

## AVALIAÇÃO DA INTERAÇÃO GENÓTIPO X AMBIENTE EM CANA-DE-AÇÚCAR VIA MODELOS MISTOS<sup>1</sup>

Irlane Toledo Bastos<sup>2</sup>, Márcio Henrique Pereira Barbosa<sup>2</sup>, Marcos Deon Vilela de Resende<sup>2</sup>,  
Luiz Alexandre Peternelli<sup>4</sup>, Luís Cláudio Inácio da Silveira<sup>2</sup>, Leandro Rodrigues Donda<sup>2</sup>,  
Alessandro Antônio Fortunato<sup>2</sup>, Paulo Mafra de Almeida Costa<sup>2</sup>, Izabel Cristina Rodrigues de Figueiredo<sup>2</sup>

### ABSTRACT

#### EVALUATION OF GENOTYPE VERSUS ENVIRONMENT INTERACTION IN SUGARCANE USING MIXED MODELS

The objective of this study was to evaluate yield, adaptability, and stability of sugarcane genotypes using the harmonic mean of relative performance of genotypic values method (MHPRVG), and to compare it with the method of differences of the segmented straight line weighted by the residual coefficient of variation (DRRB-CV), based on the  $P_i$  statistic from Linn & Binns. Employing the augmented block design, with five blocks, seventy clones and two checks were evaluated. Two experiments were carried out in each of seven environments in Minas Gerais State. Evaluations were performed in plant and ratoon. Considering the selection for sugar yield, adaptability, and stability, three clones performed better: RB947520, RB957712, and SP86-42. The MHPRVG method was highly correlated with the parameters of the DRRB-CV method, and with the genotypic values that took into account the genotype x environment mean interaction. All the correlations between these statistical measurements were greater than 0.90. However, the MHPRVG method has the advantage that the results appear on the same scale of the characters evaluated, which could be directly interpreted as genetic values. Another advantage for clone selection is that this method takes into consideration simultaneously the criteria yield, adaptability, and stability.

**KEY WORDS:** mixed models, REML/BLUP, stability, MHPRVG method.

### INTRODUÇÃO

Nos programas de melhoramento da cana-de-açúcar, experimentos são conduzidos em diversas usinas e destilarias, e colhidos, em média, por três

### RESUMO

O presente trabalho teve como principal objetivo avaliar a produtividade, adaptabilidade e estabilidade de genótipos de cana-de-açúcar utilizando o método da média harmônica da performance relativa dos valores genotípicos (MHPRVG), bem como compará-lo com a metodologia das diferenças em relação à reta bissegmentada ponderadas pelo coeficiente de variação residual (DRRB-CV), baseada na estatística  $P_i$  de Linn & Binns. Utilizando-se o delineamento de blocos aumentados com cinco blocos, setenta clones e duas testemunhas foram avaliados em sete ambientes representativos das regiões produtoras de cana-de-açúcar de Minas Gerais. Em cada ambiente foram instalados dois experimentos. As avaliações foram realizadas em cana-planta e soqueira. Considerando a seleção para produtividade de açúcar por hectare, adaptabilidade e estabilidade três clones se destacaram: RB947520, RB957712 e SP86-42. O método MHPRVG mostrou-se altamente correlacionado com os parâmetros da metodologia DRRB-CV e com os valores genotípicos que capitalizam a interação genótipo x ambiente média. As correlações entre essas estatísticas foram superiores a 0,90. Contudo, o método MHPRVG, em relação à estatística  $P_i$ , apresenta a vantagem de fornecer resultados na própria escala de medição do caráter avaliado, os quais podem ser interpretados diretamente como valores genéticos. Outra vantagem para seleção de clones é que o MHPRVG contempla simultaneamente os critérios produtividade, adaptabilidade e estabilidade.

**PALAVRAS-CHAVE:** modelos mistos, REML/BLUP, estabilidade, método MHPRVG

cortes (Ferreira *et al.* 2005), visando comparar o desempenho dos novos clones com aqueles de amplo cultivo comercial. Tais estudos permitem avaliar a magnitude das interações genótipos x ambientes (locais) e genótipos x cortes (anos), geralmente

1. Pesquisa desenvolvida no Departamento de Fitotecnia, Universidade Federal de Viçosa (UFV), Viçosa, MG.

Trabalho recebido em jan./2006 e aceito para publicação em out./2007 (registro nº 683).

2. Departamento de Fitotecnia/UFV, Programa de Melhoramento Genético da Cana-de-Açúcar (PMGCA). E-mail: barbosa@ufv.br

3. Embrapa Florestas. Caixa Postal 319, CEP 83411-000 Colombo-PR. E-mails: deon@cnpf.embrapa.br; marcos.deon@ufv.br

4. Departamento de Informática, Área de Estatística/UFV, CEP 36570-000 Viçosa, MG. E-mail: peternelli@dpi.ufv.br

significativas. Essas interações influenciam a seleção dos clones e, também, possibilitam os estudos de adaptabilidade e estabilidade.

Diferentes metodologias para avaliar a adaptabilidade e a estabilidade têm sido desenvolvidas e, ou, aprimoradas. Tais procedimentos se baseiam em análise de variância, regressão linear, regressão não-linear, análise multivariada e estatísticas não-paramétricas.

Metodologias estatísticas de fácil interpretação e com seleção simultânea para produtividade, adaptabilidade e estabilidade também tem sido desenvolvidas buscando-se a seleção de genótipos com elevados rendimentos em diferentes ambientes de plantio. No contexto dos modelos mistos, uma alternativa é o método da média harmônica da performance relativa dos valores genéticos preditos (MHPRVG), preconizado por Resende (2004). Este procedimento permite selecionar simultaneamente pelos três atributos mencionados e, conforme o autor, apresenta as seguintes vantagens: considera os efeitos genotípicos como aleatórios e, portanto, fornece estabilidade e adaptabilidade de valores genotípicos preditos e não de valores fenotípicos; permite lidar com desbalanceamento; permite lidar com delineamentos não-ortogonais; permite lidar com heterogeneidade de variâncias; permite considerar erros correlacionados dentro de locais; fornece valores genéticos já descontados (penalizados) da instabilidade; pode ser aplicado com qualquer número de ambientes; permite considerar a estabilidade e adaptabilidade na seleção de indivíduos dentro de progênie; elimina os ruídos da interação genótipos x ambientes à semelhança da técnica AMMI; e gera resultados na própria grandeza ou escala do caráter avaliado.

