UNIVERSIDADE ESTADUAL PAULISTA "JÚLIO DE MESQUITA FILHO"
FACULDADE DE ENGENHARIA
CAMPUS DE ILHA SOLTEIRA

JIULI ANI VILAS BOAS REGIS
Engenheira Agrônoma

ADAPTABILIDADE E ESTABILIDADE FENOTÍPICA DE CLONES DE CANA-DE-AÇÚCAR EM DOIS CICLOS PRODUTIVOS

Ilha Solteira
2016

PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM AGRONOMIA

JIULI ANI VILAS BOAS REGIS

ADAPTABILIDADE E ESTABILIDADE FENOTÍPICA DE CLONES DE CANA-DE-AÇÚCAR EM DOIS CICLOS PRODUTIVOS

Dissertação apresentada à Faculdade de Engenharia de Ilha Solteira – UNESP como parte dos requisitos para obtenção do título de Mestra em Agronomia.
Especialidade: Sistemas de Produção

Prof. Dr. João Antonio da Costa Andrade
Orientador

Ilha Solteira
2016

FICHA CATALOGRÁFICA
Desenvolvido pelo Serviço Técnico de Biblioteca e Documentação

R337a

Regis, Jiuli Ani Vilas Boas.
Adaptabilidade e estabilidade fenotípica de clones de cana-de-açúcar em dois ciclos produtivos / Jiuli Ani Vilas Boas Regis. -- Ilha Solteira: [s.n.], 2016
56 f. : il.

Dissertação (mestrado) - Universidade Estadual Paulista. Faculdade de Engenharia de Ilha Solteira. Área de conhecimento: Sistemas de Produção, 2016

Orientador: João Antonio da Costa Andrade
Inclui bibliografia

1. Cana-de-açúcar. 2. Interação genótipo X ambiente. 3. Regressão bissegmentada. 4. Ammi. 5. GGE biplot.

unesp

UNIVERSIDADE ESTADUAL PAULISTA

Câmpus de Ilha Solteira

CERTIFICADO DE APROVAÇÃO

TÍTULO: Adaptabilidade e Estabilidade fenotípica de Clones de cana-de-açúcar em dois ciclos produtivos

AUTORA: JIULI ANI VILAS BOAS REGIS
ORIENTADOR: JOAO ANTONIO DA COSTA ANDRADE

Aprovada como parte das exigências para obtenção do Título de Mestra em AGRONOMIA, especialidade: SISTEMAS DE PRODUÇÃO pela Comissão Examinadora:

Prof. Dr. JOAO ANTONIO DA COSTA ANDRADE
Departamento de Biologia e Zootecnica / Faculdade de Engenharia de Ilha Solteira

Prof. Dr. ANTONIO CESAR BOLONHEZI
Departamento de Fitotecnia, Tecnologia de Alimentos e Sócio Economia / Faculdade de Engenharia de Ilha Solteira

Prof. Dr. ANTONIO ORLANDO DI MAURO
Departamento de Produção Vegetal / Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias de Jaboticabal

Ilha Solteira, 01 de dezembro de 2016.

DEDICO

Aos meus avós maternos Nair Ferreira de Souza e Élbio Vilas Boas (*in memoriam*)

Aos meus avós paternos José Francisco Regis e Neri Maria de Souza Regis pelas orações diárias.

Aos meus pais, Reginaldo Francisco Regis e Joelma Vilas Boas Regis, pela base e suporte.

Ao meu irmão Jiuliver Vilas Boas Regis, companheiro e amigo.

AGRADECIMENTOS

Agradeço primeiramente a Deus, porque dele, por ele e para ele são todas as coisas! Por ter me dado à vida e zelado por ela. Pela fé, perseverança, capacidade e forças para atingir os meus objetivos e por estar sempre presente nos momentos mais difíceis.

À minha família: Reginaldo Francisco Regis, Joelma Vilas Boas Regis e Jiuliver Vilas Boas Regis, pelo amor, carinho, compreensão, mas principalmente base e suporte para que eu continuasse a minha caminhada.

Aos meus avós José Francisco Regis, Neri Maria de Souza Regis e aos meus tios, tias e primos, por sempre estar presente em suas orações, por acreditarem em mim e me incentivaram a lutar por meus sonhos.

Ao meu Orientador, Professor Dr. João Antonio da Costa Andrade pelos constantes ensinamentos e paciência em todos os trabalhos realizados juntos. Pelo incentivo à busca por novos conhecimentos, pela sabedoria, respeito e amizade. Muito obrigada!

Ao Professor Dr. Paulo Ceresini por todos os conselhos e incentivos! Sou muito grata pelos valiosos ensinamentos!

Ao grande amigo, Adriano dos Santos, que me acompanha desde a graduação. Meus sinceros agradecimentos.

Ao Rafael Romo, companheiro e amigo de todos os momentos.

Ao Hermano Henriques, pelo incentivo e por acreditar em meu potencial.

Ao Programa de Melhoramento Genético de cana-de-açúcar da Monsanto-CanaVialis, às Usinas e Associações produtoras de cana-de-açúcar parceiras deste trabalho.

A todos os amigos de trabalho da Monsanto: Aparecido Moraes, Luiz Oliveira, Bruno Polis, Francisco Pereira, Renato Carvalho, Márcio Tavares, Guilherme Cruz, Hugo Rosa, Elaine Faria, Pedro Barbosa, Pedro Mattos, Luciana Cunha, João Civiero, Thais Egreja, José Guilherme Scanavini, Mauro Leite, Leandro Celoto, Luiz Goivinho, Tiago Teixeira, Antônio da Silva, Rafael Silva, José Luiz, Maria Stela, Agnaldo Stenico, Romualdo Bernardes, Rodrigo Desordi, Eder Santos e todos os auxiliares de campo.

À Universidade Estadual Paulista Júlio de Mesquita Filho e a todos Professores da Pós-Graduação em Agronomia pela oportunidade.

A todos que de alguma forma estiveram presentes nessa caminhada. Sou grata a todos vocês!

Jesus respondeu: "Eu lhes asseguro que, se vocês tiverem fé e não duvidarem, poderão fazer não somente o que foi feito à figueira, mas também dizer a este monte: ‘Levante-se e atire-se no mar’, e assim será feito. E tudo o que pedirem em oração, se crerem, vocês receberão".

(Mateus 21:21,22)

RESUMO

Na fase final de um programa de melhoramento, especificamente na recomendação de cultivares, o conhecimento da interação genótipos x ambientes (GxA) é essencial, porque analisa a existência de desempenho diferencial de genótipos em diferentes ambientes. Os efeitos da interação genótipos x ambientes sobre a adaptabilidade e estabilidade são de grande importância, visto que cada genótipo possui uma capacidade inerente de responder às mudanças ambientais. Dentre as estratégias usadas para identificar cultivares com baixos níveis de interação genótipos x ambientes, está a seleção de genótipos com alta adaptabilidade e estabilidade**.** O objetivo deste trabalho foi identificar clones de cana-de-açúcar produtivos, com boa estabilidade e adaptabilidade, considerando dois ciclos produtivos. Vinte e cinco clones precoces mais cinco testemunhas foram avaliados em 24 ambientes, em delineamento de blocos ao acaso, com três repetições. Para verificação da adaptabilidade e estabilidade foi utilizado o método de regressão bissegmentada e os métodos multivariados AMMI e GGE biplot. Os clones avaliados não apresentam os parâmetros ideais, como preconizado pelo método da regressão bissegmentada. De acordo com as três abordagens utilizadas, que são complementares nas informações desejadas, os clones mais promissores em termos de estabilidade e adaptabilidade geral são G13, G12 e G5.

Palavras-chave: *Saccharum* spp. AMMI. GGE biplot. Interação genótipo x ambiente.

ABSTRACT

In the final phase of breeding program, specifically in the recommendation of cultivars, knowledge of genotype x environment interaction (GxA) is essential because it analyzes the existence of differential performance of genotypes in different environments. The effects of genotype x environment interaction on adaptability and stability are of great importance, since each genotype has an inherent ability to respond to environmental changes. Among the strategies used to identify cultivars with low levels of interaction genotypes x environments, is the selection of genotypes with high adaptability and stability. The objective of this study was to identify sugarcane productive clones, with good stability and adaptability considering two productive cycles. Twenty-five early clones another five controls were evaluated in 24 environments, in a randomized block design with three replications. To verify the adaptability and stability was used bissegmented regression method and multivariate methods, AMMI and GGE biplot. The evaluated clones do not have the ideal parameters, as recommended by the method of bissegmented regression. In compliance with the three approaches used, which are complementary to the desired information, the most promising clones in terms of stability and general adaptability are G13, G12 and G5.

Keywords: *Saccharum* spp. AMMI. GGE biplot. Genotype x environment interaction.

LISTA DE FIGURAS

Figura 1 - Distribuição dos locais (municípios) onde foram conduzidos os experimentos….26

Figura 2 - Biplot da análise AMMI2 (A) e AMMI1 (B) para a variável TCH de 30 clones de cana-de-açúcar avaliados em 24 ambientes.....43

Figura 3 - Biplot da análise AMMI2 (A) e AMM1 (B) para a variável TPH de 30 clones de cana-de-açúcar avaliados em 24 ambientes. 44

Figura 4 - GGE biplot representando o gráfico para variável TCH (A) e TPH (C) e médias x estabilidade, indicando o *ranking* de produtividade para variável TCH (B) e TPH (D) de 30 clones de cana-de-açúcar avaliados em 24 ambientes.....46

Figura 5 - GGE Biplot comparando os clones de cana-de-açúcar avaliados com a estimativa de um genótipo ideal para TCH (A) e TPH (C) e ambientes discriminantes *vs* representativos para variável TCH (B) e TPH (D) de 30 clones avaliados em 24 ambientes. 48

LISTA DE TABELAS

Tabela 1 – Localização e identificação dos 24 ambientes e dados geográficos dos experimentos de clones de cana-de-açúcar. 25

Tabela 2 – Quadrados médios das análises de variâncias individuais, médias e coeficientes de variação (CV) obtidos para a variável tonelada de colmos por hectare (TCH) de 30 clones de cana-de-açúcar avaliados em 24 ambientes.. 33

Tabela 3 – Quadrados médios das análises de variâncias individuais, médias e coeficientes de variação (CV) obtidos para a variável tonelada de pol por hectare (TPH) de 30 clones de cana-de-açúcar avaliados em 24 ambientes 34

Tabela 4 – Análise de variância conjunta para as variáveis tonelada de colmo por hectare e tonelada de pol por hectare, avaliados em trinta clones de cana-de-açúcar em 24 ambientes. 35

Tabela 5 – Média geral (β_0), médias em ambientes desfavoráveis (MD), médias em ambientes favoráveis (MF), parâmetro de adaptabilidade (β_1), responsividade ($\beta_1+\beta_2$), variância do desvio de regressão (σ^2_δ) e coeficiente de determinação (R^2) referentes à tonelada de colmos por hectares (TCH), estimados por meio do método de Cruz et al. (1989), em 30 clones de cana-de-açúcar avaliados em 24 ambientes 37

Tabela 6 – Média geral (β_0), média em ambientes desfavoráveis (MD), média em ambientes favoráveis (MF), parâmetro de adaptabilidade (β_1), responsividade ($\beta_1+\beta_2$), variância do desvio de regressão (σ^2_δ) e coeficiente de determinação (R^2) referentes à tonelada de pol (TPH) por hectares, estimados por meio do método de Cruz et al. (1989), em 30 clones de cana-de-açúcar avaliados em 24 ambientes..... 39

Tabela 7 – Médias gerais e índices ambientais, segundo o método de Cruz, Torres e Vencovsky (1989), referentes à tonelada de colmo (TCH) e tonelada de pol (TPH) por hectares avaliadas em 30 clones de cana-de-açúcar avaliados em 24 ambientes. 41

Tabela 8 – Resumo das análises de variância e decomposições da interação G x A pelo método AMMI e percentagem de explicação da variância (%Exp) para as variáveis TCH e TPH de 30 clones avaliados em 24 ambientes 42

SUMÁRIO

1	**INTRODUÇÃO**	13
2	**REVISÃO DE LITERATURA**	15
2.1	**Importância socioeconômica**	15
2.2	**Melhoramento genético da cana-de-açúcar**	16
2.3	**Interação genótipo x ambiente**	19
2.4	**Adaptabilidade e estabilidade em cana-de-açúcar**	20
2.5	**Metodologias para estudo de adaptabilidade e estabilidade**	22
3	**MATERIAL E MÉTODOS**	24
3.1	**Descrição dos locais, época de plantio e colheita**	24
3.2	**Clones e testemunhas avaliados**	26
3.3	**Delineamento experimental**	26
3.4	**Caracteres mensurados**	27
3.5	**Análises realizadas**	27
3.5.1	***Análises de variância***	27
3.5.2	***Análises de adaptabilidade e estabilidade fenotípica***	28
3.5.2.1	*Análise pelo método Cruz, Torres e Vencovsky (1989).*	28
3.5.2.2	*Análise pelo método AMMI.*	29
3.5.2.3	*Análise pelo método GGE Biplot*	31
4	**RESULTADOS E DISCUSSÃO**	32
4.1	**Análises de variância**	32
4.2	**Análises de adaptabilidade e estabilidade fenotípica**	35
4.2.1	***Análise pelo método Cruz, Torres e Vencovsky (1989)***	35
4.2.2	***Análise AMMI***	42
4.2.3	***Análise GGE Biplot***	45
5	**CONCLUSÕES**	50
	REFERÊNCIAS	51

1 INTRODUÇÃO

A cultura da cana-de-açúcar apresenta grande importância no cenário agropecuário brasileiro. Isso ocorre em virtude do seu uso diversificado, podendo ser utilizada como matéria-prima para as agroindústrias do açúcar, etanol, bem como para a alimentação animal, rapadura, melado e geração de energia. Com o aumento das áreas de plantio é essencial aumentar o rendimento agronômico e tecnológico da cultura, disponibilizando matéria-prima com teores adequados de sacarose e viabilizando o rendimento industrial e a atividade econômica das usinas (LEITE et al., 2008).

O Brasil é o maior produtor mundial de cana-de-açúcar há mais de 30 anos, seguido pela Índia e China (COMPANHIA NACIONAL DE ABASTECIMENTO - CONAB, 2015). O agronegócio desta cultura contribui efetivamente para o desenvolvimento do país, sendo uma importante fonte de geração de empregos e renda. Em virtude da sua contribuição efetiva, houve uma ampla expansão nas áreas de plantio e muito investimento na difusão de tecnologias para melhorar a qualidade do produto final.

