

ESTUDO DA CONTRIBUIÇÃO DE GENÓTIPOS E AMBIENTES EM ENSAIO NACIONAL DE MILHO

Mirian Fernandes Carvalho de Araújo¹
Beatriz da Silva Vieira²
Priscila Neves Faria³
Lúcio Borges de Araújo⁴

Resumo. Ao realizar um experimento em diferentes ambientes, no mesmo grupo de genótipos, frequentemente acontece, do ambiente modificar o mesmo caráter em diferentes genótipos, isto é, pode acontecer uma interação entre fatores. Logo, a interação entre genótipos e ambientes (genótipos × ambientes) é decorrente da resposta diferencial de cada genótipo à variação ambiental. O objetivo do presente trabalho é verificar a contribuição de cada genótipo e ambiente para a interação genótipos × ambientes. Os dados utilizados foram coletados no site EMBRAPA (Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária) e analisados através de componentes principais e teste *F*. Atualmente existe um entendimento geral que a interação entre genótipos × ambientes têm uma relevância para a obtenção de variedades superiores, logo a interação não é apenas um problema, mas também uma oportunidade a ser aproveitada. Com base nas análises obteve-se que apenas o genótipo 1M807 foi considerado adaptado a todos os ambientes e apenas um ambiente contribuiu efetivamente para a interação, os demais foram considerados estáveis.

Palavra-chave: interação genótipos × ambientes; adaptabilidade; melhoramento genético

Resumen. Estudio de la contribución de genotipos y ambientes en una prueba nacional de maíz. Al realizar un experimento en diferentes ambientes, en un mismo grupo de genotipos, a menudo sucede que el ambiente cambia el mismo carácter en diferentes genotipos, es decir, puede ocurrir una interacción entre factores. Por lo tanto, la interacción entre genotipos y entornos (genotipos × entornos) se debe a la respuesta diferencial de cada genotipo a la variación ambiental. El objetivo de este trabajo es verificar la contribución de cada genotipo y ambiente a la interacción genotipo × ambiente. Los datos utilizados fueron recolectados en el sitio web EMBRAPA (Corporación Brasileña de Investigación Agrícola) y analizados a través de componentes principales y prueba *F*. Actualmente existe un entendimiento generalizado de que la interacción entre genotipos × ambientes tiene relevancia para la obtención de variedades superiores, por lo tanto la interacción no es solo un problema, sino también una oportunidad que hay que aprovechar. Con base en el análisis, se encontró que solo el genotipo 1M807 se consideró adaptado a todos los ambientes y solo un ambiente contribuyó efectivamente a la interacción, los otros se consideraron estables.

Palabras clave: interacción genotipo × ambiente; adaptabilidad; mejoramiento genéticos

Abstract. Study of the contribution of genotypes and environments in a national corn test. When carrying out an experiment in different environments, in the same group of genotypes, it often happens that the environment changes the same character in different genotypes, that is, an interaction between

¹ Graduada em Matemática e Especialista em Estatística Aplicada pela Universidade Federal de Uberlândia, Mestre e Doutora em Estatística e Experimentação Agronômica pela ESALQ/USP. Docente da Faculdade de Matemática da Universidade Federal de Uberlândia. E-mail: mirian@ufu.br.

² Discente do curso de Bacharelado em Estatística da Universidade Federal de Uberlândia. E-mail: beatrizvieira515@gmail.com.

³ Graduada em Licenciatura Plena em Matemática e Mestre em Estatística Aplicada e Biometria pela Universidade Federal de Viçosa e Doutora em Estatística e Experimentação Agronômica pela ESALQ/USP. Docente da Faculdade de Matemática da Universidade de Uberlândia. E-mail: priscilaneves@ufu.br.

⁴ Graduado em Matemática pela Universidade Federal de Uberlândia, Mestre e Doutor em Estatística e Experimentação Agronômica pela ESALQ/USP. Docente da Faculdade de Matemática da Universidade de Uberlândia. E-mail: lucio.araujo@ufu.br.

factors can occur. Therefore, the interaction between genotypes and environments (genotypes \times environments) is due to the differential response of each genotype to environmental variation. The objective of the present work is to verify the contribution of each genotype and environment to the genotype \times environment interaction. The data used will be collected on the EMBRAPA website (Brazilian Agricultural Research Corporation), and analyzed through main components and F test. Currently there is a general understanding that the interaction between genotypes \times environments has a relevance for obtaining superior varieties, therefore the interaction is not only a problem, but also an opportunity to be taken advantage of. Based on the analysis, it was obtained that only the 1M807 genotype was considered adapted to all environments and only one environment contributed effectively to the interaction, the others were considered stable.

