



Interação de genótipos com ambientes



Márcio Gomes Squilassi



República Federativa do Brasil

Luiz Inácio Lula da Silva
Presidente

Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento

Roberto Rodrigues
Ministro

Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária

Conselho de Administração
José Amauri Dimárzio
Presidente
Clayton Campanhola
Vice-Presidente

Alexandre Kalil Pires
Dietrich Gerhard Quast
Sérgio Fausto
Urbano Campos Ribeiral
Membros

Diretoria-Executiva da Embrapa

Clayton Campanhola
Diretor-Presidente
Gustavo Jauark Chianca
Herbert Cavalcante de Lima
Mariza Marilena T. Luz Barbosa
Diretores-Executivos

Embrapa Tabuleiros Costeiros

Lafayette Franco Sobral
Chefe-geral

Maria de Fátima Silva Dantas
Chefe Adjunto de Administração

Maria de Lourdes da Silva Leal
Chefe Adjunto de Pesquisa e Desenvolvimento

Luiz Alberto Siqueira
Chefe Adjunto de Comunicação e Negócios



*Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária
Embrapa Tabuleiros Costeiros
Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento*

ISBN
Dezembro, 2003

Interação de genótipos com ambientes

Márcio Gomes Squilassi

Aracaju, SE
2003

Disponível em <http://www.cpatc.embrapa.br>

Embrapa Tabuleiros Costeiros
Av. Beira Mar, 3250
Caixa Postal 44
Fone: **79-2261300
Fax: **79-2261369
www.cpatc.embrapa.br
E-mail: sac@cpatc.embrapa.br

Comitê Local de Publicações

Presidente: Maria de Lourdes da Silva Leal
Secretária-Executiva: Aparecida de Oliveira Santana
Membros: Emanuel Richard de Carvalho Donald
Ederlon Ribeiro de Oliveira
Marcondes Maurício de Albuquerque
Denis Medeiros dos Santos
Jefferson Luis da Silva Costa
Hélio Wilson Lemos de Carvalho

Supervisora editorial: Aparecida de Oliveira Santana
Editoração eletrônica: Wesleane Alves Pereira
Capa: Wesleane Alves Pereira

1ª edição 2003

Todos os direitos reservados.

A reprodução não-autorizada desta publicação, no todo ou em parte, constitui violação dos direitos autorais (Lei nº 9.610).

SQUILASSI, M.G. Interação de genótipos com ambientes.
Embrapa Tabuleiros Costeiros. 2003, 47p. Disponível em
<http://www.cpatc.embrapa.br>

Genética - Planta

CDD: 581.35

© Embrapa 2003

AUTOR

Márcio Gomes Squilassi

*M.Sc., Pesquisador da Embrapa Tabuleiros Costeiros
Escritório Regional de P&D. Rio Largo - AL
E-mail: mgomes@cpatc.embrapa.br*

SUMÁRIO

<i>CAPÍTULO 1 - Introdução</i>	07
<i>CAPÍTULO 2 - Magnitudes da Interação</i>	15
<i>CAPÍTULO 3 - Procedimentos estatísticos</i>	19
<i>CAPÍTULO 4 - Considerações finais</i>	37
<i>Referências Bibliográficas</i>	39

CAPÍTULO 1

Introdução

A Interação de Genótipos com Ambientes (GxE ou I_{GE}) pode ser definida como sendo o efeito diferencial dos ambientes sobre os genótipos (CHAVES, 2001). De outro modo, resulta da resposta diferencial dos genótipos à variação ambiental.

Adotando-se um maior rigor lingüístico, o termo interação não mostra-se adequado, pois significa "ação que exerce mutuamente entre duas ou mais coisas, ou duas ou mais pessoas; ação recíproca" (FERREIRA, 1995). Assim, por haver apenas a ação dos ambientes sobre os genótipos, e não destes sobre os ambientes, seria mais adequado o uso da expressão "Diferenciação de Genótipos nos (pelos) Ambientes" (D_{GE}). Deste modo, o termo diferenciação seria mais adequado, por ser "o ato ou efeito de estabelecer diferença ou distinção entre; tornar diverso; diversificar; distinguir" (FERREIRA, 1995).

Devido ao uso já consolidado da expressão Interação de Genótipos com Ambientes, este será adotado e indicado por interação GxE, ou apenas GxE.

É um assunto de alcance generalizado e relacionado com todos os organismos vivos, desde humanos até plantas e bactérias. Sua importância pode ser evidenciada pelo enorme volume de informação existente, quer seja na forma de artigos científicos (MARIOTTI et al., 1994; BACHIREDDY, et al., 1992; GORMAN et al., 1989; HUSSEIN et al., 2000; SHUKLA, 1983), quer seja como anais de congressos/simpósios ou livros/capítulos de livros (KANG, 1990; GAUCH e ZOBEL, 1996; CRUZ e REGAZZI, 1997; KANG e GAUCH, 1996; DUARTE e

VENCOVSKY, 1999). Inicialmente a maior ênfase era dada às análises estatísticas utilizadas para comparar as performances de diferentes genótipos em diferentes ambientes, e em métodos estatísticos para caracterizar genótipos como estáveis (performance consistente) ou instáveis (performance inconsistente) nos diferentes ambientes.

Entretanto, isto tratava dos sintomas e não das causas do problema. O relacionamento entre a estatística e a interação GxE pode ser vista como a existente entre o bêbado e o poste de luz; serve para suporte, não para iluminação (KANG, 1998). Para este mesmo autor, GxE é um tema prioritário para o melhoramento, e não apenas um assunto biométrico. Os melhoristas desejam saber quanto de um ganho genético obtido em um ambiente será mantido em outro.

O melhoramento de plantas provê soluções genéticas para o aumento de produtividade em diferentes culturas, quer seja utilizando fatores edafoclimáticos, alterando a relação com pragas¹, mudanças na economia, demandas de consumo ou políticas governamentais (SCOWCROFT, 1988; citado por KANG, 1998). É, portanto, uma associação de arte e ciência (JENSEN, 1983; citado por KANG, 1998). Arte porque o melhorista deve tomar decisões e realizar julgamentos com critérios pessoais, enquanto que a ciência inclui conhecimento e aplicação de princípios genéticos, bioquímicos, fitopatológicos, de solos, fisiologia, ecologia, estatística e muitos outros. Assim, por ser um processo multidisciplinar, é recomendável o trabalho em equipe, sob a coordenação de um melhorista, que possui uma visão mais ampla de todo o processo.

IMPORTÂNCIA

A interação GxE tem sido um grande desafio para os melhoristas, pois, quando da sua existência, é possível que o melhor genótipo em um ambiente não o seja em outro. Tal fato tem influência no ganho de seleção e dificulta a recomendação de cultivares com ampla adaptabilidade (CRUZ e REGAZZI, 1997; HILL, 1975).

Dada a sua importância, o melhorista deve avaliar sua magnitude e significância, quantificar seus efeitos sobre as técnicas de melhoramento e estratégias de difusão de tecnologia e fornecer subsídios que possibilitem adotar procedimentos para sua minimização e/ou aproveitamento (CRUZ e REGAZZI, 1997).

Para MEDINA (1992), a interação GxE é de suma importância para os melhoristas no desenvolvimento de cultivares melhoradas, pois a ordem dos genótipos em uma série de ambientes pode diferir estatisticamente, gerando problemas para a seleção de plantas.

De modo geral, o melhorista depara-se com o desenvolvimento de populações distintas para cada situação, quando o ranqueamento dos genótipos é alterado drasticamente, e/ou selecionam genótipos com uma performance satisfatória na grande maioria dos ambientes (alta estabilidade) (McKEAND *et al.*, 1990).

DENIS e GOWER (1996) advertiram para o risco de descarte de um genótipo não adaptado para o(s) ambiente(s) utilizado(s) na seleção, mas que poderia ser muito produtivo em outro. Da mesma forma, pode-se selecionar um genótipo que não apresente uma boa performance em um ambiente de cultivo diferente daquele utilizado para a seleção.

A interação GxE é ainda muito importante para geneticistas e melhoristas pelo fato de que a magnitude dos componentes da interação fornecem informações sobre a região de adaptação de uma dada cultivar. As magnitudes relativas da interação, do erro e dos componentes genéticos são úteis na determinação de métodos que maximizem o uso do tempo e recursos em um programa de melhoramento (MEREDITH, 1984).

CONSIDERAÇÕES GERAIS

O conhecimento das relações entre genótipo e fenótipo em diferentes ambientes auxiliam em predições mais precisas sobre a resposta à seleção em espécies com habitats heterogêneos, quer espacial ou temporal. Se a expressão fenotípica de um genótipo para uma dada característica é dependente de condições ambientais, medidas de sua herdabilidade poderão variar de acordo com variações das condições ambientais.

Sabendo-se que a variância fenotípica (V_F), e mais especificamente a variância devido à interação GxE encontra-se no denominador da equação que define a herdabilidade (1), esta causa de variação pode excluir medidas consistentes de herdabilidade para características com alta plasticidade fenotípica em ambientes heterogêneos. Neste caso, as estimativas de herdabilidade dependerão fortemente de onde, quando e dentre quais genótipos o parâmetro é mensurado.

$$h^2 = \frac{V_A}{V_F} = \frac{V_A}{V_G + V_E + V_{GE}}$$

onde:

h^2 é a herdabilidade;

V_A é a variância genética aditiva;

V_G é a variância genética total;

V_E é a variância ambiental;

V_{GE} é a variância da interação GxE.

VIA e LANDE (1987) propuseram que o mecanismo para manter a variância genética aditiva (V_A) dentro de populações requer a presença de forte interação GxE. Se o ranking de genótipos com base no fenótipo de desempenho individual muda entre os ambientes, significativa V_A poderá ser mantida mesmo na presença de forte seleção, e a herdabilidade será expressa para cada ambiente. Sob condições de freqüentes mudanças no ranking dos genótipos em ambientes variados, diferentes genótipos seriam favorecidos pela seleção natural em diferentes ambientes, então seria mantido um conjunto de genótipos em um ambiente heterogêneo (MAZER e SCHICK, 1991).

Os melhoristas usualmente testam uma série de genótipos em ambientes diversificados (rede de ensaios), o que significa que a interação GxE é esperada.

A avaliação dos genótipos sob condições ambientais variadas representa, de modo geral, a fase mais cara e trabalhosa de um programa de melhoramento. Assim, o tamanho de um programa fica limitado pela capacidade de avaliação experimental dos materiais (CHAVES, 2001). Para este autor, qualquer ganho em eficiência nesta fase representa, portanto, um ganho em todo o processo. Para isto, um bom entendimento da interação entre genótipos com ambientes poderá contribuir para o aproveitamento de seus efeitos benéficos, bem como buscar alternativas para seus efeitos indesejáveis sobre a avaliação de genótipos e recomendação de cultivares.

