

UNIVERSIDADE FEDERAL DA GRANDE DOURADOS

**INTERAÇÃO GENÓTIPOS X AMBIENTES E VARIAÇÃO
ESPACIAL EM EXPERIMENTOS DE AVALIAÇÃO DE
GENÓTIPOS DE MILHO NO BRASIL CENTRAL**

EURIANN LOPES MARQUES YAMAMOTO

**DOURADOS
MATO GROSSO DO SUL
2018**

**INTERAÇÃO GENÓTIPOS X AMBIENTES E VARIAÇÃO
ESPACIAL EM EXPERIMENTOS DE AVALIAÇÃO DE
GENÓTIPOS DE MILHO NO BRASIL CENTRAL**

EURIANN LOPES MARQUES YAMAMOTO
Engenheira agrônoma

Orientador: PROF. DR. MANOEL CARLOS GONÇALVES

Co-orientadora: PROF^a. DR^a. LIVIA MARIA CHAMMA DAVIDE

Tese apresentada à Universidade Federal da Grande Dourados, como parte das exigências do Programa de Pós-Graduação em Agronomia - Produção Vegetal, para obtenção do título de Doutora.

Dourados
Mato Grosso do Sul
2018

Dados Internacionais de Catalogação na Publicação (CIP).

Y16i Yamamoto, Euriann Lopes Marques

Interação genótipos x ambientes e variação espacial em experimentos de avaliação de genótipos de milho no Brasil central / Euriann Lopes Marques
Yamamoto -- Dourados: UFGD, 2018.

125f. : il. ; 30 cm.

Orientador: Manoel Carlos Gonçalves

Co-orientadora: Livia Maria Chamma Davide

Tese (Doutorado em Agronomia) - Faculdade de Ciências Agrárias,
Universidade Federal da Grande Dourados.

Inclui bibliografia

1. Adaptabilidade e estabilidade. 2. REML/BLUP. 3. GGE-Biplot. 4.
AMMI-Biplot. 5. Modelos autorregressivos. I. Título.

Ficha catalográfica elaborada automaticamente de acordo com os dados fornecidos pelo(a) autor(a).

©Direitos reservados. Permitido a reprodução parcial desde que citada a fonte.

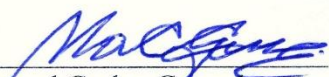
**INTERAÇÃO GENÓTIPOS X AMBIENTES E VARIAÇÃO ESPACIAL EM
EXPERIMENTOS DE AVALIAÇÃO DE GENÓTIPOS DE MILHO NO BRASIL
CENTRAL**

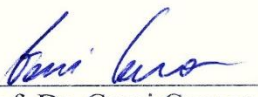
por

Euriann Lopes Marques Yamamoto


Tese apresentada à Universidade Federal da Grande Dourados, como parte das exigências do Programa de Pós-Graduação em Agronomia, área de concentração em Produção Vegetal, para obtenção do título de DOUTORA EM AGRONOMIA

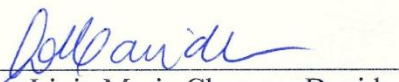
Aprovada em: 23/07/2018


Prof. Dr. Manoel Carlos Gonçalves
Orientador - UFGD/FCA


Prof. Dr. Gessi Ceccon
EMBRAPA/CPAO


Prof^a Dra. Liliam Silvia Candido
UFGD/FCBA


Prof. Dr. Adriano dos Santos
UENF/CCTA


Prof^a. Dra. Livia Maria Chamma Davide
Coorientadora - UFGD/FCA


Prof. Dr. Marcelo Corrêa da Silva
UFGD/FACE

Aos meus pais, meus primeiros exemplos de professores,
que me ensinaram a amar a Deus sobre todas as coisas.

DEDICO

“Vejo que não há nada melhor para o homem do
que alegrar-se com suas obras, pois essa é a parte
que lhe cabe” (Eclesiastes 3:22)

AGRADECIMENTOS

Agradeço ao meu Senhor e Salvador, por andar comigo sempre e me conduzir a lugares mais altos.

Agradeço aos meus pais por terem me ensinado a viver de maneira agradecida e satisfeita por tudo o que tenho conquistado.

Ao meu marido Natanael e aos meus filhos Estêvão e Estela, por terem entendido minha ausência em alguns momentos e por serem minha maior conquista pessoal.

À Universidade Federal da Grande Dourados e à Faculdade de Ciências Agrárias pela oportunidade de me especializar cursando o doutorado.

À Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES) por ter me concedido uma bolsa de estudos, contribuindo para meu aperfeiçoamento profissional.

Ao professor Dr. Manoel Carlos Gonçalves, pelos valiosos ensinamentos durante todo o curso, que me tornaram uma pesquisadora capacitada para buscar resolver todos os problemas que aparecerem.

À professora Dra. Livia Maria Chamma Davide, pela amizade e coorientação não só no período do doutoramento como na vida também.

À banca examinadora de pré-defesa e defesa, Dr. Diogo Rossoni, Dra. Liliam Silvia Candido, Dra. Anamari Motomiya, Dr. Gessi Ceccon, Dr. Marcelo Corrêa e Dra. Lívia Maria, pelas contribuições no aperfeiçoamento desta pesquisa.

Aos professores da Pós-graduação em Agronomia, Dra. Alessandra Alovisi, Dr. Gessi Ceccon, Dr. Jorge Cortez, Dr. Luiz Carlos, Dr. Manoel Gonçalves, Dr. Munir Mauad, Dr. Silvia Santos e Dr. Silvana Scalon, por terem contribuído para a minha formação profissional.

Aos colegas de curso e de graduação, Arthur Kenji, Wesley Souza, Renata Marchiori, Florencio David, Rose Trindade, Priscila Souza, Lucas Shirota, Priscila Carvalho, Beatriz de Oliveira, Samuel Silva, Jessica Aline, Murilo Bitencourt, pela ajuda nos experimentos a campo e nas análises estatísticas.

Aos professores e amigos do bloco 2, Carla Carducci, Vanderleia Schoeninger, Maria Aparecida, Fabrício de Oliveira, Mábio José, Cleonice Hilbing, Eloise Mello, Cláucia Aparecida, Elisângela Dupas, dona Cleide e dona Sofia, pelos momentos de amizade e de risadas.

SUMÁRIO

LISTA DE QUADROS	viii
LISTA DE TABELAS	ix
LISTA DE FIGURAS	xi
RESUMO GERAL	xii
ABSTRACT	xiii
1 INTRODUÇÃO GERAL	1
2 REFERENCIAL TEÓRICO.....	3
2.1 Produção e utilização de milho	3
2.2 Abordagens do melhoramento genético de plantas	4
2.3 Interação entre genótipos e ambientes (GxA).....	6
2.4 Adaptabilidade e estabilidade	8
2.5 Análise de variância clássica	13
2.6 Modelos autorregressivos	16
2.6.1 Modelo espacial autorregressivo (SAR).....	17
2.6.2 Estimção do parâmetro ρ	20
2.6.3 Análise de variância de modelo autoregressivo (ANOVA-AR)	20
3 REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS	22
CAPÍTULO I.....	28
RESUMO	28
ABSTRACT	29
1 INTRODUÇÃO.....	30
2 MATERIAL E MÉTODOS.....	32
2.1 Origem dos dados e execução experimental.....	32
2.2 Análises estatísticas individuais e análise conjunta.....	34
2.3 Análises de adaptabilidade e estabilidade.....	35
2.3.1 Método de Eberhat e Russel (1966)	35
2.3.2 Método de Lin e Binns (1988) com decomposição.....	36
2.3.3 Método AMMI-Biplot	37
2.3.4 Método GGE-Biplot	38
2.3.5 Método MHPRVG via REML/BLUP	39
2.3.6 Correlação de Spearman	41
3 RESULTADOS E DISCUSSÃO	42
3.1 Classificação dos ambientes avaliados	44
3.2 Método Eberhart e Russel (1966)	46
3.3 Método Lin e Binns (1988) com decomposição.....	49

3.4	Método AMMI-Biplot	52
3.5	Método GGE-Biplot	57
3.6	Método MHPRVG via REML/BLUP.....	63
3.7	Comparações entre os métodos utilizados	68
4	CONCLUSÕES	72
5	REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS	73
CAPÍTULO II.....		80
RESUMO		80
ABSTRACT		81
1	INTRODUÇÃO.....	82
2	MATERIAL E MÉTODOS.....	84
2.1	Descrição dos dados experimentais	84
2.2	Análises de variâncias.....	87
3	RESULTADOS E DISCUSSÃO	91
3.1	Estimação do coeficiente de autocorrelação	91
3.2	Estimação de parâmetros de precisão experimental	93
3.3	Efeitos da ANOVA-AR no ordenamento de genótipos.....	100
4	CONCLUSÕES	103
5	REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS	104
APÊNDICES		107

LISTA DE QUADROS

CAPÍTULO I

Quadro 1. Informações sobre a localização dos nove experimentos de milho na região do Brasil Central. 32

Quadro 2. Informações a respeito dos 36 genótipos de milho utilizados nos nove ambientes da safra 2012/2013. 33

CAPÍTULO II

Quadro 1. Informações sobre a localização e ano de avaliação dos 14 experimentos de genótipos de milho em condição de adubação nitrogenada (ideal) e em condição de estresse (baixo). 84

Quadro 2. Informações gerais, média, coeficiente de variação (CV) e acurácia para 14 experimentos de milho em condição de adubação nitrogenada (ideal) e condição de estresse (baixo). 85

Quadro 3. Análise química do solo da camada 0-20 cm de profundidade das áreas experimentais dos 14 experimentos de genótipos de milho em condição de adubação nitrogenada (ideal) e em condição de estresse (baixo). 86

LISTA DE TABELAS

REFERENCIAL TEÓRICO

Tabela 1. Análise de variância para um delineamento em blocos casualizados.....	16
Tabela 2. Padrões de proximidade em função do raio r.	18
Tabela 3. Análise de variância de modelo autoregressivo (ANOVA-AR).....	21




CAPÍTULO I

Tabela 1. Análise de variância individual para a produtividade de grãos (kg ha ⁻¹), de 36 genótipos de milho nos nove ambientes da região do Brasil Central na safra 2012/2013.	42
Tabela 2. Resumo da análise de variância conjunta para produtividade de grãos (kg ha ⁻¹) considerando 36 genótipos de milho avaliados em nove ambientes da região Central do Brasil.....	43
Tabela 3. Índice ambiental para os métodos de Eberhart e Russel (1966) e Lin e Binns (1988) com decomposição, condição favorável e desfavorável pelo método MHPRVG via REML/BLUP e instável e estável para os métodos AMMI-Biplot e GGE-Biplot...	45
Tabela 4. Coeficiente da regressão linear (β_{1i}), desvios da regressão (σ^2_{di}) e coeficiente de determinação (R^2), para o método Eberhart e Russel (1966), referentes à produtividade de grãos (kg ha ⁻¹) de 36 genótipos de milho avaliados em nove ambientes do Brasil. ..	47
Tabela 5. Estimativas dos parâmetros P_i geral ($P_{i(g)}$), P_i favorável ($P_{i(f)}$) e P_i desfavorável ($P_{i(d)}$) e valor genético (VG) para o método Lin e Binns (1988) com decomposição, referentes a produtividade de grãos (kg ha ⁻¹) de 36 genótipos de milho avaliados em nove ambientes da região Central do Brasil na safra 2012/2013.	50
Tabela 6. Resultados dos testes de Gollob e de Cornelius da análise AMMI para a produtividade de grãos (kg ha ⁻¹) de 36 genótipos de milho avaliados em nove ambientes da região Central do Brasil na safra 2012/2013.	52
Tabela 7. Ordenamento e valor de estabilidade AMMI (<i>AMMI stability value</i> - ASV) referente à produtividade de grãos (kg ha ⁻¹) 36 genótipos de milho avaliados em nove ambientes da região Central do Brasil na safra 2012/2013.	56
Tabela 8. Estimativa de componentes de variância referente à produtividade de grãos (kg ha ⁻¹) de 36 genótipos de milho avaliados em nove ambientes da região Central do Brasil na safra 2012/2013.	64
Tabela 9. Estimativa de componentes de variância para ambientes favoráveis e desfavoráveis referente a produtividade de grãos (kg ha ⁻¹) de 36 genótipos de milho avaliados em nove ambientes da região Central do Brasil na safra 2012/2013.	66
Tabela 10. Coeficientes de correlação de Spearman entre os parâmetros de análises de adaptabilidade e estabilidade pelos métodos Eberhart e Russel (1966) (β_{1i} e σ^2_{di}), Lin e Binns (1988) com decomposição (P_{ig} , P_{if} e P_{id}), AMMI-Biplot (AMMI), GGE-Biplot (GGE) e MHPRVG via REML/BLUP (MM), referente a média produtividade de grãos (kg ha ⁻¹) de 36 genótipos de milho avaliados em nove ambientes da região Central do Brasil na safra 2012/2013.	70

CAPÍTULO II

Tabela 1. Análise de variância de modelo autoregressivo (ANOVA-AR).....	89
Tabela 2. Estimativa do parâmetro ρ (h), teste de razão de verossimilhança (LRT) e o raio adotado para cada um dos 14 experimentos de milho em condição de adubação nitrogenada (ideal) e condição de estresse (baixo).....	91
Tabela 3. Análise de variância tradicional e análise de variância com modelos autorregressivos (ANOVA-AR), com os coeficientes de determinação (R^2) e acurácia (rgg) para os experimentos de 1 a 6, em condição de adubação nitrogenada (ideal) e condição de estresse (baixo).....	94
Tabela 4. Análise de variância tradicional e análise de variância com modelos autorregressivos (ANOVA-AR), com os coeficientes de determinação (R^2) e acurácia (rgg) para os experimentos de 7 a 10, em condição de adubação nitrogenada (ideal) e condição de estresse (baixo).....	97
Tabela 5. Análise de variância tradicional e análise de variância com modelos autorregressivos (ANOVA-AR), com os parâmetros coeficiente de determinação (R^2) e acurácia (rgg), para os experimentos de 11 a 14, em condição de adubação nitrogenada (ideal) e condição de estresse (baixo).....	98
Tabela 6. Correlação de Spearman entre o ordenamento gerado pela ANOVA tradicional e pela ANOVA-AR para dados de 14 experimentos de milho em condição de adubação nitrogenada (ideal) e condição de estresse (baixo).....	101

LISTA DE FIGURAS

- Figura 1. Padrões de proximidade segundo Gumpertz, Graham e Ristaino (1997), em que  representa a parcela de referência e  representa as parcelas vizinhas consideradas na comparação e  representa as demais parcelas. 18
- Figura 2. Gride regular com seis observações. 19
- Figura 1. Biplot da análise AMMI1 para produtividade de grãos (kg ha^{-1}) de 36 genótipos de milho avaliados em nove ambientes da região Central do Brasil na safra 2012/2013. Dourados-MS, 2018. Legenda: Slagoas: Sete Lagoas-MG, Lond: Londrina-PR, Goia: Goiania-GO, Jana: Janaúba-MG, Plan: Planaltina-GO, Parag: Paragominas-PA, Altam: Altamira-PA, CGrande: Campo Grande-MS, Mand: Manduri-SP..... 54
- Figura 2. Gráfico GGE Biplot: “*which-won-where*” referente à produtividade de grãos (kg ha^{-1}) de 36 genótipos de milho avaliados em nove ambientes da região Central do Brasil na safra 2012/2013. 58
- Figura 3. Gráfico GGE Biplot: média x estabilidade, referente à produtividade de grãos (kg ha^{-1}) de 36 genótipos de milho avaliados em nove ambientes da região Central do Brasil na safra 2012/2013. 59
- Figura 4. Gráfico GGE-Biplot: estimativa do genótipo ideal, referente à produtividade de grãos (kg ha^{-1}) de 36 genótipos de milho avaliados em nove ambientes da região Central do Brasil na safra 2012/2013. 61
- Figura 5. Gráfico GGE-Biplot: discriminativo x representativo, referente à produtividade de grãos (kg ha^{-1}) de 36 genótipos de milho avaliados em nove ambientes da região Central do Brasil na safra 2012/2013. 62
- Figura 6. Médias de valores genotípicos (VG) referente à produtividade de grãos (kg ha^{-1}) de 36 genótipos de milho avaliados em nove ambientes da região Central do Brasil na safra 2012/2013. 65
- Figura 7. Médias de MHPRVG*MG referente à produtividade de grãos (kg ha^{-1}) de 36 genótipos de milho avaliados em nove ambientes da região Central do Brasil na safra 2012/2013. 65
- Figura 8. Diagrama de dispersão em ambientes favoráveis e desfavoráveis para MHPRVG*MG referente a produtividade de grãos (kg ha^{-1}) de 36 genótipos de milho avaliados em nove ambientes da região Central do Brasil na safra 2012/2013. 67

INTERAÇÃO GENÓTIPOS X AMBIENTES E VARIAÇÃO ESPACIAL EM EXPERIMENTOS DE AVALIAÇÃO DE GENÓTIPOS DE MILHO NO BRASIL CENTRAL

RESUMO GERAL

YAMAMOTO, Euriann Lopes Marques. Universidade Federal da Grande Dourados. **Interação genótipos x ambientes e variação espacial em experimentos de avaliação de genótipos de milho no Brasil central**. 2018. 139 f. Orientador: Dr. Manoel Carlos Gonçalves.

Para uma seleção promissora de genótipos produtivos de milho devem ser utilizados procedimentos estatísticos acurados, que promovam maior precisão na comparação das médias. Esta maior precisão e acurácia podem ser obtidas pelo uso de diferentes ferramentas estatísticas como o estudo da adaptabilidade e estabilidade dos genótipos e, também, pela detecção da dependência espacial em experimentos. O primeiro capítulo teve como objetivos: 1. Estimar os parâmetros de adaptabilidade e estabilidade da produtividade de grãos de milho em diversos ambientes utilizando diferentes métodos de estimação; e, 2. Comparar cinco métodos de adaptabilidade e estabilidade quanto à capacidade discriminatória para a recomendação de genótipos de milho no Brasil Central. Para o primeiro capítulo foram realizadas análises de adaptabilidade e estabilidade com cinco diferentes métodos estatísticos, considerando dados de 36 genótipos de milho cultivados em nove diferentes regiões de cultivo da região Brasil Central. Foram utilizadas as metodologias de Eberhart e Russel (1966), Lin e Binns (1988) com decomposição, efeitos aditivos e interação multiplicativa (AMMI-Biplot), genotype+genotype-by-environment (GGE-Biplot) e o método média harmônica da performance relativa dos valores genéticos via REML/BLUP (MHPRVG). Os métodos possuem similaridades na ordenação dos genótipos, mas diferem com relação a precisão e a quantidade de informação fornecida sobre a interação GxA. O método GGE-Biplot retém maior proporção da soma de quadrado total e pode informar que a interação simples foi predominante quando comparado ao método AMMI-Biplot. O método Lin e Binns (1988) com decomposição foi capaz de selecionar genótipos, produtivos, adaptados e estáveis sob interação do tipo simples. Os métodos MHPRVG e GGE-Biplot devem ser utilizados em conjunto para a seleção dos genótipos mais promissores. Sint. 10771 e o Sint. 10697 foram recomendados para cultivo na região do Brasil Central por apresentarem adaptabilidade, estabilidade e produtividade. No segundo capítulo, os objetivos foram: 1. Comparar as estimativas de maior precisão experimental (quadrado médio do erro, valor F, coeficiente de determinação e acurácia) da análise de variância tradicional com a análise de variância com modelo autorregressivo em 14 experimentos de milho em condição de adubação nitrogenada (ideal) e os experimentos em condição de estresse (baixo); e, 2. Verificar se existe diferença com relação aos erros correlacionados entre os experimentos em condição de adubação nitrogenada (ideal) e os experimentos em condição de estresse (baixo). A análise de variância por modelo autorregressivo forneceu valores de parâmetros de precisão experimental semelhante aos expressos pela análise de variância tradicional e não houve diferença em relação aos erros correlacionados em experimentos com e sem a adubação nitrogenada.

Palavras-chave: adaptabilidade e estabilidade; REML/BLUP; GGE-Biplot; AMMI-Biplot; modelos autorregressivos.

**INTERACTION OF GENOTYPES X ENVIRONMENTS AND SPATIAL
VARIATION IN EXPERIMENTS OF EVALUATION OF MAIZE
GENOTYPES IN CENTRAL BRAZIL**

ABSTRACT

YAMAMOTO, Euriann Lopes Marques. **Interaction of genotypes x environments and space variation in experiments of evaluation of maize genotypes in central Brazil**. 2018. 139 p. Advisor: Dr. Manoel Carlos Gonçalves.

For a promising selection of productive genotypes, accurate statistical procedures should be used to improve most precision in the comparison of means. This greater precision and accuracy can be obtained by the use of different statistical tools such as the study of adaptability and stability of genotypes in evaluation and also by the detection of spatial dependence, which may result in greater spatial variability of the study variables. The first chapter had as objectives: 1. To estimate parameters of adaptability and stability of productivity in different environments using five estimation methods. 2. To compare five adaptability and stability methods regarding the discriminatory capacity to recommendation of maize genotypes to Central Brazil region. To the first chapter, adaptability and stability analyzes with different statistical methods were performed, considering data from 36 maize genotypes grown in nine different cultivation regions of the Central Brazil region. We used the methods Eberhart e Russel (1966), Lin e Binns (1988) with decomposition CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2012), additive Main effect and Multiplicative Interaction (AMMI-Biplot), genotype+genotype interaction (GGE-Biplot) and harmonic means of the relative performance of genetic values by REML/BLUP (MHPRVG). The methods have similarities in ordering genotypes, but they are different in relation to the precision and information provided about GxE interaction. GGE-Biplot method retains a greater proportion of the total square sum and may report that the simple interaction was predominant when compared to AMMI-Biplot method. Lin e Binns (1988) with decomposition was able to provide genotypes productive, adapted and stable, under the simple type interaction. The MHPRVG and GGE-Biplot methods should be used together to select most promising genotypes. Sint. 10771 and Sint. 10697 were recommended for cultivation in the Central Brazil region due to their adaptability, stability and productivity. In the second chapter, the objectives were: 1. To compare parameters of experimental precision of traditional variance analysis with the analysis of variance by autoregressive model in 14 maize experiments with nitrogen fertilization condition (ideal) and stress condition (low); and, 2. To verify if there is difference with respect to the correlated errors between experiments with nitrogen fertilization condition (ideal) and stress condition (low). The analysis of variance by autoregressive model provided values of parameters of experimental precision similar to those expressed by the analysis of traditional variance and there was no difference in relation to the errors correlated in experiments with nitrogen fertilization condition (ideal) and stress condition (low).

Keywords: adaptability and stability; REML/BLUP; GGE-Biplot; AMMI-Biplot; autoregressive models.

1 INTRODUÇÃO GERAL

O milho é o segundo grão mais cultivado em todo o mundo, precedido pela soja, e um dos mais importantes dentro do cenário da produção agropecuária. Algumas das principais utilizações deste cereal que justificam tal afirmação são: principal fonte de energia para a nutrição de aves e suínos, participação na alimentação humana em forma de flocos, farinha e óleo, além de fazer parte da indústria alimentícia e de bebidas e ser uma importante matriz energética na produção de biocombustível como o etanol (CONAB, 2017a; ABUZAR et al., 2011).

A produtividade por área do milho pode ser definida como a quantidade máxima da matéria seca advinda da semente que pode ser acumulada pela planta em condições ideais. O potencial máximo de produtividade será obtido pela planta cultivada em ambiente adaptado, que recebeu recursos suficientes de água e nutrientes, sem qualquer estresse abiótico ou biótico (LEIBMAN et al., 2014). No entanto, normalmente a produtividade máxima não é alcançada em condições de campo, devido aos efeitos de fatores ambientais (previsíveis ou não-previsíveis) como excesso ou falta de chuvas ou qualquer outro estresse que não seja favorável ao crescimento ideal da planta. O tipo de solo, a adição ou não de nitrogênio, a variação das condições edafoclimáticas também exercem forte influência sobre o desempenho final da cultura do milho.

A interação genótipos x ambientes (GxA) informa sobre o desempenho dos genótipos frente às variações do ambiente. Em fases finais nos programas de melhoramento genético de plantas, a constatação de interação GxA pode resultar em alteração no ordenamento dos genótipos nos diferentes ambientes. Além disso, procedimentos estatísticos que auxiliam na tomada de decisão nas fases finais de seleção, também podem influenciar diretamente na recomendação de genótipos superiores. Se além dessas questões, forem consideradas informações a respeito da localização de parcelas, com vistas ao aprimoramento da precisão experimental, a recomendação de genótipos pode acabar se tornando uma tarefa de grande desafio.

O estudo da adaptabilidade e estabilidade de genótipos e o uso de uma ferramenta estatística que permita estimar a dependência espacial existente entre as observações em experimentos agrícolas, podem servir de base para a obtenção de cultivares promissoras e, conseqüentemente, promover o aumento da produtividade das culturas.

Este trabalho está dividido em dois capítulos que tem como objetivos: 1. Estimar os parâmetros de adaptabilidade e estabilidade da produtividade de grãos de milho em nove ambientes do Brasil Central, utilizando diferentes métodos estatísticos de estimação; e 2. Comparar e analisar os resultados da análise de variância tradicional (erros independentes) com a análise de variância com modelo autoregressivo (erros correlacionados) em experimentos de milho em condições contrastantes de adubação nitrogenada.

2 REFERENCIAL TEÓRICO

2.1 Produção e utilização de milho

O milho pode ser produzido em todos os continentes, com exceção da Antártica. Os Estados Unidos são responsáveis pela maior produção em nível mundial, seguida da China, Brasil, Europa e Argentina (FOLGER, 2018).

O milho pode ser utilizado para a alimentação de aves e suínos, produção de etanol e óleo vegetal (ABUDABOS et al., 2017). Mas também é intensamente utilizado para o consumo direto na forma de milho verde, farelos, fubá, farinhas, doces e também na indústria química, farmacêutica e de bebidas (ARCE; SPOTO; CASTELLUCCI, 2015).

O Brasil é o único país do mundo no qual as condições edafoclimáticas permitem o cultivo do milho em duas épocas do ano. A primeira safra é mais cultivada na Região Centro-Sul e a segunda safra, maior que a primeira, é cultivada em sucessão à soja e colhida no verão (IMEA, 2015). Na safra 2017/2018, a produção total das culturas de grãos no país foi estimada em 229,5 milhões de toneladas, sendo a segunda maior da história do país. O milho é a segunda cultura com maior representatividade dentro da agricultura brasileira, teve uma produção estimada em 92,3 milhões de toneladas distribuídas entre a primeira e a segunda safra (CONAB, 2017a).

Na safra de 2016/2017, o milho de primeira safra foi cultivado em 25 estados brasileiros e no Distrito Federal, abrangendo uma área plantada de 5.649,3 milhões de hectares com produtividade média de 5.268 kg ha⁻¹. Já o milho de segunda safra foi cultivado em 21 estados e no Distrito Federal, com uma área plantada de 10.999,4 milhões de hectares e produtividade média de 5.305 kg ha⁻¹. A área plantada com o milho de segunda safra vem aumentando a cada ano, juntamente com a produtividade média do período (IBGE, 2017), devido à introdução de novas tecnologias e cultivares (MANGILI; ELY, 2016). Dentre estas novas tecnologias podem ser citadas a colheita antecipada da soja no verão e também o uso de genótipos do tipo indeterminado.

A região Centro-Oeste é a maior produtora com 41 milhões de toneladas de grãos. O Mato Grosso é o maior estado produtor, seguido do Paraná, Goiás e do Mato Grosso do Sul (IBGE, 2017). Desde a safra de 2015/2016, a tendência é de aumento da produção em quase todas as regiões do país, em virtude da melhoria das

condições climáticas nas principais fases de desenvolvimento da cultura (CONAB, 2017b).

O estado do Mato Grosso do Sul, na safra de 2016/2017, teve uma produtividade média de 8.500 kg ha⁻¹ e de 5.023 kg ha⁻¹ para o milho de primeira e segunda safra, respectivamente (CONAB, 2017b). Essa diferença de produtividade pode ser atribuída a deficiência hídrica e a ocorrência de geadas na região, representando as duas principais causas de perdas na cultura do milho de segunda safra (FIETZ et al., 2013).

Uma das formas de aumentar a produtividade por área plantada é por meio da melhora do ambiente de produção, ou seja, pelo bom preparo de solo e adubação equilibrada, controle de pragas e doenças, ou pela irrigação. No entanto, essa melhora do ambiente pode acarretar em maiores custos de produção e, em alguns casos, em poluição ambiental. Assim, a maneira mais sustentável e eficiente de elevar a produtividade é por meio da obtenção de cultivares com maior potencial produtivo aliado ao ambiente adequado (CARGNIN, 2007).

2.2 Abordagens do melhoramento genético de plantas

O melhoramento genético de plantas participa do desenvolvimento da agricultura por meio do aumento da produtividade das culturas, com maior crescimento econômico. Essa mesma atividade alimenta, veste e promove o transporte de uma crescente população global que possui dietas específicas (KHOURY et al., 2014).

De acordo com Noleppa (2016), o acesso a variedades melhoradas tornou-se o fator mais importante para o aumento na produção de culturas da União Europeia. No Brasil, Ramalho, Dias e Carvalho (2012) relatam que a obtenção de cultivares melhores que as já existentes é uma das tecnologias que mais contribuiu com o sucesso agrícola do país.

Diante da imperativa necessidade em aumentar a produção agrícola em mais de 50% até 2050 (HUNTER et al., 2017), o melhoramento de plantas tem se tornado cada vez mais uma ferramenta imprescindível no aumento de produtividade. A produção de cereais (entre estes o milho) deverá aumentar para três bilhões de toneladas ano⁻¹ em relação aos 2,5 bilhões já produzidos atualmente (FAO, 2017).

Esse aumento vem sendo incentivado pela Food and Agriculture Organization of the United Nations (FAO) – Organização das Nações Unidas para

Alimentação e Agricultura (ONU), no Brasil. O guia *Save and Grow* da FAO, orienta a produção agrícola sustentável das culturas do milho, arroz e sorgo, e as destaca como as principais responsáveis pela segurança alimentar do mundo (FAO, 2016). Por este motivo é urgente a necessidade de pesquisas voltadas para o melhoramento genético do milho, já que esta é a cultura mais adaptada às diversas condições ambientais de cultivo do Brasil e do mundo.

Outra abordagem do melhoramento genético é a obtenção de genótipos tolerantes ao uso de baixo nível de insumos, como o uso de fertilizantes nitrogenados. O nitrogênio é o nutriente que mais favorece a obtenção de altas produtividades no milho e, conseqüentemente, o que mais eleva os custos de produção. A maioria dos programas de melhoramento genético desenvolvem seu germoplasma sob altas condições de nitrogênio no solo e normalmente ignoram a seleção genética sob eficiência no uso do nitrogênio, já que esta é uma característica complexa que está estreitamente relacionada às condições do solo (KAMPRATH; MOLL; RODRIGUEZ, 1982; BUEREN; STRUIK, 2017).

No entanto, esta deve ser uma realidade para esses programas já que alguns produtores têm deixado de aplicar nitrogênio em seus cultivos devido aos altos custos de produção e a elevada contaminação ambiental pelos fertilizantes nitrogenados (ERISMAN et al., 2008). Nesse aspecto, torna-se necessário a obtenção de cultivares mais adequadas para sistemas agrícolas que fazem o uso de baixo nível de insumos. Nesses ambientes, podem ser alcançadas produções sustentáveis, com menor custo e com uso adequado dos recursos ambientais (FESS; KOTCON; BENEDITO, 2011).

A obtenção de plantas eficientes no uso de nitrogênio foi verificada por Zhan e Lynch (2015). Estes pesquisadores observaram que a redução na ramificação das raízes laterais e a promoção de raízes laterais mais longas faz com que as plantas apresentem melhor desempenho sob condições de baixo nitrogênio. Essa reestruturação das raízes requer menos energia para crescer e faz com que as plantas invistam mais recursos no desenvolvimento da planta acima do solo. Alguns testes realizados em solo americano com baixo nível de nitrogênio demonstraram que os genótipos com a presença de raízes laterais mais longas produziram 30% acima da produtividade do que os genótipos com raízes laterais curtas.

Heinz et al. (2012), avaliando linhagens parcialmente endogâmicas para a obtenção de híbridos eficientes no uso de nitrogênio, encontraram linhagens potenciais para serem utilizadas em programas de melhoramento genético. Prado (2016) avaliou

progênes de meios-irmãos (PMI pela seleção recorrente intrapopulacional em condições contrastantes de nitrogênio, selecionando PMI's com potencial de serem utilizadas em programas de melhoramento genético para eficiência no uso de nitrogênio.

2.3 Interação entre genótipos e ambientes (GxA)

Archibald E. Garrod foi o primeiro cientista a notar que o efeito dos genes no fenótipo pode ser modificado pelo ambiente (GARROD,1902 citado por GARROD; OXON, 2002). Consequentemente, essa influência do ambiente resulta numa desuniformidade no desempenho de genótipos atribuída a uma interação entre os fatores genéticos e ambiental. Dentre as várias definições existentes, a interação genótipos x ambientes (interação GxA) pode ser definida como o comportamento diferencial de genótipos quando submetido a diferentes ambientes.

Com a atual regionalização do cultivo do milho no Brasil, os programas de melhoramento têm desenvolvido híbridos adaptados a cada ambiente e cada vez mais responsivos ao uso de tecnologias. As atividades de avaliação de cultivares nos períodos de primeira e segunda safra permitem conhecer os ambientes e o local onde o genótipo apresenta melhor desempenho, podendo-se comparar suas vantagens e limitações nas diferentes regiões (BORGHI et al., 2017).

A constatação de interação GxA expressa que os genótipos não possuem um padrão de desempenho semelhante em relação à diversidade espacial e/ou temporal dos ambientes. Isso significa que, de maneira geral, a obtenção de cultivares promissoras torna-se um desafio para um grande número de ambientes (BORGHI et al., 2017). O efeito do ambiente na manifestação fenotípica dos genótipos, reduz a correlação existente entre os valores fenotípicos e genotípicos, gerando dificuldades na seleção e recomendação de genótipos estáveis e adaptados (CAMARGO-BUITRAGO; INTIRE; GORDÓN-MENDOZA, 2011; GAUCH, 2013).

Para fins de caracterização, a interação GxA pode ser decomposta em duas partes. A primeira denominada parte simples, diz respeito à diferença na variabilidade entre genótipos nos ambientes (mudanças apenas nos valores absolutos) e a segunda, denominada parte complexa, refere-se a alterações na classificação genotípica nos diferentes ambientes (ROBERTSON, 1959; GAUCH, 2013).

Vasconcelos et al. (2010) destacam que uma interação significativa aliada com características ambientais previsíveis pode indicar uma oportunidade de exploração. Por ser um fenômeno natural, a interação GxA faz parte da evolução das espécies e promove o surgimento de genótipos estáveis, aptos a ambientes específicos, ou genótipos com desempenho geral e com ampla adaptação (CHAVES, 2001). A adaptação de cultivares a ambientes específicos pode fazer o diferencial na seleção entre uma cultivar boa e uma excelente (CARDOSO et al., 2012).

De acordo com Ramalho, Ferreira e Oliveira (2005), a avaliação de genótipos em uma única localidade pode superestimar a estimativa do componente genético da variação, e conseqüentemente, a estimativa de herdabilidade e dos ganhos previstos com a seleção. Nesse sentido, ao final da fase de avaliação de genótipos devem ser conduzidos ensaios em mais de um local, com o objetivo de estimar a variação devido a interação GxA.

Um dos objetivos centrais dos programas de melhoramento é estimar o quanto da variação fenotípica se deve à interação GxA (RAMALHO et al., 2012). Como forma de reduzir a influência da GxA são efetuados procedimentos estatísticos específicos que permitem identificar com elevada precisão, genótipos potenciais com comportamento previsível e que sejam responsivos às variações ambientais, em condições específicas ou amplas (CRUZ; CARNEIRO; REGAZZI, 2014).

O erro experimental e a estimativa da magnitude da interação GxA são obtidos de maneira semelhante. O que diferencia é a origem da variação. Enquanto o erro experimental representa uma medida associada às parcelas experimentais, a interação GxA é resultante das médias das repetições dos tratamentos (combinação genótipo ambiente). Em ambos os casos, a análise de variância busca decompor a variação dos dados entre as fontes de variação existentes. O desdobramento realizado particiona adequadamente a variação dos dados em efeitos principais, e também, em uma variação residual denominada erro (parcelas experimentais) ou como interação entre fatores (média de genótipos). Assim, a interação GxA é estimada como sendo um resíduo do ajuste dos efeitos principais (genótipos e ambientes), podendo fornecer a magnitude dessa interação, sem, contudo, detalhar o posicionamento dos genótipos em cada local avaliado (CRUZ; CARNEIRO; REGAZZI, 2014).

Até 1950, os efeitos da interação GxA eram estimados apenas pela média geral, proveniente do desempenho médio dos genótipos em diferentes locais e anos (FINLAY; WILKISON, 1963). No entanto, o uso de modelos interpretativos simples

que possuem apenas os efeitos principais aditivos de genótipos e ambientes não devem ser utilizados para a interpretação da interação GxA (GONÇALVES; FRITSCHENETO, 2012).

Vários procedimentos estatísticos têm sido desenvolvidos com o objetivo de interpretar a interação GxA (SILVA; DUARTE, 2006). Um deles é por meio do estudo da adaptabilidade e estabilidade fenotípica que tem se destacado como característica chave dentro dos programas de melhoramento genético do milho, pois fornece cultivares desenvolvidas especificamente para macro ou microrregiões de cultivos (BORGHI et al., 2017).

Atualmente, a busca é por genótipos com boa previsibilidade, altamente produtivo em ambientes favoráveis e que consiga expressar uma produtividade mínima quando sob o efeito de algum tipo de estresse. O estresse por si só já representa uma infinidade de causas como seca, frio, doenças, entre outros, e a resistência/tolerância ao estresse, em geral não está correlacionado à obtenção de altas produtividades (NIHEI, 2015).

2.4 Adaptabilidade e estabilidade

Existem muitas definições para os termos adaptabilidade e estabilidade fenotípica. O conceito de estabilidade pode ser concretizado pelas definições de Becker (1981) e Piepho (1996), que consideram que a estabilidade biológica (estática) diz respeito a estabilidade máxima, onde o desempenho de um genótipo é constante a todos os ambientes. E na estabilidade agrônômica (dinâmica), o genótipo mantém a sua capacidade de reagir as variações ambientais, apresentando desempenho previsível ao desempenho médio de todos os genótipos em relação aos ambientes.

Mariotti et al. (1976) definiu a estabilidade como a capacidade dos genótipos demonstrarem um desempenho o mais constante possível, em função das variações da qualidade do ambiente. Quanto à adaptabilidade, refere-se a capacidade dos genótipos em assimilarem de maneira vantajosa o estímulo ambiental (MARIOTTI et al., 1976).

De maneira geral, a adaptabilidade e a estabilidade possuem o mesmo princípio, diferindo apenas quanto à natureza da variação dos ambientes. Vencovsky e Barriga (1992) consideram que o termo adaptabilidade está mais ligado com a capacidade de adaptação ecológica a locais ou outras variações de natureza geográfica.

Já a estabilidade tem a ver com a capacidade do genótipo adaptar-se a variações climáticas.

O enfoque da adaptabilidade deve ser obtido sob duas perspectivas: adaptação ampla ou específica. De acordo com Annicchiarico (2002), se o objetivo do melhoramento tiver o propósito de obter genótipos com adaptação ampla, será necessário obter cultivares com ótimo desempenho em aproximadamente todos os locais avaliados. Mas se o objetivo é obter genótipos com adaptação específica, o ideal é obter genótipos que possuam bom desempenho em locais de cultivos específicos.

Atualmente, existem muitos procedimentos estatísticos que podem ser utilizados para estudar a adaptabilidade e/ou a estabilidade. No entanto, como diferentes métodos consideram parâmetros variados, nem sempre é possível constatar resultados semelhantes, o que torna a tarefa de identificação de genótipos estáveis e com ampla adaptabilidade, ou mesmo adaptabilidade específica, nem sempre uma tarefa simples. Nesta pesquisa serão abordados métodos que diferem quanto ao tipo de abordagem e podem ser classificados em:

- Análise de regressão linear (EBERHART; RUSSEL, 1966);
- Análise não paramétrica (LIN; BINNS, 1988);
- Análise de variância associada a análise de componentes principais (AMMI-Biplot) (ZOBEL; MADISON; GAUCH, 1988) e Genotype + genotype-by-environment (GGE-Biplot) – YAN et al. (2000);
- Análise por modelos mistos via média harmônica da performance relativa dos valores genéticos (MHPRVG) (RESENDE, 2004).