Outros métodos, como por exemplo o de Lin e Binns (1988), fornecem resultados que não são interpretados diretamente como valores genéticos e então, não permitem computar o ganho genético no caráter composto pela produtividade, estabilidade e adaptabilidade. O método de Annicchiarico depende, adicionalmente, de suposições de valores de associados a  $Z_{(1-\alpha)}$ , que se refere ao percentil da função distribuição normal padrão associado a determinado nível de significância.

Cruz & Carneiro (2003), baseados na estatística  $P_i$  de Lin e Binns (1988), desenvolveram, dentre outras, a metodologia das diferenças em relação à reta bissegmentada ponderadas pelo coeficiente da

variação residual (DRRB-CV). Segundo eles, a metodologia apresenta vantagens em relação aos parâmetros de outros métodos: maior facilidade de interpretação dos resultados; a recomendação é feita particularizando grupos de ambientes favoráveis e desfavoráveis; a definição de um referencial, em substituição aos pontos ótimos extremos de Lin e Binns, confere uma aplicação mais ampla à estimativa do parâmetro, pois contempla o perfil de genótipo desejado pelos melhoristas. Esse perfil inclui: produtividade alta e constante em ambientes desfavoráveis, mas com capacidade de resposta à melhoria das condições ambientais; os menores valores possíveis; para variáveis como notas atribuídas a doenças; e valores em torno de referencial fixo para caracteres como altura de planta; evita ou minimiza os valores máximos, mínimos ou fixos obtidos em condições experimentais, em que a precisão experimental seja relativamente inferior à dos demais ensaios.

Diante do exposto, o objetivo deste trabalho foi avaliar a produtividade, adaptabilidade e estabilidade de clones de cana-de-açúcar, utilizando-se o método da média harmônica da performance relativa dos valores genotípicos (MHPRVG), bem como compará-lo com a metodologia das diferenças em relação à reta bissegmentada ponderadas pelo coeficiente da variação residual (DRRB-CV).

## MATERIAL E MÉTODOS

As áreas experimentais selecionadas para este estudo são representativas das principais regiões produtoras de cana-de-açúcar do Estado de Minas Gerais (Koffler *et al.* 1988). Os experimentos de competição de clones e cultivares foram conduzidos nas seguintes unidades: 1- Destilaria Agropéu (AGR), Pompeu (19°13'28"S, 44°56'07"W, 657 m); 2- Destilaria Atenas (ATE), São Pedro dos Ferros (20°10'13"S, 42°31'26"W, 363 m); 3- Destilaria Alvorada do Bebedouro (DAB), Guaranésia (21°17'57"S, 46°48'09"W, 751 m); 4- Destilaria WD (DWD), João Pinheiro (17°44'33"S, 46°10'21"W, 765 m); 5- Usina Açucareira Passos (UAP), Passos (20°43'08"S, 46°36'35"W, 745 m); 6- Usina Jatiboca (UJA), Urucânia (20°21'03"S, 42°44'22"W, 437 m); 7- Usina Triálcool (UTR), Canápolis (18°43'30"S, 49°12'16"W, 662 m). Assim, totalizaram-se, sete ambientes para os estudos de adaptabilidade e estabilidade.

Como tratamentos regulares, utilizaram-se setenta clones desenvolvidos pelo Programa de Melhoramento Genético da Cana-de-Açúcar, da Universidade Federal de Viçosa (PMGCA-UVF), Centro de Pesquisa e Melhoramento da Cana-de-Açúcar (CECA), localizado em Oratórios-MG.

No plantio, empregou-se o procedimento convencional com toletes de três ou quatro gemas, obtendo-se densidade de dezoito gemas por metro de sulco. Os experimentos foram implantados em fevereiro e março de 2001, caracterizando o plantio de cana de ano e meio. O delineamento empregado foi o de blocos aumentados (DBA) com cinco blocos. Em cada local foram instalados, lado a lado, dois experimentos em DBA com os mesmos clones e variedades-padrão (testemunhas). As parcelas foram de dois sulcos de 5,0 m de comprimento cada, sem bordaduras. Empregaram-se bordaduras somente ao redor dos experimentos. Os tratamentos comuns (variedades-padrão) foram as variedades comerciais RB72454 e RB835486. O espaçamento entre linhas foi de 1,40 m. Os tratos culturais em cana-planta e soqueira foram executados de acordo com o usual em cada usina. É importante salientar que os tratamentos foram dispostos aleatoriamente nos blocos, e cada bloco foi composto por duas testemunhas e quatorze clones, totalizando dezesseis tratamentos por bloco.

As avaliações foram realizadas em cana-planta e soqueira durante os anos de 2002 e 2003. A colheita manual foi realizada aos dezessete meses, no primeiro corte, e aos doze meses, no segundo corte. Os procedimentos foram: três leituras de Brix (porcentagem de peso/peso dos sólidos solúveis contidos em uma solução) em diferentes colmos, com a amostragem feita no quinto entrenó, a contar da base para o ápice, utilizando-se refratômetro manual; contagem do número total de colmos por sulco; e amostragem aleatória e pesagem com dinamômetro de dez colmos por sulco, desprezando-se os ponteiros. De posse desses dados obteve-se o dado par o caráter aqui denominado toneladas de Brix por hectare, que foi utilizado para realizar as análises estatísticas.