Sabendo-se que a constituição genética de um indivíduo não muda de um ambiente para outro (a menos que este ambiente induza uma mutação), qualquer alteração no fenótipo, para um dado genótipo, pode ser atribuída a efeitos ambientais.

Mesmo caracteres qualitativos estão sujeitos à modificações pelo ambiente. Um caso interessante é a reversão de dominância em *Arabidopsis*, onde o alelo *co* controla o tempo de florescimento e é recessivo sob luminosidade contínua, mas torna-se dominante quando o comprimento do dia é reduzido para 8 horas (REDEI, 1982; citado por KANG, 1998).

Outra situação ocorre com o trigo (*Triticum aestivum* L.), que possui um gene para resistência ao frio localizado no cromossomo 5A. Sob altas temperaturas de congelamento (-10°C), esta resistência é dominante. Com o decréscimo desta temperatura, a direção de dominância é revertida, e, sob temperaturas mais baixas (-14°C), a sensibilidade ao frio torna-se dominante (SUTKA e VEISZ, 1988; citados por KANG, 1998).

Desta forma, observa-se que a dominância de um gene num dado caracter não é algo absoluto e que o ambiente pode modificar a expressão fenotípica de um genótipo.

Características quantitativas exibem uma distribuição contínua do fenótipo devido

ao controle poligênico e/ou efeito ambiental. Para tais características, fica ainda mais evidente o efeito do ambiente no fenótipo final. Logo, quanto maior a influência do ambiente, pior torna-se o fenótipo como um indicador do genótipo.

A manifestação de um fenótipo (F) é o resultado da ação do genótipo (G) sob influência do ambiente (E). Considerando-se diferentes ambientes, detecta-se, além dos efeitos genéticos e ambientais, um efeito adicional, proporcionado pela interação GxE (GE) destes (CRUZ e REGAZZI, 1997). Pode-se escrever, então:

$F = G + E$; quando da ausência de interação e;

$F = G + E + GE$; quando da presença de interação GxE.

Observa-se que para um dado genótipo podem ocorrer diferentes fenótipos, dependendo do efeito do ambiente. Na tabela 1, estão representados dois genótipos (G1 e G2), dois ambientes (E1 e E2) e os fenótipos resultantes da ação conjunta destes (a até d), bem como as diferenças entre estes.

Tabela 1 Efeitos devidos a dois genótipos (G1 e G2) em dois ambientes (E1 e E2).

Genótipo/Ambiente	E1	E2	Diferença (efeito E)
G1	a	c	$_1 = c - a$
G2	b	d	$_2 = d - b$
Diferença (efeito G)	$_3 = b - a$	$_4 = d - c$	

SIMMONDS (1981), utilizando os termos definidos na tabela 1, definiu interação GxE como $_1$, $_2$ ou $_3$, $_4$.

O efeito do genótipo ($_3$ ou $_4$) representa a influência devida aos genótipos no ambiente E1 ($_3$) ou E2 ($_4$). O efeito ambiental $_1$ é a alteração causada pelos ambientes sobre o genótipo G1, e $_2$ é a ação dos ambientes sobre o genótipo G2.

O efeito total (fenótipo) pode ser escrito, conforme já visto, como $F = G + E + GE$. Utilizando a notação da tabela 1, temos que $F = d - a$.

Uma distinção deve ser feita entre interação GxE e correlação GxE. Esta última ocorre quando os efeitos genotípicos e ambientais não são independentes. Há uma interação se a diferença entre as médias fenotípicas para dois genótipos muda em diferentes ambientes, mas há correlação se um dado genótipo está associado positivamente, e outro negativamente, com os efeitos ambientais (KANG, 1998).

CAUSAS DA INTERAÇÃO

Do ponto de vista evolucionário, a interação GxE torna-se importante na manutenção da variabilidade genética e na adaptação de espécies. A compreensão dos fatores genéticos associados à evolução e à ecologia podem ser utilizados no melhoramento de plantas, uma vez que a seleção é um ponto comum à estas áreas (seleção natural para evolução/ecologia e seleção artificial para melhoramento) (KANG, 1998).

Outro fator é o custo da sementes, que torna-se mais elevado, devido ao maior número de testes (anos e/ou locais) a que um genótipo deve ser submetido antes de ser recomendado. Desta forma, tornam-se necessárias mais estações de melhoramento, pois a interação GxE tem grande impacto em todo o processo de melhoramento, e influi mais diretamente ao reduzir o progresso obtido com a seleção. Desta forma, deve ser avaliada de forma criteriosa e cuidadosa, para que todo o trabalho possa lograr êxito.

Segundo KANG (1998), os estresses bióticos e interações entre estes e/ou com fatores abióticos são de grande relevância no estudo de interação GxE, mas até então pouco estudados. Como exemplo, cita a resistência sistêmica adquirida (SAR *Systemic Acquired Resistance*), na qual há uma resposta da planta a um ataque localizado, gerando um sinal transmitido a outras partes desta planta, provocando a indução de outros genes de resistência. SAR é diferente de mecanismos de resistência preexistentes (p.ex. barreiras físicas), bem como de outros mecanismos de resistência (p.ex. biosíntese de fitoalexinas e hipersensibilidade), que acredita-se ser mediada pelo ácido salicílico, o qual distribui-se por toda a planta (RYALS *et al.*, 1994; citado por KANG, 1998). Assim, dependendo do ambiente e, conseqüente, se houver interação GxE, este mecanismo de defesa da planta pode ou não ser estimulado.

Este mesmo autor citou diversos outros aspectos que podem permear a interação GxE. Dentre os fatores bióticos, destacam-se a capacidade de absorção, transporte e uso de nutrientes, competição entre os genótipos (do ponto de vista reprodutivo), tolerância a herbicidas e alelopatia, eficiência no uso da água, nutrientes e radiação. Dentre os abióticos, pode-se ressaltar a resposta a choques térmicos, estresse oxidativo e estresses relativos ao solo (p.ex., acidez, deficiência nutricional, salinidade) e à água (excesso ou falta).

Sabendo-se que diferentes genótipos respondem diferentemente a estímulos ambientais, um ou mais fatores podem estar contribuindo para que haja interação de diferentes genótipos em diferentes ambientes.

CONCEITOS IMPORTANTES

Genótipo: entende-se por genótipo a constituição genética total de um organismo. De modo mais prático, é a seqüência de nucleotídeos do DNA (ou um gene) que é transmitida dos genitores à sua progênie.

Fenótipo: corresponde à formas alternativas de expressão de uma característica, que é dependente do genótipo e do ambiente (RAMALHO *et al.*, 1989). É observável aos níveis físico, morfológico, anatômico e/ou bioquímico. É ainda dependente da expressão de um genótipo em um ambiente.

Ambiente: Pode ser definido como as circunstâncias ao redor de um organismo ou grupo de organismos (KANG, 1998) e que afetam o seu crescimento e desenvolvimento (RAMALHO *et al.*, 1989). Para BORÉM (1997), são as condições edafoclimáticas, associadas a práticas culturais, ocorrência de pragas e outras variáveis que afetam o desenvolvimento das plantas. De outra forma, é o conjunto de fatos e coisas onde estão inseridas as espécies. Quanto melhor for a caracterização de um ambiente, melhor será o entendimento sobre a relação entre a performance de uma cultura e este ambiente.

Plasticidade Fenotípica: Segundo BRADSHAW (1965), a plasticidade fenotípica é a forma com que a expressão fenotípica de um dado carácter (determinado por um genótipo) é alterado por diferentes ambientes.

"Um genótipo ou caráter tem plasticidade fenotípica (ou resposta "plástica") se este "flexibiliza" ou varia a sua resposta fenotípica para ajustar-se às variações ambientais. É, portanto, um mecanismo adaptativo importante" (DUARTE, J.B.; comunicação pessoal).

A interação GxE é equivalente à variação genética na plasticidade fenotípica (VIA e LANDE, 1985). Altos níveis de plasticidade fenotípica para caracteres fisiológicos ocorrem em espécies cujos habitats sofrem grandes variações, enquanto que a plasticidade para características morfológicas é relativamente baixa em espécies que vivem sob estresse ambiental (HOFFMANN e PARSONS, 1996).

BRADSHAW (1965) relatou também que o grau de expressão da plasticidade fenotípica está sob controle genético, uma vez que espécies e populações mostraram níveis diferenciados de plasticidade para uma mesma característica em resposta às mesmas variáveis ambientais. Sabendo-se que a variação genética (variância genética aditiva) leva à plasticidade fenotípica, esta é, portanto, uma característica que pode ser manipulada pelo melhoramento (MAZER e SCHICK, 1991).

MARSHALL e JAIN (1968) relataram que o grau de plasticidade fenotípica seria inversamente proporcional à sua heterozigose. Com base neste pressuposto,

BORÉM (1997) afirmou que as plantas poderiam apresentar um efeito "tamponante" em duas situações: **i)** a variedade é composta por um número variado de genótipos, sendo que cada um deles é adaptado a um microambiente particular, e **ii)** os indivíduos são "tamponados" de forma que cada componente de uma população se adapte bem a diversos ambientes.

Homeostase e Estabilidade: Homeostase é a capacidade da planta em adaptar suas funções fisiológicas às constantes mudanças do ambiente onde ela cresce, de forma a ser menos afetada por elas (LAVORENTI e MATSUOKA, 2001). Estabilidade é o termo que define tal condição (BREESE, 1969).

Homeostase está "associada a uma norma de reação estreita, isto é, resposta fenotípica canalizada dentro de limites relativamente estreitos sob ambientes distintos. Um genótipo ou caráter é homeostático se este tem resposta estável, ou seja, expressão fenotípica pouco variável de um ambiente para outro, o que corresponde a uma resposta relativamente constante em ambientes diferentes, o que, para os melhoristas corresponde à estabilidade biológica (ver item 3.2). Portanto, é um mecanismo muito importante para o processo adaptativo" (DUARTE, J.B.; comunicação pessoal).

Para LAVORENTI e MATSUOKA (2001), mesmo não havendo unanimidade quanto à conceituação destes termos, e tampouco nos métodos estatísticos propostos para suas determinações, ao agricultor importa grandemente a conjugação da adaptabilidade com a estabilidade, ou seja, que a cultivar seja confiável o suficiente para substituir outra já conhecida e aceita no mercado.

A determinação da estabilidade não é uma questão simples. Há grande variação entre as cultivares nas suas capacidades de tamponamento às variações ambientais, provocadas por diversos componentes que advêm da conjugação de fatores edafoclimáticos, em interação com diferentes elementos externos, quer de ação antrópica ou não, inclusive a ocorrência de pragas (LAVORENTI e MATSUOKA, 2001). Por isto resultam muitas dificuldades para a devida avaliação de cultivares.

CAPÍTULO 2

Magnitudes da interação

MAZER e SCHICK (1991) explicaram várias magnitudes da interação, conforme figura 1, onde observa-se que populações distintas (A a E) são submetidas a dois ambientes distintos (1 e 2) para a manifestação de uma variável métrica qualquer.