O método proposto por Eberhart e Russel (1966) baseia-se em regressão linear e exprime a resposta de cada genótipo às variações do ambiente. O método estima o índice ambiental que tem como objetivo avaliar a qualidade dos ambientes e classificá-los em favoráveis (índices positivos) e desfavoráveis (índices negativos) (EBERHART; RUSSEL, 1966). O índice é obtido pela diferença entre a média dos genótipos avaliados em cada local e a média geral.

Além do coeficiente de regressão linear (β_{1i}) e da produtividade média (\bar{Y}_i), o quadrado médio dos desvios da regressão ($\hat{\sigma}_{di}^2$) é utilizado como parâmetro de estabilidade e expressa o grau de confiança da resposta linear estimada, ou melhor, a resposta com relação à melhoria do ambiente. Desse modo, um baixo valor de $\hat{\sigma}_{di}^2$ significa dizer que o genótipo apresenta desempenho semelhante (previsível) se

cultivado em condições semelhantes. Já um alto valor para esse parâmetro indica que o genótipo apresenta desempenho não previsível (EBERHART; RUSSEL, 1966).

O coeficiente de determinação R^2 passou a ser considerado parte do método por Pinthus (1973). Este passou a ser um parâmetro de estabilidade para ser utilizado em substituição ao quadrado médio dos desvios ($\hat{\sigma}_{di}^2$) ou como auxílio quando o $\hat{\sigma}_{di}^2$ for significativo. O R^2 superior a 80%, indica estabilidade tolerável (CRUZ; CARNEIRO; REGAZZI, 2014).

De acordo com Carvalho et al. (2016), o método Eberhart e Russel (1966) é de interpretação e cálculo simples. No entanto, como limitações só podem ser utilizados dados de experimentos balanceados e o índice ambiental tem a característica de ser extremamente dependente da média dos genótipos avaliados. Chaves (2001) destaca que as conclusões desse método acerca da estabilidade e adaptabilidade se limitam ao grupo de genótipos considerados na análise.

Um método eficiente para análises de adaptabilidade e estabilidade é o de Lin e Binns (1988) com decomposição (CRUZ; CARNEIRO; 2006), que faz o uso da estatística não paramétrica. Esse método é obtido pelo quadrado médio da distância entre a média do genótipo e a resposta média máxima obtida no ambiente. O parâmetro P_i é denominado de medida de adaptabilidade e estabilidade de comportamento (MAEC) e sua decomposição favorece a formação de grupos de ambientes em favoráveis e desfavoráveis. A classificação dos ambientes é realizada por meio do índice ambiental, assim como o método de Eberhart e Russel (1966).

A decomposição para o estimador P_i em ambientes favoráveis e desfavoráveis, foi proposta por Carneiro (1998), facilitou a interpretação desse método e a caracterização de genótipos recomendados para ambientes favoráveis e desfavoráveis. Esse método tem sido utilizado por muitos pesquisadores por selecionar genótipos com desempenho próximos do valor máximo para a produtividade de grãos (FRANCESCHI et al., 2010; ROMANATO et al., 2016).

O método efeitos aditivos e interação multiplicativa (*Additive Main effect and Multiplicative Interaction*, em inglês, ou AMMI-Biplot) é uma junção entre a análise de variância (para os parâmetros aditivos) e a análise de componentes principais (ACP) (para os parâmetros multiplicativos). Esse método permite um detalhamento maior da soma de quadrados da interação $G \times A$, comparado aos anteriores. No entanto, não possui um padrão na apresentação das respostas dos genótipos (CROSSA, 1990).

No AMMI-Biplot, os efeitos genotípicos e ambientais são subtraídos da matriz de médias e, só depois, é realizada a análise de componentes principais. Estruturalmente, o método consiste numa análise prévia da análise de variância comum a matriz de médias, na qual são estimados os efeitos principais – parte aditiva (média geral, efeitos de genótipos e ambiente), e o desdobramento da interação – parte multiplicativa do modelo analisada por ACP (ZOBEL; MADISON; GAUCH, 1988). A análise de componentes principais (ACP) é uma técnica exploratória que permite conhecer a estrutura dos dados e indica o quanto os os componentes principais conseguem explicar a variância total dos dados (TIMM, 2002).

Gauch e Zobel (1997) destacam que esse método auxilia na identificação de genótipos com alta produtividade e amplamente adaptados, podendo ser utilizados para a realização de zoneamento agrônômico com o objetivo de fazer a recomendação para cada região e selecionar locais teste.

O método AMMI-Biplot possui restrições ao trabalhar com dados desbalanceados e a interpretação gráfica pode ser desvantajosa quando o número de genótipos avaliados e ambientes é muito elevado (CARVALHO et al., 2016). No entanto, algumas medidas estatísticas de estabilidade têm sido propostas a fim de tornar a análise menos subjetiva, como o valor de estabilidade AMMI (VEA) ou “*AMMI stability value (ASV)*” e o valor de estabilidade AMMI modificado (VEAM) ou “*Modifield AMMI stability value (MASV)*” (PURCHASE; HATTING; VANDEVENTER, 2000; ZALI et al., 2012)

O método *Genotype + genotype-by-environment* (GGE-Biplot) também é um método multivariado similar ao AMMI-Biplot. No entanto, o GGE-Biplot subtrai da matriz de média apenas os efeitos ambientais e após é realizada a análise de componentes principais. Resumidamente, a interação GxA é tratada sob efeito multiplicativo na análise AMMI e no método GGE-Biplot, o conjunto de genótipos e da interação GxA é tratado como multiplicativo (DUARTE; VENCOSKY, 1999). Nesse método apenas o genótipo e a interação GxA são importante e devem ser considerados de maneira simultânea.

É um método que permite a análise gráfica da interação GxA dos dados em vários ambientes. A técnica biplot foi desenvolvida por Gabriel (1971) e é empregada para interpretar de forma gráfica os resultados da interação.

De acordo com Yan (2011), os gráficos apresentados no método GGE-Biplot permitem considerar três aspectos: a) o relacionamento entre genótipos e

ambientes, agrupando os genótipos e ambientes com comportamento semelhante, além de identificar o genótipo com maior potencial em cada subgrupo de ambiente (mega-ambientes); b) o relacionamento entre os ambientes, facilitando a identificação de ambientes mais semelhantes entre si e a seleção de ambientes mais favoráveis e também os desfavoráveis para a avaliação de genótipos; e c) promove o conhecimento da relação entre os genótipos, identificando àqueles mais semelhantes entre si e o ordenamento para os parâmetros de produtividade e estabilidade.

Para Carvalho et al. (2016) também permite a interpretação gráfica dos resultados e promove inferências sobre os ambientes e os genótipos. Como desvantagem não deve ser utilizado em experimentos com dados desbalanceados e a interpretação gráfica pode ser dificultada quando o número de ambientes e de genótipos é muito elevado.

A análise por modelos mistos utiliza a máxima verossimilhança restrita (REML) para estimar os componentes de variância necessários ao modelo e o melhor preditor linear não viesado (BLUP) estima o valor genético (RESENDE, 2007). Esse método também é conhecido como REML/BLUP.

Essa metodologia permite considerar os erros correlacionados dentro de locais e também a adaptabilidade e a estabilidade na seleção de genótipos superiores. Disponibiliza os valores genotípicos sem considerar a interação GxA e pode ser aplicado a um conjunto de vários ambientes. Além disso, diferente dos outros métodos, este fornece os resultados na mesma unidade da variável utilizada, permitindo a interpretação direta por valores genéticos. Também podem ser obtidas outras inferências, como: seleção de genótipos específicos para cada local, seleção de genótipos estáveis e responsivos (com alta adaptabilidade) à melhoria do ambiente e favorece a seleção de genótipos considerando simultaneamente os três principais atributos (adaptabilidade, estabilidade e produtividade) (ROSADO et al., 2012).

Com base no método REML/BLUP, a medida simultânea de adaptabilidade e estabilidade para cada genótipo é obtida por meio da média harmônica do desempenho relativo dos valores genéticos (MHPRVG). O método tem como princípio que quanto menor o valor do desvio-padrão do comportamento genotípico entre os locais, maior será a média harmônica dos valores genotípicos. Assim, a seleção pelos maiores valores da média harmônica dos valores genotípicos (MHVG) determina, simultaneamente a produtividade e a estabilidade. Já o desempenho relativo

associado aos valores genotípicos (PRVG) entre os ambientes exprime a adaptabilidade (RESENDE, 2002).

De acordo com Carvalho et al. (2016), o método de modelos mistos apresenta fácil interpretação, pode ser aplicado a dados desbalanceados, permite obter preditores BLUP e pode ser aplicado a um grande número de dados. Como limitação o método ainda tem sido pouco difundido em espécies anuais e por este motivo existem dificuldades que são inerentes ao grau de complexidade do método.

2.5 Análise de variância clássica

A Estatística Experimental é uma metodologia utilizada para examinar a pesquisa experimental e tirar conclusões a respeito de determinado experimento. Tem como estrutura o planejamento, a execução, a coleta de dados, análise dos experimentos e estrutura dos resultados alcançados (SOUZA et al., 2002).

Sir Ronald Aylmer Fisher revolucionou a estatística experimental. Após o estabelecimento dos princípios do planejamento de experimentos, Fisher elencou três princípios básicos da experimentação: repetição, aleatorização e controle local.

- Repetição: quando um tratamento aparece mais de uma vez no experimento, é dito que ele foi repetido. A repetição permite estimar o erro experimental, reduzir o erro padrão da média de um tratamento e aumentar o controle da variação residual. O uso da repetição busca equilibrar as diferenças que possam existir entre as parcelas experimentais, reduzindo o erro, e efetuando uma comparação mais real entre os tratamentos. De maneira geral, a repetição promove o aumento da precisão experimental.
- Aleatorização: assegura por meio do sorteio dos tratamentos a mesma probabilidade que um tratamento tem de ser alocado em qualquer uma das parcelas experimentais, impedindo que determinado tratamento seja beneficiado de alguma forma.
- Controle local: princípio frequentemente utilizado, no entanto não é obrigatório, pois é possível a realização de um experimento sem sua utilização. O controle local ou a blocagem consiste em reduzir ainda mais o erro experimental, promovendo maior homogeneidade ambiental nos experimentos, nos casos em que as áreas são muito heterogêneas. O controle local tem como ideia básica o desmembramento do conjunto total dos dados em porções menores de parcelas experimentais, permitindo que essas parcelas

menores sejam as mais homogêneas possíveis (HINKELMANN; KEMPTHORNE, 1994).

Após o estabelecimento desses princípios, Fisher estruturou a tabela da análise de variância (ANOVA) no ano de 1923, na publicação *Studies in crop variation: II. The manurial response of different potato varieties* (FISHER; MACKENZIE, 1923).

O surgimento do termo análise de variância precedeu o ano de 1923. A expressão ocorreu primeiramente no artigo publicado na revista *Eugenics Reviews*, que tinha como título *The causes of human variability* (FISHER, 1918). Na publicação, Fisher escreveu: “Este desvio do quadrado médio denomino de variância. Esta pode ser empregada como medida de variabilidade, por motivo de uma importante propriedade, em que duas causas independentes da variabilidade, atuando em conjunto, produzem uma variância que nada mais é que a soma das variâncias produzidas por ambas separadamente” (FISHER, 1918).

A ANOVA é um quadro ou tabela, no qual a variância total (e graus de liberdade) do experimento é decomposta em fontes de variações anteriormente definidas no planejamento do experimento e também em fontes de variações não-controladas, de maneira aleatória. O principal objetivo desta análise é avaliar as fontes de variação, analisando se existem diferenças estatísticas significativas entre os níveis dos fatores controlados (BANZATTO; KRONKA, 2013).

Para a realização de uma ANOVA, é necessário que algumas pressuposições básicas do conjunto de dados sejam atendidas. Keselman et al. (1998) afirmaram que o pesquisador que rotineiramente adota um procedimento estatístico tradicional sem pensar nas pressuposições associadas pode inadvertidamente estar preenchendo a literatura com resultados não-reproduzíveis. A pressuposições são conhecidas por:

1. Aditividade do modelo matemático: os efeitos dos fatores controlados e não-controlados devem ser aditivos;
2. Normalidade dos dados: os erros devem apresentar uma distribuição normal;
3. Homogeneidade das variâncias: os erros devem possuir uma variância comum;
4. Independência entre os erros: os erros devem ser independentes.

As pressuposições têm por finalidade garantir a validade do teste F, que tem como objetivo comparar as estimativas das variâncias. O teste F possibilita testar a igualdade de variâncias entre as médias dos níveis do fator de interesse (BANZATTO; KRONKA, 2013).

A estatística F deste teste é obtida pela razão entre os quadrados médios que, por sua vez, são obtidos pela razão entre a soma de quadrados de cada fator de interesse pelos seus respectivos graus de liberdade. Os quadrados médios são estimativas de variâncias de cada fonte de variação e podem ser utilizados para avaliar a precisão experimental, pois funciona como uma medida de variabilidade do experimento (CARGNELUTTI FILHO; STORCK; LÚCIO, 2003).

Um delineamento experimental é estruturado da seguinte forma: uma estrutura de tratamentos, que contempla o delineamento de tratamentos, que consiste em determinar os efeitos e seus respectivos níveis e sua organização; e uma estrutura de unidades que contempla o delineamento experimental, e baseia-se na forma de atribuição dos tratamentos às parcelas experimentais, considerando ou não o controle local e a aleatorização (RIBOLDI; CZERMAINSKI, 2012). Um dos delineamentos mais comuns é o delineamento em blocos casualizados (DBC).

O DBC constitui o tipo mais importante de delineamento. O controle local é representado pelos blocos, sendo que cada bloco contempla todos os tratamentos. O modelo matemático para esse delineamento está apresentado a seguir:

$$y_{ij} = \mu + \alpha_i + \beta_j + e_{ij},$$

Em que:

y_{ij} : observação do i -ésimo tratamento genético do j -ésimo bloco, com $i=1,2,\dots,t$ e

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

μ : média geral constante inerente a cada observação;

α_i : efeito do i -ésimo tratamento genético;

β_j : efeito fixo relacionado ao bloco j ;

e_{ij} : erro aleatório associado a ij -ésima observação, que supõe $e_{ij} \sim N(0, \sigma^2)$.

De acordo com Banzatto e Kronka (2013), a Quadro de análise de variância de um DBC com t tratamentos e r blocos é dada conforme a Tabela 1.

Tabela 1. Análise de variância para um delineamento em blocos casualizados.

FV	GL	SQ	QM	F
Blocos	$(b - 1)$	SQB	$QMB = SQB/b - 1$	QMB/QME
Tratamento	$(t - 1)$	$SQTrat$	$QMTrat = SQTrat/t - 1$	$QMTrat/QME$
Erro	$(t - 1)(r - 1)$	SQE	$QME = SQE/(t - 1)(r - 1)$	
Total	$(tr - 1)$	SQT		

Em que:

$$SQTrat = \frac{1}{r} \sum_{i=1}^t y_{i.}^2 - \frac{y_{..}^2}{tr}, \quad SQB = \frac{1}{t} \sum_{j=1}^r y_{.j}^2 - \frac{y_{..}^2}{tr},$$

$$SQE = \sum_{i=0}^t \sum_{j=1}^r y_{ij}^2 - \frac{y_{..}^2}{tr}$$

$$-\frac{1}{r} \sum_{i=1}^t y_{i.}^2 - \frac{y_{..}^2}{tr} - \frac{1}{t} \sum_{j=1}^r y_{.j}^2 - \frac{y_{..}^2}{tr} = SQT - SQTrat - SQB,$$

e

$$SQT = \sum_{i=0}^t \sum_{j=1}^r y_{ij}^2 - \frac{y_{..}^2}{tr}.$$

2.6 Modelos autorregressivos

O modelo autorregressivo (AR) faz parte da análise de séries temporais e é um conjunto de equações de predição linear que buscam estimar uma saída y_n de um sistema baseando-se em resultados anteriores (ROSSONI, 2011).

Esse modelo indica a variação que ocorre em uma variável aleatória Y no instante de tempo t em função de informações anteriores dessa mesma variável (MORETIN; TOLOI, 2006). Já um modelo que depende apenas das entradas de informações é denominado modelo de média móvel (MA) e um modelo baseado em entradas e saídas é denominado modelo autorregressivo de movimento da média (ARMA) (WALTER et al., 2013).

Se num modelo são fornecidas além das informações anteriores, também informações sobre posição (anterior, posterior, frontal, lateral, etc.), passa a ser possível conhecer a estrutura espacial de determinado conjunto de dados. Com isso, esse novo modelo autorregressivo pode calcular a dependência espacial ou autocorrelação espacial. A partir do momento em que a dependência espacial é calculada, um modelo de regressão pode ser utilizado para identificar variáveis que

possam explicar melhor o modelo que considera a dependência espacial encontrada (BAILEY; GATRELL, 1995).

2.6.1 Modelo espacial autorregressivo (SAR)

Um modelo muito utilizado para modelagem de correlação espacial é o modelo autorregressivo espacial (*Spatial Auto Regressive*), ou simplesmente modelo SAR. De acordo com Druck et al. (2004), a autocorrelação espacial é adicionado ao modelo SAR em um único parâmetro, sendo posteriormente incorporado ao modelo de regressão clássica. Nessa situação, a autocorrelação espacial é incorporada na variável dependente.

A análise de variância com modelo autorregressivo (ANOVA-AR) utiliza o modelo autorregressivo que considera a dependência espacial, por meio do modelo SAR. Segundo Griffith (1988), o modelo SAR descreve a variação espacial no vetor resposta $Y_{n \times 1}$, sendo definido pela equação:

$$Y = \rho WY + X\beta + \varepsilon$$

em que:

Y : vetor $n \times 1$ de valores observados;

ρ : parâmetro espacial autoregressivo;

W : matriz $n \times n$ com atribuições de peso da vizinhança espacial;

X : matriz $n \times p$ da incidência dos efeitos fixos;

β : vetor $p \times 1$ dos parâmetros;

ε : vetor $n \times 1$ dos erros atribuídos a cada observação.

A matriz W é obtida por meio da multiplicação das matrizes D e C ($W = Dx C$). A matriz C de dimensões $n \times n$ é binária (0 e 1) e descreve a vizinhança das parcelas experimentais. Já a matriz D é composta por uma diagonal com os elementos $1/k_i$, em que k_i é a soma dos valores da linha i da matriz C .

O padrão de proximidade adotado foi proposto por Gumpertz, Graham e Ristaino (1997) utilizado para definir a região de vizinhança. A Figura 1 indica quatro padrões de proximidade, considerando uma amostragem com gride regular.

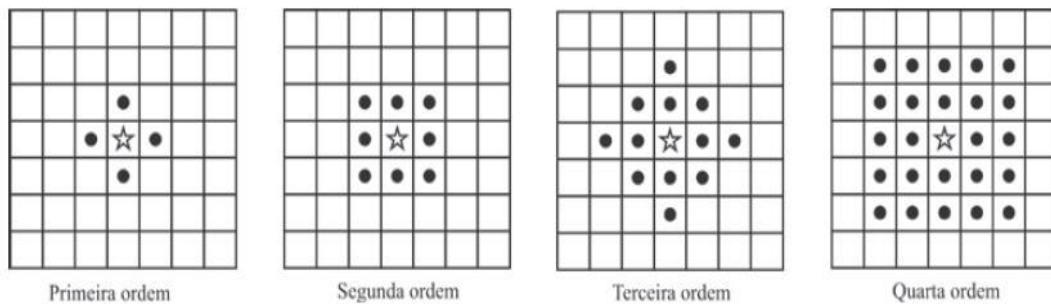


Figura 1. Padrões de proximidade segundo Gumpertz, Graham e Ristaino (1997), em que \star representa a parcela de referência e \square representa as parcelas vizinhas consideradas na comparação e \square representa as demais parcelas.

Ao interpretar a Figura 1, deve-se levar em conta que cada observação dista uma da outra a proporção de uma unidade de medida (1 u.m.). Assim, o centro de cada parcela também fica a uma distância de 1 u.m. do centro das outras parcelas. Pode-se definir a região de vizinhança como as parcelas que são abrangidas pela circunferência de raio r , partindo da parcela original. Com essa consideração, é possível reescrever os padrões de proximidade em função dos raios, com centro na parcela de referência, conforme a Tabela 2.

Tabela 2. Padrões de proximidade em função do raio r .

Padrão de proximidade	Raio de circunferência
Primeira ordem	1 u. m
Segunda ordem	$1\sqrt{2}u. m.$
Terceira ordem	2u. m
...	...
n-ésima ordem ímpar	n u. m.
n-ésima ordem par	$n\sqrt{2}u. m.$

Logo, cada elemento c_{ij} da matriz C pode ser definido por:

$$c_{ij} = \begin{cases} 1 & \text{se } c_{ij} \text{ é adjacente a } c_{i+1,j}, \\ 1 & \text{se } c_{ij} \text{ é adjacente a } c_{i-1,j}, \\ 1 & \text{se } c_{ij} \text{ é adjacente a } c_{i,j+1}, \\ 1 & \text{se } c_{ij} \text{ é adjacente a } c_{i,j-1}, \\ 0 & \text{caso contrário.} \end{cases}$$

Para um melhor entendimento, considere um experimento com seis observações, apresentado na Figura 2.

1	2	3
4	5	6

Figura 2. Gride regular com seis observações.

Considere a parcela 1 como parcela de referência. Logo, considerando um padrão de proximidade de primeira ordem, as parcelas 2 e 4 seriam consideradas vizinhas. Assim, na matriz C , os elementos $c_{12}=c_{14}$ receberiam o valor de 1 e $c_{13}=c_{15}=c_{16}=0$. A matriz de vizinhança C , para o padrão de primeira ordem para o exemplo da Figura 2, seria:

$$C = \begin{pmatrix} 0 & 1 & 0 & 1 & 0 & 0 \\ 1 & 0 & 1 & 0 & 1 & 0 \\ 0 & 1 & 0 & 0 & 0 & 1 \\ 1 & 0 & 0 & 0 & 1 & 0 \\ 0 & 1 & 0 & 1 & 0 & 1 \\ 0 & 0 & 1 & 0 & 1 & 0 \end{pmatrix}$$

A matriz D é uma matriz diagonal e será representada por:

$$D = \begin{pmatrix} 1/2 & & & & & \\ & 1/3 & & & & \\ & & 1/2 & & & \\ & & & 1/2 & & \\ & & & & 1/3 & \\ & & & & & 1/2 \end{pmatrix}$$

Assim:

$$W = \begin{pmatrix} 1/2 & & & & & \\ & 1/3 & & & & \\ & & 1/2 & & & \\ & & & 1/2 & & \\ & & & & 1/3 & \\ & & & & & 1/2 \end{pmatrix} \times \begin{pmatrix} 0 & 1 & 0 & 1 & 0 & 0 \\ 1 & 0 & 1 & 0 & 1 & 0 \\ 0 & 1 & 0 & 0 & 0 & 1 \\ 1 & 0 & 0 & 0 & 1 & 0 \\ 0 & 1 & 0 & 1 & 0 & 1 \\ 0 & 0 & 1 & 0 & 1 & 0 \end{pmatrix}$$

$$W = \begin{pmatrix} 0 & 1/2 & 0 & 1/2 & 0 & 0 \\ 1/3 & 0 & 1/3 & 0 & 1/3 & 0 \\ 0 & 1/2 & 0 & 0 & 0 & 1/2 \\ 1/2 & 0 & 0 & 0 & 1/2 & 0 \\ 0 & 1/3 & 0 & 1/3 & 0 & 1/3 \\ 0 & 0 & 1/2 & 0 & 1/2 & 0 \end{pmatrix}$$

2.6.2 Estimação do parâmetro ρ

Uma das maneiras de se estimar o parâmetro ρ do modelo SAR é por meio do método da máxima verossimilhança (ML). Esse método tem como princípio selecionar valores para os parâmetros que maximizem a probabilidade de ter obtido os dados observados. Ord (1975), citado por Rossoni (2011), propôs uma solução para estimação do parâmetro ρ por meio da decomposição de autovalores. A solução originalmente proposta consistiu em explorar a decomposição do Jacobiano $|I - \rho W|$ em termos de autovalores ω_i (com $i = 1, 2, \dots, N$) da matriz W , dada por:

$$|I - \rho W| = \prod_{i=1}^n (1 - \rho \omega_i)$$

A partir dessa equação é obtido um polinômio que não possui solução única e que deve ser resolvido iterativamente por meio de métodos computacionais.

2.6.3 Análise de variância de modelo autoregressivo (ANOVA-AR)

A análise de variância com modelo autoregressivo (ANOVA-AR) foi proposta inicialmente por Long (1996) citado por Rossoni (2011). A ideia central dessa proposta consiste em transformar observações supostamente autocorrelacionadas em observações não-correlacionadas. Para isso, após estimar o parâmetro ρ , é necessário proceder com o ajuste dos dados observados a partir da seguinte equação:

$$Y_{adj} = Y - (\hat{\rho} W Y - \hat{\rho} \beta_0)$$

em que:

Y : vetor $n \times 1$ de valores observados,

$\hat{\rho}$: estimativa do parâmetro espacial autoregressivo,

W : matriz $n \times n$ com atribuições de peso de vizinhança espacial,

β_0 : média dos valores observados,

Y_{adj} : vetor $n \times 1$ de valores ajustados.

Com os valores do vetor Y_{adj} é obtida um novo quadro de análise de variância, que será utilizada como base para a construção da ANOVA-AR (Tabela 3).

Tabela 3. Análise de variância de modelo autoregressivo (ANOVA-AR).

FV	GL	SQ	QM	F
Fator (ρ)	1	$SQ\rho$	-	-
Parâmetros	k	SQP_{adj}	$QMP_{adj} = SQP_{adj}/k$	QMP_{adj}/QME_{adj}
Resíduo	$n - k - 2$	SQE_{adj}	QME_{adj}	
Total	$n - 1$	SQT		

Para obter a Soma Quadrada referente ao parâmetro ρ ($SQ\rho$) é necessário obter a diferença entre a Soma de Quadrado Total (SQT) da análise de variância dos dados não ajustados e a Soma de Quadrado Total Ajustada (SQT_{adj}) da análise de variância com dados ajustados:

$$SQ\rho = SQT - SQT_{adj}$$

O Quadrado Médio do Erro também deve ser ajustado por:

$$QME_{adj} = \frac{SQE_{adj}}{(n - k - 2)}$$

Em que:

n : número de observações;

k : número de parâmetros.

A análise de variância por modelos autorregressivos ainda não foi difundida em experimentos com cultivos agrícolas anuais. Scolforo et al. (2016) fez o uso da análise autoregressiva espacial em cultivo perene com a espécie arbórea candeia (*Eremanthus erythropappus*). Os autores concluíram que abordagem autoregressiva detectou diferenças significativas entre os tratamentos quando em comparação a análise estatística clássica, considerou que todos os tratamentos eram semelhantes.

3 REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- ABUDABOS, A. M.; AL-ATIYAT, R. M.; ALBATSHAN, H. A.; ALJASSIM, R.; ALJUMAAH, M. R.; ALKHULAIFI, M. M.; STANLEY, D. M. Effects of concentration of corn distillers dried grains with solubles and enzyme supplementation on cecal microbiota and performance in broiler chickens. **Applied Microbiology and Biotechnology**, v. 101, n. 18, p. 7017-7026, 2017.
- ABUZAR, M. R.; SADOZAI, G. U.; BALOCH, M. S.; BALOCH, A.A.; SHAH, I.H.; JAVAID, T.; HUSSAIN, N. Effect of plant population densities on yield of maize. **Journal of Animal and Plant Sciences**, v. 21, n. 4, p. 692-695, 2011.
- ANNICCHIARICO, P. **Genotype x environment interaction: Challenges and opportunities for plant breeding and cultivar recommendations**. Rome: Food and Agriculture Organization, 2002. 105 p.
- ARCE, M. A. B. R.; SPOTO, M. H. F.; CASTELLUCCI, A. C. L. Processamento e industrialização do milho para alimentação humana. **Visão agrícola**. Piracicaba, n. 13, p. 138-140, 2015.
- BAILEY, T. C.; GATRELL, A. C. **Interactive spatial data analysis**. New York: Longman Scientific and Technical, 1995. 432 p.
- BANZATTO, D. A.; KRONKA, S. N. **Experimentação Agrícola**. 4 ed. Jaboticabal: Funep, 2013. 237 p.
- BECKER, H. C. Correlation among some statistical measures of phenotypic stability. **Euphytica**, Wageningen, v. 30, n. 1, p. 835-840, 1981.
- BORGHI, E.; PEREIRA FILHO, I. A.; RESENDE, A. V.; SILVA, D. D.; MENDES, A. M.; SILVA, A. F. **Dez dicas para a produção de milho**. Sete Lagoas. Embrapa Milho e Sorgo. Documentos 216. 22p. 2017.
- BUEREN, E. T.L.; STRUIK, P. C. Diverse concepts of breeding for nitrogen use efficiency. A review. **Agronomy for Sustainable Development**, v. 37, n. 50, 2017.
- CAMARGO-BUITRAGO, I.; INTIRE, E. Q. M.; GORDÓN-MENDOZA, R. Identificación de mega-ambientes para potenciar el uso de genótipos superiores de arroz em Panamá. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 46, n. 9, p.1601-1069, 2011.
- CARDOSO, M.J.; CARVALHO, H.W.L.; ROCHA, L.M.P.; PACHECO, C.A.P.; GUIMARÃES, L.J.M.; GUIMARÃES, P.E.O.; PARENTONY, S.N.; OLIVEIRA, I.R. Identificação de cultivares de milho com base na análise de estabilidade fenotípica no Meio-Norte brasileiro. **Revista Ciência Agrônômica**, v.43, p.346-353, 2012.
- CARGNELUTTI FILHO, A.; STORCK, L.; LÚCIO, A. D. Ajuste de quadrado médio do erro em ensaios de competição de cultivares de milho pelo método Papadakis. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 38, n. 4, p. 467-473, 2003.
- CARGNIN, A. **Melhoramento de plantas: progresso genético e ambiental**. Planaltina/DF: Embrapa Cerrados, 2007. 19 p.
- CARNEIRO, P.C.S. **Novas metodologias de análise da adaptabilidade e estabilidade de comportamento**. 1998. 155f. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento) - Universidade Federal de Viçosa.
- CARVALHO, L. C. B.; DAVASCENO-SILVA, K. J.; ROCHA, M. M.; OLIVEIRA, G. C. X. Evolution of methodology for the study of adaptability and stability in

- cultivated species. **African Journal of Agricultural Research**, v. 11, n. 12, p. 990-1000, 2016.
- 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 de plantas**, p. 673-713, 2001.
- CONAB - COMPANHIA NACIONAL DE ABASTECIMENTO. **Perspectivas para a agropecuária**. Brasília: Conab, v. 5, p. 1-111, 2017a.
- CONAB - COMPANHIA NACIONAL DE ABASTECIMENTO. **11º Acompanhamento da safra brasileira de grãos**. Safra 2016/2017. Brasília: Conab, v. 4, n. 11, p. 1-171, 2017b.
- CROSSA, J. Statistical analysis of multilocation trials. **Advance em Agronomy**, v. 44, p. 55-85, 1990.
- CRUZ, C. D.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. 2. ed. Viçosa: UFV, 2006. v. 2.
- CRUZ, C. D.; CARNEIRO, P. C. S.; REGAZZI, A. J. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. 3ed. Viçosa: UFV, 2014. 668 p.
- DRUCK, S.; CARVALHO, M. S.; CÂMARA, G. MONTEIRO, A. M. V. **Análise espacial de dados geográficos**. Planaltina: Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária, 2004. 208 p.
- DUARTE, J.B.; VENCOSKY, R. **Interação genótipos x ambientes: uma introdução à análise "AMMI"**. Ribeirão Preto: Sociedade Brasileira de Genética, 1999. 60 p.
- EBERHART, S.A.; RUSSEL, W.A. Stability parameters for comparing varieties. **Crop Science**, v.6, p. 36-40, 1966.
- ERISMAN, J.W., GALLOWAY, J. A., SUTTON, M. S., KLIMONT, Z., WINIWATER, W. How a century of ammonia synthesis changed the world. **Nature Geoscience**, v. 1, p. 636–639, 2008.
- FAO - FOOD AND AGRICULTURE ORGANIZATION OF UNITED NATIONS. **Representante da FAO Brasil apresenta cenário da demanda por alimentos**. 2017. Disponível em: <<http://www.fao.org/brasil/noticias/detail-events/en/c/901168/>>. Acesso em 8 maio 2018.
- _____. **Save em grow: in practice**. 112 p. 2016. Disponível em: <<http://www.fao.org/3/a-i4009e.pdf>>. Acesso em 8 maio 2018.
- FESS, T. L.; KOTCON, J. B.; BENEDITO, V. A. Crop breeding for low input agriculture: a sustainable response to feed a growing world population. **Sustainability**, v. 3, p. 1742-1772, 2011.
- FIETZ, C. R.; CECCON, G.; COMUNELLO, E.; FLUMIGNAN, D. L. Época de semeadura do milho safrinha, com base na deficiência hídrica e no risco de geadas, na região sul de Mato Grosso do Sul. Circular Técnica, 24. 2013. Disponível em: <<file:///C:/Users/User/Downloads/CT2013-024.pdf>>. Acesso em: 07 maio 2018.
- FINLAY, K. W.; WILKISON, G. N. The analysis of adaptation in a plant breeding programme. **Australian Journal of Agricultural Research**, v. 14, p. 742-754, 1963.

- FISHER, R. A. The causes of human variability. **Eugenics Reviews**, v.10, p.213-220, 1918.
- FISHER, R. A.; MACKENZIE, W. A. Studies in crop variation. II. The manurial response of different potato varieties. **Journal of Agricultural Science**, v.13, p.311-320, 1923.
- FOLGER, J. **Commodities: Corn**. 2018. Disponível em: <<https://www.investopedia.com/university/commodities/commodities4.asp>>. Acesso em: 07 maio 2018.
- FRANCESCHI, L.; BENIN, G.; MARCHIORO, V. S.; MARTIN, T. N.; SILVA, R. R.; SILVA, C. L. Métodos para análise de adaptabilidade e estabilidade em cultivares de trigo no estado do Paraná. **Bragantia**, Campinas, v. 69, n. 4, 2010.
- GABRIEL, K.R. The biplot graphic display of matrices with application to principal component analysis. **Biometrika**, v.58, p.453-467, 1971.
- GARROD, A. E.; OXON, M.D. The Incidence of Alkaptonuria: A Study in Chemical Individuality. **Yale Journal of Biology and Medicine**, v. 75, pp. 221-231, 2002.
- GAUCH, H. G. Simple Protocol for AMMI Analysis of Yield Trials. **Crop Science**, v. 53, n.5, p.1860-1869, 2013.
- GAUCH, H. G.; ZOBEL, R. W. Identifying mega-environments a targeting genotypes. **Crop Science**, v. 37, p. 311-326, 1997.
- GONÇALVES, M. C.; FRITSCHÉ-NETO, R. **Tópicos especiais no melhoramento de plantas**. Visconde do Rio Branco: Suprema, 2012. 282 p.
- GRIFFITH, D. A. Estimating spatial autoregressive model parameters with commercial statistical package. **Geographical Analysis**, Ohio, v. 20, n. 1, p. 176-186, 1988.
- GUMPERTZ, M. L.; GRAHAM, J. M.; RISTAINO, J. B. Autologistic model of spatial pattern of phytophthora epidemic in bell pepper: effects of soil variables on disease presence. **Journal of Agricultural, Biological and Environmental Statistics**, v. 2, n. 1, p. 131-156, 1997.
- HEINZ, R. MOTA, L, H, S; GONÇALVES, M, C; VIEGAS NETO, A, L; CARLESSO, A. Seleção de progênies de meios-irmãos de milho para eficiência no uso de nitrogênio. **Revista Ciência Agronômica**, Fortaleza, v, 43, n, 4, p, 731-739, 2012.
- HINKELMANN, K.; KEMPTHORNE, S. **Design and analysis of experiments: introduction to experiment design**. New York: J. Willey, 1994. v.1, 495 p.
- HUNTER, M.C.; SMITH, R.G.; SCHIPANSKI, M.E.; ATWOOD, L.W.; MORTENSEN, D. A. Agriculture in 2050: Recalibrating targets for sustainable intensification. **Bioscience**, v. 67, p. 386–391. 2017.
- IBGE - INSTITUTO BRASILEIRO DE GEOGRAFIA E ESTATÍSTICA. **Levantamento sistemático da produção agrícola**. Rio de Janeiro, v. 30, n.1, p. 1-81. 2017. Disponível em: <[ftp://ftp.ibge.gov.br/Producao_Agricola/Levantamento_Sistematico_da_Producao_Agricola_\[mensal\]/Fasciculo/2017/lspa_201701.pdf](ftp://ftp.ibge.gov.br/Producao_Agricola/Levantamento_Sistematico_da_Producao_Agricola_[mensal]/Fasciculo/2017/lspa_201701.pdf)>. Acesso em: 7 maio 2018.
- IMEA - INSTITUTO MATO-GROSSENSE DE ECONOMIA AGROPECUÁRIA. **Workshop Jornalismo Agropecuário**. 2015. Disponível em:

<http://www.imea.com.br/upload/pdf/arquivos/Paper_jornalistas_Milho_AO.pdf>.

Acesso em: 27 abril 2018.

KAMPRATH, E.J.; MOLL, R.H.; RODRIGUEZ, N. Effects of nitrogen fertilization and recurrent selection on performance of hybrid populations of corn. **Agronomy Journal**, v. 74, p. 955–958, 1982.

KESELMAN, H. J.; HUBERTY, C. J.; LIX, L. M.; OLEJNIK, S.; CRIBBIE, R.; DONAHUE, B.; KOWALCHUK, R. K.; LOWMAN, L. L.; PETOSKEY, M. D.; KESELMAN, J. C.; LEVIN, J. R. Statistical practices of educational researchers: an analysis of their ANOVA, MANOVA and ANCOVA. **Review of Educational Research**, v. 68, p. 350, 1998.

KHOURY, C. K., BJORKMAN, A. D.; DEMPEWOLF, H., RAMIREZ-VILLEGAS, J.; GUARINO, L.; JARVIS, A.; RIESEBERG, L. H.; STRUIL, P. C. Increasing homogeneity in global food supplies and the implications for food security. **Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America**, v.111, p. 4001–4006. 2014.

LEIBMAN, M. SHRYOCK, J.J.; CLEMENTS, M. J.; HALL, M. A.; LOIDA, P. J.; MCCLERREN, A. L.; MCKINESS, Z. P.; PHILLIPS, J. R.; RICE, E. A.; STARK, S. B. Comparative analysis of maize (*Zea mays*) crop performance: natural variation, incremental improvements and economic impacts. **Plant Biotechnology Journal**, v. 12, p. 941–950, 2014.

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, p.193-198, 1988.

LONG, D. S. **Practical handbook of spatial statistics**. London: CRC, 1996. 307 p.

MANGILI, F. B.; ELY, D. F. Análise da relação da produção do milho segunda safra com o balanço hídrico sequencial em Londrina (PR). **Geografia**, v. 25. n. 1. p.65-85, 2016.

MARIOTTI, J. A.; OYARZABAL, E. S.; OSA, J. M.; BULACIO, A. N. R.; ALMADA, G. H. Análisis de estabilidad y adaptabilidad de genotipos de caña de azúcar I: Interacciones dentro de una localidad experimental. **Revista Agronómica del Noroeste Argentino**, v. 13, n. 14, p. 105-127, 1976.

MORETIN, P. A; TOLOI, C. M. C. **Análise de séries temporais**. 2. ed. São Paulo: E. Blucher, 2006. 538 p.

NIHEI, T. H. **Híbridos de milho com alto potencial produtivo**. 2015. Disponível em: <<http://www.revistacampoenegocios.com.br/hibridos-de-milho-com-alto-potencial-produtivo>>. Acesso em: 08 maio 2018.

NOLEPPA, S. **The economic, social and environmental value of plant breeding in the European Union**. HFFA Research GmbH. 2016. 92 p. Disponível em: <<http://hffa-research.com/wp-content/uploads/2016/07/2016-03-plant-breeding-economic-social-value-European-Union.pdf>>. Acesso em 07 maio 2018.

PRADO, W. S. **Seleção recorrente intrapopulacional em progênies de meios-irmãos de milho em condições contrastantes de nitrogênio**. 2016. 71 p. Universidade Federal da Grande Dourados, Dourados.

PIEPHO, H. P. Analysis of genotype by environment interaction and phenotypic stability. In: KANG, M. S.; ZOBEL JR., H. G. **Genotype by Environment interaction**, Boca Raton: CRC Press, 1996. p. 151-174.