Esta grande expansão se deve, principalmente, ao melhoramento genético da espécie, visto que muitos esforços foram concentrados no aumento da produtividade, qualidade e a adaptação a diferentes condições edafoclimáticas de cultivo do país. Esses programas conduzidos em dezenas de países têm sido responsáveis por mudanças essenciais, usando, para tanto, de estratégias de hibridação e seleção diferenciadas. São eles que, atentos às novas demandas, lançam-se no exercício de construir os cenários de médio e longo prazo, equivalente ao seu ciclo de produção tecnológica.

Na fase final de um programa de melhoramento, especificamente na recomendação de cultivares, o conhecimento da interação genótipos x ambientes (GxA) é essencial, porque analisa a existência de desempenho diferencial de genótipos em diferentes ambientes (VERISSIMO et al., 2012). Os efeitos da interação genótipos x ambientes sobre a adaptabilidade e estabilidade são de grande importância, visto que cada genótipo possui uma capacidade inerente de responder às mudanças ambientais. Dentre as estratégias usadas para identificar cultivares com baixos níveis de interação genótipos x ambientes, está a seleção de genótipos com alta adaptabilidade e estabilidade (SCAPIM et al., 2010).

Em virtude da alta complexidade genética da cana-de-açúcar bem como a necessidade de vários cultivos em diferentes ambientes durante o processo seletivo, é imprescindível o estudo de adaptabilidade e estabilidade, uma vez que possibilita ao melhorista a identificação

de genótipos que respondem bem, não somente, em um ambiente particular, mas também sob diferentes condições ambientais (HOOGERHEIDE et al., 2007).

Diante da diversidade de modelos para estudo da interação Genótipos x Ambientes e da importância desse fenômeno para a cultura, neste trabalho foram utilizados os métodos de regressão bissegmentada, proposto por Cruz, Torres e Vencovsky (1989) e os métodos multivariados, AMMI e GGE biplot, com o objetivo de identificar clones de cana-de-açúcar produtivos, com boa estabilidade e adaptabilidade, considerando dois ciclos produtivos.

2 REVISÃO DE LITERATURA

2.1 Importância socioeconômica

O centro de origem da cana-de-açúcar *(Saccharum spp.)* ainda não está bem elucidado, havendo divergências na literatura quanto a este aspecto. Possivelmente, o surgimento do gênero *Saccharum* foi anterior à divisão dos continentes, o que dificulta definir a origem desta espécie. Assim, afirma-se que há dois centros de diversidade, o Velho Mundo (Ásia e África) e o Novo Mundo (América do Norte, Central e do Sul) (CHEAVEGATTI-GIANOTTO et al., 2011). A cana-de-açúcar foi produzida no Brasil, inicialmente, na Capitania Hereditária de São Vicente, expandiu-se pelos demais estados do Nordeste e no final do Século XIX, no Estado de São Paulo (MOZAMBANI et al., 2006).

A cultura da cana-de-açúcar apresenta grande importância no cenário agropecuário brasileiro. Isso ocorre em virtude do seu uso diversificado, podendo ser utilizada como matéria-prima para as agroindústrias do açúcar, etanol, aguardente, cachaça de alambique, bem como para a alimentação animal (forragem), açúcar mascavo, rapadura, melado e geração de energia, sendo assim uma importante fonte de geração de empregos e renda. Seus resíduos também possuem grande importância econômica, pois o vinhoto é transformado em adubo e o bagaço em combustível. Apesar da multiplicidade de uso da cana-de-açúcar, a quase totalidade da produção nacional é destinada para a produção de etanol e açúcar (DIAS, 2011).

A agricultura é responsável por gerar alimentos, fibra e energia. Contudo, a demanda mundial por energia e combustíveis renováveis cresceu muito nos últimos anos. Neste caminho, a biomassa é uma opção natural e viável para a sociedade, visto o potencial que a cana-de-açúcar possui como cultura bioenergética nas regiões tropicais e subtropicais do mundo. Ferramentas biotecnológicas para o melhoramento desta cultura estão avançando rapidamente com o intuito de produzir clones com menor teor de sacarose e maiores teores de fibras totais, conhecidos como cana-energia (SANTOS et al., 2012).

O Brasil é o maior produtor mundial de cana-de-açúcar, seguido pela Índia e China. O agronegócio desta cultura contribui efetivamente para o desenvolvimento do país. Em virtude da sua contribuição efetiva, houve uma ampla expansão nas áreas de plantio e muito investimento na difusão de tecnologias para melhorar a qualidade do produto final. A área cultivada no Brasil com cana-de-açúcar, que deverá ser colhida e destinada à atividade sucroalcooleira na safra 2015/16, é de 9.057,2 mil hectares. O estado de São Paulo é o maior produtor, com 51,3% da área total brasileira, seguido por Goiás, Minas Gerais, Mato Grosso do

Sul, Paraná, Alagoas, Pernambuco e Mato Grosso (CONAB, 2015).

A produção total de cana-de-açúcar destinada à indústria, estimada para a safra 2015/16, é de 663,11 milhões de toneladas com acréscimo de 4,5% em relação à safra 2014/15. A região Sudeste se destaca na produção desta cultura, concentrando 62,4% da produção do país, sendo que São Paulo é o maior estado produtor do Brasil, consequentemente, também o maior produtor potencial de açúcar e etanol com estimativa de 348,36 milhões de toneladas (CONAB, 2015). A importância da cana-de-açúcar no agronegócio brasileiro é indiscutível e, apesar do país apresentar destaque por toda tecnologia empregada nas diferentes fases da produção, a pesquisa científica ainda tem muito a contribuir para maximização do processo produtivo, desde a lavoura até a indústria (COSTA et al., 2007).

2.2. Melhoramento genético da cana-de-açúcar

A cana-de-açúcar é uma planta monocotiledônea e alógama, perene de reprodução sexuada que pode ser multiplicada assexuadamente por propagação vegetativa, quando cultivada comercialmente (CAIEIRO et al., 2010). Pertence à família Poaceae, tribo Andropogoneae e gênero *Saccharum*, com seis espécies conhecidas: *Saccharum officinarum* (2n = 80), *S. sinense* (2n = 81-124), *S. barberi* (2n = 111-120), *S. edule* (2n = 60-80), *S. spontaneum* (2n = 40-128) *e S. robustum (*2n= 60-205). Das seis espécies mencionadas, que hoje formam a base de melhoramento do gênero *Saccharum*, apenas duas são consideradas espécies selvagens: *S. spontaneum* e *S. robustum* (DANIELS; ROACH, 1987).

Segundo Borém, Silva e Diola (2010), o melhoramento genético da cultura da cana-de-açúcar é complexo, pois o nível de heterozigosidade desta espécie é alto e o número de cromossomos varia de 80 a 130. Além disso, trata-se de um genoma extremamente grande, o que dificulta a compreensão de sua arquitetura genética. Tal complexidade é mantida pela propagação vegetativa, comumente utilizada comercialmente para a obtenção de mudas em larga escala (ALMEIDA, 2010). Algumas cultivares modernas foram analisadas sob o ponto de vista citogenético. Além de poliploides e aneuploides, elas possuem origem multiespecífica e seu genoma é constituído por, pelo menos, 100 cromossomos (D'HONT, 2005).

As cultivares atuais de cana-de-açúcar são híbridos poliploides provenientes do cruzamento de diferentes espécies do gênero *Saccharum*. Os híbridos são resultantes de cruzamentos interespecíficos realizados na primeira metade do século XX entre *S. officinarum* e *S. spontaneum* e têm entre 100 a 130 cromossomos, sendo 80% oriundos de *S. officinarum*, 10% de *S. spontaneum* e 10% de recombinantes das duas espécies (PIPERIDIS et al., 2010).

O equilíbrio entre a sustentabilidade e produtividade da cana-de-açúcar ocorre por meio de novas cultivares adaptáveis às condições de cada região. Assim sendo, visando atender as características almejadas, diversos programas de melhoramento de cana-de-açúcar foram desenvolvidos. Esses programas conduzidos em dezenas de países têm sido responsáveis por mudança essencial, usando para tanto de estratégias de hibridação e seleção diferenciadas. São eles que, atentos às novas demandas, lançam-se no exercício de construir os cenários de médio e longo prazo, equivalente ao seu ciclo de produção tecnológica.

O principal objetivo de um programa de melhoramento de cana-de-açúcar é lançar novas cultivares que sejam mais rentáveis aos produtores, aumentando a produtividade e reduzindo as perdas econômicas por um intervalo de tempo maior. Outras características de importância agronômica, para um genótipo de cana-de-açúcar são a rápida brotação, soqueiras vigorosas e prolongadas, a tolerância à seca e ao frio, o porte ereto, a ausência de florescimento e estabilidade e adaptabilidades aos diferentes ambientes de cultivo.

Os primeiros programas de melhoramento surgiram no Brasil no início do século XX e as contribuições proporcionadas por estes durante esse século foram apresentadas por Matsuoka et al. (2005). Em 1913 surgiram as primeiras estações experimentais de melhoramento genético da cana-de-açúcar. A estação da Escada, em Pernambuco, estação experimental de Campos no Rio de Janeiro, na Bahia, Barreiros e Curado, em Recife. Em 1935 iniciaram-se as atividades no Instituto Agronômico de Campinas, em São Paulo.

Em 1968, foi iniciado o Programa de Melhoramento da Coopersucar, a partir da Cooperativa Central dos Produtores de Açúcar e Álcool do Estado de São Paulo. A Estação Experimental de cana-de-açúcar de Alagoas foi instalada e, em 1970, reuniu alguns órgãos locais de pesquisa e instituições de outros estados para fundar o Programa Nacional de Melhoramento da cana-de-açúcar (Planalsucar) (CESNIK; MIOCQUE, 2004). A meta deste programa foi a obtenção de cultivares com altos índices de produtividade e com resistência à pragas e doenças, para substituir as existentes no país.

Atualmente, os principais programas de melhoramento genético de cana-de-açúcar no Brasil são: Programa do Instituto Agronômico de Campinas–IAC; o do Centro de Tecnologia Canavieira–CTC; o das Universidades Federais que compõem a Rede Interuniversitária de Desenvolvimento do Setor Sucroalcooleiro–RIDESA.

Apesar de existirem diferenças nos detalhes sobre a condução das atividades dos programas de melhoramento no Brasil, há alguns pontos em comum. Em geral, no melhoramento da cana-de-açúcar desenvolvem-se as seguintes etapas: cruzamentos, produção de plântulas, seleção e obtenção dos clones, avaliação dos clones em diferentes condições

edafoclimáticas e lançamento da cultivar. Os cruzamentos constituem a fase inicial e são realizados em condições edafoclimáticas favoráveis, ou seja, nas estações de cruzamento das instituições, as quais situam-se na região Nordeste, onde são encontradas as condições de latitude, altitude, temperatura, umidade e luminosidade específicas para o florescimento natural da cultura e produção de sementes.

O planejamento de cruzamentos que envolvem a fase sexual de reprodução requer informações tais como distância genética, evidenciado por meio de técnicas multivariadas e, principalmente, usando marcadores moleculares que não são influenciados por variações ambientais e a herdabilidade no sentido restrito dos diferentes caracteres, para predizer ganhos com a seleção de genitores. Neste caso, considera-se apenas a variância aditiva, a qual permite prever quais características são mais fáceis de serem transmitidas à progênie. Sendo assim, a *performance* dos genitores pode ser utilizada para predizer a *performance* da geração seguinte (SOUZA; GARCIA; OLIVEIRA, 2010; DUTRA FILHO et al., 2013).

Em seguida, ocorrem os processos de seleção, que envolvem as fases denominadas T1, T2, T3, FE e FM, sendo a primeira, segunda e terceira fase de seleção, fase de experimentação final e fase de multiplicação clonal, respectivamente. Em T1, a seleção em cana soca é preferida por alguns programas de melhoramento, sob o argumento que, aparentemente, as diferenças entre os genótipos são mais evidentes neste estádio. Além disso, essa estratégia permitiria uma seleção natural para capacidade de rebrota. A avaliação e seleção consistem na observação individual de cada touceira, sendo que, nessa fase, apenas 1 a 1,5% dos genótipos são selecionados. A seleção individual na fase inicial do programa de melhoramento apresenta baixa eficiência quando comparada com as fases subsequentes de seleção. Este fato é decorrente dos baixos valores de herdabilidade apresentados por alguns caracteres, tais como altura, diâmetro e número de colmos. As melhores estratégias a serem consideradas nesta fase é a seleção massal, realizada com alta intensidade apenas para os caracteres de alta herdabilidade, como °Brix e resistência a doenças.

Segundo Arizono (1999), no processo de seleção visual os melhoristas devem estar bastante familiarizados com a cultura, caso contrário, a seleção dos genótipos superiores não será eficiente. Devido a esse fato, eles devem ser treinados a se concentrar apenas em caracteres com alta herdabilidade em etapas iniciais de seleção. No entanto, a seleção baseada em um ou poucos caracteres de alta herdabilidade pode causar o descarte de genótipos valiosos para outros caracteres.

Na fase T2, é empregado o delineamento em blocos aumentados, quando se utilizam testemunhas. Os clones selecionados na fase T1 cana soca são plantados constituindo a fase de

T2. Nesta fase, a seleção é feita em cana planta e levam-se em consideração os mesmos caracteres utilizados na fase anterior. A proporção de clones selecionados normalmente varia entre 10 e 30%.

A fase T3 consiste na multiplicação e avaliação dos clones selecionados em T2, quando já é analisado um número maior de características, como resistência a doenças (ALMEIDA, 2010). A seleção é feita com base nos mesmos caracteres das fases T1 e T2.

Posteriormente são realizadas as fases de multiplicação e experimentação. O objetivo nestas fases é continuar a seleção de clones e multiplicação em larga escala para realização dos ensaios atendendo aos princípios de experimentação, bem como o intercâmbio de clones entre as instituições. Na fase de experimentação os clones promissores são testados em vários locais e analisados em mais de um ciclo de cultivo. Paralelamente são realizados ensaios de competição, esta é a fase final de validação dos clones selecionados na fase de experimentação. Nesta, os experimentos são constituídos por clones promissores de vários anos de cruzamentos. Aqueles que sobressaem podem ir para a fase de multiplicação e lançamento no mercado.

2.3 Interação genótipo x ambiente

Na fase final de um programa de melhoramento, especificamente na recomendação de cultivares, o conhecimento da interação genótipos x ambientes (GxA) é essencial porque analisa a existência de desempenho diferencial de genótipos em diferentes ambientes (VERISSIMO et al., 2012). A interação genótipos x ambientes pode ser definida pela variação das respostas dos genótipos a diferentes ambientes. Ela também pode ser definida como a falta de uniformidade na resposta de dois ou mais grupos de plantas cultivadas em dois ou mais ambientes. Um grupo pode demonstrar o melhor crescimento em um ambiente, mas desenvolver-se mal em outro (QUIJADA, 1980).