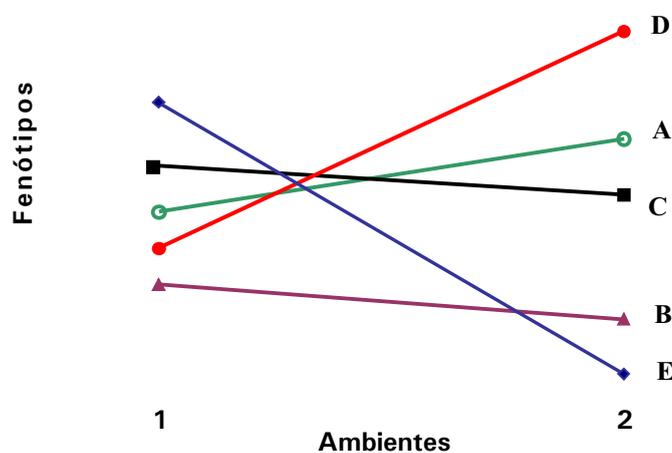


Figura 1 Interações Genótipos com Ambientes (GxE).

Nota-se que a relação entre fenótipo e genótipo pode ser alterada de acordo com o ambiente, de dois modos principais, que não são mutuamente excluídos, a saber: i) a magnitude da variação (diferença) entre os genótipos e ii) o ranking dos fenótipos devido aos diferentes genótipos.

Considerando a magnitude da variação, esta pode aumentar (BxD ou AxD), permanecer a mesma (AxC ou BxC) ou diminuir. Quanto ao ranking, este pode permanecer inalterado (AxB ou BxD) ou ser invertido (AxC, AxD ou Dx E). Neste contexto, pode-se ainda avaliar a direção da modificação provocada pelo efeito ambiental, que pode ser oposta (AxB ou Dx E), quando aumenta um fenótipo e reduz outro, ou igual (Ax D), quando aumenta ou reduz os dois fenótipos. Neste último caso, há interação pois o aumento ou redução não é de igual magnitude, pois, se o fosse, a interação não ocorreria.

Se o ranking de dois genótipos muda conforme o ambiente (AxC ou CxD ou DxE), o genótipo favorecido pela seleção também diferirá. Entretanto, se o ranking permanece igual (AxB ou BxD), mas a magnitude das diferenças inter-genotípicas no fenótipo aumenta significativamente entre os ambientes, a estimativa da herdabilidade e a resposta fenotípica predita à seleção aumentarão (sendo a variância fenotípica constante), apesar do genótipo favorecido pela seleção permanecer constante. Se o ranking fenotípico e o grau de variância genética aditiva variarem entre os ambientes, tanto a taxa de evolução fenotípica quanto os genótipos favorecidos em cada ambiente deverão variar (KANG, 1998).

Para um terceiro ambiente do qual não se tenham informações, ou cuja caracterização não possa ser relacionada com os ambientes 1 e 2 acima citados, uma alternativa viável seria a recomendações de A ou C, por sua maior estabilidade. Em outra situação, onde este ambiente 3 pode ser relacionado com um dos dois ambientes avaliados, a recomendação pode seguir aquela para o ambiente testado mais semelhante àquele onde será procedido o plantio.

Isto tem utilidade prática, pois, via de regra, os agricultores não realizam testes de genótipos em suas áreas, mas utilizam as variedades testadas em locais com características muito semelhantes às de sua propriedade.

O aproveitamento dos efeitos favoráveis da interação GxE é dependente do fato de que se tenha o genótipo mais adaptado para cada ambiente. A possibilidade de aproveitamento dos efeitos da interação torna-se de maior monta quanto mais previsível for o ambiente. Desta forma, na avaliação de cultivares para recomendação, deve-se buscar caracterizar ao máximo os ambientes de teste, o que possibilitaria uma previsibilidade máxima do ambiente do agricultor. De outro modo, seria ideal que os efeitos de ambientes pudessem ser tomados como fixos ou, pelo menos, que a porção fixa da interação pudesse ser mensurada e os resultados utilizados na recomendação de cultivares (CHAVES, 2001).

Para FALCONER (1987), uma característica mensurada em dois diferentes ambientes deveria ser analisada como duas características, uma vez que os mecanismos fisiológicos em diferentes ambientes seriam, em certos aspectos, diferentes e, assim, os genes requeridos para alta performance desta característica seriam também diferentes. Propõe utilizar a correlação genética entre ambientes com o propósito de solucionar problemas desta natureza. Considerando-se dois ambientes e um conjunto de genótipos, se há alta correlação genética para um carácter, pode-se inferir que os mesmos locos estão determinando o fenótipo nos ambientes testados. De outro modo, há indício de que há uma relativa independência dos mecanismos que participam da constituição fenotípica em questão.

2.1. CLASSIFICAÇÃO DA INTERAÇÃO GXE

Ainda com base na figura 1, podem ser observadas três situações, a saber:

a) Ausência de interação, pois a mudança nas condições ambientais não alterou o comportamento dos genótipos (BxC), afetando igualmente o comportamento destes.

B) Nas duas outras situações, a alteração no ambiente resultou em resposta diferenciada dos genótipos, evidenciando a ocorrência de interação GxE, que pode ser classificada como:

b.1) Interação Simples ou Quantitativa, onde há mudança na magnitude de performance dos genótipos (AxB ou BxD), mas o ordenamento destes nos diferentes ambientes permanece inalterado, ou seja, um genótipo que era superior no ambiente 1 permanece superior no ambiente 2. Este tipo de interação indica que as populações são geneticamente heterogêneas e os ambientes homogêneos, ou vice-versa.

b.2) Interação Cruzada ou Qualitativa, na qual há uma resposta diferenciada das populações (ou genótipos) a diferentes ambientes, havendo uma mudança na classificação destas (CxD, AxC ou BxE).

Obviamente, as situações a e b.1 indicam que uma população (ou genótipo) é melhor adaptada aos dois ambientes de teste. Assim, uma seleção baseada na média de ambientes beneficiará sempre o melhor genótipo. Na situação b.1, segundo CHAVES *et al.* (1989), a manifestação da interação é consequência, apenas, da conceituação aditiva do fenômeno e poderia ser explicada, por exemplo, pela ação multiplicativa dos ambientes sobre os genótipos. Na situação b.2, utilizar a média dos ambientes como indicador de seleção não é suficiente e poderá induzir a erros, levando à escolha de genótipos mal adaptados a uma situação particular.

Quando se consideram diversos genótipos avaliados em diferentes ambientes, muitas combinações das situações acima discutidas ocorrem, o que torna a interpretação muito difícil. Daí a necessidade de se utilizar métodos e procedimentos adequados de análise (alguns dos quais serão abordados mais adiante). Para n genótipos e m ambientes, pode-se obter $nm!/n!m!$ combinações diferentes (ALLARD e BRADSHAW, 1964), o que torna o trabalho praticamente inviável ou impraticável, mesmo para valores baixos de n e m .

CAPÍTULO 3

Procedimentos estatísticos

3.1. INTERAÇÃO GXE

Para ser detectada a interação GxE via procedimentos estatísticos, pelo menos dois genótipos (cultivares) devem ser avaliados em, no mínimo, dois ambientes.

Um modelo básico que inclui a interação GxE pode ser escrito como:

$$Y_{ij} = \mu + g_i + e_j + (ge)_{ij} + \epsilon_{ij}; \text{ sendo:}$$

Y_{ij} : valor fenotípico;

μ : média geral;

g_i : efeito do i-ésimo genótipo ($i = 1, 2, \dots, g$);

e_j : efeito j-ésimo ambiente ($j = 1, 2, \dots, e$);

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

ϵ_{ij} : erro médio aleatório.

Usualmente a interação GxE é detectada através de um Teste F, sendo que o valor de F para a interação é calculado dividindo-se o Quadrado Médio da Interação pelo Quadrado Médio Residual, independentemente se os efeitos principais forem considerados de natureza fixa ou aleatória. Obviamente, se o Teste F for significativo, pode-se inferir que há ocorrência de interação GxE. CRUZ e REGAZZI (1997) apresentam as esperanças dos quadrados médios para genótipos e para ambientes, o que será dependente da natureza destes efeitos. Há que se ressaltar que, para adoção do Teste F acima mencionado, devem ser observadas as pressuposições que envolvem a Análise de Variância, ou seja, homocedasticidade (homogeneidade de variâncias), normalidade, independência e aditividade, sendo as três primeiras associadas ao erro médio. Existem testes estatísticos para detecção destas pressuposições, e, em certos casos, métodos práticos, como a análise de gráficos de resíduos (homocedasticidade e independência) e Q-Qplot (normalidade). Para maiores detalhes, recomenda-se RAMALHO *et al.* (2000).

É importante observar se há homogeneidade de variâncias, pois, caso contrário, o

Quadrado Médio Residual da análise conjunta dos diferentes ambientes representará uma estimativa tendenciosa da variância residual média.

Outro ponto a ser ressaltado é a ponderação dos Quadrados Médios Residuais de cada local pelo seu respectivo grau de liberdade, quando os graus de liberdade do resíduo de cada experimentos não forem iguais. Isto é necessário pois o Quadrado Médio Residual da análise conjunta é calculado pela média dos Quadrados Médios de cada experimento. Caso os graus de liberdade do resíduo da análise forem iguais, não é necessária tal ponderação.

Deve-se ainda ressaltar a importância de se determinar a natureza dos efeitos que compõem o modelo, ou seja, se fixos ou aleatórios. Desta forma, os modelos adotados encontram-se entre dois extremos: fixos e aleatórios. Nos modelos ditos como fixos, de todos os componentes das observações, apenas os erros experimentais são variáveis aleatórias. Já no modelo aleatório, todos os efeitos são de natureza aleatória. Entre estes dois extremos, há os modelos chamados de mistos, que reúnem componentes fixos e aleatórios. Para maiores detalhes sobre o emprego destes modelos, bem como sobre os componentes da variância, recomenda-se a leitura de VENCOVSKY e BARRIGA (1992). Estes autores apresentaram ainda exemplos aplicados a espécies semi-perenes e perenes.

3.2. ESTABILIDADE E ADAPTABILIDADE FENOTÍPICAS

Os riscos de adoção de uma cultivar serão tanto menores quanto maior for a adaptabilidade dela aos ambientes específicos a que se destina, como também quanto maior for a sua capacidade homeostática a variações imprevisíveis (LIN e BINNS, 1988).

Embora sejam fenômenos associados, estabilidade e adaptabilidade não devem ser considerados como algo único. O termo adaptabilidade designa a capacidade potencial de genótipos para assimilarem vantajosamente o estímulo ambiental, o que é uma grande vantagem do ponto de vista da produtividade agrícola. A estabilidade é considerada como a capacidade dos genótipos de exibirem um desempenho o mais constante possível, de acordo com as variações ambientais (MARIOTTI *et al.*, 1976, citados por VENCOVSKY e BARRIGA, 1992).