Keyword: genotype \times environment interaction; adaptability; genetical enhancement.

1 Introdução

A composição genética (genótipo) e uma contribuição do ambiente específico em que aquele indivíduo se encontra são dois componentes básicos que determinam o valor de um indivíduo (fenótipo), que é um dos princípios básicos no estudo da herança de caracteres métricos (CHAVES, 2001). Ao realizar um experimento em diferentes ambientes, no mesmo grupo de genótipos, frequentemente acontece do ambiente modificar o mesmo caráter em diferentes genótipos, isto é, pode acontecer uma interação entre fatores. Logo, a interação entre genótipos e ambientes (genótipos \times ambientes) é decorrente da resposta diferencial de cada genótipo à variação ambiental.

Nos processos de melhoramento genético a interação genótipos \times ambientes é uma das principais dificuldades enfrentadas pelos melhoristas de cultivares, sua presença é fundamental para a eficiência do processo podendo afetar positiva ou negativamente sua finalização. A dificuldade resulta da incapacidade dos genótipos manterem um padrão consistente de desempenho nos ambientes. Portanto, a interação pode ser vista como uma oportunidade a ser desfrutada e não como uma dificuldade no melhoramento genético.

Algumas metodologias têm sido propostas para o estudo da interação, tais como, na seleção de genótipos consistentes e de elevada produtividade. Nos métodos tradicionais constatam-se o zoneamento agronômico que permite recomendações regionalizadas e métodos de regressão linear simples e múltipla que indicam os genótipos que contribuem menos para a interação, podendo ser recomendados de forma generalizada (PIOVESAN, 2007). No entanto, as metodologias baseadas em regressão linear, como proposta por Eberhart e Russell (1996), possuem insuficiências e têm sido muito criticadas quanto à falta de linearidade.

As técnicas multivariadas vêm ganhando muita relevância e aplicabilidade nos últimos anos na busca por novas metodologias de exploração da interação genótipos \times ambientes. Nestas técnicas, incluem a análise de componentes principais (ACP), a análise de agrupamentos e a análise dos modelos AMMI.

A análise dos AMMI combina, num único modelo, componentes aditivos para os efeitos principais (genótipos e ambientes) e componentes multiplicativos para os efeitos da interação genótipos \times ambientes. Segundo Gauch Jr e Zobel (1996) essa análise pode auxiliar tanto na identificação de genótipos e de alta produtividade amplamente adaptados, como na realização do zoneamento agronômico. Ademais, o método AMMI possibilita uma análise mais representada da interação genótipos \times ambientes, assegura a seleção de genótipos mais produtivos (capazes de capitalizar interações positivas com ambiente), proporciona estimativas mais precisas das respostas genotípicas e viabiliza uma fácil interpretação gráfica dos resultados da análise estatística. O objetivo inicial é definir o número ótimo de termos multiplicativos, pois a interação genótipos \times ambientes é representada por este, a serem retidos no modelo AMMI com o intuito de descrever o padrão relacionado à interação.

Com a finalidade de obter variedades superiores, os melhoristas de plantas compreendem que é de suma relevância a interação genótipos \times ambientes. No entanto, de acordo com Allard (1971) é muito difícil encontrar concordância sobre o que se deve conhecer em relação à interação genótipos \times ambientes e como utilizá-lo.

Segundo Chaves (2001), a interação genótipos \times ambientes, não deve ser vista como um simples efeito estatístico e sim como fenômeno biológico em suas aplicações no melhoramento de plantas, pois resulta da resposta diferencial dos genótipos à variação ambiental. Contudo pode-se dizer que com métodos estatísticos combinado com conhecimento do fenômeno ao nível biológico pode se obter melhores informações para compreender a complexidade da interação.