De acordo com Eberhart e Russell (1966), ocorrência da interação G x A é um processo natural que faz parte da evolução das espécies e seus efeitos permitem o surgimento de genótipos estáveis e aptos a um ambiente específico, ou de desempenho geral, aptos a vários ambientes. Assim, a resposta diferencial dos genótipos frente às variações ambientais pode ser classificada em dois tipos: previsível e imprevisível. A primeira inclui todos os fatores permanentes do ambiente, como características gerais do clima e do tipo de solo e também as características do ambiente que variam de forma sistemática. Inclui ainda os aspectos do ambiente que são determinados pelo homem, como data de plantio, método de preparo do solo e colheita. A segunda inclui as flutuações variáveis do ambiente, como a distribuição de chuvas

e variações na temperatura (ALLARD; BRADSHAW, 1964).

Vencovsky e Barriga (1992) mencionam que não basta apenas detectar a presença de interações, deve-se também considerar a sua natureza. Segundo Pereira et al. (2010) pode-se observar três possíveis situações: ausência de interação, interação simples e interação complexa. A ausência de interação é caracterizada quando os genótipos apresentam desempenho concordante nos ambientes avaliados, ou seja, o efeito da mudança de ambiente é o mesmo em todos os genótipos do grupo estudado. A interação simples representa a resposta diferencial dos genótipos aos ambientes, sem causar mudanças na classificação dos genótipos entre os diferentes ambientes avaliados, não promovendo dificuldades no trabalho do melhorista. A interação complexa é caracterizada pela falta de correlação entre os genótipos em relação aos ambientes em que estes estão sendo avaliados (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2012). Essa condição é verificada quando ocorre uma alteração na ordem relativa de classificação dos genótipos. Esse tipo de interação reduz a eficiência de seleção e a precisão na indicação de cultivares. De acordo com Morais et al. (2008), neste tipo de interação, os genótipos devem ser selecionados de acordo com seu desempenho em cada ambiente isoladamente, sendo necessário o estabelecimento de zonas agrícolas. Além disso, não basta apenas quantificar o efeito da interação G x A sobre os caracteres que se deseja praticar a seleção, sendo necessário proceder as análises de adaptabilidade e estabilidade. Diante disso, são possíveis três estratégias diante da presença de interação: identificar cultivares específicas para cada ambiente; promover a estratificação em regiões cujos efeitos da interação sejam minimizados e identificar cultivares com maior adaptabilidade e estabilidade fenotípica (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2012). Identificando-se a interação G x A significativa, deve-se realizar análise de adaptabilidade e estabilidade dos genótipos, utilizando-se de uma das várias metodologias propostas e que seja mais adequada aos objetivos do programa de melhoramento.

2.4 Adaptabilidade e estabilidade em cana-de-açúcar

Em virtude da alta complexidade da cana-de-açúcar bem como a necessidade de vários cultivos em diferentes ambientes durante o processo seletivo, é imprescindível o estudo de adaptabilidade e estabilidade nesta cultura. Na literatura, há relatos acerca da dificuldade em definir os termos adaptabilidade e estabilidade. Os melhoristas estão de acordo sobre a importância da estabilidade da alta produtividade, mas divergem quanto a definição mais apropriada de estabilidade e quanto aos métodos para quantificá-la (BORÉM; MIRANDA,

2005).

Segundo Mariotti, Oyarzabal e Osa (1976), o termo adaptabilidade consiste na capacidade de os genótipos responderem vantajosamente à melhoria no ambiente, de forma a obter altos níveis de produtividade. A estabilidade de comportamento refere-se à sua capacidade de apresentar-se altamente previsível mesmo com as variações ambientais. Para Verma, Chahal e Murty (1978) a adaptabilidade consiste na capacidade de os genótipos apresentarem rendimentos elevados e constantes em ambientes desfavoráveis, mas com competência para responder à melhoria das condições ambientais.

Segundo Borém e Miranda (2005), há dois tipos de estabilidade: estabilidade estática ou biológica e estabilidade dinâmica ou agronômica. Na primeira categoria a cultivar apresenta comportamento constante, independente das variações ambientais e não apresenta qualquer desvio em relação a seu desempenho. Estatisticamente, sua variância em diferentes ambientes é zero. Já para a segunda categoria a cultivar responde à variação de ambiente de forma previsível, ou seja, somente os desvios relacionados com a reação geral do genótipo contribuem para instabilidade.

O estudo da adaptabilidade e estabilidade é uma maneira de avaliar este fenômeno, uma vez que possibilita ao melhorista a identificação de genótipos que respondem bem, não somente, em um ambiente particular, mas também sob diferentes condições ambientais (HOOGERHEIDE et al., 2007). Dessa forma, é imprescindível que os programas de melhoramento visem constantemente a exploração de genótipos de ampla adaptabilidade e alta estabilidade oferecendo ao setor produtivo cultivares que se sobressaiam num amplo espectro de ambientes e/ou adaptadas a condições específicas adversas ou extremamente favoráveis (FELIPE; DUARTE; CAMARANO, 2010).

Em virtude da grande importância dos estudos de adaptabilidade e estabilidade na cana-de-açúcar, diversos estudos são realizados acerca do tema visando a identificação de genótipos superiores para serem indicados às condições de cultivo específicas e/ou amplas que contribuam para o incremento de produtividade (SILVEIRA et al., 2012; BASTOS et al., 2007; SILVA 2008; FERNANDES JÚNIOR et al., 2013; VERISSIMO et al., 2012; DUTRA FILHO et al., 2013).

Há diversos métodos de análise de adaptabilidade e estabilidade para avaliação de um grupo de genótipos, testados numa série de ambientes contrastantes e que apresentem interação G X A. A escolha do método para análise depende dos dados experimentais, do número de ambientes disponíveis, da precisão requerida e tipo de informação desejada (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2012).

2.5 Metodologias para estudo de adaptabilidade e estabilidade

Os métodos propostos disponíveis para estudar a adaptabilidade e estabilidade fenotípica, baseiam-se nos seguintes procedimentos: a) variância da interação G x A Plaisted e Peterson (1959); Ecovalência de Wricke (1965); b) regressão linear simples Finlay e Wilkinson (1963), Eberhart e Russel (1966); c) regressão linear bissegmentada Verma, Chahal e Murty (1978); Silva e Barreto (1985), Cruz, Torres e Vencovsky (1989); d) regressão quadrática Brasil e Chaves (1994); e) modelos não lineares (Toler e Burrows, 1998); f) métodos não-paramétricos Huehn (1990), Lin e Binns (1988); g) métodos multivariados AMMI, de Zobel, Wright e Gauch (1988), GGE biplot (YAN et al., 2000). A metodologia AMMI, proposta por Zobel, Wright e Gauch (1988) integra a análise de variância dos efeitos aditivos principais de genótipos e ambientes com a análise de componentes principais do efeito multiplicativo da interação G X A. Esta permite uma análise mais detalhada da interação G x A, garante a seleção de genótipos, capitalizando suas interações positivas com os ambientes, propicia estimativas mais precisas das respostas genotípicas, além de possibilitar fácil interpretação gráfica dos resultados nos chamados biplots (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2012).

Pelo método AMMI, os gráficos denominados de biplot $AMMI_1$ apresentam o primeiro eixo de interação IPCA eixo 1. Entretanto são construídos em duas dimensões, utilizando-se o eixo das abcissas para representar os efeitos principais (médias de genótipos e ambientes) e as ordenadas para expressar os escores de genótipos e ambientes para o referido eixo da interação. A interpretação de um biplot quanto à interação é feita observando-se a magnitude e o sinal dos escores baixos, próximos de zero, são próprios de genótipos e ambientes que contribuíram pouco ou quase nada para a interação, caracterizando-os como estáveis (DUARTE; VENCOVSKY, 1999).

Verissimo et al. (2012) avaliaram a adaptabilidade e estabilidade de genótipos de cana-de-açúcar de maturação precoce, quanto à produtividade de colmos e de Brix, por meio da análise de efeitos principais aditivos e interações multiplicativas (AMMI). Os autores verificaram que os genótipos de cana-de-açúcar de maturação precoce apresentam interação com os ambientes de cultivo e que a análise AMMI proporcionou a visualização de ambientes similares e mais estáveis, principalmente por meio dos biplots AMMI2.

A metodologia proposta por Cruz, Torres e Vencovsky (1989) foi uma modificação no método de Verma, Chahal e Murty (1978) propondo uma simplificação nas estimativas dos parâmetros e nas somas de quadrados, e com propriedades estatísticas mais adequadas aos propósitos do melhoramento. Este método baseia-se na análise de regressão bissegmentada,

considerando, como parâmetros de adaptabilidade, a média e a resposta linear aos ambientes favoráveis e desfavoráveis. A estabilidade dos genótipos é avaliada pelos desvios da regressão de cada cultivar e pelo valor do coeficiente de determinação, em função das variações ambientais. Este método tem sido um dos mais utilizados, devido apresentar ausência de correlação entre as estimativas dos parâmetros que avaliam a adaptabilidade dos genótipos. Entretanto, apresentam algumas restrições estatísticas. A mais mencionada relaciona-se com a variável independente, representada pelo índice ambiental. Essa variável que mensura a qualidade do ambiente é estimada com os próprios dados dos genótipos (SILVEIRA, 2011).

A metodologia denominada GGE biplot (genótipo + interação genótipo x ambiente), busca agrupar o efeito de genótipo, efeito aditivo da análise AMMI, com a interação, efeito multiplicativo e submeter estes efeitos as análises de componentes principais, chamada de "s*ites regression*" ou SREG como sugerido por Crossa e Cornelius (1997). Conforme descrito por Yan et al. (2000), seu SREG é um modelo multiplicativo de regressão para locais ou sítios e seu biplot é chamado de GGE biplot. Esta técnica integra a análise de variância com componentes principais e demonstra eficiência superior na explicação da maior proporção da soma de quadrados da interação, quando comparada com a análise de variância e regressão conjunta (YAN et al., 2000).

A principal vantagem dessa técnica em relação à análise AMMI está no fato de que o método GGE biplot explica sempre uma porção intermediária da soma de quadrados de genótipos mais a interação, em relação aos modelos AMMI1 e AMMI2. Outra vantagem do GGE biplot em relação ao AMMI1 é que, neste, os eixos estão em unidades diferentes (abscissa – produtividade média e ordenada IPCA1). A *performance* média do genótipo em dado ambiente não pode ser visualizada com precisão. No gráfico GGE biplot, ambos os eixos estão na mesma escala. Portanto, o gráfico GGE biplot mostra não só a *performance* média e a estabilidade de cada genótipo, mas também a *performance* relativa de cada genótipo em cada ambiente (YAN et al., 2007).

No gráfico GGE biplot, o genótipo ideal deve ter alto valor de CP1 (alta média de produtividade) e próximo de zero para o CP2 (mais estável). O ambiente de teste ideal é aquele com alto valor para CP1 (maior poder de discriminação de genótipos) e próximo de zero para o CP2 (mais representativo da média ambiental geral). Assim, pode-se afirmar que o primeiro componente principal representa a produtividade e, o segundo componente principal, a estabilidade.

Mattos et al. (2013) avaliaram genótipos de cana-de-açúcar, considerando toneladas de pol por hectare (TPH), estratificando cinco ambientes de produção no Paraná, via GGE Biplot

e AMMI. O GGE biplot agrupou os locais em dois mega-ambientes e apresentou quais genótipos estiveram entre os melhores para cada um destes, facilitando a seleção dos genótipos superiores. Ambos os modelos, mostraram que os genótipos mais produtivos em TPH, foram: RB006970, RB855156 e RB855453 e que o ambiente São Pedro do Ivaí apresentou maior interação G X A. Ambas metodologias apresentaram elevadas porcentagem de explicação das somas de quadrados.

3. MATERIAL E MÉTODOS

3.1 Descrição dos locais, época de plantio e colheita

O plantio em todos os ambientes foi realizado em abril de 2013 e o período de condução dos experimentos se deu em dois anos, correspondendo respectivamente aos ciclos de cana-planta e cana-soca. Foram utilizados dados de cana-planta (primeiro corte) e cana-soca (segundo corte), colhidos mecanicamente em julho de 2014 e julho de 2015, em 14 locais (municípios) totalizando 24 ambientes (combinações local x corte). As combinações local x corte, totalizariam 28 ambientes, porém 4 ambientes foram perdidos, um em cana-soca e três em cana-planta.

Na Tabela 1 estão apresentados os 14 locais e os 24 ambientes onde foram instalados os experimentos, além das coordenadas geográficas (latitude e longitude) e da altitude. Na Figura 1 é possível verificar a distribuição espacial dos municípios onde foram conduzidos os experimentos.

Tabela 1 – Localização e identificação dos 24 ambientes e dados geográficos dos experimentos de clones de cana-de-açúcar.

Municípios	1° Corte (cana- planta)	2º Corte (cana-soca)	Latitude (S)	Longitude (W)	Altitude (m)
Novo Horizonte – SP	A1	A12	21°29’56,80”	49°14’15,80”	440
Santa Albertina – SP	A2	A13	20°09’38,84”	50°32’51,26”	410
Piracicaba – SP	A3	A14	22°50’46,70”	47°28’46,40”	620
Palestina – SP	A4	A15	20°13’36,40”	49°40’20,73”	465
Barra Bonita – SP	A5	A18	22°20’38,58”	48°18’16,27”	510
Andradina – SP	A6	A19	20°42’46,65”	51°15’23,96”	335
Ivaté – PR	A7	A20	23°22’34,96”	53°26’48,61”	400
Mandaguaçu – PR	A9	A22	23°19’41,38”	52°08’30,31”	550
Conchal – SP	A10	A23	22°22’18,20”	47°10’37,69”	660
Araçatuba – SP	A11	A24	21°06’22,54”	50°28’32,36”	375
Maringá – PR	A8	-	23°24’51,55”	52°04’57,27”	545
Pederneiras – SP	-	A16	22°13’14,10”	48°49’53,30”	524
Lins – SP	-	A17	21°37’17,18”	49°54’54,11”	450
Colorado – PR	-	A21	22°53’26,72”	51°56’21,32”	410

Fonte: Elaboração do próprio autor

Figura 1 - Distribuição dos locais (municípios) onde foram conduzidos os experimentos

Fonte: Elaboração do próprio autor

3.2 Clones e testemunhas avaliados

Foram avaliados 25 clones precoces experimentais, identificados como G1, G2, G3, G4, G5, G6, G7, G8, G9, G15, G16, G17, G18, G19, G20, G21, G22, G23, G24, G25, G26, G27, G28, G29 e G30 e mais 5 testemunhas precoces (clones elites), ainda não comerciais, identificadas respectivamente G10, G11, G12, G13 e G14.

