} = \mu + g_i + e_j + \sum_{k=1}^n \lambda_k \gamma_{ik} \alpha_{jk} + \rho_{ij} + \epsilon_{ij}$$

Onde  $Y_{ij}$  é a média do  $i$ -ésimo genótipo no  $j$ -ésimo ambiente, de  $i=1,2,\dots,g$  e  $j=1,2,\dots,e$ ;  $\mu$  sendo a média geral;  $g_i$  e  $e_j$  são os efeitos do  $i$ -ésimo genótipo e o  $j$ -ésimo ambiente;  $\lambda_k$  sendo o  $k$ -ésimo valor singular da matriz (GE) com  $\lambda_1 \geq \lambda_2 \geq \dots \lambda_n$ ;  $\gamma_{ik}$  e  $\alpha_{jk}$  são os elementos dos  $k$ -ésimos valores singulares com relação aos  $i$ -ésimos genótipos e  $j$ -ésimos ambientes;  $\rho_{ij}$  é o resíduo da interação  $G \times E$ ;  $n$  são os números dos componentes principais retidos no modelo;  $r$  é o número de blocos ou repetições e  $\epsilon_{ij}$  é o erro médio experimental associado ao  $i$ -ésimo genótipo no  $j$ -ésimo ambiente, assumido que o erro seja independente  $\epsilon_{ij} \sim N(0, \frac{\sigma^2}{r})$  (HONGYU et al., 2014).

A primeira parte, os efeitos principais na fase aditiva (média geral de genótipo e ambientes), são ajustados por uma análise comum de variância aplicada na matriz de média ( $Y(g \times e)$ ), produzindo assim os resíduos de não aditividade. Essa interação  $G \times E$ , dada por ( $ge$ ) $_{ij}$  constitui a parte multiplicativa do modelo, na segunda parte, a interação é analisada por decomposição de valores singulares (DVS) ou por análise de componentes principais da matriz de interação ( $GE(g \times e)=[(ge)_{ij}]$ ) (DIAS & KRZANOWSKI, 2006). A matriz de interação entre genótipo e ambientes, (matriz de resíduos dos efeitos principais), é chamada de matriz GE, em que cada elemento ( $ge$ ) $_{ij}$  da matriz é dado por (HONGYU et al., 2014):

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

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

Para a seleção dos eixos principais a serem retidos com o objetivo de explicar e representar graficamente a interação genótipo ambiente, foram adotados os métodos usados por Gauch & Zobel (1998), levando-se em conta a proporção da soma dos quadrados da interação original ( $SQG \times E$ ) acumulada até o  $n$ -ésimo eixo:  $(P_{nk} = 1 - \lambda_{2k}/SQG \times E)$ . Assim o ponto de parada para a seleção do modelo na família AMMI ( $AMMI_0, AMMI_1, \dots, AMMI_n$ ), é obtido com base nos testes de significância F-Gollob, para as sucessivas interações baseados nas significâncias dos testes F. O método Gollob (1968) é um dos mais usados para atribuir graus de liberdade no modelo AMMI, sendo a expressão:  $GL_{pck} = g + e - 1 - 2k$ , sendo  $g$  o número de genótipo e  $e$  o número de ambientes e  $n$  o número de componentes principais da matriz de interação. Assim o teste distribui os graus de liberdade às Somas de Quadrados  $SQK = \lambda_{2k}$  com  $k = 1, 2, \dots, p$  e  $r$  o número de repetições, contando o número de parâmetros no  $k$ -ésimo termo multiplicativo. Assim o teste F é calculado como uma análise de variância para modelos lineares supondo a hipótese nula que o numerador e denominador do teste F são distribuídos independentemente como uma variável qui-quadrado (CORNELIUS et al., 1996). Sendo o ponto de parada para a escolha do modelo o  $n$ -ésimo componente principal da interação significativo do teste F (GOLLOB, 1968). A análise AMMI para a avaliação de rendimento dos genótipos foi realizada com o programa R versão 3.4.1.