Diferentemente, há autores que preferem utilizar o termo adaptabilidade para designar adaptação ecológica a diferentes ambientes. Neste aspecto, o termo

estabilidade seria empregado para se referir a maior ou menor habilidade dos genótipos a se adaptarem a flutuações climáticas, ao longo de anos agrícolas, dentro de um dado local ou habitat (VENCOVSKY e BARRIGA, 1992). Estes mesmos autores, mencionando VENCOVSKY e TORRES (1988), comentaram que estas duas propriedades não se relacionam no que diz respeito ao rendimento de grãos em milho.

BECKER (1981) classificou a estabilidade como estática ou dinâmica. Estática quando o genótipo apresenta uma performance estável em diferentes ambientes, havendo pequena variância entre os ambientes. Isso implica em baixa resposta a estímulos para maior produtividade (como níveis elevados de adubação), o que é indesejável para o produtor. Este conceito é conhecido como estabilidade no sentido biológico (homeostase).

A estabilidade dinâmica refere-se àqueles genótipos que apresentam uma performance estável, mas para cada ambiente em particular, onde sua performance corresponde a um nível esperado ou predito. É tido como estabilidade no sentido agrônômico.

Uma vez que não há consenso sobre os métodos estatísticos utilizados para detecção da estabilidade e da adaptabilidade, e conseqüente aplicação dos resultados obtidos, serão apresentados alguns destes procedimentos, de forma a informar e dar algum subsídio para escolha daquele que se julgar mais apropriado. Não serão demonstrados cálculos ou deduções de fórmulas, mas serão indicadas bibliografias de referência para uma leitura mais aprofundada. Sempre que oportuno, serão feitas comparações entre os procedimentos, ressaltando vantagens e limitações.

LIN *et al.* (1986) definiu quatro grupos de estatísticas utilizadas para avaliar a estabilidade. O grupo A baseia-se no desvio do efeito genotípico médio (G); o grupo B no termo da interação GxE (GE); e os grupos C e D baseia-se tanto em G quanto em GE. As fórmulas do grupo A apresentam as Somas de Quadrados, enquanto que as dos grupos C e D utilizam o coeficiente de regressão ou o desvio da regressão.

Variância Individual (Método tradicional)

Utiliza-se neste método a análise conjunta dos experimentos, considerando todos os ambientes e o desdobramento da Soma de Quadrados dos efeitos de ambientes e da interação GxE, em efeitos de ambientes dentro de cada genótipo. A variância

que mede a dispersão da média individual de uma cultivar em relação à média desta cultivar em diferentes ambientes pode ser considerada como a medida paramétrica mais direta para avaliar a estabilidade. Diretamente associado com essa medida está o coeficiente de variação de cada cultivar (FRANCIS e KANNEMBERG, 1978).

Aqueles genótipos que apresentarem pequena variância e pequeno coeficiente de variação serão considerados estáveis, ou seja, não há grandes variações nas respostas de uma cultivar de um ambiente para outro.

Porém, o conceito de estabilidade de um genótipo, expresso pela mínima variância entre ambientes, não tem sido muito utilizado pelos melhoristas, uma vez que os genótipos mais estáveis, ou seja, aqueles que mantêm um comportamento regular entre os ambientes, de modo geral são pouco produtivos (CRUZ e REGAZZI, 1997).

Método de Wricke

A "ecovalência" é o nome dado ao parâmetro de estabilidade proposto por WRICKE (1962). Para sua estimativa, decompõe-se a Soma de Quadrados da Interação GxE nas partes referentes a cada genótipo isoladamente. Desta forma, a contribuição de cada genótipo na interação GxE é quantificada isoladamente, e, a partir disto, identifica-se o de maior estabilidade. Pode, ainda, ser aplicado a um número reduzido de ambientes.

Apresenta falta de precisão na estimativa da estabilidade, ausência de informações a respeito dos ambientes e direcionamento da resposta dos cultivares à variação ambiental (CRUZ e REGAZZI, 1997).

Método de Shukla

SHUKLA (1972) propôs um método que particiona a interação GxE em seus componentes, sendo um correspondente a cada genótipo, o que permite melhor mensurar a estabilidade destes.

Este autor chamou de variância da estabilidade (σ_i^2) à soma da variância dentro (σ_0^2) e entre (σ_i^2) os ambientes, para o i-ésimo genótipo, após corrigido para os efeitos aditivos comuns do ambiente. Um genótipo é considerado estável quando sua variância da estabilidade é igual à variância dentro dos ambientes ($\sigma_i^2 = \sigma_0^2$), ou seja, quando a variância entre os ambientes é zero ($\sigma_i^2 = 0$). Valores relativamente mais altos da variância da estabilidade indicam que o genótipo é

mais instável.

Kang *et al.* (1987) compararam o modelo proposto por Shukla (1972) e o de ecovalência de Wricke (1962) e concluíram que o ranking dos genótipos quanto à estabilidade foi idêntico, apresentando um coeficiente de correlação igual a 1,0.

Regressão Linear

Este é o procedimento adotado pela grande maioria dos métodos paramétricos, e remonta aos trabalhos de MOOERS (1921) e YATES e COCHRAN (1938), que foram pioneiros na utilização da técnica de regressão linear para estudo da resposta de cultivares às variações ambientais.

Estes métodos utilizam a variação da característica em estudo em relação a um índice ambiental. Os métodos diferenciam-se pelo modelo de regressão utilizado, pela forma de determinação do índice ambiental e pela interpretação dos parâmetros do modelo (CHAVES, 2001).

Apesar de seu uso generalizado, estes modelos apresentam algumas restrições de cunho estatístico. A mais citada relaciona-se com a variável independente, representada pelo índice ambiental, que mensura a qualidade do ambiente e é estimada com os próprios dados dos genótipos. Esse processo de estimação, como tal, viola os princípios básicos da análise de regressão (ROSSE *et al.*, 2002). Desta forma, pode não ocorrer a independência entre as variáveis, especialmente quando o número de cultivares é inferior a quinze. Além disso, em grande parte das vezes, a variação das estimativas do coeficiente de regressão é tão pequena que dificulta a classificação dos materiais quanto à estabilidade e adaptabilidade (FARIAS *et al.*, 1997).

Regressão Linear Simples

Inicialmente deve-se quantificar a qualidade dos ambientes, o que nem sempre é uma tarefa simples. Após o ajuste de uma reta por regressão linear, haverá a minimização da Soma dos Quadrados dos Desvios dos valores observados em relação aos estimados pela equação da reta. Desta forma, a interação GxE se manifestará como uma heterogeneidade nos coeficientes de regressão de cada genótipo, considerando-se que as retas representam de modo conveniente a variação dos dados (CHAVES, 2001).

Diversos autores popularizaram este método, cada qual com suas variações e peculiaridades. Porém, destaque especial deve ser dado a FINLAY e

WILKINSON(1963), EBERHART e RUSSEL (1966) e TAI (1971).

FINLAY e WILKINSON(1963) definiram o índice ambiental como a média de todos os genótipos no ambiente. O coeficiente de regressão linear da variável dependente considerada (que de modo geral é a produtividade) para cada genótipo sobre o índice ambiental é relacionado aos conceitos de estabilidade e adaptabilidade fenotípicas.

EBERHART e RUSSEL (1966) expandiram o modelo proposto por FINLAY e WILKINSON (1963), o que resultou no método mais adotado, pela sua facilidade e amplitude de aplicação. Neste método, tanto os coeficientes de regressão dos valores fenotípicos de cada genótipo em relação ao índice ambiental quanto os desvios desta regressão (variância dos desvios) proporcionam estimativas de parâmetros de estabilidade e adaptabilidade. Neste caso, os genótipos com desempenho médio são favorecidos em relação ao conjunto analisado.

Os dois métodos acima expostos utilizam o índice ambiental baseado no desempenho dos próprios genótipos, o que poderá levar a erros. Assim, o método de mínimos quadrados não fornece um estimador consistente do coeficiente de regressão linear quando a variável independente está associada a erros (CRUZ e REGAZZI, 1997).

TAI (1971) propôs uma metodologia com dois parâmetros para medir a estabilidade e a adaptabilidade, que são a medida da resposta linear do *i*-ésimo genótipo sob os efeitos do ambiente, e o desvio da resposta linear em termos de magnitude de variância de erro (CRUZ e REGAZZI, 1997). Com isto, procurou-se contornar limitação acima exposta dos métodos de EBERHART e RUSSEL (1966) e FINLAY e WILKINSON (1963).

Regressão Linear Segmentada

VERMA et al. (1978) propuseram um método que busca selecionar genótipos que, além de possuírem alta estabilidade, apresentam a capacidade de responder satisfatoriamente à melhoria da qualidade ambiental, como, por exemplo, níveis mais altos de adubação.

Para isto, faz-se uma dupla análise de regressão linear, sendo que, em cada uma, as respostas dos genótipos são obtidas de ambientes distintos, sendo uns favoráveis e outros desfavoráveis.

Neste caso, avalia-se um único coeficiente de regressão, estimado em uma única análise, onde são considerados todos os ambientes testados. Desta forma, o genótipo ideal poderá ser descartado, uma vez que, tendo uma dupla inclinação,

seus desvios podem ser relativamente altos em relação à reta estimada. Os desvios deveriam, na verdade, serem examinados nos diferentes ambientes (CRUZ e REGAZZI, 1997).

CRUZ et al. (1989) modificaram o método proposto por Silva e Barreto (1985). Os principais benefícios são: proporcional simplificação na obtenção das estimativas e das Somas de Quadrados, provê estimativas com desvios-padrão menores, elimina a correlação residual existente entre os parâmetros de estabilidade mais importantes, o que permite uma avaliação mais precisa da correlação genética que pode existir entre os padrões de estabilidade para um dado carácter, tornando-o mais simples e com propriedades estatísticas mais aplicáveis ao melhoramento. Os parâmetros estabilidade e adaptabilidade são estimados pelo ajuste de uma única equação, representada por uma reta bissegmentada. A estabilidade dos genótipos é avaliada pela variância dos desvios da regressão de cada cultivar, em função das variações ambientais (CRUZ e REGAZZI, 1997).

Regressão Quadrática

A análise de um genótipo e sua resposta diferencial frente à diferentes níveis de qualidade ambiental pode ser feita com base em uma função curvilínea. Assim, o ponto de segmentação torna-se desnecessário, pelo fato de que a resposta do genótipo à variação ambiental é dinâmica e está propensa a assumir valores variados quaisquer que sejam os ambientes (CHAVES, 2001).

Neste contexto, BRASIL (1990) e BRASIL e CHAVES (1994), citados por CHAVES (2001), apresentaram a aplicação deste método.

Maiores detalhes sobre os métodos acima mencionados podem ser encontrados em CRUZ e REGAZZI (1997), CHAVES (2001) e KANG e MILLER (1984), além dos trabalhos originais.