3.3 Delineamento experimental

O delineamento experimental utilizado foi em blocos ao acaso com três repetições, constituídas de parcelas de 4 linhas de dez metros de comprimento, espaçados de 1,5 m, totalizando uma área de 60 m^2 para cada parcela.

3.4 Caracteres mensurados

Em cada corte foram avaliados foram avaliados os seguintes caracteres:

a) Toneladas de colmos por hectare (TCH): Obtido pela massa total dos colmos da parcela na época de maturação, em kg/parcela e convertido para t/ha. As pesagens das parcelas foram realizadas mecanicamente;

b) Toneladas de Pol por hectare (TPH): Rendimento de açúcar por hectare; obtido pelo produto $\frac{\text{TCH x PC}}{100}$, em que PC é o Pol da cana.

3.5 Análises realizadas

3.5.1 Análises de variância

Inicialmente, foram realizadas as análises de variância individuais para cada um dos 24 ambientes, considerando-se os 30 clones de cana-de-açúcar, para os caracteres TCH e TPH. Tais análises destinaram-se à verificação da existência de variabilidade genética entre os tratamentos (clones), à obtenção das estimativas dos erros experimentais, visando testar a homogeneidade de variâncias (RAMALHO; FERREIRA; OLIVEIRA, 2012) e a precisão dos experimentos. O modelo das análises individuais para cada caráter foi o de blocos ao acaso, de acordo com o modelo:

$$Y_{ik} = m + g_i + b_k + \varepsilon_{ik}$$

em que:

- Y_{ik}*:* valor observado do i-ésimo clone no k-ésimo bloco;
- m*:* média geral para todos os clones;
- $g_{i.}$ efeito fixo do clone i;
- b_k *:* efeito do bloco k;
- ε_{ik}*:* erro aleatório associado à observação Y_{ik}

Realizou-se análise conjunta de variância para os clones reunindo os locais e cortes, tendo como principal objetivo determinar possíveis interações de clones com ambientes, de acordo com o seguinte modelo estatístico:

$$Y_{ijk} = m + G_i + (B/A)_{jk} + A_j + GA_{ij} + \varepsilon_{ijk}$$

onde:

- Y_{ijk}: observação do i-ésimo clone no j-ésimo ambiente no k-ésimo bloco;
- m: média geral para todos os clones em todos os ambientes;
- G_i: efeito fixo do i-ésimo clone;
- $(B/A)_{jk}$: efeito do k-ésimo bloco dentro do ambiente j;
- A_j: efeito do j-ésimo ambiente;
- GA_{ij}: efeito da interação entre o i-ésimo clone e o j-ésimo ambiente;
- ε_{ijk}: erro aleatório experimental médio associado à observação Y_{ijk}

3.5.2 Análises de adaptabilidade e estabilidade fenotípica

3.5.2.1 Análise pelo método de Cruz, Torres e Vencovsky (1989)

O método proposto por Cruz, Torres e Vencovsky (1989), baseia-se na análise de regressão bissegmentada, considerando como parâmetros de adaptabilidade a média (β_0) e a resposta linear aos ambientes favoráveis ($\beta_{1i} + \beta_{2i}$) e desfavoráveis (β_{1i}). A estabilidade dos genótipos é avaliada pela variância dos desvios da regressão (σ_δ^2) de cada genótipo e pelo valor do coeficiente de determinação (R^2), em função das variações ambientais. O modelo segue a seguinte equação:

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

onde:

- $Y_{ij.}$ média do i-ésimo genótipo no j-ésimo ambiente ($j = 1,2,3 \ldots n$);
- β_{0i}: média geral do i-ésimo genótipo;
- β_{1i}: coeficiente de regressão linear associado aos ambientes desfavoráveis;
- $\beta_{1i} + \beta_{2i}$: coeficiente da regressão linear associado aos ambientes favoráveis, ($i = 1,2,3 \ldots n$);
- I_j: índice ambiental $\left(\sum_j^i Ij = 0\right)$, sendo: $I_j = \frac{\sum_i Y_{ij}}{p} - \frac{\sum ij\, Y_{ij}}{pn}$;
- $T(I_j) = 0 \; se \; I_j < 0$;
- $T(I_j) = I_j - \bar{I}_+ \; se \; I_j > 0$;

Sendo: $\bar{I}_+$ a média dos índices I_j positivos.

– σ_δ^2 : variância dos desvios da regressão para cada clone.

A análise de regressão bissegmentada foi realizada com auxílio do Software GENES, desenvolvido pela Universidade Federal de Viçosa (CRUZ, 2001).

3.5.2.2 Análise pelo método AMMI

Nessa análise foram considerados os efeitos de genótipos e ambientes como fixos e o modelo segundo a equação:

$$Y_{ij} = \mu + g_i + a_j + \sum_{k=1}^{n} \lambda_k \gamma_{ik} \alpha_{jk} + \rho_{ij} + \bar{\varepsilon}_{ij}$$

em que:

– Y_{ij}: é a resposta média do i-ésimo genótipo (i = 1,2, ... ,G genótipos) no j-ésimo ambiente (j = 1,2, ... , A ambientes);
– m: média geral dos ensaios;
– g_i: o efeito do i-ésimo genótipo;
– a_j: o efeito do j-ésimo ambiente;
– λ_k: o k-ésimo valor singular (escalar) da matriz de interação original (denotada por GxA);
– γ_{ik}: o elemento correspondente ao i-ésimo genótipo no k-ésimo vetor singular coluna da matriz GA;
– α_{jk}: o elemento correspondente ao j-ésimo ambiente no k-ésimo vetor singular linha da matriz GA;
– ρ_{ij}: o ruído associado ao termo $(ga)_{ij}$ da interação clássica do genótipo i com o ambiente j;
– $\bar{\varepsilon}_{ij}$: erro experimental médio.

Na análise AMMI o termo $(ga)_{ij}$ de um modelo de análise tradicional foi modelado por:

$$\sum_{k=1}^{n} \lambda_k \gamma_{ik} \alpha_{jk} + \rho_{ij}$$

sendo: $\rho_{ij} = \sum_{k=1}^{n} \lambda_k \gamma_{ik} \alpha_{jk}$, em que p é o posto da matriz GA.

Os termos λ_k, γ_{ik} e α_{jk} resultam da chamada decomposição por valores singulares (DVS) da matriz de interação clássica $GA_{(gxa)} = \left[(\hat{g}a)_{ij}\right]$ em que :

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

onde:

– Y_{ij}: média do i-ésimo genótipo no j-ésimo ambiente;

– $\bar{Y}_{i.}$: é a média do i-ésimo genótipo;

– $\bar{Y}_{.j}$: é a média do j-ésimo ambiente;

– $\bar{Y}_{..}$: é a média geral dos ensaios.

A obtenção da Decomposição em Valores Singulares (DVS) de uma matriz, nesse tipo de aplicação, é descrita por Duarte e Vencovsky (1999). Para esses autores, no modelo AMMI o efeito da interação do genótipo i com o ambiente j é descrito como uma soma de "n" parcelas, cada uma resultante da multiplicação de λ_k, expresso na mesma unidade de Y_{ij}, por efeitos de escala (adimensionais) genotípica (γ_{ik}) e ambiental (α_{jk}). O termo λ_k traz uma informação relativa à variação resultante da interação G X A , na k-ésima dessas parcelas. Como numa análise de componentes principais (ACP), essas sucessivas parcelas captam porções cada vez menores da variação presente na matriz GA ($\lambda_1^2 \geq \lambda_2^2 \geq, \ldots, \lambda_p^2$) isto é a SQ_{GxA} tradicional. Assim, a análise busca recuperar uma parcela determinística da matriz denominada padrão, descartando-se a outra, denominada ruído (ρ_{ij}).

Para a definição do número de eixos a serem retidos, a fim de explicar o padrão relacionado à interação, foram adotados os critérios propostos por Gauch e Zobel (1996), levando em consideração a proporção da soma de quadrados da interação (SQ_{GxA}) acumulada até o n-ésimo eixo. Dessa forma, o ponto de parada que determina a seleção do modelo de cada membro da família de modelos AMMI ($AMMI_0$, $AMMI_1$,..., $AMMI_n$) foi obtido com base na significância dos testes F de Gollob (1968), para os sucessivos termos da interação incluídos no modelo definido por Gollob (1968).

A interpretação da adaptabilidade e estabilidade dos genótipos e ambientes, ou seja, as suas coordenadas nos eixos principais de interação (IPCA) foi feita com base na análise gráfica em biplot, gráfico que contém duas categorias de pontos ou marcadores; no caso, um referindo-se à genótipos e outro a ambientes. Procedeu-se a interpretação gráfica em biplot com base na variação dos efeitos principais aditivos de genótipos e ambientes e do efeito multiplicativo da interação GxA e, posteriormente, a interpretação com base apenas no efeito multiplicativo da

interação GxA. A análise AMMI foi realizada com o auxílio do programa SAS 9.2 (SAS Institute, 2009).

3.5.2.3 Análise pelo método GGE Biplot

A análise multivariada GGE Biplot foi fundamentada na informação de médias fenotípicas, considerando o seguinte modelo:

$$\bar{Y}_{ij} - m = G_i + E_j + GE_{ij},$$

em que:

– $\bar{Y}_{ij}$ representa a média fenotípica do genótipo i no ambiente j;

– m: média geral;

– G_i: efeito do genótipo i;

– E_j: efeito do ambiente j; e

– GE_{ij}: efeito da interação entre o genótipo i e o ambiente j.

O modelo GGE Biplot não separa o efeito de genótipo (G) do efeito da interação genótipos x ambientes (GE), mantendo-os juntos em dois termos multiplicativos, representados na equação:

$$Y_{ij} - m - \beta_j = g_{1i}e_{1j} + g_{i2}e_{2j} + \varepsilon_{ij},$$

em que:

– Y_{ij}: desempenho esperado do genótipo i no ambiente j;

– m: média geral das observações;

– β_j: efeito principal do ambiente j;

– g_{1i} e e_{1j}: escores principais para o i-ésimo genótipo no j-ésimo ambiente, respectivamente;

– g_{i2} e e_{2j}: escores secundários para o i-ésimo genótipo no j-ésimo ambiente, respectivamente;

– ε_{ij}: resíduo não explicado por ambos os efeitos (“ruído”).

Assim, a construção do gráfico Biplot no modelo GGE é realizada por meio da dispersão simples de g_{1i} e g_{i2} para genótipos e e_{1j} e e_{2j} para ambientes, por meio da DVS, conforme a equação:

$$Y_{ij} - m - \beta_j = \lambda_1\xi_{i1}\eta_{1j} + \lambda_2\xi_{i2}\eta_{2j} + \varepsilon_{ij},$$

Em que λ_1 e λ_2 são os maiores autovalores do primeiro e segundo componentes principais ACP1 e ACP2, respectivamente; ξ_{i1} e ξ_{i2} são os autovetores do i-ésimo genótipo para ACP1 e ACP2, respectivamente; e η_{1j} e η_{2j} são os autovetores do j-ésimo ambiente para ACP1 e ACP2, respectivamente. A análise GGE Biplot foi realizada com auxílio do software R (R DEVELOPMENT CORE TEAM, 2014).

4. RESULTADOS E DISCUSSÃO

4.1 Análises de variância

Observou-se efeito significativo para clone na maioria dos ambientes avaliados, indicando a presença de variabilidade entre os clones, possibilitando a seleção dos superiores (Tabela 2 e 3). Nos ambientes A9 e A11, para a variável TCH, e os ambientes A9, A11 e A14 para a variável TPH, o efeito de clones foi não significativo, indicando variação na expressão dos genes para a produção de colmos e pol em relação aos outros ambientes. Essa é uma indicação inicial da presença de interação GXA.

Tabela 2. Quadrados médios das análises de variâncias individuais, médias e coeficientes de variação (CV) obtidos para a variável tonelada de colmos por hectare (TCH) de 30 clones de cana-de-açúcar avaliados em 24 ambientes.

AMBIENTE	Média (t/ha)	QM (Clone)	QM (Resíduo)	CV%
1	109,78	362,05**	120,06	9,98
2	86,59	290,96**	45,15	7,76
3	85,45	236,64**	153,24	14,49
4	115,18	791,56**	199,37	12,26
5	93,83	208,26**	134,09	12,34
6	63,67	341,24**	67,11	12,87
7	104,20	820,59**	295,49	16,50
8	76,57	262,87**	130,27	14,91
9	85,16	201,60	220,99	17,46
10	92,00	862,04**	67,78	8,95
11	71,43	135,03	112,86	14,87
12	112,35	384,74**	98,16	8,82
13	100,01	605,25**	133,17	11,54
14	105,40	304,85*	286,24	16,05
15	103,18	379,81**	201,37	13,75
16	81,62	286,82**	82,58	11,13
17	109,22	784,13*	186,23	12,49
18	97,79	271,68**	76,84	8,96
19	66,14	378,74**	78,35	13,38
20	93,19	532,70**	278,75	17,92
21	100,13	793,84**	132,87	11,51
22	72,08	376,79**	98,40	13,76
23	96,64	491,01**	58,07	7,89
24	87,16	519,15**	97,18	11,31
GL	-	29	58	

QM: quadrado médio; GL: graus de liberdade; **, *: significativo a 1% e significativo a 5% de probabilidade, respectivamente, pelo teste F. Fonte: Dados da pesquisa.

Observou-se que os coeficientes de variação ambiental (CV%), variaram de 7,76 a 17,92% para TCH e de 7,95 a 18,49%, indicando, de modo geral, boa precisão na condução dos experimentos, uma vez que a magnitude deste parâmetro foi inferior a 20% em todos os ambientes avaliados. Deste modo, pode-se afirmar que o delineamento experimental utilizado favoreceu a redução de efeitos não controláveis.

Tabela 3. Quadrados médios das análises de variâncias individuais, médias e coeficientes de variação (CV) obtidos para a variável tonelada de pol por hectare (TPH) de 30 clones de cana-de-açúcar avaliados em 24 ambientes.