- PINTHUS, J. M. Estimate of genotype value: a proposed method. **Euphitica**, v.22, p.121-123, 1973.
- PURCHASE, J. L.; HATTING, H.; VANDEVENTER, C. S. Genotype \times environment interaction of winter wheat (*Triticum aestivum* L.) in South Africa: Stability analysis of yield performance. **South African Journal of Plant and Soil**, v. 17, p. 101-107, 2000.
- RAMALHO, M. A. P.; DIAS, L. A. S.; CARVALHO, B. L. Contributions of plant breeding in Brazil – progress and perspectives. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, s2, p. 111-120, 2012.
- RAMALHO, M. A. P.; FERREIRA, D. F.; OLIVEIRA, A. C. de. **Experimentação em genética e melhoramento de plantas**. 2. ed. Lavras: Universidade Federal de Lavras, 2005. 322 p.
- RAMALHO, M. A. P.; SANTOS, J. B.; PINTO, C. A. B. P.; SOUZA, E. A.; GONÇALVES, F. M.; SOUZA, J. C. **Genética na agropecuária**. 5ed. Lavras: Editora UFLA, 2012. 566 p.
- RESENDE, M.D.V. **Genética biométrica e estatística no melhoramento de plantas perenes**. Brasília: Embrapa Informação Tecnológica, 2002. 975p.
- RESENDE, M. D. V. **Métodos estatísticos ótimos na análise de experimentos de campo**. Colombo: Embrapa Florestas. 57 p. 2004.
- RESENDE, M. D. V. **Matemática e estatística na análise de experimentos e no melhoramento genético**. Colombo: Embrapa Florestas, 2007. 561 p.
- RIBOLDI, J.; CZERMAINSKI, A. B. C. Estatística experimental: a evolução no planejamento e análise de experimentos em fruticultura. In: CONGRESSO BRASILEIRO DE FRUTICULTURA, 22., 2012, Bento Gonçalves. **Anais...** Bento Gonçalves: SBF, 2012.
- ROBERTSON, A. Experimental design on the measurement of heritabilities and genetic correlations. **Biometrical genetics**. New York: Pergamon Press, 1959. 186p.
- ROMANATO, F. N.; HAMAWAKI, O. T.; SOUSA, L. B.; NOGUEIRA, A. P. O.; CARVALHO NETO, D. P. C.; BORGESM C. C. R.; HAMAWAKI, C. D. L.; HAMAWAKI, R. L. Parametric and non-parametric analysis for determining the adaptability and stability of soybean genotypes in three sowing periods. **Bioscience Journal**, Uberlândia, v. 32, n. 3, 2016.
- ROSADO, A. M.; ROSADO, T. B.; ALVES, A. A.; LAVIOLA, B. G.; BHERING, L. L. Seleção simultânea de clones de eucalipto de acordo com produtividade, estabilidade e adaptabilidade. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 47, p. 964-971, 2012.
- ROSSONI, D. F. 2011. **Análise de variância para experimentos com dependência espacial**. Dissertação (Mestrado em Estatística e Experimentação Agropecuária). 108 f. 2011. Universidade Federal de Lavras.
- SCOLFORO, H. F.; SCOLFORO, J. R. S.; MELLO, J. M.; FERRAZ FILHO, A. C.; ROSSONI, D. F.; ALTOÉ, T. F.; OLIVEIRA, A. D.; LIMA, R. R. Autoregressive spatial analysis and individual tree modeling as strategies for the management of *Eremanthus erythropappus*. **Journal of Forest Research**, v. 27, n. 3, p. 595-603, 2016.

- SILVA, W. C. J.; DUARTE, J. B. Métodos estatísticos para estudo de adaptabilidade fenotípica em soja. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v.41, n.1, p.23-30, 2006.
- SOUZA, A. M.; ETHUR, A. B. M.; LOPES, L. F. D.; ZANINI, R. R. **Introdução a projetos de experimentos**: caderno didático. Santa Maria: Universidade Federal de Santa Maria, 2002. 127 p.
- TIMM, N. H. **Applied multivariate analysis**. New York Springer Verlag, 2002. 693p.
- VASCONCELOS, E.S.; REIS, M.S.; CRUZ, C.D.; SEDIYAMA, T.; SCAPIM, C.A. Adaptability and stability of semilate and late maturing soybean genotypes in Minas Gerais state. **Acta Scientiarum Agronomy**, v.32, p. 411-415, 2010.
- VENCOVSKY, R.; BARRIGA, P. **Genética biométrica no fitomelhoramento**. Ribeirão: Sociedade Brasileira de Genética, 1992, 496 p.
- WALTER, O. M. F. C.; HENNING E.; MORO, G.; SAMOHYL, R. W. Aplicação de um modelo SARIMA na previsão de vendas de motocicletas. **Exacta**, São Paulo, v. 11, n. 1, p. 77-88, 2013.
- YAN, W. GGE Biplot vs AMMI graphs for genotype-by-environment data analysis. **Journal of the India Society of Agricultural Statistics**, v. 65, n.2, p.181-193, 2011.
- YAN, W., HUNT, L.A., SHENG, Q.; SZLAVNICS, Z. Cultivar evaluation and megaenvironment investigation based on the GGE biplot. **Crop Science**, v.40, p.597-605, 2000.
- ZALI, H.; FARSHADFAR, E.; SABAGHPOUR, S. H.; KARIMIZADEH, R. Evaluation of genotype× environment interaction in chickpea using measures of stability from AMMI model. **Annals of Biological Research**, v. 3, n. 7, p. 3126-3136, 2012.
- ZHAN, A. LYNCH, J. Reduced frequency of lateral root branching improves N capture from low-N soils in maize. **Journal of Experimental Botany**, v. 66, n. 7 pp. 2055–2065, 2015.
- ZOBEL, R. W.; MADISON, J. W.; GAUCH, H.G. Statistical analysis of a yield trial. **Agronomy Journal**, v.80, p.388-393, 1988.

CAPÍTULO I

ADAPTABILIDADE E ESTABILIDADE DE GENÓTIPOS DE MILHO EM REGIÕES DE CULTIVO NO BRASIL

RESUMO

YAMAMOTO, Euriann Lopes Marques. Universidade Federal da Grande Dourados. **Adaptabilidade e estabilidade de genótipos de milho em regiões de cultivo no Brasil Central**. 2018. 51 f. Orientador: Dr. Manoel Carlos Gonçalves.

A crescente demanda mundial pelo milho requer que os genótipos utilizados nos cultivos sejam mais adaptados aos sistemas agrícolas, proporcionando cada vez mais ganhos de produtividade, mesmo em safras agrícolas com condições climáticas adversas. Este trabalho teve como objetivos: 1. Estimar os parâmetros de adaptabilidade e estabilidade da produtividade de grãos de milho em diversos ambientes utilizando diferentes métodos de estimação; 2. Comparar cinco métodos de adaptabilidade e estabilidade quanto à capacidade discriminatória para a recomendação de genótipos de milho no Brasil Central. Foram utilizados dados de experimentos de genótipos de milho da safra 2012/13 em nove diferentes localidades de cultivo da região do Brasil Central (Sete Lagoas-MG, Londrina-PR, Goiânia-GO, Janaúba-MG, Planaltina-DF, Paragominas-PA, Altamira-PA, Campo Grande-MS e Manduri-SP). Foram utilizados 36 genótipos de milho em delineamento experimental látice simples 6x6. Para as análises de adaptabilidade e estabilidade foram utilizados os métodos: método de Eberhart e Russel (1966), Lin e Binns (1988) com decomposição, método MHPRVG via REML/BLUP, efeitos principais aditivos e interação multiplicativa (AMMI-Biplot) e análise GGE-Biplot. Os métodos possuem similaridades na ordenação dos genótipos, mas diferem com relação a precisão e a quantidade de informação fornecida sobre a interação GxA. O método GGE-Biplot retem maior proporção da soma de quadrado total e pode informar que a interação simples foi predominante quando comparado ao método AMMI-Biplot. O método Lin e Binns (1988) com decomposição foi capaz de selecionar genótipos, produtivos, adaptados e estáveis sob interação do tipo simples. Os métodos MHPRVG e GGE-Biplot devem ser utilizados em conjunto para a seleção dos genótipos mais promissores. Sint. 10771 e o Sint. 10697 foram recomendados para cultivo na região do Brasil Central por apresentarem adaptabilidade, estabilidade e produtividade.

Palavras-chave: interação genótipos x ambientes; Lin e Binns com decomposição; REML/BLUP; GGE-Biplot; AMMI-Biplot; Eberhart e Russel.

CHAPTER I

ADAPTABILITY AND STABILITY OF CORN GENOTYPES IN CROP REGIONS OF CENTRAL BRAZIL

ABSTRACT

YAMAMOTO, Euriann Lopes Marques. Federal University of Grande Dourados **Adaptability and stability of corn genotypes in crop regions of Central Brazil**. 2018. 51p. Advisor: Dr. Manoel Carlos Gonçalves.

The growing world demand for corn requires that genotypes used in crops be increasingly adapted to agricultural systems, providing more productivity gains, even in agricultural crops with adverse climatic conditions. This study aimed to evaluate: 1. To estimate parameters of adaptability and stability of productivity in different environments using five estimation methods. 2. To compare five adaptability and stability methods regarding the discriminatory capacity to recommendation of maize genotypes to Central Brazil region. Data of maize genotypes experiments conducted in the 2012/2013 in nine different cultivation locations in the central Brazilian region (Sete Lagoas-MG, Londrina-PR, Goiânia-GO, Janaúba-MG, Planaltina-DF, Paragominas-PA, Altamira-PA, Campo Grande-MS and Manduri-SP) were used. A total of 36 maize genotypes were used in a simple 6x6 lattice experimental design. For the analyzes of adaptability and stability, the following methods were used: Eberhart e Russel (1966), Lin e Binns (1988) with decomposition, MHPRVG by REML/BLUP, AMMI-Biplot and GGE-Biplot analysis. The methods have similarities in ordering genotypes, but they are different in relation to the precision and information provided about GxE interaction. GGE-Biplot method retains a greater proportion of the total square sum and may report that the simple interaction was predominant when compared to AMMI-Biplot method. Lin e Binns (1988) with decomposition was able to provide genotypes productive, adapted and stable, under the simple type interaction. The MHPRVG and GGE-Biplot methods should be used together to select most promising genotypes. Sint. 10771 and Sint. 10697 were recommended for cultivation in the Central Brazil region due to their adaptability, stability and productivity.

Keywords: interaction genotypes x environments; Lin e Binns with decomposition; REML/BLUP; GGE-Biplot; AMMI-Biplot; Eberhart e Russel.

1 INTRODUÇÃO

O Brasil é o terceiro maior produtor mundial do milho (*Zea mays* L.) e apresenta uma considerável importância dentro do cenário da produção agropecuária no mundo. Com a produção brasileira de milho estimada em 97,2 milhões de toneladas para a safra 2017/2018, o grão apresenta contínuo crescimento decorrente das condições favoráveis para o cultivo da primeira e segunda safra (CONAB, 2017a).

Com a crescente demanda mundial por este cereal, surge a necessidade da abertura de novas fronteiras agrícolas para o aumento da área cultivada do grão (VIEIRA FILHO, 2016; CONAB, 2017a). No entanto o fator ambiente pode interferir nos ganhos de produtividade, em função da variabilidade edafoclimática existente entre os diversos locais de cultivo. A ocorrência de variações edafoclimáticas frequentemente resulta numa interação genótipo versus ambiente (interação GxA) significativa.

A constatação de interação GxA dificulta a seleção de genótipos nos programas de melhoramento por estar relacionada com a variabilidade do desempenho genotípico em diferentes ambientes (AGYEMAN; PARKES; PEPRAH, 2015), e, conseqüentemente o ganho genético (GONÇALVES et al., 2003). Isto ocorre porque a maioria das características de importância para o melhoramento são de caráter métrico, com distribuição contínua e herança poligênica, sob constante influência da variação ambiental (CHAVES, 2001).

A interação GxA é medida a partir do conjunto de dados fenotípicos resultante da avaliação de diferentes genótipos em diferentes ambientes (locais, épocas de semeadura). Esses dados são analisados por meio de modelos estatísticos apropriados para o tratamento da interação GxA pois, devido às variações ambientais não controladas, seria impossível uma comparação estatística dos dados (CHAVES, 2001). A interação pode ainda ser do tipo simples, na qual não ocorre alteração na seleção de genótipos, ou complexa, quando ocorrem mudanças na classificação dos genótipos entre os ambientes (HONGYU et al., 2015).

Muitas pesquisas têm sido feitas nas últimas duas décadas com o intuito de desenvolver índices de estabilidade para quantificar e selecionar genótipos promissores. A adaptabilidade e a estabilidade possuem o mesmo sentido, mas diferem quanto à natureza da variação dos ambientes. O termo adaptabilidade refere-se a uma capacidade de adaptação ecológica a locais ou outras variações de natureza geográfica

e a estabilidade diz respeito a capacidade dos genótipos se adaptarem às flutuações climáticas (VENCOVSKY; BARRIGA, 1992).

Diferentes métodos e teorias para a avaliação da adaptabilidade e estabilidade foram criadas para analisar a interação GxA (DEHGHANI; SABAGHPOUR; SABAGHNIA, 2008), cujas aplicações podem variar conforme o conjunto de dados experimentais (HONGYU et al., 2014). Esses métodos utilizam conceitos de modelos paramétricos univariados (EBERHART; RUSSEL, 1966; WRICKE, 1965), multivariados como a análise de efeitos principais aditivos e interação multiplicativa (AMMI-Biplot) e o *genotype + genotype-by-environment* (GGE-Biplot) (ZOBEL; MADISON; GAUCH, 1988; YAN, 2011), média harmônica da performance relativa dos valores genéticos via REML/BLUP (MHPRVG) (RESENDE, 2007) e não paramétricos (LIN; BINNS, 1988). A capacidade em explicar a soma de quadrados da interação é o que interfere na seleção entre os métodos existentes.

Para obter maior eficácia no processo de seleção de genótipos, diversos autores recomendam a utilização de mais de um método para aumentar a confiabilidade dos resultados (SILVA; DUARTE, 2006; ROOSTAEI; MOHAMMADI; AMRI, 2014; FARIA et al., 2017). Nesse sentido, a verificação da associação entre os parâmetros de adaptabilidade e estabilidade obtidos por meio de diferentes métodos de estimação é de suma importância para que recomendações sejam feitas sem equívocos (SILVA; DUARTE, 2006).

Em milho, existem estudos comparando diversos métodos de avaliação da interação GxA (FARIA et al., 2017; OLIVEIRA et al., 2010; CARGNELUTTI FILHO et al., 2007). No entanto, são escassos os trabalhos comparando métodos paramétricos, não-paramétricos e metodologia de modelos mistos, como o REML/BLUP. Para a garantia de maior acurácia no processo de seleção e indicação de genótipos de milho, sempre há a necessidade de realizar estudos comparando métodos tradicionais e estatísticas recentes. Assim, este trabalho objetivou: 1. Estimar os parâmetros de adaptabilidade e estabilidade da produtividade de grãos de milho em nove ambientes do Brasil Central, utilizando diferentes métodos estatísticos de estimação; 2. Comparar cinco métodos de avaliação da adaptabilidade e estabilidade quanto à capacidade discriminatória para a recomendação de genótipos de milho no Brasil Central.

2 MATERIAL E MÉTODOS

2.1 Origem dos dados e execução experimental

Os dados utilizados são provenientes de experimentos com genótipos de milho realizados na safra 2012/13 em nove diferentes localidades de cultivo da região do Brasil central (Sete Lagoas-MG, Londrina-PR, Goiânia-GO, Janaúba-MG, Planaltina-DF, Paragominas-PA, Altamira-PA, Campo Grande-MS e Manduri-SP) (Quadro 1). Estes dados experimentais foram cedidos pela Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária (EMBRAPA).

Quadro 1. Informações sobre a localização dos nove experimentos de milho na região do Brasil Central.

Município	Altitude (m)	Latitude	Longitude	Bioma	Clima
Sete Lagoas-MG	766	19° 28' 4"	44° 14' 52"	Cerrado	Cwa
Londrina-PR	610	23° 18' 37"	51° 09' 46"	Mata Atlântica	Cfa
Goiânia-GO	749	16° 40' 43"	49° 15' 14"	Cerrado	Aw
Janaúba-MG	516	15° 48' 09"	43° 18' 32"	Cerrado	Aw
Planaltina-DF	971	15° 29' 2"	47° 38' 21"	Cerrado	Aw
Paragominas-PA	90	02° 59' 45"	47° 21' 10"	Amazônico	Aw
Altamira-PA	109	03° 12' 12"	52° 12' 23"	Amazônico	Am/Aw
Campo Grande-MS	592	20° 26' 34"	54° 38' 47"	Cerrado	Aw
Manduri-SP	710	23° 00' 12"	49° 19' 19"	Cerrado/ Mata Atlântica	Cfa

Os experimentos foram instalados com 36 genótipos de milho, sendo 33 variedades de polinização aberta, um híbrido simples e dois híbridos intervarietais. Destes, 30 genótipos eram experimentais e seis testemunhas comerciais (Quadro 2).

Quadro 2. Informações a respeito dos 36 genótipos de milho utilizados nos nove ambientes da safra 2012/2013.

Ordem	Genótipo	Tipo	Instituição	Condição	Ciclo
1	BRS1055	HS	Embrapa/CNPMS	Testemunha	SMP
2	BRS Caimbé	VPA	Embrapa/CNPMS	Testemunha	P
3	BRS 4103	VPA	Embrapa/CNPMS	Testemunha	P
4	BR 106	VPA	Embrapa/CNPMS	Testemunha	SMP
5	Sint. 10771	VPA	Embrapa/CNPMS	Experimental	PN
6	Sint. 10717	VPA	Embrapa/CNPMS	Experimental	PN
7	Sint. 10795	VPA	Embrapa/CNPMS	Experimental	PN
8	Sint. 10697	VPA	Embrapa/CNPMS	Experimental	PN
9	Sint. 10707	VPA	Embrapa/CNPMS	Experimental	PN
10	Sint. 10805	VPA	Embrapa/CNPMS	Experimental	PN
11	Sint. 10731	VPA	Embrapa/CNPMS	Experimental	PN
12	Sint. 10781	VPA	Embrapa/CNPMS	Experimental	PN
13	Sint. 10723	VPA	Embrapa/CNPMS	Experimental	PN
14	Sint. 10699	VPA	Embrapa/CNPMS	Experimental	PN
15	Sint. Mult. TL	VPA	Embrapa/CNPMS	Experimental	PN
16	Sint. RxS Spod	VPA	Embrapa/CNPMS	Experimental	PN
17	Sint. Pro Vit A	VPA	Embrapa/CNPMS	Experimental	P
18	BRS Gorutuba	VPA	Embrapa/CNPMS	Testemunha	SP
19	Sint. 256 L	VPA	Embrapa/CNPMS	Experimental	PN
20	VSL BS 42 C 60	VPA	Embrapa/CNPMS	Experimental	PN
21	AL 2010	VPA	DSMM/CATI	Experimental	PN
22	AL Avaré	VPA	DSMM/CATI	Testemunha	PN
23	AL 2008	VPA	DSMM/CATI	Experimental	PN
24	CMS EAO 2008	VPA	BEM. AMAZ.	Experimental	PN
25	Eldorado	VPA	Embrapa/CPAC	Experimental	P
26	MC 20	VPA	Embrapa/CPAC	Experimental	PN
27	Sint. 1X	VPA	Embrapa/CNPMS	Experimental	PN
28	II934	HIV	Embrapa/CPATC	Experimental	PN
29	PC 0903	VPA	IAPAR	Experimental	P
30	PC 0904	VPA	IAPAR	Experimental	P
31	PC 0905	VPA	IAPAR	Experimental	P
32	IPR 164	VPA	IAPAR	Experimental	P
33	Guepa	VPA	Embrapa/CPAO	Experimental	SP
34	Bio 4	HIV	UFLA	Experimental	P
35	Sint. UFLA	VPA	UFLA	Experimental	P
36	Sint. 10783	VPA	Embrapa/CNPMS	Experimental	PN

HS: híbrido simples. VPA: variedade de polinização aberta. HIV: híbrido intervarietal. SMP: semi-precoce. P: precoce. PN: precoce/normal. SP: super-precoce.

O delineamento experimental utilizado foi o de látice simples 6x6. Cada unidade experimental foi constituída por duas linhas de quatro metros, com espaçamento entre linhas de 0,8 metros (1,6x4 m), sendo que a área útil da parcela foi

de 4,8 m². Após a emergência das plântulas foi realizado o desbaste com o objetivo de obter uma população de 50000 plantas ha⁻¹.

As adubações de semeadura e de cobertura seguiram as recomendações da cultura (CRUZ et al., 2010). As estimativas de produtividade de grãos (PG), em kg ha⁻¹, foram obtidas por meio da conversão da massa de grãos colhida por unidade experimental para um hectare, com correção da umidade para 13%.

2.2 Análises estatísticas individuais e análise conjunta

Após constatação da normalidade dos dados, foi efetuada uma análise de variância individual intrablocos com tratamentos ajustados e blocos dentro de repetições não-ajustados para cada ambiente e testada a significância pelo teste F. As análises estatísticas foram realizadas segundo Silva et al. (1999) de acordo com o seguinte modelo:

$$Y_{i\ell(j)} = \mu + t_i + r_j + (b/r)_{\ell(j)} + e_{i\ell(j)}$$

Em que:

$Y_{i\ell(j)}$: valor observado do tratamento genético i ($i = 1, 2, \dots, 36$), no bloco incompleto ℓ ($\ell = 1, 2, \dots, 6$), da repetição j ($j = 1, 2, \dots, r$);

μ : constante (média) de todas as observações;

t_i : efeito fixo do tratamento genético i ;

r_j : efeito fixo da repetição j ;

$(b/r)_{\ell(j)}$: efeito aleatório do bloco incompleto ℓ dentro da repetição j ;

$e_{i\ell(j)}$: erro experimental aleatório e normalmente distribuído à observação $Y_{i\ell(j)}$.

Verificou-se a homogeneidade das variâncias pelo teste de Hartley F máximo, calculado pela razão entre o maior e menor quadrado médio residual (QMR). Sendo o valor encontrado inferior a sete, com experimentos sob mesmo número de repetições, deve proceder-se com a análise de variância conjunta, a fim de verificar as significâncias dos efeitos de genótipo (G), ambientes (A) e da interação GxA (PIMENTEL GOMES, 2009). O efeito de ambiente foi considerado aleatório e o de genótipos como fixo. A análise de variância conjunta intrablocos com tratamentos ajustados e blocos dentro de repetições não-ajustados recomendado por Regazzi et al. (1999) foi realizada de acordo com o seguinte modelo:

$$Y_{i\ell(j)(p)} = \mu + t_i + (r/a)_{j(p)} + (b/r/a)_{\ell(j)(p)} + a_p + (ta)_{ip} + e_{i\ell(j)(p)}$$

Em que:

$Y_{i\ell(j)(p)}$: valor observado do tratamento genético i ($i = 1, 2, \dots, 36$), no bloco incompleto ℓ ($\ell = 1, 2, \dots, 6$), da repetição j ($j = 1, 2$), no local p ($p = 1, 2, \dots, 9$);

μ : constante (média) de todas as observações;

t_i : efeito do tratamento genético i ;

$(r/a)_{j(p)}$: efeito da repetição j dentro do local p ;

$(b/r/a)_{\ell(j)(p)}$: efeito do bloco incompleto ℓ dentro da repetição j do local p ;

a_p : efeito do local p ;

$(ta)_{ip}$: efeito da interação entre o tratamento genético i e o local p ; e

$e_{i\ell(j)(p)}$: erro aleatório e normalmente distribuído a observação $Y_{i\ell(j)(p)}$.

A acurácia seletiva foi calculada a partir da seguinte expressão:

$$\hat{r}_{gg} = (1 - 1/F)^{1/2}$$

em que: F indica o valor da razão de variâncias para os efeitos de genótipos contido na análise de variância (RESENDE; DUARTE, 2007). Para a realização das análises de variância foi utilizado o programa R (R CORE TEAM, 2016).

2.3 Análises de adaptabilidade e estabilidade

Para estimar os parâmetros de adaptabilidade e estabilidade dos 36 genótipos de milho nos nove ambientes avaliados foram utilizados os seguintes métodos: método de Eberhart e Russel (1966), Lin e Binns (1988) com decomposição (CRUZ; CARNEIRO, 2006), Média Harmônica da Performance Relativa dos Valores Genotípicos (MHPRVG) via metodologia de modelos mistos com máxima verossimilhança restrita/melhor preditor linear não viesado (REML/BLUP) (RESENDE, 2004), efeitos principais aditivos e interação multiplicativa (AMMI-Biplot) (ZOBEL; MADISON; GAUCH, 1988) e genotype+genotype-by-environment (GGE-Biplot) (YAN et al., 2000). Os programas utilizados para essas análises foram GENES (CRUZ, 2013), Selegen (RESENDE, 2002) e o R (R CORE TEAM, 2016).

2.3.1 Método de Eberhart e Russel (1966)

No emprego do método Eberhart e Russel (1966) foi utilizado o seguinte modelo:

$$y_{ij} = \beta_{0i} + \beta_{1i}I_j + \hat{\sigma}_{di}^2 + \bar{\epsilon}_{ij}$$

Em que:

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

β_{0i} : constante da regressão e representa a média geral do genótipo i ;

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

I_j : índice ambiental codificado;

$\hat{\sigma}_{di}^2$: variância dos desvios da regressão e;

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

As estimativas dos parâmetros de adaptabilidade e estabilidade foram obtidas por meio do coeficiente de regressão β_{1i} de cada genótipo em relação ao índice ambiental (adaptabilidade) e pelo quadrado médio dos desvios da regressão $\hat{\sigma}_{di}^2$ (estabilidade). Genótipos com adaptabilidade geral possuem $\beta_{1i}=1$. Já aqueles com adaptabilidade específica a ambientes favoráveis possuem $\beta_{1i}>1$. Genótipos com adaptabilidade a ambientes desfavoráveis possuem $\beta_{1i}<1$. Aqueles com estabilidade/previsibilidade de comportamento possuem $\hat{\sigma}_{di}^2=0$ e, se possuírem comportamento imprevisível possuem $\hat{\sigma}_{di}^2 \neq 0$. O coeficiente de determinação (R^2) serviu como medida auxiliar para determinar a estabilidade (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2012).

De acordo com Oliveira, Moreira e Ferreira (2013), um genótipo ideal possui média de produtividade elevada, baixa sensibilidade a ambientes desfavoráveis ($\beta_{1i}<1$), previsibilidade alta (σ_{di}^2 não significativa) ou tolerável (σ_{di}^2 significativa e R^2 acima de 85%, para o milho).

2.3.2 Método de Lin e Binns (1988) com decomposição

Para o método de Lin e Binns (1988) com decomposição (CRUZ; CARNEIRO, 2006), a estatística de adaptabilidade P_i é apresentada por:

$$P_i = \frac{\sum_{j=1}^a (Y_{ij} - M_j)^2}{2a}$$

Em que:

P_i : estimativa do parâmetro de estabilidade do i -ésimo genótipo;

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

M_j : resposta máxima observada entre todos os genótipos no j -ésimo ambiente e;

a : número de ambientes.

Carneiro (1998) propôs a decomposição da estatística P_i para ambientes favoráveis e desfavoráveis por meio das equações:

$$P_{i(f)} = \frac{\sum_{j=1}^f (Y_{ij} - M_j)^2}{2f}$$

Em que:

f : número de ambientes favoráveis

$$P_{i(d)} = \frac{\sum_{j=1}^d (Y_{ij} - M_j)^2}{2d}$$

Em que:

d : número de ambientes desfavoráveis.

2.3.3 Método AMMI-Biplot

O método efeitos aditivos e interação multiplicativa (AMMI-Biplot) é uma combinação entre a análise de variância e a análise de componentes principais (ACP). Neste caso, os componentes aditivos são utilizados para estudar os efeitos aditivos e os componentes multiplicativos, para estudar a interação GxA. Na ACP a variação contida nos componentes principais significativos é denominada padrão, e a contida nos componentes não significativos, denomina-se de ruídos (ZOBEL; MADISON; GAUCH, 1988).

A equação utilizada para esse método estatístico:

$$\bar{Y}_{ij} = \mu + g_i + a_j + \sum_{k=1}^n \lambda_k \gamma_{ik} \alpha_{jk} + r_{ij} + \varepsilon_{ij}$$

Em que:

\bar{Y}_{ij} : média de produtividade do genótipo i ($i=1,2,\dots,36$) no ambiente j ($j=1,2,\dots,9$);

μ : média geral dos experimentos;

g_i : efeito do genótipo i ;

a_j : efeito do ambiente j ;

$\sum_{k=1}^n \lambda_k \gamma_{ik} \alpha_{jk}$: efeito da interação multiplicativa, onde λ_k é o valor singular, γ_{ik} e α_{jk} são os escores da ACP do eixo k para genótipo e ambiente, respectivamente e n é o número de eixos ou de componentes principais retidos para descrever o padrão da interação GxA;

r_{ij} : efeito residual do modelo AMMI (ruído) e;

ε_{ij} : erro experimental considerado de efeito aleatório.

Como medida de estabilidade, foram utilizados os escores do primeiro componente (IPCA1) de cada genótipo, obtido a partir da análise AMMI1. O gráfico AMMI1 analisa na abcissa os efeitos principais (médias de genótipos) e na ordenada o primeiro eixo da interação (IPCA1). Quanto menores os escores para IPCA1, os genótipos ou ambientes são mais estáveis.

Para a definição do número de eixos as serem retidos na análise para explicar o padrão relacionado a interação GxA, foi adotado o critério proposto por Gauch e Zobel (1988). Esse critério leva em consideração a proporção da soma de quadrados da interação ($SQ_{G \times A}$) acumulada nos primeiros eixos. A significância do teste F de Gollob (1968) a 1% de probabilidade foi utilizado como determinação do modelo para cada família AMMI (AMMI1, AMMI2, ..., AMMI n) e os resíduos dos eixos foram testados pelo teste F de Cornelius, Seyedsadr e Crossa (1992).

Além disso, foi calculado o valor de estabilidade AMMI (VEA) (ou “AMMI stability value (ASV)” - em inglês). O ASV calcula a distância euclidiana entre a origem do plano cartesiano e a coordenada do ponto do genótipo ou ambiente (PURCHASE; HATTING; VANDEVENTER, 2000). Como o valor do IPCA1 contribui mais para a interação GxA, é necessário o uso de um valor ponderado. Este é calculado para cada genótipo e ambiente de acordo com a contribuição relativa do IPCA1 e o IPCA2 para a interação GxA, de acordo com a equação:

$$ASV = \sqrt{\left[\frac{SQ_{IPCA1}}{SQ_{IPCA2}} (Escore\ do\ IPCA1)\right]^2 + [Escore\ do\ IPCA2]^2},$$

Em que:

SQ IPCA1: soma de quadrados do IPCA1;

SQ IPCA2: soma de quadrados do IPCA2.

Quanto menor o valor de ASV, maior será a estabilidade do genótipo.

2.3.4 Método GGE-Biplot

A análise pelo método GGE proposta por Yan et al. (2007) foi obtida pela seguinte equação:

$$Y_{ij} - \mu - E_j = Y_1 \varepsilon_{i1} \rho_{j1} + Y_2 \varepsilon_{i2} \rho_{j2} + \varepsilon_{ij}$$

Em que:

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

μ : média geral;

E_j : efeito do ambiente;

Y_1 e Y_2 : valores singulares do IPCA1 e IPCA2, respectivamente;

ε_{i1} e ε_{i2} : escores do IPCA1 e IPCA2 referente ao i -ésimo genótipo, respectivamente;

ρ_{j1} e ρ_{j2} : escores do IPCA1 e IPCA2 referente ao j -ésimo ambiente, respectivamente;

ε_{ij} : efeito residual não explicado por nenhum dos fatores (“ruído”).

Após a confecção do gráfico pelos escores associados aos ambientes e genótipos foram feitas as análises de “*which-won-where*”, média x estabilidade, discriminativo x representativo e genótipo ideal (YAN; TINKER, 2006).

Para avaliar a adequação de um biplot em exibir os padrões de uma tabela de dupla-entrada, Yan e Tinker (2006) propuseram a relação de informação (IR). Esta tabela de dupla-entrada tem g genótipos e e ambientes. O número máximo de componentes principais (PC) demandado para apresentar essa tabela completamente é $k = \min(e, g - 1)$. O IR pode ser calculado para cada componente principal que é a proporção da variação total explicada para cada PC multiplicado por k . Se não há correlação entre os ambientes, todos os valores k dos PCs serão completamente independentes, e a proporção da variação total explicada para cada PC será exatamente igual a $1/k$. Já se houver correlação entre os ambientes, a proporção da variação explicada para os primeiros PCs deverá ser maior ou igual a $1/k$, e a variação explicada por outros PCs deverá ser inferior ou igual a $1/k$. (YAN; TINKER, 2006).

A interpretação se dá da seguinte forma: um PC com $IR > 1$ contém padrão (associação entre os ambientes), um PC com $IR = 1$ não contém padrão, mas pode conter alguma informação independente e um PC com $IR < 1$ não contém nenhum padrão ou informação (YAN, 2011).

2.3.5 Método MHPRVG via REML/BLUP

Para o procedimento de modelos lineares mistos foi utilizado o método da máxima verossimilhança restrita/melhor predição linear não viesada (REML/BLUP) por meio do modelo 52 – Delineamento em blocos incompletos e vários locais e uma observação por parcela - de acordo com a seguinte equação (RESENDE, 2006):

$$y = X_r + Z_g + W_b + T_i + e$$

Em que:

y : vetor de dados;

r : vetor dos efeitos fixos de repetição somados a média geral;

g : vetor dos efeitos aleatórios genotípicos;

b : vetor dos efeitos aleatórios de blocos;

i : vetor dos efeitos aleatórios da interação genótipo x ambiente;

e : vetor de erros, considerado aleatório.

X , Z , W , Y e Z representam as matrizes de incidência para os referidos efeitos.

Ao considerar o método BLUP, o efeito de genótipos pode ser tratado como aleatório, tendo como vantagem a facilidade de implementação nas análises (quando comparado a outros estimadores do tipo “shrinkage”) e o uso em experimentos desbalanceados. Por recomendação de Resende e Duarte (2007), ao serem abordados experimentos de valor de cultivo e uso (VCU), os tratamentos genéticos, quase sempre, devem ser considerados de efeitos aleatórios. O uso da informação intergenotípica, que considera a suposição de aleatoriedade, permite que não só os genótipos, mas também os blocos, sejam considerados como, possivelmente, pertencentes a uma população conceitual de referência, possibilitando explorar de forma estatística, a informação de dependência entre os genótipos (HENDERSON, 1984). O efeito aleatório da interação genótipos x ambientes também permite inferências para toda uma população de ambientes.

A medida simultânea de adaptabilidade e estabilidade para cada genótipo foi obtida por meio da Média Harmônica da Performance Relativa dos Valores Genotípicos (MHPRVG) de acordo com a seguinte equação:

$$MHPRVG = n / \sum_{i=1}^j \frac{1}{PRVG_{ij}}$$

Em que:

n : número de ambientes;

$PRVG_{ij} = VG_{ij}/VG_j$, sendo:

VG_{ij} : valor genético do genótipo i no ambiente j e;

VG_j : a média genotípica no ambiente j .

Para melhor interpretação dos resultados, os valores de MHPRVG foram multiplicados pela média geral de todos os ambientes (MHPRVG*MG), representando os resultados na mesma magnitude da variável estudada. Após, os ambientes foram agrupados em favoráveis e desfavoráveis de acordo com a média geral de produtividade em todos os ambientes e foram conduzidas análises separadas para cada grupo. Os ambientes com média acima da média geral foram considerados favoráveis e os ambientes com média abaixo da média geral foram considerados desfavoráveis (MENDES et al., 2012).

Esta separação resultou em outros valores de MHPRVG para cada grupo de ambientes. Neste sentido, para analisar em conjunto a adaptabilidade e a estabilidade, os resultados de MHPRVG de cada grupo foram comparados em gráfico de dispersão, contrastando ambientes favoráveis (eixo das abcissas) e ambientes desfavoráveis (eixo das ordenadas). O plano cartesiano gerado foi dividido em quatro quadrantes, os quais foram: I-genótipos com baixa adaptabilidade e estabilidade; II-genótipos com adaptabilidade específica a ambientes favoráveis; III- genótipos com adaptabilidade geral e alta estabilidade e; IV-genótipos com adaptabilidade a ambientes desfavoráveis (MENDES et al., 2012).

2.3.6 Correlação de Spearman

A associação entre os métodos foi avaliada pela correlação não paramétrica de Spearman aplicada aos parâmetros de adaptabilidade e estabilidade de cada método. Para Eberhart e Russel (1966) foram utilizados os parâmetros β_{1i} e $\hat{\sigma}_{di}^2$; Lin e Binns (1988) com decomposição, Pigeral (P_{ig}), P_i favorável (P_{if}) e P_i desfavorável (P_{id}); AMMI-Biplot, os escores do IPCA1; GGE-Biplot, a média ponderada do escores absolutos de IPCA1 e IPCA2 e, para modelos mistos, os valores de MHPRVG*MG. O aplicativo computacional utilizado foi o programa GENES (CRUZ, 2013).

3 RESULTADOS E DISCUSSÃO

Os resultados das análises de variâncias individuais indicaram diferenças estatísticas significativas ($p < 0,05$) entre as médias dos genótipos para a safra agrícola avaliada em todos os locais (Tabela 1). Os valores de acurácia para cada local variaram de 0,79 a 0,92, indicando precisão experimental de alta a muito alta, permitindo boa precisão na avaliação genotípica (RESENDE; DUARTE, 2007).

Tabela 1. Análise de variância individual para a produtividade de grãos (kg ha^{-1}), de 36 genótipos de milho nos nove ambientes da região do Brasil Central na safra 2012/2013.

		Quadrados Médios				
FV	GL	Sete Lagoas	Londrina	Goiânia	Janaúba	Planaltina
Repetição	1	5803206	268536	1923015	888891	11060
Bloco(Rep)	10	1309764	3442450*	5441904**	1795709	1563756
Genótipos	35	4002467**	6113486**	3456213*	2992675**	2673560*
Resíduo	25	1429099	1171933	1663680	1123698	865402
Média		7719,32	6393,62	8090,40	5620,23	7983,84
CV%		15,49	16,93	15,94	18,86	11,65
\hat{r}_{gg}		0,80	0,90	0,72	0,79	0,82
		Quadrados Médios				
FV	GL	Paragominas	Altamira	Campo Grande	Manduri	
Repetição	1	10118574**	2546	3639049*	208566	
Bloco(Rep)	10	5625716**	1191202*	1424222*	1284839**	
Genótipos	35	2108592**	1177246**	2532594**	2122478**	
Resíduo	25	778850	434689	469378	312268	
Média		6946,19	5806,53	7621,91	5496,21	
CV%		12,71	11,35	8,99	10,17	
\hat{r}_{gg}		0,79	0,79	0,90	0,92	

**e*: significativo pelo teste F a 1 e 5% de probabilidade, respectivamente. CV%: coeficiente de variação. \hat{r}_{gg} : acurácia.

A equação da acurácia $\hat{r}_{gg} = (1 - 1/F)^{1/2}$, considera o valor F de Snedecor que é a razão entre os quadrados médios para os efeitos de tratamentos (genótipos), associada a análise de variância. O valor F mostra-se como um parâmetro adequado para avaliar a qualidade dos experimentos de avaliação de cultivares, pois a expressão do valor F contempla os parâmetros de coeficiente de variação experimental, o número de repetições e o coeficiente de variação genotípico ($F = 1 + bCVg^2/CVe^2$) (RESENDE; DUARTE, 2007). Neste sentido, o parâmetro acurácia apresenta-se como estatística apropriada para verificar a qualidade dos experimentos de avaliação de genótipos.

Por meio da razão entre o maior e menor quadrado médio residual foi verificado que o conjunto de ambientes avaliados atendeu ao pressuposto de homogeneidade das variâncias residuais com valor (5,33) inferior a 7,0. A análise conjunta realizada indicou efeitos significativos para todas as fontes de variações analisadas (Tabela 2). Nesse contexto, foi possível afirmar que existem diferenças significativas entre os genótipos, os ambientes e entre o desempenho dos genótipos frente às variações ambientais. No que concerne à acurácia seletiva, o valor obtido foi 0,96, com indicativo de que houve boa condução experimental em todos os ambientes avaliados, também confirmado pelo coeficiente de variação experimental (14,63%).

Tabela 2. Resumo da análise de variância conjunta para produtividade de grãos (kg ha⁻¹) considerando 36 genótipos de milho avaliados em nove ambientes da região Central do Brasil.

FV	GL	QM	%SQ _F ⁽¹⁾
Repetição	1	6803899**	
Bloco(Repetição)	10	6610551**	
Genótipo (G)	35	14050219**	30,00
Ambiente (A)	8	79444006**	38,00
G x A	280	1899783*	32,00
Resíduo	313	1004964	
Média		6853,14	
CV%		14,63	
\hat{r}_{gg}		0,96	

⁽¹⁾: porcentagem da soma de quadrado dos fatores de genótipo, ambiente e da interação GxA. *Significativo pelo teste F a 5%. **Significativo pelo teste F a 1% de probabilidade. CV%: coeficiente de variação. \hat{r}_{gg} : acurácia.

