

MAURO SERGIO DE OLIVEIRA LEITE

ANÁLISE MULTIAMBIENTES VISANDO A RECOMENDAÇÃO
REGIONALIZADA DE CLONES DE CANA-DE-AÇÚCAR

Tese apresentada à Universidade Federal de Viçosa, como parte das exigências do Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento, para obtenção do título de *Doctor Scientiae*.

VIÇOSA
MINAS GERAIS – BRASIL
2011

**Ficha catalográfica preparada pela Seção de Catalogação e
Classificação da Biblioteca Central da UFV**

T

L533a
2011

Leite, Mauro Sérgio de Oliveira, 1981-
Análise multiambientes visando a recomendação regionali-
zada de clones de cana-de-açúcar / Mauro Sérgio de Oliveira
Leite. – Viçosa, MG, 2011.
xi, 72f. : il. (algumas col.) ; 29cm.

Orientador: Luiz Alexandre Peternelli
Tese (doutorado) - Universidade Federal de Viçosa.
Inclui bibliografia.

1. Cana-de-açúcar - Melhoramento genético.
2. Cana-de-açúcar - Adaptação. I. Universidade Federal de Viçosa. II. Título.

CDD 22. ed. 633.612

MAURO SERGIO DE OLIVEIRA LEITE

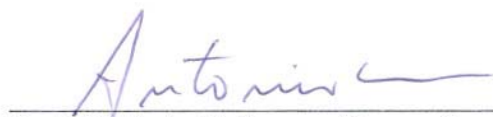
ANÁLISE MULTIAMBIENTES VISANDO A RECOMENDAÇÃO
REGIONALIZADA DE CLONES DE CANA-DE-AÇÚCAR

Tese apresentada à Universidade
Federal de Viçosa, como parte das exigências
do Programa de Pós-Graduação em Genética
e Melhoramento, para obtenção do título de
Doctor Scientiae.

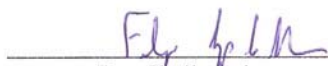
APROVADA: 5 de julho de 2011



Prof. Paulo Roberto Cecon



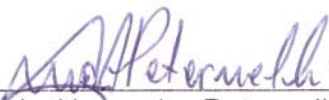
Prof. Antônio Policarpo Souza Carneiro



Dr. Felipe Lopes da Silva



Prof. Pedro Crescêncio Souza Carneiro



Prof. Luiz Alexandre Peternelli
(Orientador)

DEDICO

A **Jesus**, por ter ajudado nas quedas da minha vida, permitindo que elas não fossem definitivas.

E a **Deus**, por continuar me olhando sempre com um amor incondicional!

“Já começou a vencer aquele que se levantou
para recomeçar o caminho”.

Pr. Fábio de Melo

"Comece fazendo o que é necessário,
depois faça o que é possível e, de repente,
você estará fazendo o impossível".

São Francisco

AGRADECIMENTOS

A Deus, por estar sempre ao meu lado, cuidando de mim e guiando os meus passos, mesmo quando estive de olhos e coração fechados, surdo para ouvir a sua voz.

A toda a sociedade brasileira que, com o suor do seu trabalho, paga seus impostos. Ao Governo Federal, por investir em mim parte desse recurso, me dando ensino de qualidade, alimentação barata e moradia estudantil quando eu mais precisei, me sustentando também financeiramente através de bolsas de todos os tipos, que me ajudaram a chegar até aqui. O meu sincero obrigado.

Ao CNPq, pela bolsa nos primeiros meses do curso de doutorado.

À Universidade Federal de Viçosa que, além de uma formação acadêmica sólida, me proporcionou uma grande experiência pessoal e religiosa, ótimos amigos e uma família.

Ao Programa de Pós-graduação em Genética e Melhoramento, que possibilitou o avanço do meu conhecimento técnico e a especialização necessária para enfrentar o mercado de trabalho.

Ao CTC - Centro de Tecnologia Canavieira, por me dar todo o suporte necessário para que eu completasse mais essa etapa e pela oportunidade de trabalhar em uma empresa de pesquisa de ponta no cenário mundial.

Ao professor Luiz Alexandre Peternelli, que me conheceu quando eu ainda era moleque na Iniciação Científica e me formou como um filho, abrindo sua casa para que eu convivesse com sua família. Pelos momentos agradáveis nas longas conversas sobre os trabalhos e sobre a vida, guardados na minha lembrança com muita saudade. Por me dar a oportunidade de poder trabalhar antes de defender a tese, por ouvir minhas desculpas, aceitar meus atrasos e erros e, ainda assim, manter a confiança em meu trabalho e na minha capacidade. Pelos elogios, pela ótima orientação, exemplo profissional e por me formar um Doutor, a minha eterna gratidão.

Ao professor Márcio Barbosa, pelo aconselhamento, amizade e incentivo profissional.

Ao pesquisador Marcos Deon, pelo aconselhamento e pela disponibilidade em sempre me atender quando preciso.

Aos professores Antônio Policarpo, Pedro Crescêncio e Paulo Cecon e ao pesquisador Felipe Lopes, por participarem da minha banca de defesa, fazendo dela um momento de grande crescimento e aprendizado. Agradeço também pelas valiosas sugestões e correções na tese.

Ao Arnaldo Raizer, por entender e aceitar minhas horas dedicadas aos estudos, mesmo que o trabalho estivesse atrasado. Por todas as dicas, por liberar minhas viagens a Viçosa e por permitir que o CTC fosse um parceiro na minha tese, o meu mais sincero agradecimento.

A todos da equipe técnica do Programa de Variedades do CTC, que tornaram possível a realização da tese, pois sem eles os dados não existiriam.

Aos amigos que fiz no CTC, por me suportarem nesse tempo de um único assunto: TESE.

A minha amada esposa Marcinha, minha pequena Tica, primeiramente por te se casado comigo durante essa jornada. Pelo seu amor, por cuidar de mim principalmente nos meses em que eu estive só pensando na tese, por me lembrar de comer, de tomar banho, de cuidar da minha saúde... Pelo seu exemplo de dedicação com os estudos, pegando no meu pé quando eu não me dedicava aos meus. Por estar ao meu lado e por tornar minha vida mais feliz e completa, pois só sou assim porque a tenho ao meu lado.

Aos meus amados pais, Maria Emília e Sérgio Henrique, por pegarem no meu pé para defender a tese, com muito amor e carinho! Sei que, na verdade, queriam era mais tempo para ficar perto do seu filho enrolado... Por todo o apoio nas minhas decisões, sejam elas pessoais ou profissionais e por me guiarem pelo caminho das pedras da vida.

Ao meu querido irmão Paulo Henrique, pelas conversas em voz alta na cozinha sobre ciência, religião, política, casamento, carros, pescaria, trabalho, dinheiro... Enfim, pela alegria de ter um irmão para viver a vida e partilhar com ele de tudo isso.

Aos meus sogros, cunhados e cunhadas, que compartilharam comigo de mais uma etapa vitoriosa.

Ao Délio, por ser mais que um amigo, por ser minha família em Viçosa, por me apoiar sempre e me ajudar muito, mesmo de longe, não importa a situação. Por abrir as portas da sua casa e da sua vida para que eu pudesse entrar, por me levar cada vez mais pra perto de Deus em cada conversa e

pelos frequentes churrascos quando estive em Viçosa, o meu agradecimento com muito carinho.

A Denilce, Taís e Flaviane, pela amizade mantida à distância, mesmo sem se falar ou trocar emails. Pelo imenso amor, carinho, apoio e pelos bons momentos de descontração quando estivemos juntos, muito obrigado.

A Ethel e ao Márcio Pupin pela grande amizade e valiosa ajuda neste trabalho, pois sem a cobrança carinhosa deles a tese não sairia.

A todos que aqui não estão citados, mas que compartilharam comigo dessa grande jornada!

BIOGRAFIA

MAURO SERGIO DE OLIVEIRA LEITE, filho de um grandioso PAI, com letras maiúsculas, chamado Sérgio Henrique Muraro Leite e de uma amorosa mãe que conhece como ninguém o coração do seu filho, Maria Emília de Oliveira Leite. Tem um único irmão, Paulo Henrique de Oliveira Leite, um grande homem que nasceu para voar e que hoje ganha a vida cruzando os céus do mundo para representar e defender o nosso país.

Nasceu em Três Pontas, Minas Gerais, no dia 29 de setembro de 1981 e abandonou sua terra natal em março de 2000, quando iniciou o curso de Agronomia na Universidade Federal de Viçosa, graduando-se em julho de 2005.

Em agosto do mesmo ano, iniciou o Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento na Universidade Federal de Viçosa, em nível de Mestrado, tendo defendido a dissertação em 16 de março de 2007.

Em março de 2007, iniciou o Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento na Universidade Federal de Viçosa, em nível de Doutorado. Em agosto de 2007 foi contratado como pesquisador pelo CTC – Centro de Tecnologia Canavieira, em Piracicaba/SP, para fazer parte da equipe do Programa de Melhoramento de Cana-de-açúcar da empresa, função que continua exercendo até a data de publicação deste trabalho.

Depois de muita expectativa por parte da família, amigos, colegas de trabalho e principalmente do seu orientador, defendeu a tese em 05 de julho de 2011.

ÍNDICE

RESUMO	ix
ABSTRACT	xi
INTRODUÇÃO GERAL	1
CAPÍTULO 1	
1. REVISÃO DE LITERATURA.....	4
1.1. Interação genótipos x ambientes.....	4
1.2. Adaptabilidade e estabilidade.....	5
1.3. Regionalização de ensaios.....	8
1.4. Ambientes de produção e regionalização em cana-de-açúcar.....	10
1.5. Estratificação ambiental.....	12
2. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS.....	15
CAPÍTULO 2	
Regionalização de ensaios de competição de clones de cana-de-açúcar via modelos mistos	
1. RESUMO.....	22
2. ABSTRACT.....	23
3. INTRODUÇÃO.....	23
4. MATERIAL E MÉTODOS.....	26
4.1. Obtenção dos dados e detalhes experimentais.....	26
4.2. Procedimentos estatísticos e genéticos.....	28
5. RESULTADOS E DISCUSSÃO.....	30
6. CONCLUSÕES.....	45
7. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS.....	45
CAPÍTULO 3	
Aplicação da análise GGE Biplot para regionalização de ensaios de competição de clones de cana-de-açúcar	
1. RESUMO.....	48
2. ABSTRACT.....	49
3. INTRODUÇÃO.....	49
4. MATERIAL E MÉTODOS.....	51

4.1. Obtenção dos dados e detalhes experimentais.....	51
4.2. Procedimentos estatísticos.....	53
5. RESULTADOS E DISCUSSÃO.....	56
6. CONCLUSÕES.....	69
7. REFERÊNCIAS BIBLIOGRAFICAS.....	69
CONCLUSÕES GERAIS.....	72

RESUMO

LEITE, Mauro Sergio de Oliveira, D.Sc., Universidade Federal de Viçosa, julho de 2011. **Análise multiambiental visando a recomendação regionalizada de clones de cana-de-açúcar.** Orientador: Luiz Alexandre Peternelli. Co-Orientadores: Márcio Henrique Pereira Barbosa e Marcos Deon Vilela de Resende.

Os objetivos do presente trabalho foram avaliar a regionalização de ensaios finais de competição de clones de cana-de-açúcar utilizando a metodologia REML/BLUP no contexto dos modelos mistos, visando a recomendação regionalizada, bem como utilizar a análise GGE biplot com abordagem nos genótipos vencedores, buscando determinar um padrão de estratificação dos ensaios. Foram analisados dados de 215 ensaios, no delineamento em blocos casualizados completos, com três repetições, compostos por 75 clones diferentes e 13 variedades padrão, divididos em cinco anos de plantio dos ensaios. Os locais foram previamente agrupados em cinco ou seis regiões com base na caracterização do “Ambiente Edafoclimático” de cada local. As estimativas de componentes de variância e predições de valores genotípicos foram obtidas por meio do procedimento REML/BLUP, utilizando o software SELEGEN-REML/BLUP e empregando o modelo 53. Foram avaliadas a tonelada de cana e de pol por hectare estimadas para a média de cinco cortes (TCH_e5c e TPHe_{5c}). As análises GGE biplot foram realizadas considerando o modelo simplificado para dois componentes principais, centrado no local, utilizando o software livre R. No contexto dos modelos mistos é possível agrupar regiões edafoclimáticas distintas, pois a interação genótipos x locais é alta em todas as regiões e mostrou-se mais baixa quando as regiões são agrupadas duas a duas. Na análise conjunta de todas as regiões, visando recomendação de ampla adaptação, 13 genótipos de adaptação regional são descartados. Há um ganho genético 0,7% e 1,1% maior para TCH_e5c e TPHe_{5c}, respectivamente, quando a recomendação de genótipos de adaptação regional é comparada a recomendação de genótipos de adaptação ampla a todas as regiões. Pela análise GGE biplot foram observadas duas regiões estáveis, ou seja, regiões que apresentaram coincidência de locais em, no mínimo, três dos cinco anos avaliados. Regiões edafoclimáticas diferentes foram agrupadas com frequência em uma mesma região ou estrato obtido pela

análise GGE biplot. Os dois estudos concordaram com o fato de que algumas regiões edafoclimáticas apresentam semelhança quanto ao desempenho dos genótipos, permitindo a estratificação da rede experimental em um número menor de regiões.

ABSTRACT

LEITE, Mauro Sergio de Oliveira, D.Sc., Universidade Federal de Viçosa, July, 2011. **Multi-environment analysis aimed at regionalized recommendation of sugarcane clones.** Adviser: Luiz Alexandre Peternelli. Co-Advisers: Márcio Henrique Pereira Barbosa and Marcos Deon Vilela de Resende.

The objectives of this study were to evaluate the regionalization of final competition trials of sugarcane clones using REML/BLUP in the context of mixed models, aiming at the regionalized recommendation, as well as to use the GGE biplot analysis approach on winner genotypes, aiming at determine a pattern of trials stratification. Data from 215 trials were analyzed in randomized complete block design with three replications, consisting of 75 different clones and 13 standard varieties, divided into five years of planting trials. The sites were previously grouped into five or six regions based on the characterization of the "Edaphoclimatic Environment" of each site. Variance components estimates and genotypic values predictions were obtained by the REML/BLUP procedure using the software SELEGEN-REML/BLUP and employing the model 53. Estimated mean to five harvests for tons of cane and pol per hectare (TCH_e5c and TPHe₅c) were evaluated. The GGE biplot analysis was performed considering the simplified model for two principal components, local centered, using the free software R. In the context of mixed models is possible to group different edaphoclimatic regions, since genotype x location interaction is high in all regions and showed to be lower when the regions are grouped two by two. In the joint analysis for all regions, seeking for broad adaptation recommendation, 13 genotypes with regional adaptation are discarded. There is a genetic gain 0.7% and 1.1% higher for TCH_e5c and TPHe₅c, respectively, when the genotype recommendation for regional adaptation is compared to the recommendation of genotypes broadly adapted to all regions. In the GGE biplot analysis two stable regions was observed, in other words, regions that showed coincidence of locations in at least three of the five years evaluated. Different edaphoclimatic regions were often grouped in the same region or strata obtained by GGE biplot analysis. Both studies agreed in the fact that some edaphoclimatic regions showed similar performance of genotypes, allowing the stratification of the experimental network into a smaller number of regions.

INTRODUÇÃO GERAL

Atualmente, o panorama para a agroindústria da cana-de-açúcar tem se mostrado favorável, em função do preço do petróleo e da força de demanda da sociedade com relação à proteção ao meio ambiente. Além disso, o consumo mundial de açúcar e etanol cresce a taxas significativas. No Brasil, o cultivo da cana-de-açúcar continua crescendo nas áreas de usinas tradicionais e em dezenas de novos empreendimentos que estão sendo instalados a passos largos em regiões de expansão da cultura (DINARDO-MIRANDA et al., 2008).

A previsão de área ocupada pela cana-de-açúcar na safra 2010/2011 é de aproximadamente 8,0 milhões de hectares. O total de cana moída previsto é superior a 664 milhões de toneladas, destinadas principalmente à produção de açúcar e etanol. Atualmente, o Brasil é o maior produtor de cana-de-açúcar com aproximadamente 34% da produção mundial (CONAB, 2011).

Graças à eficiência dos programas de melhoramento nacionais, é grande o número de variedades de cana-de-açúcar disponíveis, o que permite a disponibilidade de variedades adaptadas a diversas condições de solo, clima, época de colheita e manejo agrônômico (BRESSIANI et al., 2006).

Recentemente, os programas de melhoramento de cana desenvolvidos no Brasil têm adotado a estratégia de seleção regional, na qual os indivíduos são adaptados de forma específica a cada uma das regiões de cultivo da cultura, abrangendo o centro-sul e o nordeste brasileiro. Para tanto, o acúmulo de observações em anos sucessivos e ciclos distintos (cana planta, soca e ressoca) é usado como principal ferramenta para o exercício do discernimento do melhorista (LANDELL et al., 2005). A seleção de variedades regionais com estratégia semelhante é utilizada nos programas de melhoramento de cana da Austrália (COX et al., 2000), do Caribe (KENNEDY & RAO, 2000) e da África do Sul (SASA, 2011).

Com a realização de uma rede experimental extensa, é possível estudar o comportamento dos genótipos desenvolvidos em ampla faixa de condições ambientais, objetivando identificar os materiais genéticos mais promissores para as diversas condições avaliadas. Isto acontece graças à possibilidade de se analisar a interação dos genótipos com os ambientes que, ao ser quantificada corretamente, pode ser revertida em favor da maximização das produtividades da cultura.

Dessa forma, o melhoramento pode oferecer ao setor produtivo variedades que se sobressaíam em ampla faixa ambiental e variedades adaptadas a condições específicas, que podem ser adversas ou extremamente favoráveis (FELIPE et al., 2010).

Porém, as grandes redes de ensaios destinadas a recomendação de variedades trazem um dilema. Se as recomendações são baseadas no desempenho geral, genótipos com boa adaptação regional podem passar despercebidos, resultando na recomendação de variedades de qualidade inferior. Inversamente, uma tentativa de detectar a adaptação específica a regiões formadas pela subdivisão de grandes áreas de cultivo pode ser comprometida por um número limitado de locais experimentais dentro dessas regiões (PIEPHO & MOHRING, 2005).

Nesse sentido, metodologias estatísticas, analíticas e gráficas, de fácil interpretação, têm sido utilizadas buscando-se a recomendação de genótipos com elevado rendimento em diferentes ambientes (BASTOS et al., 2007). O enfoque tradicional univariado está sendo substituído por uma abordagem que combina técnicas univariadas e multivariadas.

Dentre as metodologias disponíveis, a análise GGE biplot (Genotype and Genotypes by Environments Interaction) ganha lugar de destaque entre os métodos que permitem análise com representação gráfica dos resultados. Já a metodologia REML (máxima verossimilhança restrita) em conjunto com a metodologia BLUP (melhor predição linear não viesada) são as mais eficientes atualmente para estimação de componentes de variância e predição de valores genéticos, respectivamente. Além disso, essas metodologias podem auxiliar em estudos sobre a representatividade das redes experimentais.

Aliados a caracterização cada vez mais detalhada das condições edafoclimáticas das áreas de atuação dos programas de melhoramento de cana-de-açúcar, estudos sobre a regionalização das redes experimentais são necessários, visando atender a crescente demanda por variedades cada vez mais adaptadas a condições específicas.

Para a cultura da cana-de-açúcar, são escassos os trabalhos que integram dados experimentais e informações edafoclimáticas detalhadas, no estudo da regionalização de ensaios finais de competição de clones visando recomendação de variedades regionalizadas.

Diante do exposto, o primeiro capítulo desse trabalho trata de revisão sobre aspectos da interação genótipos x ambientes e formas de quantificar e capitalizar os seus efeitos a favor dos produtores. O segundo capítulo trata da aplicação da metodologia REML/BLUP no contexto dos modelos mistos com o objetivo de avaliar o efeito da subdivisão de ensaios finais de competição de clones de cana-de-açúcar em regiões, baseada nas características edafoclimáticas desses ensaios. O terceiro capítulo trata da aplicação do método de análise gráfica GGE biplot e abordagem nos genótipos vencedores, para o mesmo conjunto de dados, com o objetivo de determinar um padrão de estratificação dos ensaios, com base nos dados experimentais.

CAPÍTULO 1

1. REVISÃO DE LITERATURA

1.1. Interação genótipos x ambientes

As novas variedades de cana-de-açúcar são produzidas por hibridação direcionada e, após obtenção de sementes por reprodução sexuada, são propagadas vegetativamente. A seleção é praticada em todas as fases do melhoramento: na escolha de genitores, na escolha dos cruzamentos, no teste de progênes, em plantas individuais para formação de clones e na multiplicação e avaliação desses clones (BRESSIANI, 2001).

Na etapa final dos programas de melhoramento de cana, os pesquisadores conduzem os experimentos com clones promissores em vários locais e em diferentes regiões, com a parceria de usinas e destilarias, colhidos em diferentes épocas e em média três vezes. As combinações de locais, cortes, épocas e anos agrícolas são consideradas como diferentes ambientes. A obtenção de resultados úteis para o processo de caracterização e recomendação de clones superiores é um dos pontos chave para o sucesso dos programas.

Nesse contexto o desempenho dos novos clones são comparados ao de variedades já plantadas comercialmente e essa etapa é a que mais onera um programa de melhoramento. O objetivo é a melhoria da produtividade agrícola e das características industriais das variedades, que devem ser adaptadas aos diferentes ambientes e técnicas de cultivo, além de apresentarem maior resistência a pragas e doenças (RAIZER et al., 1999).

Um dos principais problemas na recomendação de genótipos de qualquer programa de melhoramento é a interação genótipos x ambientes. A escolha de genótipos com alta produtividade, adaptabilidade e estabilidade é uma das alternativas para minimizar os efeitos dessa interação (CRUZ & CARNEIRO, 2003). Entretanto, a interação pode ser considerada uma oportunidade quando se dispõe de ferramentas que auxiliem no seu entendimento e aproveitamento, capitalizando o resultado a favor do produtor.

Estudos a respeito da relação genótipos x ambientes e os efeitos dessa interação têm sido objeto de diversas pesquisas em programas de

melhoramento genético da cana-de-açúcar, a exemplo dos trabalhos realizados por Kang & Miller (1984), Milligan et al. (1990), Jackson et al. (1992), Farias (1992), Mirzawan et al. (1993), Souza-Vieira & Milligan (1999), Silva et al. (2002), Melo et al. (2006), Bastos et al. (2007), Zeni-Neto et al. (2008) e Candido (2009).

Kim Beng et al. (2002) em estudo das interações em cana-de-açúcar, encontraram forte influência da interação genótipo x local x corte, em relação a interação dos efeitos de genótipo x local ou genótipo x corte, mostrando a grande importância de se avaliar os genótipos em vários locais e anos de colheita. Um dos grandes desafios dos programas de melhoramento é obter o número apropriado de locais e anos de avaliação que os recursos e a logística permitem e aquele que fornece uma classificação consistente dos genótipos.

Já Glaz & Kang (2008), estudando a contribuição de diferentes locais no programa de melhoramento de cana da Flórida, concluíram que a variabilidade atribuída à interação genótipo x local na análise conjunta de cada caráter foi semelhante aquela atribuída à interação genótipo x local x corte, sugerindo que a interação genótipo x local tenha repetibilidade nos cortes.

Na busca por variedades de cana-de-açúcar de maturação precoce para o estado do Paraná, Zeni-Neto et al. (2008) consideraram dados de cana planta, soca e ressoca e observaram a presença de interação genótipo x corte sugerindo que, para alguns genótipos, o desempenho pode ser diferente em cada um dos cortes, dificultando a decisão do melhorista.