AMBIENTE	Média (t/ha)	QM (Clone)	QM (Resíduo)	CV%
1	13,771	8,526**	2,479	11,43
2	10,970	5,934**	0,761	7,95
3	10,344	6,505**	2,056	13,86
4	14,471	13,031**	3,595	13,10
5	11,668	6,281**	2,464	13,45
6	8,578	6,507**	1,404	13,81
7	12,992	12,242**	4,425	16,19
8	9,694	4,832**	2,118	15,01
9	9,710	2,887	2,975	17,76
10	13,081	23,121**	2,090	11,05
11	8,893	2,234	1,845	15,27
12	16,113	10,787**	3,106	10,93
13	13,708	11,110**	2,997	12,63
14	13,482	5,400	4,607	15,92
15	13,143	7,953**	3,871	14,97
16	11,192	6,411**	1,808	12,01
17	15,203	14,201**	4,805	14,41
18	12,081	5,941**	1,240	9,21
19	9,341	7,410**	1,804	14,37
20	12,039	8,792*	4,956	18,49
21	13,428	13,834**	2,209	11,07
22	9,577	6,504**	1,677	13,52
23	12,543	9,745**	1,406	9,45
24	11,501	8,103**	2,106	12,61
GL	-	29	58	

QM: quadrado médio; GL: graus de liberdade; **, *: significativo a 1% e significativo a 5% de probabilidade, respectivamente, pelo teste F. Fonte: Dados da pesquisa.

Na análise conjunta (Tabela 4), houve efeito significativo para TCH e TPH para as fontes de variação Genótipo, Ambiente e Genótipo x Ambiente. O efeito significativo para a fonte de variação genótipo indica a presença de variabilidade dentro do grupo avaliado, o que permite identificar clones superiores. O efeito significativo para ambiente demonstra que os experimentos foram conduzidos sob condições edafoclimáticas divergentes, o que é de interesse quando se deseja estudar os efeitos da interação genótipo com ambientes, bem como avaliar a estabilidade fenotípica dos genótipos (Tabela 4).

Tabela 4. Análise de variância conjunta para as variáveis tonelada de colmo por hectare e tonelada de pol por hectare, avaliados em trinta clones de cana-de-açúcar em 24 ambientes.

FV	GL	TCH	TPH
Bloco/Ambiente	48	396,8197	7,2108
Genótipo (G)	29	3720,1771**	67,7734**
Ambiente (A)	23	19511,6502**	379,6004**
Genótipo x Ambiente (G x A)	667	300,0944**	6,1094**
Resíduo	1392	139,7750	2,6169
CV%	-	12,80	13,50
Média (t/ha)	-	92,03	11,98

**: significativo a 1% de probabilidade, pelo teste F. Fonte: Dados da pesquisa.

A significância da interação Genótipo x Ambiente (P<0,01) para ambas variáveis, indica que os efeitos dos fatores genótipos e ambientes, separadamente, não explicaram toda a variação encontrada na produção de TCH e TPH e que ocorre um desempenho diferencial dos clones nos ambientes avaliados. Portanto, o estudo mais detalhado dessa interação se faz necessário, de modo que ela possa ser controlada ou interpretada e não interfira negativamente na recomendação dos genótipos superiores. Isto justifica a necessidade de se levar em conta a estabilidade e a adaptabilidade para seleção e recomendação dos clones precoces promissores de cana-de-açúcar.

Observa-se que os coeficientes de variação ambiental (CV), de modo geral, indicaram boa precisão na condução do experimento para todos os caracteres avaliados, uma vez que a magnitude deste parâmetro variou de 12,80 a 13,50%. Deste modo, pode-se afirmar que o delineamento experimental utilizado favoreceu a redução de efeitos não controláveis, também na análise conjunta.

4.2 Análises de adaptabilidade e estabilidade fenotípica

4.2.1 Análise pelo método Cruz, Torres e Vencovsky (1989)

Baseia-se na análise de regressão bissegmentada, possuindo como parâmetros de adaptabilidade a média (β_0), a resposta linear aos ambientes desfavoráveis (β_1), e a resposta linear aos ambientes favoráveis ($\beta_1+\beta_2$). A estabilidade é avaliada pelo desvio da regressão de cada cultivar em função das variações ambientais.

Observa-se que para TCH e TPH, nenhum genótipo apresentou o desempenho ideal preconizado pelo método de Cruz, Torres e Vencovsky (1989), ou seja, média alta, baixa sensibilidade a ambientes desfavoráveis ($\beta_1<1$), responsividade à melhoria ambiental ($\beta_1+\beta_2>1$) e alta previsibilidade (desvios de regressão não significativos) e $R^2 > 80\%$ (Tabelas 5 e 6). Assim, a recomendação de genótipos por este método deverá ser específica para ambientes favoráveis e desfavoráveis.

Tabela 5. Média geral (β_0), médias em ambientes desfavoráveis (MD), médias em ambientes favoráveis (MF), parâmetro de adaptabilidade (β_1), responsividade ($\beta_1+\beta_2$), variância do desvio da regressão (σ^2_δ) e coeficiente de determinação (R^2) referentes à tonelada de colmos por hectares (TCH), estimados por meio do método de Cruz, Torres e Vencovsky (1989), em 30 clones de cana-de-açúcar avaliados em 24 ambientes.

Genótipo	ß$_0$	MD	MF	ß$_1$ (1)	ß$_2$ (1)	ß$_1$ + ß$_2$(1)	σ^2_δ(2)	R^2
1	96,37	84,78	106,18	0,84	0,45	1,29	268,80*	68,56
2	88,10	74,45	99,65	1,12	-0,07	1,05	132,82	86,89
3	78,45	67,61	87,63	0,76*	0,23	1,00	296,19*	60,38
4	83,56	68,44	96,36	1,20*	0,09	1,29	327,97*	76,00
5	100,13	86,20	111,92	1,01	-0,16	0,85	309,67*	69,18
6	95,15	82,75	105,64	0,98	0,05	1,02	215,65*	76,10
7	96,51	86,07	105,34	0,81	0,37	1,19	273,89*	66,12
8	95,07	83,22	105,10	0,93	-0,22	0,70	224,25*	72,08
9	94,27	82,91	103,88	0,94	0,88*	1,82*	289,62*	74,22
10	90,09	74,99	102,86	1,15	0,20	1,34	292,45*	76,99
11	88,89	77,68	98,38	0,98	-1,06*	-0,08*	382,68*	61,41
12	102,96	88,94	114,83	1,06	0,44	1,50	132,74	87,10
13	111,85	90,23	130,15	1,64*	-0,56	1,08	469,59*	79,12
14	91,54	81,30	100,20	0,81	0,02	0,83	123,71	79,26
15	82,22	71,15	91,58	0,82	0,07	0,89	229,50*	67,91
16	94,73	80,45	106,82	1,06	0,34	1,40	213,00	80,45
17	88,66	77,05	98,48	0,86	-0,11	0,75	327,16*	61,04
18	91,12	71,49	107,73	1,48*	-0,51	0,97	567,76*	72,01
19	96,31	80,00	110,12	1,29*	-0,32	0,97	168,06	87,01
20	88,79	73,73	101,54	1,18	-0,08	1,10	183,93	84,15
21	98,07	84,34	109,69	1,05	-0,08	0,97	128,52	85,72
22	88,81	75,86	99,77	0,91	-0,26	0,65	178,99	75,77
23	86,85	75,23	96,68	0,88	-0,71*	0,17*	331,83*	59,32
24	96,95	85,12	106,97	0,96	0,34	1,30	338,99*	68,21
25	85,73	69,98	99,06	1,13	-0,50	0,63	105,88	88,75
26	86,09	78,57	92,45	0,71*	-0,32	0,39*	298,44*	52,57
27	98,72	85,29	110,07	1,03	-0,21	0,82	151,14	82,75
28	88,77	74,87	100,54	0,98	0,81*	1,79*	156,70	84,80
29	97,25	83,88	108,56	0,93	0,54	1,46	446,81*	61,67
30	78,91	70,38	86,13	0,50*	0,36	0,86	631,14*	25,75
Média geral	92,03	78,90	103,14	-	-	-	-	-

**,*, : significativo a 1% e significativo a 5% de probabilidade, respectivamente. (1), (2): significância pelo teste t e significância pelo teste F, respectivamente. Fonte: Dados da pesquisa.

Deste modo, foram considerados como genótipos com potencial de recomendação os que evidenciaram produtividade média superior à média geral dos ambientes (β_0), nos ambientes desfavoráveis (MD) e nos ambientes favoráveis (MF), bem como baixa sensibilidade a ambientes desfavoráveis ($\beta_1<1$), responsividade à melhoria ambiental ($\beta_1+\beta_2>1$), além do máximo de previsibilidade (estabilidade) desvios da regressão (σ^2_δ) não significativos e/ou R^2 > 0,80. Pode-se observar que alguns genótipos apresentaram desempenho satisfatório em uma ou em outra condição.

A ausência de genótipo ideal pelo método de Cruz, Torres e Vencovsky (1989) coincide com outros trabalhos em diferentes culturas: milho (GARBUGLIO et al., 2007), trigo (ALBRECHT et al., 2007), feijão-caupi (DOMINGUES et al., 2013) e cana-de-açúcar (FERNANDES JÚNIOR et al., 2013). A dificuldade de identificação de cultivares ideais para o cultivo, pelo método de Cruz, Torres e Vencovsky (1989), pode ser atribuída à correlação positiva existente entre o β_{1i} e o $\beta_{1i} + \beta_{2i}$ (MIRANDA et al., 1998).

Tabela 6. Média geral (β_0), média em ambientes desfavoráveis (MD), média em ambientes favoráveis (MF), parâmetro de adaptabilidade (β_1), responsividade ($\beta_1+\beta_2$), variância do desvio da regressão (σ^2_δ) e coeficiente de determinação (R^2) referentes à tonelada de pol (TPH) por hectares, estimados por meio do método de Cruz, Torres e Vencovsky (1989), em 30 clones de cana-de-açúcar avaliados em 24 ambientes.

Genótipo	ß$_0$	MD	MF	ß$_1$ $^{(1)}$	ß$_2$$^{(1)}$	ß$_1$ + ß$_2$$^{(1)}$	σ^2_δ $^{(2)}$	R^2
1	12,19	10,33	13,76	0,90	-0,07	0,83	4,89**	68,96
2	11,94	9,90	13,67	1,12	0,04	1,17	2,60	87,22
3	9,80	8,28	11,09	0,73**	0,14	0,87	7,60**	50,69
4	11,38	9,11	13,30	1,20	-0,24	0,96	6,85**	73,12
5	12,17	10,48	13,59	0,88	-0,28	0,61	8,26**	54,22
6	11,53	9,87	12,94	0,93	0,27	1,20	5,60**	70,31
7	12,84	11,06	14,34	0,91	0,36	1,27	4,89**	73,01
8	12,66	10,96	14,09	0,91	-0,15	0,77	4,04	73,17
9	12,72	10,96	14,22	1,02	0,93*	1,95**	4,41*	82,57
10	11,72	9,42	13,66	1,17	0,04	1,20	5,96**	76,15
11	12,33	10,62	13,78	1,01	-0,63*	0,38**	9,67**	55,67
12	14,04	12,08	15,70	1,08	0,18	1,26	2,70	86,41
13	13,91	11,07	16,31	1,57**	-0,28	1,29	8,48**	79,30
14	12,08	10,37	13,52	0,93	-0,42	0,51*	3,73	73,85
15	10,53	9,12	11,73	0,77*	0,32	1,09	4,84*	66,32
16	12,45	10,65	13,97	1,01	0,40	1,40	3,27	83,30
17	11,12	9,67	12,35	0,80*	-0,01	0,78	5,52**	61,33
18	11,56	8,77	13,93	1,45**	-0,64*	0,82	11,39**	69,38
19	12,89	10,74	14,71	1,24*	-0,32	0,92	4,12*	82,69
20	11,53	9,41	13,33	1,16	0,02	1,17	4,40*	80,91
21	12,90	11,03	14,48	1,02	-0,39	0,63	2,85	81,90
22	11,23	9,44	12,73	0,89	0,16	1,06	4,22*	73,73
23	11,20	9,48	12,66	0,90	-0,62*	0,28**	7,33**	56,54
24	12,36	10,50	13,94	1,08	-0,30	0,78	4,59*	76,51
25	11,88	9,69	13,74	1,20	-0,45	0,75	2,36	88,32
26	11,28	10,09	12,28	0,69**	-0,12	0,57	7,58**	45,48
27	12,82	10,69	14,62	1,10	-0,28	0,82	2,19	87,72
28	11,50	9,48	13,21	1,06	0,33	1,40	2,85	86,10
29	12,74	11,17	14,07	0,91	0,90**	1,81**	8,64**	66,64
30	10,10	9,56	10,55	0,36**	1,09**	1,45*	10,32**	38,25
Média Geral	11,98	10,13	13,54	-	-	-	-	-

**,*, : significativo a 1% e significativo a 5%, respectivamente. (1), (2): significância pelo teste t e significância pelo teste F, respectivamente. Fonte: Dados da pesquisa.

Para a maioria dos genótipos tanto para TCH quanto TPH os parâmetros de adaptabilidade β_1 e $\beta_1+\beta_2$ foram não significativos, demonstrando que grande parte desses genótipos apresentaram resposta linear simples não desviando da resposta média dos ambientes, ou seja, aumentam a produtividade concomitantemente ao índice ambiental, como ocorrido para os clones G1, G2, G5, G14 e G29 para TCH e os clones G1, G2, G4, G5 e G6 entre outros.

Para TCH e TPH os clones G13, G18 e G19 apresentaram β_{1i} significativos e maiores do que 1, indicando que esses estes apresentam alta sensibilidade a ambientes desfavoráveis. Esse resultado pode ser ratificado pelas médias encontradas para ambos os clones, pois estes estão entre os mais produtivos nos ambientes favoráveis e entre os menos produtivos nos ambientes desfavoráveis. Entretanto o clone G13, para as duas variáveis, mostrou-se altamente produtivo tanto nos ambientes favoráveis quanto nos desfavoráveis, apresentando a maior média em ambos.

Com relação a estabilidade, apenas 11 clones apresentaram quadrados médios dos desvios significativos para TCH e 9 clones para TPH, demonstrando que os clones, de forma geral, não apresentaram desempenho previsível frente às mudanças ambientais pela metodologia de Cruz, Torres e Vencovsky (1989). Corroborando com este resultado, pode se verificar que para as duas variáveis TCH e TPH apenas nove e dez clones apresentaram R^2 acima de 80%, demonstrando então que para os demais clones não foi verificado um ajuste adequado nas equações de regressão.