O efeito de ambiente foi responsável pela maior parte da variação da soma de quadrado com 38% de variação, como também verificado em outros trabalhos com milho (BALESTRE et al., 2009; FARIA et al., 2017). A maior parte da porcentagem da soma de quadrados para ambientes deve-se a ampla variação ambiental existente entre os locais. Já a interação GxA (32%) foi pouco mais expressiva que o efeito de genótipo (30%).

Em princípio, é esperado que o efeito de genótipo seja menor que o de ambiente, haja vista que no caso de ensaios de valor de cultivo e uso (VCU), normalmente são utilizados os melhores genótipos dos programas de melhoramento, dando a entender que esses genótipos já fizeram parte de extensivos ensaios de avaliação durante sua obtenção, sendo provenientes de alta intensidade de seleção.

Na avaliação de grupos de experimentos, Gauch (1992) relatou que a soma de quadrados para ambiente é frequentemente elevada em alguns experimentos. No entanto, sua influência é considerada menos relevante, já que seus efeitos não influenciam no ranqueamento dos genótipos dentro de um mesmo ambiente.

A significância para interação GxA indicou que existem diferenças quanto ao desempenho dos genótipos em relação aos diversos ambientes. Nos períodos avaliados, foram observados volumes pluviométricos mensais variando entre 62 mm a 323,9 mm nos diferentes ambientes (INMET, 2017). Segundo Prael-Pantano et al. (2011), existe forte correlação entre produtividade e precipitação pluviométrica, a ponto de suas relações resultarem em desempenho genotípico divergente decorrente de interferências ambientais.

Além disso, o local de condução de cada experimento apresentou diferenças na altitude (90 a 971 m) e, conseqüentemente, na temperatura média, resultando em diferenças climáticas acentuadas. Todos esses fatores contribuíram para o efeito significativo da interação GxA ($p < 0,05$), tornando-se necessária a utilização de métodos estatísticos específicos para facilitar o processo de identificação de genótipos com adaptabilidade e estabilidade.

3.1 Classificação dos ambientes avaliados

Conforme os índices ambientais (I_j), que demonstram a qualidade dos ambientes avaliados, os métodos de Eberhart e Russel (1966) e Lin e Binns (1988) com decomposição foram idênticos em classificar os ambientes como favoráveis (Sete Lagoas, Goiânia, Planaltina, Paragominas e Campo Grande) e desfavoráveis (Londrina, Janaúba, Altamira e Manduri) (Tabela 3). A semelhança entre os resultados é explicada por Carneiro (1988), citado por Murakami et al. (2004), que decompôs a estatística da estimativa do parâmetro de estabilidade do cultivar i (P_{ig}) para atender a identificação de genótipos superiores em ambientes favoráveis e desfavoráveis, utilizando a mesma metodologia de classificação de ambientes (índice ambiental) proposta por Eberhart e Russel (1966).

Tabela 3. Índice ambiental para os métodos de Eberhart e Russel (1966) e Lin e Binns (1988) com decomposição, condição favorável e desfavorável pelo método MHPRVG via REML/BLUP e instável e estável para os métodos AMMI-Biplot e GGE-Biplot.

Ambiente	ER	LB	MHPRVG	AMMI-Biplot	GGE-Biplot
Sete Lagoas	866,18	866,18	Favorável	ICV	ICV
Londrina	-459,52	-459,52	Desfavorável	Instável	Estável
Goiania	1237,26	1237,26	Favorável	ICV	ICV
Janaúba	-1232,91	-1232,91	Desfavorável	Estável	ICV
Planaltina	1130,70	1130,70	Favorável	Estável	ICV
Paragominas	93,05	93,05	Favorável	Instável	Instável
Altamira	-1046,61	-1046,61	Desfavorável	ICV	ICV
C. Grande	768,77	768,77	Favorável	Estável	ICV
Manduri	-1356,93	-1356,93	Desfavorável	Estável	ICV

ER: Eberhart e Russel (1966). LB: Lin e Bins (1988) com decomposição. MHPRVG: Média Harmônica da Performance Relativa dos Valores Genotípicos. AMMI: Método de efeitos principais aditivos e interação multiplicativa. GGE-Biplot (Genotype + genotype-by-environment). ICV: inconclusivo.

Os valores negativos para I_j possivelmente estão associados a ambientes com condições ambientais adversas. Já os ambientes favoráveis, sendo aqueles em que não foram observados estresses ambientais visíveis, provavelmente podem apresentar média de produtividade de grãos elevada. A discussão entre ambientes favoráveis com presença de média de produtividade elevada e de ambientes desfavoráveis com média baixa vem sendo discutida.

Alguns pesquisadores afirmam que normalmente ambientes favoráveis, ou seja, sem estresses, apresentam média de produtividade elevada. No entanto, estes ambientes não discriminam os genótipos, impossibilitando seu uso em ensaios de valor de cultivo e uso (VCU). Para analisar essa questão, Lima et al. (2014) estimaram a correlação entre a média geral e a magnitude do teste F em 166 experimentos de feijão em Minas Gerais em diferentes anos agrícolas. Os autores concluíram que não houve correlação entre esses dois fatores, inferindo que essa constatação não é verdadeira.

Pelo método de modelos mistos via MHPRVG também houve concordância na classificação de ambientes como favoráveis e desfavoráveis como os métodos de Eberhart e Russel (1966) e Lin e Binns (1988) com decomposição (Tabela 3). O MHPRVG utiliza a média geral como classificação para ambientes favoráveis e desfavoráveis. Assim, ambientes com média superior à média geral são considerados favoráveis e abaixo da média geral são considerados desfavoráveis (MENDES et al., 2012). As semelhanças nas classificações dos ambientes pelos métodos de Eberhart e

Russel (1966), Lin e Binns (1988) com decomposição e o MHPRVG podem ser atribuídas às equivalências existentes entre o cálculo matemático de cada método.

Pelo AMMI-Biplot, os ambientes mais estáveis foram Manduri, Campo Grande, Planaltina e Janaúba e os mais instáveis foram Londrina e Paragominas. Pelo GGE-Biplot, Londrina foi considerado um ambiente estável e Paragominas como o mais instável (Tabela 3). Essa incoerência na classificação do ambiente de Londrina pode estar atrelada ao fato de que o método AMMI-Biplot subtrai os efeitos de genótipos, ambientes e interação GxA da matriz de médias. Enquanto que o método GGE-Biplot subtrai apenas o efeito do ambiente dessa mesma matriz.

Ao comparar os resultados foi verificada concordância dos ambientes Planaltina e Campo Grande como favoráveis pelos métodos Eberhart e Russel (1966), Lin e Binns (1988) com decomposição MHPRVG e pelo método AMMI-Biplot. Efetuando-se uma comparação entre os métodos AMMI-Biplot e o GGE-Biplot verificou-se similaridade na classificação do ambiente Paragominas como o mais instável. Alguns ambientes não puderam ser definidos como estáveis ou instáveis, por meio da análise gráfica visual dos métodos AMMI-Biplot e GGE-Biplot, e por este motivo foram classificados como inconclusivos.

3.2 Método Eberhart e Russel (1966)

Analisando os parâmetros de estabilidade e adaptabilidade para método de Eberhart e Russel (1966), os genótipos Sint. 10771 e o CMS EAO 2008 foram recomendados para ambientes favoráveis ($\beta_i > 1$), tendo alta previsibilidade e coeficiente de determinação superior a 85%, conforme recomendado por Oliveira, Moreira e Ferreira (2013) para a cultura do milho (Tabela 4).

Tabela 4. Coeficiente da regressão linear (β_{li}), desvios da regressão (σ^2_{di}) e coeficiente de determinação (R^2), para o método Eberhart e Russel (1966), referentes à produtividade de grãos (kg ha^{-1}) de 36 genótipos de milho avaliados em nove ambientes do Brasil.

Ordem	Genótipo	Média	β_{li}	σ^2_{di}	$R^2(\%)$
1	BRS1055	10817,72	0,80	2682190,02**	20,17
2	BRS Caimbé	6294,13	0,91	233142,45	58,89
3	BRS 4103	6082,55	0,53*	19773,58	40,67
4	BR 106	6568,73	0,93	518168,52	51,85
5	Sint. 10771	7932,03	1,74**	48850,58	87,38
6	Sint. 10717	6909,75	0,83	647700,13*	42,90
7	Sint. 10795	7395,88	1,00	283563,52	61,59
8	Sint. 10697	7701,63	1,19	-77886,90	80,82
9	Sint. 10707	6994,61	0,88	793235,63*	42,73
10	Sint. 10805	6303,22	0,77	1510627,40**	26,88
11	Sint. 10731	7066,88	1,25	218609,46	73,23
12	Sint. 10781	7251,99	1,40	1046136,72**	61,34
13	Sint. 10723	6657,36	1,30	-163028,88	86,29
14	Sint. 10699	6871,67	0,89	351274,58	53,78
15	Sint. Mult. TL	7033,31	1,01	244357,72	63,06
16	Sint. RxS Spod	6686,04	0,87	235992,90	56,27
17	Sint. Pro Vit A	6193,47	1,01	-57273,24	74,30
18	BRS Gorutuba	5353,55	0,76	1506383,04**	26,73
19	Sint. 256 L	6558,24	0,91	1563,75	67,40
20	VSL BS 42 C 60	7026,20	0,71	67504,35	52,88
21	AL 2010	7305,50	1,02	915157,12**	48,28
22	AL Avaré	6784,99	1,31	724103,46*	63,74
23	AL 2008	5387,09	0,70	345807,93	42,43
24	CMS EAO 2008	6266,63	1,57*	-28938,35	86,76
25	Eldorado	5565,02	1,44	-166196,23	88,67
26	MC 20	6188,53	1,31	297022,81	72,94
27	Sint. 1X	6674,15	1,04	490851,58	57,77
28	1I934	6180,25	0,69	159040,24	47,70
29	PC 0903	7043,75	0,89	250159,15	56,88
30	PC 0904	7556,21	0,78	-222534,14	73,27
31	PC 0905	7780,03	0,99	443661,51	56,47
32	IPR 164	6734,88	1,03	-181153,58	80,74
33	Guepa	5921,91	0,77	546203,47*	41,82
34	Bio 4	7915,18	1,06	1454737,21**	41,78
35	Sint. UFPA	6807,73	1,18	660293,62*	60,28
36	Sint. 10783	6902,21	0,53*	412609,71	27,94
Média geral		6853,14			

** , * , ns: significativo ($p < 0,01$) significativo ($p < 0,05$) e não significativo pelo teste F.

A presença de estabilidade fenotípica diz respeito a previsibilidade de comportamento, que indica o quanto um genótipo é adaptado ao ambiente (DUARTE;

VENCOVSKY, 1999). No entanto, a estabilidade só será útil para o melhoramento quando estiver associada a alta produtividade (RAMALHO et al., 2012). Neste sentido, o Sint. 10771 teve média de produtividade acima da média geral, indicando elevada capacidade em explorar com vantagens a melhoria do ambiente.

O Sint. 10723 apresentou adaptação ampla ($\beta_{i1}=1$), alta previsibilidade e coeficiente de determinação superior a 85% (Tabela). Estes resultados sugerem que este genótipo pode suportar condições ambientais distintas, com manutenção da produtividade em torno da média geral. Já as testemunhas BRS 4103 e o genótipo Sint. 10783 apresentaram ($\beta_{i1}<1$), $R^2<85\%$ e produtividade em torno da média geral, apresentando adaptabilidade específica para ambientes desfavoráveis. O Sint. 10783 mostrou-se interessante para o cultivo em ambientes com uso de baixa tecnologia por ser caracterizada pelo baixo custo de sementes. E o BRS 4103 foi desenvolvido especialmente para regiões com baixa utilizações de insumos, conforme Oliveira, Moreira e Ferreira (2013).

Aproximadamente 70% dos genótipos apresentaram alta previsibilidade ($\sigma^2_{di}=0$) nos ambientes avaliados. Porém, as testemunhas BRS 1055, AL Alvaré, BRS Gorutuba e os genótipos Sint. 10717, Sint. 10707, Sint. 10805, Sint. 10781, AL 2010, Guepa, Bio 4 e o Sint. UFLA demonstraram baixa previsibilidade ($\sigma^2_{di}\neq 0$). Com exceção do BRS 1055 (híbrido simples), os demais genótipos possuem base genética ampla (HALLAUER; MIRANDA FILHO; CARENA, 2010), podendo apresentar desempenhos diferentes nos mais diversos ambientes.

De maneira geral, verificou-se que o modelo de regressão explicou uma pequena fração das variações ocorridas nos experimentos, já que o R^2 foi maior que 85% apenas para 11% dos genótipos avaliados (Tabela), indicando alta dispersão dos dados. Isso, justifica a adoção de outros métodos de adaptabilidade e estabilidade mais refinados, conforme preconizado por Silveira et al. (2016) analisando cultivares de soja com os métodos AMMI e Eberhart e Russel no estado do Paraná. O coeficiente de determinação serve de medida auxiliar da previsibilidade para a seleção de genótipos e reflete a qualidade do ajuste do modelo de regressão para a produtividade de grãos de cada genótipo (FARIA et al., 2017).

A maior parte dos genótipos avaliados são variedades com base genética ampla, baixo custo na obtenção de sementes quando comparado aos híbridos, caracterizadas pela demanda de baixo nível de tecnologia e redução de custos. De acordo com Garbuglio et al. (2007), a seleção de genótipos baseada apenas na

estimação dos parâmetros pelo modelo de Eberhart e Russel (1966) pode levar a exclusão de algum genótipo, que apresentando baixa previsibilidade possui elevada produtividade de grãos, como no caso dos genótipos BRS 1055 e Bio 4. Neste sentido, o produtor deverá selecionar genótipos de acordo com a sua realidade considerando, principalmente, o nível tecnológico adotado e a recomendação de cultivares de empresas de pesquisa e difusão de tecnologias agropecuárias regionais. Uma crítica a esse método é que seu uso não deve ser aplicado a poucos ambientes.

A maioria dos genótipos são variedade de polinização aberta (VPA) que apresentam ciclo precoce/normal. Apenas os genótipos Guepa e BRS Gorutuba são superprecoces e tiveram as mais baixas produtividades médias nos ambientes avaliados. Essa característica pode ter influenciado no período do florescimento, já que são genótipos que florescem mais cedo.

3.3 Método Lin e Binns (1988) com decomposição

Pelo método de Lin e Binns (1988) com decomposição, o parâmetro P_i (medida de adaptabilidade e estabilidade) foi obtido para os ambientes avaliados, bem como sua partição em termos genéticos. Os genótipos que apresentaram o menor valor de P_i para ambiente geral, foram: BRS 1055, Bio 4, PC 0905, Sint. 10697 e Sint. 10771 (Tabela 5). Esses genótipos, com exceção do BRS 1055 (apenas 11,11% de variação genética), contribuíram pouco para a interação $G \times A$, refletindo numa considerável participação da variância genética para expressão da produtividade dos grãos.

Tabela 5. Estimativas dos parâmetros P_i geral ($P_{i(g)}$), P_i favorável ($P_{i(f)}$) e P_i desfavorável ($P_{i(d)}$) e valor genético (VG) para o método Lin e Binns (1988) com decomposição, referentes a produtividade de grãos (kg ha^{-1}) de 36 genótipos de milho avaliados em nove ambientes da região Central do Brasil na safra 2012/2013.

Genótipos	Média	$P_{i(g)}$	$P_{i(f)}$	$P_{i(d)}$	% VG
BRS1055	10817,7	3353,81	6036,85	.	11,11
BRS Caimbé	6294,13	12070812,80	9112900,04	15768203,75	85,79
BRS 4103	6082,55	12322237,00	11449907,47	13412648,91	92,03
BR 106	6568,73	11552043,01	7304913,23	16860955,24	79,15
Sint. 10771	7932,03	6445160,04	2382057,03	11524038,79	65,83
Sint. 10717	6909,75	9222527,99	7537902,12	11328310,33	83,96
Sint. 10795	7395,88	7370106,76	5382267,76	9854905,52	80,71
Sint. 10697	7701,63	5862180,92	3504298,75	8809533,63	84,28
Sint. 10707	6994,61	9664839,59	8074860,63	11652313,28	76,70
Sint. 10805	6303,22	13179694,02	10913636,63	16012265,75	78,26
Sint. 10731	7066,88	9039410,05	4983765,17	14108966,16	78,96
Sint. 10781	7251,99	8186980,81	5468002,44	11585703,77	78,84
Sint. 10723	6657,36	9942158,27	6635300,92	14075729,94	88,19
Sint. 10699	6871,67	8485670,12	7101066,34	10216424,86	93,02
Sint. Mult TL	7033,31	9022388,20	6476189,38	12205136,74	80,52
Sint. RxS Spod	6686,04	10065849,35	8241981,91	12345683,65	85,92
Sint. Pro Vit A	6193,47	12628804,53	8444391,05	17859321,39	85,66
BRS Gorutuba	5353,55	18115438,96	13759096,90	23560866,54	83,23
Sint. 256 L	6558,24	11120866,32	8721562,90	14119995,59	82,62
VSL BS 42 C 60	7026,20	8406863,83	7542001,33	9487941,95	86,74
AL 2010	7305,50	6593532,81	5218815,80	8311929,07	95,00
AL Avaré	6784,99	9977037,15	7087094,63	13589465,29	82,61
AL 2008	5387,09	16466759,99	14229730,97	19263046,26	90,45
CMS EAO 2008	6266,63	12889252,67	7366311,15	19792929,58	81,31
Eldorado	5565,02	15883993,99	10057407,52	23167227,07	87,76
MC 20	6188,53	13372557,11	7899649,03	20213692,22	81,07
Sint. 1X	6674,15	9824825,43	7649637,59	12543810,23	88,53
II934	6180,25	13147607,30	10605437,64	16325319,37	82,75
PC 0903	7043,75	8428907,79	7088005,17	10105036,06	85,71
PC 0904	7556,21	6280188,29	5222370,96	7602459,95	86,11
PC 0905	7780,03	5477440,40	4285832,88	6966949,79	85,75
IPR 164	6734,88	9366677,87	6622362,68	12797071,86	90,18
Guepa	5921,91	14284812,69	11293048,07	18024518,47	84,83
Bio 4	7915,18	4927469,04	4133240,30	5920254,96	87,10
Sint. UFPA	6807,73	10475095,71	7142561,48	14640763,49	77,80
Sint. 10783	6902,21	10148469,43	8815773,16	11814339,77	76,59
Média geral	6853,14				

Mesmo apresentando a maior média de produtividade, o comportamento da testemunha BRS 1055 foi fracamente explicado por fatores genéticos (11,11%),

sendo extremamente influenciado pelas condições do ambiente. Cargnelutti Filho et al. (2007) afirmaram que genótipos indicados pelo método Lin e Binns (1988) com decomposição são normalmente associados a alta produtividade e baixa previsibilidade. Isso pode ser verificado para o BRS 1055. Por outro lado, os genótipos com pior desempenho para ambiente geral, ou seja, aqueles com maiores valores de P_i , foram Eldorado, AL 2008 e a testemunha BRS Gorutuba (Tabela 5). Esses apresentaram maior contribuição para variação genética e as menores produtividades entre os demais genótipos. Neste sentido, pode-se inferir que esses genótipos foram naturalmente pouco produtivos nos ambientes avaliados.

Observou-se também que dentre os 13 genótipos com maior produtividade de grãos, 12 obtiveram os menores valor de P_i para ambiente geral (BRS 1055, Bio 4, PC 0905, Sint. 10697, PC 0904, Sint. 10771, AL 2010, Sint. 10795, Sint. 10781 e VSL BS 42 C 60). Isso é explicado pelo fato de que a estatística P_i considera como de maior adaptabilidade e estabilidade (menores P_{i_s}), os genótipos cujas produtividades, em cada ambiente, estejam mais próximas da máxima produtividade (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2012), como se fosse comparar a diferença entre os genótipos em relação a uma planta ideal. Assim, sempre a maior estabilidade estará associada a maior produtividade (LIN; BINNS, 1988; NUNES et al., 2014). Atualmente, esse método tem sido preferido em análises de adaptabilidade e estabilidade devido a sua simplicidade, praticidade e facilidade de interpretação (RESENDE, 2004).

Além do BRS 1055 ser recomendado para ambiente geral, essa testemunha também se mostrou adaptada para ambientes favoráveis, juntamente com o Sint. 10771 e Sint. 10697 e, também para ambientes desfavoráveis, juntamente com os genótipos Bio 4 e PC 0905 (Tabela 5). O genótipo BRS 1055 é um híbrido simples que foi desenvolvido para lavouras de alto/médio investimento com históricos de alta/média produtividade. Segundo Guimarães et al. (2009) este híbrido obteve alta produtividade em condições de estresse hídrico controlado, confirmando sua superioridade a ambientes desfavoráveis.

O método Lin e Binns (1988) com decomposição é muito influenciado pela produtividade do genótipo no ambiente. Assim, genótipos com baixa produtividade terão elevados valores de P_i e genótipos com alta produtividade terão baixos valores de P_i , podendo não informar corretamente a respeito da estabilidade. Como exemplo, Sint. 10697 apresentou alto P_i para ambiente geral, mas no método de Eberhart e Russel (1966) esse genótipo demonstrou alta previsibilidade e ampla adaptação. Por

isso, deve-se ter cautela na seleção de genótipos quando comparados por apenas um método.

Ainda, o método de Lin e Binns (1988) com decomposição e o método Eberhart e Russel (1966) não puderam informar quanto ao tipo de interação GxA predominante. É ideal que os métodos de adaptabilidade e estabilidade selecionados demonstrem o máximo de informação a respeito do conjunto de dados em questão.

Mesmo sendo um método mais simples, o Lin e Binns (1988) com decomposição pode selecionar genótipos, produtivos, adaptados e estáveis aos ambientes, sob condição da interação predominantemente do tipo simples.

3.4 Método AMMI-Biplot

Pelo método AMMI-Biplot, observou-se que a soma de quadrados da interação GA foi decomposta em oito eixos de componentes principais (IPCA), em que cinco apresentaram significância, dos quais o primeiro (IPCA1) e o segundo termo (IPCA2) foram considerados altamente significativos ($p < 0,01$) pelo teste F de Gollob (1968) (Tabela 6).

Tabela 6. Resultados dos testes de Gollob e de Cornelius da análise AMMI para a produtividade de grãos (kg ha^{-1}) de 36 genótipos de milho avaliados em nove ambientes da região Central do Brasil na safra 2012/2013.

FV	Gollob (1968)				Cornelius et al. (1992)			
	GL	SQ	QM	F _c	GL	QM	F _R	SQ _{GxA}
G	35	279050100	7972860	8,46				
A	8	317775981	39721998	42,13				
GxA	280	264018793	942924,3	1,57**	280	942924,3	1,57**	
IPCA1	42	93093078	2216502	3,70**	238	718175,3	1,20*	35,3
IPCA2	40	55520332	1388008	2,32**	198	582855,5	0,97 ^{ns}	21
IPCA3	38	35949509	946039,7	1,58*	160	496599,2	0,83 ^{ns}	13,6
IPCA4	36	32201802	894494,5	1,49*	124	381081,2	0,64 ^{ns}	
Erro médio	450	269299169	598442,6					

SQ_{GxA}: Percentagem da soma de quadrados da interação GxA.

Pelo teste de Cornelius, utilizado para verificar a falta de ajuste dos modelos AMMI, constatou-se que os resíduos do AMMI1 não foram estatisticamente significativos a 1% de probabilidade, confirmando a seleção do AMMI1. Este modelo explicou 35% da variação total, utilizando apenas cerca de 15% dos graus de liberdade

originais (Tabela 6). Segundo Pereira et al. (2014), o uso de 1% em vez de 5% para o nível de significância pode reduzir a probabilidade de ocorrência do erro do tipo II (aceitar o modelo AMMI com baixo número de eixos, quando na verdade o modelo correto é o mais parametrizado).

As duas maneiras existentes para determinar o número de eixos a serem considerados na análise AMMI-Biplot, ou seja, o teste de Gollob (GOLLOB, 1968) ou o teste de Cornelius (CORNELIUS, SEYEDSADR; CROSSA (1992), são determinadas a critério do pesquisador. Neste trabalho, considerou-se o teste de Cornelius, haja visto que este é um teste mais robusto que o de Gollob, que permite eliminar o excesso de ruído das análises (HONGYU et al., 2014). Um reduzido número de eixos pode ser suficiente para captar o padrão de variação da matriz $G \times A$ e facilitar a interpretação dos resultados da análise multivariada (CHAVES, 2001). O padrão da interação $G \times A$ associado aos outros IPCAs significativos (cerca de 65%) pode estar associado em grande parte a ruídos (DUARTE; VENCOVSKY, 1999). Em modelos multivariados maior parte do padrão é captado pelos primeiros componentes principais e os demais componentes ficam cada vez mais com maiores proporções do ruído (CROSSA et al., 1991).

Para produtividade de grãos, sob as condições avaliadas, cerca de um terço das variações relativa aos desvios dos efeitos principais (genótipos e ambientes) pode ser explicada pelo primeiro componente (IPCA1). Uma baixa contribuição dos primeiros IPCAs foi ressaltada por Pereira et al. (2014) com genótipos de feijão na região Centro-Sul do Brasil (IPCA1 = 32,6%; IPCA2 = 23,0% e IPCA3 = 11,6%), Barros et al. (2013) com feijão em nove ambientes do Nordeste brasileiro (IPCA1 = 41,36%) e Oliveira et al. (2010) com híbridos de milho em diferentes regiões agrícolas do país (IPCA1 = 21,88%; IPCA2 = 12,14%). A baixa captação do padrão pela $SQ_{G \times A}$ pode sugerir a existência de fatores não controlados (ruídos) na matriz de interações originais, diminuindo a qualidade de suas estimativas. Neste sentido, pode-se dizer que o uso de métodos tradicionais de adaptabilidade e estabilidade podem estar fornecendo predições de produtividade de qualidade inferior às do AMMI-Biplot (PEREIRA et al., 2014).

No biplot do modelo AMMI1 (IPCA1 x médias) (Figura 1), a abscissa indica os efeitos principais (médias de genótipos) e a ordenada representa o primeiro eixo da interação (IPCA1). A interpretação se dá quando, os genótipos estão situados próximos do zero (origem) e, por isso, possuem maior estabilidade nos ambientes

testados (DUARTE; VENCOVSKY, 1999). Segundo, Gebremedhin, Firew e Tesfye (2014) e Barros et al. (2013), o biplot AMMI1 deve ser utilizado apenas quando o IPCA1 for significativo ao nível de 1% ($p < 0,01$).

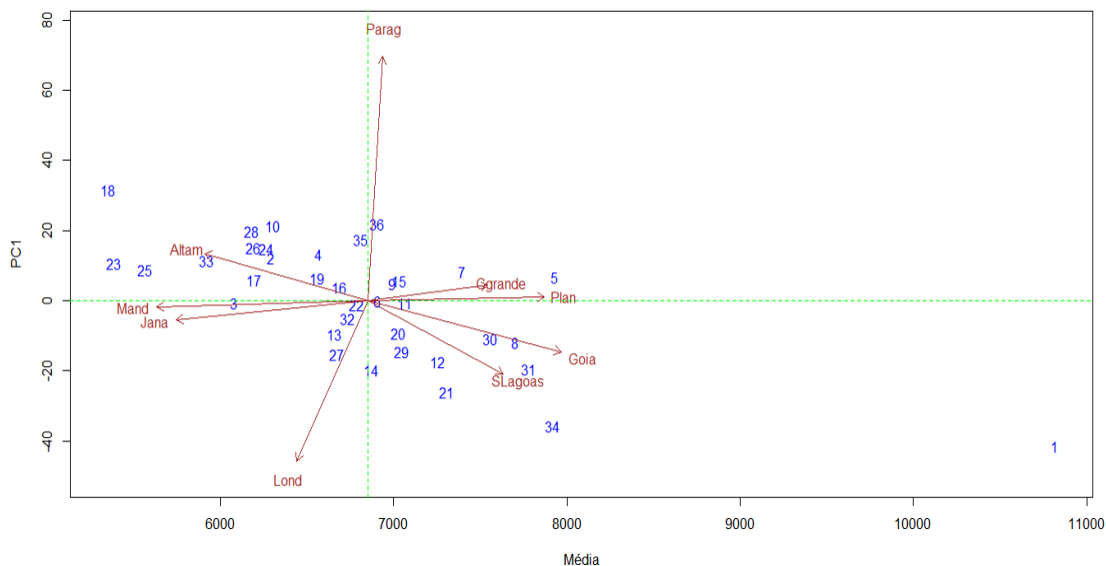


Figura 1. Biplot da análise AMMI1 para produtividade de grãos (kg ha^{-1}) de 36 genótipos de milho avaliados em nove ambientes da região Central do Brasil na safra 2012/2013. Dourados-MS, 2018. Legenda: SLagoas: Sete Lagoas-MG, Lond: Londrina-PR, Goia: Goiania-GO, Jana: Janaúba-MG, Plan: Planaltina-GO, Parag: Paragominas-PA, Altam: Altamira-PA, CGrande: Campo Grande-MS, Mand: Manduri-SP.

Mediante análise gráfica do AMMI1, a testemunha BRS 1055 (1) foi a que mais contribuiu para interação GxA, pois apresentou a maior valor de score no eixo de interação (Figura 1). Mesmo possuindo a maior produtividade entre os genótipos, não apresentou adaptabilidade específica a nenhum dos ambientes avaliados, atestando sua instabilidade. Outros genótipos que também foram instáveis são: BRS Gorutuba (18), Sint. 10805 (10) e Bio 4 (34).

Por outro lado, os genótipos que menos contribuíram para a interação GxA, apresentando as menores coordenadas para o eixo IPCA1 (mais estáveis) foram: Sint. 10717 (6), Sint. 10731 (11), AL Avaré (22), BRS 4103 (3), Sint. 10707 (9), Sint. 10795 (7), Sint. 10771 (5), Sint. RxS Spod (16), Sint. Pro Vit A (17) e IPR 164 (32). Com exceção da testemunha BRS 4103 (3) que apresentou produtividade abaixo da média geral, os demais genótipos citados possuíram produtividades superiores e foram

indicados para adaptação ampla, devido a baixa interação com os ambientes (CHAVES, 2001).

Ainda é possível concluir por esse método que os genótipos mais estáveis também devem ser os mais produtivos nos ambientes estudados. Assim, destacaram-se os genótipos Sint. 10731 (11) e Sint. 10717 (6). Reis et al. (2012) avaliando o comportamento de variedades de milho em Minas Gerais também constataram alta produtividade de grãos para os sintéticos 10731 e 10717. Analisando os ambientes, é possível verificar que estes contribuíram mais para a interação GxA do que os genótipos. Isto pode ser observado pela maior dispersão dos vetores associados aos ambientes no biplot AMMI1 (Figura 1). Essa situação, também demonstrada pela grande participação na SQTotal da análise de variância conjunta para o ambiente (cerca de 38%) (Tabela 6) pode ser constatada em outros trabalhos e justifica a execução de estudos que identifiquem fatores ambientais específicos relacionados a interação GxA. A partir daí será possível reduzir os efeitos indesejáveis do ambiente e explorar os efeitos positivos de maneira mais eficiente (MARTINS; JULIATTI, 2012; YOKOMIZO et al., 2013; SILVEIRA et al., 2016; FARIA et al., 2017).

Na análise dos ambientes, os mais estáveis foram Manduri, Campo Grande, Planaltina e Janaúba. E os mais instáveis foram Londrina e Paragominas. De acordo com Mangili e Ely (2016), considerando o período de 1985 a 2013, o ano de 2013 foi extremamente chuvoso para a região de Londrina acarretando em perdas na produtividade de grãos de milho. Já Paragominas possui um clima tropical chuvoso com precipitação que varia em torno de 1800 mm e médias mensais variando entre 150 a 400 mm (MARTORANO et al., 2011). O excesso de chuvas nesse período pode ter contribuído para a classificação desses ambientes como instáveis pelo método AMMI-Biplot.

Outra maneira de interpretar o método AMMI-Biplot é pelo uso da análise ASV. O ASV mede o quanto cada genótipo contribuiu para a interação GxA, considerando os dois primeiros IPCAs. Por este motivo, esta estatística pode ser utilizada como medida equivalente ao biplot AMMI2 (IPCA1 x IPCA2) para fins de classificação (ZALI et al., 2012; KUMAR et al., 2014; KARIMIZADEH et al., 2016).

Concordando com a análise gráfica do AMMI1, a testemunha BRS 1055 (1) e o Sint. 10805 (10) continuaram sendo os genótipos mais instáveis pela análise ASV (Tabela 7). Já os genótipos BRS 4103 (3), Sint. 10707 (9), IPR 164 (32), Sint. 10795 (7) e Sint. 10771 (5) contribuíram menos para a interação GxA e também foram

os mais estáveis pelo biplot AMMI1. A análise ASV ainda indicou que os genótipos Sint. 10697 (8) e AL Alvaré (22) apresentaram os menores valores de ASV, o que não foi confirmado pelo AMMI1.

Tabela 7. Ordenamento e valor de estabilidade AMMI (*AMMI stability value - ASV*) referente à produtividade de grãos (kg ha^{-1}) 36 genótipos de milho avaliados em nove ambientes da região Central do Brasil na safra 2012/2013.

Ordenamento	Genótipos	IPCA1	IPCA2	ASV
1	Sint. 10697	12,01	-0,15	5,07
2	AL 2008	-10,54	-20,59	6,26
3	MC 20	-15,11	11,17	7,71
4	BRS 4103	0,55	-6,22	8,35
5	Sint. 10707	-4,91	25,93	9,90
6	IPR 164	5,22	-3,70	10,11
7	Sint. 10795	-8,30	7,64	12,45
8	Bio 4	35,65	-5,46	13,18
9	Sint. 10771	-6,65	5,29	13,28
10	CMS EAO 2008	-14,76	12,60	14,16
11	Sint. UFLA	-17,52	-8,09	15,56
12	BRS Gorutuba	-31,61	-14,87	16,15
13	Sint. 10731	0,73	-8,29	16,56
14	PC 0905	19,41	-0,99	17,48
15	AL Avaré	1,28	30,24	19,23
16	Sint. 10723	9,61	-4,62	19,58
17	Sint. 10781	17,32	27,86	20,26
18	Sint. 256 L	-6,33	14,39	22,53
19	Sint. Pro Vit A	-5,91	-6,28	22,89
20	PC 0903	14,52	4,03	24,09
21	Sint. RxS Spod	-3,68	-1,73	24,70
22	Eldorado	-8,86	11,36	25,15
23	Sint.10717	0,25	-27,48	25,62
24	AL 2010	26,13	-2,02	25,68
25	VSL BS 42 C 60	9,38	15,37	25,70
26	Sint 10783	-21,83	-16,16	26,70
27	Guepa	-11,45	-25,12	27,48
28	Sint. 1X	15,40	-16,21	29,17
29	Sint. Mult. TL	-5,58	-10,14	30,28
30	PC 0904	10,86	1,68	32,56
31	Sint.10699	19,78	0,12	33,90
32	BR 106	-13,29	3,07	35,77
33	BRS Caimbé	-12,22	-12,64	40,92
34	Sint. 10805	-21,30	30,24	43,55
35	II934	-19,83	-0,19	46,49
36	BRS1055	41,56	-10,03	54,74

Os resultados obtidos pela análise AMMI, considerando o AMMI1 e a análise ASV, indicaram que os genótipos Sint. 10707 (9), Sint. 10795 (7) e Sint. 10771 (5) apresentaram-se como os mais produtivos e mais estáveis. O uso da análise ASV serve para auxiliar o melhorista na seleção de genótipos promissores, evitando a identificação de genótipos promissores apenas pela análise gráfica visual.

3.5 Método GGE-Biplot

No método GGE-Biplot, os dois primeiros componentes principais (IPCA1 e IPCA2) explicaram 71,88% do total da variação total para a produtividade dos genótipos de milho. Assim, este método explicou uma boa parte da SQ de genótipos e da interação GxA, indicando elevado nível de confiança dos resultados apresentados por esse método. Esse valor está dentro do intervalo 63,96%-98,59% apresentado por outros autores avaliando genótipos de milho (OLIVEIRA et al., 2010; HONGYU et al., 2015; SANTOS et al., 2017).

Em concordância com a relação de informação (IR) dos nove componentes, apenas o IPCA1 obteve padrão ($IR=5,54>1$) para a representação dos dados relacionados à interação GxA. Segundo Yan e Tinker (2006), o biplot de dimensão 2 representa melhor o padrão nos dados se apenas os dois primeiros IPCAs tiverem um $IR \geq 1$.

O método GGE-Biplot apresenta uma série de ferramentas gráficas que objetivam tornar a seleção de genótipos mais acurada. Por meio do gráfico “*which-won-where*” (Figura 2), são criados setores que são limitados pelas linhas vermelhas. Nesse gráfico ainda é possível agrupar os ambientes avaliados em mega-ambientes, que representa o conjunto entre os ambientes mais semelhantes entre si. E também indicar o genótipo com melhor desempenho para cada mega-ambiente, sendo este denominado o genótipo vencedor (YAN, 2011). Genótipos localizados no vértice do polígono são mais distantes da origem e classificados como mais responsivos aos estímulos do ambiente. Estes genótipos podem ter alto ou baixo desempenho em alguns ou em todos os ambientes. Já os genótipos alocados no interior do polígono são menos responsivos.

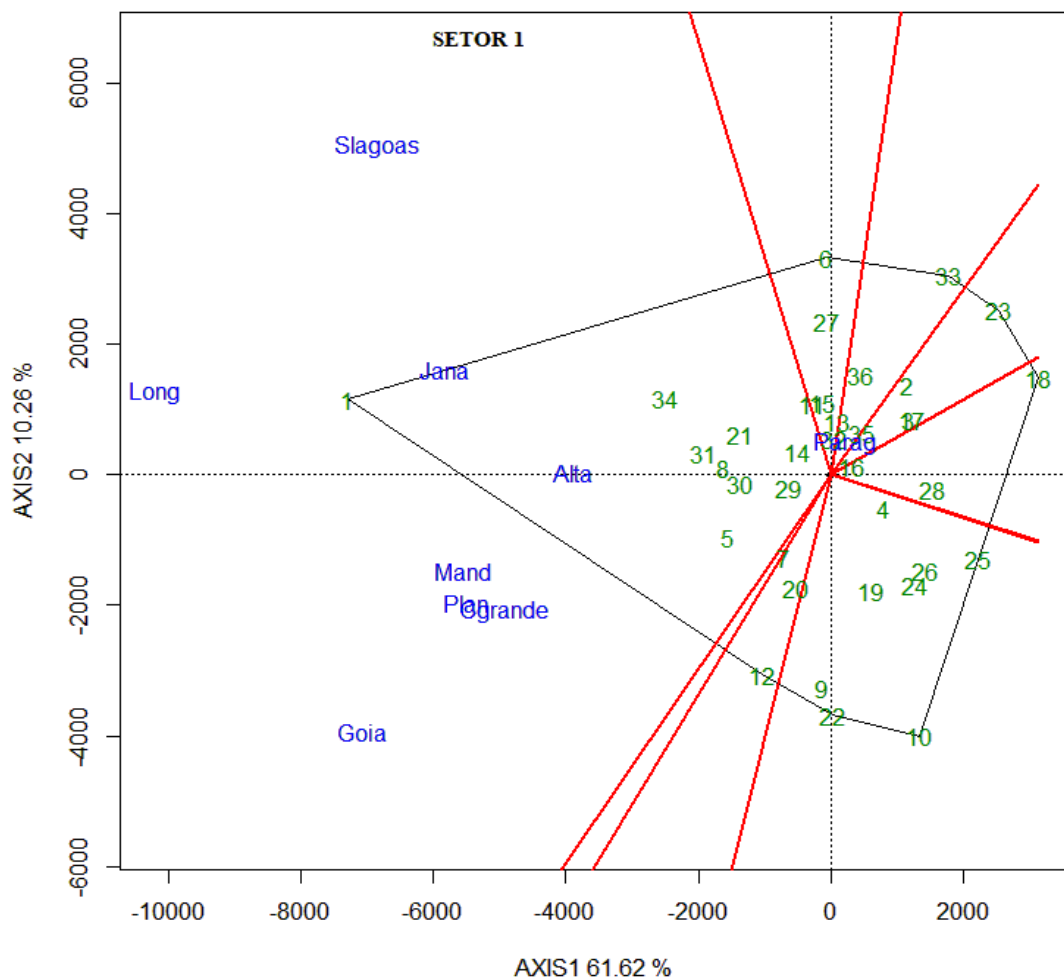


Figura 2. Gráfico GGE Biplot: “which-won-where” referente à produtividade de grãos (kg ha^{-1}) de 36 genótipos de milho avaliados em nove ambientes da região Central do Brasil na safra 2012/2013.