Entender as causas da interação genótipos x ambientes é extremamente importante, pois pode contribuir na determinação dos objetivos e das estratégias de melhoramento, bem como identificar condições ideais para experimentação e recomendação regional de variedades com melhor adaptação (YAN et al., 2000).

1.2. Adaptabilidade e estabilidade

Como relataram Pham & Kang (1988) estudando milho, é importante pesquisar em profundidade os níveis de produtividade, o modelo de adaptação e a estabilidade dos genótipos em uma rede de experimentos.

Silva (2008) diz que uma variedade ideal é aquela que tem alta média de produção, mas um baixo grau de flutuação em seu desempenho quando

cultivada sob diversas condições ambientais. Dessa forma, uma nova variedade depende da comprovação do seu desempenho em grande amplitude de condições ambientais, denominado estabilidade fenotípica. De acordo com Resende (2002), um material é considerado estável quando apresenta pequenas variações no seu comportamento geral, ao ser avaliado em diversas condições de ambiente.

Diferenças na adaptação de genótipos em populações resultam, evidentemente, de diferenças de constituição gênica para os caracteres importantes nessa adaptação. A reação diferencial às mudanças ambientais, denominada adaptabilidade, pode ocorrer desde os mecanismos de regulação gênica até caracteres morfológicos finais (CHAVES, 2001).

Duarte e Zimmermann (1995) citaram que é preciso dispor de metodologias estatísticas adequadas para se estimar e explorar a interação, permitindo assim recomendações regionalizadas. As estimações da adaptabilidade e da estabilidade fenotípica podem ser feitas através do nível de resposta ao estímulo ambiental e da previsibilidade.

Sendo assim, o estudo da estabilidade fenotípica permite sintetizar o enorme volume de informações obtido, caracterizando a capacidade produtiva, a adaptação às variações ambientais e a estabilidade das novas variedades (RAIZER et al., 1999).

Segundo Silva (2008), vários métodos estatísticos têm sido desenvolvidos e aplicados na análise de interação genótipo x ambiente e de estabilidade. Estudos que comparam as metodologias disponíveis são comuns na literatura (FLORES et al., 1996; ROSSE et al., 2002; YADAV et al., 2007; SILVA FILHO et al., 2008, BASTOS et al., 2009). Os procedimentos se baseiam em análise de variância, regressão linear, regressão não linear, análise multivariada e estatísticas não paramétricas.

Métodos que fazem uso das médias fenotípicas após a realização das análises estatísticas via procedimento tradicional de análise da variância também são comuns. Entretanto, a ANOVA clássica é um recurso estatístico limitado, que, muitas vezes, não permite lidar com dados desbalanceados e delineamentos experimentais não-ortogonais. Além disso, há limitação para análise conjunta no caso de heterogeneidade de variâncias entre os vários locais (BASTOS et al., 2007).

Apesar do grande empenho na busca de modelos e algoritmos que permitam melhor compreender os mecanismos da adaptabilidade e estabilidade fenotípica, constantemente os melhoristas citam que a análise criteriosa da estrutura da interação genótipos x ambientes é um dos principais gargalos para a recomendação de cultivares (LAVORANTI, 2003).

Uma forma alternativa de análise para adaptabilidade e estabilidade seria a utilização de valores genotípicos preditos (RESENDE, 2002; OLIVEIRA et al., 2005; BASTOS et al., 2007) obtidos segundo os modelos com efeitos de interação genótipos x ambientes, e não com as médias fenotípicas dos clones.

Quando os efeitos dos tratamentos são considerados fixos, a seleção é fenotípica. Para que a seleção seja genética, de acordo com Resende (2004), tais efeitos devem ser considerados aleatórios.

O método de análise mais eficiente atualmente, tanto para dados balanceados como não balanceados, é o REML/BLUP (máxima verossimilhança restrita/melhor predição linear não viesada) (RESENDE, 2007a, 2004, 2002). A técnica REML/BLUP envolve, simultaneamente, a predição dos valores genéticos e estimação de componentes de variância, sendo o procedimento ótimo de estimação/predição de componentes de variância de valores genéticos.

No contexto dos modelos mistos, segundo Resende (2004), a seleção considerando-se simultaneamente a produtividade, estabilidade e adaptabilidade pode ser feita por meio da estatística da Média Harmônica da Performance Relativa dos Valores Genéticos (MHPRVG) preditos, apresentando as seguintes vantagens, quando comparado com outros métodos: considera os efeitos genotípicos como aleatórios; permite lidar com heterogeneidade de variâncias; permite lidar com dados não balanceados; permite lidar com delineamentos não ortogonais; considera os erros correlacionados dentro de locais; fornece valores genéticos já descontados da instabilidade; e gera resultados na própria grandeza ou escala do caráter avaliado. Os valores de MHPRVG indicam a superioridade média do genótipo em relação à média dos ambientes, já penalizada pela instabilidade através dos ambientes. (BASTOS et al., 2007).

A análise criteriosa da estabilidade e adaptabilidade é imprescindível para a caracterização e recomendação regional de novas variedades e para a

escolha de ambientes, pois há espaços para ganhos utilizando-se essa estratégica.

Para Landell et al. (2007), no caso da cana-de-açúcar, as variedades denominadas ecléticas ou de maior estabilidade deverão perder espaço para variedades de adaptação regional a medida que os produtores se tornarem mais tecnificados, pois torna-se importante agregar de uma maneira mais clara outras áreas do conhecimento para gerar um detalhamento melhor do perfil de cada variedade, aproveitando-se de uma visão multidisciplinar.

Na estratégia de seleção e recomendação regional, é importante integrar as áreas de genética, estatística, climatologia e pedologia de modo a caracterizar mais eficientemente a variabilidade ambiental. Daí a importância de se estabelecer e estudar redes experimentais a partir de regiões pré-caracterizadas. Este tipo de trabalho demanda um alto nível de recursos e estrutura experimental.

1.3. Regionalização de ensaios

Em termos de melhoramento, dependendo do que se pretende obter, existem várias opções para atenuar os efeitos da interação, tais como: (i) identificar genótipos específicos para cada ambiente; (ii) promover subdivisões de uma área heterogênea em sub-regiões mais uniformes, de modo que os genótipos não interajam significativamente com os ambientes e (iii) identificar genótipos com maior estabilidade fenotípica (VENCOVSKY & BARRIGA, 1992). Para CRUZ et al. (2004) as opções mais utilizadas pelos melhoristas são a ii seguida da i dentro da ii.

Adaptações específicas de genótipos a certos ambientes podem fazer a diferença entre boa e excelente cultivar (GAUCH & ZOBEL, 1996).

Segundo Maranha (2005) a identificação de cultivares específicas a cada ambiente é uma opção que procura explorar de maneira positiva a interação genótipos x ambientes, com a intenção de maximizar ou capitalizar os ganhos genéticos dos materiais em um ambiente específico. Apesar de possível, sua aplicação é dificultada, devido ao alto custo envolvido na sua implementação.

Porém, quando o efeito relativo da interação genótipos x ambientes é maior que os efeitos dos genótipos, existe a possibilidade de existência de

subgrupos de ambientes com capacidades discriminatórias similares, os quais Fox & Rosielle (1982) atribuíram o termo “mega-ambientes”.

Yan & Hunt (2002) dizem que a utilidade da análise de dados em vários locais, antes de permitir a avaliação de cultivares, deve ser investigar as relações entre os ambientes de teste e a possibilidade de diferenciação de mega-ambientes.

Se houver repetibilidade das interações, ou seja, ambientes ou outros fatores apresentam consistência ao ranquear os genótipos, então os ambientes alvo podem se dividir em mega-ambientes ou sub-regiões e a avaliação dos genótipos deve ser conduzida separadamente para cada uma dessas unidades. Dividir os ambientes da rede experimental em sub-regiões significativas é uma boa maneira de explorar a interação genótipos x ambientes complexa (YAN & TINKER 2005).

Um dos primeiros trabalhos descritos na literatura visando a determinação de sub-regiões para o teste de recomendação de cultivares foi realizado por Horner & Frey (1957) com aveia. Esses autores verificaram que a subdivisão do estado de Iowa (EUA) em quatro regiões reduziu em 30% a interação genótipo x local, aumentando o ganho com a seleção dentro de cada região.

Pacheco et al. (2003) estudando adaptação produtiva de soja, procuraram encontrar locais chave para a condução de programa de melhoramento e utilizou o termo “zonas agrônomicas” para recomendação de cultivares. Também comentaram que a possibilidade de otimização da produção onde nenhum genótipo é o melhor em todas as localidades está ligada à possibilidade de que a rede experimental possa ser subdividida em extratos relativamente homogêneos do ponto de vista da interação de genótipos x ambientes. Para os autores, tais extratos ou zonas agrônomicas, são áreas não necessariamente contínuas de uma região de cultivo, mas que apresentam um conjunto de condições ambientais que possibilitam aos mesmos genótipos serem sempre os melhores nesse conjunto de locais.

Gauch & Zobel (1997) ressaltaram que a subdivisão de uma região de cultivo comercial de uma espécie vegetal, embora possa implicar um volume maior de trabalho para melhoristas, também implica em herdabilidades mais elevadas e, portanto, progresso mais rápido dentro de um programa de

melhoramento genético. Além disso, leva a produtividades mais altas aos agricultores.

Estudos como os de Rattey & Kimbeng (2001) e Kimbeng et al. (2002) foram realizados com cana-de-açúcar, para determinar as conseqüências da interação genótipos x ambientes nos ganhos com a seleção dentro de regiões e para otimizar a alocação de recursos visando recomendação de variedades específicas pelos Programas de Melhoramento de cana-de-açúcar da Austrália. Os autores do segundo trabalho mostraram que os resultados conflitantes sobre a interação genótipos x ambientes obtidos sugerem que cada região pode requerer diferentes estratégias de melhoramento e alocação de recursos em experimentos de fases avançadas de seleção de clones de cana-de-açúcar.

Jackson et al. (2007) citam que, para clones que já passaram por longo processo seletivo, as interações entre genótipos e regiões podem ser mais importantes em relação aos efeitos dos genótipos. A experiência do setor canavieiro australiano com variedades de adaptação regional infere que ainda há potencial para que os efeitos ambientais específicos de cada região continuem afetando algumas comparações entre as variedades padrão e os clones com potencial para liberação.

Glaz & kang (2008) encontraram ganhos diferentes em relação ao uso de variedades CP (Canal Point) em diferentes tipos de solos da Flórida e concluíram que deveria ser feita uma revisão mais abrangente do seu programa de melhoramento para desenvolver estratégias que melhorem a seleção e a recomendação de cultivares adaptadas aos diversos ambientes, sem comprometer o sucesso do processo seletivo.

1.4. Ambientes de Produção e regionalização em cana-de-açúcar

Falconer (1987) define ambiente, como toda circunstância não genética que influencia o valor fenotípico, considerando o genótipo e o ambiente como os determinantes desse valor.

Borém (2001) e Bueno et al. (2001) apresentam definição semelhante, quando afirmam que o ambiente é constituído de todos os fatores que afetam o desenvolvimento das plantas e que não são de origem genética, exemplificando as condições edafoclimáticas em geral, associadas a práticas

culturais, época de plantio, duração do fotoperíodo, temperatura, ocorrência de patógenos e outras variáveis que afetam o desenvolvimento.

No Brasil, esforços têm sido destinados à estratificação das áreas de produção de cana-de-açúcar em mega-ambientes ou regiões, utilizando dados experimentais e comerciais de vários anos, considerando dados climáticos, de solo e de manejo cultural, por meio da análise dos impactos sobre a produtividade da cultura.

De acordo com Chaves (2001) é possível determinar regiões relativamente homogêneas através de um agrupamento que leve a conjuntos identificáveis em função de fatores previsíveis do ambiente como região geográfica, tipo de solo e clima, entre outros. Contudo deve-se considerar que uma fatia dessa interação não será totalmente eliminada, uma vez que podem ocorrer diversos outros fatores ambientais não controláveis (CRUZ et al., 2004).

Joaquim et al. (1994), estudando o potencial de solos cultivados com cana-de-açúcar, citaram o termo “ambiente de produção”, que pode ser definido como uma área da paisagem cujas características de solo tenham capacidade de fornecer às plantas condições semelhantes de desenvolvimento, desde que submetidas a um manejo padrão.

Com base nesse trabalho, em 1994 o CTC - Centro de Tecnologia Canavieira, localizado em Piracicaba, SP, Brasil, classificou os “ambientes de produção” para a cultura da cana-de-açúcar, utilizando dados de produtividade de áreas comerciais fornecidos pelas unidades associadas ao centro. Analisando dados de sete safras agrícolas contínuas (1990/1991 a 1996/1997) e aproximadamente 530.000 ha levantados ao nível detalhado, a idéia foi particionar o meio produtivo, principalmente os solos, em cinco classes de produção (A, B, C, D e E) de acordo com a produtividade média esperada para cada classe, visando principalmente a recomendação de novas variedades e planejamento varietal (JOAQUIM et al., 1997).

Outros programas de melhoramento de cana-de-açúcar do Brasil como o do IAC – Instituto Agrônomo de Campinas e da Ridesa – Rede Interuniversitária para o Desenvolvimento do Setor Sucroalcooleiro também utilizam o mesmo conceito de ambientes de produção, porém apresentam pequenas variações na concepção e interpretação.

Entretanto, com a expansão da lavoura canavieira, houve a necessidade de incorporar ao conceito de ambientes de produção o particionamento do clima, que juntamente com o solo e o manejo, fecha o tripé que sustenta a produção agrícola.

Considerando as informações de clima e solo, foi possível entender que o comportamento da cana-de-açúcar é diferente, em duas ou mais regiões de clima distinto, para o mesmo tipo de solo. Esta influência mostrou a necessidade de refinar as faixas de potencial de produtividade dos ambientes de produção existentes, em função das características climáticas. Os dados até então analisados agrupavam os tipos de solos num mesmo ambiente de produção de acordo com a média de produtividade em cada um dos tipos, independente do manejo ou região.

Com o objetivo de classificar os ambientes de produção edafoclimáticos para todas as unidades associadas ao CTC, foram utilizadas informações de solos, banco de dados de produtividade em áreas comerciais e banco de dados climáticos para os estados de São Paulo, Minas Gerais, Goiás, Paraná, Mato Grosso, Mato Grosso do Sul, Espírito Santo, Alagoas e Pernambuco.

O resultado desse trabalho, iniciado na safra 06/07 e finalizado na safra 09/10, foi utilizado para agrupar a rede experimental do Programa de Melhoramento do CTC em regiões de potencial climático diferente com ampla variabilidade em fertilidade do solo, chamadas “regiões edafoclimáticas”. Atualmente o CTC utiliza essa informação para a instalação dos ensaios, além de direcionar a recomendação e liberação de variedades de adaptação regional.

Segundo Prado (2000), na implantação de rede de experimentação agrícola, deve-se procurar contemplar os solos representativos das regiões produtoras para que seja possível a extrapolação dos resultados para as áreas comerciais. Assim, a adequada caracterização dos solos dos experimentos auxilia nos estudos da interação genótipos x ambientes e permite conhecer e estratificar melhor as características edafoclimáticas do ambiente da produção.

1.5. Estratificação ambiental

Os estudos sobre a estratificação dos ambientes de produção em cana-de-açúcar foram baseados em dados de solo, de clima ou em macro variações

ambientais que atingem uma região (JOAQUIM et al., 1994; DINARDO-MIRANDA, 2008).

Por mais que o conhecimento e a utilização de informações sobre fatores ambientais associados à produção vegetal sejam importantes, Gauch (1992) afirma que as avaliações de similaridade ambiental, com base nos efeitos da interação GxA, são mais confiáveis que aquelas baseadas apenas naqueles fatores sem considerar-se os seus impactos sobre a interação GxA.

Entre os métodos utilizados para este tipo de estudo, o uso da abordagem nos genótipos vencedores, associada à análise AMMI (additive main effects and multiplicative interaction), descrita por Gauch (1992) e Gauch & Zobel (1997), tem permitido a construção de estratos ambientais estáveis, ao longo dos anos, para diferentes culturas e regiões (EBDON & GAUCH 2002; MARANHA, 2005; PACHECO et al. 2003).

Yan et al. (2000) apresentaram uma modificação nas análises AMMI, que tem sido usada para interpretação da interação GxA. Esses autores propuseram utilizar os efeitos combinados dos genótipos (G) e da interação genótipo x ambiente (GA) na avaliação do rendimento em cultivares de trigo, obtendo-se os gráficos denominados “GGE biplot” que facilitam a identificação visual dos genótipos e ambientes em avaliação e também utiliza a abordagem nos genótipos vencedores para a estratificação dos ambientes.

A análise GGE biplot baseia-se na análise de componentes principais centrada no ambiente enquanto AMMI baseia-se em componentes principais, porém duplamente centrada. Para Ma et al. (2004), comparando-se com diferentes modelos da família AMMI, a análise GGE biplot é sempre compatível aos melhores modelos na maioria dos casos. Além disso, GGE biplot é, na prática, mais lógica e permite melhor interpretação biológica do que AMMI, em termos de explicação do primeiro componente principal, que representa o efeito do genótipo no lugar do efeito aditivo principal (Yan et al. 2000 e Yan, 2002).

Balestre et al. (2009) citam que a análise GGE biplot é superior aos gráficos AMMI por ser mais eficiente em explicar a soma de quadrados da interação GxA e também G+GxA, apresentando boa acurácia preditiva. Dizem ainda que nos GGE biplots, a incorporação dos efeitos do genótipo deve ser considerada uma estratégia útil na seleção de genótipos superiores e abre caminho para a recomendação de genótipos para grupos de ambientes.

Yan (2001) desenvolveu um software utilizando a técnica GGE biplot, para estudar os padrões de desempenho dos genótipos e avaliar eficientemente a representatividade e a capacidade de discriminação dos locais de teste. A técnica biplot tem sido utilizada para avaliar as interações genótipos × ambientes em uma variedade de espécies vegetais (MA et al., 2004;. CASANOVES et al., 2005; BLANCHE & MYERS, 2006; FAN et al., 2007; SILVA et al., 2011).

Com os gráficos GGE biplot, os genótipos podem ser avaliados em ambientes individuais e através de vários ambientes, com respeito a seu comportamento médio, a estabilidade e a capacidade de adaptação geral e específica. Outra vantagem de usar a metodologia GGE biplot consiste em determinar os padrões de resposta denominados “quem ganha onde” (YAN et al., 2000; YAN et al., 2001; YAN, 2002; YAN & KANG, 2002; YAN & TINKER, 2005). Em resumo, a metodologia permite identificar o genótipo de maior potencial em cada ambiente e logo podem ser agrupados os genótipos e ambientes com padrões similares de resposta.

Na Argentina, essa técnica foi utilizada nos últimos anos para a análise de dados provenientes de ensaios de competição multi ambientais em milho e em soja. Também na Argentina, essa técnica foi aplicada com o objetivo de detectar variedades com comportamento produtivo destacado e adaptação a ambientes específicos na última etapa de seleção do Programa de Melhoramento genético da cana-de-açúcar da estação experimental de “Obispo Colombres” (EEAOC) (CHAVANNE et al., 2007).

Balestre et al. (2009), estudando a produção de híbridos de milho, demonstraram que a técnica GGE Biplot é eficiente na identificação de genótipos produtivos e estáveis em uma só análise. Numa análise mais detalhada, locais com o mesmo padrão de resposta em relação à interação GxA podem ser descartados.

Chavanne et al. (2007) concluíram que as análises GGE biplot se destacaram em geral pela simplicidade dos gráficos gerados para a identificação de genótipos superiores de cana-de-açúcar, quando avaliados em diferentes ambientes.

O gráfico GGEbiplot pode ajudar tanto na identificação de genótipos superiores amplamente adaptados como na construção de mega-ambientes ou

estratos, com fins de recomendação regionalizada e de seleção de locais de teste.

Chaves (2001) sugeriu uma sequência de ações para se proceder a estratificação de ambientes por meio da análise da interação GxA e incluiu o confronto dos resultados de agrupamento com fatores previsíveis de ambiente, tais como região geográfica, tipo de solo, altitude, latitude, entre outros. A confirmação dessas informações em sucessivos anos deveria proporcionar maior segurança na recomendação com base na regionalização obtida.

Ainda são poucos os trabalhos, principalmente no Brasil, que utilizem dados experimentais de vários ambientes (locais, épocas e anos) integrados a dados edafoclimáticos detalhados desses ambientes, buscando regionalizar os ensaios de competição de clones de cana-de-açúcar em fases finais dos programas de melhoramento. Com a grande expansão da cultura, torna-se imprescindível entender melhor os efeitos dessa regionalização para permitir a recomendação de variedades de adaptação específica a cada ambiente.

2. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

BALESTRE, M.; SOUZA, J.C.; PINHO, R.G.V.; OLIVIEIRA, R.; PAES, M.V. Yield stability and adaptability of maize hybrids based on GGE biplot analysis characteristics. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, Londrina, v. 9, n. 4, p. 219-228, 2009.

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

BASTOS, I.T.; BARBOSA, M.H.P.; RESENDE, M.D.V.; PEDROZO, C.A.; MELO, C.G.; PETERNELLI, L.A.; COSTA, P.M.A.; XAVIER, C.V.; BAFFA, D.C.F. Correlation among predicted genotypic values and adaptability and stability estimates of sugarcane clones in a mixed models context. **Scientia Agraria**, v. 10, n. 2, p. 111-118, 2009.

BLANCHE, S.B., G.O. MYERS. Identifying discriminating locations for cultivar selection in Louisiana. **Crop Sci.**, v. 46, p. 946-949, 2006.

BORÉM, A. **Melhoramento de plantas**. 3 ed., Viçosa, MG: UFV, 2001. 500p.

BRESSIANI, J. A. **Seleção sequencial em cana-de-açúcar**. 104f. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) - Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz, Piracicaba, 2001.

BRESSIANI, J.A.; LANDELL, M.G.A; BURNQUIST, E.W.L. Melhoramento genético da cana-de-açúcar. In: ENCONTRO SOBRE TEMAS DE GENÉTICA E MELHORAMENTO, 23º, 2006, Piracicaba, SP. **Anais**, Piracicaba, p. 52-64, 2006.

BUENO, L.C.S; MENDES, A.N.G.; CARVALHO, S.P. **Melhoramento genético de plantas**. Lavras, MG: UFLA, 2001. 282p.

CANDIDO, L. S. **Modelos mistos na avaliação e ordenação de genótipos de cana-de-açúcar, com e sem efeitos de competição com parcelas vizinhas**. 76f. Tese (Doutorado em Agronomia) - Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias – UNESP, Jaboticabal, 2009.

CASANOVE, F., J. BALDESSARI, AND M. BALZARINI. Evaluation of multienvironment trials of peanut cultivars. **Crop Sci.**, v. 45, p. 18–26, 2005.

CHAVANNE, ERNESTO R.; OSTENGO, SANTIAGO; GARCIA, MARÍA B. Y CUENYA, MARÍA I. Evaluación del comportamiento productivo de cultivares de caña de azúcar (*Saccharum* spp.) através de diferentes ambientes en Tucumán, aplicando la técnica estadística "GGE biplot". **Rev. ind. agríc. Tucumán**, v. 84, n. 2, p. 19-24, 2007.

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**. Rondonópolis, MT: Fundação MT, 2001. 1183p.

CONAB, COMPANHIA NACIONAL DE ABASTECIMENTO. Central de informações agropecuárias: safras – cana. 2010/2011. Disponível em: <<http://www.conab.gov.br>> acessado em 03/2011.

COX, M.; HOGARTH, M.; SMITH, G. Cane breeding and improvement. In: HOGARTH, M.; ALLSOPP, P. (ED). **Manual of canegrowing**. 3 ed. Brisbane: PK Editorial Service Pty, p. 91-110, 2000.