Regressão Não-Linear

Dado o inconveniente anteriormente comentado quanto à restrição estatística em relação à mensuração do índice ambiental, surge como alternativa o emprego do modelo de regressão não-linear nos parâmetros, conforme enfocado por TOLER e BURROWS (1998).

Segundo estes autores, o problema relacionado com a estimativa do índice ambiental é contornado, o que significa um avanço em relação aos modelos de regressão linear. Assim, não há mais violação dos princípios básicos que validam os testes de hipótese para os parâmetros da regressão.

ROSSE et al. (2002) compararam o método linear proposto por CRUZ et al. (1989) e o não-linear proposto por TOLER e BURROWS (1998). Concluíram que não há diferenças marcantes entre os coeficientes de determinação dos genótipos pelos dois modelos. As estimativas de qualidade ambiental mostraram pequenas diferenças entre suas magnitudes, mas caracterizaram igualmente os ambientes acima e abaixo da média geral.

Por fim, recomendaram o uso do modelo não-linear devido às vantagens estatísticas e a maior coerência biológica para inferir sobre a estabilidade fenotípica dos genótipos.

Método de Lin & Binns

Uma alternativa aos métodos de regressão propostos é o modelo proposto por LIN e BINNS (1988), uma vez que não apresenta as limitações apresentadas pelo uso da regressão, além de permitir a identificação de um ou mais genótipos com desempenho aproximado ao máximo em todos os ambientes testados.

Esta metodologia estima o índice de estabilidade P_i , que é o desvio da cultivar i em relação ao material que obteve o desempenho máximo em cada ambiente avaliado (FARIAS et al., 1997). Assim, quanto menor o valor obtido para P_i , mais adaptado será o material e, com isso, menor será também o desvio em torno da produtividade máxima em cada ambiente. Conclui-se, portanto, que maior estabilidade estará obrigatoriamente associada a maior produtividade (LIN e BINNS, 1988).

A estimativa do P_i pode ser desdobrada em duas partes, sendo a primeira relativa ao desvio genético em relação ao máximo, ou seja, uma soma de quadrados de genótipos. Esta fração não é prejudicial ao trabalho do melhorista, uma vez que não implica necessariamente em mudança na classificação dos genótipos. A segunda parte refere-se à interação GxE e pode afetar o ranqueamento dos materiais (FARIAS et al., 1997).

Desta forma, busca-se um material que apresente o menor P_i possível, e que a maior parte deste valor seja atribuída ao desvio genético.

Métodos Não-Paramétricos

Em um mesmo ambiente, o posto 1 deve ser atribuído ao genótipo de maior produtividade média (ou outra característica de interesse), e o posto p ao de menor valor. Para situações de empate nos postos, a média aritmética destes deve ser atribuída aos genótipos envolvidos.

HÜHN (1990 e 1996) propôs um modelo de abordagem não-paramétrica para determinação da estabilidade dos genótipos testados, baseado no ranking dos cultivares (em diversas situações, este mesmo autor encontra-se grafado como Huehn). Em verdade, propôs seis modelos, incluindo alguns que associam produtividade e estabilidade.

Destes modelos, o segundo apresenta a medida da estabilidade baseada na variância dos postos ao longo de todos os ambientes. Esta estimativa é obtida pela fórmula (2).

$$S_i^{(2)} = \frac{\sum_{j=1}^n (r_{ij} - \bar{r}_i)^2}{(n-1)}$$

onde:

$S_i^{(2)}$ é a variância do i-ésimo genótipo baseada nos postos de todos os ambientes ($i = 1, 2, \dots, g$);

r_{ij} é o posto do i-ésimo genótipo no j-ésimo ambiente ($j = 1, 2, \dots, n$);

\bar{r}_i é a média dos postos do i-ésimo genótipo nos n ambientes.

Desta forma, os genótipos que apresentarem as menores variâncias nos postos serão consideradas as mais estáveis. Isto não indica que devam ser os escolhidos, apenas que apresentam pouca variação entre os ambientes. Pode um genótipo, por exemplo, apresentar pequena variância nos postos, mas Ter um posto médio muito alto, o que equivale ao fato de estar sempre distante do mais produtivo (posto = 1). O genótipo ideal é, portanto, aquele de baixa variância e posto médio de baixo valor.

FOX et al. (1990) propuseram uma nova abordagem não-paramétrica, baseada em uma estratificação dos postos com o objetivo de definir sobre a estabilidade de um dado genótipo.

Segundo estes autores, aqueles genótipos classificados no primeiro terço (ou superior) seriam aqueles de menores valores dos postos e, portanto, de maior produtividade (ou outra característica). Deste modo, tais genótipos seriam selecionados como estáveis e com características favoráveis. Por outro lado, aquelas cultivares que fossem classificadas no último terço (ou inferior), ou seja, maiores valores e menores produtividades, seriam descartadas pelo baixo rendimento, embora estáveis.

Análise AMMI

Conforme visto, há diversos métodos para analisar as informações referente à interação GxE e à estabilidade fenotípica. Dos métodos mais utilizados, aqueles baseados em análise de regressão utilizam dois parâmetros, e a grande maioria dos demais apenas um, isto considerando-se apenas os métodos univariados. Métodos estatísticos multivariados têm sido utilizados para extrair um maior número de informações do componente referente à variabilidade fenotípica (MANRIQUE e HERMANN, 2000).

Dentre estes métodos, grande destaque merece a Análise AMMI (Additive Main effects and Multiplicative Interaction) (GAUCH e ZOBEL, 1996). Há uma versão chamada EM-AMMI (Expectation-Maximization version), que permite fazer avaliações mesmo quando há dados perdidos.

De acordo com EBDON e GAUCH (2002b), a análise AMMI apresenta três vantagens fundamentais em relação à análises convencionais: i) parsimônia, pois o modelo contém, relativamente, poucos graus de liberdade da interação GxE; ii) uma vez que o modelo contém a maior parte da Soma de Quadrados da Interação - SQ (que é rica no modelo), forma um resíduo que contém grande parte do "ruído", com a maioria dos graus de liberdade mas pouca SQ, o que resulta em precisão e eficiência estatística (freqüentemente 3 repetições com AMMI é tão precisa quanto 6 a 12 sem AMMI GAUCH e ZOBEL, 1996b) e iii) análise mega-ambiental (GAUCH e ZOBEL, 1997), que identifica sub-regiões homogêneas contendo interações GxE similares.

AMMI busca simplificar a recomendação de cultivares através da redução do número de genótipos superiores ou selecionados, o que é obtido por uma maior eficiência estatística e eficiência do modelo (vantagens i e ii). Combina múltiplos testes de localidades em regiões com recomendações de cultivares semelhantes (vantagem iii). A análise mega-ambiental pode ser utilizada para aumentar a herdabilidade dentro de ambientes bem definidos e previsíveis (ANNICCHIARICO e PERENZIN, 1994; citados por EBDON e GAUCH, 2002b), selecionar genótipos para áreas apropriadas (PETERSON e PFEIFER, 1989; citados por EBDON e GAUCH, 2002b) e direcionar a alocação de recursos objetivando aumentar a eficiência dos testes (EBDON e GAUCH, 2002b).

A análise AMMI combina análise de variância (ANOVA) para os efeitos principais de genótipos e ambientes (parâmetros de efeitos aditivos) com a análise de componentes principais (ACP) para a interação GxE (parâmetros de efeito multiplicativo) em um único modelo. Os resultados podem ser exibidos num gráfico tipo biplot que mostra tanto os efeitos principais quanto os devido à

interação, para genótipos e ambientes.

A ANOVA particiona a variância em três grupos: i) desvios devido aos efeitos dos genótipos; ii) desvios devido aos efeitos dos ambientes e iii) as interações GxE. Então, a ACP desmembra a variância devida às interações em N eixos. Na verdade, AMMI não é um único modelo, mas um conjunto deles, ou uma "família de modelos", com N eixos chamados de AMMI-N. Assim, quando não há qualquer eixo (modelo mais simples), tem-se o AMMI-0, que equivale à ANOVA. No outro extremo, o modelo mais complexo é o AMMI-F, com F eixos, sendo F o posto da matriz GxE, que corresponde ao menor valor entre G1 (número de genótipos - 1) e E1 (número de ambientes - 1) (GAUCH e ZOBEL, 1997). As análises restringem-se, usualmente, a AMMI-1 e AMMI-2, pela facilidade de representação gráfica e entendimento, além de serem suficientes para explicar a maior parte dos efeitos na maioria dos experimentos. De outro modo, ou seja, quando há necessidade de modelos de ordem mais alta, é necessário um agrupamento preliminar, que gerará grupos menores onde AMMI-1 ou AMMI-2 podem ser utilizados de forma efetiva. Para obtenção dos parâmetros relativos à interação GxE, será necessário proceder à decomposição por valores singulares (DSV) da matriz relativa à interação.

GAUCH e ZOBEL (1996) apresentaram diversas aplicações da análise AMMI. EBDON e GAUCH (2002) mostraram uma interpretação da interação GxE, EBDON e GAUCH (2002b) enfocaram a recomendação de cultivares e GAUCH e ZOBEL (1997) trataram da identificação de mega-ambientes e recomendação de genótipos. Recomenda-se ainda a leitura de DUARTE e VENCOVSKY (1999) para maior entendimento desta análise. GAUCH (1993) é uma leitura que fornece um bom embasamento para a análise AMMI.

Análise SHMM

Outro método multivariado é a análise SHMM (Shifted Multiplicative Model) (CROSSA et al., 1993; CORNELIUS et al., 1992; CROSSA et al., 1996), que, dentre outras atribuições, agrupa os genótipos sob estudo em subconjuntos definidos por ambientes nos quais os genótipos ali agrupados não apresentam mudanças de classificação (dentro de cada subconjunto ou ambiente). Por outro lado, possibilita o agrupamento por genótipos. Nos subconjuntos de ambientes os efeitos genotípicos são separados dos efeitos ambientais (CORNELIUS et al., 1992). De modo amplo, é um tipo de análise de cluster onde os grupos são definidos por não apresentar interação GxE cruzada.

Algumas vantagens do agrupamento definido pelo SHMM são: i) a distância entre 2 genótipos (ou ambientes) considera a mudança de ranking de um genótipo (ou

ambiente) e ii) o nível de truncamento das classificações hierárquicas não é decidido de modo arbitrário (CROSSA et al., 1995).

Possui um parâmetro que relaciona-se com a mudança de classificação e termos multiplicativos que são ortogonais entre si e relativos aos genótipos e aos ambientes. Parte do pressuposto de que o erro é normal e independentemente distribuído, com média zero e variância σ^2/n , onde n é o número de repetições e σ^2 é a variância do erro dentro de ambientes (assumida homogênea).

Os resultados podem ser observados em um gráfico biplot onde são representadas as linhas de regressão dos genótipos agrupados em um ambiente (uma linha para cada genótipo), que, de acordo com o já exposto, estarão paralelas entre si, pois não há interação GxE cruzada num subconjunto.