## RESULTADOS E DISCUSSÃO

A análise de variância conjunta em relação a produtividade de milho (kg/ha) revela que o efeito de genótipo, ambiente e o efeito de interação foram significativos com ( $p < 0,001$ ). Esse resultado pressupõe que os genótipos apresentaram diferentes comportamentos nos ambientes estudados, justificando assim um estudo mais aprofundado sobre o comportamento dos genótipos para identificar as magnitudes de interação com os ambientes (GAUCH, 1992). Podemos observar que o coeficiente de variação (CV%) do experimento foi relativamente baixo, um valor próximo ao encontrado por (HONGYU et al., 2014) com CV% de 15.982. Em outro experimento feito por (HONGYU et al., 2015), o CV% foi mais baixo com valor de 8.7199, como os valores encontrados nesse estudo não é um valor discrepante dos estudos anteriores, podemos concluir que os experimentos foram bem conduzidos (Tabela 2).

**Tabela 2: Análise de variância e significância dos efeitos dos genótipos, ambientes e genótipo x ambientes, para análise de rendimento de genótipo de milho.**

Fonte de Variação	GL	SQ	QM	F	Valor-p
Ambientes (E)	6	1105,46781	184,244635	1,8713e+33	2e-16***
Genótipo (G)	10	87,06367	8,706367	2,5313e+31	2e-16***
Blocos Ambientes	14	0,001	0,001	2,8630e-01	0,9947 <sup>NS</sup>
Interação (GxE)	60	143,43288	2,390548	6,9504e+30	2e-16***
Resíduos	140	132,44000	0,946000		
Média Geral	5,644026				
CV (%)	17,23283				

**NS: Não Significativo; \*\* Significativo a 0,01 de probabilidade; \*\*\* Significativo a 0,001 de probabilidade e \* Significativo a 0,05 de probabilidade.**

As realizações de ensaios em vários ambientes, durante vários anos são necessárias para estabelecer padrões de respostas de localidade agrupadas em regiões, para identificar cultivares com as maiores produtividades (CAMARGO-BUITRAGO et al., 2011). Na análise AMMI a soma dos quadrados da interação ( $SQG \times E = 143.43$ ) corresponde a soma dos autovalores de ( $Pnk = 1 \lambda 2k$ ) (tabela 3), podendo estar inflacionado devido a presença de fatores não explicável na variável resposta, sendo assim é necessário realizar um ajuste na interação por decomposição de valores singulares aplicada a matriz de interação GE, ou seja, fazer a decomposição da matriz em seis componentes principais, com o objetivo de resumir grande parte da interação  $G \times E$  original em poucos eixos ( $SQG \times E$ [padrao]) resultando na escolha de um modelo AMMI reduzido, descartando os ruídos adicionais ( $SQG \times E$ [ruídos]) (HONGYU et al., 2015). Sendo o primeiro componente (PC1) significativo com ( $p < 0,0001$ ) pelo teste F de Gollob (1968), explicando 53,8% da variação da  $SQG \times E$  com 15 graus de liberdade. O (PC2) foi significativo a ( $p < 0,001$ ), explicando 23,8% da variação da  $SQG \times E$  com 13 graus de liberdade, no estudo realizado por (HONGYU et al., 2015), o primeiro eixo captou 62,4% e o segundo eixo 24,6% somando um total de 87% da variação  $SQG \times E$ , em outro trabalho semelhante feito por (CAMARGO-BUITRAGO et al., 2011), o primeiro componente registrou 33,5% o segundo 17,1% e o terceiro 16,7%, ou seja, até o terceiro componente foi significativo somando um total de 67,6% da variação  $SQG \times E$ , resultados parecidos com os encontrados neste estudo.