CRUZ, C.D.; CARNEIRO, P.C.S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. UFV, Viçosa, v. 2, 2003. 585p.

CRUZ, C.D.; REGAZZI, A.J., CARNEIRO, P.C.S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. Viçosa: Universidade Federal de Viçosa, v. 1, 2004. 480p.

DINARDO-MIRANDA, L.L.; VASCONCELOS, A.C.M.; LANDELL, M.G.A. **Cana-de-açúcar**. Campinas: Instituto Agrônomo, 2008. 882p.

DUARTE, J.B.; ZIMMERMANN, M.J.O. Correlation among yield stability parameters in common bean. **Crop Sci.**, v. 35, n. 3, p. 905-912, 1995.

EBDON, J.S.; GAUCH, H.G. AMMI analysis of national turf grass performance trials. I. Interpretation of genotype by environment interaction. **Crop Sci.**, v. 42, p. 489–496, 2002.

FALCONER, D.S. **Introdução à genética quantitativa**. Trad.: SILVA, M.A.; SILVA, J.C. Viçosa, MG: Ed. UFV, 1987. 279p.

FAN, X.; KANG, M. S.; CHEN, H. et al. Yield stability of maize hybrids evaluated in multi-environment trials in Yunnan, China. **Agronomy Journal**, v. 99, p. 220-228, 2007.

FARIAS, S. O. **Adaptabilidade e estabilidade de clones de cana-de-açúcar (Saccharum spp.) para a produção de pol e de biomassa no Nordeste do Brasil**. 1992. 132f. Dissertação (Mestrado em Botânica) – Universidade Federal Rural de Pernambuco, Recife, 1992.

FELIPE, C.R.P.; DUARTE, J.B.; CAMARANO, L.F. Estratificação ambiental para avaliação e recomendação de variedades de milho no estado de Goiás. **Pesq. Agropec. Trop.**, Goiânia, v. 40, n. 2, p. 186-199, 2010.

FLORES, F.M., MORENO, T.; CUBERO, J.I. A comparison of univariate and multivariate methods to analyse G x E interaction. **Field Crops Research**, Amsterdam, v. 47, n. 2/3, p. 117-127, 1996.

FOX, P. N.; ROSIELLE, A. A. Reducing the environmental main effects on pattern analysis of plant breeding environments. **Euphytica**, v.31, p. 645-656, 1982.

GAUCH, H. G. **Statistical analysis of regional yield trials: AMMI analysis of factorial designs**. New York: Elsevier, 1992. 278p.

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

GAUCH, H.G.; ZOBEL, R.W.. AMMI analysis of yield trials. In M.S. KANG AND H.G. GAUCH (ed.) **Genotype-by-environment interaction**. CRC, Boca Raton, p. 1-40, 1996.

GLAZ, B.; KANG, M.S. Location contributions determined via GGE biplot analysis of multienvironment sugarcane genotype-performance trials. **Crop Sci.**, v. 48, p. 941-950, 2008.

HORNER, T.W.; FREY, K.J. Methods for determining natural areas for oat varietal recommendations. **Agronomy Journal**, Madison, v. 49, p. 313-315, 1957.

JACKSON, P.; CHAPMAN, S., RATTEY, A.; WEI, X.; COX, M. Genotype x region interactions and implications for sugarcane breeding programs. **Proc. Aust. Soc. Sugar Cane Technol.**, v. 29, 2007.

JACKSON, P.A.; HOGARTH, D.M. Genotype x environment interactions in sugarcane. I. Patterns of response across sites and crop-years in North Queensland. **Australian J. Agric. Res.**, v. 43, p. 1447-1459, 1992.

JOAQUIM, A. C.; BELLINASSO, I. F.; DONZELLI, J. L.; QUADROS, A. C.; BARATA, M. Q. F. Potencial e manejo de solos cultivados com cana-de-açúcar In: SEMINÁRIO COPERSUCAR DE TECNOLOGIA AGRONÔMICA, 6, Piracicaba/SP, 1994, **Anais**. Piracicaba: Centro de Tecnologia Copersucar, p.1-10, 1994.

JOAQUIM, A. C.; DONZELLI, J. L.; QUADROS, A. C.; SARTO, L. F.. Potencial de Produção de cana-de-açúcar In: VII SEMINÁRIO COPERSUCAR DE TECNOLOGIA AGRONÔMICA. Piracicaba/SP: Centro de Tecnologia Copersucar, **Anais**, p. 68-76, 1997.

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

KENNEDY, A.J.; RAO, S. **Handbook 2000**. West Indies Central Sugar Cane Breeding Station, Gorge, Barbados, 2000. 66p.

KIMBENG, C.A.; RATTEY, A.R.; HETHERINGTON, M. Interpretation and implications of genotype by environment interactions in advanced stage sugarcane selection trials in central Queensland. **Aust. J. Agric.**, Res. 53, p. 1035–1045, 2002.

LANDELL, M.G.A.; PINTO, L.R.; CRESTE, S.; XAVIER, M.A.; DOS ANJOS, I.A.; VASCONCELOS, A.C.; BIDÓIA, M.A.P.; DA SILVA, D.N.; SILVA, M.A. Seleção de novas variedades de cana-de-açúcar e seu manejo de produção. **Informações Agronômicas (Encarte Técnico)**. Piracicaba, v. 110, p. 18-24, 2005.

LANDELL, M. G. A.; SOUZA, S.A.C.D., PINTO, L.R.; VASCONCELOS, A.C.M. **Relatório do Workshop Tecnológico “MELHORAMENTO GENÉTICO E BIOTECNOLOGIA”**, 2007. Disponível em <www.apta.sp.gov.br/cana/anexos/relatoriofinal_workshop_biotecnologiaemelhramento.pdf> acessado em 04/2011.

LAVORANTI, O. J. **Estabilidade e adaptabilidade fenotípica através da reamostragem “Bootstrap” no modelo AMMI**. 166f. Tese (Doutorado em Estatística e Experimentação Agronômica) – Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Piracicaba, 2003.

MA, B.L.; YAN, W.; DWYER, L.M.; FRÉGEAU-REID, J.; VOLDENG, H.D.; DION, Y.; NASS, H. Graphic analysis of genotype, environment, nitrogen fertilizer, and their interactions on spring wheat yield. **Agron. J.**, v. 96, p. 169–180, 2004.

MARANHA, F. G. C. B. **Estratificação ambiental para avaliação de genótipos de algodoeiro no Estado do Mato Grosso**. 63f. Tese (Doutorado

em Agronomia) – Escola Superior de Agronomia Luiz de Queiroz, Universidade de São Paulo, Piracicaba, 2005.

MELO, L. J. T. M.; OLIVEIRA, F. J.; BASTOS, G. Q.; ANUNCIÇÃO FILHO, C. J.; REIS, O. V. Interação genótipo x ciclos de colheita de cana-de-açúcar da Zona da Mata Norte de Pernambuco. **Bragantia**, Campinas, v. 65, n. 2, p. 197-205, 2006.

MILLIGAN, S.B.; GRAVOIS, K.A.; BISCHOFF, K.P.; MARTIN, F.A. Crop effects on broad sense repeatabilities and genetic variances of sugarcane yield components. **Crop Science**, v. 30, p. 344-349, 1990.

MIRZAWAN, P.D.N.; COOPER, M.; HOGARTH, D.M. The impact of genotype x environment interactions for sugar yield on the use of indirect selection in southern Queensland. **Australian J. Exper. Agric.**, v. 33, p. 629-638, 1993.

OLIVEIRA R.A.; RESENDE, M.D.V.; DAROS, E.; BESPALHOK FILHO, J.C.; ZAMBON, J.L.C; IDO, O.T.; WEBER, H.; KOEHLER, H.S. Genotypic evaluation and selection of sugarcane clones in three environments in the state of Paraná. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 5, p. 426-434, 2005.

PACHECO, R.M.; DUARTE, J.B.; ASSUNÇÃO, M.S.; NUNES, JR.J.; CHAVES, A.A.P. Zoneamento e adaptação produtiva de genótipos de soja de ciclo médio de maturação para goiás. **Pesquisa Agropecuária Tropical**, v. 33, n. 1, p. 23-27, 2003.

PHAM, H.N.; KANG, M.S. Interrelationships among respectability of several stability statistics estimated from international maize trials. **Crop Science**, Madison, v. 28, p. 925-928, 1988.

PIEPHO, H. P.; MOHRING, J. Best Linear Unbiased Prediction of Cultivar Effects for Subdivided Target Regions. **Crop Science**, Madison, v. 45, p. 1151–1159, 2005.

PRADO, H. Principais solos do Estado de São Paulo e caracterização dos experimentos de avaliação de cultivares de milho. In: DUARTE A.P.; PATERNIANI, M.E.A.G.Z. **Fatores bióticos e abióticos em cultivares de milho e estratificação ambiental**; avaliação IAC/CATI/Empresas 1999/2000 (Boletim Científico 05). Campinas, IAC, p. 101-118, 2000.

RAIZER, A.J.; VENCOSKY, R. Estabilidade fenotípica de novas variedades de cana-de-açúcar para o Estado de São Paulo. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 34, p. 2241-2246, 1999.

RATTEY, A.R.; KIMBENG, C. Genotype by environment interactions and resource allocation in final stage selection trials in the Burdekin district. Proc. Aust. **Soc. Sugar Cane Technol.**, v. 23, p. 136-141, 2001.

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

RESENDE, M. D. V. **SELEGEN-REML/BLUP: sistema estatístico e seleção genética computadorizada via modelos lineares mistos**. Colombo: Embrapa Florestas, 2007a. 360p.

RESENDE, M. D. V. **Métodos estatísticos ótimos na análise de experimentos de campo**. Colombo: Embrapa Florestas, 2004. 65p. (Documentos 100).

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

SASA. Plant breeding crossing and selection programmes. **South African Sugar Association**, 2011. Disponível em <www.sugar.org.za> acessado em: 03/2011.

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

SILVA FILHO, J. L.; MORELLO C.L.; FARIAS, F.J.C; LAMAS, F.M.; PEDROSA, M.B.; RIBEIRO, J.L. Comparação de métodos para avaliar a adaptabilidade e estabilidade produtiva em algodoeiro. **Pesq. Agropec. Bras.**, Brasília, v. 43, n. 3, p. 349-355, 2008.

SILVA, G.O.; CARVALHO, A.D.F.; VIEIRA, J.V.; BENIN, G. Verificação da adaptabilidade e estabilidade de populações de cenoura pelos métodos AMMI, GGE biplot e REML/BLUP. **Bragantia**, v. 70, n. 3, p. 494-501, 2011.

SILVA, M. A.; LANDELL, M. G. A.; GONÇALVES, P. S.; MARTINS, A. L. M. Yield components in sugarcane families at four locations in the state of São Paulo, Brazil. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, Londrina, v. 2, n. 1, p. 97-106, 2002.

SOUZA-VIEIRA, O.; MILLIGAN, S. B. Intrarow plant spacing and family x environment interaction effects on sugarcane family evaluation. **Crop Science**, Madison, v. 39, p. 358-364, 1999.

VENCOVSKY, R.; BARRIGA, P. **Genética biométrica no fitomelhoramento**. Ribeirão Preto: Sociedade Brasileira de Genética, 1992. 486p.

YADAV, H. K.; SHUKLA, S.; SINGH, P. Assessment of genotype x environment interactions for yield and morphine content in opium poppy (*Papaver somniferum* L.). **Acta Agronomica Hungarica**, v. 55, n. 3, p. 331-338, 2007.

YAN, W. GGEbiplot: A Windows application for graphical analysis of multi-environment trial data and other two-way data. **Agron. J.**, v. 93, p. 1111-1118, 2001.

YAN, W. Singular-value partitioning in biplot analysis of multi-environment trial data. **Agron. J.**, v. 94, p. 90-996, 2002.

YAN, W.; CORNELIUS, P. L.; CROSSA, J.; HUNT, L. A. Two types of GGE biplots for analyzing multienvironment trial data. **Crop Sci.**, v. 41, p. 656-663, 2001.

YAN, W.; HUNT L.A. Biplot analysis of multi-environment trail data. In: KANG, M.S. **Quantitative genetics, genomics and plant breeding**. New York: CAB, p. 289-303, 2002.

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

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

ZENI-NETO, H.; DAROS, E.; ZAMBON, J. L. C.; BESPALHOK FILHO, J. C.; OLIVEIRA, R. A.; WEBER, H. Adaptabilidade e Estabilidade Fenotípica de Clones Precoces de Cana-de-açúcar no Estado do Paraná. **Scientia Agraria**, v. 9, n.3, p. 283-289, 2008.

CAPÍTULO 2

Regionalização de ensaios de competição de clones de cana-de-açúcar via modelos mistos

1. RESUMO

O objetivo deste trabalho foi avaliar a regionalização de ensaios finais de competição de clones de cana-de-açúcar utilizando a metodologia REML/BLUP no contexto dos modelos mistos, visando a recomendação regionalizada. Foram analisados dados de 215 ensaios, no delineamento em blocos casualizados completos, com três repetições, compostos por uma população de 75 clones diferentes e 13 variedades padrão, divididos em cinco anos de plantio dos ensaios. Os locais foram previamente agrupados em cinco ou seis regiões com base na caracterização do “Ambiente Edafoclimático” de cada local. As estimativas de componentes de variância e predição de valores genotípicos foram realizadas usando o procedimento REML/BLUP, por meio do software SELEGEN-REML/BLUP empregando o modelo 53, para toneladas de cana e de pol por hectare estimadas para a média de cinco cortes (TCH_e5C e TPHe_{5c}). No contexto dos modelos mistos é possível agrupar regiões edafoclimáticas distintas, pois a interação genótipos x locais é alta em todas as regiões e mostrou-se mais baixa quando as regiões são agrupadas duas a duas. Na análise conjunta de todas as regiões, visando recomendação de ampla adaptação, 13 genótipos de adaptação regional são descartados. Há um ganho genético 0,7% e 1,1% maior para TCH_e5c e TPHe_{5c}, respectivamente, quando a recomendação de genótipos de adaptação regional é comparada a recomendação de genótipos de adaptação ampla a todas as regiões.

Regionalization of competition trials of sugarcane clones via mixed models

2. ABSTRACT

The aim of this study was to evaluate the regionalization of final competition trials of sugarcane clones using REML/BLUP in the context of mixed models, in order to proceed regional recommendation. Data from 215 trials were analyzed in randomized complete block design with three replications, consisting of 75 different clones and 13 standard varieties, divided into five years of planting trials. The sites were previously grouped into five or six regions based on the characterization of the "Edaphoclimatic Environment" of each site. The sites were previously grouped into five or six regions based on the characterization of the "Edaphoclimatic Environment" of each site. Variance components estimates and genotypic values predictions were obtained by the procedure REML/BLUP using the software SELEGEN-REML/BLUP and employing the model 53, for estimated mean to five harvests for tons of cane and pol per hectare (TCH_e5c and TPHe5c). In the context of mixed models is possible to group different edaphoclimatic regions, since genotype x location interaction is high in all regions and showed to be lower when the regions are grouped two by two. In the joint analysis for all regions, seeking for broad adaptation recommendation, 13 genotypes with regional adaptation are discarded. There is a genetic gain 0.7% and 1.1% higher for TCH_e5c and TPHe5c, respectively, when the genotype recommendation for regional adaptation is compared to the recommendation of genotypes broadly adapted to all regions.

3. INTRODUÇÃO

Na etapa final dos programas de melhoramento de cana, os pesquisadores conduzem os experimentos com clones promissores em vários locais e em diferentes regiões, com a parceria de usinas e destilarias. Esses experimentos são colhidos em diferentes épocas e, em média, são realizados três cortes, onde as combinações de locais, épocas e anos agrícolas são consideradas como diferentes ambientes. A obtenção de resultados úteis para

o processo de caracterização e recomendação de clones superiores é um dos pontos chave para o sucesso dos programas.

Porém, as grandes redes de ensaios destinadas a recomendação de variedades trazem um dilema. Se as recomendações são baseadas no desempenho geral, genótipos com boa adaptação regional podem passar despercebidos, resultando na recomendação de variedades de qualidade inferior. Inversamente, uma tentativa de detectar a adaptação específica a regiões formadas pela subdivisão de grandes áreas de cultivo pode ser comprometida por um número limitado de locais dentro dessas regiões (PIEPDHO & MOHRING, 2005).

Como se sabe, a interação genótipos x ambientes é um dos principais problemas na recomendação de genótipos de qualquer programa de melhoramento (CRUZ & CARNEIRO, 2003). Entretanto, a interação pode ser considerada uma oportunidade quando se dispõe de ferramentas que auxiliem no seu entendimento e aproveitamento, capitalizando o resultado a favor do produtor.

Duarte e Zimmermann (1995) citaram que é preciso dispor de metodologias estatísticas adequadas para se estimar e explorar a interação, permitindo assim recomendações regionalizadas. As estimações da adaptabilidade e da estabilidade fenotípica podem ser feitas através do nível de resposta ao estímulo ambiental e da previsibilidade.

Uma forma alternativa de análise para adaptabilidade e estabilidade seria a utilização de valores genotípicos preditos (RESENDE, 2002; OLIVEIRA et al., 2005; BASTOS et al., 2007) obtidos segundo os modelos com efeitos de interação genótipos x ambientes, e não com as médias fenotípicas dos clones.

A metodologia REML (máxima verossimilhança restrita) em conjunto com a metodologia BLUP (melhor predição linear não viesada) são as mais eficientes atualmente para estimação de componentes de variância e de valores genéticos, respectivamente. Além disso, essas metodologias podem auxiliar em estudos sobre a representatividade das redes experimentais.

No contexto dos modelos mistos, segundo Resende (2004), a seleção considerando-se simultaneamente a produtividade, estabilidade e adaptabilidade pode ser feita por meio da estatística da Média Harmônica da Performance Relativa dos Valores Genéticos (MHPRVG) preditos. Os valores dessa estatística indicam a superioridade média do genótipo em relação à

média dos ambientes, já penalizada pela instabilidade através desses ambientes (BASTOS et al., 2007).

Para Landell et al. (2007), no caso da cana-de-açúcar, as variedades denominadas ecléticas ou de maior estabilidade deverão perder espaço para variedades de adaptação regional a medida que os produtores se tornarem mais tecnificados, pois torna-se importante agregar de uma maneira mais clara outras áreas do conhecimento para gerar um detalhamento melhor do perfil de cada variedade, aproveitando-se de uma visão multidisciplinar.

Aliados a caracterização cada vez mais detalhada das condições edafoclimáticas das áreas de atuação dos programas de melhoramento de cana-de-açúcar, estudos sobre a regionalização das redes experimentais são necessários, visando atender a crescente demanda por variedades cada vez mais adaptadas a condições específicas.

Na estratégia de seleção e recomendação regional, é importante integrar as áreas de genética, estatística, climatologia e pedologia de modo a caracterizar mais eficientemente a variabilidade ambiental. Daí a importância de se estabelecer e estudar redes experimentais a partir de regiões pré-caracterizadas. Este tipo de trabalho demanda um alto nível de recursos e estrutura experimental.

No Brasil, esforços têm sido destinados à estratificação das áreas de produção de cana-de-açúcar em regiões, utilizando dados experimentais e comerciais de vários anos, com o objetivo de integrá-los aos dados climáticos, de solo e manejo cultural, por meio da análise dos impactos sobre a produtividade da cultura.

Com a grande expansão da cana-de-açúcar, tornam-se importantes os estudos que integram dados e informações detalhadas de ensaios, buscando entender melhor os efeitos da regionalização, permitindo a recomendação de variedades específicas.

O objetivo deste trabalho foi avaliar a regionalização de ensaios finais de competição de clones de cana-de-açúcar utilizando a metodologia REML/BLUP no contexto dos modelos mistos, aplicada sobre características agronômicas e tecnológicas, visando a recomendação regionalizada de clones de cana-de-açúcar.

4. MATERIAL E MÉTODOS

4.1. Obtenção dos dados e detalhes experimentais

Foram utilizados dados de cinco séries de plantio de ensaios finais de competição de clones, gentilmente cedidos pelo Programa de Melhoramento Genético da Cana-de-açúcar do CTC – Centro de Tecnologia Canavieira. Os ensaios foram instalados nos anos de 2002 a 2007, exceto 2005, em 46 usinas ou destilarias distribuídas pelos estados de São Paulo, Minas Gerais, Goiás, Paraná, Mato Grosso, Mato Grosso do Sul e Espírito Santo. Na maior parte dos locais foram instalados dois ensaios com os mesmos genótipos para testar duas épocas de colheita diferentes.

Para cada ano de plantio, os locais foram previamente agrupados em cinco ou seis regiões edafoclimáticas com base na caracterização do “Ambiente Edafoclimático” de cada local. As regiões foram classificadas pelo CTC por meio de informações de solos, banco de dados de produtividade em áreas comerciais e banco de dados climáticos. Cada região foi formada pelo agrupamento de, no mínimo, três locais. Os locais dentro de regiões tem alta repetibilidade nos anos.

Na tabela 1 está apresentado um resumo do conjunto de dados utilizado. No ano de 2002 os ensaios foram instalados em 27 locais, sendo que a maior parte desses locais recebeu dois ensaios (primeira e segunda épocas), totalizando 49 ensaios instalados. Nesses ensaios foi avaliada uma população de 17 clones e cinco variedades padrão, comuns a todos os ensaios. Os 27 locais foram agrupados em seis regiões edafoclimáticas como descrito no parágrafo anterior. Seguindo essa lógica para os outros anos de plantio, no total foram avaliados 215 ensaios, compostos por 75 clones diferentes. Em relação aos padrões, existem 13 variedades, distribuídas ao longo dos anos (Tabela 1).

A identificação dos clones, variedades e locais não foi fornecida por política interna da empresa, bem como o detalhamento das regiões. Os locais foram codificados de 1 a 46 e os clones e variedades receberam a numeração de 1 a 88. As regiões edafoclimáticas foram numeradas de 1 a 6.

Tabela 1 – Resumo do conjunto de dados dos ensaios finais de competição de clones de cana-de-açúcar cedidos pelo CTC

Ano de plantio	Nº de locais*	Nº de ensaios**	Nº de clones***	Nº de variedades padrão****	Nº de regiões edafoclimáticas
2002	27	49	17	5	6
2003	27	48	18	8	5
2004	25	47	11	5	5
2006	26	36	16	4	6
2007	22	35	13	3	6
Total		215	75		

* Os locais têm alta repetibilidade nos anos;

** Cada época de colheita foi considerada como um ensaio;

*** Número de clones comuns a todos os ensaios plantados no mesmo ano;

**** As variedades padrão são comuns a todos os ensaios no mesmo ano e algumas se repetem nos anos.

Os ensaios foram instalados nos meses de fevereiro e março, caracterizando o plantio de ano e meio, no delineamento em blocos casualizados completos, com três repetições. O tamanho das parcelas variou de acordo com o tipo de colheita do ensaio, sendo cinco linhas de 10,0m (área útil de 90m²) para colheita manual de cana queimada e quatro linhas de 20,0m (área útil de 132m²) para colheita mecanizada de cana crua.

As parcelas foram amostradas, colhidas e pesadas de maio a junho para os ensaios de primeira época e de setembro a outubro para os ensaios de segunda época. Na colheita, foi realizada a pesagem da parcela toda utilizando caminhão balança equipado com células de carga no caso da colheita mecanizada de cana crua e carregadeira equipada com uma célula de carga acoplada à garra, no caso da colheita manual de cana queimada. Empregaram-se carregadores de 2,0m entre as cabeceiras das parcelas e bordaduras somente ao redor dos ensaios. Os tratos culturais em cana-planta e soqueiras foram executados de acordo com o usual em cada usina. As avaliações foram realizadas em cana-planta, soca e ressoca (2 ou 3 cortes por ensaio) durante os anos de 2003 a 2009.