Antes da realização das análises estatísticas, os dados foram padronizados, conforme recomendação de Resende (2002):

$$Z_{ijk} = \hat{\mu}_e + (Y_{ijk} - \hat{\mu}_e) \times \frac{\hat{\sigma}_f}{\hat{\sigma}_{fe}}$$

em que:  $\hat{\mu}_e$  é a média do experimento  $e$  ( $e = 1, 2, \dots, 14$ );  $\hat{\sigma}_f$  é o desvio-padrão fenotípico médio de todos os experimentos; e  $\hat{\sigma}_{fe}$  é o desvio-padrão fenotípico do experimento  $e$ . Feita a padronização dos dados, procederam-se às análises para a obtenção dos valores genotípicos, sendo estes obtidos pelo Modelo 52 do software Selegen (Resende *et al.* 1994). Assim, para avaliação de clones no delineamento de blocos aumentados, em vários ambientes ou locais, utilizou-se o seguinte modelo estatístico:

$$y = Xr + Zg + Wb + H\partial + \varepsilon$$

em que  $y$ ,  $r$ ,  $g$ ,  $b$ ,  $\partial$  e  $\varepsilon$  são os vetores de dados, dos efeitos de repetições (fixos), de efeitos genotípicos de clones (aleatórios), dos efeitos de bloco (aleatório), dos efeitos aleatórios de interação genótipos x ambientes e de erros aleatórios, respectivamente.  $X$ ,  $Z$ ,  $W$  e  $H$  são as matrizes de incidência para  $r$ ,  $g$ ,  $b$  e  $\partial$ , respectivamente. As distribuições e estruturas de médias e variâncias assumidas foram:

$$\left\{ \begin{array}{l} y|r, V \sim N(Xr, V) \\ g|\sigma_g^2 \sim N(0, I \sigma_g^2) \\ b|\sigma_b^2 \sim N(0, I \sigma_b^2); V = ZZ'\sigma_g^2 + WW'\sigma_b^2 + HH'\sigma_\partial^2 \\ \partial|\sigma_\partial^2 \sim N(0, I \sigma_\partial^2) \\ \varepsilon|\sigma_\varepsilon^2 \sim N(0, I \sigma_\varepsilon^2) \end{array} \right.$$

O ajuste do modelo foi obtido a partir das equações de modelo misto:

$$\begin{bmatrix} X'X & X'Z & X'W & X'H \\ Z'X & Z'Z+A^{-1}\lambda_1 & Z'W & Z'H \\ W'X & W'Z & W'W+\lambda_2 & W'H \\ H'X & H'Z & H'W & H'H+\lambda_3 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} \hat{r} \\ \hat{g} \\ \hat{b} \\ \hat{\partial} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X'y \\ Z'y \\ W'y \\ H'y \end{bmatrix},$$

em que:

$$\lambda_1 = \frac{\sigma_\varepsilon^2}{\sigma_g^2} = \frac{1-h^2-b^2-\partial^2}{h^2}; \quad \lambda_2 = \frac{\sigma_\varepsilon^2}{\sigma_b^2} = \frac{1-h^2-b^2-\partial^2}{b^2}; \quad \lambda_3 = \frac{\sigma_\varepsilon^2}{\sigma_\partial^2} = \frac{1-h^2-b^2-\partial^2}{\partial^2}$$

$h^2 = \frac{\sigma_g^2}{\sigma_g^2 + \sigma_b^2 + \sigma_\varepsilon^2 + \sigma_\partial^2}$ : herdabilidade individual no sentido amplo, na repetição;

$b^2 = \sigma_b^2/(\sigma_g^2 + \sigma_b^2 + \sigma_\varepsilon^2 + \sigma_\partial^2)$ : correlação devida ao ambiente comum do bloco;

$\partial^2 = \sigma_\partial^2/(\sigma_g^2 + \sigma_b^2 + \sigma_\varepsilon^2 + \sigma_\partial^2)$ : proporção da variância fenotípica total explicada pela interação genótipos x ambiente;

$r_{gloc} = \frac{\hat{\sigma}_a^2}{\hat{\sigma}_g^2 + \hat{\sigma}_a^2}$ : correlação genotípica através dos ambientes;

$\sigma_g^2$ : variância genotípica entre clones;

$\sigma_b^2$ : variância ambiental entre blocos;

$\sigma_o^2$ : variância da interação genótipos x ambientes; e

$\sigma_e^2$ : variância residual.

Os estimadores iterativos dos componentes de variância, por REML, via algoritmo EM, são:

$$\hat{\sigma}_e^2 = [y'y - \hat{r}' X'y - \hat{g}' Z'y - \hat{b}' W'y - \hat{\delta}' H'y] / [N - r(x)]$$

$$\hat{\sigma}_g^2 = [\hat{g}'\hat{g} + \hat{\sigma}_e^2 \text{tr}(C^{22})] / q$$

$$\hat{\sigma}_b^2 = [\hat{b}'\hat{b} + \hat{\sigma}_e^2 \text{tr}(C^{33})] / s$$

$$\hat{\sigma}_o^2 = [\hat{\delta}'\hat{\delta} + \hat{\sigma}_e^2 \text{tr}(C^{44})] / \eta$$

em que:  $C^{22}$ ,  $C^{33}$  e  $C^{44}$  advêm da inversa da matriz dos coeficientes das equações de modelo misto, isto é:

$$C^{-1} = \begin{bmatrix} C_{11} & C_{12} & C_{13} & C_{14} \\ C_{21} & C_{22} & C_{23} & C_{24} \\ C_{31} & C_{32} & C_{33} & C_{34} \\ C_{41} & C_{42} & C_{43} & C_{44} \end{bmatrix}^{-1} = \begin{bmatrix} C^{11} & C^{12} & C^{13} & C^{14} \\ C^{21} & C^{22} & C^{23} & C^{24} \\ C^{31} & C^{32} & C^{33} & C^{34} \\ C^{41} & C^{42} & C^{43} & C^{44} \end{bmatrix}$$

tr: operador traço matricial;  $r(x)$ : posto da matriz  $X$ ;  $N$ ,  $q$ ,  $s$ ,  $\eta$ : número total de dados, de clones, de blocos e combinações clone x ambiente, respectivamente.

Por meio desse modelo foram obtidos os preditores BLUP empíricos (eBLUP ou REML/BLUP) dos valores genotípicos livres da interação, dados por  $\hat{\mu} + \hat{g}_i$ , em que  $\hat{\mu}$  é a média de todos os locais e  $\hat{g}_i$  é o efeito genotípico livre da interação genótipo x ambiente. Para cada local  $j$ , os valores genotípicos ( $Vg$ ) são preditos por  $\hat{\mu}_j + \hat{g}_i + (\hat{g}e)_{ij}$ , em que  $\hat{\mu}_j$  é a média do local  $j$ ,  $\hat{g}_i$  é o efeito genotípico do clone  $i$ , no local  $j$ , e  $(\hat{g}e)_{ij}$  é o efeito da interação genótipo x ambiente relativo ao clone  $i$ .