Assim como na análise AMMI, para obtenção dos parâmetros relativos à interação GxE será necessário proceder à decomposição por valores singulares (DSV) da matriz relativa à interação (CROSSA et al., 1995).

Comparação de Métodos

A escolha do modelo ou método a ser empregado para seleção de genótipos (cultivares) é uma preocupação para os melhoristas, pois um deslize nesta etapa pode provocar perdas sérias em todo o programa de melhoramento.

Recomenda-se a leitura de DUARTE e ZIMMERMANN (1992), KANG e MILLER (1984), FLORES et al. (1998), TRUBERG e HÜHN (2000) e LIN et al. (1986).

Estes autores compararam métodos e/ou parâmetros de estabilidade e/ou verificaram a adequação de modelos visando contornar problemas com seus estimadores. Desta forma, é uma leitura complementar muito importante para a escolha do modelo a ser adotado para fins de análise de estabilidade fenotípica, quer este seja paramétrico ou não, uni ou multivariado.

3.1. SELEÇÃO SIMULTÂNEA: ESTABILIDADE E PRODUTIVIDADE

Os diferentes métodos expostos permitem, principalmente, ao melhorista classificar os genótipos por níveis de adaptabilidade. Dentre os métodos univariados, os autores não propuseram um índice baseado tanto na média de produtividade quanto na estabilidade. Desta forma, os melhoristas acabam dependentes deles próprios e de sua experiência para quantificar a importância da

estabilidade na produtividade final, e, assim, fazer suas escolhas (ESKRIDGE, 1990).

Uma forma de conduta, que pode ser dita como "cautelosa" ou safety-first, foi utilizada para desenvolver um índice que integra os dois parâmetros acima citados. Os modelos que utilizam o safety-first foram inicialmente apresentados nos modelos econômicos como forma de modelar como as pessoas tomavam decisões sobre seus investimentos financeiros, supondo-se situações de risco (ROY, 1952; TELSER, 1955; BERCK e HIHN, 1982; ATWOOD, 1985; todos citados por ESKRIDGE, 1990).

Desta forma, o melhorista de plantas, ciente de há risco envolvido, pode aplicar o safety-first através da escolha de genótipos que apresentem uma menor chance de apresentar baixas produtividades. Ocorre que estes genótipos nem sempre apresentam uma estabilidade desejada. Daí a necessidade de se incorporar os dois parâmetros num único índice.

Um obstáculo na adoção deste índice é o fato de que, erroneamente, acredita-se que haverá redução na produtividade se houver seleção baseada em outro critério que não a própria produtividade. Sabendo-se que o propósito principal a respeito do desempenho de uma cultivar é poder predizer ou inferir sobre seu comportamento futuro com base em dados passados, torna-se mais simples mostrar que este obstáculo é de fato um equívoco. Especialmente quando há ocorrência de interação cruzada (onde há mudança na classificação dos genótipos), a média de produtividade dos genótipos selecionados através de um método que combine produtividade e estabilidade seria menor do que a média dos genótipos selecionados apenas pela produtividade. Entretanto, esta menor produtividade com base em dados passados não necessariamente seria traduzida em menor performance a campo (KANG, 1993).

Caso os melhoristas cometam os erros tipo I (rejeitar uma hipótese nula quando esta é verdadeira) ou tipo II (aceitar uma hipótese nula quando esta é falsa), haverá conseqüências diversas para os produtores.

Considerando-se o método convencional de seleção e $H_0: 1 \geq 0$, onde 1 é a produtividade média de um genótipo e 0 é a produtividade média de todos os genótipos, a hipótese alternativa será $H_1: 1 < 0$. Se ocorrer o erro tipo I, haverá a conclusão de que a produtividade de um dado genótipo é menor do que a média geral. Assim, o agricultor poderá errar ao utilizar um genótipo considerado superior. Terá prejuízo econômico, pois deixará de utilizar um genótipo que era, de fato, superior.

Por outro lado, se ocorrer o erro tipo II, a conclusão será de que o genótipo

selecionado é superior, quando na verdade não é. Com isso, poderá ser recomendada uma cultivar indesejada. Este erro é mais grave do que o tipo I, pois levará ao agricultor uma cultivar instável e pouco produtiva (KANG, 1993).

O método proposto por KANG (1991) - método rank-sum modificado (KMR ou Kang's Modified Rank-sum method) - introduz a estatística Estabilidade-Produtividade (EPI para o i -ésimo genótipo) em um único índice que pode ser utilizado para seleção, além de amenizar os efeitos dos erros tipo I e II. O componente referente à estabilidade em EPI baseia-se na variância da estabilidade (σ_i^2) de SHUKLA (1972).

Considerando a produtividade média do genótipo 1 em diferentes ambientes ($1e_m$; $e = 1, 2, \dots, m$), as hipóteses serão:

$$H_0: \mu_{1e1} = \mu_{1e2} = \dots = \mu_{1em}; \text{ ou } \sigma_i^2 = 0$$

$$H_1: \mu_{1e1} \neq \mu_{1e2} \neq \dots \neq \mu_{1em}; \text{ ou } \sigma_i^2 > 0$$

Se H_0 é rejeitada quando esta é verdadeira (erro tipo I), a conclusão equivocada será de que a performance do genótipo foi instável no ambientes avaliados. Assim, ao calcular EPI este genótipo será prejudicado pela sua instabilidade e a probabilidade de seu descarte aumentará. Como consequência, o agricultor errará ao escolher um genótipo estável, e poderá ou não sofrer prejuízo econômico, dependendo de qual genótipo escolha.

Caso aceite-se H_0 quando esta é falsa (erro tipo II), ter-se-á a conclusão errônea de que o genótipo é estável e consistente ao longo dos ambientes. Assim, um genótipo instável não seria penalizado no cálculo da estatística EPI. A consequência disso seria desastrosa para os agricultores, que teriam um genótipo de produtividade baixa em suas propriedades. Mas o uso da YSi reduz a probabilidade de se cometer este tipo de erro, que é o mais prejudicial aos produtores (KANG, 1993; KANG, 1998).

KANG e PHAN (1991) discutiram diversos métodos de seleção simultânea para produtividade e estabilidade, além de tratar das relações entre estes.

HÜHN (1979), citado por KANG e PHAN (1991), propôs duas estatísticas não-paramétricas que combinam estabilidade e produtividade, e posteriormente modificadas por HÜHN e NASSAR (1989) e HÜHN (1990b, 1990c). As propriedades estatísticas e o significado das medidas não-paramétricas para estabilidade foram dadas por NASSAR e HÜHN (1987). Estas estatísticas ($S_i^{(3)}$ e $S_i^{(6)}$) baseiam-se na ranking de produtividade dos genótipos em cada ambiente, e são expressas por:

$$S_i^{(3)} = \frac{j}{\bar{r}_i} (r_{ij} - \bar{r}_i)^2$$

$$S_i^{(6)} = \frac{j}{\bar{r}_i} |r_{ij} - \bar{r}_i|$$

Onde r_{ij} é o posto do i -ésimo genótipo no j -ésimo ambiente e \bar{r}_i é a média dos postos em todos os ambientes para o i -ésimo genótipo.

$S_i^{(6)}$ é mais fortemente correlacionada com produtividade, enquanto que $S_i^{(3)}$ correlaciona-se mais com estabilidade. Deste modo, pode-se escolher entre as duas estatísticas dependendo qual enfoque o melhorista priorizar, se produtividade ou estabilidade, ou ambos.

3.1. PROCEDIMENTOS COMPUTACIONAIS

Com o uso cada mais crescente dos computadores pessoais (PCs), diversos softwares ou programas foram produzidos/escritos com o objetivo de facilitar o trabalho dos melhoristas, no sentido de otimizar o processo de escolha de materiais no que se refere à estabilidade fenotípica e/ou produtividade associada a esta.

Muitos destes softwares/programas são associados a um método anteriormente proposto para determinar a estabilidade fenotípica. Assim, o seu objetivo é proporcionar uma maior facilidade de uso destes métodos. Abaixo serão apresentados alguns destes softwares/programas e os métodos a eles associados, quando for o caso.

PC-SAS Estatística Não-paramétrica de Hühn

A estatística não-paramétrica proposta por HÜHN (1979), citado por LU (1995), que na verdade são diversos métodos, é pouco aplicada, a despeito de ser fácil de utilizar e interpretar quando comparada com métodos paramétricos, e de ser menos sensível aos erros de mensuração. Além disso, o aumento ou perda de uma ou poucas observações provoca menores influências nas estimativas finais nesta estatística do que nas paramétricas (LU, 1995).

Talvez o uso restrito da estatística não-paramétrica de Hühn seja o fato dela não ser

muito acessível. Para sanar este problema, LU (1995) propôs um programa baseado no software SAS (SAS INSTITUTE, 1988). Este programa utiliza os procedimentos PROC MEANS e PROC RANK, além de manipulação de dados, e requer um computador simples, sem necessidade de um coprocessador matemático. Pode ser encontrado em LU (1995) na forma escrita. Considera K genótipos e N ambientes, e o valor fenotípico é X_{ij} , para o i = ésimo genótipo (i = 1, 2, ..., K) e o j-ésimo ambiente (j = 1, 2, ..., N).

STABLE

STABLE (KANG e MAGARI, 1995) foi desenvolvido sobre a plataforma DOS (requer uma versão MS-DOS 3.1 ou superior) e pode ser utilizado para estimar a estabilidade determinada pelo método de SHUKLA (1972), através da variância da estabilidade (σ_i^2), ou através da estatística proposta por KANG (1991) para estabilidade-produtividade (EPI). Requer as médias dos genótipos nas repetições em cada ambiente, além de um Quadrado Médio do Erro obtido em uma Análise de Variância anterior.

O resultado consiste em i) uma tabela com a Análise de Variância, ii) outra tabela contendo a média dos genótipos, \bar{X}_i , S_i^2 (uma variância obtida do resíduo da interação GxE) e W_i^2 (ecoalância de Wricke) e iii) uma tabela mostrando diversas informações e estatísticas, como Epi, σ_i^2 e os genótipos selecionados com base em EPI.

Na verdade este programa indica os genótipos mais estáveis e com alta produtividade, com base na estatística EPI, proposta por KANG (1991).

Para obter o programa, os autores solicitavam um disquete (isto em 1995), mas com certeza poderá ser enviado anexo a um e-mail. Para isto, sugiro solicitar diretamente a um dos autores.

SASG x ESTAB

Este programa utiliza a plataforma SAS (SAS INSTITUTE, 1988) e foi proposto por HUSSEIN et al. (2000). Pode ser utilizado para dados balanceados para computar estatísticas uni e multivariadas para estabilidade fenotípica. Necessita do número de repetições (r), número de genótipos (p), número de ambientes (q), número de anos (y), Quadrado Médio dos blocos, Quadrado Médio de locais, Quadrado Médio do erro e o Quadrado Médio do erro ponderado pelo número de repetições (QMerro dividido por r). Pode ser utilizado para dados referentes a genótipo x local x ano (G x L x A) ou genótipo x local (G x L).