Segundo Garbuglio et al. (2007), a significância dos quadrados médios dos desvios não deve ser o único fator a ser levado em consideração quando se estuda a estabilidade, sendo oportuno considerar os genótipos de alta produtividade mesmo que esses apresentem instabilidade de desempenho. Neste sentido, para TCH os clones G1, G5, G24 e G29 devem ser considerados como opção de cultivo, tendo desvio da regressão diferentes de zero.

Observa-se que para ambas as variáveis os genótipos cultivados em 13 ambientes alcançaram médias superiores à média geral. Assim, esses ambientes foram classificados como favoráveis ao desenvolvimento dos genótipos avaliados, ou seja, os mesmos puderam aproveitar as condições ambientais e expressar seus genes para a produção de colmos e alta porcentagem de pol, apresentando um bom desempenho médio, fato este confirmado pelos índices ambientais positivos (Tabela 7).

Tabela 7. Médias gerais e índices ambientais, segundo o método de Cruz, Torres e Vencovsky (1989), referentes à tonelada de colmo (TCH) e tonelada de pol (TPH) por hectares avaliadas em 30 clones de cana-de-açúcar avaliados em 24 ambientes.

Ambiente	TCH			TPH		
	Média	Índice	Tipo	Média	Índice	Tipo
1	109,78	17,75	Favorável	13,77	1,79	Favorável
2	86,59	-5,44	Desfavorável	10,97	-1,01	Desfavorável
3	85,45	-6,58	Desfavorável	10,34	-1,64	Desfavorável
4	115,18	23,15	Favorável	14,47	2,49	Favorável
5	93,83	1,79	Favorável	11,67	-0,31	Desfavorável
6	63,67	-28,36	Desfavorável	8,58	-3,40	Desfavorável
7	104,20	12,16	Favorável	12,99	1,01	Favorável
8	76,57	-15,46	Desfavorável	9,69	-2,29	Desfavorável
9	85,16	-6,88	Desfavorável	9,71	-2,27	Desfavorável
10	92,00	-0,03	Desfavorável	13,08	1,10	Favorável
11	71,43	-20,60	Desfavorável	8,89	-3,09	Desfavorável
12	112,35	20,31	Favorável	16,11	4,13	Favorável
13	100,01	7,98	Favorável	13,71	1,73	Favorável
14	105,40	13,37	Favorável	13,48	1,50	Favorável
15	103,18	11,15	Favorável	13,14	1,16	Favorável
16	81,62	-10,41	Desfavorável	11,19	-0,79	Desfavorável
17	109,22	17,19	Favorável	15,20	3,22	Favorável
18	97,79	5,76	Favorável	12,08	0,10	Favorável
19	66,14	-25,89	Desfavorável	9,34	-2,64	Desfavorável
20	93,19	1,15	Favorável	12,04	0,06	Favorável
21	100,13	8,10	Favorável	13,43	1,45	Favorável
22	72,08	-19,95	Desfavorável	9,58	-2,40	Desfavorável
23	96,64	4,60	Favorável	12,54	0,56	Favorável
24	87,16	-4,87	Desfavorável	11,50	-0,48	Desfavorável

Fonte: Dados da pesquisa.

Os demais ambientes apresentaram médias inferiores à média geral e índice ambiental negativo, o que lhes conferiu classificação como ambientes desfavoráveis aos genótipos utilizados para o estudo. Isso, provavelmente, ocorreu devido a oscilações na precipitação, em termos de quantidade e distribuição, além de diferenças entre esses ambientes em outros fatores abióticos como solo e temperatura, o que não favoreceu a expressão dos genes para a produtividade.

Pode-se observar ainda, que entre os 13 ambientes com índice positivo (favoráveis) 12 foram coincidentes para as duas variáveis. Deste modo, pode-se realizar a seleção dos clones

superiores para produção de colmo nestes ambientes, selecionando concomitantemente os superiores para TPH.

4.2.2 Análise AMMI

A análise de variância indicou que todos os efeitos avaliados (genótipo, ambiente e interação GxA) foram significativos para as duas variáveis analisadas. Esse resultado indica que os genótipos apresentaram desempenho diferenciado conforme as mudanças proporcionadas pelos ambientes. Portanto, o estudo mais detalhado dessa interação se faz necessário, de modo que ela possa ser controlada ou interpretada e não interfira negativamente na recomendação dos melhores genótipos (Tabela 8).

Tabela 8. Resumo das análises de variância e decomposições da interação G x A pelo método AMMI e percentagem de explicação da variância (%Exp) para as variáveis TCH e TPH de 30 clones avaliados em 24 ambientes.

F.V	G.L	QM (TCH)	%Exp	QM (TPH)	%Exp
Genótipos (G)	29	1.239,836**	-	22,540**	-
Ambientes (A)	23	6.503,185**	-	126,594**	-
G x A	667	304,094**	-	6,109**	-
IPCA 1	51	197,431*	57,6	5,513**	39,8
$Resíduo_{AMMI1}$	616	179,409*	-	3,275*	-
IPCA 2	23	166,263*	15,3	3,579*	11,0
$Resíduo_{AMMI2}$	85	71,558	-	1,596	-
Erro médio	295	139,770		2,616	

**, *: significativo a 1% e significativo a 5% de probabilidade, respectivamente. Fonte: Dados da pesquisa.

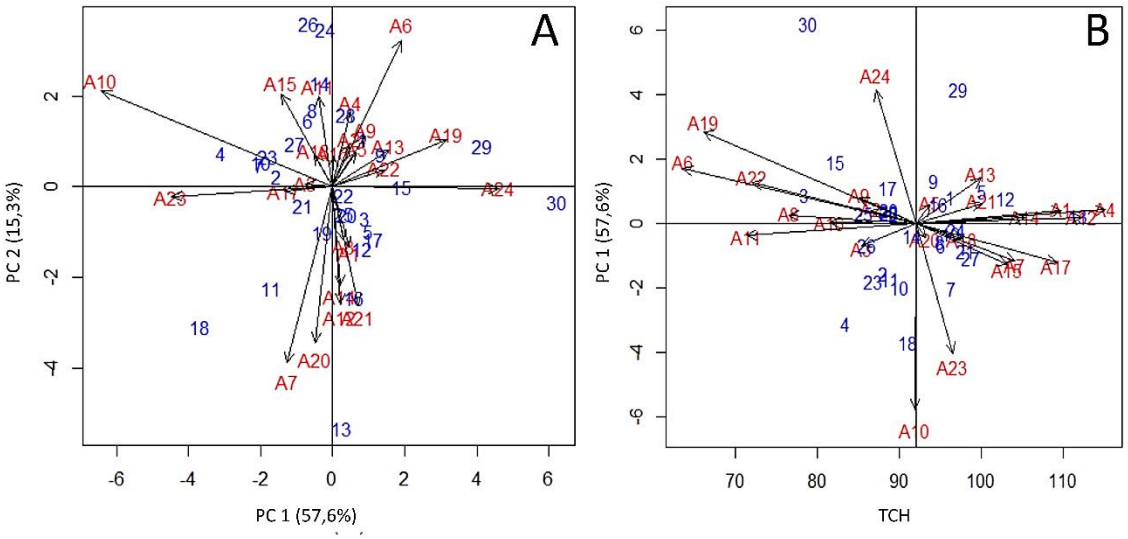
A soma dos quadrados da interação (SQ_{GxA}) foi decomposta em oito eixos de componentes principais (CP). Entretanto, houve significância apenas para os dois primeiros ($p<0,01$) e ($p<0,05$), para ambas as variáveis. Deste modo os modelos AMM1 (IPCA1 x TPH ou TCH) e AMMI2 (IPCA1 x IPCA2) foram os mais precisos para a interpretação e visualização bidimensional. Segundo Freire Filho et al. (2003), a utilização de eixos remanescentes, que contêm mais ruído do que o padrão, pode atrapalhar a interpretação da adaptabilidade e estabilidade via biplot.

As variâncias acumuladas nos dois primeiros IPCA explicaram 72,9 e 50,8%, para as variáveis TCH e TPH, respectivamente. Estes valores estão abaixo dos encontrados para cana-

de-açúcar (GUERRA et al., 2009). Estes dois modelos explicaram a maior proporção da variação útil (padrão ou efeito de genótipos e ambientes). Portanto, infere-se que os 30 e 49% restantes da SQ_{GxA} referentes aos demais eixos para TCH e TPH, respectivamente, provavelmente, contenham pouca informação relevante, isto é, grande parcela da variação considerada "ruído", em respostas imprevisíveis e não interpretáveis.

No modelo AMMI2 (Figura 2A), os genótipos próximos da origem dos eixos são mais estáveis do que aqueles mais afastados, pois contribuíram pouco para a interação. Combinações de genótipos e ambientes com escores IPCA de mesmo sinal têm interações específicas positivas; combinações de sinais opostos apresentam interações específicas negativas (CHAVES, 2001). Os genótipos que menos contribuíram para a interação GxA foram G22, G20, G25, G21 e G2 e os ambientes A22, A3, A18, A16 e A5 foram os mais estáveis, cujo ponto situa-se próximo à origem, ou seja, os escores são os de menor valor para os dois eixos da interação (Figura 2A).

Figura 2. Biplot da análise AMMI2 (A) e AMMI1 (B) para a variável TCH de 30 clones de cana-de-açúcar avaliados em 24 ambientes.



Fonte: Dados da pesquisa

Os clones G21, G19, G11 e G18 interagem de forma positiva com os ambientes A23, A17, A20 e A7 pois, apresentam escores de mesmo sinal. Os clones G9, G1, G28 e G29 também demonstraram interação específica positiva com os ambientes A4, A6, A9, A2, A5, A13, A22 e A19 por interpretação semelhante. Observa-se uma falta de adaptação nítida do clone G30

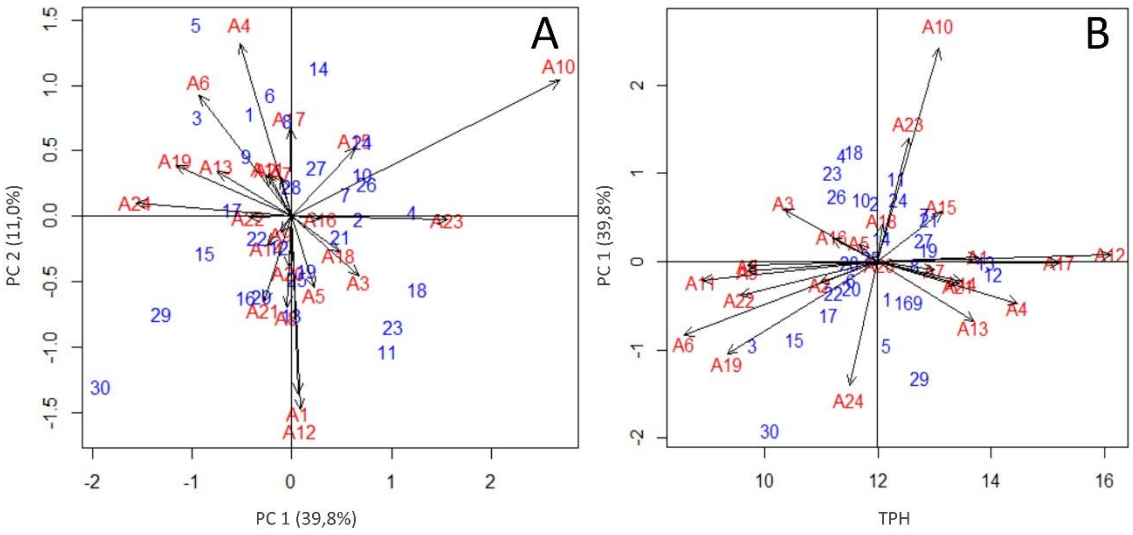
com o ambiente A10 nos dois gráficos (marcadores apontando em direções opostas). O mesmo resultado pode ser observado para outros clones e ambientes.

No biplot AMMI1, a abscissa representa os efeitos principais (médias de genótipos) e a ordenada representa o primeiro eixo de interação (IPCA1). Assim, genótipos com valores de IPCA1 próximos de zero apresentam alta estabilidade aos ambientes de teste (Figura 2B). Pode-se verificar quais os genótipos que possuem produtividade de grãos inferior ou superior à produção média geral pela linha vertical de referência.

Os clones G3, G30, G15, G17, G22, G26, G23, G4, G18, G10, G20, G6, G28 e G25 possuem produtividade inferior à média geral (92 t ha^{-1}), enquanto que os demais genótipos possuem produtividade igual ou superior à média e os ambientes com baixa produtividade são A6, A19, A22, A11, A8, A16, A3, A9, A24 e A2 e os demais apresentaram produtividade igual ou superior à média. Os pontos situados em torno de zero em relação ao eixo horizontal IPCA1, correspondem aos clones e ambientes mais estáveis, sendo os ambientes e clones situados ao lado esquerdo da Figura associados à baixa produtividade.

Para a variável TPH observa-se que os clones G17, G22, G12, G28, G21, G2 e G7 foram que menos contribuíram para a interação GxA e consequentemente os mais estáveis, pois possuem os escores de menor valor para os dois eixos da interação (Figura 3A). Pode-se observar ainda, pela mesma interpretação, que os ambientes. Deste modo, esses ambientes podem ser considerados mais estáveis e utilizados na avaliação de clones para TPH.

Figura 3. Biplot da análise AMMI2 (A) e AMM1 (B) para a variável TPH de 30 clones de cana-de-açúcar avaliados em 24 ambientes.