A predição dos valores genotípicos capitalizando a interação média (gem) nos diferentes locais é dada por  $\hat{\mu}_j + \hat{g}_i + \hat{g}e_m$ , sendo calculada por:  $\hat{\mu} + [(\hat{\sigma}_g^2 + \hat{\sigma}_a^2/n) / \hat{\sigma}_g^2] \hat{g}_i$ , em que,  $\hat{\mu}$  é a média geral de todos os locais,  $n$  é o número de locais e  $\hat{g}_i$  é o efeito genotípico do clone  $i$ .

A seleção conjunta considerando-se, simultaneamente, a produtividade, a estabilidade e a adaptabilidade dos clones é dada pela estatística

média harmônica da performance relativa dos valores genotípicos preditos:

$$MHPRVG_i = \frac{n}{\sum_{j=1}^n \frac{1}{Vg_{ij}}}$$

em que:  $n$  é o número de locais onde se avaliou o clone  $i$ ; e  $Vg_{ij}$  é o valor genotípico do clone  $i$  no local  $j$ , expresso como proporção da média desse local. Na estimação de  $Vg_{ij}$  e  $MHPRVG_i$ , empregou-se o modelo 52 do software Selegen (Resende *et al.* 1994).

Compararam-se as metodologias MHPRVG (Resende 2004) e DRRB-CV (Cruz & Carneiro 2003). Esta última foi adaptada da metodologia de Lin & Binns (1988), buscando-se maior eficiência na avaliação da performance dos genótipos. As equações utilizadas para essa metodologia foram:

$$P_i = \left[ \frac{\sum_{j=1}^n (Y_{ij} - Y_{gj})^2}{2n} \right] \frac{CV_j}{CV_T}; P_{if} = \left[ \frac{\sum_{j=1}^f (Y_{ij} - Y_{gj})^2}{2f} \right] \frac{CV_j}{CV_T}; P_{id} = \left[ \frac{\sum_{j=1}^d (Y_{ij} - Y_{gj})^2}{2d} \right] \frac{CV_j}{CV_T}$$

em que:  $P_i$  é a estatística que descreve a estabilidade e a adaptabilidade, definida por Lin & Binns (1988);  $P_{if}$  e  $P_{id}$  são estatísticas definidas por Cruz & Carneiro (2003); “f” e “d” são os números de ambientes favoráveis (índice ambiental positivo, incluindo o valor zero, definido conforme Eberhart & Russel 1966) e desfavoráveis (índice ambiental negativo), respectivamente;  $n = f + d$ ;  $Y_{ij}$  é o valor genotípico do genótipo  $i$  no ambiente  $j$ ;  $Y_{gj}$  é a resposta ideal do genótipo hipotético no ambiente  $j$  estimada pelo modelo bi-segmentado de Cruz *et al.* (1989);  $CV_j$  e  $CV_T$  correspondem ao coeficiente de variação residual do ambiente  $j$  e à soma dos coeficientes de variação de todos os ambientes, respectivamente.

No modelo de Cruz *et al.* (1989), tem-se:  $E(Y_{gj}) = \beta_{0g} + \beta_{1g} I_j + \beta_{2g} T(I_j)$ ; em que:  $\beta_{0g}$  é o valor fornecido para que a resposta ideal seja máxima para todos os ambientes, ou seja, o valor genotípico máximo predito em todo o experimento;  $\beta_{1g}$  e  $\beta_{2g}$  são os valores estabelecidos em 0,5 e 1,0, respectivamente, de forma a refletir baixa resposta aos ambientes desfavoráveis ( $\beta_{1g} = 0,5$ ), e responsivos às condições favoráveis ( $\beta_{1g} + \beta_{2g} = 1,5$ );  $I_j$  é o índice ambiental;  $T(I_j) = 0$  se  $I_j \leq 0$ , e  $T(I_j) = I_j - I_+$  se  $I_j > 0$ , sendo  $I_+$  a média dos índices positivos.

Na estimativa dos valores de  $P_i$ ,  $P_{if}$  e  $P_{id}$ , denominadas medidas da adaptabilidade e estabi-

lidade de comportamento (MAEC), utilizou-se o programa computacional Genes (Cruz 2001). Utilizou-se, ainda, a correlação ordinal de Spearman (Steel *et al.* 1997) para comparar as metodologias.

## RESULTADOS E DISCUSSÃO

Os coeficientes de variação genotípica apresentaram valores superiores a 10% em todos os locais (Tabela 1). Tal fato é importante, pois indica a presença de considerável variabilidade genética, com a possibilidade de se praticar efetiva seleção entre os clones. Os coeficientes de variação experimental apresentaram valores que variaram entre moderados e baixos, confirmando boa precisão dos experimentos. Os maiores valores foram para os ambientes UTR e ATE (27,83% e 25,18%, respectivamente), enquanto os menores foram para os ambientes DAB e UAP (10,43% e 9,64%, respectivamente). Estes valores estão coerentes com os encontrados na literatura para a característica toneladas de Brix por hectare (Jackson *et al.* 1995, Erazzú *et al.* 1996, Oliveira *et al.* 2005).

A correlação genotípica dos clones através dos ambientes foi de 0,4911 (Tabela 1), revelando nível moderado de interação complexa, indicando que a classificação dos clones através dos ambientes não necessariamente será a mesma; ou seja, um clone classificado como de ótima produtividade no ambiente 1 não necessariamente o será no ambiente 2 ou em qualquer outro ambiente. Isso pode ser observado na Tabela 1, onde estão destacados os valores genotípicos dos cinco clones superiores em cada local.

Na Tabela 1 são apresentados também os valores genotípicos ( $\hat{\mu} + \hat{g}$ ) para o ambiente médio, representado pelos sete locais. Os cinco melhores, com valores destacados de BLUP, são: RB947520, RB957712, SP86-42, RB867515 e RB928064. Por meio da predição de  $\mu + g$  para esses clones sugere-se a possibilidade de cultivá-los também em ambientes diferentes daqueles da rede experimental avaliada, já que os clones foram ordenados com base em valores genotípicos livres da interação genótipo x ambiente. Neste caso, o ganho genético predito com o cultivo de RB947520 e RB957712 seria de 16,09% contra 12,29% de ganho pela seleção dos cultivares RB867515, SP86-42 e RB928064. O ganho genético

Tabela 1. Estimativas dos valores genotípicos, relacionados ao caráter toneladas de Brix por hectare (TBH), de clones de cana-de-açúcar, para sete ambientes e para o ambiente médio não se capitalizando a interação genótipo x ambiente.