O genótipo vencedor BRS 1055 (1) encontrou-se no vértice do polígono, onde oito dos nove ambientes foram agrupados no setor 1 (Figura 2). Esse apresentou a maior média de produtividade dentre todos os genótipos avaliados. Já com relação aos ambientes, Paragominas demonstrou ser o ambiente mais diferente dos demais e por essa razão diferentes genótipos deverão ser selecionados e implantados para esse mega-ambiente. Esse ambiente, localizado mais ao norte do território brasileiro, dentro do conjunto dos ambientes avaliados, apresenta altitude mais baixa (90 m) e média anual da temperatura máxima de 33°C (BASTOS et al., 2006). Esses fatores podem ter influenciado na classificação desse ambiente como o mais diferente dos demais pelo método GGE-Biplot.

Os genótipos que dão origem a vértices, mas não contém ambientes nos seus setores tiveram desempenho adverso em todos os ambientes. Estes genótipos, a saber: Sint. 10717 (6), Guepa (33), AL 2008 (23), BRS Gorutuba (18), Sint. 10805 (10) e AL Avaré (22) não demonstraram adaptação específica nos ambientes avaliados. Por esse método, os genótipos citados não devem ser utilizados para o cultivo nos ambientes considerados por este estudo devido à baixa produtividade alcançada.

Outra análise possibilitada pelo método GGE-Biplot, é a relação entre produtividade de grãos e a estabilidade do genótipo, representado pelo gráfico média x estabilidade (Figura 3). O eixo que liga a linha AEC (linha horizontal), caracterizado pela coordenada ambiental média (*Average Environmental Coordination* – AEC, em inglês), com a linha da média geral (linha vertical – com seta indicando valor de maior produtividade), indica quais genótipos foram superiores ou inferiores à média geral e quanto maior a projeção do genótipo no IPCA2, maior a instabilidade do genótipo e maior interação deste com o ambiente (YAN; TINKER, 2006).

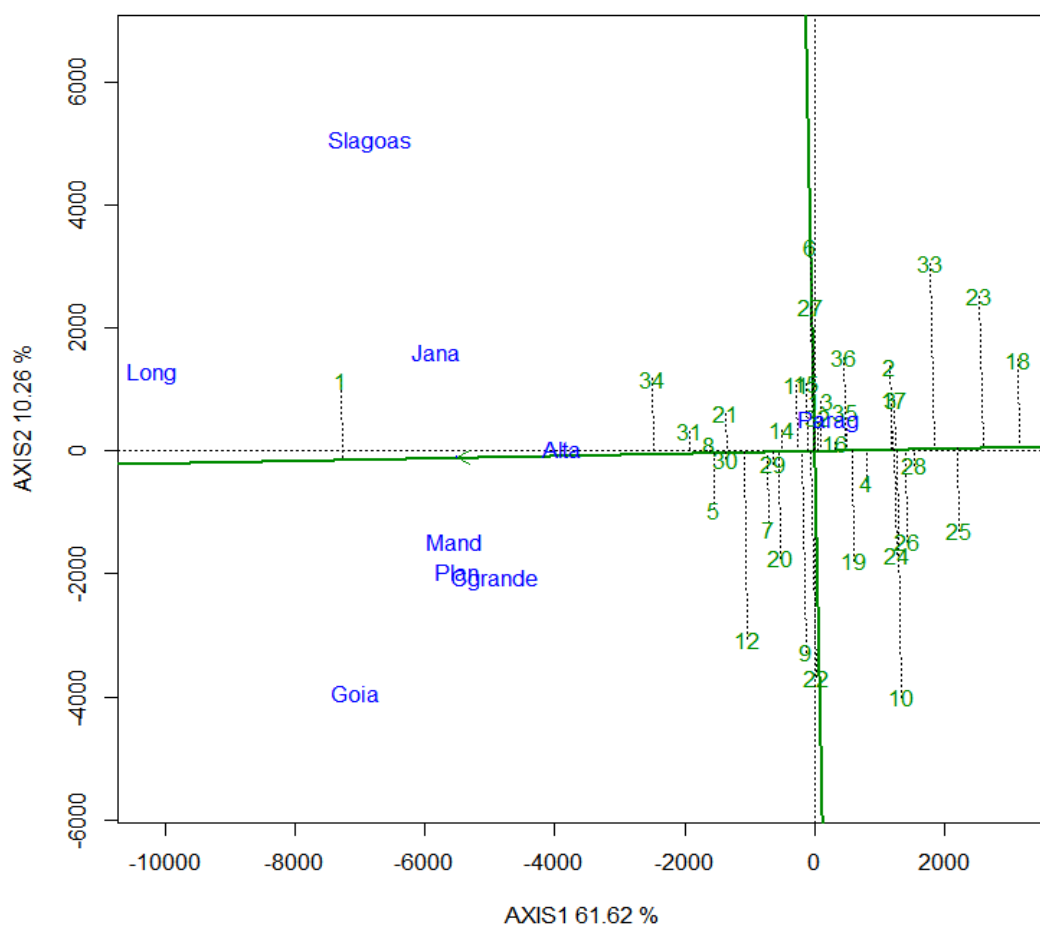


Figura 3. Gráfico GGE Biplot: média x estabilidade, referente à produtividade de grãos (kg ha^{-1}) de 36 genótipos de milho avaliados em nove ambientes da região Central do Brasil na safra 2012/2013.

Em relação a produtividade de grãos, os genótipos com valores superiores à média foram BRS 1055 (1), Bio 4 (34), PC 0905 (31), Sint. 10697 (8), Sint. 10771 (5), PC 0904 (30), AL 2010 (21), Sint. 10781 (12), Sint. 10795 (7), VSL BS 42 C 60 (G20), PC 0903 (29), Sint. 10699 (14), Sint. 10731 (11), Sint. Mult TL (15) e Sint. 10707 (9) (Figura 3). Os demais genótipos foram iguais ou inferiores à média geral.

Em termos de estabilidade, é possível verificar que os genótipos Sint. 10697 (8) e Sintético RxS Spod (16) foram os mais estáveis, seguidos de PC 0904 (30), PC 0903 (29), 1I934 (28), BR106 (4), PC 0905 (31) e Sint. 10699 (14). No entanto, ao considerar de maneira simultânea a produtividade e a estabilidade, os genótipos Sint. 10697 (8) e PC 0905 (31) apresentaram-se como mais estáveis e os mais produtivos entre os genótipos avaliados. O Sint. 10805 (10) foi o genótipo mais instável, seguido do AL Avaré (22), Sint. 10717 (6) e Guepa (33). É provável que se o biplot tivesse explicado uma baixa proporção da variação total, alguns genótipos classificados como aparentemente estáveis, poderiam não o ser verdadeiramente (YAN; TINKER, 2006).

Diferentemente, do método AMMI-Biplot, o BRS 1055 (1) e o BRS Gorutuba (18) não apresentaram instabilidade elevada como propunha esse método. Isso pode ter ocorrido devido a maneira como os cálculos estatísticos são feitos de maneira distinta para os dois métodos. O AMMI-Biplot subtrai os efeitos de genótipos, ambientes e interação GxA da matriz de médias e o GGE-Biplot subtrai apenas o efeito do ambiente dessa mesma matriz. Assim, o efeito do ambiente na representação gráfica do genótipo foi amenizado pelo GGE-Biplot.

O genótipo ideal deve ter simultaneamente alta produtividade e elevada estabilidade entre os ambientes. Este genótipo é definido pelo centro dos círculos concêntricos (Figura 4) e funciona mais como um modelo representativo do que seria um ideótipo de milho. Neste sentido, genótipos localizados mais próximos ao ideótipo são mais desejáveis para a seleção (YAN; TINKER, 2006). O BRS 1055 (1) foi alocado no terceiro círculo concêntrico e apresenta ser mais próximo ao ideal em termos de produtividade e estabilidade fenotípica.

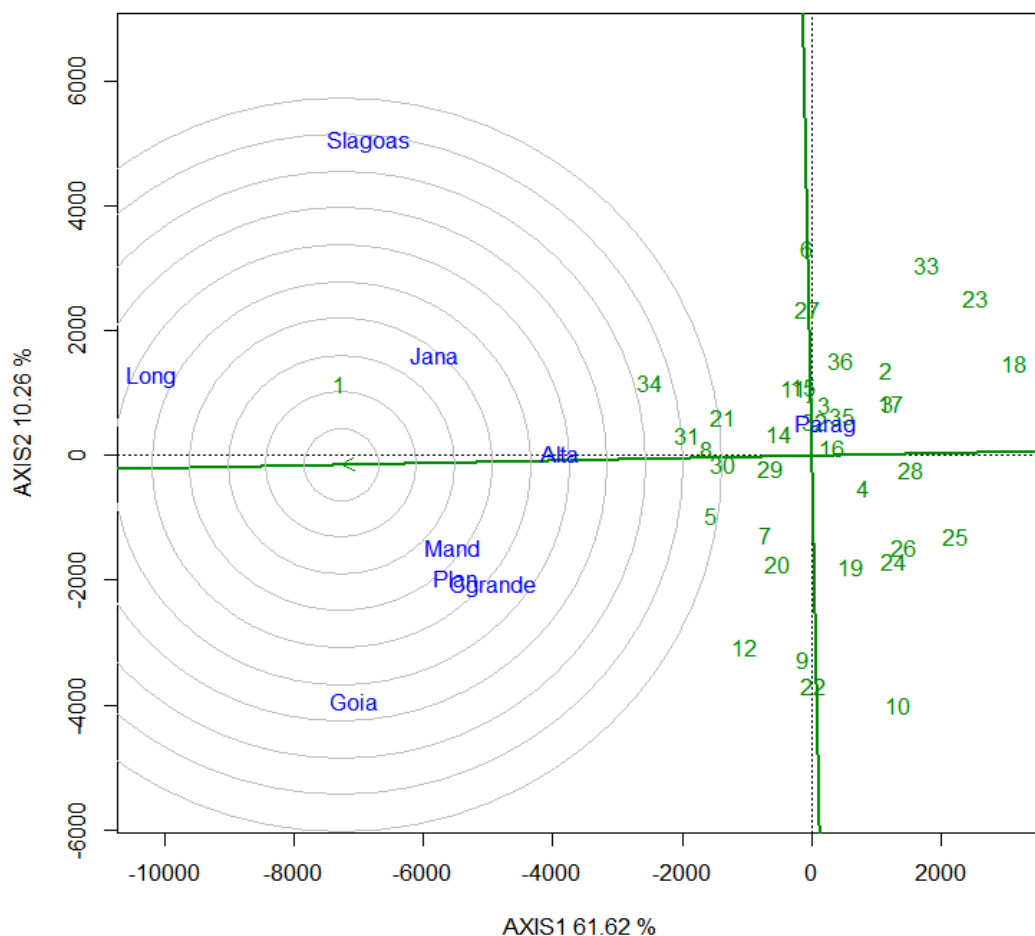


Figura 4. Gráfico GGE-Biplot: estimativa do genótipo ideal, referente à produtividade de grãos (kg ha^{-1}) de 36 genótipos de milho avaliados em nove ambientes da região Central do Brasil na safra 2012/2013.

O método GGE-Biplot ainda considera a relação existente entre os ambientes analisados (Figura 5). De acordo com Santos et al. (2017), um ambiente-teste ideal deve discriminar bem os genótipos e ser representativo de todos os ambientes testados. Em termos gráficos, esse ambiente deve apresentar um alto valor de escore para o IPCA1, pois este expressa a sua capacidade em discriminar os genótipos e zero para o escore IPCA2, por demonstrar maior capacidade de representar todos os outros ambientes, sendo o mais semelhante possível dos demais. Como a variação total explicada pelo IPCA1 (61,62%) e pelo IPCA2 (10,26%) foi elevada é possível efetuar uma seleção confiável dos ambientes mais representativos.

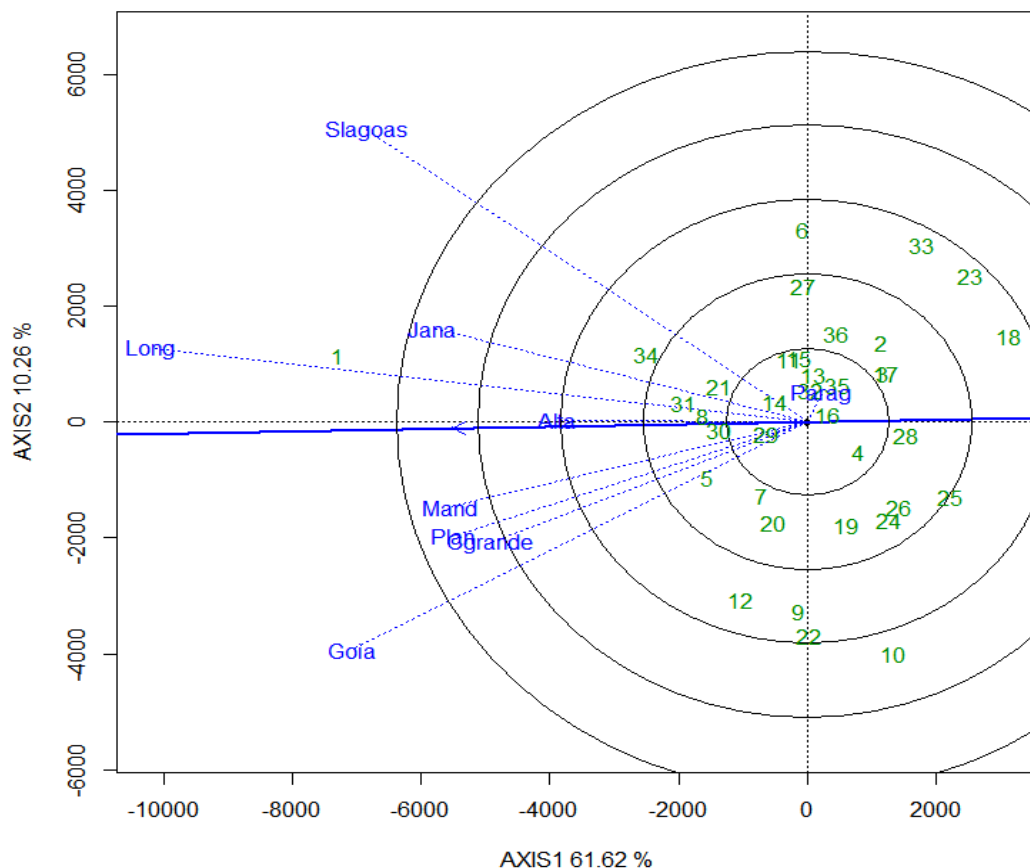


Figura 5. Gráfico GGE-Biplot: discriminativo x representativo, referente à produtividade de grãos (kg ha^{-1}) de 36 genótipos de milho avaliados em nove ambientes da região Central do Brasil na safra 2012/2013.

Ambientes discriminativos e representativos são úteis para selecionar genótipos com adaptação ampla a um ambiente. Ambientes discriminativos, mas não representativos podem auxiliar o descarte de genótipos instáveis. Por outro lado, ambientes não discriminativos e não representativos podem ser descartados, pois não são úteis em redes de experimentos (YAN; TINKER, 2006). Esse método tem a vantagem de fazer essa diferenciação entre os ambientes e proporcionar melhor resultado ao caracterizar os ambientes.

O ambiente Londrina foi o que teve maior capacidade em discriminar os genótipos, seguido por Sete Lagoas e Goiânia. A maior capacidade em discriminar genótipos geralmente ocorre em ambientes em situações de estresse (SANTOS et al., 2017; GRANATO et al., 2016) – ambiente este considerado como desfavorável pelos outros métodos de adaptabilidade e estabilidade. Na safra de 2012/2013, o ambiente Londrina sofreu um longo período com elevada precipitação durante o cultivo do

milho (MANGILI; ELY, 2016). Assim, essa condição pode ter favorecido a formação de um ambiente de estresse.

As diferenças ambientais são indicadas por vetores que se originam no centro do biplot (Figura 5). O valor do cosseno do ângulo entre dois vetores de dois ambientes demonstra que há correlação entre eles. De maneira geral, todos os ambientes estão correlacionados entre si pois apresentam ângulos agudos entre si e menor que 90°. Os ambientes Planaltina e Campo Grande foram semelhantes entre si, pois apresentaram o menor ângulo agudo entre os ambientes. A semelhança entre ambientes pode sugerir a existência de ambientes redundantes em programas de melhoramento genético, aumentando o custo com a obtenção de novos genótipos e não representando bem os ambientes mais contrastantes (YAN; HOLLAND, 2010; TERASAWA; VENCOVSKY; KOEHLER, 2008).

Esses resultados sugerem que a interação GxA predominante em questão, é do tipo simples, a qual informa que existe variabilidade genética entre os genótipos e também correlação entre os ambientes avaliados. Os métodos Eberhart e Russel (1966), Lin e Binns (1988) com decomposição e AMMI-Biplot, não permitam identificar o tipo de interação predominante no conjunto de dados avaliados. Assim, essa apresenta-se como uma vantagem do método GGE-Biplot.

3.6 Método MHPRVG via REML/BLUP

Pelo método REML/BLUP foram estimados os componentes de variância (REML individual) dos efeitos aleatórios (Tabela 8) para o conjunto de genótipos e ambientes avaliados. A variância genotípica correspondeu a 34% da variância fenotípica total constatando a variabilidade genética contida entre os genótipos. Além disso, pela herdabilidade média dos genótipos para produtividade de grãos (h^2_{mg}), utilizada quando as médias dos blocos são usadas como critérios de seleção (RESENDE, 2004), foi possível verificar que houve alta herdabilidade (88%). Essa alta herdabilidade constatada deve ser avaliada com cautela, pois a produtividade de grãos é uma característica controlada por um conjunto de diferentes genes, sendo muito influenciada pelos efeitos do ambiente. Mesmo que o valor de acurácia apresentado (94%) tenha sido considerado elevado (RESENDE, 2007).

Tabela 8. Estimativa de componentes de variância referente à produtividade de grãos (kg ha^{-1}) de 36 genótipos de milho avaliados em nove ambientes da região Central do Brasil na safra 2012/2013.

Parâmetros	Estimativa
Variância genotípica (V_g)	769783,03
Variância fenotípica (V_f)	2224055,74
Variância interação GxA (V_{int})	456837,01
Variância residual (V_e)	876231,41
Herdabilidade individual no sentido amplo (h_g^2)	0,35+-0,06
Herdabilidade média (h_{mg}^2)	0,88
Acurácia da seleção de genótipos (r_{gg})	0,94
Correlação genotípica do desempenho em vários ambientes (r_{gloc})	0,63
Coefficiente de determinação dos efeitos da interação GxA (R^2_{GxA})	0,21
Coefficiente de variação Genotípica (CV_{gi})	12,80
Coefficiente de variação Residual (CV_e)	13,66
Média geral (kg ha^{-1})	6853,14

Outro componente importante gerado pela análise de modelos mistos é a correlação genotípica entre os ambientes. Nessa pesquisa, o valor obtido de 63% indicou que existe mais interação GxA do tipo simples do que complexa nos experimentos avaliados. Esse valor aliado ao coeficiente de determinação dos efeitos da interação genótipo x ambiente (R^2_{GxA}) (21%), que informa o quanto da variância fenotípica foi explicada pela interação GxA, indicou que a interação do tipo complexa não foi predominante neste experimento. Assim, a seleção de genótipos poderá ser facilitada já que apenas a variabilidade genética dos genótipos teve influência nesse conjunto de ambientes. Esse resultado corrobora com o obtido pelo método GGE-Biplot.

A Figura 6 indica que os cinco genótipos mais produtivos considerando todos os nove ambientes foram BRS 1055, Bio4, Sint. 10697 e PC 0905. Oliveira et al. (2017) avaliando 30 cultivares de milho em sete ambientes do Amazonas também observaram destaque para o genótipo BRS 1055. Mendes et al. (2012) avaliando 49 cultivares de milho em 49 ambientes nas principais regiões produtivas do Brasil constatou elevada produtividade de grãos para o genótipo Bio4. Essas comparações indicam que esses genótipos apresentam alto potencial produtivo nas mais variadas regiões do país, o que vem confirmar sua indicação para esses ambientes.

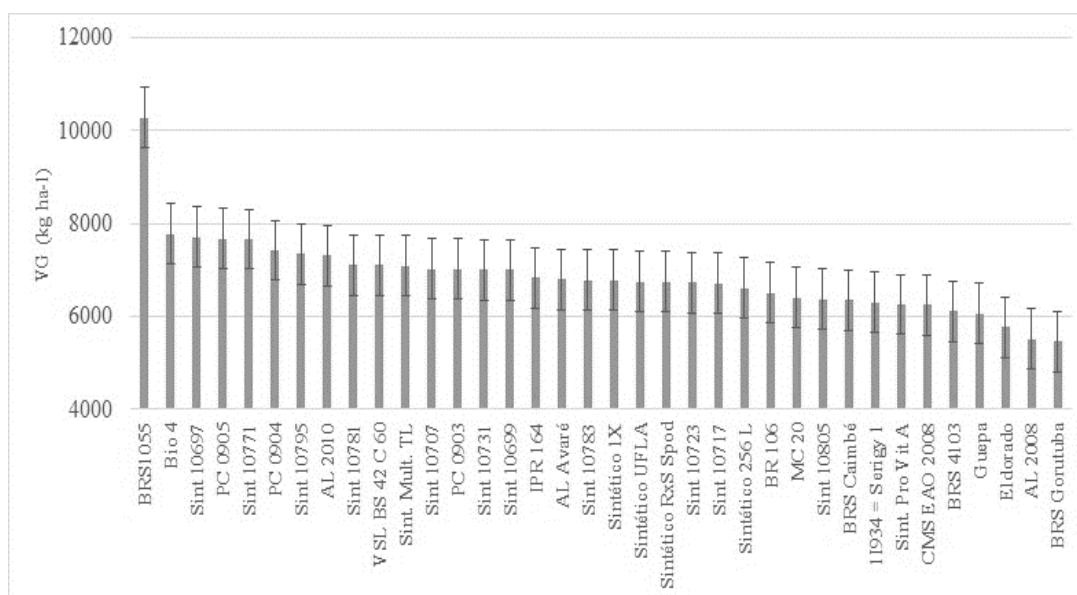


Figura 6. Médias de valores genotípicos (VG) referente à produtividade de grãos (kg ha^{-1}) de 36 genótipos de milho avaliados em nove ambientes da região Central do Brasil na safra 2012/2013.

A medida que agrega de maneira simultânea a produtividade, estabilidade e adaptabilidade é a MHPRVG multiplicada pela média geral de todos os ambientes (Figura 7). Esse gráfico trata a respeito da adaptabilidade geral dos genótipos. Assim, ao comparar o resultado da Figura 6 com a Figura 7, nota-se que não houve alteração no ordenamento dos quatro primeiros genótipos colocados (BRS 1055, Bio4, Sint. 10697 e PC 0905). Isso indicou que os genótipos mais produtivos também foram os mais estáveis e adaptados por esse método. Já BRS Gorutuba foi o genótipo mais instável em relação aos ambientes testados.

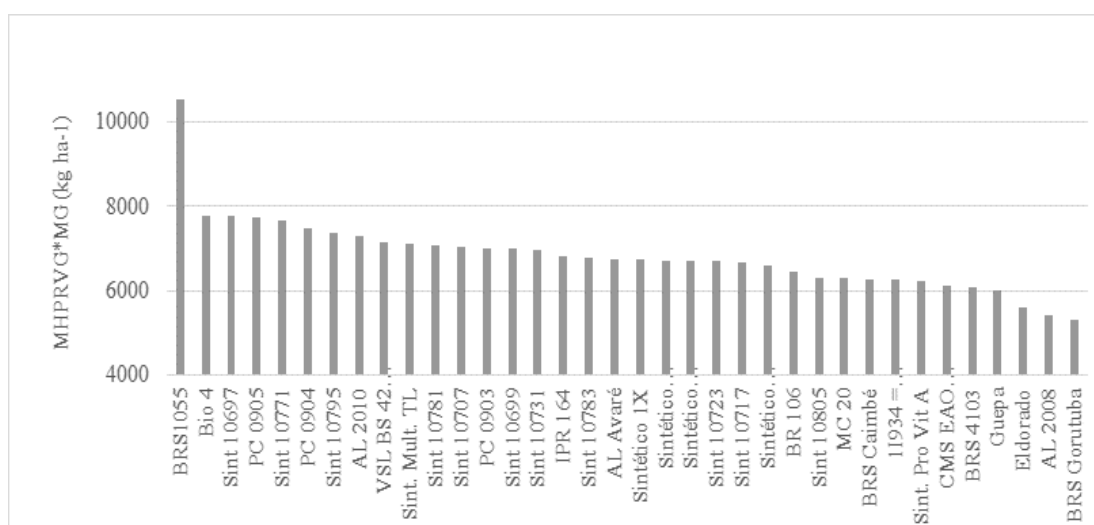


Figura 7. Médias de MHPRVG*MG referente à produtividade de grãos (kg ha^{-1}) de 36 genótipos de milho avaliados em nove ambientes da região Central do Brasil na safra 2012/2013.

A análise por modelos mistos também permitiu avaliar os ambientes, classificando-os em favoráveis e desfavoráveis com base na produtividade média dos genótipos em cada local (Tabela 9). Os ambientes favoráveis foram Sete Lagoas, Goiânia, Planaltina, Paragominas e Campo Grande, pois obtiveram produtividade de grãos acima da média geral (6.853,14 kg ha⁻¹). Já os ambientes Londrina, Janaúba, Altamira e Manduri foram considerados desfavoráveis com valores de produtividade abaixo da média geral.

Tabela 9. Estimativa de componentes de variância para ambientes favoráveis e desfavoráveis referente a produtividade de grãos (kg ha⁻¹) de 36 genótipos de milho avaliados em nove ambientes da região Central do Brasil na safra 2012/2013.

Parâmetros	Ambientes favoráveis	Ambientes desfavoráveis
Herdabilidade individual no sentido amplo (h_g^2)	0,24+-0,07	0,48+-0,11
Acurácia da seleção de genótipos (r_{gg})	0,84	0,92
Correlação genotípica do desempenho em vários ambientes (r_{gloc})	0,49	0,76
Média geral (kg ha ⁻¹)	7672,33	5829,15

Os resultados obtidos para os componentes de variância entre os ambientes favoráveis e desfavoráveis foram comparados e foi possível observar que a estimativa de herdabilidade (0,48+-0,11) foi maior nos ambientes desfavoráveis, assim como os valores de acurácia (92%) e da correlação genotípica entre os ambientes ($r_{gloc}=76\%$). Os ambientes desfavoráveis obtiveram maior precisão experimental quando comparado aos ambientes favoráveis. Esses ambientes foram mais influenciados pela interação do tipo simples, o que quer dizer que apenas a variabilidade dos genótipos foi responsável por pequenas diferenças no ordenamento dos mesmos. Já nos ambientes favoráveis, não foi possível dizer qual o tipo de interação predominante (49%).

Normalmente, ambientes favoráveis possuem maior precisão experimental (MENDES et al., 2012; FARIA et al., 2017). No entanto, no conjunto de ambientes avaliados, os ambientes desfavoráveis puderam discriminar os genótipos com maior precisão. Ambientes com condições adversas podem ter essa alta capacidade na discriminação de genótipos quando a interação predominante é do tipo simples (SANTOS et al., 2017).

Em termos de produtividade média, os ambientes favoráveis e desfavoráveis não foram tão contrastantes entre si. A média para ambientes favoráveis foi de 7.672,33 kg ha⁻¹ e para ambientes desfavoráveis, 5.829,15 kg ha⁻¹. Para as condições desfavoráveis, a média obtida foi 5% superior à média de produtividade brasileira de 5.522,00 kg ha⁻¹ obtido na safra 2016/2017 (CONAB, 2017b). No geral, os genótipos foram produtivos mesmo que a maioria desses, sendo variedades de polinização aberta, normalmente apresentam baixa produtividade de grãos (KUTKA, 2011).

No gráfico entre os ambientes favoráveis e desfavoráveis, o genótipo BRS 1055 ficou classificado como sendo de adaptabilidade geral e alta estabilidade, sendo o genótipo de maior média (Figura 8). O Bio4 e o PC 0905 mostraram adaptação a ambientes desfavoráveis. Os genótipos Sint. 10697 e Sint. 10771 demonstraram possuir adaptação específica a ambientes favoráveis. Os demais genótipos apresentaram baixa estabilidade e adaptabilidade, pois não tiveram bom desempenho em nenhum dos ambientes testados.

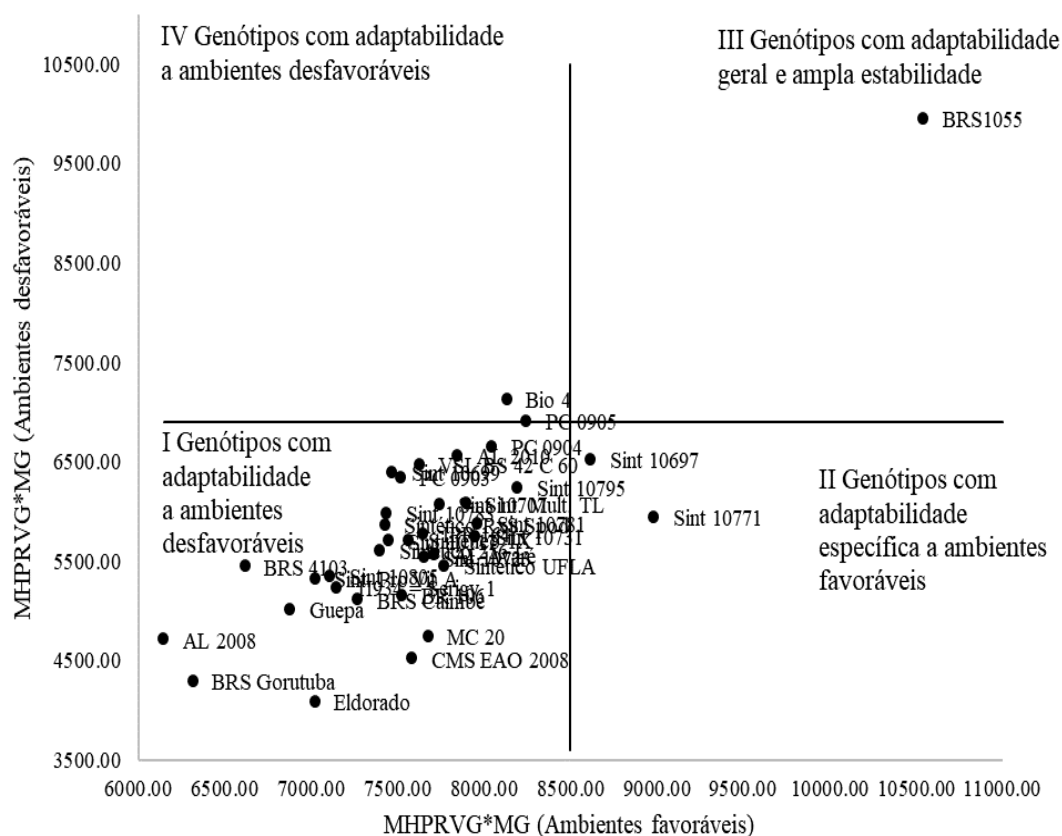


Figura 8. Diagrama de dispersão em ambientes favoráveis e desfavoráveis para MHPRVG*MG referente a produtividade de grãos (kg ha⁻¹) de 36 genótipos de milho avaliados em nove ambientes da região Central do Brasil na safra 2012/2013.

O método MHPRVG expressou resultados semelhantes ao método Lin e Binns (1988) com decomposição, assim como constatado por Resende (2007). No entanto, o MHPRVG analisa o contexto genotípico e não o fenotípico, como no método não-paramétrico. Além de informar sobre o tipo de interação existente, permitir a análise por meio de gráficos e por fornecer os resultados na mesma unidade da variável analisada, o método MHPRVG pode ser utilizado em conjunto com outros métodos de adaptabilidade e estabilidade e apresentar informações complementares.

3.7 Comparações entre os métodos utilizados

Os cinco métodos de adaptabilidade e estabilidade apresentaram concordâncias e discordâncias. Os métodos Lin e Binns (1988) com decomposição, GGE-Biplot e MHPRVG foram unânimes em considerar o genótipo Sint. 10697 como sendo recomendado para ambientes favoráveis. Já o Eberhart e Russel (1966) considerou esse genótipo de ampla adaptação e o AMMI-Biplot como sendo adaptado especificamente ao ambiente de Goiânia, que por esse método não foi considerado um ambiente nem favorável e nem desfavorável. Para Eberhart e Russel (1966), Lin e Binns (1988) com decomposição e MHPRVG, o ambiente de Goiânia foi considerado favorável. Assim, pode-se inferir que o genótipo Sint. 10697 pode ser recomendado para ambientes favoráveis.

O método AMMI-Biplot e GGE-Biplot concordaram em classificar o genótipo Sint. 10771 como medianamente estável. Já os métodos Eberhart e Russel (1966), Lin e Binns (1988) com decomposição e MHPRVG o classificaram como sendo estável e recomendado a ambientes favoráveis. O método GGE-Biplot captou uma porção mediana relativa da variação total e o AMMI captou menos ainda, o que indica que os resultados devem ser interpretados com cautela. Assim, Yan et al. (2007) recomendam que o uso de modelos mistos associado a esses métodos seja incentivado para melhor compreensão dos resultados. O método MHPRVG, sendo baseado na metodologia de modelos mistos, apresenta resultados interpretados a nível genotípico, já penalizados ou capitalizados pelos cálculos de adaptabilidade e estabilidade (RESENDE, 2007; CARBONELL et al., 2007).

Os métodos MHPRVG e Lin e Binns (1988) com decomposição classificaram de maneira similar os genótipos BRS 1055, Bio 4, PC 0905, Sint. 10697 e Sint. 10771, em que foi verificada apenas uma alteração na ordem desses cinco

primeiros genótipos selecionados. Esses métodos penalizam os genótipos que não apresentaram desempenho favorável em todos os ambientes, quando comparados com a média geral do ambiente avaliado (RESENDE, 2004; ALMEIRA FILHO et al., 2014).

Cargnelutti Filho et al. (2007) afirmam que genótipos indicados pelo método Lin e Binns (1988) com decomposição são normalmente associados a alta produtividade e baixa previsibilidade. Isso pode ser verificado para o BRS 1055, que de acordo com o método Eberhart e Russel (1966) e AMMI-Biplot, foi considerado instável. O GGE-Biplot considerou este genótipo como sendo medianamente estável e como o genótipo mais próximo ao ideal, já que se trata de um híbrido simples. Essa diferença pode ser decorrente do fato de que o método AMMI-Biplot separa o efeito do genótipo e do ambiente da interação GxA e o GGE-Biplot considera simultaneamente a seleção de plantas com base no genótipo e na GxA. Yan et al. (2007) afirmam que esses dois últimos efeitos devam ser considerados simultaneamente para a seleção de genótipos superiores, já que melhoristas buscam entender o desempenho do genótipo associado a interação GxA.

O método Eberhart e Russel (1966) e o AMMI-Biplot não concordaram com a seleção dos genótipos mais adaptados e estáveis, provavelmente devido ao fato de que o Eberhart e Russel (1966) utilizam regressão linear simples e o AMMI-Biplot faz o uso da análise multiplicativa dos efeitos da interação GxA, ou seja, são utilizados diferentes critérios de adaptabilidade e estabilidade. O método de regressão linear simples pode ser substituído por outros métodos mais informativos como o AMMI-Biplot, GGE-Biplot e pelo MHPRVG.

De acordo com Perina et al. (2010), métodos paramétricos tradicionais univariados, como método Eberhart e Russel (1966), tem sido substituído por modelos multivariados. Por permitir maior detalhamento da soma de quadrado da interação GxA, o método AMMI-Biplot é superior na seleção de genótipos quando comparado a modelos tradicionais (GARCÍA-PEÑA; DIAS, 2009).

De maneira geral, todos os métodos concordaram com a classificação dos genótipos Sint. 10805, BRS Gorutuba e do Bio 4 como instáveis. No entanto, não concordaram com relação ao genótipo mais adaptado, estável e produtivo. O genótipo que mais se aproximou dessa relação foi o BRS 1055 pelos métodos Lin e Binns (1988) com decomposição, GGE-Biplot e MHPRVG.

O uso de variados métodos com diferentes cálculos estatísticos funciona como estratégia para obter maior confiança na seleção de genótipos superiores para posterior recomendação em cultivos nas áreas produtivas do país (VASCONCELOS et al., 2015; SILVA; DUARTE, 2006).

A análise da correlação existente entre os métodos de adaptabilidade e estabilidade é de grande importância para a seleção de genótipos promissores (SCAPIM et al., 2010). Estimativas de coeficientes de correlações significativas e de elevada magnitude informam que existe similaridade na classificação dos genótipos. Das correlações estudadas cerca de 57% das estimativas foram significativas demonstrando associação entre os diferentes métodos (Tabela 10).

Tabela 10. Coeficientes de correlação de Spearman entre os parâmetros de análises de adaptabilidade e estabilidade pelos métodos Eberhart e Russel (1966) (β_{li} e σ^2_{di}), Lin e Binns (1988) com decomposição (P_{ig} , P_{if} e P_{id}), AMMI-Biplot (AMMI), GGE-Biplot (GGE) e MHPRVG via REML/BLUP (MM), referente a média produtividade de grãos (kg ha^{-1}) de 36 genótipos de milho avaliados em nove ambientes da região Central do Brasil na safra 2012/2013.

	Média	β_{li}	σ^2_{di}	$P_{ig}^{(1)}$	$P_{if}^{(2)}$	$P_{id}^{(3)}$	AMMI	MM
β_{li}	0,23 ^{ns}							
σ^2_{di}	0,15 ^{ns}	-0,17 ^{ns}						
Pigeral	-0,97 ^{**}	-0,21 ^{ns}	-0,07 ^{ns}					
Pi fav.	-0,89 ^{**}	-0,53 ^{**}	-0,01 ^{ns}	0,89 ^{**}				
Pi desfav.	-0,90 ^{**}	0,05 ^{ns}	-0,14 ^{ns}	0,95 ^{**}	0,72 ^{**}			
AMMI	0,65 ^{**}	0,20 ^{ns}	0,04 ^{ns}	-0,79 ^{**}	-0,66 ^{**}	-0,77 ^{**}		
MM	0,97 ^{**}	0,2 ^{ns}	0,12 ^{ns}	-0,97 ^{**}	-0,87 ^{**}	-0,92 ^{**}	0,69 ^{**}	
GGE	-0,12 ^{ns}	-0,07 ^{ns}	0,28 ^{ns}	0,16 ^{ns}	0,13 ^{ns}	0,14 ^{ns}	-0,16 ^{ns}	-0,14 ^{ns}

Ao comparar as estimativas dos parâmetros média com Eberhart e Russel (1966) não houve associação entre as duas metodologias. De acordo com Alwala et al. (2010), que analisaram a relação existente entre Eberhart e Russel (1966) e GGE-Biplot em híbridos de milho, os parâmetros β_{li} e σ^2_{di} não determinam a indicação de genótipos com base na produtividade de grãos.

Forte correlação negativa e significativa foi observada entre a média e o P_i geral, P_i favorável e P_i desfavorável. Em que, quanto maior a média, menores os valores de P_i para esses parâmetros. Isso justifica a relação encontrada entre as maiores produtividades e os menores valores de P_i (maior adaptabilidade e estabilidade) para os primeiros genótipos (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2012). Métodos que medem o desempenho genotípico, integrando produtividade e estabilidade, são fortemente

associados a produtividade (FLORES; MORENO; CUBERO, 1998). Neste caso, pode-se citar os métodos MHPRVG e Lin e Binns (1988) com decomposição como tendenciosos a selecionar os genótipos mais produtivos.

Com relação à média, o AMMI-Biplot e MHPRVG, houve correlação positiva significativa, a qual informa que genótipos mais estáveis são também os mais produtivos. A utilização do método MHPRVG é de suma importância pois este tem como embasamento o uso de métodos estatísticos que permitem maior acurácia na predição dos valores genotípicos. Outra vantagem desse método é que penaliza a instabilidade dos genótipos através dos ambientes e capitaliza a resposta (adaptabilidade) quando o ambiente apresenta melhorias (RESENDE, 2007). Este método se baseia em valores genotípicos preditos via metodologia de modelos mistos e agrega produtividade, estabilidade e adaptabilidade em uma única estatística.

Foi revelada baixa associação entre os parâmetros β_{1i} , σ^2_{di} e o AMMI-Biplot. Silva e Duarte (2006) inferem que o uso desses dois métodos nas análises pode ser complementar, já que o Eberhart e Russel (1966) informa sobre o comportamento de cada genótipo, de acordo com a melhoria ambiental e, o método AMMI-Biplot, informa sobre a contribuição de cada genótipo para a interação GxA.