**Tabela 3: decomposição em valores singulares aplicada a matriz de interação GE decomposta em seis componentes principais.**

CP	Percent	Acumulado	GL	SQ	QM	F	Valor-p
PC 1	53,8	53,8	15	77,135710	5,142381	5,44	0,0001
PC 2	23,8	77,6	13	34,188003	2,629846	2,78	0,0015
PC 3	13,0	90,6	11	18,664362	1,696760	1,79	0,0610
PC 4	7,1	97,7	9	10,141898	1,126878	1,19	0,3060
PC 5	1,2	98,9	7	1,755640	0,250806	0,27	0,9646
PC 6	1,1	100,0	5	1,547262	0,309452	0,33	0,8942

**CP: Componentes Principais; GL: Graus de Liberdade; SQ: Soma de Quadrados; QM: Quadrado Médio.**

Podemos observar que a partir do componente principal PC3, os valores começam a ser não significativos, ou seja, contém apenas ruídos (variação aleatória não relacionada com o fenômeno da interação), podendo diminuir a eficiência da interpretação da estabilidade dos genótipos e ambientes na análise gráfica, resultados estes parecidos com (HONGYU et al., 2015), onde somente os dois primeiros componentes principais foram significativos. Assim para a interpretação gráfica consideremos apenas as variações presentes nos dois primeiros eixos dos componentes principais PC1 e PC2, que juntos explicam 77,6% da soma dos quadrados de interação genótipo ambiente.

Uma característica importante dos modelos multivariados, incluindo a análise AMMI, são que eles conseguem captar grande parte do padrão nos primeiros componentes principais, relegando ao componente subsequente cada vez menos padrão e mais ruído, logo concluímos que a análise gráfica do AMMI biplot será conveniente (CROSSA et al., 1991).

Os genótipos G8, G9, G10 e G11 apresentaram rendimento de produção acima da média, sendo os mais estáveis os genótipos G1, G5, G8 e G10 pela (figura 1), porém na figura 2 observamos que apenas os genótipos G6, G8 e G10 continuaram estáveis, podendo ser cultivados em todos os ambientes onde foram feitos os estudos, porém na figura 2 observamos que o genótipo G6 apresenta uma estabilidade maior que o G8 o que não ocorreu na figura 1, como a figura 2 contém uma porcentagem dos dados maior que o primeiro, concluímos que o G6 possui de fato uma maior estabilidade em relação ao G8, entre estes apenas os genótipos G8 e G10 apresentaram produção acima da média geral e estabilidade, indicando que estes genótipos associaram adaptabilidade com estabilidade. O G10 apresentou o melhor rendimento entre os estáveis (Figura 1 e 2) podendo ser considerado como genótipo ideal (maior estabilidade e produtividade) escolhido para recomendação pelos pesquisadores. Os genótipos menos produtivos são os G3 e G4 sendo o G4 mais adaptado ao ambiente A10, essa confirmação pode ser vista na figura 1 e 2, por outro lado a aparente adaptação específica de G3 ao ambiente A5, representada no biplot AMMI1 não é confirmada quando se incrementa as informações de interação capturadas pelo segundo eixo (biplot AMMI2). Na realidade a especificidade adaptativa do genótipo G3 parece esta associada ao ambiente A17 e não no ambiente A5, isso pode ser visto na figura 2.

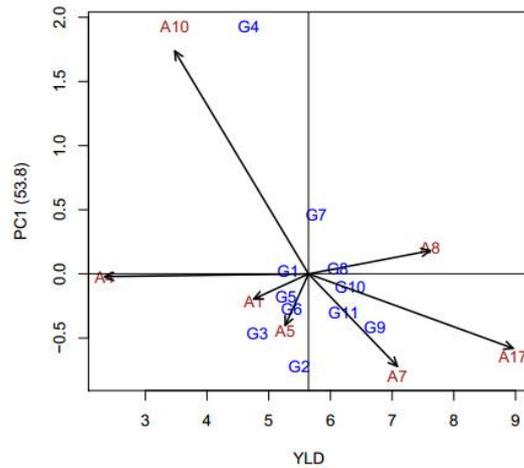


Figura 1: Biplot AMMI1 para os dados de rendimento de produtividade de milho ( $kg/ha$ ) com onze genótipos (G) e sete ambientes (A).