Foram analisados dados de produtividade de colmos, em toneladas de cana por hectare e produtividade de açúcar em toneladas de pol por hectare. As variáveis utilizadas foram tonelada de cana por hectare estimada para a média de cinco cortes (TCH_{5c}) e tonelada de pol por hectare estimada para a média de cinco cortes (TPH_{5c}), obtidas segundo Braga Júnior (1994). Essas variáveis são utilizadas usualmente pelos programas de melhoramento de cana-de-açúcar e também pelo setor sucroalcooleiro.

4.2. Procedimentos genéticos e estatísticos

Para cada uma das variáveis observadas, foram realizadas as seguintes análises:

- a) Análise conjunta de locais dentro de cada região edafoclimática, para todos os anos de plantio;
- b) Análise conjunta das regiões para todos os anos de plantio;
- c) Análise conjunta das regiões duas a duas, para todos os anos de plantio.

Para essas abordagens, as estimativas de componentes de variância e predição de valores genéticos foram realizadas usando o procedimento REML/BLUP (máxima verossimilhança restrita/melhor predição linear não tendenciosa). Todas as análises foram realizadas por meio do software SELEGEN-REML/BLUP empregando o modelo 53 (RESENDE, 2007a).

Para tanto, foi considerada a avaliação no delineamento em blocos incompletos em vários locais, pois os blocos foram compostos por clones diferentes nos anos. Nesse sentido, o modelo estatístico foi:

$$y = Xr + Zg + Wie + Til + Sb + e, \text{ em que}$$

y: vetor de dados,

r: vetor dos efeitos dos ensaios (cada combinação época-local, assumidos como fixos)

g: vetor dos efeitos genotípicos (assumidos como aleatórios),

ie: vetor dos efeitos da interação genótipos x épocas (aleatórios)

il: vetor dos efeitos da interação genótipos x locais (aleatórios),

b: vetor dos efeitos de todos os blocos através dos locais e épocas (assumidos como aleatório),

e: vetor de erros ou resíduos (aleatórios).

As letras maiúsculas representam as matrizes de incidência para os referidos efeitos. O vetor r contempla todas as épocas dentro de todos os locais. Genótipos são de efeito aleatório por serem considerados como representantes de uma amostra aleatória de vários possíveis genótipos em fases finais de seleção (KIMBENG et al., 2009).

A aplicação do modelo 53 resultou nos seguintes parâmetros, cujos estimadores podem ser encontrados em Resende (2007b e 2007c):

$\hat{\sigma}_g^2$: variância genotípica;

$\hat{\sigma}_{iep}^2$: variância da interação genótipos x épocas;

$\hat{\sigma}_{iloc}^2$: variância da interação genótipos x locais;

$\hat{\sigma}_e^2$: variância residual;

$\hat{\sigma}_f^2$: variância fenotípica individual;

\hat{h}_g^2 : herdabilidade individual no sentido amplo, ou seja, dos efeitos genotípicos totais;

\hat{c}_{iep}^2 : coeficiente de determinação dos efeitos da interação genótipos x épocas;

\hat{c}_{iloc}^2 : coeficiente de determinação dos efeitos da interação genótipos x locais;

\hat{h}_{mg}^2 : herdabilidade ajustada da média do genótipo;

\hat{r}_{gg} : acurácia em predizer o valor genotípico;

\hat{r}_{gloc} : correlação genotípica entre o desempenho nos vários locais;

$CVe\%$: coeficiente de variação experimental;

$CVgi\%$: coeficiente de variação genotípica;

CVr : coeficiente de variação relativa ($CVgi\% / CVe\%$);

$\hat{\mu}$: Média geral do experimento.

Por meio do modelo 53 foram preditos, para cada região e para as análises conjuntas das regiões, os seguintes valores genotípicos:

- a) para o ambiente médio, sem capitalizar a interação genótipo x região, dados por $\hat{\mu} + \hat{g}_i$, em que $\hat{\mu}$ é a média de todas as regiões e \hat{g}_i é o efeito genotípico livre da interação genótipo x região.
- b) capitalizando a interação genótipo x região, dados por $\hat{\mu}_j + \hat{g}_i + (\hat{ge})_{ij}$, em que $\hat{\mu}_j$ é a média da região j, \hat{g}_i é o efeito genotípico do clone i na região j, e $(\hat{ge})_{ij}$ é o efeito da interação genótipo x região relativo ao clone i.
- c) capitalizando a interação genótipo x região média, dados por $\hat{\mu}_j + \hat{g}_i + \hat{gem}$, em que $\hat{\mu}_j$ é a média geral de todas as regiões, \hat{g}_i é o

efeito genotípico do clone i na região j , e \hat{g}_{em} é o efeito médio da interação genótipo x região.

- d) Considerando-se, simultaneamente, a produtividade, a estabilidade e a adaptabilidade dos clones, dados pela média harmônica da performance relativa dos valores genotípicos (MHPRVG), dada por:

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

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.

A MHPRVG deve ser aplicada preferencialmente sobre os dados originais, expressando-os como (média do local)/ y e, posteriormente, obtendo-se os BLUPs para os valores genotípicos (média geral + efeitos genotípicos). A recíproca destes, multiplicada pela média geral de todos os ensaios, dada por $MHPRVG * \mu$, apresenta a vantagem de fornecer resultados na unidade de avaliação do caráter, os quais podem ser interpretados diretamente como valores genéticos para o caráter avaliado (RESENDE, 2007b).

Todas as estimativas descritas foram utilizadas para inferir sobre a variabilidade, acurácia e correlações entre e dentro das regiões definidas pelo CTC com base nos critérios edafoclimáticos. Com os valores genotípicos preditos, foi simulada a seleção dos 10 melhores genótipos por região e considerando a análise conjunta de todas as regiões, para comparar os ganhos genéticos obtidos com a recomendação regionalizada aos obtidos com uma recomendação de adaptação ampla a todas as regiões.

5. RESULTADOS E DISCUSSÃO

Os parâmetros estimados em cada região e para a análise conjunta das regiões duas a duas, estão apresentados nas Tabelas 2 a 5, para toneladas de cana e de pol por hectare estimadas para a média de 5 cortes, TCH_e5c e TPHe5c, respectivamente.

Os valores de acurácia encontram-se entre 0,86 e 0,93 para TCHe5c e 0,81 e 0,87 para TPHe5c (Tabelas 2 e 3). De acordo com Resende (2007c), para o processo seletivo dos programas de melhoramento, devem ser buscados valores de acurácia acima de 0,70, sendo que esses valores devem ser igual ou superior a 0,90 para experimentos de VCU. Para TCHe5c, quatro das 6 regiões apresentam valores de acurácia maiores que 0,90, indicando que as regiões avaliadas apresentaram alta ou muita alta acurácia de seleção (Tabela 2).

Tabela 2 – Parâmetros genéticos e experimentais relacionados a toneladas de cana por hectare estimadas para a média de 5 cortes (TCHe5c), obtidos pro meio da análise conjunta de 46 locais agrupados em 6 regiões edafoclimáticas diferentes. Os dados referem-se a uma população de 88 clones de cana-de-açúcar, distribuídos em 5 anos de plantio de ensaios, colhidos em duas épocas e em 2 ou 3 cortes

Parâmetros	R1	R2	R3	R4	R5	R6
σ_g^2	19,26	29,85	35,20	34,36	31,44	27,84
σ_{iep}^2	3,33	2,40	3,16	2,58	4,29	4,05
σ_{iloc}^2	24,31	20,49	29,45	23,63	19,66	26,44
σ_e^2	38,05	39,26	36,94	45,63	37,81	43,58
σ_f^2	103,19	99,06	111,45	118,45	99,26	113,59
h_g^2	0,19 ± 0,026	0,30 ± 0,031	0,32 ± 0,031	0,29 ± 0,030	0,32 ± 0,038	0,25 ± 0,045
h_{mg}^2	0,75	0,86	0,85	0,87	0,83	0,74
r_{gg}^2	0,87	0,93	0,92	0,93	0,91	0,86
c_{iep}^2	0,03	0,02	0,03	0,02	0,04	0,04
c_{iloc}^2	0,24	0,21	0,26	0,20	0,20	0,23
r_{gloc}	0,44	0,59	0,54	0,59	0,62	0,51
CVgi%	5,64	6,48	6,85	6,46	6,90	6,95
CVe%	8,27	7,65	7,31	7,65	7,98	9,09
CVr	0,68	0,85	0,94	0,84	0,86	0,76
Média geral	77,76	84,38	86,59	90,73	81,30	75,91

σ_g^2 : variância genotípica; σ_{iep}^2 : variância da interação genótipos x épocas; σ_{iloc}^2 : variância da interação genótipos x locais; σ_e^2 : variância residual; σ_f^2 : variância fenotípica individual; h_g^2 : herdabilidade individual no sentido amplo, ou seja, dos efeitos genotípicos totais, com o respectivo intervalo de confiança; h_{mg}^2 : herdabilidade ajustada da média do genótipo; r_{gg}^2 : acurácia em predizer o valor genotípico; c_{iep}^2 : coeficiente de determinação dos efeitos da interação genótipos x épocas; c_{iloc}^2 : coeficiente de determinação dos efeitos da interação genótipos x locais; r_{gloc} : correlação genotípica entre o desempenho nos vários locais; CVe%: coeficiente de variação residual; CVgi%: coeficiente de variação genotípica; CVr: coeficiente de variação relativa (CVgi%/CVe%); Média geral do experimento.

Tabela 3 – Parâmetros genéticos e experimentais relacionados a toneladas de pol por hectare estimadas para a média de 5 cortes (TPHe5c), obtidos por meio da análise conjunta de 46 locais agrupados em 6 regiões edafoclimáticas diferentes. Os dados referem-se a uma população de 88 clones de cana-de-açúcar, distribuídos em 5 anos de plantio de ensaios, colhidos em duas épocas e em 2 ou 3 cortes

Parâmetros	R1	R2	R3	R4	R5	R6
σ_g^2	0,30	0,40	0,44	0,41	0,50	0,58
σ_{iep}^2	0,16	0,22	0,19	0,17	0,23	0,09
σ_{iloc}^2	0,58	0,52	0,72	0,62	0,48	0,81
σ_e^2	0,95	1,05	1,05	1,26	1,04	1,17
σ_f^2	2,37	2,33	2,53	2,71	2,36	2,83
h_g^2	0,13 ± 0,021	0,17 ± 0,023	0,17 ± 0,023	0,15 ± 0,022	0,21 ± 0,031	0,21 ± 0,041
h_{mg}^2	0,66	0,76	0,74	0,74	0,75	0,67
r_{gg}^2	0,81	0,87	0,86	0,86	0,86	0,82
c_{iep}^2	0,07	0,09	0,07	0,06	0,10	0,03
c_{iloc}^2	0,24	0,22	0,29	0,23	0,20	0,28
r_{gloc}	0,34	0,43	0,38	0,40	0,51	0,42
CVgi%	4,73	4,89	5,06	4,67	6,05	6,51
CVe%	9,08	8,74	8,49	8,78	9,62	9,54
CVr	0,52	0,56	0,60	0,53	0,63	0,68
Média geral	11,64	12,86	13,12	13,64	11,72	11,74

σ_g^2 : variância genotípica; σ_{iep}^2 : variância da interação genótipos x épocas; σ_{iloc}^2 : variância da interação genótipos x locais; σ_e^2 : variância residual; σ_f^2 : variância fenotípica individual; h_g^2 : herdabilidade individual no sentido amplo, ou seja, dos efeitos genotípicos totais, com o respectivo intervalo de confiança; h_{mg}^2 : herdabilidade ajustada da média do genótipo; r_{gg}^2 : acurácia em predizer o valor genotípico; c_{iep}^2 : coeficiente de determinação dos efeitos da interação genótipos x épocas; c_{iloc}^2 : coeficiente de determinação dos efeitos da interação genótipos x locais; r_{gloc} : correlação genotípica entre o desempenho nos vários locais; CVe%: coeficiente de variação residual; CVgi%: coeficiente de variação genotípica; CVr: coeficiente de variação relativa (CVgi%/CVe%); Média geral do experimento.

Considerando a análise conjunta de todas as regiões, os valores de acurácia foram 0,97 e 0,95 para TCHe5c e TPHe5c, respectivamente, mostrando que o conjunto de dados analisado apresenta excelente acurácia, sem considerar a subdivisão em regiões (Tabelas 4 e 5). Para a análise conjunta das regiões duas a duas, as estimativas de acurácia mantiveram o mesmo padrão, sendo classificadas como altas para ambas as características.

Zeni Neto et al. (2008) observaram acurácia entre 0,53 e 0,74 para TPH em cana-de-açúcar, avaliando 11 locais de ensaios e Oliveira et al. (2005) observaram acurácia entre 0,404 e 0,701 avaliando TCH para a mesma cultura

em 3 locais. No presente trabalho foi avaliado um número muito maior de locais e ambientes, favorecendo altas estimativas de acurácia, mostrando que a rede de ensaios apresenta ótima qualidade experimental, corroborando com a avaliação genotípica.

Os valores de coeficiente de variação experimental (CVe%) encontrados foram baixos em comparação com a literatura (BASTOS et al.,2007; SILVA, 2008), mantendo-se abaixo de 10% dentro de cada região, para ambas as características (Tabelas 2 e 3). O maior valor observado foi 10,95% para a variável TPHe5c, na análise conjunta das regiões 5 e 6 (Tabela 5).

De acordo com Vencovsky (1987) o coeficiente de variação relativa (CVr) também pode ser utilizado para inferir sobre a precisão da avaliação genotípica, onde valores próximos a 1 são preferidos. Foram observadas estimativas entre 0,38 e 0,94 para CVr (Tabelas 2 a 5), considerando-se todas as abordagens de análise para ambas as características, sendo consideradas satisfatórias para esse parâmetro, pois valores baixos foram compensados pelo grande número de repetições (blocos) avaliados neste estudo considerando a soma das repetições de todos os locais, resultando em altos valores de acurácia, como já descrito anteriormente. De acordo com os parâmetros de precisão avaliados, todas as regiões apresentaram boa precisão e qualidade experimental, permitindo recomendação de variedades específicas utilizando informações genéticas.

Para cada uma das regiões, as herdabilidades individuais no sentido amplo apresentaram estimativas de baixa magnitude, variando de 0,13 a 0,32, sendo os menores valores encontrados para TPHe5c, indicando que os ambientes apresentam maior variabilidade ambiental para essa característica. Isso pode ser verificado pelos valores de variância ambiental (Tabela 3), que foram relativamente maiores em relação à variância genotípica, comparando-se com aqueles obtidos para TCHe5c (Tabela 2).

As herdabilidades das médias dos genótipos para cada região ficaram entre 0,66 e 0,93, sendo consideradas altas para ambas as características, mas menores para TPHe5c do que para TCHe5c (Tabelas 2 e 3). Herdabilidades altas contribuem para a confiabilidade na média fenotípica apresentada pelos genótipos em cada uma das regiões, favorecendo a recomendação regional. Valores inferiores para esse parâmetro foram encontrados por Zeni Neto (2008) para TPH em cana-de-açúcar.

Tabela 4 – Parâmetros genéticos e experimentais relacionados a toneladas de cana por hectare estimadas para a média de 5 cortes (TCHe5c), obtidos por meio da análise conjunta de 46 locais agrupados em 6 regiões edafoclimáticas diferentes, tomadas duas a duas. Os dados referem-se a uma população de 88 clones de cana-de-açúcar, distribuídos em 5 anos de plantio de ensaios, colhidos em duas épocas e em 2 ou 3 cortes

Parâmetros ¹	RT*	R1R2	R1R3	R1R4	R1R5	R1R6	R2R3	R2R4	R2R5	R2R6	R3R4	R3R5	R3R6	R4R5	R4R6	R5R6
σ_g^2	29,86	26,71	26,61	24,44	21,88	17,25	35,76	31,98	26,38	27,07	31,72	31,01	33,15	32,20	25,00	19,23
σ_{iep}^2	1,08	1,57	1,55	1,10	2,52	0,98	1,11	0,67	1,43	1,17	1,64	2,95	0,72	2,57	0,81	2,40
σ_{iloc}^2	8,88	5,35	9,14	8,30	9,69	12,91	6,01	6,21	10,85	10,63	8,88	10,34	11,04	5,90	13,81	19,01
σ_e^2	59,70	56,75	59,56	61,83	55,50	59,04	59,05	61,07	55,46	57,84	63,30	57,93	61,81	60,28	64,76	56,39
σ_f^2	108,69	101,73	107,70	109,63	101,54	105,32	107,74	108,63	99,90	104,09	113,80	107,61	113,47	109,72	115,34	104,15
h_g^2	0,27 ± 0,013	0,26 ± 0,021	0,25 ± 0,020	0,22 ± 0,019	0,22 ± 0,021	0,16 ± 0,020	0,33 ± 0,022	0,29 ± 0,021	0,26 ± 0,022	0,26 ± 0,024	0,28 ± 0,021	0,29 ± 0,023	0,29 ± 0,025	0,29 ± 0,023	0,22 ± 0,022	0,18 ± 0,023
h_{mg}^2	0,94	0,89	0,83	0,83	0,79	0,65	0,91	0,89	0,81	0,78	0,86	0,84	0,81	0,89	0,72	0,59
r_{gg}^2	0,97	0,94	0,91	0,91	0,89	0,81	0,95	0,94	0,90	0,88	0,93	0,92	0,90	0,95	0,85	0,77
c_{iep}^2	0,01	0,02	0,01	0,01	0,02	0,01	0,01	0,01	0,01	0,01	0,01	0,03	0,01	0,02	0,01	0,02
c_{iloc}^2	0,08	0,05	0,08	0,08	0,10	0,12	0,06	0,06	0,11	0,10	0,08	0,10	0,10	0,05	0,12	0,18
r_{gloc}	0,77	0,83	0,74	0,75	0,69	0,57	0,86	0,84	0,71	0,72	0,78	0,75	0,75	0,85	0,64	0,50
CVgi%	6,52	6,36	6,26	5,84	5,90	5,39	6,98	6,45	6,18	6,36	6,35	6,60	6,89	6,53	5,78	5,53
CVe%	9,30	9,40	9,48	9,37	9,61	10,06	9,05	8,97	9,07	9,39	9,09	9,25	9,46	9,12	9,36	9,67
CVr	0,70	0,68	0,66	0,62	0,61	0,54	0,77	0,72	0,68	0,68	0,70	0,71	0,73	0,72	0,62	0,57
Média geral	83,82	81,21	82,47	84,70	79,26	77,05	85,66	87,62	83,12	81,77	88,66	84,38	83,59	86,92	86,52	79,28

¹Os parâmetros são definidos da mesma maneira apresentada na Tabela 2

* RT: quando foi realizada a análise conjunta de todas as regiões

Tabela 5 – Parâmetros genéticos e experimentais relacionados a toneladas de pol por hectare estimadas para a média de 5 cortes (TPHe5c), obtidos por meio da análise conjunta de 46 locais agrupados em 6 regiões edafoclimáticas diferentes, tomadas duas a duas. Os dados referem-se a uma população de 88 clones de cana-de-açúcar, distribuídos em 5 anos de plantio de ensaios, colhidos em duas épocas e em 2 ou 3 cortes

Parâmetros ¹	RT	R1R2	R1R3	R1R4	R1R5	R1R6	R2R3	R2R4	R2R5	R2R6	R3R4	R3R5	R3R6	R4R5	R4R6	R5R6
σ_g^2	0,40	0,38	0,33	0,35	0,36	0,25	0,47	0,43	0,34	0,37	0,39	0,42	0,39	0,47	0,26	0,26
σ_{iep}^2	0,11	0,15	0,10	0,11	0,13	0,08	0,14	0,14	0,15	0,13	0,15	0,15	0,09	0,16	0,12	0,12
σ_{iloc}^2	0,21	0,14	0,21	0,15	0,20	0,32	0,13	0,14	0,27	0,27	0,18	0,22	0,32	0,13	0,35	0,46
σ_e^2	1,59	1,45	1,56	1,61	1,42	1,51	1,57	1,63	1,46	1,54	1,71	1,57	1,69	1,62	1,76	1,53
σ_f^2	2,49	2,34	2,42	2,51	2,35	2,45	2,43	2,52	2,34	2,45	2,58	2,45	2,59	2,55	2,69	2,48
h_g^2	0,16 ± 0,010	0,16 ± 0,016	0,14 ± 0,015	0,14 ± 0,015	0,15 ± 0,017	0,10 ± 0,016	0,19 ± 0,017	0,17 ± 0,016	0,15 ± 0,016	0,15 ± 0,018	0,15 ± 0,015	0,17 ± 0,018	0,15 ± 0,018	0,18 ± 0,019	0,10 ± 0,015	0,11 ± 0,018
h_{mg}^2	0,90	0,81	0,72	0,78	0,74	0,52	0,84	0,82	0,69	0,65	0,78	0,76	0,63	0,84	0,52	0,45
r_{gg}^2	0,95	0,90	0,85	0,88	0,86	0,72	0,92	0,91	0,83	0,81	0,88	0,87	0,79	0,92	0,72	0,67
c_{iep}^2	0,05	0,06	0,04	0,04	0,06	0,03	0,06	0,06	0,07	0,05	0,06	0,06	0,03	0,06	0,04	0,05
c_{iloc}^2	0,08	0,06	0,09	0,06	0,09	0,13	0,06	0,06	0,12	0,11	0,07	0,09	0,12	0,05	0,13	0,19
r_{gloc}	0,66	0,74	0,61	0,69	0,64	0,44	0,78	0,75	0,56	0,58	0,69	0,66	0,55	0,78	0,43	0,36
CVgi%	5,04	5,03	4,64	4,67	5,12	4,28	5,26	4,95	4,74	4,88	4,65	5,17	4,88	5,33	3,93	4,36
CVe%	10,34	10,27	10,36	10,32	10,66	10,81	10,06	10,04	10,25	10,33	10,19	10,44	10,46	10,38	10,45	10,95
CVr	0,49	0,49	0,45	0,45	0,48	0,40	0,52	0,49	0,46	0,47	0,46	0,49	0,47	0,51	0,38	0,40
Média geral	12,61	12,28	12,44	12,71	11,68	11,66	13,02	13,25	12,39	12,52	13,38	12,55	12,74	12,86	13,09	11,73

¹Os parâmetros são definidos da mesma maneira apresentada na Tabela 2

* RT: quando foi realizada a análise conjunta de todas as regiões

As estimativas do coeficiente de determinação da interação genótipos x épocas foram baixas em todas as abordagens e para ambas as características, indicando que o efeito da interação genótipos x épocas foi pequeno. Isso se confirma pela baixa magnitude da variância da interação genótipos x épocas, quando comparada à variância genotípica (Tabelas 2 a 5).

Já os coeficientes de determinação da interação genótipos x locais foram mais altos em relação aos coeficientes de determinação da interação genótipos x épocas (Tabelas 2 e 3). Isso mostra que o efeito da interação genótipos x locais em cada região é alto, fato que pode ser confirmado observando as estimativas para a variância da interação genótipos x locais, que foram maiores que as estimativas de variância genotípica na maioria das regiões, principalmente para TPHe5c (Tabelas 2 e 3).

Nas análises conjuntas das regiões e para as combinações duas a duas, os coeficientes de determinação da interação genótipos x locais foram de baixa magnitude (Tabelas 4 e 5). A variância para essa interação também foi de baixa magnitude e menor do que variância genotípica para a maioria das combinações (Tabelas 4 e 5) e para as duas características. Esses resultados indicam que, quando combinadas, as regiões apresentam um padrão de interação genótipos x locais mais baixo que quando avaliadas independentemente.