Clones <sup>1</sup>	Ambiente 1 (AGR)	Ambiente 2 (ATE)	Ambiente 3 (DAB)	Ambiente 4 (DWD)	Ambiente 5 (UAP)	Ambiente 6 (UJA)	Ambiente 7 (UTR)	Ambiente Médio
	$\hat{\mu}_1 + \hat{g} + \hat{g}_e$	$\hat{\mu}_2 + \hat{g} + \hat{g}_e$	$\hat{\mu}_3 + \hat{g} + \hat{g}_e$	$\hat{\mu}_4 + \hat{g} + \hat{g}_e$	$\hat{\mu}_5 + \hat{g} + \hat{g}_e$	$\hat{\mu}_6 + \hat{g} + \hat{g}_e$	$\hat{\mu}_7 + \hat{g} + \hat{g}_e$	$\hat{\mu} + \hat{g}$
RB72454	22,7722	19,1715	34,9810	26,1169	36,8879	17,3820	18,1160	24,9025
RB835486	22,8272	13,8817	26,8206	25,6018	30,8045	16,3358	16,5561	22,0902
RB867515	23,6221	18,2325	<u>36,5724</u>	<u>29,9122</u>	<u>40,3791</u>	20,9598	<u>19,3259</u>	<u>26,5920</u>
RB896391	22,3086	16,5911	35,2488	25,6200	39,7531	20,6223	15,6461	24,9476
RB896406	22,8572	20,4155	34,9653	28,8971	38,8569	20,4966	14,6981	25,6192
RB928064	24,1033	20,1959	<u>37,1253</u>	29,5109	39,4323	21,1427	17,4582	<u>26,5876</u>
RB937570	22,9165	19,5931	35,8213	28,2492	40,0722	21,6266	16,0424	26,0093
RB947520	24,0514	<u>21,3929</u>	<u>37,2261</u>	<u>32,7801</u>	<u>41,0731</u>	<u>24,2976</u>	<u>19,6594</u>	<u>28,0201</u>
RB947532	21,1159	15,1649	34,5440	25,6607	38,8987	17,6580	18,7847	24,4545
RB947577	19,6765	17,8705	34,8732	27,9654	38,3098	18,8486	18,3953	24,9662
RB947596	18,5903	21,0879	31,9585	27,6258	36,0770	17,7226	15,1796	24,0084
RB947643	<u>27,4411</u>	14,3184	34,4560	28,6219	37,6187	17,4925	14,6588	24,8005
RB947649	<u>24,7887</u>	17,4342	33,6640	25,5873	36,3421	17,1537	16,6884	24,4335
RB957610	24,6718	18,6005	<u>36,8067</u>	28,1010	<u>40,5536</u>	19,4077	19,1040	26,3731
RB957612	21,9019	<u>21,6134</u>	<u>32,2523</u>	29,2662	39,6655	19,1421	18,2543	25,7323
RB957649	22,6652	19,6549	34,3172	28,2893	38,2014	<u>22,2682</u>	<u>20,0211</u>	26,1456
RB957689	24,1316	15,8317	32,4100	25,1353	35,3420	19,5275	16,4116	24,0765
RB957697	23,5246	19,0128	33,4065	27,7738	39,6008	20,4003	18,8065	25,7858
RB957712	<u>25,5485</u>	<u>21,8301</u>	33,6160	<u>30,2249</u>	<u>40,4992</u>	<u>25,6808</u>	17,3954	<u>27,3126</u>
RB967561	20,9175	19,5118	34,0693	<u>30,3991</u>	38,5766	<u>22,7993</u>	14,3667	25,5512
RB967590	21,6848	18,9417	<u>36,0521</u>	28,3599	39,4891	19,9265	16,2515	25,5593
RB967603	24,0649	<u>21,0992</u>	35,2923	28,2186	38,9338	21,3295	17,0188	26,2128
RB967623	<u>24,9311</u>	17,8733	34,0723	26,1092	38,3372	18,5952	17,7124	25,1767
RB977509	23,7390	21,0019	33,6288	26,7936	<u>40,9058</u>	21,5207	<u>19,2233</u>	26,3193
SP85-3877	22,6177	17,2430	33,3395	27,2949	37,7387	<u>22,9554</u>	17,4040	25,2965
SP86-42	<u>25,7855</u>	<u>21,6490</u>	35,5603	<u>30,7404</u>	38,8820	<u>20,5638</u>	<u>19,9531</u>	<u>27,1059</u>
Média geral	21,3500	17,4615	32,2543	25,8841	36,3259	18,0804	15,4634	23,8313
Ganho genético (%) <sup>2</sup>	20,36%	23,22%	7,75%	19,03%	11,99%	30,52%	26,98%	13,81%
CV <sub>g</sub> (%)	12,7342	10,3685	11,9833	11,7716	10,3776	20,2105	20,0077	9,5336
CV <sub>e</sub> (%)	18,6473	25,1775	10,4305	16,3881	9,6393	21,1111	27,8317	16,4715
$\hat{r}_{gloc}$	-	-	-	-	-	-	-	0,4911

<sup>1</sup>- Os clones cujos valores genotípicos estão sublinhados representam os cinco melhores em cada ambiente, num total de setenta clones avaliados.

<sup>2</sup>- O ganho genético refere-se também à seleção dos cinco melhores clones. A estimativa  $\hat{r}_{gloc}$  refere-se à correlação genotípica através dos ambientes.

pela seleção dos cinco clones superiores com base no ambiente médio é de 13,81%.