Entre os métodos MHPRVG e Lin e Binns (1988) com decomposição houve forte correlação negativa e significativa, por indicar que quanto menor o valor de P_i , maior o valor da medida de estabilidade (MHPRVG*MG), ou seja, maior estabilidade. O MHPRVG analisa o contexto genotípico e não o fenotípico, como no método não-paramétrico.

Não foram verificadas correlações significativas entre o método GGE-Biplot e os demais, podendo ser utilizado como ferramenta auxiliar para seleção de genótipos. Além disso, apenas os métodos GGE-Biplot, AMMI-Biplot e o MHPRVG informaram que a interação simples foi predominante no conjunto de dados avaliados. O GGE-Biplot é um método muito informativo, pois permite analisar o desempenho dos ambientes, dos genótipos e da interação GxA em conjunto.

4 CONCLUSÕES

Os métodos de adaptabilidade e estabilidade utilizados apresentam similaridades no ordenamento de genótipos, mas diferem com relação a precisão e a quantidade de informação fornecida sobre a interação GxA.

O método GGE-Biplot retém maior proporção da soma de quadrado total e pode informar que a interação simples foi predominante quando comparado ao método AMMI-Biplot.

O método Lin e Binns (1988) com decomposição foi capaz de selecionar genótipos, produtivos, adaptados e estáveis sob interação do tipo simples.

A estabilidade e adaptabilidade nem sempre está associada a maior produtividade, por isso os métodos MHPRVG e GGE-Biplot devem ser utilizados em conjunto para a seleção dos genótipos mais promissores.

Os genótipos Sint. 10771 e o Sint. 10697 foram recomendados para cultivo na região do Brasil Central por apresentarem adaptabilidade e estabilidade aliada a produtividade.

5 REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

AGYEMAN, A.; PARKES, E.; PEPRAH, B. AMMI and GGE biplot analyses of root yield performance of cassava genotypes in forest and coastal ecologies. **International Journal of Agricultural Policy and Research**, v. 3, p.122–132, 2015.

ALMEIDA FILHO, J. E.; TARDIN, F. D.; RESENDE, M. D. V.; SILVA, F. F.; GRANATO, S. C.; MENEZES, C. B. Genetic evaluation of grain sorghum hybrids in Brazilian environments using the REML/BLUP procedure. **Scientia Agricola**, v. 71, n. 2, 2014.

ALWALA, S., KWOLEK, T., MCPHERSON, M., PELLOW, J.; MEYER, D. A comprehensive comparison between Eberhart and Russell joint regression and GGE biplot analyses to identify stable and high yielding maize hybrids. **Field Crops Research**, v.119, p.225-230, 2010.

BALESTRE, M.; SOUZA, J. C.; PINHO, R. G. V.; OLIVEIRA, R. L.; PAES, J. M. Yield stability and adaptability of maize hybrids based on GGE biplot analysis characteristics. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 9, p. 219-228, 2009.

BARROS, M. A.; ROCHA, M. M.; GOMES, R. L. F.; SILVA, L. J. D.; NEVES, A. C. Adaptabilidade e estabilidade produtiva de feijão-caupi de porte semiprostrado. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 48, n. 4, p. 403-410, 2013.

BASTOS, T. X.; SILVA, G. F. G.; PACHECO, N. A.; FIGUEIREDO, R. O. Informações agroclimáticas do município de Paragominas para o planejamento agrícola. In: CONGRESSO BRASILEIRO DE METEOROLOGIA, 14., 2006, Florianópolis. **Anais...** Florianópolis: SBMET, 2006. 6p.

CARBONELL, S.A.M.; CHIORATO, A.F.; RESENDE, M.D.; DIAS, L.A.S.; BERALDO, A.L.A.; PERINA, E.F. Estabilidade de cultivares e linhagens de feijoeiro em diferentes ambientes no Estado de São Paulo. **Bragantia**, v.66, p.193-201, 2007.

CARGNELUTTI FILHO, A.; PERECIN, D.; MALHEIRO, E. B.; GUADAGNIN, J. P. Comparação de métodos de adaptabilidade e estabilidade relacionados à produtividade de grãos de cultivares de milho. **Bragantia**, v. 66, n. 4, p. 571-578, 2007.

CARNEIRO, P.C.S. **Novas metodologias de análise da adaptabilidade e estabilidade de comportamento**. 1998. 155f. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento) - Universidade Federal de Viçosa.

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 de plantas**, p. 673-713, 2001.

CONAB-COMPANHIA NACIONAL DE ABASTECIMENTO. **Perspectivas para a agropecuária**. Brasília: Conab, v. 5, p. 1-111, 2017a.

CONAB-COMPANHIA NACIONAL DE ABASTECIMENTO. **Acompanhamento de safra brasileira: grãos, safra 2016/17, decimo levantamento**. Brasília, 2017b. Disponível em: https://www.conab.gov.br/OlalaCMS/uploads/arquivos/17_07_12_11_17_01_boletim_graos_julho_2017.pdf. Acesso em: 22 nov. 2017.

- 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, p. 161-172, 1992.
- CROSSA, J.; FOX, P. N.; PFEIFER, W. H.; RAJARAM, S.; GAUCH, H. G. AMMI adjustment for statistical analysis of an international wheat yield trial. **Theoretical Applied of Genetics**, v. 81, p. 27-37, 1991.
- CRUZ, C. D. GENES - A software package for analysis in experimental statistics and quantitative genetics. **Acta Scientiarum Agronomy**, v.35, p.271-276, 2013.
- CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. 4. ed. Viçosa, MG: UFV, 2012. 514 p.
- CRUZ, J. C.; PEREIRA FILHO, I. A.; ALVARENGA, R. C.; GONTIJO NETO, M. M.; VIANA, J. H. M.; OLIVEIRA, M. F.; MATRANGOLO, W. J. R.; ALBUQUERQUE FILHO, M. R. **Cultivo do milho**. Sete Lagoas: Embrapa Milho e Sorgo. Sistemas de Produção, 2. 6 ed. 2010. 10p. Disponível em: <<https://ainfo.cnptia.embrapa.br/digital/bitstream/item/27037/1/Plantio.pdf>>. Acesso em 13 junho 2017.
- DEHGHANI, H.; SABAGHPOUR, S. H.; SABAGHNIA, N. Genotype×environment interaction for grain yield of some lentil genotypes and relationship among univariate stability statistics. **Spanish Journal of Agricultural Research**, v. 6, p.385-394, 2008.
- DUARTE, J. B.; VENCOSKY, R. **Interação genótipos x ambientes: uma introdução à análise "AMMI"**. Ribeirão Preto: Sociedade Brasileira de Genética, 1999. 60 p.
- EBERHART, S. A.; RUSSEL, W. A. Stability parameters for comparing varieties. **Crop Science**, v.6, p. 36-40, 1966.
- FARIA, S. V.; LUZ, L. S.; RODRIGUES, M. C.; CARNEIRO, J. E. S.; CARNEIRO, P. C. S.; DELIMA, R. O. Adaptability and stability in commercial maize hybrids in the southeast of the State of Minas Gerais, Brazil. **Revista Ciência Agronômica**, v. 48, n. 2, p. 347-357, 2017.
- FLORES, F., MORENO, M. T.; CUBERO, J. I. A comparison of univariate and multivariate methods to analyze G×E interaction. **Field Crops Research**, 56, 271-286, 1998.
- GARBUGLIO, D. D.; GERAGE, A.C.; ARAÚJO, P.M.; FONSECA JÚNIOR, N.S.; SHIOGA, P.S. Análise de fatores e regressão bissegmentada em estudos de estratificação ambiental e adaptabilidade em milho. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.42, p. 183-191, 2007.
- GARCÍA-PEÑA, M.; DIAS, C. T. S. Análise dos modelos aditivos com interação multiplicativa (AMMI) bivariados. **Revista Brasileira de Biometria**, São Paulo, v.27, n.4, p.586-602, 2009.
- GAUCH, H. G. **Statistical Analysis of Regional Yield Trials: AMMI Analysis of Factorial Designs**. Amsterdam, 1992. 278 p.
- GEBREMEDHIN, W.; FIREW, M.; TESFYE, B. Stability analysis of food barley genotypes in northern Ethiopia. **African Crop Science Journal**, v. 22, n. 2, pp. 145 – 153, 2014.

- GOLLOB, H.F. A statistical model which combines features of factor analytic and analysis of variance techniques. **Psychometrika**, v.33, p.73-115, 1968.
- GONÇALVES, P. S.; BORTOLETTO N.; MARTINS A. L. M.; COSTA, R. B.; GALLO, P. B. Genotype-environment interaction and phenotypic stability for girth growth and rubber yield of Hevea clones in São Paulo State, Brazil. **Genetics and Molecular Biology**, v. 26, n. 4, p.441-448, 2003.
- GRANATO, Í. S. C.; FRITSCHÉ-NETO, R.; SILVA, F. F.; RESENDE, M. D. V. Effects of using phenotypic means and genotypic values in GGE biplot analyses on genotype by environment studies on tropical maize (*Zea mays*). **Genetics and Molecular Research**, v. 15, p. 1-11, 2016.
- GUIMARÃES, P. E. de O.; PARENTONI, S. N.; MEIRELLES, W. F.; PACHECO, C. A. P.; SILVA, A. R. da; GUIMARAES, L. J. M.; CARDOSO, M. J.; ROCHA, L. M. P. da; COSTA, R. V. da; OLIVEIRA, J. S. e; COTA, L. V.; CARVALHO, H. W. L. de; GODINHO, V. de P. C.; CECCON, G.; MACHADO, A. T.; BASTOS, E. A.; VILARINHO, A. A.; SOUZA, F. R. S. de; DIAS, W. P.; EMYGDIO, B. M.; GARCIA, J. C.; WRUCK, F. J.; CASELA, C. R. **BRS 1055: híbrido simples de milho**. Comunicado técnico. 2009. EMPRAPA.
- HALLAUER, A. R.; MIRANDA FILHO, J. B.; CARENA, M. J. **Quantitative genetics in maize breeding**. New York: Springer, 2010. 663 p.
- HENDERSON, C. R. **Applications of linear models in animal breeding**. University of Guelph, 1984, 462 p.
- HONGYU, K.; GARCIA-PEÑA, M.; ARAÚJO, L. B.; DIAS, C. T. S. Statistical analysis of yield trials by AMMI analysis of genotype x environment interaction. **Biometrical Letters**, v. 51, p. 89-102, 2014.
- HONGYU, K.; SILVA, F. L.; OLIVEIRA, A. C. S.; SARTI, D. A.; ARAÚJO, L. B.; DIAS, C. T. S. Comparação entre os modelos AMMI e GGE biplot para os dados de ensaios multi-ambientais. **Revista Brasileira de Biometria**, v. 33, n. 2, p.139-155, 2015.
- INMET – INSTITUTO NACIONAL DE METEOROLOGIA, **BDMEP - Banco de Dados Meteorológicos para Ensino e Pesquisa**, 2017. Disponível em: <<http://www.inmet.gov.br/projetos/rede/pesquisa/>>. Acesso em 17 novembro 2017,
- KARIMIZADEH, R.; ASGHARI, A.; CHINIPARDAZ, R.; SOFALIAN, O.; GHAFFARI, A. Determining yield stability and model selection by AMMI method in rain-fed durum wheat genotypes. **Field crops**, v. 21, n. 2, 2016.
- KUTKA, F. Open-Pollinated vs. Hybrid Maize Cultivars. **Sustainability**, v. 3, p. 1531-1554, 2011.
- KUMAR, R.; SINGODE, A.; CHIKKAPPA, G. K.; MUKRI, G.; DUBEY, R. B.; KOMBOJ, M. C.; SINGH, H. C.; OLAKH, D. S.; AHMAD, B.; KRISHNA, M. ZAIDI, P. H.; DEBNATH, M. K.; SEETHARAMA, K.; YADAV, O. P. Assessment of genotype × environment interactions for grain yield in maize hybrids in rainfed environments. **Journal of breeding and Genetics**, v. 46, n. 2, p. 284-292, 2014.
- LIMA, L. K. DE, RAMALHO, M. A. P., ABREU, Â. DE F. B., TOLEDO, F. H. R. B.; FERREIRA, R. A. D. C. Implications of predictable and unpredictable environmental factors in common bean VCU trials in Minas Gerais. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v.14, n.3, p.146-153, 2014.

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.

MANGILI, F. B.; ELY, D. F. Análise da Relação da Produção do Milho Segunda Safra com o Balanço Hídrico Sequencial em Londrina (PR). **Geografia**, v. 25. n. 1. p.65-85, 2016

MARTINS, J. A. S.; JULIATTI, F. C. Adaptability and stability of soybean advanced lines of semi early cycle for rust resistance. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 12, p. 43-51, 2012.

MARTORANO, L. G.; EL-HUSNY, J. C.; MONTEIRO, D. C. A.; ALVES, L. W. R.; FERNANDES, P. C. C.; LIMA, R. B. M.; CHAVES, S. S. F. Avaliações agrometeorológicas para subsidiar estratégias de decisão em cultivos de soja no município de Paragominas, Pará. In: reunião de pesquisa da soja da região central do Brasil, 32., 2011, Piracicaba. **Anais...** Londrina: Embrapa Soja, p. 59-62, 2011.

MENDES DE PAULA, T. O.; MARINHO, C. D.; SOUZA, V.; BARBOSA, M. H. P.; PETERNELLI, L. A.; KIMBENG, C. A.; ZHOU, M. M. Relationships between methods of variety adaptability and stability in sugarcane. **Genetics and Molecular Research**, v.13, p.4216-4225, 2014

MENDES, F.F.; GUIMARÃES, L.J.M.; SOUZA, J.C.; GUIMARÃES, P.E.O.; PACHECO, C.A.P.; MACHADO, J.R.A.; MEIRELLES, W.F.; SILVA, A.R.; PARENTONI, S.N. Adaptability and stability of maize varieties using mixed model methodology. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, n.12, p. 111-117, 2012.

MURAKAMI, D. M.; CARDOSO, A. A.; CRUZ, C. D.; BIZÃO, N. Considerações sobre duas metodologias de análise de estabilidade e adaptabilidade. **Ciência Rural**, v. 34, n.1, p.71-78, 2004.

NUNES, H. F.; FREIRE FILHO, F. R.; RIBEIRO, V. Q.; GOMES, R. L. F. Grain yield adaptability and stability of blackeyed cowpea genotypes under rainfed agriculture in Brazil. **African Journal of Agricultural Research**, v. 9, n. 2, p. 255-261, 2014.

OLIVEIRA, I. J.; DIAS, M. C.; FONTES, J. R. A.; PAMPLONA, A. M. S. R.; GUIMARÃES, L. J. M.; GUIMARÃES, P. E. O. **BRS 4103** – Variedade de milho recomendada para o estado do Amazonas. Comunicado Técnico, 95. Embrapa: Manaus, 2017.

OLIVEIRA, R. B. R.; MOREIRA, R. M. P.; FERREIRA J. M. Adaptability and stability of maize landrace varieties. **Semina**, v. 34, n. 6, p. 2555-2564, 2013.

OLIVEIRA, R. L.; PINHO, R. G. V.; BALESTRE, M.; FERREIRA, D. V. Evaluation of maize hybrids and environmental stratification by the methods AMMI and GGE biplot stratification by the methods AMMI and GGE biplot. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v.10, p.247-253, 2010.

PEREIRA, H. S.; BUENO, L. G.; DEL PELOSO, M. J.; ABREU, A. F. B.; MOREIRA, J. A. A.; MARTINS, M.; WENDLAND, A.; FARIA, L. C.; SOUZA, T. L. P. O.; MELO, L. C. Agronomic performance and stability of andean common bean lines with white grains in Brazil. **Bragantia**, v.73, p.130-137, 2014.

PERINA, E. F.; CARVALHO, C. R. L.; CHIORATO, A. F.; GONÇALVES, J. G. R.; CARBONELL, S. A. M. Avaliação da estabilidade e adaptabilidade de genótipos de

feijoeiro (*Phaseolus vulgaris* L.) baseada na análise multivariada da "performance" genotípica. **Ciência e Agrotecnologia**, v. 34, n. 2, 398-406, 2010.

PIMENTEL GOMES, F. **Curso de estatística experimental**. 15.ed. Piracicaba: FEALQ, 2009, 451p.

PRELA-PANTANO, A.; DUARTE, A. P.; SILVA, D. F.; ROLIM, G. S.; CASER, D. V. Produtividade de milho, precipitação e ocorrência de ENOS na região do médio Paranapanema, SP, Brasil. **Revista Brasileira de Milho e Sorgo**, v. 10, n. 2, p. 146-157, 2011.

PURCHASE, J. L.; HATTING, H.; VANDEVENTER, C. S. Genotype \times environment interaction of winter wheat (*Triticum aestivum* L.) in South Africa: Stability analysis of yield performance. **South African Journal of Plant and Soil**, v. 17, p. 101-107, 2000.

R CORE TEAM DEVELOPMENT. R: A language and environment for statistical computing. 2016. R Foundation for Statistical Computing, Vienna, Austria. Disponível em : <<https://www.R-project.org/>>. Acesso em: 21 junho 2016.

RAMALHO, M.A.P.; SANTOS, J.B.; ABREU, A.F.B.; NUNES, J.A.R. **Aplicações da Genética Quantitativa no Melhoramento de Plantas Autógamas**. Lavras: Editora UFLA, 2012. 522p.

REIS, D. P. dos; GUIMARAES, L. J. M.; MENDES, F. F.; GUIMARAES, P. E. O.; PARENTONI, S. N.; PACHECO, C. A. P.; MACHADO, J. R. de A.; MEIRELLES, W. F.; SILVA, A. R.; OLIVEIRA, K. G. de. Comportamento de variedades de milho em quatro ambientes de Minas Gerais. **Anais...XXIX Congresso Nacional de Milho e Sorgo**, Águas de Lindóia, 2012.

REGAZZI, A. J; SILVA, H. D; VIANA, J. M. S; CRUZ, C. D. Análises de experimentos em látice quadrado com ênfase em componente de variância. II. Análise Conjunta. **Pesquisa agropecuária brasileira**, v. 34, n. 11, p. 1987-1997, 1999.

RESENDE, M. D. V. **Genética biométrica e estatística no melhoramento de plantas perenes**. Brasília: Embrapa Informação Tecnológica, 2002. 975p.

RESENDE, M. D. V. **Métodos estatísticos ótimos na análise de experimentos de campo**. Colombo: Embrapa Florestas, 2004. 57 p.

RESENDE, M. D. V. **O software Selegen-REML/BLUP**, Colombo: Embrapa Florestas, 2006. 305 p.

RESENDE, M. D. V. **Matemática e estatística na análise de experimentos e no melhoramento genético**. Colombo: Embrapa Florestas, 2007. 561 p.

RESENDE, M. D. V.; DUARTE, J. B. Precisão e controle de qualidade em experimentos de avaliação de cultivares. **Pesquisa Agropecuária Tropical**, v. 37, p. 182-194, 2007.

ROOSTAEI, M.; MOHAMMADI, R.; AMRI, A. Rank correlation among different statistical models in ranking of winter wheat genotypes. **The Crop Journal**, v.2, p.154–163, 2014.

SANTOS, A.; AMARAL JÚNIOR, A. T.; KUROSAWA, R. N. F.; GERHARDT, I. F. S.; FRITSCHÉ NETO, R. GGE Biplot projection in discriminating the efficiency of popcorn lines to use nitrogen. **Ciência e Agrotecnologia**, v. 41, n.1, p. 22-31, 2017.

- SCAPIM, C. A., PACHECO, C. A. P., AMARAL JÚNIOR, A. T., VIEIRA, R. A., PINTO, R. J. B. AND CONRADO, T. V. Between the stability and adaptability statistics of popcorn cultivars. **Euphytica**, v.174, p. 209-218, 2010.
- SILVA, H. D; REGAZZI, A. J; CRUZ, C. D; VIANA, J. M. S. Análises de experimentos em látice quadrado com ênfase em componentes de variância. I. Análise Individual. **Pesquisa agropecuária brasileira**, v.34, n.10, p.1811-1822, 1999.
- SILVA, W. C. J.; DUARTE, J. B. Métodos estatísticos para estudo de adaptabilidade fenotípica em soja. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.41, n.1, p.23-30, 2006.
- SILVEIRA, D. A.; PRICINOTTO, L. F.; NARDINO, M.; BAHRY, C. A.; PRETE C. E. C.; CRUZ, L. Determination of the adaptability and stability of soybean cultivars in different locations and at different sowing times in Paraná state using the AMMI and Eberhart and Russel methods. **Semina**, v. 37, n. 6, p. 3973-3982, 2016.
- TERASAWA, J. R.; VENCOVSKY, R.; KOEHLER, H. Environment and genotype genotype-environment interaction in maize breeding in Paraná, Brazil. **Crop Breeding Applied Biotechnology**, v.8, n.1, p. 17-22, 2008.
- VASCONCELOS, F. M. T.; VASCONCELOS, R. A.; LUZ, L.N.; CABRALI, N. T.; OLIVEIRA JÚNIOR, J. O. L.; SANTIAGO, A. D.; SGRILLO, E.; FARIAS, F. J. C.; FILHO, P. A. M.; SANTOS, R.C. Adaptabilidade e estabilidade de genótipos eretos de amendoim cultivados nas regiões Nordeste e Centro-Oeste. **Ciência Rural**, v.45, p.1375-1380, 2015.
- VENCOVSKY, R.; BARRIGA, P. **Genética biométrica no fitomelhoramento**. Ribeirão: Sociedade Brasileira de Genética, 1992, 496 p.
- VIEIRA FILHO, J. E. R. A fronteira agropecuária brasileira: redistribuição produtiva, efeito poupa-terra e desafios estruturais logísticos. p. 91-107. In: VIEIRA FILHO, J. E. R.; GASQUES J. G. (Orgs.). **Agricultura, transformação produtiva e sustentabilidade**. Brasília: Ipea, 2016. 391 p.
- YAN, W. GGE Biplot vs AMMI graphs for genotype-by-environment data analysis. **Journal of the India Society of Agricultural Statistics**, v. 65, n. 2, p. 181-193, 2011.
- YAN, W.; HOLLAND, J. B. A heritability-adjusted GGE biplot for test environment evaluation. **Euphytica**, v.171, n. 3, p. 355-369, 2010.
- YAN, W., HUNT, L. A., SHENG, Q.; SZLAVNICS, Z. Cultivar evaluation and mega-environment investigation based on the GGE biplot. **Crop Science**, v. 40, p. 597-605, 2000.
- YAN, W.; TINKER, N. A. Biplot analysis of multi-environment trial data: Principles and applications. **Canadian Journal of Plant Science**, v. 86, n. 3, p. 623-645, 2006.
- YAN, W.; KANG, M. S.; MA, B.; WOODS, S.; CORNELIUS, P. L. GGE Biplot vs. AMMI analysis of genotype-by-environment data. **Crop science**, v.47, n.2, p.643-655, 2007.
- YOKOMIZO, G. K. I.; DUARTE, J. B.; VELLO, N. A.; UNFRIED, J. R. Análise AMMI da produtividade de grãos em linhagens de soja selecionadas para resistência à ferrugem asiática. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 48, n. 10, p. 1372-1380, 2013.
- ZOBEL, R. W.; MADISON, J. W.; GAUCH, H.G. Statistical analysis of a yield trial. **Agronomy Journal**, v.80, p.388-393, 1988.

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

ZALI, H.; FARSHADFAR, E.; SABAGHPOUR, S. H.; KARIMIZADEH, R. Evaluation of genotype× environment interaction in chickpea using measures of stability from AMMI model. **Annals of Biological Research**, v. 3, n. 7, p. 3126-3136, 2012.

CAPÍTULO II

VARIAÇÃO ESPACIAL EM EXPERIMENTOS DE AVALIAÇÃO DE GENÓTIPOS DE MILHO NO MATO GROSSO DO SUL

RESUMO

YAMAMOTO, Euriann Lopes Marques, Universidade Federal da Grande Dourados. **Variação espacial em experimentos de avaliação de genótipos de milho no Mato Grosso do Sul**. 2018. 45f. Orientador: Dr. Manoel Carlos Gonçalves.

A precisão experimental na avaliação de genótipos nos programas de melhoramento genético é essencial. A heterogeneidade do solo e as diferenças na produtividade de grãos entre as parcelas podem influenciar diretamente as parcelas adjacentes e, conseqüentemente, resultar na chamada dependência espacial. Quando o fator espacial é considerado, a variabilidade advinda da variação experimental entre parcelas pode ser utilizada para aumentar a precisão de experimentos e, por fim, selecionar genótipos promissores de forma mais eficiente. Os objetivos foram: 1. Comparar as estimativas de maior precisão experimental (quadrado médio do erro, valor F, coeficiente de determinação e acurácia) da análise de variância tradicional com a análise de variância com modelo autorregressivo em 14 experimentos de milho em condição de adubação nitrogenada (ideal) e os experimentos em condição de estresse (baixo); e, 2. Verificar se existe diferença com relação aos erros correlacionados entre os experimentos em condição de adubação nitrogenada (ideal) e os experimentos em condição de estresse (baixo). Os dados utilizados foram provenientes de 14 experimentos em delineamento látice conduzidos nos anos 2012, 2014 e 2015, em condições contrastantes de nitrogênio, em quatro diferentes municípios do estado do Mato Grosso do Sul: Caarapó, Dourados, Glória de Dourados e Laguna Carapã. Dos 14 experimentos, sete tinham condição de adubação nitrogenada (ideal) e sete experimentos em condição de estresse (baixo). Foram realizadas comparações da análise tradicional com a análise espacial (ANOVA-AR) por meio da estimativa de redução do quadrado médio do erro, coeficiente de determinação, valor F, acurácia e pela diferença na ordenação de 25% dos genótipos de cada experimento. A análise de variância por modelo autorregressivo forneceu valores de parâmetros de precisão experimental semelhante aos expressos pela análise de variância tradicional. Não houve diferença em relação aos erros correlacionados em experimentos com e sem a adubação nitrogenada.

Palavras-chave: *Zea mays* L.; modelos autorregressivos; parcelas adjacentes; ANOVA; estresse abiótico.

CHAPTER II

SPATIAL VARIATION IN EVALUATION EXPERIMENTS OF MAIZE GENOTYPES IN MATO GROSSO DO SUL

ABSTRACT

YAMAMOTO, Euriann Lopes Marques, Federal University of Grande Dourados. **Spatial variation in maize genotypes experiments in Mato Grosso do Sul**. 2018. 45p. Advisor: Dr. Manoel Carlos Gonçalves.

Experimental accuracy in evaluation of genotypes in genetic breeding programs is essential. Soil heterogeneity and differences in grain yield between plots may have direct influence on adjacent plots and, consequently, result in so-called spatial dependence. When the spatial factor is considered, the variability derived from experimental variation between plots can be used to increase the precision of experiments and, finally, to select promising genotypes more efficiently. This work aims to compare the results obtained by the analysis of variance by autoregressive model (correlated errors) in 14 maize experiments with contrasting nitrogen conditions. The data used came from experiments in lattice design conducted in the years 2012, 2014 and 2015, in different nitrogen fertilization conditions in four different municipalities in the state of Mato Grosso do Sul: Caarapó, Dourados, Glória de Dourados and Laguna Carapã. In all, 14 experiments were carried out in contrasting conditions of nitrogen, with seven experiments under nitrogen fertilization conditions (ideal) and seven experiments under stress condition (low). Comparisons of the traditional analysis with the spatial analysis (ANOVA-AR) were carried out by means of the estimation of reduction of the mean square of the error, determination coefficient, F value, accuracy and by the ordering of 25% of the genotypes of each experiment. The analysis of variance by autoregressive model provided values of parameters of experimental precision similar to those expressed by the analysis of traditional variance and there was no difference in relation to the errors correlated in experiments with nitrogen fertilization condition (ideal) and stress condition (low).

Keywords: *Zea mays* L.; autoregressive models; adjacent plots; ANOVA; abiotic stress.

1 INTRODUÇÃO

A avaliação de genótipos em experimentos de milho com ambientes com níveis contrastantes de nitrogênio tem sido um assunto constantemente discutido, pois a utilização desse fertilizante é extremamente importante para as plantas. No entanto, seu alto custo de mercado tem levado à busca por genótipos mais eficientes no uso de nitrogênio, a fim de reduzir o custo de produção da cultura (MAJEROWICZ et al., 2002).

Por se tratar de experimentos que abrangem a deposição ou não de nitrogênio ao solo, vale verificar se essa ação interfere na obtenção de maior precisão experimental. Em programas de melhoramento genético, alguns dos objetivos principais são o desenvolvimento e recomendação de genótipos produtivos para ambientes com estresse. No entanto, para que isso seja alcançado, é necessário que os experimentos e as análises estatísticas utilizadas para tal fim, como o uso da análise de variância e comparação de médias, sejam bem conduzidos.

Por volta de 1925, Fisher propôs a análise de variância, que nada mais é do que a decomposição da variação total do experimento em fontes de variação conhecidas (FISHER; MACKENZIE, 1923; NOGUEIRA; PEREIRA, 2013). Para que os resultados dessa análise sejam considerados precisos, busca-se reduzir ao máximo a variabilidade do erro, a fim de se garantir a segurança nos resultados.

Para utilizar a análise de variância corretamente é preciso que o pesquisador atenda aos pressupostos da análise, os quais são: aditividade dos efeitos do modelo matemático, homogeneidade das variâncias dos erros para tratamentos, normalidade dos dados e independência dos erros. Com exceção da última, as demais podem ser passíveis de análise por testes estatísticos, transformação dos dados ou pela estatística não-paramétrica. Já a independência dos erros, deveria ser garantida pela casualização ou controle local, pois objetiva distribuir os efeitos correlacionados entre as parcelas adjacentes. No entanto, essa independência pode ser violada devido a existência de correlação entre parcelas vizinhas, caracterizando uma situação de autocorrelação espacial ou dependência espacial.

A presença de parcelas adjacentes sob autocorrelação espacial pode influenciar na seleção acurada de genótipos e promover o sucesso ou o fracasso de um programa de melhoramento genético (DUARTE, 2005). Por isso, devem ser utilizadas ferramentas estatísticas espaciais para evitar que genótipos, ora considerados

potenciais, não o sejam na realidade. Como constatado por Duarte e Vencovsky (2005) com genótipos de soja e Silva et al. (2016) avaliando a eficiência de métodos espaciais na avaliação da produtividade de famílias de feijoeiro.

Técnicas estatísticas baseadas em modelagens espaciais são úteis em experimentos em que a dependência espacial entre os erros é detectada, pois a eficiência dos estimadores dos contrastes de tratamentos deixa de depender exclusivamente da variação da residual, passando a ser considerado o posicionamento das parcelas experimentais (ROSSONI, 2011), por meio de coordenadas geográficas. O mesmo autor propôs a análise de variância com o componente espacial ρ e verificou que o fator espacial forneceu maior precisão experimental ao conjunto de dados simulados.

Assim, os objetivos deste estudo foram: 1. Comparar as estimativas de maior precisão experimental (quadrado médio do erro, valor F, coeficiente de determinação e acurácia) da análise de variância tradicional (erros independentes) e da análise de variância com modelo autorregressivo (erros correlacionados) em 14 experimentos de milho em condições contrastantes de nitrogênio; e, 2. Verificar se existe diferença com relação aos erros correlacionados entre os experimentos em condição de adubação nitrogenada (ideal) e os experimentos em condição de estresse (baixo).

2 MATERIAL E MÉTODOS

2.1 Descrição dos dados experimentais

Os dados utilizados foram provenientes de experimentos conduzidos na segunda safra nos anos de 2012, 2014 e 2015 em quatro municípios do estado do Mato Grosso do Sul: Caarapó, Dourados, Glória de Dourados e Laguna Carapã. Foram conduzidos 14 experimentos em condições contrastantes de nitrogênio, sendo sete experimentos em condição de adubação nitrogenada (ideal) e sete experimentos em condição de estresse (baixo) (Quadro 1). Em 2012, foram conduzidos quatro experimentos em látice simples 12 x 12, nos municípios de Caarapó e em Dourados, em que cada município teve um ambiente com condição de adubação nitrogenada (ideal) e um ambiente em condição de estresse (baixo). Em 2014, seis experimentos em látice simples 7 x7, nos municípios de Dourados, Glória de Dourados e Laguna Carapã, os quais também tiveram um ambiente ideal e um em condição de baixo nitrogênio. E, por fim, em 2015, quatro experimentos conduzidos em látice triplo 15 x15, nos municípios de Caarapó e Dourados, também com um ambiente ideal e um ambiente em condição de baixo nitrogênio em cada município.

Quadro 1. Informações sobre a localização e ano de avaliação dos 14 experimentos de genótipos de milho em condição de adubação nitrogenada (ideal) e em condição de estresse (baixo).

Município	Altitude (m)	Latitude	Longitude	Ano
Caarapó	471	22° 38' 45"	55° 00' 28"	2012 e 2015
Dourados	406	22° 14' 02"	54° 59' 17"	2012, 2014 e 2015
Glória de Dourados	400	22° 25' 03"	54° 13' 57"	2014
Laguna Carapã	509	23° 32' 47"	55° 08' 59"	2014

O tamanho da parcela foi o mesmo para todos os experimentos com uma linha de 5 metros, em que o espaçamento variou conforme o experimento. Informações a respeito das características do experimentos avaliados por ser obtidas no Quadro 2.

A quantidade de adubação considerada em cada experimento decorreu do objetivo da pesquisa aplicado a cada experimento:

- Experimentos de 1 a 6: baixo (30 kg ha⁻¹) e ideal (120 kg ha⁻¹);
- Experimentos de 7 a 10: baixo (20 kg ha⁻¹) e ideal (120 kg ha⁻¹);
- Experimentos de 11 a 14: baixo (0 kg ha⁻¹) e ideal (120 kg ha⁻¹).

Quadro 2. Informações gerais, média, coeficiente de variação (CV) e acurácia para 14 experimentos de milho em condição de adubação nitrogenada (ideal) e condição de estresse (baixo).

Exp.	Látice	Rep.	Local	Condição	NP	E	Dimensões do experimento	Média	CV	\hat{r}_{gg}
1	7 x 7	2	Ddos	Ideal	49	0,9	6,3 x 80,5= 507,15 m ²	4574,31	17,59	0,77
2	7 x 7	2	Ddos	Baixo	49	0,9	6,3 x 80,5= 507,15 m ²	4088,21	14,83	0,83
3	7 x 7	2	G.Ddos	Ideal	49	0,9	6,3 x 80,5= 507,15 m ²	4014,09	24,12	0,31
4	7 x 7	2	G.Ddos	Baixo	49	0,9	6,3 x 80,5= 507,15 m ²	3743,33	24,69	0,43
5	7 x 7	2	L. Crpã	Ideal	49	0,9	6,3 x 80,5= 507,15 m ²	4215,39	14,53	0,73
6	7 x 7	2	L. Crpã	Baixo	49	0,9	6,3 x 80,5= 507,15 m ²	3835,98	22,22	0,30
7	12 x 12	2	Crpó	Ideal	144	1,0	11 x 130,5= 1435,5 m ²	4776,28	22,68	0,78
8	12 x 12	2	Crpó	Baixo	144	1,0	11 x 130,5= 1435,5 m ²	4044,55	24,55	0,76
9	12 x 12	2	Ddos	Ideal	144	0,9	9,9 x 130,5= 1291,95 m ²	5293,97	23,36	0,70
10	12 x 12	2	Ddos	Baixo	144	0,9	9,9 x 130,5= 1291,95 m ²	4877,57	22,25	0,60
11	15 x 15	3	Crpó	Ideal	225	0,9	1148,85+489,25+1072,26= 2710,36 m ²	4326,9	23,86	0,65
12	15 x 15	3	Crpó	Baixo	225	0,9	1148,85+489,25+1072,26= 2710,36 m ²	4544,71	25,97	0,72
13	15 x 15	3	Ddos	Ideal	225	0,9	1148,85+489,25+1072,26= 2710,36 m ²	4240,9	24,14	0,71
14	15 x 15	3	Ddos	Baixo	225	0,9	1148,85+489,25+1072,26= 2710,36 m ²	4866,27	19,94	0,71

Para fins de caracterização das áreas experimentais, no Quadro 3 são apresentados valores referentes à análise química de solo da camada de 0-20 cm.

Quadro 3. Análise química do solo da camada 0-20 cm de profundidade das áreas experimentais dos 14 experimentos de genótipos de milho em condição de adubação nitrogenada (ideal) e em condição de estresse (baixo).

Característica química	Exp. de 1 a 6			Exp. de 7 a 10		Exp. de 11 a 14	
	Ddos	G. Ddos	L.Cpã	Ddos	Crpó	Ddos	Crpó
pH em água	5,0	4,9	4,9	6,0	5,6	5,0	5,5
P (mg dm ⁻³)	5,8	2,3	7,9	3,2	18,9	3,0	2,0
K (cmolc dm ⁻³)	0,2	0,2	0,2	1,5	2,1	16,0	15,0
Ca trocável (cmolc dm ⁻³)	7,2	6,8	7,0	8,1	2,2	0,8	0,4
Mg trocável (cmolc dm ⁻³)	1,8	1,9	2,0	2,4	0,5	2,6	2,2
Al trocável (cmolc dm ⁻³)	0,0	0,0	0,1	0,1	0,0	2,0	1,6
CTC (cmolc dm ⁻³)	14,9	14,6	15,5	110,0	50,2	1,8	1,7
V%	61,8	61,5	59,3	65,0	58,0	75,0	71,1

Ddos: Dourados; G. Ddos: Glória de Dourados; L.Cpã: Laguna Carapã; Crpó: Caarapó.

Os 49 genótipos utilizados nos experimentos de 1 a 6 foram constituídos de 42 progênies de meios-irmãos e sete testemunhas em delineamento látice simples 7x7. Nos experimentos de 7 a 10 foram utilizados 121 genótipos, dos quais 110 híbridos top crosses, cinco populações bases e seis testemunhas, em delineamento látice simples 11x11. Por fim, nos experimentos de 11 a 14 foram avaliados 225 genótipos, a saber 220 progênies de meios-irmãos e cinco testemunhas em delineamento látice 15x15 com três repetições. O croqui experimental dos experimentos de 1 a 6 encontram-se no APÊNDICE A, dos experimentos 7 a 8 no APÊNDICE B e dos experimentos de 10 a 14 no APÊNDICE C.

A variável utilizada foi a produtividade de grãos, em kg ha⁻¹, submetida a correção de 13 % de umidade.

2.2 Análises de variâncias

A análise de variância que considera essa dependência espacial pode ser calculada por meio de modelos autorregressivos. Quando são fornecidas informações a respeito de localização nesses modelos, é possível estimar se há ou não dependência espacial entre as parcelas. Os principais modelos que consideram a dependência espacial são o modelo “*conditional auto regressive*” (CAR) e o modelo “*spatial auto regressive*” (SAR). O modelo autorregressivo (SAR), ou em português, modelo autorregressivo espacial foi descrito por Griffith (1988):

$$Y = \rho WY + X\beta + \varepsilon$$

Em que:

Y : vetor $n \times 1$ de valores observados;

ρ : parâmetro espacial autoregressivo;

W : matriz $n \times n$ com atribuições de peso da vizinhança espacial;

X : matriz $n \times p$ da incidência dos efeitos fixos;

β : vetor $p \times 1$ dos parâmetros;

ε : vetor $n \times 1$ dos erros atribuídos a cada observação.

O parâmetro espacial ρ varia entre -1 e +1. Os valores positivos indicam autocorrelação espacial positiva, em que valores altos (baixos) possuem a tendência a ser agruparem próximos a valores altos (baixos), indicando um efeito de contágio ou transbordamento. Já os valores negativos indicam autocorrelação espacial negativa, em que valores altos (baixos) tendem a se localizarem a valores baixos (altos), no que se apresenta como uma situação de dissimilaridade entre o valor da variável e a localização da parcela. Assim, quanto maior o valor do parâmetro ρ , em módulo, maior será a autocorrelação, seja ela positiva ou negativa (ALMEIDA, 2004).

A construção da matriz W foi obtida por meio da multiplicação das matrizes D e C . A matriz C é binária e tem dimensões $n \times n$. Esta descreve a vizinhança adjacente de distância existente entre as parcelas experimentais, sendo que seu tamanho variou conforme o raio adotado para cada experimento existente. A matriz D é uma matriz diagonal com o elemento $1/k_i$, na qual k_i é a soma de valores da linha i da matriz C .

Gumpertz, Graham e Ristaino (1997) propõem um padrão de proximidade para definir a região de vizinhança a ser adotada. Nesta pesquisa, o padrão de proximidade de vizinhança foi definido em função da área de cobertura de um raio estimada a partir de uma superfície gráfica (ponto de referência), na qual a área abrangida pelo raio referiu-se ao alcance da área de vizinhança (ROSSONI, 2011). A definição na adoção de determinado raio variou conforme o critério do pesquisador, não devendo ultrapassar o valor da distância máxima do experimento. Os requisitos básicos para obtenção do padrão de proximidade adotado, considerou o raio em que foi obtida a maior correlação $[\rho(h)]$ e o menor valor do Critério de Informação de Akaike (AIC). Após a definição desses dois pontos, o padrão de proximidade foi adotado em relação ao raio (SCOLFORO et al., 2016).