Porém, pode ser observado que há, em geral, um decréscimo nas estimativas dos parâmetros dentro das combinações de cada região, ou seja, a combinação entre as regiões 1 e 2 apresentou estimativas dos parâmetros mais altas que a combinação entre 1 e 6. Algumas combinações apresentaram estimativas menores que as obtidas ao considerar a análise individual para cada região. Esse padrão pode ser verificado para ambas as características, indicando que algumas regiões apresentam melhores resultados quando agrupadas e outras não são influenciadas pelo agrupamento.

O nível da interação pode ser mais bem interpretado quando se avalia a correlação genotípica entre o desempenho dos genótipos nos vários locais dentro das regiões. Segundo Resende (2007), os valores dessa correlação devem estar acima de 2/3 para serem considerados altos, ou seja, correlações acima de 0,67 indicam que a mesma recomendação atenderia a todos os locais.

Na análise individual de cada região, a correlação genotípica esteve abaixo de 0,67 para todas as regiões e ambas as características (Tabelas 2 e 3), indicando que, além do forte efeito da interação genótipos x locais, essa interação se mostrou complexa, pois está causando troca de posições na classificação dos genótipos dentro das regiões. A correlação genotípica mais baixa para as duas características foi observada na região 1, com valores de 0,44 e 0,34 para TCH_e5c e TPHe5c, respectivamente, indicando que os locais que compõem essa região são muito contrastantes na diferenciação dos genótipos.

A análise conjunta das regiões duas a duas foi uma alternativa para aumentar a correlação genotípica entre os locais. Para TCH_e5c, foram observadas correlações genotípicas maiores que 0,70 na maioria das combinações, indicando que algumas regiões podem ser agrupadas, proporcionando melhores estimativas dessa correlação, diminuindo a interação genótipos x locais, aumentando assim a probabilidade de acerto na recomendação de variedades específicas para duas ou mais regiões (Tabelas 4 e 5). Como exemplo, ao agrupar as regiões 1 e 2, as estimativas de correlação genotípica sobem para 0,83 para TCH_e5c e 0,74 para TPHe5c.

Porém, algumas combinações de regiões ainda forneceram estimativas baixas de correlação genotípica. A combinação das regiões 1 e 6, 4 e 5; e 5 e 6 tiveram valores de correlação abaixo de 0,67 para TCH_e5c. Já para TPHe5c, mais da metade das combinações ainda apresentou valores de correlação abaixo de 0,67, sendo as combinações entre as regiões 1 e 6, 4 e 6, 5 e 6, além das combinações entre as regiões 2 e 5, 2 e 6, 3 e 6. Correlações mais baixas para TPHe5c podem estar ocorrendo porque essa variável, que avalia a produtividade de açúcar por hectare, é composta pela variável Pol%, que indica o conteúdo de sacarose da cana. O processo de acúmulo de sacarose no colmo, chamado de curva de maturação, varia em cada genótipo, sendo altamente influenciado pelas condições ambientais.

Diante disso, regiões que continuaram apresentando alta interação genótipos x locais e baixa correlação genotípica ao serem combinadas a outras, devem ser preferencialmente consideradas individualizadas, mas mostra a necessidade de busca de novos locais de experimentação para essas regiões. Observando a reincidência nas combinações de menor correlação genotípica, é possível verificar que a região 6 apresentou as menores

estimativas desse parâmetro ao se agrupar com outras regiões, considerando ambas as características, caracterizando-a como uma região única.

Valores de correlação genotípica abaixo de 0,67 também foram encontrados por Oliveira et al. (2005) para a variável TCH e Bastos et al. (2007) para TBH, variável semelhante a TPH, ambos procedendo a análise conjunta de três ambientes em cana-de-açúcar

Para particularizar as respostas dos genótipos diante da grande interação genótipos x locais e das baixas correlações genotípicas apresentadas para cada região, foi avaliado o desempenho individualizado dos genótipos.

Sendo assim, são apresentadas na Tabela 6 e 7 as predições para os valores genotípicos capitalizando a interação em cada região ($\hat{\mu}_j + \hat{g}_i + (\hat{ge})_{ij}$). Os valores genotípicos associados aos 10 melhores genótipos em relação à TCH_{e5c} (Tabela 6) e TPHe_{5c} (Tabela 7) foram destacados. Esses valores permitem recomendar genótipos para áreas com o mesmo padrão de interação, ou seja, em áreas dentro de cada região.

Verifica-se diferença na seleção dos 10 melhores genótipos para cada região (Tabelas 6 e 7). Diferenças na seleção dos genótipos superiores para diferentes ambientes também foram encontradas por Bastos et al. (2007) e Zeni Neto et al. (2008) em cana-de-açúcar.

No total, 23 genótipos foram classificados como os 10 melhores em pelo menos uma das regiões de estudo, sendo que 15 genótipos, ou seja, 65% foram coincidentes na seleção considerando TCH_{e5c} e TPHe_{5c}. Isso mostra que existem genótipos que apresentam alta produtividade de cana em algumas regiões onde as condições edafoclimáticas não favorecem a maturação desses genótipos, diminuindo assim sua produtividade de açúcar. Portanto existem regiões que favorecem a maturação em detrimento à produtividade da cana, proporcionando a seleção de genótipos com maior teor de sacarose, porém de baixa produtividade.

Tabela 6 – Valores genotípicos preditos para toneladas de cana por hectare estimadas para a média de 5 cortes (TCH5c), em clones de cana-de-açúcar e variedades padrão, considerando 6 regiões edafoclimáticas e capitalizando-se a interação genótipo x região

Genótipos ¹	R1		R2		R3		R4		R5		R6	
	$\hat{\mu}_1 + \hat{g} + \hat{g}e$		$\hat{\mu}_2 + \hat{g} + \hat{g}e$		$\hat{\mu}_3 + \hat{g} + \hat{g}e$		$\hat{\mu}_4 + \hat{g} + \hat{g}e$		$\hat{\mu}_5 + \hat{g} + \hat{g}e$		$\hat{\mu}_6 + \hat{g} + \hat{g}e$	
10	76,7438	(51)*	85,6414	(37)	90,6252	(26)	100,8912	(6)	86,5476	(19)	-	
26	79,8149	(25)	88,9503	(19)	93,1705	(20)	99,7802	(8)	87,5619	(13)	-	
27	80,7524	(24)	89,4019	(17)	95,8005	(6)	90,9495	(39)	86,9322	(15)	-	
37	87,3302	(5)	96,3623	(3)	95,8613	(5)	101,6268	(4)	96,1029	(1)	82,4861	(5)
38	81,3014	(21)	92,1929	(9)	96,5280	(3)	96,4034	(16)	83,2356	(35)	82,3518	(6)
39	82,0763	(20)	87,7734	(28)	85,7152	(52)	94,6083	(23)	84,4516	(28)	81,1749	(9)
42	83,5174	(16)	90,2163	(13)	97,7878	(2)	90,8118	(42)	84,8183	(25)	81,9253	(7)
48	85,3118	(9)	88,1643	(25)	95,0106	(11)	94,8452	(22)	85,3194	(23)	79,9069	(15)
51	87,6917	(3)	92,5769	(8)	92,5946	(23)	97,1930	(15)	92,6693	(4)	80,0937	(14)
52	87,7284	(2)	95,8443	(5)	95,2271	(9)	96,0596	(17)	83,6285	(33)	87,9521	(1)
53	84,1886	(12)	87,3359	(29)	91,0375	(25)	94,4836	(24)	85,8449	(22)	81,0790	(10)
54	84,6145	(10)	90,1329	(14)	93,9014	(15)	98,5240	(12)	86,8334	(16)	77,2198	(21)
56	78,3915	(37)	88,2715	(24)	95,6177	(7)	95,9530	(19)	89,4327	(11)	77,2283	(20)
57	87,5747	(4)	98,7637	(2)	95,1079	(10)	99,0385	(10)	90,0792	(9)	81,7286	(8)
60	86,6668	(7)	93,2008	(7)	93,2964	(18)	105,2835	(2)	90,5410	(8)	-	
63	90,5272	(1)	91,0052	(12)	95,4033	(8)	100,5739	(7)	93,1836	(2)	-	
66	82,5779	(17)	91,5577	(11)	95,8966	(4)	98,4438	(13)	88,2520	(12)	-	
67	84,0440	(13)	93,5113	(6)	92,7001	(22)	98,5506	(11)	86,7215	(18)	79,8384	(16)
68	85,4899	(8)	96,2686	(4)	93,8789	(16)	105,3522	(1)	92,8772	(3)	80,9764	(11)
69	83,9983	(14)	99,0878	(1)	98,7286	(1)	104,1112	(3)	90,0677	(10)	87,8056	(2)
70	79,0037	(29)	86,0394	(36)	94,0943	(13)	100,8983	(5)	90,8293	(7)	77,4170	(19)
71	87,1288	(6)	92,0017	(10)	93,9197	(14)	99,5026	(9)	91,8536	(6)	85,7563	(4)
79	83,5996	(15)	87,9230	(26)	94,6521	(12)	94,2582	(25)	91,8761	(5)	87,5106	(3)

¹Os genótipos com os valores em negrito representam os 10 melhores em cada região edafoclimática, de uma população de oitenta e oito genótipos avaliados

* Entre parênteses se encontra a classificação dos genótipos. As células vazias (-) indicam que os genótipos não foram testados na região 6.

Na tabela 8 são apresentadas as predições dos valores genotípicos para o ambiente médio, sem capitalizar a interação genótipo x região ($\hat{\mu} + \hat{g}_i$) e capitalizando a interação genótipo x região média ($\hat{\mu}_j + \hat{g}_i + \hat{g}_{em}$), bem como os valores para a estatística da média harmônica da performance relativa dos valores genotípicos (MHPRVG* μ) para os 10 melhores genótipos selecionados com base nesse valores.

Tabela 7 – Valores genotípicos preditos para toneladas de pol por hectare estimadas para a média de 5 cortes (TPHe5c), em clones de cana-de-açúcar e variedades padrão, considerando 6 regiões edafoclimáticas e capitalizando-se a interação genótipo x região

Genótipos ¹	R1		R2		R3		R4		R5		R6	
	$\hat{\mu}_1 + \hat{g} + \hat{ge}$		$\hat{\mu}_2 + \hat{g} + \hat{ge}$		$\hat{\mu}_3 + \hat{g} + \hat{ge}$		$\hat{\mu}_4 + \hat{g} + \hat{ge}$		$\hat{\mu}_5 + \hat{g} + \hat{ge}$		$\hat{\mu}_6 + \hat{g} + \hat{ge}$	
10	11,2795	(58)*	13,0182	(36)	13,7144	(18)	14,9633	(4)	12,3827	(15)	-	
39	12,0611	(21)	12,7829	(48)	12,3525	(75)	13,6288	(41)	11,9703	(35)	12,2643	(10)
41	11,6152	(43)	13,7097	(10)	13,6642	(20)	14,2428	(17)	12,0993	(27)	11,6576	(29)
48	12,4753	(9)	13,2300	(24)	14,2604	(5)	14,3352	(12)	12,5315	(12)	12,3079	(9)
50	12,2806	(14)	13,3800	(18)	13,2817	(41)	14,1796	(20)	12,1405	(25)	12,7042	(5)
51	12,9897	(4)	14,0160	(7)	14,2460	(6)	14,5385	(8)	13,1132	(6)	11,9123	(20)
52	12,8676	(5)	14,2105	(4)	13,8353	(13)	14,2837	(14)	12,1061	(26)	13,4545	(2)
53	12,0527	(22)	12,7356	(52)	13,4786	(31)	13,7502	(36)	11,9797	(33)	12,3292	(8)
55	10,0095	(88)	12,4395	(65)	13,0650	(51)	13,1715	(68)	10,8136	(82)	12,4035	(7)
57	13,0540	(3)	14,8228	(2)	14,3056	(4)	14,8967	(5)	13,2696	(2)	12,5935	(6)
59	12,4148	(10)	13,8356	(8)	14,1280	(9)	14,2949	(13)	12,9823	(7)	11,4996	(31)
60	12,4022	(11)	13,3113	(19)	13,3792	(35)	14,7574	(6)	12,7820	(9)	-	
63	13,2659	(2)	13,2513	(23)	13,7632	(16)	14,0625	(25)	13,1395	(5)	-	
65	11,9679	(26)	14,0599	(6)	13,5444	(30)	13,3622	(56)	11,8435	(40)	-	
67	12,5211	(8)	13,8019	(9)	13,4541	(32)	14,4188	(10)	12,3144	(18)	12,0615	(16)
68	12,3206	(12)	14,0772	(5)	13,8627	(12)	15,2796	(2)	12,8380	(8)	12,2062	(11)
69	12,5749	(7)	14,9170	(1)	15,0214	(1)	15,5942	(1)	13,2060	(3)	13,3909	(3)
70	11,6956	(37)	13,0548	(33)	14,1330	(8)	14,7461	(7)	13,1632	(4)	11,7788	(23)
71	13,4044	(1)	14,2404	(3)	14,3160	(3)	15,1157	(3)	13,6634	(1)	13,5382	(1)
74	12,6055	(6)	12,8929	(40)	14,0118	(10)	14,4853	(9)	12,2774	(21)	-	
79	11,9556	(27)	12,8008	(47)	13,6026	(25)	13,4704	(47)	12,6720	(10)	12,8042	(4)
84	11,7144	(35)	12,9217	(38)	14,1408	(7)	13,8631	(34)	12,3673	(16)	-	
88	12,1372	(19)	13,6682	(11)	14,3326	(2)	14,1764	(21)	11,4658	(52)	11,4210	(36)

¹Os genótipos com os valores em negrito representam os 10 melhores em cada região edafoclimática, de uma população de oitenta e oito genótipos avaliados

* Entre parênteses se encontra a classificação dos genótipos. As células vazias (-) indicam que os genótipos não foram testados na região 6.

Com base nos valores genotípicos preditos, 12 genótipos foram classificados entre os 10 melhores para as duas características avaliadas, sendo que oito genótipos, ou seja, 67%, foram coincidentes no ordenamento para TCHe5c e para TPHe5c, resultado muito próximo ao obtido no ordenamento dos 10 melhores genótipos selecionados em cada região, fato que pode ter mesmo motivo já apresentado.

Na tabela 8 observa-se que a seleção dos 10 melhores genótipos foi idêntica, considerando os valores genotípicos preditos para o ambiente médio, valores genotípicos capitalizando-se a interação média das regiões e também para os valores da MHPRVG* μ para cada característica. Bastos et al. (2007) também encontraram resultado semelhante para a cana. Esses autores

comentaram que, apesar de idênticas, as predições foram superiores para os valores genotípicos que capitalizam de alguma maneira a interação genótipo x ambiente. Resultado semelhante foi encontrado neste trabalho, em que os valores para a MHPRVG* μ foram maiores que os valores genotípicos preditos capitalizando a interação média das regiões e sem capitalizar a interação, nessa ordem, para a maioria dos genótipos (Tabela 8).

Os valores de MHPRVG* μ fornecem o valor genotípico médio dos genótipos nas regiões avaliadas, valores esses já penalizados pela instabilidade e capitalizando pela adaptabilidade, propriedades intrínsecas ao método da MHPRVG.

Tabela 8 – Valores genotípicos preditos para toneladas de cana e de pol por hectare estimadas para a média de 5 cortes (TCH5c e TPHe5c), considerando a análise conjunta de 6 regiões edafoclimáticas, sem capitalizar a interação genótipo x região ($\hat{\mu} + \hat{g}$), capitalizando-se o efeito médio da interação genótipo x região ($\hat{\mu} + \hat{g} + \hat{gem}$) e para produtividade, adaptabilidade e estabilidade dos valores genotípicos (MHPRVG* μ)

Genótipos ¹	TCH5c					
	$\hat{\mu} + \hat{g}$		$\hat{\mu} + \hat{g} + \hat{gem}$		MHPRVG* μ	
37	93,9252	(2)*	94,4259	(2)	94,5047	(2)
51	91,2336	(9)	91,6008	(9)	91,6886	(9)
52	91,8085	(8)	92,2043	(8)	92,2865	(8)
57	92,7379	(6)	93,1797	(6)	93,2475	(6)
60	92,9174	(5)	93,3681	(5)	93,3268	(5)
63	93,2391	(3)	93,7058	(3)	93,7852	(3)
68	93,1429	(4)	93,6048	(4)	93,5567	(4)
69	94,5651	(1)	95,0975	(1)	95,1317	(1)
71	92,3997	(7)	92,8248	(7)	93,0075	(7)
79	90,7572	(10)	91,1009	(10)	91,2201	(10)
Genótipos ¹	TPHe5c					
	$\hat{\mu} + \hat{g}$		$\hat{\mu} + \hat{g} + \hat{gem}$		MHPRVG* μ	
48	13,2952	(9)	13,3543	(9)	13,3635	(8)
51	13,5523	(4)	13,6336	(4)	13,6380	(4)
52	13,5433	(5)	13,6239	(5)	13,6322	(5)
57	13,8785	(3)	13,9880	(3)	14,0021	(3)
59	13,2975	(8)	13,3568	(8)	13,3462	(9)
60	13,2651	(10)	13,3217	(10)	13,3318	(10)
63	13,4192	(7)	13,4891	(7)	13,5130	(7)
68	13,5168	(6)	13,5950	(6)	13,5882	(6)
69	14,1489	(1)	14,2817	(1)	14,2853	(1)
71	14,0835	(2)	14,2106	(2)	14,2440	(2)

¹Os genótipos representam os 10 melhores considerando a análise conjunta das 6 regiões, de uma população de oitenta e oito genótipos avaliados

* Entre parênteses se encontra a classificação dos genótipos.

É importante comentar que, dos 10 melhores genótipos selecionados pela análise conjunta das regiões, todos estão dentro dos 23 melhores genótipos adaptados a alguma das regiões para ambas as características. Porém 13 genótipos selecionados regionalmente seriam descartados caso fossem utilizados para recomendação valores genotípicos preditos na análise conjunta das regiões.

As coincidências em relação a seleção dos 10 melhores genótipos entre cada região e entre a análise conjunta das regiões, estão apresentadas nas Tabelas 9 e 10 para TCH_e5c e TPHe₅c respectivamente. Coincidências menores que 70% foram consideradas de baixa magnitude e estão em destaque.

Para as duas características, poucas comparações entre regiões apresentaram mais de 70% de coincidência. Valores maiores que 70% foram observados apenas nas comparações entre cada região e a seleção conjunta das regiões. Isso era esperado uma vez que os 10 melhores genótipos selecionados pela análise conjunta estão entre os de adaptação regional como já descrito.

Para TCH_e5c, observa-se que as regiões que apresentaram menores coincidências foram as regiões 3, 4 e 6. A região 3 apresentou a menor coincidência de selecionados, quando comparada com a seleção para análise conjunta das regiões, atingindo 50%, ou seja, dos 10 melhores genótipos selecionados para essa região, 5 são genótipos de adaptação regional e seriam descartados caso fosse realizada a análise conjunta das regiões (Tabela 9). Nessa mesma direção, a região 6 teria 4 genótipos de adaptação regional descartados na análise conjunta. Já a região 4 apresentou baixas porcentagens de coincidência quando comparada as outras regiões individualmente, mas seria atendida com uma recomendação de genótipos de ampla adaptação considerando a análise conjunta das regiões para TCH_e5c (Tabela 9).

Para TPHe₅c, novamente as regiões que apresentaram menores coincidências foram as regiões 3, 4 e 6. Já para essa variável, a região 6 apresentou menor coincidência de selecionados (50%) quando comparada com a seleção para análise conjunta das regiões, apresentando então 5 genótipos de adaptação regional que seriam descartados (Tabela 10). As região 3 e 4 apresentaram 4 genótipos de adaptação regional.

Finalmente, foram preditos os ganhos com a recomendação dos 10 melhores genótipos, para tonelada de cana e tonelada de pol por hectare estimada para a média de 5 cortes (TCHe5c e TPHe5c), considerando as análises individuais para cada região e a conjunta das regiões (Tabela 11).

Observa-se que o ganho médio considerando a seleção para adaptação regional foi 11,9% para TCHe5c e 9,8% para TPHe5c. Considerando a seleção baseada na MHPRVG* μ , que apresentou maiores ganhos para a análise conjunta, os ganhos preditos com adaptação ampla foram de 11,2% para TCHe5c e 8,7% para TPHe5c. Comparando-se esses ganhos, verificou-se um ganho genético de 0,7% para TCHe5c e 1,1% para TPHe5c, com a recomendação de genótipos de adaptação regional (Tabela 11)

As regiões que apresentaram maiores ganhos com genótipos de adaptação regional foram as regiões 5, 2 e 1 para ambas as características (Tabela 11). Os ganhos preditos chegaram a 11,5%, preditos para TPHe5c na região 5, ou seja, 2,8% de ganho ao recomendar genótipos adaptados a essa região. Essas regiões também foram as que apresentaram maior porcentagem de coincidência de genótipos quando comparada com a seleção para análise conjunta das regiões (Tabelas 9 e 10).

Tabela 9 – Percentual de genótipos comuns na comparação da seleção dos 10 melhores genótipos em seis regiões edafoclimáticas e para a seleção considerando a análise conjunta das seis regiões, para a variável tonelada de cana por hectare estimada para a média de 5 cortes (TCHe5c)

	R2	R3	R4	R5	R6	RT**
R1	70	40	60	70	40	80
R2		50	60	70	60	80
R3			40	40	60	50
R4				80	40	70
R5					50	90
R6						60

Coincidências menores que 70% foram consideradas de baixa magnitude e estão em negrito;

** RT: coincidências obtidas comparando-se a seleção para cada região com a seleção considerando análise conjunta de todas as regiões.

Tabela 10 – Percentual de genótipos comuns na comparação da seleção dos 10 melhores genótipos em seis regiões edafoclimáticas e para a seleção considerando a análise conjunta das seis regiões, para a variável tonelada de pol por hectare estimada para a média de 5 cortes (TPHe5c)

	R2	R3	R4	R5	R6	RT
R1	70	70	60	60	50	80
R2		50	60	60	40	70
R3			60	60	40	60
R4				70	30	60
R5					40	80
R6						50

Coincidências menores que 70% foram consideradas de baixa magnitude e estão em negrito;

** RT: coincidências obtidas comparando-se a seleção para cada região com a seleção considerando análise conjunta de todas as regiões.

Tabela 11 – Ganhos genéticos com a seleção dos 10 genótipos de maior valor genotípico predito para tonelada de cana e tonelada de pol por hectare estimadas para a média de 5 cortes (TCHe5c e TPHe5c)

Região	TCHe5c			TPHe5c		
	Média geral	Nova média	Ganho (%)	Média geral	Nova média	Ganho (%)
R1	77,6	87,0	12,1	11,6	12,8	10,2
R2	84,5	95,0	12,4	12,9	14,2	10,1
R3	86,7	96,2	10,9	13,1	14,3	8,7
R4	90,7	101,7	12,1	13,6	14,9	9,2
R5	81,3	92,0	13,2	11,7	13,1	11,5
R6	75,8	84,0	10,8	11,7	12,8	9,0
Média Regional	82,8	92,6	11,9	12,5	13,7	9,8
$\hat{\mu} + \hat{g}$	83,8	92,7	10,6	12,6	13,6	7,9
$\hat{\mu} + \hat{g} + \hat{g}_{em}$	83,8	93,1	11,1	12,6	13,7	8,5
MHPRVG* μ	83,8	93,2	11,2	12,6	13,7	8,7

R1 a R6: valores genotípicos preditos capitalizando a interação genótipo x região em cada uma das seis regiões edafoclimáticas ($\hat{\mu}_i + \hat{g}_i + \hat{g}_{e_i}$); $\hat{\mu} + \hat{g}$: valor genotípico para o ambiente médio sem capitalizar a interação genótipo x região; $\hat{\mu} + \hat{g} + \hat{g}_{em}$: valor genotípico capitalizando-se a interação genótipo x região média.; MHPRVG* μ : média harmônica da performance relativa dos valores genotípicos preditos (produtividade, adaptabilidade e estabilidade simultaneamente), multiplicada pela média geral.