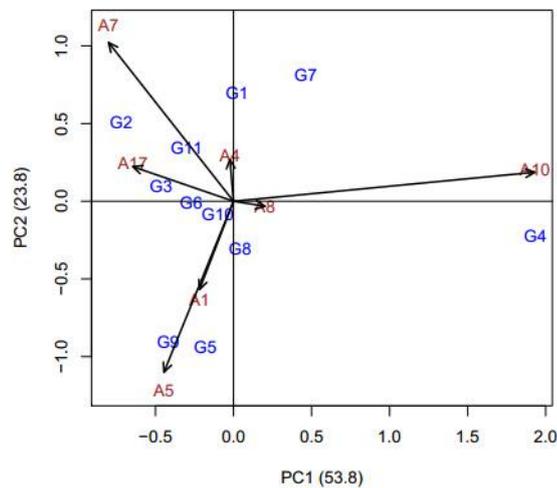


Figura 2: Biplot AMMI2 para os dados de rendimento de produtividade de milho ( $kg/ha$ ) com onze genótipos (G) e sete ambientes (A).

Apesar do G9 apresentar a maior média de produção entre todos os genótipos estudados, ele não apresentou uma boa estabilidade, ou seja, sua especificidade adaptativa está associada a um ambiente específico, no caso o ambiente A5 como mostra a (figura 2). Verifica-se que o genótipo G5 foi mais adaptado ao ambiente A5; G3 e G6 ao ambiente A17; G2 e G11 ao ambiente A7 e G8 ao ambiente A1. Observa-se que os vetores relativos aos genótipos apontam uma direção comum, podendo ser causado pelos ambientes (Gauch, 1992). Além disso podemos observar a falta de adaptação dos genótipos G4 ao ambiente A7, dos genótipos G3 e G6 em relação ao ambiente A10, dos genótipos G1 e G7 ao ambiente A5 (Figura 1).

Os ambientes mais favoráveis para a produtividade dos genótipos foram A17 (Colômbia, Palmira) seguido por A8 (México; Zapata, Villacoz, Chiapas) e o ambiente menos favorável

para produção foi A4(Costa Rica; San Jorge, Los Chiles, Alajuela). Podemos observar que os ambientes A17 e A7 possuem características opostas ao ambiente A10 e A4 (Figura 1).

## CONCLUSÃO

Os eixos principais PC1 e PC2 juntos explicaram 77,6% do total da  $SQG \times E$ , sendo os demais eixos não significativos pelo teste F de Gollob (1968). Os genótipos G6, G8 e G10, apresentaram boa estabilidade, porém o G10 se destacou sendo considerado o ideótipo (genótipo ideal), indicado para o plantio em todos os ambientes estudados, pois apresentou uma média de produção superior as do genótipo G8 e G6. Apesar do genótipo G9 possuir a melhor média de produção entre todos os genótipos estudados ele não foi o mais indicado, pois apresenta adaptação específica ao ambiente A5, não tendo o mesmo rendimento em outros ambientes estudados. O genótipo G6 não apresentou a melhor média de produção entre os estaveis, porém não e recomendado ser descartado, uma vez que a estabilidade é uma característica importante podendo ser aproveitado para melhoramento genético.

## REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

ARAÚJO, M. F. C ; ARAÚJO, L. B. ; FARIA, P. N ; DIAS, C. T. S. *Statistical test for genotype and environment contribution in the genotypes × environments interaction matrix*. Interciencia , Caracas, v.37, n.7, p.515-519, 2012.

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

CROSSA, J.; GAUCH JUNIOR, H.G.; ZOBEL, R.W. *Additive main effects and multiplicative interaction analysis of two international maize cultivar trials*. Crop Science, v.30, p.493-500, 1990.

DIAS, C.T.S.; KRZANOWSKI, W.J. *Choosing components in the additive main effect and multiplicative interaction (AMMI) models*. Scientia Agricola, Piracicaba, v.63, n.2, p.169-175, 2006.

DIAS, C.T.S.; HONGYU, K.; ARAÚJO, L.B.; SILVA, M.J.C.; GARCÍA-PEÑA, M.; ARAÚJO, M.F.C.; RODRIGUES, P.C.; FARIA, P.N.; ARCINIEGAS-ALARCÓ N, S. *Introdução a Metodologia AMMI*. Sigmae, Alfenas, v.2, n.3, p. 38-56. 2013.