Na Tabela 2 são apresentadas as estimativas dos valores genotípicos capitalizando a interação média entre genótipos e ambientes ( $ge_m$ ) nos sete ambientes. Neste caso recomendam-se, para o cultivo nas áreas dessa mesma rede experimental ou em áreas com o mesmo padrão de interação genótipo x ambiente, os clones RB867515, RB928064, SP86-42, RB947520 e RB957712. As duas seleções (Tabela 1 e Tabela 2) são idênticas em termos dos clones selecionados, mas as predições dos valores genotípicos no segundo caso (Tabela 2) são superiores àquelas apresentadas na Tabela 1. Essa superioridade, entretanto, só serão capitalizada se os clones forem plantados em áreas com o mesmo padrão de interação genótipo x ambiente da rede experimental avaliada; caso contrário, as inferências sobre médias genotípicas baseadas na Tabela 1 são mais seguras.

Por outro lado, para capitalizar a interação genótipo x ambiente sugere-se o plantio, em cada local, dos clones com valores BLUP destacados na Tabela 1. Desta forma, com o plantio dos cinco melhores

clones em cada local estimam-se ganhos com a seleção, na ordem de 21,36%, 23,22%, 7,75%, 19,03%, 11,99%, 30,52% e 26,98%, respectivamente, para os ambientes AGR, ATE, DAB, DWD, UAP, UJA e UTR. É importante ressaltar que os BLUPs obtidos por local levam em consideração a informação de toda rede de experimentos. Portanto, tais predições são mais precisas do que os valores BLUP obtidos por meio das análises por local.

Nos parágrafos anteriores foram feitas inferências para seleção de clones por meio dos valores genotípicos por local e com base na média dos ambientes capitalizando ou não a interação média. Porém, para análise de estabilidade (constância do comportamento genotípico através dos locais) e adaptabilidade (capacidade de resposta à melhoria ambiental) é necessário utilizar metodologias apropriadas, dentre as quais se destacam aquelas baseadas em análise de regressão (Eberhart & Russel 1966) e os modelos multiplicativos para efeitos da interação-AMMI (Kempton 1984). Há também os métodos não-paramétricos de interpretação mais simples, que incorporam em estatística única a

Tabela 2. Estimativas dos valores genotípicos<sup>1</sup> capitalizando-se a interação genótipo x ambiente média ( $ge_m$ ) nos sete ambientes, para produtividade, adaptabilidade e estabilidade, utilizando-se a média harmônica da performance relativa dos valores genotípicos (MHPRVG) e a metodologia das diferenças em relação à reta bissegmentada ponderadas pelo coeficiente de variação residual (DRRB-CV), para clones de cana-de-açúcar, considerando-se o caráter toneladas de Brix por hectare (TBH).

Clones	$\hat{\mu} + \hat{g} + \hat{g}e_m$	Clones	MHPRVG <sub>i</sub>	MHPRVG <sub>i</sub> * $\mu$	DRRB-CV					
					Clones	P <sub>i</sub>	Clones	P <sub>i f</sub>	Clones	P <sub>i d</sub>
RB947520	28,6401	RB947520	1,2121	28,8861	RB947520	22,7241	RB947520	12,4548	RB957712	29,4841
RB957712	27,8279	RB957712	1,1782	28,0777	RB957712	24,2646	RB867515	13,8424	RB957649	30,1317
SP86-42	27,5906	SP86-42	1,1721	27,9332	SP86-42	24,5797	RB928064	14,3459	RB977509	30,3604
RB867515	27,0006	RB928064	1,1367	27,0881	RB867515	24,7369	RB957610	14,3506	RB947520	30,4261
RB928064	26,9955	RB867515	1,1343	27,032	RB957649	25,0014	RB967590	14,8641	SP86-42	30,8301
RB957610	26,7493	RB977509	1,1311	26,9561	RB957610	25,2221	RB937570	15,2097	SP85-3877	32,3927
RB977509	26,6876	RB957649	1,1253	26,818	RB977509	25,3996	RB967561	15,6285	RB967603	32,5831
RB967603	26,5653	RB967603	1,1226	26,7542	RB928064	25,8981	RB896406	15,6781	RB957697	32,6220
RB957649	26,4882	RB957610	1,1221	26,7410	RB967603	26,0170	RB947577	15,8715	RB867515	32,9078
RB937570	26,3316	RB937570	1,1031	26,2874	RB957697	26,3981	RB947643	16,2227	RB957610	33,3756
RB957697	26,0750	RB957697	1,1025	26,2739	RB937570	26,6340	SP86-42	16,2457	RB72454	33,9075
RB957612	26,0137	RB957612	1,0981	26,1692	SP85-3877	26,7438	RB896391	16,9057	RB957612	34,1104
RB896406	25,8838	RB896406	1,0808	25,7572	RB957612	27,0151	RB967603	17,2623	RB957689	34,2915
RB967590	25,8151	RB967590	1,0782	25,6941	RB72454	27,4232	RB957712	17,3051	RB967623	34,4512
RB967561	25,8058	SP85-3877	1,0751	25,6209	RB947577	27,7341	RB947532	17,3111	RB928064	34,5623
SP85-3877	25,5133	RB967561	1,0728	25,5669	RB967590	27,7729	RB957612	17,5547	RB937570	35,2023
RB967623	25,3758	RB967623	1,0664	25,4135	RB967623	27,9066	RB957697	18,0995	RB947649	36,4309
RB947577	25,1342	RB72454	1,0542	25,1234	RB967561	28,4378	RB957649	18,1610	RB947577	36,6311
RB896391	25,1128	RB947577	1,0509	25,0453	RB896406	28,4471	RB72454	18,7775	RB896391	37,1209
RB72454	25,0611	RB896391	1,0426	24,8476	RB896391	28,4572	RB977509	18,7851	RB967590	37,4545
RB947643	24,9439	RB947649	1,0275	24,4864	RB947532	28,9002	RB967623	19,1805	RB947532	37,5920
RB947532	24,5467	RB947532	1,0166	24,2262	RB957689	29,2370	SP85-3877	19,2120	RB896406	38,0237
RB947649	24,5226	RB947643	1,0157	24,2044	RB947649	29,5109	RB947596	19,7658	RB967561	38,0447
RB957689	24,1128	RB957689	1,0132	24,1466	RB947643	29,9917	RB947649	20,2842	RB835486	38,9247
RB947596	24,0345	RB947596	1,0045	23,9392	RB947596	30,7169	RB957689	22,4977	RB947596	38,9302
RB835486	21,8325	RB835486	0,9178	21,8727	RB835486	34,5096	RB835486	28,6229	RB947643	40,3184

<sup>1</sup>  $\mu$ : média geral; P<sub>i</sub>, P<sub>i f</sub> e P<sub>i d</sub>: parâmetros de medida da adaptabilidade e estabilidade de comportamento, considerando-se todos os ambientes, apenas os ambientes favoráveis e apenas os ambientes desfavoráveis, respectivamente, segundo a metodologia DRRB-CV.

estabilidade e a adaptabilidade, tais como os de Annicchiarico (1992) e Lin & Binns (1988).