A natureza da interação genótipos \times ambientes também deve ser observada e não somente a verificação de sua existência (VENCOSKY e BARRIGA, 1992). Logo a natureza da interação pode ser simples e complexa. A interação simples mostra a presença de genótipos habituados em um grande número de ambientes, sendo possível fazer uma recomendação generalizada de cultivares. E a interação complexa indica que existem genótipos habituados a apenas alguns ambientes, o que causa uma complicaçāo ao pesquisador, quando da recomendação de cultivar.

O objetivo do presente trabalho é verificar a contribuição de cada genótipo e ambiente para a interação genótipos \times ambientes através de teste *F* em que a realização das análises será feita com uma rotina computacional.

2 Metodologia

2.1 Coleta dos dados

Os dados utilizados foram coletados no site <https://www.embrapa.br/milho-e-sorgo/solucoes-tecnologicas/ensaio-nacional>. A Rede de Ensaios Nacionais de Cultivares de Milho, criada em 1962, tem conduzido ensaios distintos envolvendo materiais de ciclo precoce/normal e materiais de ciclo superprecoce. A Rede de Ensaios Nacionais vem sendo coordenada pela Embrapa Milho e Sorgo, que recebe as sementes dos materiais previamente inscritos, monta/prepara os ensaios e distribui para os Parceiros da Rede, de acordo com a disponibilidade de locais para implantação, regiões de interesse estratégico.

2.2 Análise de variância conjunta

Com o objetivo de verificar a interação entre genótipos e ambientes, realiza-se uma análise de variância conjunta que envolve o estudo de todos os genótipos em todos os ambientes, sendo que em cada ambiente utilizou-se delineamento aleatorizado em blocos. Esses dados serão representados pelo seguinte modelo matemático:

$$Y_{ijk} = \mu + b_{k(j)} + g_i + e_j + (ge)_{ij} + \varepsilon_{ijk}$$

em que:

Y_{ijk} : é o valor observado do i -ésimo genótipo no j -ésimo ambiente e no k -ésimo bloco, com $i = 1, 2, \dots, g$, $j = 1, 2, \dots, e$ e $k = 1, 2, \dots, r$;

μ : é uma constante comum às respostas (normalmente média geral);

$b_{k(j)}$: é o efeito do k -ésimo bloco dentro do j -ésimo ambiente;

g_i : é o efeito do i -ésimo genótipo;

e_j : é o efeito do j -ésimo ambiente;

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

ε_{ijk} : é o erro experimental associado ao i -ésimo genótipo, no j -ésimo ambiente e no k -ésimo bloco assumido ser independente e $\varepsilon_{ijk} \sim N(0, \sigma^2)$.

Na Tabela 1, a seguir, é possível verificar o esquema da análise de variância para o referido modelo matemático.

Tabela 1 – Esquema da ANOVA para experimentos de um mesmo grupo de genótipos avaliado em e ambientes com k blocos

Fonte de Variação	GL	QM
Blocos dentro do ambiente (B d.E)	$e(r - 1)$	$QM_{B\ d.E}$
Genótipos (G)	$(g - 1)$	QM_G
Ambientes (E)	$(e - 1)$	QM_E
Interação (G×E)	$(g - 1)(e - 1)$	$QM_{G\times E}$
Resíduo	$e(g - 1)(r - 1)$	QM_{rES}
Total	$ger - 1$	

GL: Graus de Liberdade; QM: Quadrado médio. Fonte: Elaborado pelos autores (2021).

2.3 Teste estatístico F para contribuição de genótipos e ambientes para a interação.

Seja a matriz de interação $\mathbf{GE}_{(g \times e)} = (\widehat{ge}_{ij})$ dada da seguinte forma (ARAUJO, 2008):

$$\mathbf{GE}_{(g \times e)} = \begin{pmatrix} \widehat{ge}_{11} & \cdots & \widehat{ge}_{1e} \\ \vdots & \ddots & \vdots \\ \widehat{ge}_{g1} & \cdots & \widehat{ge}_{ge} \end{pmatrix}$$

Como o objetivo é verificar a contribuição de cada genótipo e ambiente para a interação $G \times E$ (genótipos \times ambientes), as hipóteses testadas são:

H_{0i} : o i -ésimo genótipo não contribui para a interação $G \times E$, para $i = 1, \dots, g$

H_{ai} : o i -ésimo genótipo contribui para a interação $G \times E$, para $i = 1, \dots, g$