Já as regiões 3, 4 e 6 foram as que apresentaram menores ganhos (Tabela 11), principalmente para TPHe5c. Essas mesmas regiões apresentaram também a menor porcentagem de coincidência e também a maior quantidade de genótipos de adaptação regional como já discutido. Os resultados sugerem que essas regiões, por serem mais discrepantes, podem apresentar condições mais restritivas quanto ao desempenho dos genótipos, justificando ainda mais a busca por genótipos cada vez mais adaptados a essas regiões. Com respeito à adaptabilidade, Pacheco et al. (2003) constataram claramente uma falta de genótipos adaptados a ambientes contrastantes e restritivos para soja, mostrando que a estratégia de melhoramento utilizada ainda pode ser melhorada, pois as variedades lançadas até o momento não expressariam seu potencial genético máximo nesses ambientes.

Bastos et al. (2007) também estimaram ganhos para uma população de clones de cana-de-açúcar em vários locais, e ressaltaram que as predições de valores genéticos obtidas por local levam em consideração a informação de toda a rede experimental. Portanto, tais predições são mais precisas que estimar esses mesmos valores por meio das análises por local. Nesse estudo também foram utilizados os dados de todos os ensaios avaliados para estimar os valores genéticos considerando a análise conjunta das regiões e também a análise de cada região.

6. CONCLUSÕES

A metodologia REML/BLUP no contexto dos modelos mistos permitiu a avaliação da regionalização de ensaios de competição e possibilita a recomendação regionalizada de clones de cana-de-açúcar.

É possível agrupar regiões edafoclimáticas distintas, pois a interação genótipos x locais é alta em todas as regiões e mostrou-se baixa quando as regiões são agrupadas duas a duas;

A região 6 apresentou as menores correlações genotípicas quando agrupada com outras regiões, mostrando-se a região mais discrepante.

Com a análise conjunta de todas as regiões, visando recomendação de ampla adaptação, 13 genótipos de adaptação regional são descartados.

Há um ganho genético 0,7% e 1,1% maior para TCH_e5c e TPHe_{5c}, respectivamente, quando a recomendação de genótipos de adaptação regional é comparada a recomendação de genótipos de adaptação ampla a todas as regiões.

7. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

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

BRAGA JÚNIOR, R.L.C. Equação para estimativa da produtividade média de cinco cortes a partir dos dois primeiros cortes. In: SEMINÁRIO DE ECNOLOGIA AGRONÔMICA, 6º, Piracicaba. **Anais**. Piracicaba: COPERSUCAR, p.131-136, 1994.

CRUZ, C.D.; CARNEIRO, P.C.S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. UFV, Viçosa, v. 2, 2003. 585 p.

DUARTE, J.B.; ZIMMERMANN, M.J.O. Correlation among yield stability parameters in common bean. **Crop Science**, Madison, v. 35, n. 3, p.905-912, 1995.

KIMBENG, C.A.; ZHOU, M.M.; SILVA, J.A. Genotype x Environment Interactions and Resource Allocation in Sugarcane Yield Trials in the Rio Grande Valley Region of Texas . **Journal of the American Society of Sugar Cane Technologists**, v. 29, p. 11-24, 2009.

LANDELL, M. G. A.; SOUZA, S.A.C.D., PINTO, L.R.; VASCONCELOS, A.C.M. **“Melhoramento Genético e Biotecnologia”**. Relatório do Workshop Tecnológico – Melhoramento Genético e Biotecnologia, IAC, 2007. 81p. Disponível em: www.apta.sp.gov.br/cana/anexos/relatoriofinal_workshop_biotecnologiaemelh_ramento.pdf acessado em 04/2011.

OLIVEIRA R.A.; RESENDE, M.D.V.; DAROS, E.; BESPALHOK FILHO, J.C.; ZAMBON, J.L.C; IDO, O.T.; WEBER, H.; KOEHLER, H.S. Genotypic evaluation and selection of sugarcane clones in three environments in the state of Paraná. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 5, p. 426-434, 2005.

PACHECO, R.M.; DUARTE, J.B.; ASSUNÇÃO, M.S.; NUNES, JR.J.; CHAVES, A.A.P. Zoneamento e adaptação produtiva de genótipos de soja de ciclo médio de maturação para goiás. **Pesquisa Agropecuária Tropical**, v. 33, n. 1, p. 23-27, 2003.

PIEPHO, H. P.; MOHRING, J. Best Linear Unbiased Prediction of Cultivar Effects for Subdivided Target Regions. **Crop Science**, Madison, v. 45, p. 1151–1159, 2005.

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

RESENDE, M. D. V. **Métodos estatísticos ótimos na análise de experimentos de campo**. Colombo: Embrapa Florestas, 2004, 65p. (Documentos 100).

RESENDE, M. D. V. **SELEGEN–REML/BLUP: sistema estatístico e seleção genética computadorizada via modelos lineares mistos**. Colombo: Embrapa Florestas, 2007a. 360p.

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

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

VENCOVSKY, R.; BARRIGA, P. **Genética biométrica no fitomelhoramento**.
Ribeirão Preto: Sociedade Brasileira de Genética, 1992. 486p.

ZENI-NETO, H.; DAROS, E.; ZAMBON, J. L. C.; BESPALHOK FILHO, J. C.;
OLIVEIRA, R. A.; WEBER, H. Adaptabilidade e Estabilidade Fenotípica de
Clones Precoces de Cana-de-açúcar no Estado do Paraná. **Scientia Agraria**,
v. 9, p. 283-289, 2008.

CAPÍTULO 3

Aplicação da análise GGE Biplot para regionalização de ensaios de competição de clones de cana-de-açúcar

1. RESUMO

O objetivo desse trabalho foi determinar um padrão de estratificação para ensaios de competição de clones de cana-de-açúcar, utilizando a análise GGE biplot e abordagem nos genótipos vencedores, para fins de recomendação regionalizada. Foram analisados dados de 215 ensaios, no delineamento em blocos casualizados completos, com três repetições, compostos por uma população de 75 clones diferentes e 13 variedades padrão, divididos em cinco anos de plantio dos ensaios. Os locais foram previamente agrupados em cinco ou seis regiões com base na caracterização do “Ambiente Edafoclimático” de cada local. Dados de produtividade de açúcar em toneladas de pol por hectare estimadas para a média de cinco cortes foram analisados por meio da análise GGE biplot, considerando o modelo simplificado para dois componentes principais, centrado no local, utilizando o software livre R. Foram observadas duas regiões estáveis, ou seja, regiões que apresentaram coincidência de locais em, no mínimo, três dos cinco anos avaliados. Regiões edafoclimáticas diferentes foram agrupadas com frequência em uma mesma região ou estrato obtido com base na análise GGE biplot, indicando que as regiões edafoclimáticas apresentam semelhança quanto ao desempenho dos genótipos, permitindo a estratificação da rede experimental em um número menor de regiões.

GGE Biplot analysis application for regionalization of competition trials of sugarcane clones

2. ABSTRACT

The aim of this study was to determine a pattern of stratification for final competition trials of sugarcane clones, using GGE biplot analysis and the approach in the winner genotypes, in order to proceed regional recommendation. Data from 215 trials were analyzed in randomized complete block design with three replications, consisting of 75 different clones and 13 standard varieties, divided into five years of planting trials. The sites were previously grouped into five or six regions based on the characterization of the "Edaphoclimatic Environment" of each site. The sites were previously grouped into five or six regions based on the characterization of the "Edaphoclimatic Environment" of each site. Sugar yield data in tons of pol per hectare estimated mean to five harvests (TPHe5c) were analyzed by GGE biplot analysis, considering the simplified model for two principal components, local centered, using the free software R. Two stable regions were observed, in other words, regions that showed coincidence of locations in at least three of the five years evaluated. Different edaphoclimatic regions were often grouped in the same region or strata obtained by GGE biplot analysis, indicating that edaphoclimatic regions showed similar performance of genotypes, allowing the stratification of the experimental network into a smaller number of regions.

3. INTRODUÇÃO

A divisão de uma área heterogênea em sub-regiões mais uniformes é a opção mais utilizada pelos melhoristas para lidar com a interação genótipos x ambientes, possibilitando identificar genótipos específicos para cada uma das sub-regiões (CRUZ et al.,2004).

Gauch & Zobel (1997) ressaltaram que a subdivisão de uma região de cultivo comercial de uma espécie vegetal, embora possa implicar em volume maior de trabalho, também implica em herdabilidades mais elevadas e, portanto, progresso mais rápido dentro de um programa de melhoramento genético.

Jackson et al. (2007) citaram que, para clones de cana-de-açúcar que já passaram por longo processo seletivo, as interações entre genótipos e regiões podem ser mais importantes em relação aos efeitos dos genótipos. A experiência do setor canavieiro australiano com variedades de adaptação regional mostra que ainda há potencial para que os efeitos ambientais específicos de cada região continuem afetando algumas comparações entre as variedades padrão e os clones com potencial para liberação.

Associada à análise AMMI (Additive Main Effects and Multiplicative Interaction), descrita por Gauch (1992) e Gauch & Zobel (1997), o uso da abordagem nos genótipos vencedores tem permitido a construção de estratos ambientais estáveis, ao longo dos anos, para diferentes culturas e regiões (EBDON & GAUCH 2002, MARANHA 2005, PACHECO et al. 2003).

Yan et al. (2000) apresentaram uma modificação nas análises AMMI, que tem sido usada para interpretação da interação genótipos x ambientes. Esses autores propuseram utilizar os efeitos combinados dos genótipos (G) e da interação genótipo x ambiente (GA) na avaliação do rendimento em cultivares de trigo, obtendo-se os gráficos denominados “GGE biplot” que facilitam a identificação visual dos genótipos e ambientes em avaliação. Essa metodologia permite identificar o padrão de resposta denominado “quem ganha onde” na estratificação dos ambientes, com base nos genótipos vencedores (YAN et al., 2000; YAN et al., 2001; YAN, 2002; YAN & KANG, 2002; YAN & TINKER, 2005). Em resumo, permite identificar o genótipo de maior potencial em cada ambiente e logo podem ser agrupados os genótipos e ambientes com padrões similares de resposta.

A técnica biplot tem sido utilizada para avaliar as interações genótipos x ambientes em uma variedade de espécies vegetais (MA et al., 2004; CASANOVES et al., 2005; BLANCHE & MYERS, 2006; FAN et al., 2007; SILVA et al., 2011).

Na Argentina, essa técnica foi aplicada com o objetivo de detectar variedades com comportamento produtivo destacado e adaptação a ambientes específicos na última etapa de seleção do Programa de Melhoramento genético da cana-de-açúcar da estação experimental de “Obispo Colombres” (EEAOC) (CHAVANNE et al., 2007). Os autores concluíram nesse estudo que as análises GGE biplot se destacaram em geral pela simplicidade dos gráficos

gerados para a identificação de genótipos superiores de cana-de-açúcar, quando avaliados em diferentes ambientes.

O gráfico GGE biplot pode ajudar tanto na identificação de genótipos superiores amplamente adaptados como na construção de mega-ambientes ou estratos, com fins de recomendação regionalizada e de seleção de locais de teste.

No Brasil, esforços têm sido destinados à estratificação das áreas de produção de cana-de-açúcar em regiões, utilizando dados experimentais e comerciais de vários anos, considerando dados climáticos, de solo e manejo cultural, por meio da análise dos impactos sobre a produtividade da cultura.

Nesse sentido, estudos sobre a regionalização das redes experimentais são necessários, visando atender a crescente demanda por variedades cada vez mais adaptadas a condições específicas.

O objetivo desse trabalho foi realizar a estratificação ambiental para ensaios de competição de clones de cana-de-açúcar, utilizando a análise GGE biplot e abordagem nos genótipos vencedores, buscando indicar regiões ou mega-ambientes para fins de recomendação regionalizada.

4. MATERIAL E MÉTODOS

4.1. Obtenção dos dados e detalhes experimentais

Foram utilizados dados de cinco séries de plantio de ensaios finais de competição de clones, gentilmente cedidos pelo Programa de Melhoramento Genético da Cana-de-açúcar do CTC – Centro de Tecnologia Canavieira. Os ensaios foram instalados nos anos de 2002 a 2007, exceto 2005, em 46 usinas ou destilarias distribuídas pelos estados de São Paulo, Minas Gerais, Goiás, Paraná, Mato Grosso, Mato Grosso do Sul e Espírito Santo. Na maior parte dos locais foram instalados dois ensaios com os mesmos genótipos para testar duas épocas de colheita diferentes.

Para cada ano de plantio, os locais foram previamente agrupados em cinco ou seis regiões edafoclimáticas com base na caracterização do “Ambiente Edafoclimático” de cada local. As regiões foram classificadas pelo CTC por meio de informações de solos, banco de dados de produtividade em áreas comerciais e banco de dados climáticos. Cada região foi formada pelo

agrupamento de, no mínimo, três locais. Os locais dentro de regiões tem alta repetibilidade nos anos.

Na tabela 1 está apresentado um resumo do conjunto de dados utilizado. No ano de 2002 os ensaios foram instalados em 27 locais, sendo que a maior parte desses locais recebeu dois ensaios (primeira e segunda épocas), totalizando 49 ensaios instalados. Nesses ensaios foi avaliada uma população de 17 clones e cinco variedades padrão, comuns a todos os ensaios. Os 27 locais foram agrupados em seis regiões edafoclimáticas como descrito no parágrafo anterior. Seguindo essa lógica para os outros anos de plantio, no total foram avaliados 215 ensaios, compostos por 75 clones diferentes. Em relação aos padrões, existem 13 variedades, distribuídas ao longo dos anos (Tabela 1).

A identificação dos clones, variedades e locais não foi fornecida por política interna da empresa, bem como o detalhamento das regiões. Os locais foram codificados de L1 a L46 e os clones e variedades receberam a numeração de G1 a G88. As regiões edafoclimáticas foram numeradas de 1 a 6.

Tabela 1 – Resumo do conjunto de dados dos ensaios finais de competição de clones de cana-de-açúcar cedidos pelo CTC

Ano de plantio	Nº de locais*	Nº de ensaios**	Nº de clones***	Nº de variedades padrão****	Nº de regiões edafoclimáticas
2002	27	49	17	5	6
2003	27	48	18	8	5
2004	25	47	11	5	5
2006	26	36	16	4	6
2007	22	35	13	3	6
Total		215	75		

* Os locais têm alta repetibilidade nos anos;

** Cada época de colheita foi considerada como um ensaio;

*** Número de clones comuns a todos os ensaios plantados no mesmo ano;

**** As variedades padrão são comuns a todos os ensaios no mesmo ano e algumas se repetem nos anos.

Os ensaios foram instalados nos meses de fevereiro e março, caracterizando o plantio de ano e meio, no delineamento em blocos casualizados completos, com três repetições. O tamanho das parcelas variou de acordo com o tipo de colheita do ensaio, sendo cinco linhas de 10,0m (área útil de 90m²) para colheita manual de cana queimada e quatro linhas de 20,0m (área útil de 132m²) para colheita mecanizada de cana crua.

As parcelas foram amostradas, colhidas e pesadas de maio a junho para os ensaios de primeira época e de setembro a outubro para os ensaios de

segunda época. Na colheita, foi realizada a pesagem da parcela toda utilizando caminhão balança equipado com células de carga no caso da colheita mecanizada de cana crua e carregadeira equipada com uma célula de carga acoplada à garra, no caso da colheita manual de cana queimada. Empregaram-se carregadores de 2,0m entre as cabeceiras das parcelas e bordaduras somente ao redor dos ensaios. Os tratos culturais em cana-planta e soqueiras foram executados de acordo com o usual em cada usina. As avaliações foram realizadas em cana-planta, soca e ressoca (2 ou 3 cortes por ensaio) durante os anos de 2003 a 2009.

Foram analisados dados de produtividade de açúcar em toneladas de pol por hectare. A variável utilizada nas análises foi tonelada de pol por hectare estimada para a média de cinco cortes (TPHe5c), obtida segundo Braga Júnior (1994). Essa variável é utilizada usualmente pelos programas de melhoramento de cana-de-açúcar e também pelo setor sucroalcooleiro.

4.2. Procedimentos estatísticos

Foram realizadas análises conjuntas de locais para cada época de colheita independente, dentro de cada ano de plantio, com o intuito de verificar a consistência da estratificação ao longo dos anos e se há efeito diferencial da interação genótipos x locais nas duas épocas avaliadas. Para tanto, cada combinação de local e época de colheita foi considerada um ambiente distinto dentro dos anos.

As análises GGE biplot foram realizadas considerando o modelo simplificado para dois componentes principais, centrado no local (YAN, 2001):

$$\bar{Y}_{ij} - \mu_{.j} = \lambda_1 \gamma_{i1} \alpha_{j1} + \lambda_2 \gamma_{i2} \alpha_{j2} + \bar{\varepsilon}_{ij}$$

onde:

\bar{Y}_{ij} é a média do genótipo i no local j;

$\mu_{.j}$ é a média de todos os genótipos no local j;

$\lambda_1 \gamma_{i1} \alpha_{j1}$ é o primeiro componente principal (PC1) do efeito de genótipo + interação genótipos x locais, resultante da análise de componentes principais aplicada a matriz de interações;

$\lambda_2 \gamma_{i2} \alpha_{j2}$ é o segundo componente principal (PC2) do efeito de genótipo + interação genótipos x locais, resultante da análise de componentes principais aplicada a matriz de interações;

λ_1 e λ_2 são os autovalores associados ao PC1 e PC2;

γ_{i1} e γ_{i2} são os escores do PC1 e PC2, respectivamente, para genótipos;

α_{j1} e α_{j2} são os escores do PC1 e PC2, respectivamente, para ambientes;

$\bar{\varepsilon}_{ij}$ é o resíduo do modelo com NID $(0, \sigma^2/r)$ (onde σ^2 é a variância do erro entre parcelas e r é o número de repetições).

A eficiência na retenção da soma de quadrados total foi comparada para os efeitos de genótipos (G), bem como para a interação genótipos x locais (GxL). Para tanto, as somas de quadrados de G e GxL contidas nos dois primeiros componentes principais obtidos pela análise GGE biplot foram desdobradas como sugerido por Laffont et al. (2007).

As análises estatísticas foram realizadas utilizando o software livre R (R DEVELOPMENT CORE TEAM, 2011). Para a construção dos gráficos GGE biplot foi utilizado o pacote “bpca” (FARIA & DEMÉTRIO, 2011) e para o desdobramento das somas de quadrados de G e GxL foram utilizadas as funções desenvolvidas por Laffont et al. (2007), ambos aplicados ao R.

O gráfico GGE biplot é construído a partir dos dois primeiros componentes principais (PC1 e PC2) derivados da decomposição dos valores singulares dos efeitos de genótipo (G) + interação (GxL).

A Figura 1 apresenta um gráfico exemplo obtido por meio da metodologia GGE biplot, mostrando o agrupamento de genótipos e ambientes com comportamentos semelhantes.

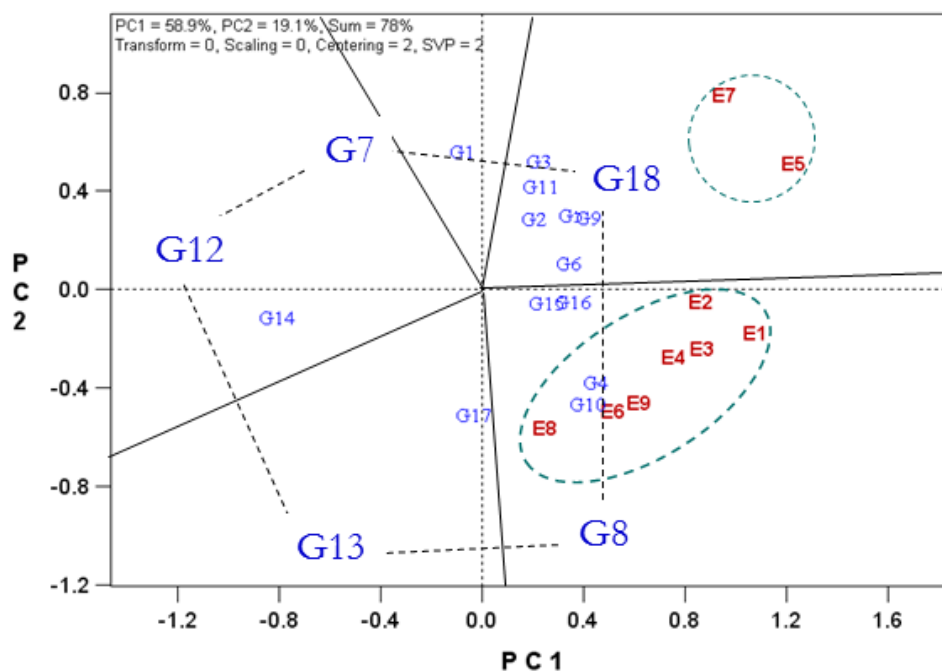


Figura 1 – Exemplo de gráfico construído por meio da metodologia de análise gráfica “GGE biplot” aplicada a um conjunto de dados com 19 genótipos (G) testados em 9 ambientes (E).

Para definir os estratos ambientais ou regiões, são traçadas linhas ligando os pontos dos genótipos mais distantes da origem em cada quadrante (G7, G12, G13, G8 e G18), formando um polígono de forma que contenha os pontos de todos os genótipos restantes. Esse polígono foi dividido em diferentes setores traçando linhas perpendiculares aos seus lados em relação ao ponto de origem do gráfico, representando os estratos.

Desta forma, o genótipo situado no vértice de cada estrato representa o genótipo vencedor para o grupo de ambientes inseridos nesse estrato, descrição exemplificada na figura 1 pelo G18, que apresenta melhor desempenho nos ambientes E5 e E7, delimitados pela forma tracejada. Nota-se que o G13 foi o vencedor em um dos quadrantes da figura 1, mas seu comportamento não está associado a nenhum ambiente ou grupo de ambientes, portanto esse genótipo não identifica um novo estrato. Sendo assim, é possível a identificação de dois estratos ambientais ou regiões, delimitados pelas formas tracejadas na figura 1.

Esse procedimento possibilita a identificação gráfica de grupos de ambientes capazes de discriminar os genótipos superiores, dentro do padrão de resposta de “qual genótipo ganha onde”, utilizando a abordagem no genótipo vencedor (CHAVANNE et al., 2007).

As interpretações do gráfico biplot também podem ser feitas segundo a direção e longitude dos vetores. As médias empíricas para os genótipos (\bar{Y}_{ij}) são explicadas pelos escores referentes aos genótipos, no seguinte sentido: no gráfico, quanto maior for o valor do escore do primeiro componente principal (PC1), maiores são as médias dos genótipos e se o segundo componente principal (PC2) está próximo de zero, os genótipos são considerados mais estáveis (Yan et al., 2000).

5. RESULTADOS E DISCUSSÃO

O resumo das análises de variância conjuntas para TPHe5c está apresentado na Tabela 2. Observa-se que todas as fontes de variação foram significativas ($p < 0,001$) nas duas épocas de colheitas e em todos os anos de plantio.