O método utilizado para estimar o parâmetro ρ do modelo SAR foi a máxima verossimilhança (ML). A solução original para a estimação pelo ML para modelos espaciais autocorrelacionados foi inicialmente proposta por Ord (1975), citado por Rossoni (2011). Para isso, após estimar o parâmetro ρ foi necessário proceder com os ajustes dos dados observados a partir da seguinte equação:

$$Y_{adj} = Y - (\hat{\rho}WY - \hat{\rho}\beta_0)$$

Em que:

Y : vetor $n \times 1$ de valores observados;

$\hat{\rho}$: estimativa do parâmetro espacial autoregressivo;

W : matriz $n \times n$ com atribuições de peso de vizinhança espacial;

β_0 : média dos valores observados;

Y_{adj} : vetor $n \times 1$ de valores ajustados.

A análise de variância por modelos autorregressivos (ANOVA-AR) foi descrita por Long (1996) citado por Rossoni (2011) e tem como premissa básica a transformação de observações autocorrelacionadas em observações não correlacionadas. Em outras palavras, após a detecção da correlação espacial na variável de interesse, a ANOVA-AR remove essa correlação e torna os dados independentes em relação ao espaço, permitindo a realização de inferências estatísticas. Após a execução dos procedimentos estatísticos anteriores um novo quadro de análise de variância é gerada (Tabela 1).

Tabela 1. Análise de variância de modelo autoregressivo (ANOVA-AR).

FV	GL	SQ	QM	F
Bloco	$n - 1$			
Parâmetro	$k - 1$	SQP_{adj}	QMP_{adj}	QMP_{adj}/QME_{adj}
Erro	$(n - 1)(k - 1)$	SQE_{adj}	QME_{adj}	
Total corrigido	$nk - 1$	$SQT_{corrigida}$		

A soma de quadrado total corrigida ($SQT_{corrigida}$) foi obtida pela diferença entre a soma de quadrado total (SQT) da análise de variância dos dados não ajustados e a soma de quadrado total dos dados ajustados (SQT_{adj}), como na equação:

$$SQT_{corrigida} = SQT - SQT_{adj}$$

A fim de comparar a eficiência seletiva entre a análise de variância tradicional e a análise de variância proposta, optou-se por avaliar o coeficiente de determinação (R^2) das duas análises, o valor de acurácia, o valor do teste F, o valor do Quadrado Médio do Erro, que pela sua redução promove maior precisão experimental ao reduzir a variabilidade total do experimento e em seguida, aplicou-se o teste de comparação de médias de Tukey pela ANOVA tradicional e pela ANOVA-AR, avaliando a significância ao nível de 5% de probabilidade, cujo objetivo foi discriminar quais genótipos apresentaram as maiores produtividades sob intensidade de seleção de 25%, considerando as duas análises.

Este teste compara qualquer contraste entre duas médias de tratamentos. Segundo Pimentel Gomes (2009), o teste Tukey considera duas médias, \bar{y}_u e \bar{y}_v , como significativamente diferentes se o valor absoluto de suas diferenças amostrais ultrapassar:

$$\Delta = q_{\alpha,t,\psi} \sqrt{\frac{1}{2} \hat{V} \hat{a}r(\bar{y}_u - \bar{y}_v)},$$

Em que:

$\hat{V} \hat{a}r(\cdot)$: função da variância estimada;

$q_{\alpha,t,\psi}$: valor da amplitude total estudentizada a um nível $\alpha\%$ de probabilidade num experimento com t tratamentos e grau de liberdade do resíduo igual a ψ .

A igualdade de média de dois tratamentos é rejeitada se $|\bar{y}_u - y_v| > \Delta$, em que \bar{y}_u e y_v representam as médias das observações que receberam, respectivamente o u -ésimo e o v -ésimo tratamento.

O software R foi utilizado nas análises com o uso dos pacotes geoR (RIBEIRO; DIGGLE, 2001) e spdep (BIVAND et al., 2018) (R CORE TEAM DEVELOPMENT, 2016). No APÊNDICE D está apresentada a rotina para os cálculos estatísticos pelo software R.

3 RESULTADOS E DISCUSSÃO

3.1 Estimação do coeficiente de autocorrelação

Após a obtenção da matriz W foi possível calcular o valor do coeficiente de autocorrelação ρ para todos os experimentos. As estimativas do parâmetro ρ e o raio utilizado para cada experimento encontram-se na Tabela 2.

Dos 14 experimentos, 13 apresentaram valores para o parâmetro ρ menor que zero. Desses, os experimentos 2, 3, 4 e 6 apresentaram autocorrelação espacial negativa e significativa ao nível de 10% de probabilidade ($p \leq 0,1$), qualificando a presença da dependência espacial. Logo, parcelas com maior produtividade apresentaram tendência de se localizar próximo a parcelas com baixa produtividade.

Tabela 2. Estimativa do parâmetro ρ (h), teste de razão de verossimilhança (LRT) e o raio adotado para cada um dos 14 experimentos de milho em condição de adubação nitrogenada (ideal) e condição de estresse (baixo).

Local	Condição	Exp.	Parâmetro ρ	LRT	p-valor	Raio adotado	AIC ⁽¹⁾
Ddos	Ideal	1	-0,50	2,09	0,15	7	1616,95
Ddos	Baixo	2	-1,25	6,29	0,01	7	1545,12
G. Ddos	Ideal	3	-0,78	3,15	0,08	9	1655,00
G. Ddos	Baixo	4	-0,96	5,48	0,02	7	1638,70
L.Cpã	Ideal	5	-0,49	1,97	0,16	7	1557,95
L.Cpã	Baixo	6	-0,45	3,66	0,06	5	1602,18
Caarapó	Ideal	7	-0,21	0,38	0,54	15	4047,83
Caarapó	Baixo	8	-0,07	0,08	0,77	11	3992,87
Ddos	Ideal	9	-0,25	1,16	0,28	9	4117,27
Ddos	Baixo	10	-0,21	0,25	0,62	19	4073,99
Caarapó	Ideal	11	0,37	55,21	0,00	3	11567,93
Caarapó	Baixo	12	-0,04	0,04	0,85	53	11434,84
Ddos	Ideal	13	-0,23	0,38	0,54	37	11371,16
Ddos	Baixo	14	-0,11	0,04	0,84	159	11430,78

⁽¹⁾AIC: Akaike Information Criterion. Exp: experimento. Ddos: Dourados. G. Ddos: Glória de Dourados. L. Cpã: Laguna Caarapã.

O experimento 11 indicou valor do parâmetro ρ significativo ($p \leq 0,1$) e maior que zero (autocorrelação espacial positiva), podendo sugerir que parcelas com maiores valores para produtividade tiveram tendência em se aglomerar neste experimento. Quanto mais distante de zero estiver o valor do parâmetro ρ , maior a variabilidade espacial detectada pelo padrão de proximidade (ROSSONI, 2011). A escolha para um valor-p de 10% baseou-se na possibilidade de flexibilizar a interpretação da análise, já que se tratam de experimentos agrícolas sob abordagem espacial.

Uma forte correlação espacial significativa ($p < 0,1$) foi observada para o experimento 11, inferindo a presença de parcelas autocorrelacionadas. Em que 0,37 da predição do modelo está relacionada com os efeitos espaciais, sugerindo a existência de dependência espacial positiva dentro do conjunto de dados avaliados.

A constatação de parcelas autocorrelacionadas ou dependentes considera que o erro experimental é ainda mais semelhante, quanto mais próximas as parcelas estiverem entre si (COSTA; BUENO FILHO; RAMALHO, 2005). Ao considerar que o erro entre as parcelas é dependente, e não independente como considera a estatística clássica (DUARTE; VENCOVSKY, 2005), ao melhorista é possível fazer o uso da análise estatística espacial e realizar uma seleção de genótipos mais acurada.

A comparar os valores de acurácia obtido pelos experimentos (Quadro 2) com o coeficiente de autocorrelação espacial (Tabela 2), observa-se que no experimento 11, que teve acurácia moderada ($\hat{r}_{gg} = 0,65$), a análise espacial teve maior eficiência quando os erros apresentaram dependência espacial. Campos et al. (2016) avaliaram a eficiência da análise espacial pela geoestatística na classificação de famílias de feijoeiro e concluíram que em experimentos com precisão experimental moderada, a análise espacial apresenta maior eficiência da classificação de famílias de feijoeiro.

A literatura consta outros autores que fizeram o uso da análise estatística espacial envolvendo modelos autorregressivos separáveis de primeira ordem em duas dimensões (RESENDE; STURION, 2003; MAIA et al., 2013), modelos geoestatísticos (CAMPOS et al., 2016; SILVA et al., 2016), métodos Papadakis e médias móveis (CANDIDO et al., 2009). No entanto, nenhum desses autores utilizaram a análise de variância de modelo autoregressivo (ANOVA-AR). Este procedimento estatístico

apresenta-se como uma ferramenta de fácil aplicação e muito informativa. No entanto, tem sido pouco explorado nas pesquisas agrícolas com grandes culturas.

O controle local e a casualização nem sempre se apresentam como procedimentos experimentais suficientes para evitar a dependência espacial. Para isso, a análise estatística espacial, quando associada na análise de variância, pode promover o aumento da eficiência desses fatores, bem como também da precisão experimental (COSTA; BUENO FILHO; RAMALHO, 2005).

Os valores de raio adotado variaram de 3 a 159, sendo estabelecido conforme os requisitos para análise de variância por modelos autorregressivos, que consideram o maior valor de ρ e menor valor de AIC. Vale ressaltar, o que valor do raio não deve ultrapassar o tamanho do experimento (APÊNDICE A, APÊNDICE B e APÊNDICE C).

3.2 Estimação de parâmetros de precisão experimental

Ao analisar individualmente o coeficiente do parâmetro autoregressivo espacial (ρ) constata-se que a maior parte dos experimentos não teve dependência espacial (Tabela 2). No entanto, a conclusão de que pode haver ou não uma autocorrelação entre as parcelas deve ser tomada em função de um agregado de outras informações estatísticas. Diante disso, optou-se por analisar o quadrado médio do erro (QME) a fim de verificar se a adoção da análise de variância de modelo autoregressivo (ANOVA-AR) foi suficiente para promover menor erro quadrático médio que a análise de variância tradicional.

De acordo com Steel e Torrie (1980), a precisão de um experimento está muito relacionada com a amplitude do erro experimental. Assim, por menor que seja o erro em uma unidade experimental, este irá refletir no valor do quadrado médio do erro (QME) da análise de variância do experimento.

Para o experimento 1, comparando a ANOVA tradicional com a ANOVA-AR observou-se uma redução de 6,64% do erro experimental, que é composto por variações não controladas no experimento, expresso pela redução do quadrado médio do erro (QME) (Tabela 3). O quadrado médio da repetição também expressou melhora de 38,02% na ANOVA-AR. A redução dessa variabilidade pode ter sido ocasionada devido a inflação do quadrado médio de blocos dentro de repetições que foi de 11,75%. Esta situação deve ser considerada já que o efeito que era atribuído, em sua maior parte, as repetições, na

realidade foi atribuído ao efeito dos blocos dentro de repetições, minimizando o efeito do erro em porções menores de blocos. A não exclusão da variação advinda dos blocos concorda com o proposto por Resende e Sturion (2003), em que utilizando análise espacial com estrutura auto-regressiva em erva-mate, verificaram que o modelo autorregressivo não removeu a variação entre os blocos. E que esse resultado exprime que o delineamento utilizado foi essencial para controle da variação do efeito de bloco.

Tabela 3. Análise de variância tradicional e análise de variância com modelos autorregressivos (ANOVA-AR), com os coeficientes de determinação (R^2) e acurácia ($\hat{r}_{\hat{g}g}$) para os experimentos de 1 a 6, em condição de adubação nitrogenada (ideal) e condição de estresse (baixo).

ANOVA TRADICIONAL (Exp. 1)					ANOVA-AR (Exp. 1)				
FV	QM	F	R^2	$\hat{r}_{\hat{g}g}$	FV	QM	F	R^2	$\hat{r}_{\hat{g}g}$
Rep	216712	0,31	0,78	0,77	Rep	134324	0,21	0,80	0,79
G	1718319	2,49**			G	1733064	2,69**		
R(b)	517849	0,75			R(b)	586806	0,91		
Erro	691086				Erro	645212			
ANOVA TRADICIONAL (Exp. 2)					ANOVA-AR (Exp. 2)				
FV	QM	F	R^2	$\hat{r}_{\hat{g}g}$	FV	QM	F	R^2	$\hat{r}_{\hat{g}g}$
Rep	1050229	2,83	0,83	0,83	Rep	5230776	16,87*	0,85	0,84
G	1194629	3,22**			G	1078434	3,48**		
R(b)	444319	1,20			R(b)	386945	1,25		
Erro	371240				Erro	310020			
ANOVA TRADICIONAL (Exp. 3)					ANOVA-AR (Exp. 3)				
FV	QM	F	R^2	$\hat{r}_{\hat{g}g}$	FV	QM	F	R^2	$\hat{r}_{\hat{g}g}$
Rep	2599640	2,52	0,64	0,31	Rep	6368422	6,69*	0,66	0,35
G	1142018	1,11			G	1087636	1,14		
R(b)	656347	0,64			R(b)	685274	0,72		
Erro	1031464				Erro	951370			
ANOVA TRADICIONAL (Exp. 4)					ANOVA-AR (Exp. 4)				
FV	QM	F	R^2	$\hat{r}_{\hat{g}g}$	FV	QM	F	R^2	$\hat{r}_{\hat{g}g}$
Rep	1591374	1,73	0,66	0,43	Rep	3870803	4,80*	0,68	0,46
G	1125771	1,23			G	1021103	1,27		
R(b)	663004	0,72			R(b)	648658	0,81		
Erro	918791				Erro	805594			
ANOVA TRADICIONAL (Exp. 5)					ANOVA-AR (Exp. 5)				
FV	QM	F	R^2	$\hat{r}_{\hat{g}g}$	FV	QM	F	R^2	$\hat{r}_{\hat{g}g}$
Rep	344245	0,91	0,76	0,73	Rep	441667	1,25	0,77	0,75
G	804229	2,11*			G	798551	2,26**		
R(b)	361079	0,95			R(b)	386900	1,09		
Erro	379983				Erro	353401			...continua...

Tabela 3. Cont.

ANOVA TRADICIONAL (Exp. 6)					ANOVA-AR (Exp. 6)				
FV	QM	F	R ²	\hat{r}_{gg}	FV	QM	F	R ²	\hat{r}_{gg}
Rep	1864695	2,96	0,65	0	Rep	4078257	7,35*	0,68	0
G	579563	0,92			G	546758	0,99		
R(b)	1014879	1,61			R(b)	1054670	1,90		
Erro	630696				Erro	554927			

FV: fonte de variação. QM: quadrado médio. Rep: repetição. G: genótipo. R(b): blocos dentro de repetições.

Espera-se que a ANOVA-AR seja mais eficiente na detecção de diferenças entre as médias dos tratamentos, proporcionando um valor F maior que o gerado pela ANOVA tradicional. Assim, analisando o experimento 1 foi verificado que o valor F da ANOVA-AR foi pouco maior que o da ANOVA tradicional, aumentando o poder do teste F.

De acordo com Banzatto e Kronka (2013), o teste F da análise de variância só tem valia quando os erros são considerados homogêneos, independentes e normalmente distribuídos. Supondo a existência de erros correlacionados, a ANOVA tradicional estaria violando o pressuposto da independência entre os erros e apresentando valor F nulo.

Quanto ao coeficiente de determinação (R²), que indica o quanto o modelo linear foi capaz de ajustar os dados, a ANOVA-AR foi pouco superior (2,5%) ao da ANOVA tradicional e o valor de acurácia também demonstrou uma ligeira melhora.

Para o experimento 2 (Tabela 3), a redução do QME da ANOVA-AR foi de 16,49%, favorecendo a diminuição do erro experimental. Pela ANOVA-AR, variabilidade do quadrado médio de blocos dentro de repetições foi reduzida (12,91%) e também o quadrado médio da repetição teve grande inflação de seu valor (20,08%). O quadrado médio do genótipo (QMG) também teve sua variabilidade diminuída pela ANOVA-AR (9,73%). Esse fato deve ser ressaltado, pois ao considerar a ANOVA-AR, a variabilidade genética das progênies foi levemente reduzida. Para programas de melhoramento de plantas, essa é uma situação a ser levada em consideração, pois a variabilidade genética das progênies, mesmo não comprometendo o teste F, não foi tão elevada quanto indica o QMG da ANOVA tradicional.

Essa informação não é só importante para bancos de germoplasma, mas também para os melhoristas. Em um programa de melhoramento genético, é muito importante que a variabilidade genética dos genótipos de milho seja conhecida. Se, na

condução de experimentos, a variabilidade genética (QMG) estiver inflacionada (por algum outro fator que não seja o fator genético), muitos genótipos poderão selecionados de maneira equivocada.

Nos experimentos 3, 4 e 6 (Tabela 3) observou-se que, mesmo a ANOVA-AR não tendo favorecido a existência de significância entre os genótipos dos experimentos citados, o QME da ANOVA-AR foi pouco menor para o experimento 3 (7,76%), para o experimento 4 (12,32%) e para o experimento 6 (12,01%). O QMG da ANOVA-AR também foi reduzido para os experimentos 3, 4 e 6 em 4,76%, 9,29% e 5,66%, respectivamente.

Scolforo et al. (2016) avaliaram o efeito da abordagem autoregressiva espacial em cultivo perene com a espécie arbórea candeia (*Eremanthus erythropappus*). Pela análise de variância tradicional não foram detectadas diferenças estatísticas entre os diferentes tratamentos de adubação utilizados. No entanto, ao considerar a abordagem da ANOVA-AR verificou-se que os tratamentos foram estatisticamente significativos. Na ANOVA tradicional, o valor de F para tratamentos que era de 1,84 aumentou para 2,07 na ANOVA-AR, fornecendo maior qualidade nas estimativas do teste F.

No experimento 5 (Tabela 3), na ANOVA-AR o QME expressou uma redução de 6,99% no erro experimental. O coeficiente de determinação da ANOVA-AR foi superior (0,77) ao da ANOVA tradicional (0,76) e quanto ao QMG, a significância para genótipos foi de 5% para 1%. O aumento do poder de significância do teste (5% para 1%), neste caso, pode aumentar a probabilidade de ocorrência do erro tipo II (que seria aceitar que os genótipos são semelhantes, quando na verdade são diferentes) (MCINTOSH, 2015). Essa situação ocorreu apenas no experimento 5 e deve ser avaliada com cautela, já que pode levar o pesquisador a fazer inferências incorretas.

A constatação de autocorrelação espacial pode influenciar negativamente a comparação de genótipos (DUARTE, 2005). Segundo Es e Es (1993) e Legendre et al. (2002), em experimentos sob autocorrelação, os testes estatísticos relacionados aos contrastes entre tratamentos cujas parcelas estiveram separadas por pequenas distâncias têm maior probabilidade de ocorrência de erro do tipo II; já parcelas que estiverem separadas por grandes distâncias têm maior probabilidade de ocorrência de erro do tipo I.

Desse modo, o conhecimento da existência de autocorrelação espacial deve ser levado em consideração, pois influencia diretamente na seleção de genótipos promissores.

Nos experimentos 7, 8, 9 e 10 (Tabela 4), a redução do QME foi menor (0,95%, 0,53%, 2,61% e 0,39%, respectivamente). No entanto, ao utilizar a ANOVA-AR o valor de F para genótipos tornou-se pouco superior ao valor de F da ANOVA tradicional. O valor de F está estritamente relacionado à acurácia seletiva, que é um parâmetro estatístico utilizado em experimentos de avaliação de cultivares. Quanto maior o valor de F para genótipo, maior a acurácia seletiva do experimento (RESENDE; DUARTE, 2007).

Tabela 4. Análise de variância tradicional e análise de variância com modelos autorregressivos (ANOVA-AR), com os coeficientes de determinação (R^2) e acurácia ($\hat{r}_{\hat{g}g}$) para os experimentos de 7 a 10, em condição de adubação nitrogenada (ideal) e condição de estresse (baixo).

ANOVA TRADICIONAL (Exp. 7)					ANOVA-AR (Exp. 7)				
FV	QM	F	R^2	$\hat{r}_{\hat{g}g}$	FV	QM	F	R^2	$\hat{r}_{\hat{g}g}$
Rep	45538594	56,48**	0,82	0,78	Rep	64428616	80,68**	0,82	0,78
G	2087760	2,59**			G	2073818	2,60**		
R(b)	3010922	3,73**			R(b)	3062640	3,83**		
Erro	806295				Erro	798621			
ANOVA TRADICIONAL (Exp. 8)					ANOVA-AR (Exp. 8)				
FV	QM	F	R^2	$\hat{r}_{\hat{g}g}$	FV	QM	F	R^2	$\hat{r}_{\hat{g}g}$
Rep	8021795	12,54**	0,79	0,76	Rep	9005439	14,15**	0,79	0,76
G	1505982	2,35**			G	1508295	2,37**		
R(b)	2718174	4,25**			R(b)	2738969	4,30**		
Erro	639703				Erro	636376			
ANOVA TRADICIONAL (Exp. 9)					ANOVA-AR (Exp. 9)				
FV	QM	F	R^2	$\hat{r}_{\hat{g}g}$	FV	QM	F	R^2	$\hat{r}_{\hat{g}g}$
Rep	8168374	7,48**	0,76	0,70	Rep	12648744	11,89**	0,76	0,70
G	2138145	1,96**			G	2115299	1,98**		
R(b)	3718101	3,40**			R(b)	3888137	3,65**		
Erro	1092528				Erro	1064023			
ANOVA TRADICIONAL (Exp. 10)					ANOVA-AR (Exp. 10)				
FV	QM	F	R^2	$\hat{r}_{\hat{g}g}$	FV	QM	F	R^2	$\hat{r}_{\hat{g}g}$
Rep	12535574	14,03**	0,72	0,60	Rep	18691927	21,00**	0,73	0,60
G	1394921	1,56*			G	1386270	1,56*		
R(b)	2603535	2,91**			R(b)	2685574	3,02**		
Erro	893314				Erro	889819			

FV: fonte de variação. QM: quadrado médio. Rep: repetição. G: R(b): blocos dentro de repetições. G: genótipo.

Quanto ao coeficiente de determinação e os valores de acurácia para os experimentos 7, 8 e 9, não houve variação entre a ANOVA tradicional e a ANOVA-AR. No experimento 10, ocorreu uma melhora sutil da ANOVA-AR ($R^2=0,72$) frente à ANOVA tradicional ($R^2=0,73$), sem ter alterado a acurácia.

O QME da ANOVA-AR para o experimento 11 (Tabela 5) reduziu o erro experimental em 11,99%. Já nos demais experimentos a redução foi pequena ou inexistente: 0,05% para o experimento 12; 0,38% para o experimento 13 e 0% para o experimento 14. Quanto ao QMG, a redução da variabilidade genética foi de 9,02% para o experimento 11; 0,13% para o experimento 12 e 0,23% para o experimento 14. Para o coeficiente de determinação, não houve diferença entre o tipo de análise para os experimentos 11,13 e 14 (Tabela 5). Apenas o experimento 12 que forneceu relativa melhora da ANOVA-AR ($R^2=0,63$) em relação a ANOVA tradicional ($R^2=0,62$), sem alterar os valores de acurácia entre as duas análises.

Tabela 5. Análise de variância tradicional e análise de variância com modelos autorregressivos (ANOVA-AR), com os parâmetros coeficiente de determinação (R^2) e acurácia ($\hat{r}_{\hat{g}g}$), para os experimentos de 11 a 14, em condição de adubação nitrogenada (ideal) e condição de estresse (baixo).

ANOVA TRADICIONAL (Exp. 11)					ANOVA-AR (Exp. 11)				
FV	QM	F	R^2	$\hat{r}_{\hat{g}g}$	FV	QM	F	R^2	$\hat{r}_{\hat{g}g}$
Rep	9584311	6,95**	0,52	0,65	Rep	3019663	2,49	0,52	0,66
G	2359352	1,71**			G	2146574	1,77**		
R(b)	1538158	1,12			R(b)	942869	0,78		
Erro	1377644				Erro	1212450			
ANOVA TRADICIONAL (Exp. 12)					ANOVA-AR (Exp. 12)				
FV	QM	F	R^2	rgg	FV	QM	F	R^2	rgg
Rep	63210039	63,47**	0,62	0,72	Rep	67154948	67,46**	0,63	0,72
G	2067028	2,07**			G	2064431	2,07**		
R(b)	1842967	1,85**			R(b)	1830482	1,84**		
Erro	995959				Erro	995479			
ANOVA TRADICIONAL (Exp. 13)					ANOVA-AR (Exp. 13)				
FV	QM	F	R^2	$\hat{r}_{\hat{g}g}$	FV	QM	F	R^2	$\hat{r}_{\hat{g}g}$
Rep	753043	0,83	0,56	0,71	Rep	1350675	1,49	0,56	0,71
G	1826001	2,00**			G	1826554	2,02**		
R(b)	1253417	1,38			R(b)	1275792	1,41		
Erro	909343				Erro	905870			

...continua...

Tabela 5. Cont.

ANOVA TRADICIONAL (Exp. 14)					ANOVA-AR (Exp. 14)				
FV	QM	F	R ²	$\hat{r}_{\hat{g}g}$	FV	QM	F	R ²	$\hat{r}_{\hat{g}g}$
Rep	43543287	44,00**	0,60	0,70	Rep	47208293	47,71**	0,60	0,70
G	1966316	1,98**			G	1961632	1,98**		
R(b)	1613745	1,63**			R(b)	1623675	1,64**		
Erro	989601				Erro	989510			

FV: fonte de variação. QM: quadrado médio. Rep: repetição. R(b): blocos dentro de repetições. G: genótipo.

De maneira geral, nem sempre foi verificada redução na variabilidade dos fatores de interesse (quadrado médio da repetição, quadrado médio de blocos dentro de repetições e quadrado médio de genótipo). Nos 14 experimentos analisados houve redução no erro experimental por meio do QME. No entanto, em sete experimentos a alteração no quadrado médio do erro e no quadrado médio de genótipo foi mais evidente (experimentos 1, 2, 3, 4, 5, 6 e 11) e nos demais experimentos adoção da ANOVA-AR frente à ANOVA tradicional não promoveu grandes mudanças (experimentos 7, 8, 9, 10, 12, 13 e 14).

Rossoni (2011) com a ANOVA-AR em experimentos simulados com dependência espacial verificou redução da variabilidade para o QME, quadrado médio do bloco (QMB) e quadrado médio do tratamento (QMT) e concluiu que a análise estatística espacial diminuiu a variabilidade geral dos experimentos.

Em todos os experimentos com condições de baixo N (2, 4, 6, 8, 10, 12 e 14) ocorreu um incremento do quadrado médio da repetição da ANOVA-AR em relação a ANOVA tradicional. Assim, a ANOVA-AR permitiu detectar aumento na variabilidade espacial interna da repetição. Esse aumento pode ser explicado no sentido de que, quando não ocorreu aplicação de nitrogênio ao solo (ou se a quantidade aplicada foi muito inferior a necessidade requerida), a ANOVA tradicional não foi capaz de detectar variabilidade no quadrado médio da repetição. Já na ANOVA-AR isso foi mais evidente, pois aumentou o valor do quadrado médio da repetição.

A significância do quadrado médio da repetição da ANOVA tradicional para a ANOVA-AR foi verificada nos experimentos 2, 3, 4 e 6. Nesses experimentos utilizou-se um delineamento de látice simples 7x7. Assim, a significância para esse fator comprovou a necessidade da adoção do delineamento em látice para detectar a variabilidade espacial das repetições.

Na maioria dos experimentos avaliados, a ANOVA-AR aumentou o valor de F e conferiu maior qualidade experimental para seleção de genótipos, com exceção dos experimentos 10, 12 e 14. O valor de F é um parâmetro muito adequado para avaliar a qualidade de experimentos de avaliação de cultivares, pois reúne, simultaneamente, o valor do coeficiente de variação experimental, o número de repetições e o coeficiente de variação genotípica em uma única expressão ($F = 1 + bCVg^2/CVe^2$) (RESENDE; DUARTE, 2007).

3.3 Efeitos da ANOVA-AR no ordenamento de genótipos

Com o objetivo de analisar o efeito do uso de modelos autorregressivos na análise de variância, verificou-se seu efeito no ordenamento da seleção de 25% dos genótipos de cada experimento.

Para os experimentos 1, 2, 3, 4, 5 e 6, sob uma intensidade de seleção de 25% (13 em 49 genótipos) dos genótipos mais produtivos, cerca de 31%, 46%, 46%, 69%, 54% e 54%, respectivamente, dos genótipos foram afetados pela diferença no ordenamento quando em comparação da ANOVA tradicional em relação a ANOVA-AR (APÊNDICE E, APÊNDICE F e APÊNDICE G). Como destaque para o experimento 6, o genótipo 26 seria descartado da seleção se fosse considerada apenas a ANOVA tradicional. Duarte e Vencovsky (2005) ao analisarem genótipos de soja sob abordagem espacial também verificaram que o efeito espacial favoreceu a seleção de genótipos que não seriam selecionados pelo método tradicional.

Vale ressaltar, que apenas uma diferença no ordenamento entre as duas análises não é capaz de assegurar uma vantagem de uma análise sobre a outra. No entanto, no caso do experimento 6, além do ordenamento diferenciado houve o descarte de um genótipo, sob seleção pela ANOVA tradicional. A ANOVA-AR pode favorecer a seleção de genótipos que poderiam ser excluídos na ANOVA tradicional.

Para os experimentos 7, 8, 9 e 10, sob uma intensidade de seleção de 25% (36 em 144 genótipos) dos genótipos mais produtivos, cerca de 39%, 47%, 69% e 39% dos genótipos, respectivamente, tiveram seu ordenamento alterado quando considerada a ANOVA-AR (APÊNDICE H, APÊNDICE I, APÊNDICE J e APÊNDICE K). Desses, vale ressaltar que no experimento 8, o genótipo 38 seria eliminado da seleção dos melhores

genótipos e no experimento 9, o genótipo 116. Heinz et al. (2012) avaliaram 144 linhagens parcialmente endogâmicas para a obtenção de híbridos eficientes no uso de nitrogênio e o genótipo 38 foi selecionado entre as três melhores linhagens com potencial para serem utilizadas em programas de melhoramento genético.

Para os experimentos 11, 12, 13 e 14, sob uma intensidade de seleção de 25% (56 em 225 genótipos) dos genótipos mais produtivos, cerca de 96%, 29%, 57% e 25% dos genótipos, respectivamente, tiveram seu ordenamento alterado entre as análises (APÊNDICE L, APÊNDICE M, APÊNDICE N e APÊNDICE O). No experimento 11 os genótipos 22, 172 e 173 seriam descartados pela ANOVA tradicional.

Entre os 14 experimentos, destaca-se o experimento 11, pois apresentou valor do coeficiente de autocorrelação ρ alto e significativo ($\rho=0,37$ e $p\text{-value}=\leq 0,01$) (Tabela 2). Neste experimento a autocorrelação espacial foi detectada de maneira mais evidente, com maior redução do QME e do QMG pela ANOVA-AR, e aquele em que ocorreu descarte de um número maior de genótipos ao comparar com a abordagem clássica. De acordo com Candido et al. (2009), a adoção de um método que considere a relação espacial entre genótipos e produtividade, deve ser previamente avaliado, já que essa estratégia pode resultar no sucesso ou insucesso de um programa de melhoramento genético.

Pelo teste de correlação de Spearman (r), realizado com o objetivo de correlacionar os resultados dos ordenamentos dos genótipos pela ANOVA tradicional e pela ANOVA-AR, os experimentos 3, 4 e 11 foram os únicos a apresentar baixa correlação (Tabela 6).

Tabela 6. Correlação de Spearman entre o ordenamento gerado pela ANOVA tradicional e pela ANOVA-AR para dados de 14 experimentos de milho em condição de adubação nitrogenada (ideal) e condição de estresse (baixo).

Experimento	Correlação	Experimento	Correlação
1	0,34*	8	0,57**
2	0,45**	9	0,20*
3	0,23 ^{ns}	10	0,30**
4	0,24 ^{ns}	11	0,12 ^{ns}
5	0,38**	12	0,61**
6	0,31*	13	0,35**
7	0,55**	14	0,59**

Assim, nestes três experimentos não houve concordância no ordenamento entre os dois tipos de análises com intensidade de seleção de 25% dos genótipos. Nos demais, a correlação foi mediana e indicou a presença de certa alteração no ordenamento. Candido et al. (2009) utilizaram a análise de vizinhança para a avaliação de genótipos de açúcar e verificaram que pelo método de Papadakis e médias móveis 1 não houve alteração no ordenamento dos genótipos. Já quando estes utilizaram o método médias móveis 2, a alteração foi mais evidente, reduzindo a variância ambiental e também a variância genotípica. Os autores concluíram que devido a redução da variância genotípica o método de médias móveis 2 pode induzir a conclusões equivocadas na seleção de genótipos pelo potencial produtivo.

Foi proposto ainda um teste de correlação entre o valor de correlação encontrado entre a ANOVA tradicional e a ANOVA-AR com a acurácia, a fim de confirmar se a acurácia é realmente capaz de trazer informações a respeito do correto ordenamento dos genótipos para fins de seleção, conforme dito por Resende (2002). O valor encontrado ($r=0,63^*$) indicou que quanto maior a acurácia, maior semelhança há entre o ordenamento dos genótipos pelas análises estudadas.

A ANOVA-AR foi proposta para experimentos agrícolas com milho com o objetivo de promover a redução da variabilidade do erro. No entanto, a sua eficiência não pode ser generalizada e seu uso não substitui a importância da análise de variância tradicional aplicada a cultivos agrícolas. Como recomendação, sugere-se que o pesquisador utilize essa ferramenta a fim de constatar a dependência espacial. Não havendo, que faça o uso da análise estatística tradicional.

4 CONCLUSÕES

A análise de variância por modelo autorregressivo forneceu valores de parâmetros de precisão experimental semelhante aos expressos pela análise de variância tradicional.

Não houve diferença em relação aos erros correlacionados em experimentos com e sem a adubação nitrogenada.

5 REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

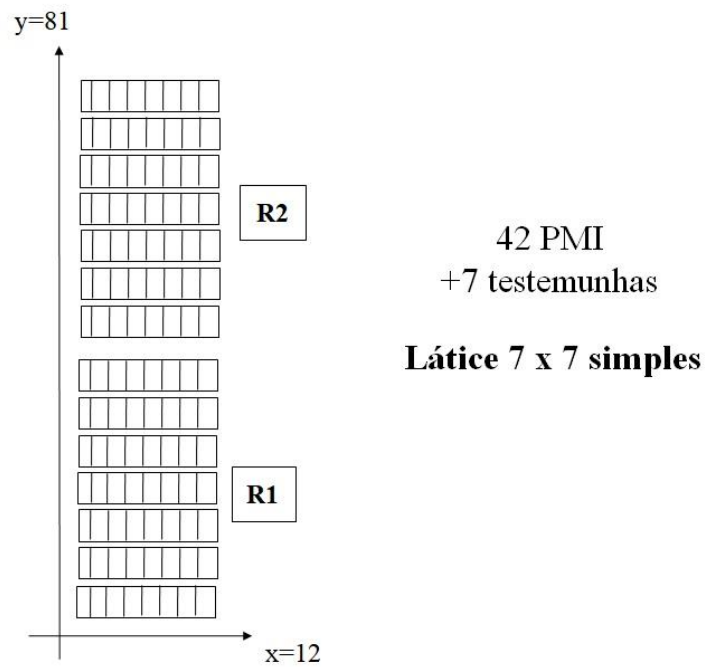
- ALMEIDA, E. S. **Curso de econometria espacial aplicada**. Piracicaba: Esalq-USP. 127 p. 2004.
- BANZATTO, D. A.; KRONKA, S. N. **Experimentação Agrícola**. 4 ed. Jaboticabal: Funep, 2013. 237 p.
- BIVAND, R.; ALTMAN, M.; ANSELIN, L.; ASSUNÇÃO, R.; BERKE, O.; BERNAT, A.; BLANCHET, G.; BLANKMEYER, E.; CARVALHO, M.; CHRISTENSEN, B.; CHUN, Y.; DORMANN, C.; DRAY, S.; GÓMEZ-RUBIO, V.; GUBRI, M.; HALBERSMAN, R.; KRAINSKI, E.; LEGENDRE, P.; LEWIN-KOH, N.; LI, H.; MA, J.; MALLIK, A. MILLO, G.; MULLER, W.; ONO, H.; PERES-NETO, P.; PIRAR, G.; REDER, M.; TIEFELSDORF, M.; WESTERHOLT, R.; YU, D. **Package ‘spdep’**. 2018. Disponível em: <<https://cran.r-project.org/web/packages/spdep/spdep.pdf>>. Acesso em 06 abril 2018.
- CAMPOS, J. F.; CARNEIRO, A. P.; PETERNELLI, L. A.; CARNEIRO, J. E. S.; SILVA, M. J.; CECON, P. R. Classificação de famílias do feijoeiro sob diferentes cenários de dependência espacial e precisão experimental. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 51, n. 2, p. 105-111, 2016.
- CANDIDO, L. S.; PERECIN, D.; LANDELL, M. G.; PAVAN, B. E. Análise de vizinhança na avaliação de genótipos de cana-de-açúcar. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 44, n. 10, p. 1304-1311, 2009.
- COSTA, J. R.; BUENO FILHO, J. S. S.; RAMALHO, M. A. P. Análise espacial e de vizinhança no melhoramento genético de plantas, **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 40, p. 1073-1079, 2005.
- DUARTE, J. B. Especificação do modelo de análise estatística e suas implicações na seleção de genótipos em plantas, 11º Seagro/ 50ª Reunião da RBRAS. Londrina: RBRAS/IBS, 2005. Disponível em: <https://www.agro.ufg.br/up/68/o/Seagro_2005.pdf>. Acesso em: 19 abril 2018.
- DUARTE, J. B.; VENCOSKY, R. Spatial statistical analysis and selection of genotypes in plant breeding, **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 40, p. 107-114, 2005.
- ES, H. M. V.; ES, C. L. V. Spatial nature of randomization and its effect on the outcome of field experiments. **Agronomy Journal**, v. 85, p. 420 – 428, 1993.
- FISHER, R. A.; MACKENZIE, W. A. Studies in crop variation. II. The manurial response of different potato varieties. **Journal of Agricultural Science**, v.13, p.311-320, 1923.
- GRIFFITH, D. A. Estimating spatial autoregressive model parameters with commercial statistical package. **Geographical Analysis**, v. 20, n. 1, p. 176-186, 1988.
- GUMPERTZ, M. L.; GRAHAM, J. M.; RISTAINO, J. B. Autologistic model of spatial pattern of phytophthora epidemic in bell pepper: effects of soil variables on disease presence. **Journal of Agricultural, Biological and Environmental Statistics**, v. 2, n. 1, p. 131-156, 1997.