Tais procedimentos fazem uso de médias fenotípicas após a realização das análises estatísticas via procedimento tradicional de análise da variância (ANOVA). Entretanto, a ANOVA clássica é um recurso estatístico limitado, que, muitas vezes, não permite lidar com dados desbalanceados e delineamentos experimentais não-ortogonais, como o de blocos aumentados empregado neste trabalho. Além disso, há limitação para análise conjunta no caso de heterogeneidade de variâncias entre os vários locais. Nestas situações, indica-se a metodologia de modelos mistos. Neste sentido, Bastos (2005) estimou os componentes de variância via máxima verossimilhança restrita (REML) e obteve os valores genotípicos (BLUP), que foram utilizados para a análise de estabilidade e adaptabilidade via os modelos de Wricke & Weber (1986), Eberhart & Russell (1966) e Cruz & Carneiro (2003). Nesse caso, ao invés de estabilidade e adaptabilidade fenotípica poder-se-ia empregar o termo estabilidade e adaptabilidade genotípica.

Por sua vez, o método MHPRVG baseia-se em valores genotípicos preditos via modelos mistos e agrega, em uma única estatística, a produtividade, a estabilidade e a adaptabilidade. Verifica-se na Tabela 2 que as estimativas dos valores genotípicos para o ambiente médio, capitalizando-se a interação média ( $\hat{\mu} + \hat{g} + \hat{g}_{e_m}$ ), pelo método MHPRVG e pela estatística  $P_i$ , coincidiram na classificação dos três primeiros clones. Essas metodologias indicaram os clones RB947520, RB957712 e SP86-42 como sendo os de melhor desempenho quando se consideraram todos os ambientes avaliados.

Os valores de MHPRVG indicam a superioridade média do genótipo em relação à média geral dos ambientes, já penalizada pela instabilidade através dos ambientes. Assim, os clones RB947520, RB957712 e SP86-42 apresentaram respectivamente, superioridade média de 21,21%, 17,82% e 17,21% sobre a média geral dos sete ambientes avaliados. Os valores de  $MHPRVG_i * \mu$  fornecem o valor genotípico médio dos clones nos locais avaliados, valor este já penalizado pela instabilidade e capitalizado pela adaptabilidade, propriedades intrínsecas ao método MHPRVG.

As correlações entre os valores genotípicos preditos por ( $\hat{\mu} + \hat{g} + \hat{g}_{e_m}$ ) e pelo método MHPRVG,

bem como as estimativas de adaptabilidade e estabilidade obtidas pela metodologia DRRB-CV encontram-se na Tabela 3. Os resultados concordam com Oliveira *et al.* (2005), que obtiveram correlação de -0,9487 entre o método MHPRVG e a estatística  $P_i$ . Essas elevadas correlações confirmam a semelhança desses métodos na classificação e identificação dos genótipos mais estáveis e responsivos às condições ambientais.

Resende (2004) verificou que o método MHPRVG produziu exatamente o mesmo ordenamento que a estatística  $P_i$ , podendo assim ser usado vantajosamente no contexto dos modelos mistos com efeitos genéticos aleatórios. Além disso, a estatística MHPRVG, ao contrário da estatística  $P_i$ , apresenta a vantagem de fornecer resultados na mesma escala do caráter avaliado, podendo ser interpretados diretamente como valores genéticos (Oliveira *et al.* 2005). Ressalta, ainda, a eficácia do BLUP em eliminar efeitos ambientais e os ruídos da interação, destacada por Resende (2004).

Cruz & Carneiro (1998) apresentaram algumas modificações na estatística  $P_i$  de Linn & Binns, desenvolvendo o que chamaram "diferenças em relação à reta bissegmentada ponderadas pelo coeficiente de variação residual (DRRB-CV)". Através dessa metodologia estimam-se "medidas da adaptabilidade e estabilidade de comportamento" (MAEC), para todos os ambientes ou para a condição específica de ambiente favorável ou desfavorável. No presente estudo, realizaram-se as análises para os ambientes favoráveis (DAB, DWD e UAP) e desfavoráveis (AGR, ATE, UJA e UTR), separadamente, e obtiveram-se as correlações entre as estatísticas  $P_{if}$  e MHPRVGf e entre  $P_{id}$  e

Tabela 3. Estimativas da correlação ordinal de Spearman entre os valores genotípicos preditos por  $\mu + g + g_{e_m}$  e pelo método MHPRVG, entre si e com as estimativas de adaptabilidade e estabilidade estimados pela metodologia DRRB-CV, para clones de cana-de-açúcar, considerando-se o caráter toneladas de Brix por hectare.

Método <sup>1</sup>	MHPRVG	$P_i$	$P_{if}$	$P_{id}$
$\mu + g + g_{e_m}$	0,9891**	-0,9473**	-0,9973**	-0,9303**
MHPRVG	-	-0,9556**	-0,9959**	-0,9432**

\*\* - valores diferentes de zero a 1% de probabilidade.

<sup>1</sup> -  $P_i$ ,  $P_{if}$  e  $P_{id}$ : medidas da adaptabilidade e estabilidade de comportamento (parâmetros MEAC), considerando todos os ambientes, apenas os ambientes favoráveis e apenas os ambientes desfavoráveis, respectivamente, segundo a metodologia das diferenças em relação à reta bissegmenta ponderadas pelo coeficiente de variação residual, adaptada por Cruz & Carneiro (1998).

MHPRVGd. Esse mesmo procedimento foi utilizado também em relação aos valores genotípicos ( $\hat{\mu} + \hat{g} + \hat{g}e_m$ ). As correlações foram altas em todas as situações (Tabela 3), sendo o menor valor de 0,9303, entre ( $\hat{\mu} + \hat{g} + \hat{g}e_m$ ) e  $P_{id}$ , e o maior de 0,9973, entre ( $\hat{\mu} + \hat{g} + \hat{g}e_m$ ) e  $P_{if}$ .