O programa calcula as estatísticas e e de Tai, com apresentação gráfica nos espaços e e e . Outras saídas do programa são a ecovalência de Wricke (W_i^2), a variância da estabilidade de Shukla ($\hat{\sigma}_i^2$), a estabilidade genotípica de Hanson (D_i^2), σ_i^2 de Plaisted e Peterson, σ_i^2 de Plaisted, a variância ambiental de Francis e Kannenberg (S_i^2) e o Coeficiente de Variação (CV).

Informa ainda estatísticas baseadas no posicionamento dos genótipos, como $S_i^{(2)}$, $S_i^{(3)}$, $S_i^{(6)}$ e de Nassar e Hühn, o método rank-sum de Kang. Fornece também a estabilidade tipo 4 (LIN et al., 1986), e a medida de superioridade (P_i) de Lin e Binns, dentre outros.

Particiona a interação GxE na parte devida à heterogeneidade das variâncias e na parte referente à correlação imperfeita dentro da performance genotípica (mensurada para cada genótipo), além de realizar a decomposição da matriz GxE em seus valores singulares.

GGEbiplot

Este programa possibilita uma análise gráfica em um gráfico biplot obtido de uma tabela de dupla entrada (genótipos x ambientes). Possibilita uma visualização interativa de diversas perspectivas. Utiliza o ambiente Windows® (Microsoft Corp.).

Proposto por YAN (2001), este programa possibilita, mas não se limita a: i) classificar os genótipos com base em suas performances em um dado ambiente qualquer, ii) classificar os ambientes de acordo com a performance relativa de um genótipo qualquer, iii) comparar a performance de qualquer par de genótipos em diferentes ambientes, iv) identificar o melhor genótipo em cada ambiente, v) agrupar os ambientes de acordo com o melhor genótipo, vi) avaliar os genótipos com base na média de produtividade e na estabilidade, vii) avaliar os ambientes baseado tanto na representatividade quanto na habilidade discriminatória destes e viii) visualizar estes aspectos eliminando-se alguns dos genótipos ou ambientes.

Maiores detalhes podem ser obtidos também em YAN e KANG (2002).

Uma versão de demonstração pode ser obtida em <http://www.ggebiplot.com/demo.htm> (acesso em 10/06/2003).

MATMODEL Análise AMMI

Com o objetivo de facilitar a utilização da análise AMMI, GAUCH e FURNAS (1991) desenvolveram o software MATMODEL, que utiliza uma versão igual ou superior

do MS-DOS 2.1 ou em ambiente Macintosh® (Apple Corp.).

Este programa permite: i) aumentar a eficiência das estimativas de estabilidade, ii) aperfeiçoar a seleção, iii) atribuir dados perdidos, iv) modelar e compreender melhor os genótipos, ambientes, interações, inclusive com gráficos biplot e v) planejar experimentos mais eficientes.

Infelizmente, seu custo o torna proibitivo para a maioria dos usuários (em 1991, era de US\$ 995,00 para usuários comuns e US\$ 500,00 para instituições de ensino).

CAPÍTULO 4

Considerações finais

4.1 RECOMENDAÇÕES REGIONALIZADAS

O estudo da interação GxE possui, ainda, diversas outras aplicações. Pode-se citar a avaliação e recomendação regionalizadas. Isto torna-se importante pois um programa de melhoramento, em princípio, possui uma região de abrangência que é definida em função de fatores geográficos, tecnológicos e comerciais, dentre outros (CHAVES, 2001). Com isso, um programa deve definir sua área de abrangência de acordo com suas possibilidades e/ou área de atuação, e a avaliação da interação GxE permitirá uma definição da área para a qual um dado genótipo deverá ser recomendado, otimizando sua performance e fornecendo um maior retorno aos agricultores.

CHAVES (2001) exemplifica a perda decorrente de uma recomendação generalizada quando comparada com uma feita para condições particulares, e considerada ideal, apesar de ser praticamente inviável na prática. Assim, segundo o exemplo deste autor, a maior produtividade média em dez ambientes é 6,600 t.ha⁻¹. Tomando-se o maior valor e obtendo-se a média, chega-se a 7,276 t.ha⁻¹. Dividindo-se o primeiro valor pelo segundo obtém-se a eficiência relativa da recomendação generalizada ($f = 6,600/7,276 = 0,907$). Nota-se que há uma perda de cerca de 10% quando se faz a recomendação generalizada em relação à recomendação considerada ideal. Isto pode tornar-se mais grave quanto maior for a discrepância entre a produtividade máxima alcançada por uma cultivar em um dado local e a produtividade média.

Buscando contornar estas perdas, procede-se à recomendação regionalizada, onde determinam-se sub-regiões dentro da região de avaliação, relativamente homogêneas do ponto de vista ambiental, para, desta forma, poderem ser indicados cultivares mais adaptados a estas sub-regiões. Para isto, é necessário que o ambiente possa ser classificado de acordo com condições passíveis de avaliação. Maiores detalhes podem ser encontrados em CHAVES (2001).

4.2 CONCLUSÕES

Com em qualquer área do conhecimento, na interação GxE também é fundamental

o conhecimento aprofundado de suas causas e conseqüências, para com isso poder minimizar os prejuízos e maximizar o uso de recursos e o retorno ao agricultor, considerando-se ainda os impactos sócioeconômico e ambiental que a atividade agrícola apresenta.

Neste sentido, o estudo de QTL's (Quantitative Trait Loci ou locos de caracteres quantitativos) poderá representar um grande avanço, permitindo que a seleção assistida por marcadores seja implementada, ou seja, selecionar as plantas que possuam os QTL's mais estáveis representará uma seleção para estabilidade fenotípica. Para isto, é necessário que mais estudos sejam realizados visando a compreensão do fenômeno das interações QTL x ambiente e QTL x idade. Assim, sendo possível mapear QTL's estáveis, será possível aumentar a eficiência da seleção para estabilidade fenotípica via seleção assistida por marcadores.

Além destas interações (QTL x ambiente e QTL x idade), atenção especial deve ser dada à QTL x background genético, que torna necessário um mapeamento para cada background genético envolvido no processo de melhoramento. Esta fato onera sobremaneira o uso de Seleção Assistida por Marcadores (SAM) para caracteres quantitativos. Daí a importância de compreender as interações que ocorrem com os marcadores associados a QTLs.

Por outro lado, com os avanços na área genômica espera-se que seja possível reduzir os efeitos dos fatores causadores de estresses, através da identificação, clonagem e transferência de genes associados à resistência ou tolerância a estes fatores para cultivares, tornando-as mais estáveis e minimizando os efeitos da interação GxE.

Espera-se que, com um maior entendimento dos fatores acerca da interação GxE, os programas de melhoramento possam alocar melhor seus recursos e implementar a seleção para estabilidade fenotípica desde suas fases iniciais. Para isto, é necessário que as estatísticas para análise desta estabilidade acompanhem este desenvolvimento.

Percebe-se claramente que, por ser um tema de ampla abrangência, será cada vez mais oportuno que equipes multidisciplinares sejam formadas para que a interação GxE possa ser melhor compreendida e utilizada, proporcionando um maior retorno àqueles que têm suas atividades relacionadas à agricultura. Outrossim, não seria exagero dizer que todos seriam beneficiados, uma vez que a agricultura permeia a vida de todos nós.

Referências bibliográficas

ALLARD, R.W.; BRADSHAW, A.D. Implications of genotype environmental interactions in applied plant breeding. **Crop Science**, v.4, p.503-508, 1964.

BACHIREDDY, V.R.; PAYNE Jr., R.; CHIN, K.L.; KANG, M.S. Conventional selection versus methods that use genotype x environment interaction in sweet corn trials. **HortScience**, v.27, n.5, p.436-438, 1992.

BECKER, H.C. Correlations among some statistical measures of phenotypic stability. **Euphytica**, v.30, p.835-840, 1981.

BORÉM, A. **Melhoramento de plantas**. 20ª ed. Viçosa: Editora UFV, 1997. 547 p.

BRADSHAW, A.D. Evolutionary significance of phenotypic plasticity. **Advances in Genetics**, v. 13, p. 115-153, 1965.

BREESE, E.L. The measurement and significance of genotype-environment interaction in grasses. **Heredity**, v.24, p.27-44, 1969.

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

CHAVES, L.J.; VENCOVSKY, R.; GERALDI, I.O. Modelo não-linear aplicado ao estudo da interação genótipo x ambiente em milho. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.24, p.259-268, 1989.

CORNELIUS, P.L.; SEYEDSADR, M.; CROSSA, J. Using the shifted multiplicative model to search for "separability" in crop cultivar trials. **Theoretical and Applied**

Genetics, v.84, n.1-2, p.161-172, 1992.

CROSSA, J.; CORNELIUS, P.L.; SEYEDSADR, M. Using the shifted multiplicative model cluster methods for crossover GE interaction. In.: KANG, M.S.; GAUCH Jr., H.G. (eds.) **Genotype-by-environment interaction**. Boca Raton: CRC Press, 1996. p. 199-234.

CROSSA, J.; CORNELIUS, P.L.; SEYEDSADR, M.; BYRNE, P. A shifted multiplicative model cluster analysis for grouping environments without genotypic rank change. **Theoretical and Applied Genetics**, v.85, n.5, p.577-586, 1993.

CROSSA, J.; CORNELIUS, P.L.; SAYRE, K.; ORTIZ-MONASTERIO, J.I. A shifted multiplicative model fusion method for grouping environments without cultivar rank change. **Crop Science**, v.35, p.54-62, 1995.

CRUZ, C.D., TORRES, R.A., VENCOVSKY, R. An alternative approach to the stability analysis proposed by Silva and Barreto. **Revista Brasileira de Genética**, v.12, n.3, p.567-580, 1989.

CRUZ, C.D.; REGAZZI, A.J. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. 2ª ed. rev. Viçosa: Editora UFV, 1997. 390 p.

DENIS, J.B.; GOWER, J.C. Asymptotic confidence regions for biadditive models: interpreting genotype-environment interactions. **Applied Statistics**, v.45, p.479-493, 1996.

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

DUARTE, J.B.; ZIMMERMANN, M.J.O. Comparison of three methods used for the adaptation and phenotypic stability in the common bean (*Phaseolus vulgaris* L). **Revista Brasileira de Genética**, v.15, n.1, p.125-136, 1992.

EBDON, J.S.; GAUCH Jr., H.G. Additive main effect and multiplicative interaction analysis of national turfgrass performance trials: I. Interpretation of genotype x environment interaction. **Crop Science**, v.42, p.489-496, 2002.

EBDON, J.S.; GAUCH Jr., H.G. Additive main effect and multiplicative interaction analysis of national turfgrass performance trials: II. Cultivar recommendations. **Crop Science**, v.42, p.497-506, 2002b.

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

ESKRIDGE, K.M. Selection of stable cultivars using a safety-first rule. **Crop Science**, v.30, p.369-374, 1990.