- HEINZ, R. MOTA, L. H. S.; GONÇALVES, M. C.; VIEGAS NETO, A. L.; CARLESSO, A. Seleção de progênies de meios-irmãos de milho para eficiência no uso de nitrogênio. **Revista Ciência Agronômica**, v. 43, n. 4, p. 731-739, 2012.
- LEGENDRE, P.; DALE, M. R. T.; FORTIN, M. J.; GUREVITCH, J.; HOHN, M.; MYERS, D. The consequences of spatial structure for the design and analysis of ecological field surveys. **Ecography**, n. 25, p. 601-615, 2002.
- NOGUEIRA, D. A.; PEREIRA, G. M. Desempenho de testes para homogeneidade de variâncias em delineamentos inteiramente casualizados. **Sigmae**, v. 2, n. 1, p. 7-22, 2013.
- R CORE TEAM DEVELOPMENT. **R**: A language and environment for statistical computing. R Foundation for Statistical Computing. Vienna, Austria. 2016. Disponível em: <<https://www.R-project.org/>>.
- MAIA, E.; SIQUEIRA, D. L.; CARVALHO, S. A.; PETERNELLI, L. A.; LATADO, R. R. Aplicação da análise espacial na avaliação de experimentos de seleção de clones de laranja Pêra. **Ciência Rural**, v. 43, n. 1, 2013.
- MAJEROWICZ, N.; PEREIRA, J. M. S.; MEDICI, L. O.; BISON, O.; PEREIRA, M. B.; SANTOS JÚNIOR, U. M. Estudo da eficiência de uso do nitrogênio em variedades locais e melhoradas de milho. **Revista Brasileira de Botânica**, v. 25, n. 2, p. 129-136, 2002.
- MCINTOSH, M. S. Can analysis of variance be more significant? **Agronomy journal**, v. 107, n. 2, 2015.
- PIMENTEL GOMES, F. **Curso de estatística experimental**. 15.ed. Piracicaba: FEALQ, 2009, 451p.
- RIBEIRO, J.; DIGGLE, P.J. **geoR**: A package for geostatistical analysis, R-NEWS, v..1, n. 2, p. 15-18, ISSN 1609-3631, 2001.
- RESENDE, M. D. V. **Genética Biométrica e Estatística no Melhoramento de Plantas Perenes**, Brasília: Embrapa Informações Tecnológicas, 2002, 975p.
- RESENDE, M. D. V.; DUARTE, J. B. Precisão e controle de qualidade em experimentos de avaliação de cultivares. **Pesquisa Agropecuária Tropical**, v. 37, n. 3, p. 182-194, 2007.
- RESENDE, M. D. V.; STURION. Análise estatística espacial de experimentos via modelos mistos individuais com erros modelados por processos arima em duas dimensões. **Revista de Matemática e Estatística**, v. 21, n.1, p. 7-33, 2003.
- ROSSONI, D. F. 2011. **Análise de variância para experimentos com dependência espacial**. Dissertação (Mestrado em Estatística e Experimentação Agropecuária). 108 f. 2011. Universidade Federal de Lavras.
- SCOLFORO, H. F.; SCOLFORO, J. R. S.; MELLO, J. M.; FERRAZ FILHO, A. C.; ROSSONI, D. F.; ALTOÉ, T. F.; OLIVEIRA, A. D.; LIMA, R. R. Autoregressive spatial analysis and individual tree modeling as strategies for the management of *Eremanthus erythropappus*. **Journal of Forest Research**, v. 27, n. 3, p. 595-603, 2016.
- SILVA, M. J.; CARNEIRO, A. P. S.; FERES, A. L. G.; CARNEIRO, J. E. S.; SANTOS, N. T.; CECON, P. R. Spatial dependence in experiments of progeny selection for bean (*Phaseolus vulgaris* L.) yield. **Revista Ceres**, v. 63, n. 4, p. 477-485, 2016.

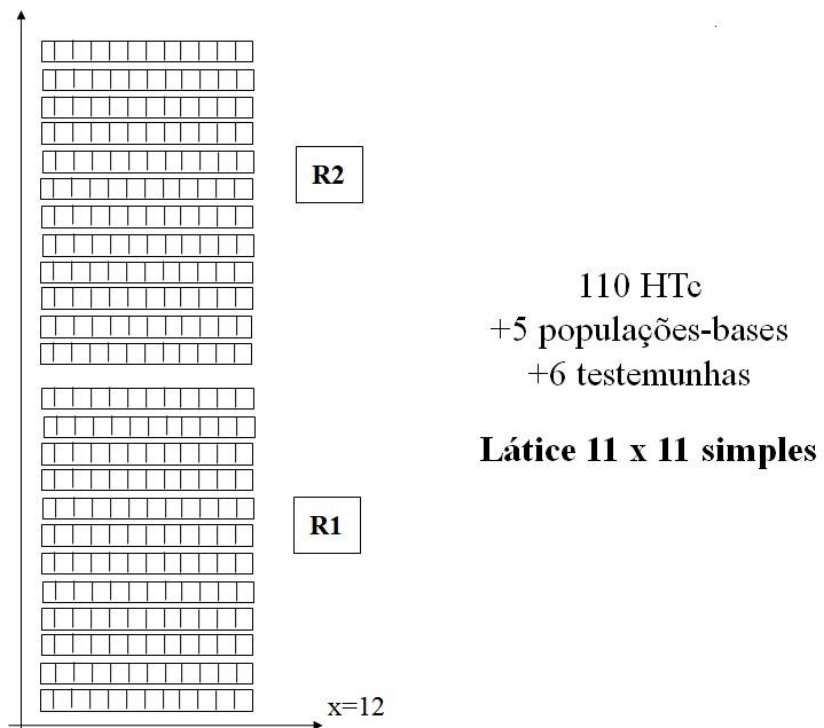
STEEL, R. G. D.; TORRIE, J. H. **Principles and Procedures of Statistics**. 2nd ed. New York: McGraw-Hill. 1980, 672 p.

APÊNDICES

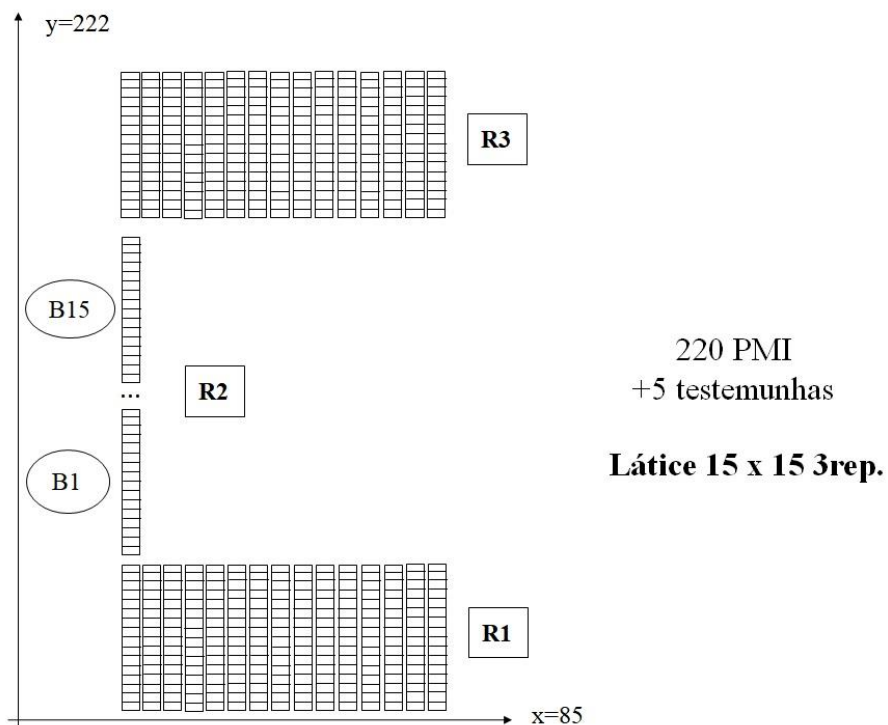
APÊNDICE A - Croqui dos experimentos de milho de 1 a 6. Dourados-MS, 2018.



APÊNDICE B - Croqui dos experimentos de milho de 7 a 10. Dourados-MS, 2018.



APÊNDICE C - Croqui dos experimentos de milho de 11 a 14. Dourados-MS, 2018.



APÊNDICE D- Script R para análise de variância por modelos autorregressivos. Rossoni (2011).

```
rm(list=ls(all=TRUE))
# install.packages("openxlsx")
library(openxlsx)
library(geoR)
library(spdep)
library(ExpDes)

dados<-read.xlsx("C:/ADSR/Tese1/cap2/Rossoni/tabulacaoSAR.xlsx",sheet = 1,
                startRow = 1,colNames = TRUE,cols = 1:6)

attach(dados)
names(dados)

dados.geo<-as.geodata(data.frame(dados$x,dados$y,dados$producao))
dup.coords(dados.geo)
points(dados.geo)

### Abordagem auto regressiva
```

```

nb_dados<-dnearneigh(dados.geo$coords,0,7) #Estou usando um raio de tamanho 7

w<-nb2mat(nb_dados, style="W",zero.policy=TRUE)

plot(nb_dados, dados.geo$coords)

listw<-nb2listw(nb_dados, glist=NULL, style="W",zero.policy=TRUE)

### Modelo SAR

attach(dados)
repeticao<- as.factor(repeticao)
bloco<- as.factor(bloco)
cultivar<- as.factor(cultivar)

SAR<-lagsarlm(producao ~ repeticao+bloco:repeticao+cultivar, dados, listw,
              method="eigen",quiet=TRUE,tol.solve=1e-15)

summary(SAR)
#Rho: 0.4714, LR test value: 17.64, p-value: 2.6687e-05
# Isso indica correlação espacial alta e positiva (0.47) e o valor p
# testando o rho foi significativo

ajuste<-summary(SAR)

rho<-ajuste["rho"]
rho<-rho[[1]][[1]]

### Ajustando os dados

beta<-mean(producao)

Y_ajus<-producao-(rho*w%*%producao-rho*beta)
d.ajus<-dados
d.ajus$resp<-Y_ajus

attach(d.ajus)
names(d.ajus)

regd <- lm(resp ~ repeticao+bloco:repeticao+cultivar)
anova(regd)
AIC (regd)
summary(regd)

```

```

tukey(resp,trt = cultivar,DFerror = 36,SSerror = 23227634)
### Comparando com os dados originais
reg <- lm(producao ~ repeticao+bloco:repeticao+cultivar)
anova(reg)
summary(reg)
tukey(producao,trt = cultivar,DFerror = 36,SSerror = 24879113)

```

APÊNDICE E- Ordenamento de genótipos de milho para os experimentos 1 e 2 sob intensidade de seleção de 25%.

ANOVA tradicional (Exp. 1)			ANOVA-AR (Ex. 1)		
Ordem	Genótipos	Médias	Ordem	Genótipos	Médias
1	48	7653,70 a	1	48	7686,82 a
2	47	7570,82 ab	2	47	7587,638 ab
3	49	7029,36 abc	3	49	7207,99 abc
4	33	5384,90 abcd	4	33	5298,20 abcd
5	31	5299,18 abcd	5	31	5228,40 abcd
6	32	5241,94 abcd	6	32	5201,73 abcd
7	23	5230,62 abcd	7	23	5155,63 abcd
8	10	5230,08 abcd	8	44	5155,19 abcd
9	9	5211,16 abcd	9	10	5124,42 abcd
10	30	5097,00 abcd	10	9	5122,90 abcd
11	44	5076,54 abcd	11	30	5060,77 abcd
12	43	4873,88 abcd	12	43	4969,68 abcd
13	16	4816,19 abcd	13	16	4823,66 abcd

ANOVA tradicional (Exp. 2)			ANOVA-AR (Exp. 2)		
Ordem	Genótipos	Médias	Ordem	Genótipos	Médias
1	49	691730 a	1	49	6837,88 a
2	48	5776,44 ab	2	48	5763,54 ab
3	33	5009,50 abc	3	33	4959,50 abc
4	31	4918,02 abcd	4	23	4856,59 abc
5	32	4893,31 abcd	5	32	4826,50 abc
6	23	4881,86 abcd	6	9	4786,77 abcd
7	10	4867,58 abcd	7	10	4764,30 abcd
8	9	4850,09 abcd	8	31	4762,87 abcd
9	30	4727,95 abcd	9	30	4668,29 abcd
10	43	4525,74 abcd	10	43	4503,34 abcd
11	16	4480,52 abcd	11	3	4492,66 abcd
12	3	4449,80 abcd	12	35	4401,83 abcd
13	38	4416,89 abcd	13	16	4382,25 abcd

*Médias seguidas de mesma letra não diferem estatisticamente entre si, maiúscula na coluna e minúscula na linha, pelo teste de Tukey a 5% de probabilidade.

APÊNDICE F- Ordenamento de genótipos de milho para os experimentos 3 e 4 sob intensidade de seleção de 25%.

ANOVA tradicional (Exp. 3)			ANOVA-AR (Exp. 3)		
Ordem	Genótipos	Médias	Ordem	Genótipos	Médias
1	48	5711,85 a	1	48	5651,14 a
2	39	5443,16 a	2	49	5430,66 a
3	49	5329,42 a	3	39	5397,69 a
4	16	5033,73 a	4	16	5178,88 a
5	47	5029,91 a	5	47	4980,02 a
6	13	4930,66 a	6	13	4913,86 a
7	7	4930,13 a	7	7	4874,64 a
8	14	4777,62 a	8	14	4795,66 a
9	32	4743,55 a	9	6	4689,60 a
10	26	4654,10 a	10	32	4615,14 a
11	6	4609,03 a	11	19	4611,02 a
12	19	4595,62 a	12	26	4466,96 a
13	9	4497,87 a	13	9	4431,10 a

ANOVA tradicional (Exp. 4)			ANOVA-AR (Ex. 4)		
Ordem	Genótipos	Médias	Ordem	Genótipos	Médias
1	48	5344,61 a	1	48	5175,98 a
2	39	5062,70 a	2	47	4974,29 a
3	47	4916,16 a	3	39	4967,00 a
4	45	4749,80 a	4	45	4758,55 a
5	16	4681,12 a	5	13	4684,37 a
6	13	4588,06 a	6	16	4677,90 a
7	7	4581,39 a	7	7	4529,21 a
8	46	4461,96 a	8	14	4464,63 a
9	14	4435,48 a	9	6	4450,62 a
10	32	4405,26 a	10	46	4445,55 a
11	26	4321,53 a	11	44	4318,11 a
12	6	4285,63 a	12	32	4301,65 a
13	49	4284,52 a	13	49	4285,16 a

*Médias seguidas de mesma letra não diferem estatisticamente entre si, maiúscula na coluna e minúscula na linha, pelo teste de Tukey a 5% de probabilidade.

APÊNDICE G- Ordenamento de genótipos de milho para os experimentos 5 e 6 sob intensidade de seleção de 25%.

ANOVA tradicional (Exp. 5)			ANOVA-AR (Exp. 5)		
Ordem	Genótipos	Médias	Ordem	Genótipos	Médias
1	49	6157,43 a	1	49	6251,12 a
2	48	6092,57 ab	2	48	6103,47 ab
3	44	5136,07 abc	3	44	5189,18 abc
4	32	4910,48 abc	4	39	4861,94 abc
5	16	4854,34 abc	5	16	4859,69 abc
6	39	4833,82 abc	6	32	4854,83 abc
7	9	4777,59 abc	7	45	4766,35 abc
8	23	4701,45 abc	8	9	4747,47 abc
9	45	4698,84 abc	9	47	4672,73 abc
10	13	4637 abc	10	13	4631,51 abc
11	7	4636,87 abc	11	23	4622,26 abc
12	47	4604,05 abc	12	7	4601,09 abc
13	31	4575,73 abc	13	31	4531,58 abc

ANOVA tradicional (Exp. 6)			ANOVA-AR (Exp. 6)		
Ordem	Genótipos	Médias	Ordem	Genótipos	Médias
1	49	5310,52 a	1	49	5150,82 a
2	47	4767,97 a	2	47	4772,87 a
3	45	4703,43 a	3	45	4737,79 a
4	44	4657,12a	4	44	4693,06 a
5	32	4500,65 a	5	32	4490,87 a
6	48	4498,01 a	6	48	4433,19 a
7	16	4409,3 a	7	46	4365,41 a
8	39	4386,25 a	8	9	4326,35 a
9	9	4360,5 a	9	13	4310,66 a
10	46	4327,43 a	10	39	4273,95 a
11	23	4303,12 a	11	10	4267,02 a
12	7	4218,1 a	12	16	4249,89 a
13	13	4205,15 a	13	26	4219,83 a

*Médias seguidas de mesma letra não diferem estatisticamente entre si, maiúscula na coluna e minúscula na linha, pelo teste de Tukey a 5% de probabilidade.

APÊNDICE H- Ordenamento de genótipos de milho para o experimento 7 sob intensidade de seleção de 25%.

ANOVA tradicional (Exp. 7)			ANOVA-AR (Exp. 7)		
Ordem	Genótipos	Médias	Ordem	Genótipos	Médias
1	120	9235,55 a	1	120	9196,29 a
2	119	7950,36 ab	2	119	7887,94 ab
3	98	6845,34 abc	3	98	6856,89 abc
4	94	6550,85 abcd	4	94	6518,09 abcd
5	121	6442,88 abcd	5	121	6434,75 abcd
6	11	6359,13 abcd	6	11	6380,04 abcd
7	39	6327,89 abcd	7	39	6340,30 abcd
8	110	6272,91 abcd	8	110	6263,59 abcd
9	64	6255,99 abcd	9	64	6260,55 abcd
10	10	6189,35 abcd	10	10	6227,14 abcd
11	97	5993,48 abcde	11	97	5980,46 abcde
12	42	5979,77 abcde	12	42	5980,00 abcde
13	115	5950,99 abcde	13	115	5889,13 abcde
14	69	5904,96 abcde	14	69	5873,49 abcde
15	91	5900,08 abcde	15	91	5870,10 abcde
16	116	5843,03 abcde	16	116	5770,35 abcde
17	35	5638,06 abcde	17	35	5611,71 abcde
18	76	5609,85 abcde	18	76	5608,27 abcde
19	60	5591,79 abcde	19	60	5589,69 abcde
20	92	5504,66 abcde	20	92	5497,65 abcde
21	38	5464,08 abcde	21	38	5455,96 abcde
22	21	5384,29 abcde	22	21	5426,54 abcde
23	9	5372,38 abcde	23	9	5397,20 abcde
24	8	5368,37 abcde	24	8	5381,37 abcde
25	41	5357,66 abcde	25	41	5375,04 abcde
26	77	5356,15 abcde	26	77	5348,24 abcde
27	118	5332,89 abcde	27	118	5314,87 abcde
28	96	5306,48 abcde	28	96	5310,85 abcde
29	61	5306,06 abcde	29	61	5306,48 abcde
30	87	5271,35 abcde	30	87	5278,77 abcde
31	40	5266,62 abcde	31	40	5275,98 abcde
32	5	5263,88 abcde	32	5	5275,30 abcde
33	89	5259,61 abcde	33	89	5250,67 abcde
34	58	5245,66 abcde	34	58	5240,75 abcde
35	30	5221,17 abcde	35	30	5238,77 abcde
36	50	5196,82 abcde	36	50	5186,48 abcde

APÊNDICE I- Ordenamento de genótipos de milho para o experimento 8 sob intensidade de seleção de 25%.

ANOVA tradicional (Exp. 8)			ANOVA-AR (Exp. 8)		
Ordem	Genótipos	Médias	Ordem	Genótipos	Médias
1	120	7030,36 a	1	120	7011,74 a
2	119	5829,90 ab	2	119	5810,75 ab
3	93	5770,78 ab	3	93	5778,54 ab
4	96	5543,98 abc	4	106	5555,68 abc
5	106	5541,15 abc	5	96	5537,70 abc
6	94	5515,35 abc	6	94	5516,31 abc
7	105	5346,37 abc	7	105	5354,73 abc
8	92	5338,61 abc	8	92	5347,05 abc
9	100	5290,99 abc	9	100	5287,71 abc
10	9	5274,79 abc	10	9	5245,62 abc
11	121	5213,93 abc	11	64	5217,67 abc
12	64	5213,18 abc	12	121	5211,42 abc
13	90	5070,77 abc	13	90	5067,46 abc
14	69	5038,03 abc	14	107	5039,33 abc
15	107	5037,49 abc	15	69	5038,58 abc
16	91	5009,46 abc	16	91	5019,84 abc
17	61	4987,35 abc	17	61	4995,23 abc
18	8	4979,58 abc	18	70	4954,56 abc
19	70	4955,09 abc	19	8	4949,43 abc
20	95	4933,52 abc	20	95	4942,28 abc
21	60	4905,20 abc	21	110	4921,58 abc
22	110	4902,06 abc	22	60	4920,60 abc
23	76	4885,01 abc	23	58	4878,62 abc
24	58	4862,11 abc	24	76	4877,75 abc
25	102	4765,65 abc	25	102	4783,60 abc
26	56	4740,02 abc	26	56	4735,29 abc
27	63	4733,16 abc	27	63	4734,40 abc
28	77	4663,94 abc	28	77	4666,17 abc
29	74	4657,70 abc	29	74	4643,53 abc
30	72	4625,47 abc	30	66	4633,51 abc
31	66	4615,61 abc	31	72	4618,54 abc
32	65	4606,43 abc	32	65	4615,33 abc
33	46	4597,67 abc	33	109	4606,17 abc
34	109	4596,01 abc	34	46	4593,13 abc
35	48	4568,61 abc	35	48	4576,44 abc
36	6	4532,13 abc	36	38	4539,80 abc

APÊNDICE J- Ordenamento de genótipos de milho para o experimento 9 sob intensidade de seleção de 25%.

ANOVA tradicional (Exp. 9)			ANOVA-AR (Exp. 9)		
Ordem	Genótipos	Médias	Ordem	Genótipos	Médias
1	121	7361,96 a	1	121	7331,60 a
2	120	7323,05 a	2	120	7277,93 a
3	94	7215,18 ab	3	13	7240,89 ab
4	13	7213,83 ab	4	94	7208,82 ab
5	119	7180,53 ab	5	119	7081,94 ab
6	39	6965,79 ab	6	39	7004,49 abc
7	40	6942,89 ab	7	40	6958,37 abc
8	117	6858,98 abc	8	117	6823,96 abc
9	24	6779,69 abc	9	24	6823,02 abc
10	73	6761,08 abc	10	90	6766,75 abc
11	68	6725,17 abc	11	68	6749,48 abc
12	90	6724,84 abc	12	73	6733,88 abc
13	51	6638,44 abc	13	51	6645,43 abc
14	95	6543,64 abc	14	46	6579,19 abc
15	46	6498,11 abc	15	95	6507,68 abc
16	72	6457,62 abc	16	72	6456,18 abc
17	47	6442,11 abc	17	47	6446,17 abc
18	8	6302,60 abc	18	66	6305,17 abc
19	66	6269,09 abc	19	55	6274,87 abc
20	55	6242,58 abc	20	57	6214,95 abc
21	118	6235,43 abc	21	8	6204,26 abc
22	93	6202,26 abc	22	118	6175,65 abc
23	57	6140,47 abc	23	77	6134,89 abc
24	77	6139,76 abc	24	89	6131,44 abc
25	91	6120,00 abc	25	58	6129,71 abc
26	41	6117,22 abc	26	93	6119,10 abc
27	58	6109,47 abc	27	102	6113,81 abc
28	102	6107,49 abc	28	34	6100,26 abc
29	96	6088,36 abc	29	41	6098,55 abc
30	6	6060,72 abc	30	91	6086,32 abc
31	34	6052,91 abc	31	6	6042,09 abc
32	89	6030,79 abc	32	96	6025,32 abc
33	11	6009,84 abc	33	54	6016,20 abc
34	54	6003,19 abc	34	88	5997,82 abc
35	53	5983,53 abc	35	11	5963,19 abc
36	88	5947,11 abc	36	116	5945,74 abc

APÊNDICE K- Ordenamento de genótipos de milho para o experimento 10 sob intensidade de seleção de 25%.

ANOVA tradicional (Exp. 10)			ANOVA-AR (Exp. 10)		
Ordem	Genótipos	Médias	Ordem	Genótipos	Médias
1	94	7554,09 a	1	94	7532,81 a
2	6	6910,97 ab	2	6	6871,23 ab
3	99	6601,72 ab	3	99	6603,97 ab
4	83	6441,40 ab	4	83	6430,11 ab
5	55	6377,40 ab	5	119	6368,94 ab
6	45	6353,74 ab	6	45	6368,69 ab
7	119	6348,36 ab	7	55	6364,50 ab
8	118	6292,30 ab	8	118	6298,53 ab
9	78	6269,55 ab	9	78	6290,64 ab
10	8	6163,40 ab	10	8	6128,67 ab
11	120	6078,81 ab	11	120	6102,66 ab
12	96	6051,84 ab	12	96	6048,59 ab
13	29	6044,52 ab	13	29	6004,09 ab
14	58	5905,88 ab	14	58	5908,77 ab
15	107	5747,03 ab	15	107	5747,82 ab
16	68	5649,87 ab	16	68	5668,42 ab
17	12	5618,98 ab	17	100	5664,01 ab
18	100	5613,82 ab	18	12	5632,14 ab
19	38	5612,44 ab	19	89	5625,71 ab
20	109	5607,44 ab	20	109	5619,97 ab
21	89	5587,06 ab	21	38	5587,15 ab
22	75	5575,57 ab	22	75	5585,58 ab
23	95	5533,77 ab	23	95	5515,34 ab
24	63	5500,19 ab	24	63	5496,06 ab
25	28	5492,23 ab	25	28	5465,89 ab
26	41	5461,40 ab	26	88	5465,51 ab
27	88	5451,09 ab	27	54	5437,17 ab
28	54	5444,85 ab	28	41	5436,95 ab
29	39	5439,91 ab	29	39	5407,07 ab
30	69	5381,37 ab	30	69	5389,69 ab
31	50	5352,07 ab	31	87	5323,58 ab
32	117	5321,17 ab	32	50	5323,34 ab
33	11	5316,06 ab	33	117	5321,19 ab
34	92	5305,59 ab	34	92	5313,56 ab
35	65	5303,63 ab	35	65	5312,83 ab
36	87	5301,85 ab	36	110	5289,25 ab

APÊNDICE L- Ordenamento de genótipos de milho para o experimento 11 sob intensidade de seleção de 25%.

ANOVA tradicional (Exp. 11)			ANOVA-AR (Exp. 11)		
Ordem	Genótipos	Médias	Ordem	Genótipos	Médias
1	72	6657,59 a	1	72	6591,64 a
2	71	6578,68 a	2	71	6523,07 a
3	127	6462,43 a	3	23	6405,96 a
4	96	6432,97 a	4	127	6393,26 a
5	23	6363,01 ab	5	96	6319,18 a
6	93	6359,32 ab	6	93	6072,09 ab
7	84	6197,30 ab	7	84	6035,22 ab
8	118	6112,61 ab	8	26	5986,90 ab
9	88	6083,15 ab	9	91	5950,04 ab
10	26	5994,78 ab	10	146	5912,37 ab
11	35	5957,95 ab	11	118	5863,42 ab
12	40	5939,54 ab	12	35	5839,29 ab
13	91	5935,86 ab	13	21	5830,55 ab
14	21	5884,31 ab	14	40	5747,74 ab
15	38	5847,48 ab	15	88	5712,92 ab
16	146	5799,62 ab	16	38	5701,22 ab
17	33	5792,25 ab	17	100	5688,33 ab
18	85	5792,25 ab	18	185	5676,16 ab
19	126	5781,20 ab	19	85	5635,91 ab
20	100	5762,79 ab	20	112	5625,52 ab
21	112	5725,97 ab	21	162	5620,97 ab
22	63	5718,60 ab	22	150	5617,79 ab
23	70	5663,37 ab	23	42	5600,09 ab
24	42	5663,37 ab	24	216	5598,41 ab
25	185	5652,32 ab	25	184	5572,75 ab
26	110	5633,91 ab	26	138	5568,77 ab
27	31	5571,31 ab	27	126	5564,84 ab
28	73	5534,49 ab	28	31	5564,24 ab
29	92	5530,81 ab	29	33	5538,40 ab
30	150	5523,44 ab	30	110	5523,44 ab
31	80	5516,08 ab	31	107	5518,33 ab
32	82	5497,67 ab	32	57	5482,30 ab
33	57	5479,26 ab	33	171	5482,05 ab
34	58	5479,26 ab	34	92	5466,73 ab
35	138	5468,21 ab	35	70	5436,66 ab

...continua...

Apêndice L. Cont.

ANOVA tradicional (Exp. 11)			ANOVA-AR (Exp. 11)		
Ordem	Genótipos	Médias	Ordem	Genótipos	Médias
36	162	5449,80 ab	36	161	5434,64 ab
37	171	5449,797 ab	37	174	5433,014 ab
38	184	5431,385 ab	38	53	5431,436 ab
39	175	5431,385 ab	39	73	5430,589 ab
40	53	5424,021 ab	40	65	5412,334 ab
41	94	5420,338 ab	41	175	5369,803 ab
42	216	5420,338 ab	42	94	5366,642 ab
43	143	5412,974 ab	43	80	5339,37 ab
44	145	5412,974 ab	44	188	5326,16 ab
45	65	5405,609 ab	45	63	5309,277 ab
46	90	5401,927 ab	46	172	5283,809 ab
47	161	5394,562 ab	47	48	5278,14 ab
48	174	5376,151 ab	48	128	5259,807 ab
49	188	5376,151 ab	49	90	5258,238 ab
50	107	5357,739 ab	50	143	5239,387 ab
51	128	5339,328 ab	51	82	5234,383 ab
52	115	5302,505 ab	52	22	5195,627 ab
53	81	5295,14 ab	53	183	5184,655 ab
54	183	5284,093 ab	54	145	5168,09 ab
55	37	5276,729 ab	55	173	5166,115 ab
56	48	5239,906 ab	56	58	5163,764 ab

*Médias seguidas de mesma letra não diferem estatisticamente entre si, maiúscula na coluna e minúscula na linha, pelo teste de Tukey a 5% de probabilidade.

APÊNDICE M- Ordenamento de genótipos de milho para o experimento 12 sob intensidade de seleção de 25%.

ANOVA tradicional (Exp. 12)			ANOVA-AR (Exp. 12)		
Ordem	Genótipos	Médias	Ordem	Genótipos	Médias
1	118	7090,02 a	1	118	7086,65 a
2	58	6500,85 ab	2	58	6499,62 ab
3	48	6463,43 ab	3	48	6463,93 ab
4	80	6323,77 abc	4	80	6321,89 abc
5	68	6176,48 abc	5	68	6178,09 abc
6	30	6157,62 abc	6	30	6151,02 abc
7	138	6129,42 abc	7	138	6125,11 abc
8	131	5937,13 abcd	8	131	5933,30 abcd
9	1	5826,22 abcd	9	1	5819,70 abcd
10	201	5750,41 abcde	10	201	5757,89 abcde
11	10	5723,75 abcde	11	10	5722,91 abcde
12	110	5716,20 abcde	12	110	5713,34 abcde
13	40	5642,55 abcde	13	40	5642,07 abcde
14	221	5603,12 abcde	14	221	5610,02 abcde
15	7	5551,01 abcde	15	7	5552,12 abcde
16	109	5524,45 abcde	16	109	5520,98 abcde
17	212	5503,06 abcde	17	212	5508,55 abcde
18	112	5495,26 abcde	18	112	5494,14 abcde
19	220	5455,83 abcde	19	196	5463,56 abcde
20	196	5453,32 abcde	20	220	5463,40 abcde
21	2	5440,54 abcde	21	21	5439,46 abcde
22	21	5440,02 abcde	22	2	5435,96 abcde
23	11	5429,17 abcde	23	11	5427,74 abcde
24	50	5366,38 abcde	24	50	5366,04 abcde
25	49	5321,92 abcde	25	105	5321,33 abcde
26	105	5319,56 abcde	26	49	5321,03 abcde
27	3	5311,66 abcde	27	3	5309,44 abcde
28	19	5248,27 abcde	28	19	5247,03 abcde
29	13	5244,50 abcde	29	13	5244,77 abcde
30	70	5237,50 abcde	30	70	5237,97 abcde
31	141	5219,09 abcde	31	141	5214,58 abcde
32	42	5193,04 abcde	32	42	5191,70 abcde
33	195	5177,15 abcde	33	195	5184,55 abcde
34	33	5101,58 abcde	34	33	5100,53 abcde
35	198	5061,55 abcde	35	198	5069,40 abcde

...continua...

Apêndice M. Cont.

ANOVA tradicional (Exp. 12)			ANOVA-AR (Exp. 12)		
Ordem	Genótipos	Médias	Ordem	Genótipos	Médias
36	101	5053,38 abcde	36	39	5054,09 abcde
37	39	5053,382 abcde	37	101	5051,816 abcde
38	168	5043,139 abcde	38	168	5046,688 abcde
39	200	5032,363 abcde	39	200	5039,297 abcde
40	135	5014,053 abcde	40	197	5022,238 abcde
41	222	5013,951 abcde	41	222	5020,558 abcde
42	197	5013,539 abcde	42	135	5013,765 abcde
43	89	5009,522 abcde	43	182	5010,763 abcde
44	182	5006,914 abcde	44	89	5005,394 abcde
45	179	4988,502 abcde	45	14	4988,21 abcde
46	14	4986,882 abcde	46	179	4982,153 abcde
47	41	4979,736 abcde	47	41	4978,738 abcde
48	61	4978,629 abcde	48	223	4977,634 abcde
49	223	4969,493 abcde	49	61	4972,807 abcde
50	24	4935,876 abcde	50	24	4937,125 abcde
51	133	4935,278 abcde	51	133	4932,425 abcde
52	25	4917,465 abcde	52	25	4918,037 abcde
53	4	4906,612 abcde	53	4	4905,539 abcde
54	97	4899,053 abcde	54	97	4898,783 abcde
55	9	4876,826 abcde	55	9	4876,954 abcde
56	111	4869,268 abcde	56	111	4867,263 abcde

*Médias seguidas de mesma letra não diferem estatisticamente entre si, maiúscula na coluna e minúscula na linha, pelo teste de Tukey a 5% de probabilidade.

APÊNDICE N- Ordenamento de genótipos de milho para o experimento 13 sob intensidade de seleção de 25%.

ANOVA tradicional (Exp. 13)			ANOVA-AR (Exp. 13)		
Ordem	Genótipos	Médias	Ordem	Genótipos	Médias
1	71	6922,71 a	1	71	6926,34 a
2	216	6812,25 ab	2	216	6820,65 a
3	72	6793,83 ab	3	72	6798,91 ab
4	127	6664,95 abc	4	127	6671,96 abc
5	23	6499,25 abc	5	23	6500,99 abc
6	84	6333,55 abcd	6	84	6347,35 abcd
7	118	6315,14 abcd	7	118	6324,45 abcd
8	185	6131,02 abcde	8	185	6135,30 abcd
9	26	6131,02 abcde	9	26	6133,00 abcd
10	35	6094,20 abcde	10	35	6104,11 abcde
11	40	6075,79 abcde	11	40	6054,20 abcde
12	21	6020,55 abcde	12	146	6007,74 abcde
13	146	6002,14 abcde	13	21	6003,21 abcde
14	126	5983,73 abcde	14	96	5996,45 abcde
15	38	5983,73 abcde	15	126	5993,63 abcde
16	96	5983,73 abcde	16	38	5982,11 abcde
17	100	5965,32 abcde	17	100	5955,02 abcde
18	112	5928,50 abcde	18	85	5944,00 abcde
19	33	5928,50 abcde	19	33	5938,44 abcde
20	85	5928,50 abcde	20	112	5931,79 abcde
21	93	5910,08 abcde	21	93	5923,86 abcde
22	184	5910,08 abcde	22	184	5916,30 abcde
23	188	5854,85 abcde	23	63	5876,08 abcde
24	63	5854,85 abcde	24	188	5860,43 abcde
25	110	5836,44 abcde	25	110	5832,83 abcde
26	217	5818,03 abcde	26	217	5827,03 abcde
27	70	5799,62 abcde	27	70	5801,22 abcde
28	42	5799,62 abcde	28	42	5784,56 abcde
29	183	5762,79 abcde	29	183	5763,44 abcde
30	150	5725,97 abcde	30	150	5726,46 abcde
31	31	5707,56 abcde	31	31	5713,55 abcde
32	210	5689,15 abcde	32	210	5684,87 abcde
33	138	5670,73 abcde	33	73	5673,96 abcde
34	73	5670,73 abcde	34	138	5655,33 abcde
35	162	5652,32 abcde	35	88	5653,67 abcde

...continua...

Apêndice N. Cont.

ANOVA tradicional (Exp. 13)			ANOVA-AR (Exp. 13)		
Ordem	Genótipos	Médias	Ordem	Genótipos	Médias
36	171	5652,32 abcde	36	175	5651,65 abcde
37	80	5652,323 abcde	37	162	5646,805 abcde
38	82	5633,911 abcde	38	80	5646,139 abcde
39	175	5633,911 abcde	39	171	5641,728 abcde
40	88	5633,911 abcde	40	82	5637,331 abcde
41	143	5615,5 abcde	41	57	5632,841 abcde
42	145	5615,5 abcde	42	58	5626,658 abcde
43	57	5615,5 abcde	43	145	5619,306 abcde
44	58	5615,5 abcde	44	143	5616,514 abcde
45	161	5597,088 abcde	45	174	5593,314 abcde
46	174	5578,677 abcde	46	161	5589,368 abcde
47	107	5560,265 abcde	47	53	5578,889 abcde
48	53	5560,265 abcde	48	65	5566,757 abcde
49	211	5541,854 abcde	49	107	5553,091 abcde
50	65	5541,854 abcde	50	128	5550,695 abcde
51	128	5541,854 abcde	51	211	5549,707 abcde
52	190	5523,443 abcde	52	115	5519,151 abcde
53	115	5505,031 abcde	53	190	5511,98 abcde
54	208	5486,62 abcde	54	91	5497,315 abcde
55	91	5486,62 abcde	55	208	5487,132 abcde
56	203	5449,797 abcde	56	203	5453,28 abcde

*Médias seguidas de mesma letra não diferem estatisticamente entre si, maiúscula na coluna e minúscula na linha, pelo teste de Tukey a 5% de probabilidade.

APÊNDICE O- Ordenamento de genótipos de milho para o experimento 14 sob intensidade de seleção de 25%.

ANOVA tradicional (Exp.14)			ANOVA-AR (Exp. 14)		
Ordem	Genótipos	Médias	Ordem	Genótipos	Médias
1	118	7014,77 a	1	118	7011,03 a
2	58	6425,61 ab	2	58	6415,12 ab
3	48	6204,67 abc	3	48	6199,04 abc
4	80	6167,84 abc	4	80	6163,58 abc
5	138	6020,55 abc	5	138	6015,90 abc
6	68	6020,55 abc	6	68	6014,65 abc
7	30	5946,91 abcd	7	30	5934,48 abcd
8	131	5781,20 abcde	8	131	5776,93 abcde
9	201	5744,38 abcde	9	201	5743,58 abcde
10	1	5615,50 abcde	10	1	5603,01 abcde
11	221	5597,09 abcde	11	221	5596,39 abcde
12	110	5560,27 abcde	12	110	5556,12 abcde
13	10	5541,85 abcde	13	10	5527,53 abcde
14	40	5486,62 abcde	14	40	5472,74 abcde
15	212	5468,21 abcde	15	212	5469,45 abcde
16	220	5449,80 abcde	16	220	5449,37 abcde
17	7	5449,80 abcde	17	7	5435,97 abcde
18	112	5339,33 abcde	18	112	5335,53 abcde
19	2	5339,33 abcde	19	2	5326,23 abcde
20	196	5284,09 abcde	20	196	5283,03 abcde
21	21	5284,09 abcde	21	21	5269,71 abcde
22	109	5265,68 abcde	22	109	5261,44 abcde
23	11	5247,27 abcde	23	11	5232,77 abcde
24	3	5210,45 abcde	24	50	5204,02 abcde
25	50	5210,45 abcde	25	3	5197,26 abcde
26	13	5192,04 abcde	26	13	5177,85 abcde
27	197	5099,98 abcde	27	197	5098,96 abcde
28	182	5081,57 abcde	28	182	5082,57 abcde
29	70	5081,57 abcde	29	70	5076,00 abcde
30	141	5063,16 abcde	30	179	5061,22 abcde
31	179	5063,16 abcde	31	141	5059,22 abcde
32	49	5063,16 abcde	32	49	5057,66 abcde
33	33	5026,33 abcde	33	200	5025,81 abcde
34	200	5026,33 abcde	34	33	5013,79 abcde
35	195	5007,92 abcde	35	195	5007,46 abcde

...continua...

Apêndice O. Cont.

ANOVA tradicional (Exp.14)			ANOVA-AR (Exp. 14)		
Ordem	Genótipos	Médias	Ordem	Genótipos	Médias
36	222	5007,92 abcde	36	222	5007,15 abcde
37	19	4989,51 abcde	37	19	4975,373 abcde
38	105	4971,098 abcde	38	105	4966,788 abcde
39	198	4952,687 abcde	39	198	4951,676 abcde
40	89	4934,275 abcde	40	168	4934,2 abcde
41	168	4934,275 abcde	41	89	4930,788 abcde
42	42	4934,275 abcde	42	42	4920,941 abcde
43	101	4897,452 abcde	43	61	4893,832 abcde
44	14	4897,452 abcde	44	101	4893,454 abcde
45	39	4897,452 abcde	45	39	4883,808 abcde
46	61	4897,452 abcde	46	14	4883,351 abcde
47	223	4860,629 abcde	47	223	4859,873 abcde
48	24	4860,629 abcde	48	24	4847,067 abcde
49	25	4842,218 abcde	49	25	4828,792 abcde
50	97	4823,806 abcde	50	97	4819,764 abcde
51	41	4823,806 abcde	51	41	4810,216 abcde
52	191	4805,395 abcde	52	185	4806,082 abcde
53	4	4805,395 abcde	53	191	4805,23 abcde
54	185	4805,395 abcde	54	4	4792,314 abcde
55	217	4786,984 abcde	55	217	4787,246 abcde
56	178	4768,572 abcde	56	178	4767,172 abcde

*Médias seguidas de mesma letra não diferem estatisticamente entre si, maiúscula na coluna e minúscula na linha, pelo teste de Tukey a 5% de probabilidade.