EBDON, J.S.; GAUCH, H.G. *Additive main effect and multiplicative interaction analysis of national turfgrass performance trials: II. Cultivar recommendation*. Crop Sci. 42:497–506, 2002b.

FISHER, R.A.; MACKENZIE, W.A. *Studies in crop variation: II. The manurial response of different potato varieties*. J.Agric. Sci. 23:311–320, 1923.

FREEMAN, G.H. *Statistical methods for the analysis of genotype-environment interactions*. Heredity, 31, p.339-354, 1973.

FALCONER, D.S.; MACKAY, T.F.C. *Introduction to quantitative genetics*. 4th ed. Edinburgh: Longman Group Limited, 1996.

FELIPE, C.R. de P.; DUARTE, J.B.; CAMARANO, L.F. *Estratificação ambiental para avaliação e recomendação de variedades de milho no Estado de Goiás*. Pesquisa Agropecuária Tropical, v.40, p.186-199, 2010.

GABRIEL, K.R. *The biplot graphic display of matrices with application to principal component analysis*. Biometrika, 58, 453-467, 1971.

GAUCH JR, H. G. *Model selection and validation for yield trials with interaction*. Biometrics , 44, 705-716, 1988.

GAUCH, H. G. *Statistical analysis of regional yield trials: AMMI analysis of factorial designs*. Amsterdam, Elsevier, 1992.

GAUCH, H. G. *A Simple Protocol for AMMI Analysis of Yield Trials*. Crop Science, v.53, n.5, p.1860-1869, 2013.

GAUCH, H. G. *A Simple Protocol for AMMI Analysis of Yield Trials*. Crop Science, v.46, n.4, p.1488-1500, 2006.

GAUCH, H. G.; PIEPHO, H. P.; ANNICCHIARICO, P. *Statistical analysis of yield trials by AMMI and GGE: Further considerations*. Crop Science, v.48, n.3, p.866-889, 2008.

GAUCH, H. G.; ZOBEL, R. W. *Identifying mega-environments and targeting genotypes*. Crop Science, v.37, n.2, p.311-326, 1997.

GOLLOB, H.F. *A statistical model which combines features of factor analytic and analysis of variance techniques*. Psychometrika, Colorado Springs, v.33, n.1, p.73-115, 1968.

HONGYU, K.; GARCIA-PEÑA, M.; ARAÚJO, L.B.; DIAS, C.T.S. *Statistical analysis of yield trials by AMMI analysis of genotype × environment interaction*. Biometrical Letters Vol. 51 (2014), No.2, 89-102.

HONGYU, K.; SILVA, F.S; OLIVEIRA, A.C.S.; SARTI, D.A; ARAUJO, L.B; DIAS, C.T.S. *Comparação Entre Modelos AMMI e GGE biplot Para os Dados de Ensaio Multi-Ambientes*. Rev.Bras.Biom., São Paulo, v.33,n.2,p.139-155, 2015.

R CORE TEAM. R: A language and environment for statistical computing. Vienna, Austria. R Foundation for Statistical Computing, 2017.

SAMONTE, S.O.P.B.; WILSON, L.T.; MCCLUNG, A.M.; MEDLEY, J.C. *Targeting cultivars onto rice growing environments using AMMI and SREG GGE biplot analyses*. Crop Science, v.45, p.2414-2424, 2005.

YAN, W.; KANG, M.S.; MA, B.; WOODS, S.; CORNELIUS, P.L. *GGE biplot vs. AMMI analysis of genotype-by-environment data*. Crop Science, v.47, n.2, p.643-653, 2007.

YAN, W.; TINKER, A. *Biplot analysis of multi environment trial data: principles and applications*. Canadian Journal of Plant Science, v.86, n.3, p.623-645, 2006.

YAN, W. *GGE Biplot vs. AMMI Graphs for Genotype-by-Environment Data Analysis*. Journal of the India Society of Agricultural Statistics, v.65, n.2, p.181-193, 2011.

YAN, W.; TINKER, N.A. *An integrated biplot analysis system for displaying, interpreting, and exploring genotype × environment interaction*. Crop Science, v.45, p.1004-1016, 2005.