FALCONER, D.S. **Introdução à genética quantitativa**. Viçosa: Editora UFV, 1987. 279p.

FARIAS, F.J.C.; RAMALHO, M.A.P.; CARVALHO, L.P. de; MOREIRA, J.A.N.; COSTA, J.N. da Parâmetros de estabilidade propostos por Lin e Binns (1988) comparados com o método da regressão. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.32, n.4, p.407-414, 1997.

FERREIRA, A.B.H. **Dicionário Aurélio básico da língua portuguesa**. Rio de Janeiro: Editora Nova Fronteira, 1995. 687p.

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

FLORES, F.; MORENO, M.T.; CUBERO, J.I. A comparison of univariate and multivariate methods to analyze GxE interaction. **Field Crops Research**, v.56, n.3, p.271-286, 1998.

FOX, P.N.; SKOUMAND, B.; THOMPSON, G.K.; BRAUN, H.J.; CORMIER, R. Yield and adaptation of hexaploid spring triticale. **Euphytica**, v.47, p.57-64, 1990.

FRANCIS, T.R.; KANNEMBERG, L.W. Yield stability studies in short season maize. I. A descriptive method for grouping genotypes. **Canadian Journal of Plant Science**, v.58, p.1029-1034, 1978.

GAUCH Jr., FURNAS, R.E. Statistical analysis of yield trials with MATMODEL. **Agronomy Journal**, v.83, n.5, p.916-920, 1991.

GAUCH Jr., H.G. Prediction, parsimony and noise. **American Scientist**, v.81, p.468-478, 1993.

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

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

GAUCH Jr., H.G.; ZOBEL, R.W. Optimal replication in selection experiments. **Crop Science**, v.36, p.838-843, 1996b.

GORMAN, D.P.; KANG, M.S.; MILAM, M.R. Contribution of weather variables to genotype x environment interaction in grain sorghum. **Plant Breeding**, v.103, n.4, p.299-303, 1989.

HILL, J. Genotype-environment interaction: A challenge to plant breeding. **Journal of Agricultural Sciences**, v.85, p.477-499, 1975.

HOFFMANN, A.A.; PARSONS, P.A. **Evolutionary genetics and environmental stress**. 2ª ed. New York: Oxford University Press. 1996. 296 p.

HÜHN, M. Nonparametric analysis of genotype x environment interactions by ranks. In.: KANG, M.S.; GAUCH Jr., H.G. (eds.) **Genotype-by-environment interaction**. Boca Raton: CRC Press, 1996. p.235-271.

HÜHN, M. Nonparametric estimation and testing of genotype-by-environment interactions by ranks. In.: KANG, M.S. (ed.) **Genotype-by-environment interaction and plant breeding**. Baton Rouge: Louisiana State University Agricultural Center, 1990. p.63-93.

HÜHN, M. Nonparametric measures of phenotypic stability: I. Theory. **Euphytica**,

v.47, p.189-194, 1990b.

HÜHN, M. Nonparametric measures of phenotypic stability: II. Applications. **Euphytica**, v.47, p.195-201, 1990c.

HÜHN, M.; NASSAR, R. On tests of significance for nonparametric measures of phenotypic stability. **Biometrics**, v.45, p.997-1000, 1989.

HUSSEIN, M.A.; BJORNSTAD, A.; AASTVEIT, A.H. SASG x ESTAB: a SAS program for computing genotype x environment stability statistics. **Agronomy Journal**, v.92, n.3, p.454-459, 2000.

KANG, M.S. (ed.) **Genotype-by-environment interaction and plant breeding**. Baton Rouge: Louisiana State University Agricultural Center, 1990. 392 p.

KANG, M.S. Modified rank-sum method for selecting high yielding, stable crop genotypes. **Cereal Research Communication**, v.19, p.361-364, 1991.

KANG, M.S. Simultaneous selection for yield and stability in crop performance trials: consequence for growers. **Agronomy Journal**, v.85, p.754-757, 1993.

KANG, M.S. Using genotype-by-environment interaction for crop cultivar development. **Advances in Agronomy**, v.62, p.199-252, 1998.

KANG, M.S.; GAUCH Jr., H.G. (eds.) **Genotype-by-environment interaction**. Boca Raton: CRC Press, 1996. 416 p.

KANG, M.S.; MAGARI, R. STABLE: A basic program for calculating stability and yield-stability statistics. **Agronomy Journal**, v.87, p.276-277, 1995.

KANG, M.S.; MILLER, J.D.; DARRAH, L.L. A note on relationship between stability variance and ecovalence. **Journal of Heredity**, v.78, p.107, 1987.

KANG, M.S.; PHAM, H.N. Simultaneous selection for high yielding and stable crop genotypes. **Agronomy Journal**, v.83, p.161-165, 1991.

KANG, MS.; MILLER, J.D. Genotype x environment interactions for cane and sugar yield and their implications in sugarcane breeding. **Crop Science**, v.24, p.435-440, 1984.

LAVORENTI, N.A.; MATSUOKA, S. Combinação de métodos paramétricos e não-paramétricos na análise de estabilidade de cultivares de cana-de-açúcar. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.36, n.4, p.653-658, 2001.

LIN, C.S.; BINNS, M.R. A method of analyzing cultivar x location x year experiments: a new stability parameter. **Theoretical and Applied Genetics**, v.76, p.425-430, 1988.

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

LIN, C.S.; BINNS, M.R.; LEFKOVITCH, L.P. Stability analysis: Where do we stand? **Crop Science**, v.26, p.894-900, 1986.

LU, H.Y. PC-SAS program for estimating Hühn's nonparametric stability statistics. **Agronomy Journal**, v.87, p.888-891, 1995.

MANRIQUE, K.; HERMANN, M. Effect of GxE interaction on root yield and beta-carotene content of selected sweetpotato (*Ipomoea batatas* (L) Lam.) varieties breeding clones. **CIP Program report 1999-2000**, p.281-287, 2000.

MARIOTTI, J.A.; RAMAGOSA-CLARIANA, I. The nature of GxE interactions in sugarcane hybrid progenies. **Sugarcane**, n.3, p.12-16, 1994.

MARSHALL, D.M.; JAIN, S.K. Phenotypic plasticity in *Avena fatua* and *A. barbata*. **American Nature**, v.102, p.457-467, 1968.

MAZER, S.J.; SCHICK, C.T. Constancy of population parameters for life history and floral traits in *Raphanus sativus* L. I. Norms of reaction and the nature of genotype by environment interactions. **Heredity**, v.67, n.2, p.143-156, 1991.

McKEAND, S.E; LI, B.; HATCHER, A.V; WEIR, R.J. Stability parameter estimates for stem volume for loblolly pine families growing in different regions in the southeastern United States. **Forest Science**, v.36, p.10-17, 1990.

MEDINA, R.C Some exact conditional tests for the multiplicative model to explain genotype-environment interaction. **Heredity**, v.69, p.128-132, 1992.

MEREDITH Jr., W.R. Quantitative genetics. In.: KOHEL, R.J.; LEWIS, C.E. (eds.) **Cotton and cotton improvement**. Madison: ASACSSA, 1984. p.131-150.

MOOERS, C.A. The agronomic placement of varieties. **Journal of American Society of Agronomy**, v.13, p. 337-352, 1921.

NASSAR, R.; HÜHN, M. Studies on estimation of phenotypic stability: Tests of significance for nonparametric measures of phenotypic stability. **Biometrics**, v.43, p.45-53, 1987.

RAMALHO, M.A.P.; FERREIRA, D.F.; OLIVEIRA, A.C. **Experimentação em genética e melhoramento de plantas**. Lavras: Editora UFLA. 2000. 326 p.

RAMALHO, M.A.P.; SANTOS, J.B.; PINTO, C.B. **Genética na agropecuária**. 5ª ed. São Paulo: Editora Globo, 1989. 359 p.

ROSSE, L.N.; VENVOVSKY, R.; FERREIRA, D.F. Comparação de métodos de regressão para avaliar a estabilidade fenotípica em cana-de-açúcar. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.37, n.1, p.25-32, 2002.

SAS INSTITUTE. **SAS user's guide: statistics**. Cary: SAS Institute. 1988.

SHUKLA, G.K. Some statistical aspects of partitioning genotype-environmental components of variability. **Heredity**, v.29, n.2, p.237-245, 1972.

SHUKLA, G.K. Use of regression approach in the analysis of genotype-environmental interaction. **Journal of the Indian Society of Agricultural Statistics**,

v. 35, n.2, p.129-138, 1983.

SILVA, J.G.C.; BARRETO, J.N. Aplicação da regressão linear segmentada em estudos da interação genótipo x ambiente. In.: SIMPÓSIO DE ESTATÍSTICA APLICADA À EXPERIMENTAÇÃO AGRONÔMICA, 1., 1985, Campinas, **Resumos...** Piracicaba: Fundação Cargill, 1985. P.49-50.

SIMMONDS, N.W. Genotype (G), environment (E) and GE components of crop yields. **Exploited Agriculture**, v.17, p.355-362, 1981.

TAI, G.C.C. Genotypic stability analysis and its application to potato regional traits. **Crop Science**, v.15, p.827-833, 1971.

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

TRUBERG, B.; HÜHN, M. Contributions to the analysis of genotype x environment interactions: comparison of different parametric and non-parametric tests for interactions with emphasis on crossover interactions. **Journal of Agronomy and Crop Science**, v.185, n.4, p.267-274, 2000.

VENCOVSKY, R.; BARRIGA, P. **Genética biométrica no fitomelhoramento**. Ribeirão Preto: Sociedade Brasileira de Genética, 1992. 496 p.

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

VIA, S.; LANDE, R. evolution of genetic variability in a spatially heterogeneous environment: effects of genotype-environment interaction. **Genetics Research**, v.49. p.147-156, 1987.

VIA, S.; LANDE, R. Genotype-environment interaction and the evolution of phenotypic plasticity. **Evolution**, v. 39, p.505-522, 1985.

WRICKE, G. Zur berechnung der okovalenz bei sommerweizen und hafer.

Pflanzenzuchtung, v.52, p.127-138, 1962.

YAN, W. GGEbiplot a windows application for graphical analysis of multienvironment trial for data and other types of two-way data. **Agronomy Journal**, v.93, p.1111-1118, 2001.

YAN, W.; KANG, M.S. **GGE biplot analysis: a graphical tool for breeders, geneticists, and agronomists**. Boca Raton: CRC Press, 2002. 288 p.

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



*Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária
Centro de Pesquisa Agropecuária
dos Tabuleiros Costeiros*

*Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento
Av. Beira-Mar, 3250, Caixa Postal 44
CEP 49001-970, Aracaju, SE
Fone (0**79) 226-1300 Fax (0**79) 226-1369
E-mail: sac@cpatc.embrapa.br*

**MINISTÉRIO DA AGRICULTURA,
PECUÁRIA E ABASTECIMENTO**