Fonte: Dados da pesquisa

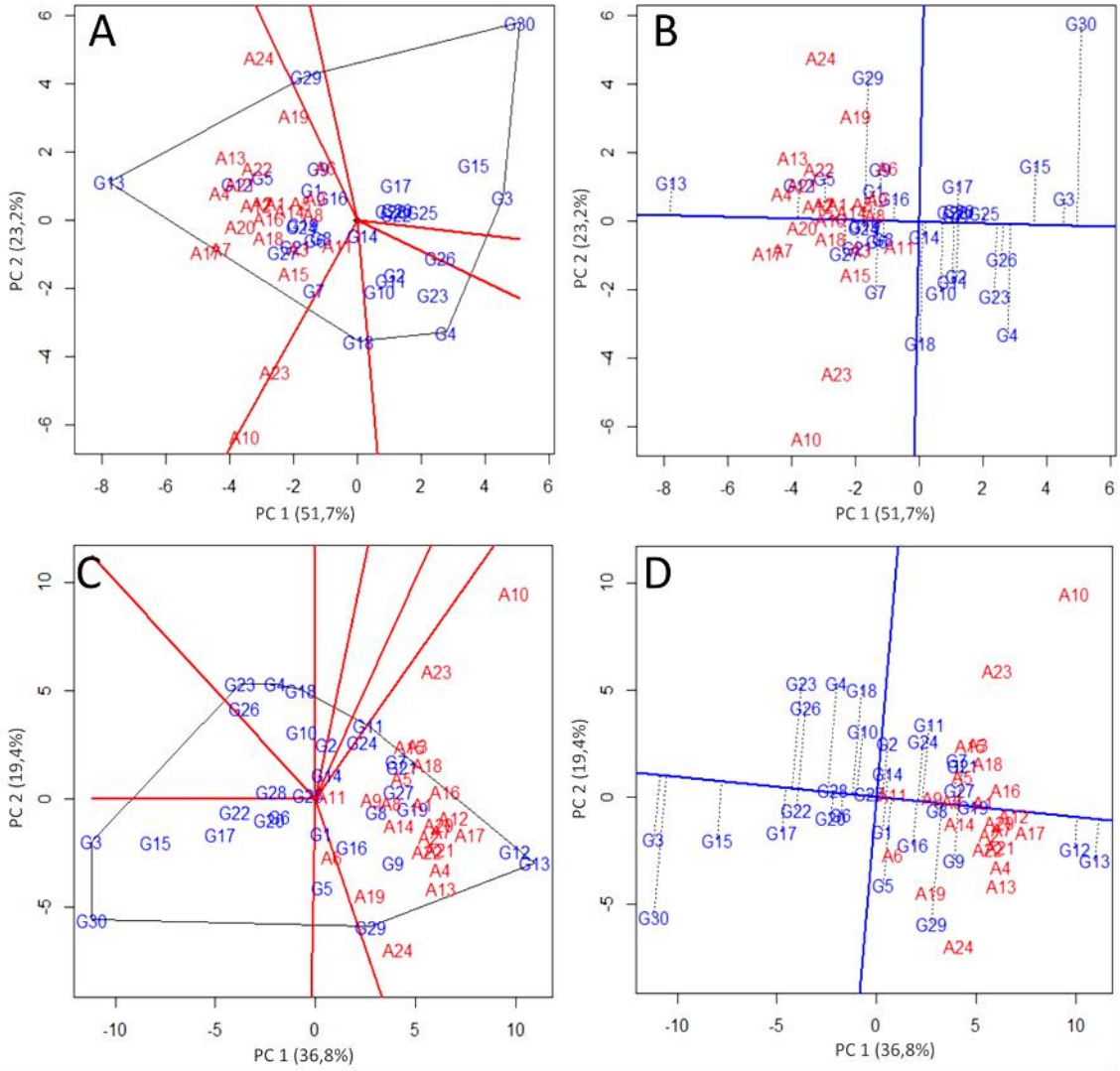
Os clones G12, G13, G19, G27 e G8 são os que reúnem maior média e estabilidade, por estarem mais distantes na abscissa, que representa os efeitos principais (médias de genótipos) e mais próximos da ordenada que representa o primeiro eixo de interação (Figura 3B). Deste modo, genótipos com valores de IPCA1 próximos de zero são considerados de alta estabilidade nos ambientes de teste. Deve-se salientar que os clones G13, G12 e G27 foram os mais produtivos e estáveis tanto para TCH quanto para TPH, podendo-se inferir que estes clones possuem potencial para serem indicados ao cultivo.

A estabilidade ambiental tem grande importância, pois informa sobre a confiabilidade no ordenamento dos genótipos em um dado ambiente de avaliação, em relação à classificação para a média dos ambientes avaliados (OLIVEIRA; DUARTE; PINHEIRO, 2003). Os ambientes mais instáveis foram A4, A10, A1, A12, A24, A23, A17 e A6, sendo que os ambientes A4, A1, A12, A23 e A17, apresentaram instabilidade associada a alta produtividade.

4.2.3 Análise GGE Biplot

Com relação ao desempenho produtivo dos genótipos, nesta abordagem, aquele posicionado no vértice do polígono, tem a maior distância da origem que todos os genótipos dentro do setor delimitado por ele, sendo classificados como os mais responsivos. Estes podem ser os melhores ou piores em alguns ou em todos os ambientes e podem ser utilizados para identificar possíveis mega-ambientes. Os genótipos localizados no interior do polígono são os menos responsivos aos estímulos dos ambientes (Figura 4A e 4C).

Figura 4. GGE biplot representando o gráfico para variável TCH (A) e TPH (C) e médias x estabilidade, indicando o *ranking* de produtividade para variável TCH (B) e TPH (D) de 30 clones de cana-de-açúcar avaliados em 24 ambientes.



Fonte: Dados da pesquisa

Desse modo, os ambientes agrupados dentro desse espaço são considerados similares em relação à influência ambiental gerada sobre os genótipos. Para as variáveis TCH e TPH é possível observar a formação de apenas um agrupamento ambiental. Em ambas as variáveis o clone G13, localizado no vértice do polígono no mega-ambiente, foi o mais favorável para aquele grupo de ambientes, tendo o maior rendimento em pelo menos um dos ambientes e sendo um dos genótipos com melhor desempenho nos outros ambientes do grupo.

Os clones G29, G30, G3, G4 e G18 dão origem aos outros vértices do polígono tanto

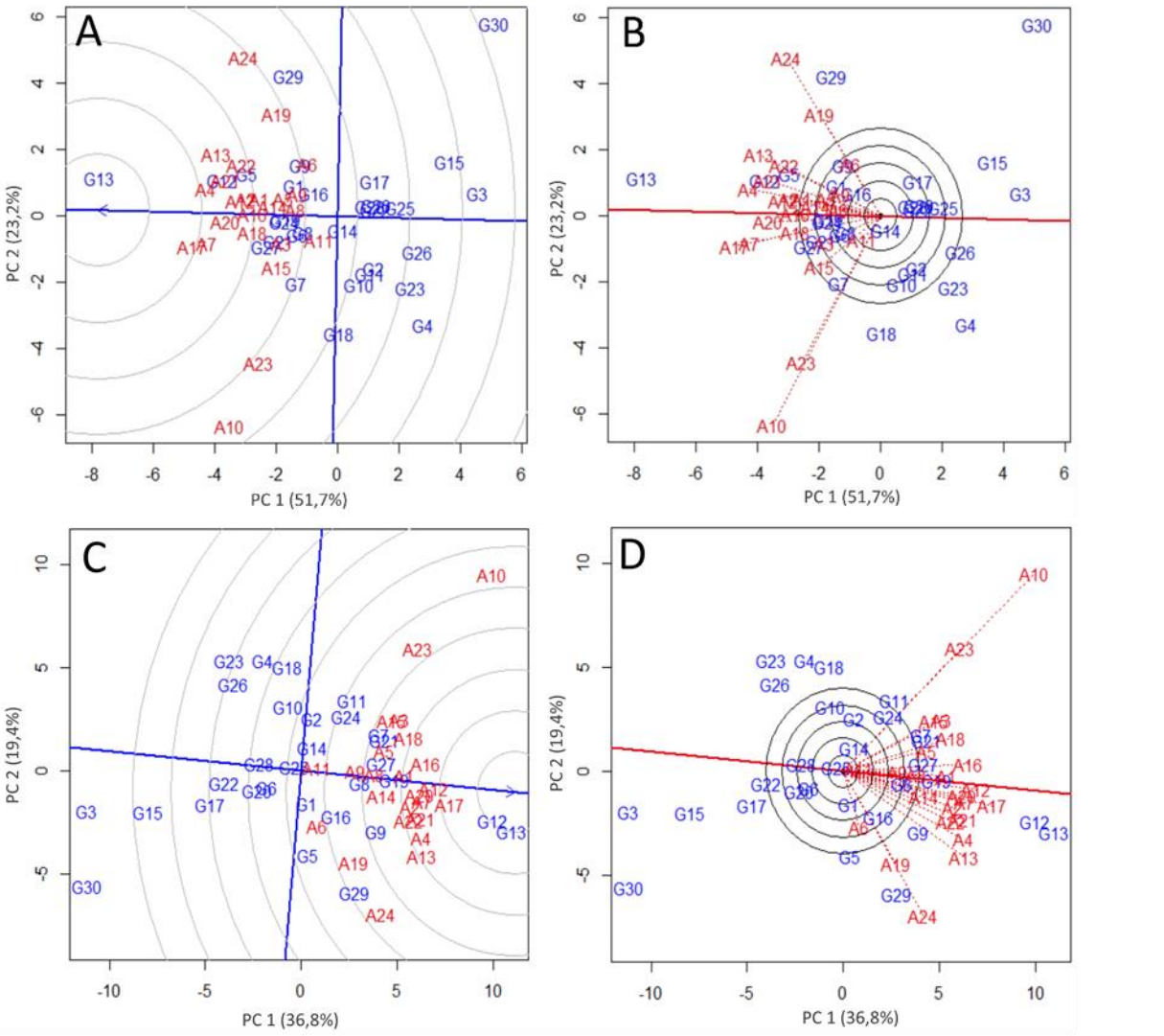
para a variável TCH quanto TPH, mas não contêm nenhum ambiente agrupado dentro do setor que compreende estes clones, sendo então considerados desfavoráveis aos grupos de ambientes testados, tendo baixa produtividade. Da mesma forma, os indivíduos localizados dentro dos setores por eles compreendidos também são desfavoráveis à recomendação.

O clone G13 é o mais produtivo seguido pelos clones G12, G5 e G27 para a variável TCH (Figura 4A). Os clones G13 e G12 foram os mais produtivos para TPH. Os menos produtivos foram os clones G30, G3 e G15 para TCH e os clones G3, G15 e G30 para TPH por se apresentarem o mais distante no sentido oposto.

Os genótipos menos estáveis são aqueles que têm as maiores distâncias do eixo horizontal. Assim, os clones G30, G29 e G18 para TCH e G30, G29, G23, G4 e G18 para TPH foram, em ordem decrescente, os mais instáveis. Considerando os dois parâmetros ao mesmo tempo, os clones recomendados por apresentarem tanto alto valor produtivo e com boa adaptabilidade e estabilidade foram, em ordem decrescente, G13 e G12 para ambas as variáveis, agregando, deste modo, alta produção de colmo e pol por hectare e possuindo alta adaptabilidade e estabilidade produtiva.

Nas análises GGE biplot o genótipo “ideal” é definido pelo maior comprimento do vetor e zero interação G X A, como está representado por uma seta no centro do menor círculo na Figura 5A e 5C. Embora esse genótipo ideal não exista na realidade, ele é usado como referência para a avaliação dos demais genótipos. O genótipo que está mais próximo do ideal é o desejável para os melhoristas de plantas. Os demais círculos concêntricos auxiliam a visualização da distância entre cada genótipo com o genótipo ideal.

Figura 5. GGE Biplot comparando os clones de cana-de-açúcar avaliados com a estimativa de um genótipo ideal para TCH (A) e TPH (C) e ambientes discriminantes *vs* representativos para variável TCH (B) e TPH (D) de 30 clones avaliados em 24 ambientes.



Fonte: Dados da pesquisa

Neste contexto, para a variável TCH (Figura 5A) o clone G13 possui o maior rendimento e maior estabilidade, em comparação com os demais genótipos. Os clones G12 e G5 são considerados como genótipos desejáveis, e os clones inferiores são G30, G3 e G15. Para a variável TPH (Figura 5C) os clones G13 e G12 são os mais próximos do genótipo ideal e da mesma forma ocorrida para TCH os clones G30, G3 e G15 foram os clones inferiores, ou seja, os mais distantes do genótipo ideal.

Para a verificação da relação entre os ambientes, fez-se uso da variação gráfica do GGE Biplot denominada de “Discriminante versus Representante” (*Discriminative vs. Representativeness*) (Figura 5B e 5D). Sendo que o comprimento do vetor do centro do gráfico ao ambiente informa o quanto o mesmo é capaz de discriminar os clones e quanto mais próximo do eixo os ambientes estiverem mais representativos eles são. Os ambientes que têm maior capacidade de discriminar os clones são A10, A24, A23 e A19 para TCH (Figura 5B) e os ambientes A10, A23, A24, A13 e A17 para a variável TPH (Figura 5D).

Deve-se salientar que ambientes discriminantes e representativos favorecem a seleção de genótipos com adaptação geral ampla. Por outro lado, ambientes discriminantes, mas não representativos, podem ser úteis para descartar genótipos instáveis. Ambientes não discriminantes e não representativos são pouco úteis em redes experimentais de ensaios e devem ser descartados (YAN et al., 2007).

Quanto à relação entre os ambientes, os cossenos dos ângulos entre os vetores de cada ambiente são relativos aos coeficientes de correlação genética entre eles. Deste modo, pode-se observar existência de correlações negativas entre os ambientes, pois o cosseno do ângulo entre eles é negativo, ou seja, o ângulo é maior do que 90°. Deste modo, pode-se inferir que a interação predominante é do tipo complexa, havendo, pois, ausência de correlação entre os ambientes. Verifica-se, então que as diferenças observadas entre os clones não referem-se apenas a variabilidade entre os genótipos nos ambientes em que estes estão sendo avaliados.

Assim sendo, dificulta a fidedigna seleção dos clones superiores, uma vez que as hierarquizações relativas destes, referentes ao desempenho nos diferentes ambientes, não mantem-se coincidentes.

5 CONCLUSÕES

Os clones avaliados não apresentam os parâmetros ideais, como preconizado pelo método da regressão bissegmentada;

Considerando as três abordagens utilizadas, que são complementares nas informações desejadas, os clones mais promissores em termos de estabilidade e adaptabilidade geral são G13, G12 e G5.

REFERÊNCIAS

ALBRECHT, J. C.; VIEIRA, E. A.; SILVA, M. S.; ANDRADE, J. M. V.; SCHEEREN, P. L.; TRINDADE, M. G.; SOARES SOBRINHO, J.; SOUSA, C. N. A.; REIS, W. P.; RIBEIRO JÚNIOR, W. Q.; FRONZA, V.; CARGNIN, A.; YAMANAKA, C. H. Adaptabilidade e estabilidade de genótipos de trigo irrigado no Cerrado do Brasil Central. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, DF, v. 42, p. 1727-1734, 2007.

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.

ALMEIDA, L. M. **Seleção de famílias de irmãos-completos de cana-de-açúcar e estimativa da diversidade genética via marcador de DNA (ISSR)**. 2010. 83 f. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Universidade Estadual do Norte Fluminense, Campos dos Goytacazes, 2010.

ARIZONO, H. **Efeito de misturas varietais na produtividade de cana-de-açúcar (Saccharum spp.)** 1999. 112 f. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) - Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz, Universidade de São Paulo, Piracicaba-SP, 1999.