Em termos de inferência sobre a produtividade esperada, os valores genotípicos preditos neste trabalho podem ser empregados do seguinte modo: *i*) para plantios em cada ambiente da rede experimental considerar valores genotípicos preditos por ambiente ( $\mu + g + ge$ ); *ii*) para plantios em vários outros ambientes com o mesmo padrão de interação genótipo x ambiente da rede experimental, considerar valores genotípicos preditos capitalizando o efeito médio do ambiente ( $\mu + g + ge_m$ ); *iii*) para plantios em outros ambientes desconhecidos ou com padrão de interação diferente daquele da rede experimental, ou com alta heterogeneidade ambiental dentro de local, considerar valores genotípicos preditos para vários locais, livres da interação ( $\mu + g$ ); *iv*) para plantios em vários outros ambientes com variados padrões de interação, considerar valores genotípicos preditos penalizados pela instabilidade e capitalizados pela adaptabilidade (MHPRVG).

### CONCLUSÕES

1. Entre os genótipos avaliados, destacaram-se os clones RB947520, RB957712 e SP86-42, quanto à produtividade, adaptabilidade e estabilidade, pelos métodos MHPRVG e DRRB-CV.
2. O método MHPRVG mostrou-se altamente correlacionado com o método DRRB-CV, contudo, MHPRVG apresenta a vantagem de fornecer resultados na própria escala e medição do caráter avaliado, podendo ser interpretados diretamente como valores genéticos para produtividade, estabilidade e adaptabilidade simultaneamente;
3. Os valores genotípicos capitalizando a interação genótipo x ambiente apresentaram alta correlação com os valores preditos pelo método MHPRVG e com as medidas de adaptabilidade e estabilidade de comportamento da metodologia DRRB-CV.

### AGRADECIMENTOS

Ao CNPq, pela bolsa de produtividade em pesquisa ao segundo autor. À FAPEMIG, usinas e destilarias do setor sucroalcooleiro de Minas Gerais, pelo suporte financeiro ao Programa de Melhoramento Genético da Cana-de-Açúcar (PMGCA-UFV). À Rede Interuniversitária para Desenvolvimento do Setor Sucroalcooleiro (RIDESA), pela cessão de certos clones usados na pesquisa.

### REFERÊNCIAS

- Annicchiarico, P. 1992. Cultivar adaptation and recommendation from alfalfa trials in Northern Italy. *Journal of Genetics and Plant Breeding*, 46: 269-278.
- Bastos, I.T. 2005. Seleção, adaptabilidade e estabilidade genotípica de clones de cana-de-açúcar utilizando modelos mistos. Tese doutorado, UFV, Viçosa. 140 p.
- Cruz, C.D. & P.C.S. Carneiro. 2003. Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético. UFV, Viçosa. 585 p.
- Cruz, C.D. 2001. Programa Genes - Versão Windows: aplicativo computacional em genética e estatística. UFV, Viçosa. 648 p.
- Cruz, C.D., R.A. Torres & R. Vencovsky. 1989. An alternative approach to the stability analysis proposed by Silva e Barreto. *Revista Brasileira de Genética*. 12: 567-580.
- Eberhart, S.A. & W.A. Russell. 1966. Stability parameters for comparing varieties. *Crop Science*, 6: 36-40.
- Erazzú, L. E., E. R. Chavanne & J.A. Mariotti. 1996. Aplicacion de dos metodos para estimar la estabilidad del comportamiento productivo de genotipos de caña azucar (*Saccharum* spp.) en Tucumán, Argentina. *Revista Industrial y Agrícola de Tucumán*, 73: 37-43.
- Ferreira, A., M.H.P. Barbosa, C.D. Cruz, H.P. Hoffmann, M.A.S. Vieira, A.I. Bassinello & M.F. Silva. 2005. Repetibilidade e número de colheitas para seleção de clones de cana-de-açúcar. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, 40: 761-767.
- Jackson, P., J.K. Bull & T.A. McRae. 1995. The role of family selection in sugarcane breeding programs and the effect of genotype x environment interactions. *Proceedings of Australian Society of Sugar Cane Technologists*, 22: 261-270.
- Kempton, R.A. 1984. The use of biplots in interpreting variety by environment interactions. *Journal of Agricultural Science*, 103: 123-135.



- Koffler, N.F., M.B. Coelho, H.E. Weber & E.B. Garcia. 1988. Caracterização edafo-climática do Estado de Minas Gerais para a cultura da cana-de-açúcar. Planalsucar. 98 p.
- Lin, C.S. & M.R. Binns. 1988. A method of analyzing cultivar x location x year experiments: a new stability parameter. *Theoretical and Applied Genetics*, 76: 425-430.
- Oliveira, R., M.D.V. Resende, E. Daros, J.C. Bessalho Filho, J.L. Zambon, O. Ido, & H. Koehler. 2005. Genotypic evaluation and selection of sugarcane clones in three environments in the state of Paraná. *Crop Breeding and Applied Biotechnology*, 5: 426-434.
- Resende, M.D.V. de. 2002. Genética biométrica e estatística no melhoramento de plantas perenes. Embrapa, Brasília. 975 p.
- Resende, M.D.V. 2004. Métodos Estatísticos Ótimos na Análise de Experimentos de Campo.: Embrapa Florestas, Colombo. 65 p. (Documentos 100).
- Resende, M.D.V. de, E.B. de Oliveira, L.C. Melinski, F.S. Goulart & G.R. Oaida. 1994. Selegen - Seleção genética computadorizada: Manual do usuário. Embrapa, CNPF, Colombo. 31 p.
- Steel, R.G.D., J.H. Torrie & D.A. Dickey. 1997. Principles and procedures of statistics: a biometrical approach. McGraw Hill, New York. 666 p.
- Wricke G. & W.E. Weber. 1986. Quantitative genetics and selection in plant breeding. Walter de Gruyter, Berlin. 406 p.
- Van Eeuwijk, F.A. 1995. Linear and bilinear models for the analysis of multi-environment trials: I. An inventory of models. *Euphytica*, 84: 1-7.