Com base na magnitude relativa das somas de quadrados dos efeitos de genótipos (G), de locais (L) e da interação genótipos x locais (GxL), os efeitos de locais (L) apresentaram a maior contribuição em relação a soma de todos esses efeitos (G+L+GxL), variando de 67,7% a 84,8%, o que justifica a aplicação da análise GGE biplot para a avaliação dos genótipos através de ensaios em vários locais (Tabela 2).

A interação GxL apresentou maior contribuição em relação aos efeitos de G, sugerindo a possibilidade de existência de subgrupos de locais, ou seja, de ambientes com capacidades discriminatórias similares, denominados na literatura como mega-ambientes, por Fox & Rosielle (1982).

Verifica-se também que a contribuição relativa dos efeitos da interação GxL foi semelhante em todos os anos e para as duas épocas, mas a maior e a menor contribuição foram observadas para os anos de 2004 e 2006, respectivamente, ambas para a segunda época de colheita (Tabela 2). Os efeitos significativos para a interação GxL ($p \leq 0,001$) em todas as situações avaliadas mostram que o estudo das interações é de grande importância para inferir sobre a adaptabilidade e a estabilidade dos genótipos, buscando respostas diferenciais aos mais variados ambientes.

Tabela 2 – Resumo das análises de variância para toneladas de pol por hectare estimadas para a média de 5 cortes (TPHe5c), e porcentagem de contribuição da soma de quadrados de cada fonte de variação, em relação a soma da variação dos efeitos de genótipos, de locais e da interação genótipos x locais (G+L+GxL), para uma população de 88 genótipos de cana-de-açúcar, distribuídos em 5 anos de plantio de ensaios e avaliados em duas épocas de colheita em 46 locais

Ano de plantio								
2002								
FV	1ª Época				2ª Época			
	GL	SQ	G+L+GxL (%)	F	GL	SQ	G+L+GxL (%)	F
Locais (L)	22	6440,2	75,3	344,8***	25	8055,4	67,7	288,9***
Genótipos (G)	21	802,7	9,4	45,0***	21	1721,6	14,5	73,5***
GxL	462	1311,0	15,3	3,3***	525	2128,6	17,9	3,6***
Resíduo	966	820,1			1092	1218,1		
2003								
Locais (L)	23	7807,4	77,5	427,6***	23	9785,5	74,6	494,4***
Genótipos (G)	25	604,0	6,0	30,43***	25	922,6	7,0	42,8***
GxL	575	1664,9	16,5	3,6***	575	2405,8	18,3	4,8***
Resíduo	1200	952,6			1200	1032,6		
2004								
Locais (L)	20	4489,3	79,7	250,9***	20	3662,2	72,6	173,8***
Genótipos (G)	15	378,1	6,7	28,1***	15	391,0	7,7	24,7***
GxL	300	762,5	13,5	2,8***	300	992,2	19,7	3,1***
Resíduo	630	563,4			630	663,4		
2006								
Locais (L)	19	3877,3	71,9	257,9***	15	7830,3	84,8	517,1***
Genótipos (G)	19	483,3	9,0	32,1***	19	439,3	4,8	22,9***
GxL	361	1033,7	19,2	3,6***	285	967,5	10,5	3,3***
Resíduo	760	601,3			608	613,7		
2007								
Locais (L)	17	4573,0	78,3	280,0***	16	5165,4	79,5	239,2***
Genótipos (G)	15	357,7	6,1	24,8***	15	296,4	4,6	14,6***
GxL	255	911,3	15,6	3,7***	240	1032,9	15,9	3,1***
Resíduo	540	518,8			510	688,0		
Média de Genótipos (G)			7,4				7,7	

***Significativo ao nível de 0,1% de probabilidade pelo teste F.

A contribuição da variação dos efeitos de G, em relação a variação de G+L+GxL, foi maior na segunda época para os anos de 2002, 2003 e 2004, com 14,4%, 7,0% e 7,7%, respectivamente. Já para os anos de 2006 e 2007, essa mesma contribuição foi maior para os ensaios de primeira época, com valores de 9,0% e 6,2%. Isso sugere que as populações de clones testados nos diferentes anos apresentam comportamento diferencial em relação à maturação, fato que pode ser reflexo do direcionamento da seleção para clones precoces (primeira época) ou tardios (segunda época) em fases de seleção anteriores aos ensaios finais de competição.

Na média de todos os anos de plantio, os efeitos de G também explicam maior porção da variação total na segunda época, contribuindo com 7,7%, contra 7,4% de contribuição da variação desses mesmos efeitos em relação a

variação total na primeira época (Tabela 2). Esses dados favorecem a recomendação de clones para a segunda época, pois os efeitos dos genótipos explicam uma maior porção da variação total do experimento nessas condições, quando comparados com a primeira época (Tabela 2).

Também em cana-de-açúcar, Quemé et al. (2007) e Guerra et al. (2009) encontraram efeitos de genótipos, de ambientes e da interação GxA altamente significativos para TCH e TPH, avaliando diferentes cortes. Porém ambos os autores observaram que a contribuição dos efeitos da interação GxA foram menores que de genótipos, resultado que difere do obtido no presente estudo. Fato importante de mencionar é que o número de ambientes, ou seja, o número de locais, anos e épocas testados nesse estudo foi muito maior que os dois últimos trabalhos citados, o que pode justificar maior contribuição dos efeitos da interação para a variação relativa à G+L+GxL.

Na Tabela 3 é apresentado o desdobramento das somas de quadrados dos dois primeiros componentes principais (PC1 e PC2), com as respectivas porcentagens de explicação da variação total dos ensaios para cada componente, obtidos pela análise GGE biplot para TPHe5c.

Verifica-se que a porcentagem de explicação da variação total acumulada pelos dois primeiros componentes principais foi semelhante em todos os anos e épocas, variando entre 58,6% e 50,4% (Tabela 3). Apesar de baixas, essas proporções concordam com as obtidas por Kimbeng et al. (2002), ao estudar seis séries (anos de plantio) de ensaios finais de competição de clones de cana-de-açúcar, com grande número de genótipos e locais. Guerra et al. (2009) também apresentaram resultados muito semelhantes, porém estudando um número menor de locais como já citado. Segundo Laffont et al. (2007), o aumento no número de componentes principais aumenta a porcentagem da variação total explicada, mas à custa de perder a simplicidade da visualização bidimensional do gráfico biplot.

Observando o desdobramento para as somas de quadrados, realizado como sugerido por Laffont et al. (2007) verifica-se que, em média, 62,2% da variação total (%SQTot) foi contabilizada pela variação devido aos efeitos dos genótipos (SQG) e 37,8% pela variação devido aos efeitos da interação (SQGxL), na primeira época. Para a segunda época, 56,5% da variação total (%SQTot) foi contabilizada pela variação devido aos efeitos dos genótipos (SQG) e 43,4% pela variação devido aos efeitos da interação (SQGxL). Esses

resultados mostram que, em média, 62,2% e 56,5% da variação dos ensaios explicada pelos dois primeiros componentes principais é devido as diferenças entre as médias dos genótipos (Tabela 3).

Tabela 3 – Proporção (%) da variação total explicada e desdobramento das somas de quadrados contidas pelos dois primeiros componentes principais (PC1 e PC2) obtidos pela análise GGE biplot, para toneladas de pol por hectare estimadas para a média de 5 cortes (TPHe5c) em uma população de 88 genótipos de cana-de-açúcar, distribuídos em 5 anos de plantio de ensaios em 46 locais e avaliados em duas épocas de colheita

Ano de plantio										
2002										
Eixo	1ª ÉPOCA					2ª ÉPOCA				
	SQG	SQGxL	SQTot	Explic. (%)	Acum. (%)	SQG	SQGxL	SQTot	Explic. (%)	Acum. (%)
PC1	263,8	30,8	294,7	41,8		571,9	45,1	617,1	48,1	
PC2	1,0	72,1	73,1	10,4	52,2	1,1	134,0	135,1	10,5	58,6
TOTAL	264,8	102,9	367,8			573	179,1	752,2		
% SQTot	72,0	28,0				76,2	23,8			
2003										
PC1	193,9	30,2	224,1	29,6		284,1	88,7	372,8	33,6	
PC2	4,0	97,7	101,7	13,5	43,1	13,8	137,2	151,0	13,6	47,2
TOTAL	197,9	127,9	325,8			297,9	225,9	523,8		
% SQTot	60,7	39,3				56,9	43,1			
2004										
PC1	124,2	12,8	137,0	36,0		124,1	29,0	153,1	33,2	
PC2	0,6	66,7	67,3	17,7	53,7	3,2	77,9	81,1	17,6	50,8
TOTAL	124,8	79,5	204,3			127,3	106,9	234,2		
% SQTot	61,1	38,9				54,4	45,6			
2006										
PC1	158,1	31,2	189,3	37,4		136,5	41,7	178,3	38,0	
PC2	0,2	65,4	65,6	13,0	50,4	4,5	76,3	80,8	17,2	55,2
TOTAL	158,3	96,6	254,9			141,0	118,0	259,1		
% SQTot	62,1	37,9				54,4	45,5			
2007										
PC1	112,0	32,0	144,1	34,1		95,2	46,1	141,3	31,9	
PC2	6,0	63,9	70,0	16,5	50,6	0,6	93,0	93,6	21,1	53,0
TOTAL	118	95,9	214,1			95,8	139,1	234,9		
% SQTot	55,1	44,8				40,8	59,2			
Média %SQTot	62,2	37,8		Média Acum.	50,0	56,5	43,4			53,0

SQG: soma de quadrado de genótipos; SQGxL: soma de quadrado da interação genótipos x locais; SQTot: soma de quadrado total; Explic. (%): porcentagem da variação total dos ensaios explicada por cada componente principal; Acum. (%): porcentagem de explicação acumulada pelos dois componentes principais.

Pode ser verificado também que o primeiro componente principal (PC1) contém maior parte da variação devido aos genótipos (SQG) em todas as situações, enquanto o segundo componente (PC2) contém a maior parte da variação devido à interação GxL (SQGxL), em relação ao primeiro componente (Tabela 3). Esse resultado confirma, em concordância com Yan et al. (2000) ,

que o primeiro componente principal (PC1) indica a adaptabilidade dos genótipos, ou seja, é altamente correlacionado com a produtividade. Já o segundo componente principal (PC2) indica a estabilidade fenotípica, ou seja, genótipos com PC2 mais próximos de 0 são mais estáveis

As proporções da variação devido a interação (SQGxL) em relação a variação total (%SQTot) foram maiores na segunda época que na primeira época para os anos de 2003 a 2007. Especificamente para o ano de 2007 na segunda época, observa-se essa proporção foi maior para SQGxL que SQG, justificando o estudo em duas épocas diferentes, pois a segunda época sofreu maior efeito da interação (Tabela 3).

A estratificação ambiental obtida pela análise GGE biplot com base nos genótipos vencedores está apresentada nas Figuras de 2 a 6, onde pode ser observada a formação de estratos ambientais, chamados aqui de regiões, em todos os anos e nas duas épocas de colheita avaliadas. Na codificação dos locais, foi incluída a informação da região edafoclimática classificada pelo CTC para cada local avaliado, correspondente ao segundo algarismo, separado por um ponto em cada código de local.

Para os anos de 2002 e 2004 foram formadas duas regiões (Figuras 2 e 4), para as duas épocas de colheita. Já para os anos de 2003, 2006 e 2007 (Figuras 3, 5 e 6) foi possível distinguir três regiões. Como as regiões são definidas pelo conjunto de locais que possuem um ou mais genótipos vencedores em comum, estão apresentados na Tabela 4 os vencedores para os anos e épocas avaliados, bem como as regiões a qual eles apresentaram melhor desempenho.

Observa-se que o mesmo genótipo foi o vencedor nas duas épocas de colheita em pelo menos uma das regiões formadas dentro de cada ano, como foi o caso dos genótipos. Esse é o caso dos genótipos G60, G10 e G52, mais adaptados para a região I nos anos de 2003, 2004 e 2007, respectivamente, bem como os genótipos G71, G84, G65 e G69, mais adaptados para a região II nos anos de 2002, 2003, 2004 e 2006, respectivamente (Tabela 4).

Apesar dos efeitos da interação GxL terem apresentado magnitudes diferentes para as duas épocas como apresentado anteriormente, a estratificação indicou que, para algumas regiões, épocas não necessariamente precisam ser tratadas como ambientes distintos pois o genótipo vencedor

Tabela 4 – Genótipos vencedores resultantes da aplicação da análise GGE biplot para toneladas de pol por hectare estimadas para a média de 5 cortes (TPHe5c), em uma população de 88 genótipos de cana-de-açúcar, distribuídos em 5 anos de plantio de ensaios em 46 locais e avaliados em duas épocas de colheita

Regiões	2002		2003		2004		2006		2007	
	EP1	EP2	EP1	EP2	EP1	EP2	EP1	EP2	EP1	EP2
I	G59	G68	G60	G60	G10 G31	G10 G63	G67	G46	G52	G52 G57
II	G71	G71	G74 G84	G26 G84	G65	G65	G69	G69	G57	G88
III			G24 G21	G87			G78	G61 G44	G51	G55

*Genótipos em negrito foram os vencedores nas duas épocas de colheita

Comparando-se os anos de plantio de ensaios avaliados, não houve repetição dos genótipos vencedores, ou seja, os clones testados nas diferentes populações ou séries de seleção superaram os padrões comuns, em cada região obtida, sendo mais aptos para recomendação regionalizada. Quemé et al. (2007), utilizando a análise GGE biplot em dados de cana-de-açúcar, também identificaram grupos de locais ou regiões na Guatemala, com genótipos superiores adaptados a cada um desses grupos. Chavanne et al. (2007) concluíram que a aplicação do método GGE biplot permitiu detectar genótipos de cana-de-açúcar adaptados a ambientes específicos na Argentina.

O fato é que, mais importante que realizar a estratificação para cada ano, é encontrar regiões consistentes nos anos para possibilitar a escolha dos locais mais representativos que possibilitem manter os ganhos regionais nos próximos anos. Segundo Pacheco (2004), pela estabilidade de alguns agrupamentos de locais, ao longo dos anos, mesmo sob a utilização de diferentes populações de genótipos, é de se esperar que os estratos ambientais assim identificados tenham caráter preditivo.

Nesse sentido, foram consideradas estáveis as regiões que apresentaram coincidência de locais em, no mínimo, três dos cinco anos de plantio de ensaios avaliados e para cada época de colheita. Com isso foi observada a formação de, pelo menos, duas regiões estáveis, apresentadas na Tabela 5.

Observando a estratificação obtida nas figuras 2 a 6, 26 locais diferentes foram agrupados dentro da região I em todos os anos, para primeira época, sendo que quatro deles foram coincidentes em pelo menos 3 anos. São os

locais L23, L33, L42 e L28. Da mesma forma, 32 locais agruparam-se na região II para a mesma época e seis deles foram coincidentes pelo mesmo critério, sendo os locais L5, L12, L16, L26, L35, L38 (Tabela 5).

Para a segunda época, 28 locais fizeram parte da região I e outros 28 locais foram alocados na região II ao longo de todos os anos. Seis deles foram coincidentes na região I e dois na região II (Tabela 5).

Já para a região III, formada a partir da estratificação dos locais para os anos de 2003, 2006 e 2007 (Figuras 3, 5 e 6), 10 locais foram agrupados na primeira época, e seis para a segunda época. Porém nenhum local foi coincidente nos anos, mostrando que os locais e genótipos que definiram essa região sofreram grande influência das interações específicas de cada ano.

Tabela 5 – Locais coincidentes na formação dos estratos ambientais (regiões), obtidos na análise GGE biplot com base nos genótipos vencedores, para toneladas de pol por hectare estimadas para a média de 5 cortes (TPHe5c), em uma população de 88 genótipos de cana-de-açúcar, distribuídos em 5 anos de plantio de ensaios em 46 locais e avaliados em duas épocas de colheita.

Regiões*	Códigos dos Locais	
	1ª época	2ª época
I		L16
	L23	L24
	L33	L26
	L42	L28
	L28	L33
		L42
II	L5	
	L12	
	L16	L12
	L26	L38
	L35	
	L38	

* As regiões apresentaram coincidência dos locais em, no mínimo, três dos cinco anos de plantio de ensaios avaliados.

Esses resultados permitem dizer que as regiões I e II, apresentadas na tabela 5, podem ser utilizadas com relativa segurança para a recomendação dos genótipos a elas adaptados.

Felipe et al. (2010), estudando a estratificação ambiental em milho para fins de recomendação, ressaltou que a estratificação resultante da abordagem nos genótipos vencedores pode decorrer, principalmente, do comportamento altamente adaptado do genótipo vencedor e não, necessariamente, das similaridades edafoclimáticas entre os locais agrupados.

Para verificar esse fato, foi adicionado ao código de cada local outro código para as respectivas regiões edafoclimáticas classificadas pelo CTC. Na Figura 2A encontra-se o código L4.1, evidenciado pelo círculo tracejado. Esse código indica que o local 4 foi alocado na região edafoclimática 1, considerando o ensaio plantado nesse local no ano de 2002.

Com essa informação foi possível verificar que regiões edafoclimáticas diferentes foram agrupadas com frequência em uma mesma região obtida graficamente pelo GGE biplot. Esse comportamento foi observado em todos os anos e épocas avaliados (Figuras 2 a 6), indicando que algumas regiões edafoclimáticas apresentam semelhança quanto ao desempenho dos genótipos, permitindo a estratificação da rede experimental em um número menor de regiões, como o encontrado nesse estudo.

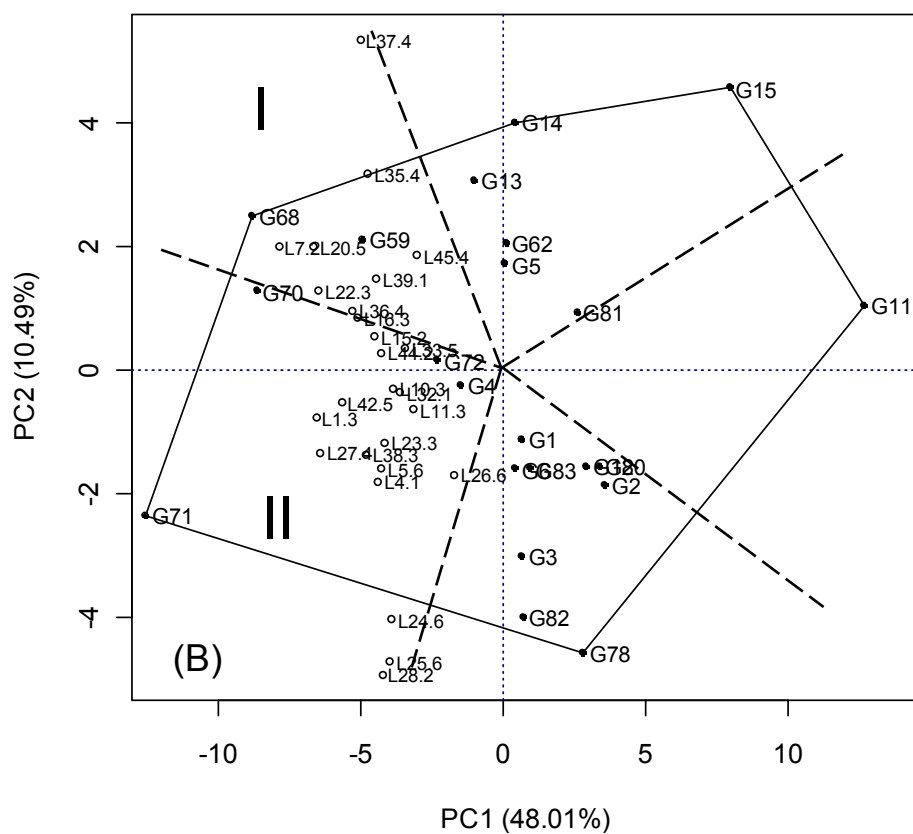
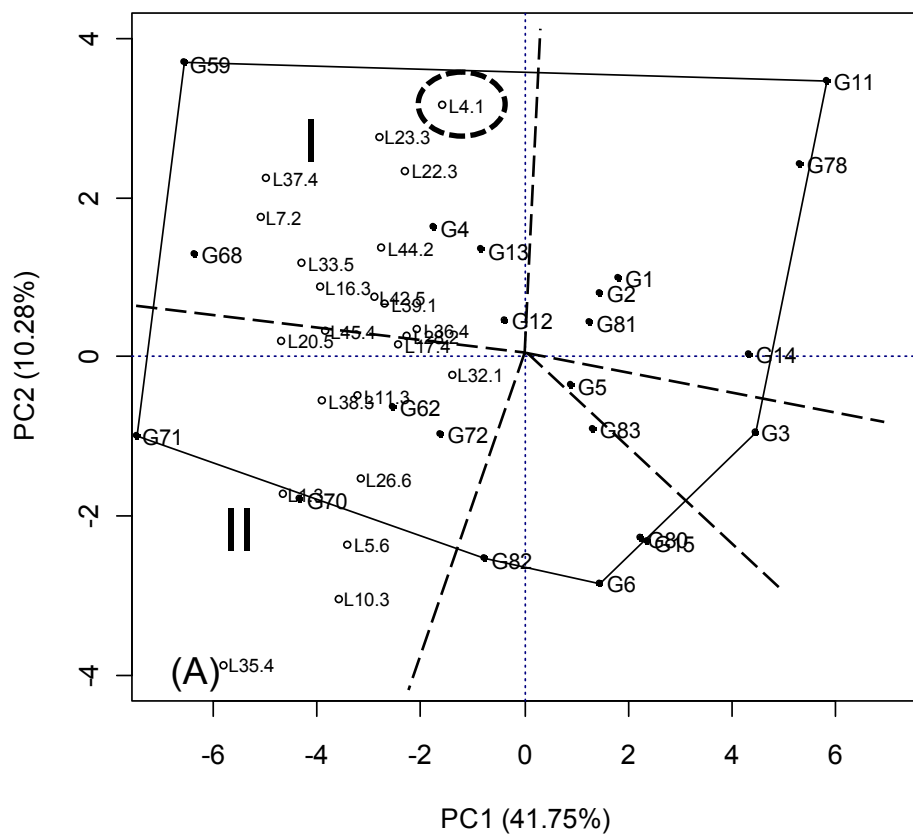


Figura 2 – Gráfico “GGE biplot” com a representação de 22 genótipos de cana-de-açúcar (G) em 23 locais de ensaios (L) plantados em 2002 e avaliados em 2 ou 3 cortes. Os Algarismos I e II correspondem às regiões formadas pela estratificação para a primeira (A) e segunda (B) épocas de colheita considerando toneladas de pol por hectare (TPH) estimadas para a média de 5 cortes. A linha tracejada está perpendicular a cada lado do polígono e indica a divisão dos estratos ou regiões.