BASTOS, I. T.; BARBOSA, M. H. P.; RESENDE, M. D.; PETERNELLI, L. A.; SILVEIRA, L. D.; DONDA, L. R.; FIGUEIREDO, I. D. Avaliação da interação genótipo x ambiente em cana-de-açúcar via modelos mistos. **Pesquisa Agropecuária Tropical**, Goiânia, v. 37, n. 4, p. 195-203, 2007.

BORÉM, A.; MIRANDA, G. V. **Melhoramento de plantas**. 5. ed. Viçosa, MG: Ed. UFV, 2005. 525 p.

BORÉM, A.; SILVA, J. A. da; DIOLA, V. Biologia molecular e biotecnologia. In: SANTOS, F.; BORÉM, A.; CALDAS, C. (Ed.) **Cana-de-açúcar**: bioenergia, açúcar e álcool – Tecnologias e perspectivas. Viçosa, 2010. 577 p.

BRASIL, E. M.; CHAVES, L. J. Utilización de um modelo cuadrático para el estúdio de la resposta de cultivares a la variación ambiental. In: CONGRESSO LATIONAMERICANO DE GENÉTICA, 11., 1994, Monterrey. **Memorias**... Monterrey: Associación Latinoamericana de Genética, 1994. p. 616.

CAIEIRO, J. T.; PANOBIANCO, M.; BESPALHOK FILHO, J. C.; OHLSON, O. C. Physical purity and germination of sugarcane seeds (Caryopses) (Saccharum spp.). **Revista Brasileira de Sementes**, Londrina, v. 32, n. 2, p. 140-145, 2010.

CESNIK, R.; MIOCQUE, J. **Melhoramento da cana-de-açúcar**. Brasília, DF: Embrapa Informações Tecnológicas. Brasília, 2004. 307 p.

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

CHEAVEGATTI-GIANOTTO, A.; DE ABREU, H. M. C.; ARRUDA, P.; BESPALHOK FILHO, J. C.; BURNQUIST, W. L.; CRESTE, S.; ULIAN, E. C. Sugarcane (Sacharum X

officinarum): a reference study for the regulation of genetically modified cultivars in Brazil. **Tropical Plant Biology**, New York, v. 4, n. 1, p. 62-89, 2011.

COMPANHIA NACIONAL DE ABASTECIMENTO - CONAB. **Acompanhamento da safra brasileira**: Terceiro levantamento safras 2015/2016. 2015. Disponível em: <http://www.conab.gov.br>. Acesso em: 05 dez. 2015.

CONSELHO DOS PRODUTORES DE CANA-DE-AÇÚCAR, AÇÚCAR E ÁLCOOL DO ESTADO DE SÃO PAULO. **Manual de instruções**. Piracicaba: Consecana, 2006. 112 p.

COSTA, M. C. G.; MAZZA, J. A.; VITTI, G. C.; JORGE, L. D. C. Distribuição radicular, estado nutricional e produção de colmos e de açúcar em soqueiras de dois cultivares de cana-de-açúcar em solos distintos. **Revista Brasileira de Ciência do Solo**, Viçosa, MG, v. 31, n. 6, p. 1503-1514, 2007.

CROSSA, J.; CORNELIUS, P. L. Sites regression and shifted multiplicative model clustering of cultivar trial sites under heterogeneity of error variances. **Crop Science**, Madison, v. 37, n. 2, 406-415, 1997.

CRUZ, C.D. **Programa genes**: aplicativo computacional com genética e estatística. Viçosa: Editora UFV, 2001. 648 p.

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

CRUZ, C. D.; TORRES, R. A. A., VENCOVSKY, 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.

D'HONT, A. Unraveling the genome structure of polyploids using FISH and GISH; examples of sugarcane and banana. **Cytogenetic and Genome Research**, Basel, v. 109, n. 1-3, p. 27-33, 2005.

DANIELS, J.; ROACH, B. T. Taxonomy and evolution in sugarcane. In: HEINZ, D. J. (Ed.). **Sugarcane improvement through breeding**. Amsterdam: Elsevier Press, 1987.

DIAS, L. A. dos S. Biofuel plant species and the contribution of genetic improvement. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, Londrina, v. 11, p.16-26, 2011.

DOMINGUES, L. S.; RIBEIRO, N. D.; MINETTO, C.; SOUZA, J. F.; ANTUNES, I. F. Metodologias de análise de adaptabilidade e de estabilidade para a identificação de linhagens de feijão promissoras para o cultivo no Rio Grande do Sul. **Semina: Ciências Agrárias**, Londrina, v. 34, n. 3, p. 1065-1076, 2013.

DUARTE, J. B.; VENCOVSKY, R. **Interação genótipos x ambientes**: uma introdução à análise AMMI. Ribeirão Preto: Sociedade Brasileira de Genética, 1999. 60 p. (Série Monografias, 9).

DUARTE, J. B. N. ; VENKOVSKY, R. **Interação genótipos x ambientes**: uma introdução à análise "AMMI". FUNPEC, Ribeirão Preto, 1999. 60 p.

DUTRA FILHO, J. A.; VILELA RESENDE, L.; BASTOS, G. Q.; SIMOES NETO, D. E. et al. Utilização de marcadores moleculares RAPD e EST's SSR para estudo da variabilidade genética em cana-de-açúcar. **Ciência Agronômica**, Jaboticabal, v. 44, p. 141-149, 2013.

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

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

FERNANDES JÚNIOR, A. R.; ANDRADE, J. A. C.; SANTOS, P. C.; HOFFMANN, H. P.; CHAPOLA, R. G.; CARNEIRO, M. S.; CURSI, D. E. Adaptabilidade e estabilidade de clones de cana-de-açúcar. **Bragantia**, Campinas, v. 72, n. 3, p. 208-216, 2013.

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

FREIRE FILHO, F. R., RIBEIRO, V. Q., ROCHA, M. M., LOPES, A. C. A. Adaptabilidade e estabilidade da produtividade de grãos de genótipos de caupi enramador de tegumento mulato**. Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v.38, n.5, p.591-598, 2003.

GARBUGLIO, D. D.; GERAGE, A. C.; ARAÚJO, P. M.; FONSECA JUNIOR, N. S.; SHIOGA, P. S. Análise de fatores e regressão bissegmentada em estudos de estratificação ambiental e adaptabilidade em milho. **Pesquisa Agropecuária Brasileira,** Brasília, DF, v. 42, n. 2, p. 183-191, 2007.

GAUCH, H. G.; ZOBEL, R. W. AMMI analysis of yield trials. In: KANG, M.S.; GAUCH, H.G. (Ed.). **Genotype by environment interaction**. Boca Raton: CRC Press, 1996. v. 4, p. 85-122.

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

GUERRA, E.P; OLIVEIRA, R. A.; DAROS, E.; ZAMBON, J. L. C.; IDO, O. T.; BESPALHOK FILHO, J. C. Stability and adaptability of early maturing sugarcane clones by AMMI analysis. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, Viçosa, v. 9, p. 260-267, 2009.

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

HUEHN, M. Nonparametric measures of phenotypic stability. Part 1 and 2: Theory and Applications. **Euphytica**, Wageningen, v. 47, n. 3, p. 189-194, 195-201, 1990.

LEITE, G. H. P.; CRUSCIOL, C. A. C.; SILVA, M. A.; VENTURINI FILHO, W. G. Reguladores vegetais e qualidade tecnológica da cana-de-açúcar em meio de safra. **Ciência e Agrotecnologia**, Lavras, v. 32, n. 6, p. 1843-1850, 2008.

LIN, C. S.; BINNS, M. R. A superiority measure of cultivar performance for cultivar x location data. **Canadian Journal of Plant Science**, Ottawa, v. 68, n. 1, p. 193-198, 1988.

MARIOTTI, J. A.; OYARZABAL, E. S.; OSA, J. M. Analisis de estabilidad y adaptabilidad de genotipos de cana de azucar, 1: interacciones dentro de una localidad experimental. **Revista Agronomica del Noroeste Argentino**, San Miguel de Tucumán, v. 13, n. 14, p. 105-127, 1976.

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

MATTOS, P. H. C.; OLIVEIRA, R. A.; BESPALHOK FILHO, J. C.; DAROS, E.; VERÍSSIMO, M. A. A. Evaluation of sugarcane genotypes and production environments in Paraná by GGE biplot and AMMI analysis. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, Viçosa, v. 13, n. 1, p. 83-90, 2013.

MATTOS, PEDRO HENRIQUE COSTA ET AL. Avaliação de genótipos de cana-de-açúcar e ambientes de produção no Estado do Paraná via GGE Biplot e AMMI. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, Viçosa, v. 13, n. 1, 2013.

MIRANDA, G. C.; VIEIRA, C.; CRUZ, C. D.; ARAUJO, G. A. A. Comparação de métodos de avaliação da adaptabilidade e da estabilidade de cultivares de feijoeiro. **Acta Scientiarum Agronomy**, Maringá, v. 20, n. 3, p. 249-255, 1998.

MORAIS, L. K. de; SILVA, R. M. da; CHIORATO, A. F.; AZZINI, L. E.; VILLELA, O. V.; GALLO, P. B.; SAKAI, M.; BASTOS, C. R.; MALAVOLTA, V. M. A. Adaptabilidade e estabilidade fenotípica de genótipos de arroz irrigado para o Estado de São Paulo. **Revista Biociências**, Taubaté, v. 14, p. 9-16, 2008.

MOZAMBANI, A. E.; PINTO, A. de S.; SEGATO, S.V.; MATTIUZ, F.M. História e morfologia da cana-de-açúcar. In: SEGATO, S. V.; PINTO, A. de S.; JENDIROBA, E.; NÓBREGA, J.C.M. de. (Coord.). **Atualização em cana-de-açúcar**. Piracicaba: Livro Ceres, 2006. p. 11-18.

OLIVEIRA, A. B.; DUARTE, J. B.; PINHEIRO, J. B. Emprego da análise AMMI na avaliação da estabilidade produtiva em soja. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, DF, v. 38, p. 357-364, 2003.

PEREIRA HS, MELO LC, FARIA LC, DEL PELOSO MJ, DIAZ JLC AND WENDLAND A (2010) Indicação de cultivares de feijoeiro‐comum baseada na avaliação conjunta de diferentes épocas de semeadura. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, DF, v. 45, p. 571‐578.

PIPERIDIS, N.; PIPERIDIS, G. ; D'HONT, A. ; HENRY, R. J. ; KOLE, C. **Genetics, genomics and breeding of sugarcane**. New York: Science Publishers, 2010. p. 9-18.

PLAISTED, R. L.; PETERSON, L. C. A technique for evaluating the ability of selections to yield consistently in different locations or seasons. **American Potato Journal**, New York, v. 36, n. 11, p. 381-385, 1959.

QUIJADA, R. M. Interación genotipo x ambiente. In: FOOD AGRICULTURAL ORGANIZATION. **Mejora genética de arboles forestales**. Merida: FAO/Danida, 1980. p. 231-235.

R DEVELOPMENT CORE TEAM. **R:** a language and environment for statistical computing. Vienna: R Foundation for Statistical Computing, 2014.

RAMALHO, M.A.P.; FERREIRA, D. F.; OLIVEIRA, A. C. **Experimentação em genética e melhoramento de plantas**. 3. Ed. Lavras, UFLA, 2012. 328 p.

SANTOS, F. A.; QUEIRÓZ, J. H.; COLODETTE, J. L.; FERNANDES, S. A.; GUIMARÃES, V. M.; REZENDE, S.T. Potencial da palha de cana-de-açúcar para produção de etanol. **Química Nova**, São Paulo, v. 35, n. 5, p. 1004-1010, 2012.

SAS INSTITUTE. **SAS/STAT**: user's Guide. Version 9.2. Cary: SAS Institute, 2009. 7869 p.

SCAPIM, C. A.; PACHECO, C. A. P.; AMARAL JÚNIOR, A. T.; VIEIRA, R. A.; PINTO, R. J. B.; CONRADO, T. V. Correlations among yield and popping expansion stability parameters in popcorn. **Euphytica**, Dordrecht, v. 174, n. 2, p. 209-218, 2010.

SILVA, J. G. C.; BARRETO, J. N. Aplicação de regressão linear segmentada em estudo da interação genótipo x ambiente. In: SIMPÓSIO DE EXPERIMENTAÇÃO AGRÍCOLA, 1., 1985, Piracicaba. **Resumos...** Campinas: Fundação Cargill, 1985. p. 49-50.

SILVA, M. D. A. Interação genótipo x ambiente e estabilidade fenotípica de cana-de-açúcar em ciclo de cana de ano. **Bragantia**, Campinas, v. 67, n. 1, 109-117, 2008.

SILVEIRA, L. C. I. **Adaptabilidade e estabilidade de clones de cana-de-açúcar no Estado de Minas Gerais.** 2011. 60 f. Dissertação (Mestrado em Agronomia) – Universidade Federal do Paraná, Curitiba, 2011.

SILVEIRA, L. C. I.; KIST, V.; PAULA, T. O. M.; BARBOSA, M. H. P.; RICARDO AUGUSTO DE OLIVEIRA, R. A.; DAROS, E. Adaptabilidade e estabilidade fenotípica de genótipos de cana-de-açúcar no estado de Minas Gerais. **Ciência Rural**, Santa Maria, v. 42, n. 4, 2012.

SOUZA, A. P.; GARCIA, A. A. F.; OLIVEIRA, K. M. **Melhoramento genético e mapeamento da cana-de-açúcar mundo da cana's posterous** 27 p. 2010.

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**. Ribeirão Preto: Sociedade Brasileira de Genética, 1992. 496 p.

VERISSIMO, M. A. A.; SILVA, S. D. A.; AIRES, R. F.; DAROS, E.; PANZIERA, W. Adaptabilidade e estabilidade de genótipos precoces de cana-de-açúcar no Rio Grande do Sul. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, DF, v. 47, p. 561-568, 2012.

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

WRICKE, G. Zur Berechnung der Ökovalenz bei Sommerweizen und Hafer. **Zeitschrift für Pflanzenzüchtung**, Berlin, v. 52, p. 127-138, 1965.

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

YAN, W.; KANG, M. S.; MA, B.; WOODS, S.; CORNELIUS, P. L. GGE Biplots vs. AMMI analysis of genotype-by-environment data. **Crop Science**, Madison, v. 47, n. 2, p. 643-655, 2007.

ZOBEL, R. W.; WRIGHT, M. J.; GAUCH, H. G. Statistical analysis of a yield trial. **Agronomy Journal**, Madison, v. 80, n. 3, 388-393, 1988.