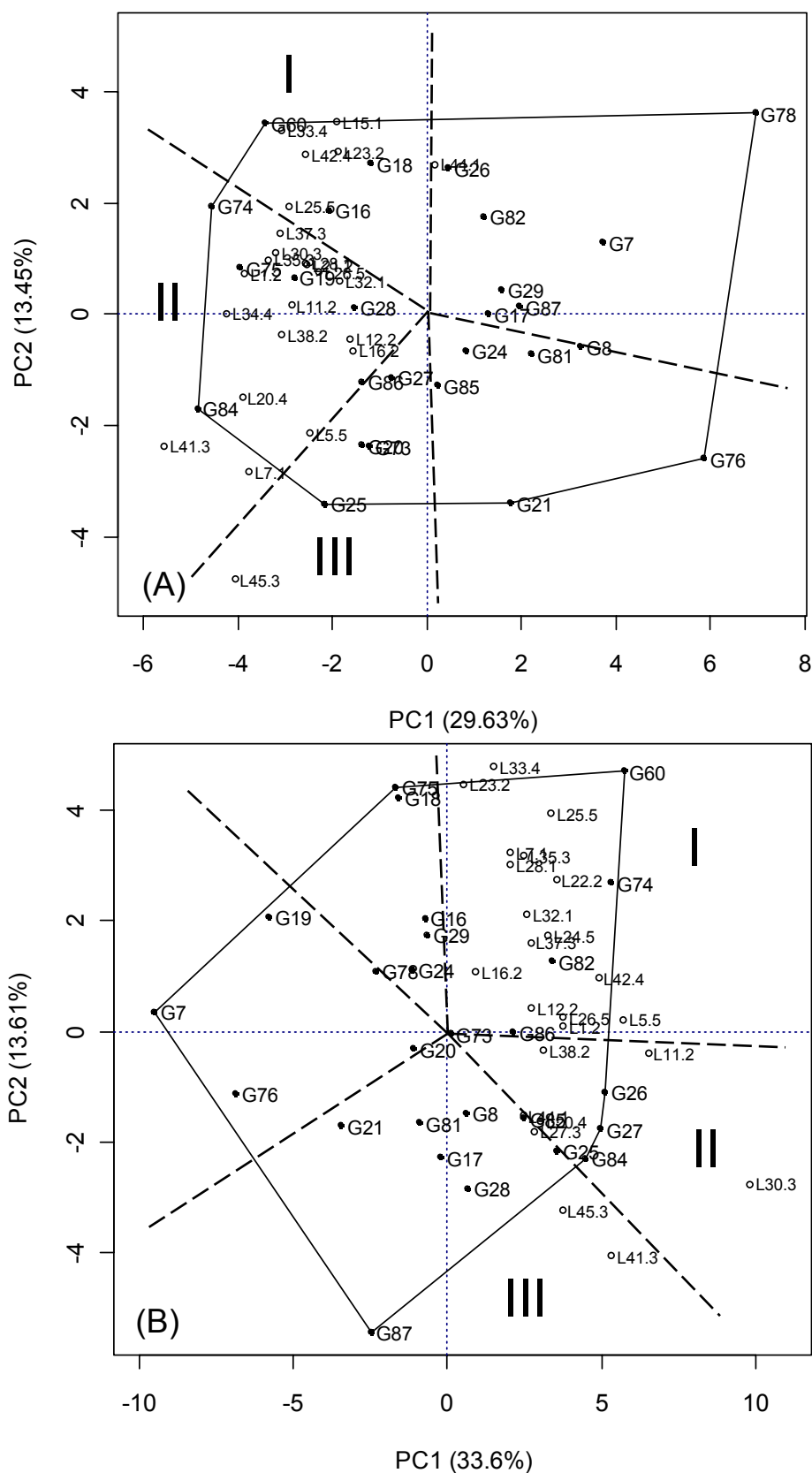


Figura 3 – Gráfico “GGE biplot” com a representação de 26 genótipos de cana-de-açúcar (G) em 24 locais de ensaios (L) plantados em 2003 e avaliados em 2 ou 3 cortes. Os algarismos I, II e III correspondem às regiões formadas pela estratificação para a primeira (A) e segunda (B) épocas de colheita considerando toneladas de pol por herctare (TPH) estimadas para a média de 5 cortes. A linha traceja está perpendicular a cada lado do polígono e indica a divisão dos estratos ou regiões.

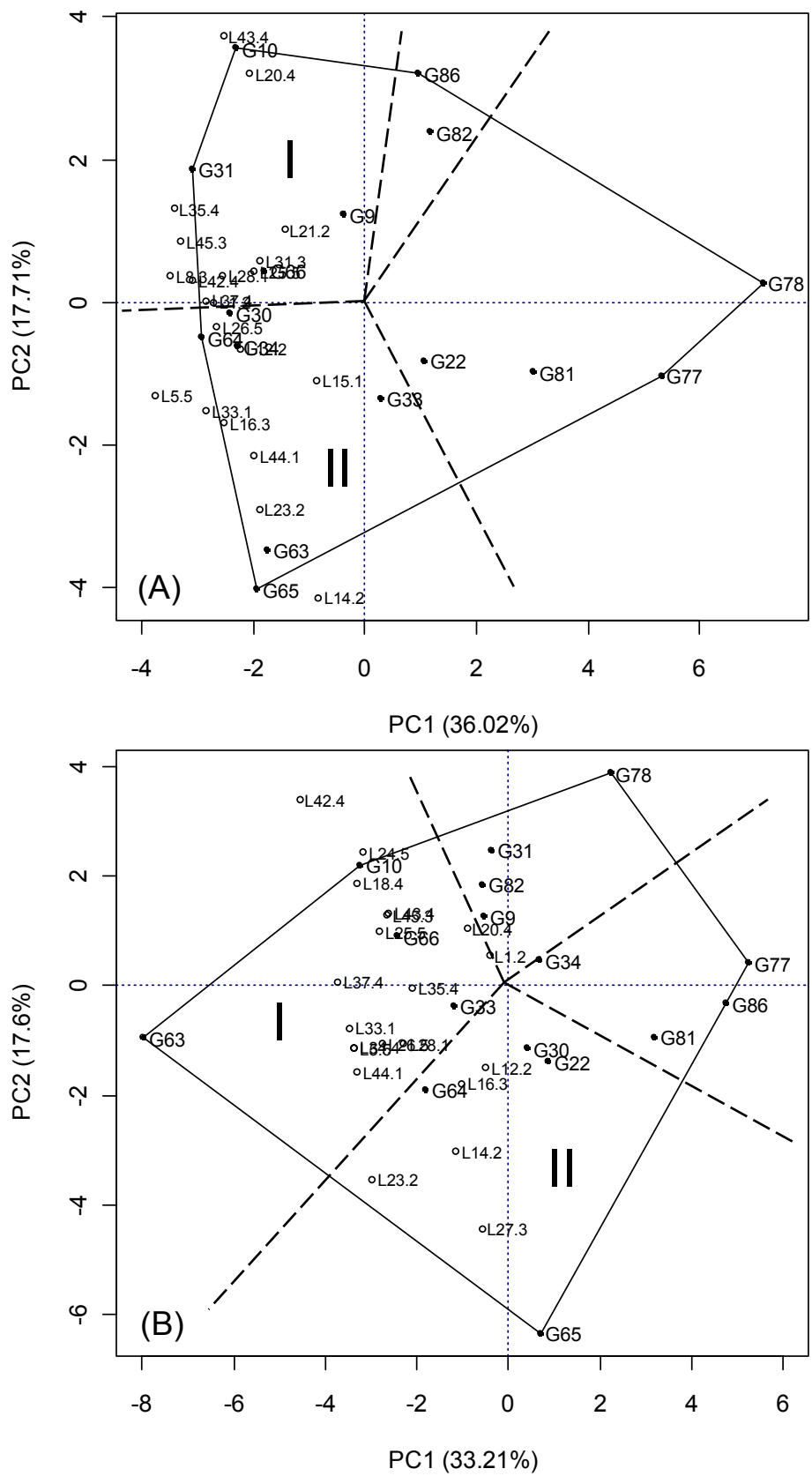


Figura 4 – Gráfico “GGE biplot” com a representação de 16 genótipos de cana-de-açúcar (G) em 21 locais de ensaios (L) plantados em 2004 e avaliados em 2 ou 3 cortes. Os Algarismos I e II correspondem às regiões formadas pela estratificação para a primeira (A) e segunda (B) época de colheita considerando toneladas de pol por hectare (TPH) estimadas para a média de 5 cortes. A linha tracejada está perpendicular a cada lado do polígono e indica a divisão dos estratos ou regiões.

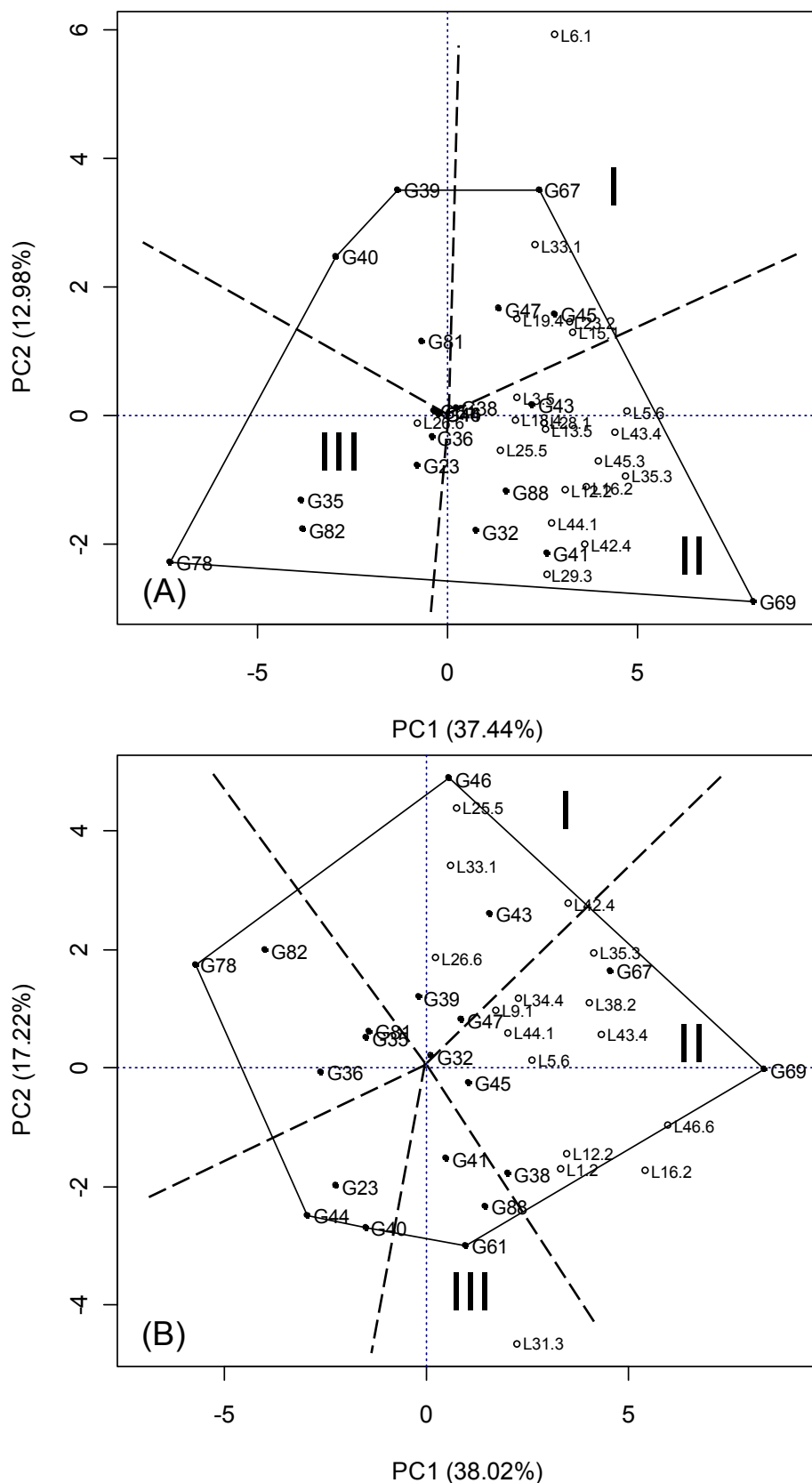


Figura 5 – Gráfico “GGE biplot” com a representação de 20 genótipos de cana-de-açúcar (G) em 20 locais de ensaios (L) plantados em 2006 e avaliados em 2 ou 3 cortes. Os algarismos I, II e III correspondem às regiões formadas pela estratificação para a primeira (A) e segunda (B) épocas de colheita considerando toneladas de pol por herctare (TPH) estimadas para a média de 5 cortes. A linha traceja está perpendicular a cada lado do polígono e indica a divisão dos estratos ou regiões.

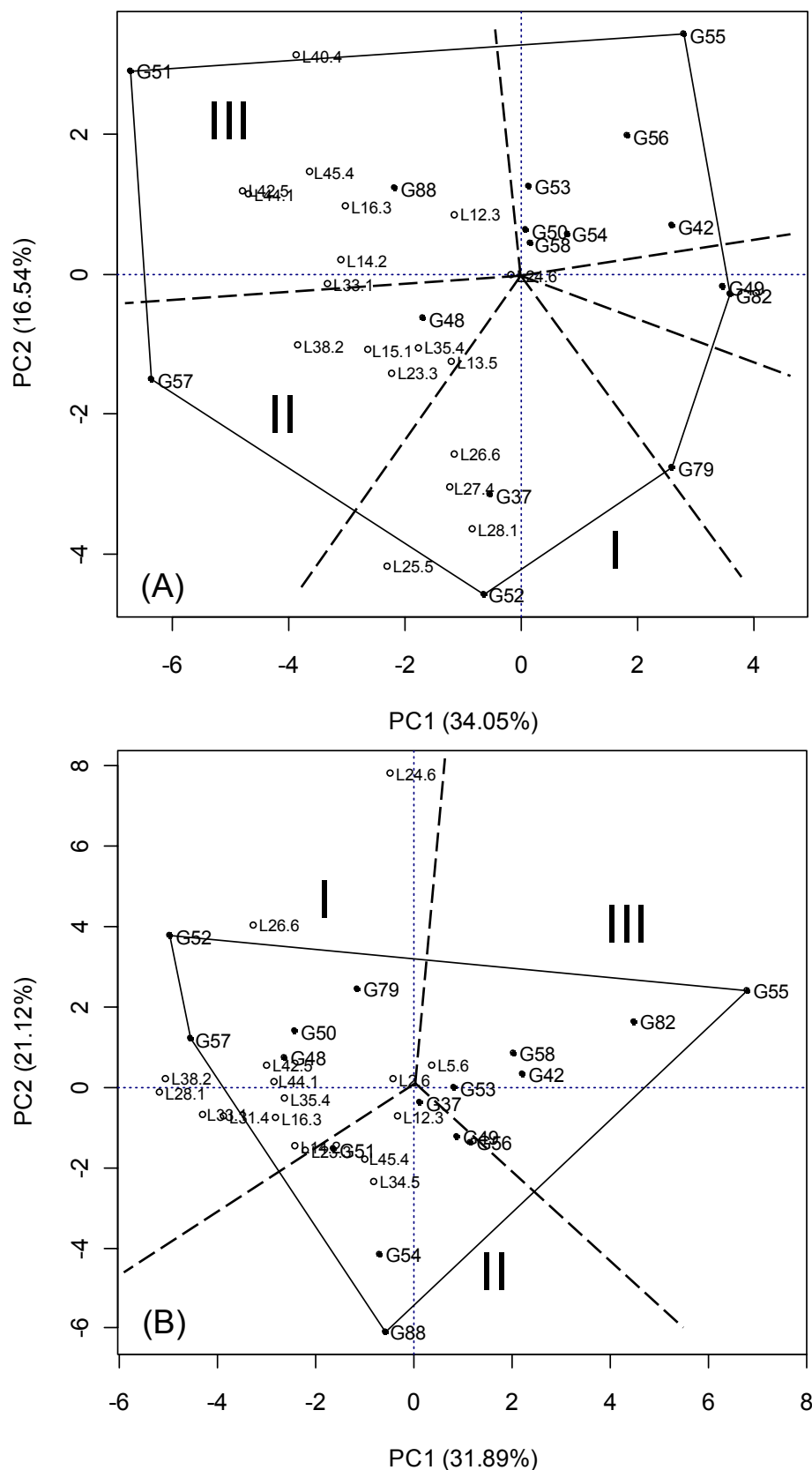


Figura 6 – Gráfico “GGE biplot” com a representação de 16 genótipos de cana-de-açúcar (G) em 18 locais de ensaios (L) plantados em 2007 e avaliados em 2 ou 3 cortes. Os algarismos I, II e III correspondem às regiões formadas pela estratificação para a primeira (A) e segunda (B) épocas de colheita considerando toneladas de pol por herctare (TPH) estimadas para a média de 5 cortes. A linha traceja está perpendicular a cada lado do polígono e indica a divisão dos estratos ou regiões.

6. CONCLUSÕES

A interação genótipos x locais mostrou-se significativa para todos os anos épocas avaliados, o que evidenciou potencial para a estratificação ambiental da rede de ensaios estudada.

Foi observada a formação de, pelo menos, duas regiões estáveis, ou seja, regiões que apresentaram coincidência de locais em, no mínimo, três dos cinco anos e épocas de colheita avaliadas.

Regiões edafoclimáticas diferentes foram agrupadas com frequência em uma mesma região ou estrato obtida com base nos genótipos vencedores, indicando que as regiões edafoclimáticas classificadas pelos CTC apresentam semelhança quanto ao desempenho dos genótipos, permitindo a estratificação da rede experimental em um número menor de regiões.

A análise GGE biplot com abordagem nos genótipos vencedores possibilitou a formação de regiões baseadas em critérios estatísticos e gráficos de fácil interpretação e possibilitou também a recomendação de genótipos mais adaptados a cada uma das regiões.

7. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

BLANCHE, S.B., G.O. MYERS. Identifying discriminating locations for cultivar selection in Louisiana. **Crop Sci.**, v. 46, p. 946–949, 2006

CASANOVES, F., J. BALDESSARI, AND M. BALZARINI. Evaluation of multienvironment trials of peanut cultivars. **Crop Sci.**, v. 45, p. 18–26, 2005.

CHAVANNE, ERNESTO R.; OSTENGO, SANTIAGO; GARCIA, MARÍA B. Y CUENYA, MARÍA I.. Evaluación del comportamiento productivo de cultivares de caña de azúcar (*Saccharum* spp.) através de diferentes ambientes en Tucumán, aplicando la técnica estadística "GGE biplot". **Rev. ind. agríc. Tucumán**, v. 84, n. 2, p. 19-24, 2007.

CRUZ, C.D.; REGAZZI, A.J., CARNEIRO, P.C.S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. Viçosa: Universidade Federal de Viçosa, v. 1, 2004. 480p.

EBDON, J.S.; GAUCH, H.G. AMMI analysis of national turf grass performance trials. I. Interpretation of genotype by environment interaction. **Crop Sci.**, v. 42, p. 489–496, 2002.

FAN, X.; KANG, M. S.; CHEN, H. et al. Yield stability of maize hybrids evaluated in multi-environment trials in Yunnan, China. **Agronomy Journal**, v. 99, p. 220-228, 2007.

FARIA, J.C.; DEMETRIO, C.G.B. *bpca: Biplot of Multivariate Data Based on Principal Components Analysis*. ESALQ, Piracicaba, São Paulo, Brasil. **R package version 1.0-8**, 2011. Disponível em <CRAN.R-project.org/package=bpca> acessado em 11/2011.

FELIPE, C.R.P.; DUARTE, J.B.; CAMARANO, L.F. Estratificação ambiental para avaliação e recomendação de variedades de milho no estado de Goiás. **Pesq. Agropec. Trop.**, Goiânia, v. 40, n. 2, p. 186-199, 2010.

FOX, P. N.; ROSIELLE, A. A. Reducing the environmental main effects on pattern analysis of plant breeding environments. **Euphytica**, v. 31, p. 645-656, 1982.

GAUCH, H. G. **Statistical analysis of regional yield trials: AMMI analysis of factorial designs**. New York: Elsevier, 1992. 278p.

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

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

JACKSON, P.; CHAPMAN, S., RATTEY, A.; WEI, X.; COX, M. Genotype x region interactions and implications for sugarcane breeding programs. **Proc. Aust. Soc. Sugar Cane Technol.**, v. 29, 2007.

KIMBENG, C.A.; RATTEY, A.R.; HETHERINGTON, M. Interpretation and implications of genotype by environment interactions in advanced stage sugarcane selection trials in central Queensland. **Aust. J. Agric., Res.** 53, p. 1035–1045, 2002.

LAFFONT, J. L.; HANAFI, M.; WRIGHT, K. Numerical and Graphical Measures to Facilitate the Interpretation of GGE Biplots. **Crop Science**, v. 47, p. 990-996, 2007.

MA, B.L.; YAN, W.; DWYER, L.M.; FRÉGEAU-REID, J.; VOLDENG, H.D.; DION, Y.; NASS, H. Graphic analysis of genotype, environment, nitrogen fertilizer, and their interactions on spring wheat yield. **Agron. J.**, v. 96, p. 169–180, 2004.

MARANHA, F. G. C. B. **Estratificação ambiental para avaliação de genótipos de algodoeiro no Estado do Mato Grosso**. 63f. Tese (Doutorado em Agronomia)– Escola Superior de Agronomia Luiz de Queiroz, Universidade de São Paulo, Piracicaba, 2005.

PACHECO, R. M. **Estratificação de ambientes em Cerrados do Brasil Central para fins de seleção e recomendação de cultivares de soja**. 2004. 170f. Tese (Doutorado em Agronomia)–Escola de Agronomia e Engenharia de Alimentos, Universidade Federal de Goiás, Goiânia, 2004.

PACHECO, R.M.; DUARTE, J.B.; ASSUNÇÃO, M.S.; NUNES, JR.J.; CHAVES, A.A.P. Zoneamento e adaptação produtiva de genótipos de soja de ciclo médio de maturação para goiás. **Pesquisa Agropecuária Tropical**, v. 33, n. 1, p. 23-27, 2003.

QUEMÉ, J.L.; CROSSA, J.; OROZCO, H.; MELGAR, M. Analysis of genotype-by-environment interaction for sugarcane using the sites regression model (sreg). **Proc. Int. Soc. Sugar Cane Technol.**, v. 26, p. 764-769, 2007.

R DEVELOPMENT CORE TEAM. **R: A language and environment for statistical computing**. R Foundation for Statistical Computing, Vienna, Austria, 2011. Disponível em <www.R-project.org> acessado em 11/2011.

SILVA, G.O.; CARVALHO, A.D.F.; VIEIRA, J.V.; BENIN, G. Verificação da adaptabilidade e estabilidade de populações de cenoura pelos métodos AMMI, GGE biplot e REML/BLUP. **Bragantia**, v. 70, n. 3, p. 494-501, 2011.

YAN, W. GGEbiplot: A Windows application for graphical analysis of multi-environment trial data and other two-way data. **Agron. J.**, v. 93, p. 1111–1118, 2001.

YAN, W. Singular-value partitioning in biplot analysis of multienvironment trial data. **Agron. J.**, v. 94, p. 90-996, 2002.

YAN, W.; CORNELIUS, P. L.; CROSSA, J.; HUNT, L. A. Two types of GGE biplots for analyzing multienvironment trial data. **Crop Sci.**, v. 41, p. 656-663, 2001.

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

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

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

CONCLUSÕES GERAIS

Ao avaliar a regionalização de ensaios finais de competição de clones de cana-de-açúcar utilizando a metodologia REML/BLUP no contexto dos modelos mistos, foi possível concluir que as regiões edafoclimáticas estudadas permitiram maiores ganhos genéticos preditos com a recomendação de genótipos de adaptação regional quando comparada com a recomendação de genótipos de ampla adaptação a todas as regiões.

O agrupamento das regiões edafoclimáticas duas a duas diminuiu a magnitude das estimativas da interação genótipos x locais e aumentou magnitude das estimativas de correlação genotípica entre os locais dentro de cada região.

Ao realizar a estratificação ambiental pela análise GGE biplot com base nos genótipos vencedores, foi observada a formação de duas regiões consistentes em relação à coincidência de locais ao longo dos anos.

Os dois estudos concordaram com o fato de que algumas regiões edafoclimáticas classificadas pelo CTC apresentam semelhança quanto ao desempenho dos genótipos, permitindo a estratificação da rede experimental em um número menor de regiões edafoclimáticas, ou o agrupamento de regiões mais semelhantes em relação à correlação genotípica entre os locais, aumentando assim os ganhos com recomendações regionalizadas.