Seja $G_i(G \times E)$ a representação do efeito do i -ésimo genótipo para a interação. A soma de quadrados devido ao efeito desse genótipo é obtida por:

$$SQ_{G_i(G \times E)} = \sum_{j=1}^e (\widehat{ge}_{ij})^2 \quad (i = 1, 2, \dots, g)$$

com $\frac{(g-1)(e-1)}{g}$ graus de liberdade associados, e o quadrado médio correspondente é

obtido dividindo-se cada soma de quadrados pelos respectivos graus de liberdade, ou seja:

$$QM_{G_i(G \times E)} = \frac{SQ_{G_i(G \times E)}}{\frac{(g-1)(e-1)}{g}} = \frac{g(SQ_{G_i(G \times E)})}{(g-1)(e-1)}, \quad i = 1, \dots, g.$$

Observa-se que a $SQ_{G_1(G \times E)} + \dots + SQ_{G_g(G \times E)} = SQ_{G \times E}$, com $(g - 1)(e - 1)$ graus de liberdade associados. Tem-se que a soma de quadrados devido ao efeito de genótipo dividido pela variância segue distribuição qui-quadrado não-central com parâmetro de não centralidade θ_{1i} , ou seja:

$$\frac{SQ_{G_i(G \times E)}}{\sigma^2} \sim \frac{\chi^2(g - 1)(e - 1)}{(g)} (\theta_{1i})$$

em que $(\theta_{1i}) = \frac{\sum_{j=1}^e (\widehat{ge}_{ij})^2}{\sigma^2}$.

Assim, verifica-se que:

$$F^*_{G_i(G \times E)} = \frac{QM_{G_i(G \times E)}}{QM_{Res}} \sim F \left(\alpha, \frac{(g-1)(e-1)}{g}, e(g-1)(r-1) \right) (\theta_{1i})$$

para todo genótipo i sob H_{01} .

Seja a hipótese $H_0: \theta_{1i} = 0$ versus $H_\alpha: \theta_{1i} > 0$, que é equivalente a hipótese H_{01} versus $H_{1\alpha}$, tem-se que a estatística $F^*_{G_i(G \times E)}$ sob H_0 tem distribuição F central com $\frac{(g-1)(e-1)}{g}$ e $e(g-1)(r-1)$ graus de liberdade (MOSER, 1996).

Ao nível α de significância, rejeita-se H_0 ou H_{01} quando,

$$F^*_{G_i(G \times E)} = \frac{QM_{G_i(G \times E)}}{QM_{Res}} \geq F \left(\alpha, \frac{(g-1)(e-1)}{g}, e(g-1)(r-1) \right) (\theta_{1i}) \text{ para } i = 1, \dots, g.$$

Através do teste F , aplicando a ANOVA, levando em consideração a decomposição dos $(g-1)(e-1)$ graus de liberdade da interação $G \times E$ com $\frac{(g-1)(e-1)}{g}$ graus de liberdade para aos genótipos, resulta no esquema ilustrado pela Tabela 2:

Tabela 2 – Esquema da ANOVA com teste F , para obtenção de genótipos que contribuem significativamente para a interação $G \times E$

Fonte de variação	GL	SQ	QM	F
B d. E	$e(r-1)$	$SQ_{B\ d.E}$	$QM_{B\ d.E}$	
G	$(g-1)$	SQ_G	QM_G	
E	$(e-1)$	SQ_E	QM_E	
$G \times E$	$(g-1)(e-1)$	$SQ_{G \times E}$	$QM_{G \times E}$	
	$(g-1)(e-1)$			$\frac{QM_{G_1(G \times E)}}{QM_{Res}}$
$G_1(G \times E)$	g	$SQ_{G_1(G \times E)}$	$QM_{G_1(G \times E)}$	
...
	$(g-1)(e-1)$			$\frac{QM_{G_g(G \times E)}}{QM_{Res}}$
$G_g(G \times E)$	g	$SQ_{G_g(G \times E)}$	$QM_{G_g(G \times E)}$	
Resíduo	$e(g-1)(r-1)$	SQ_{Res}	QM_{Res}	
Total	$ger-1$	SQ_{Total}		

GL: graus de liberdade; SQ: soma de quadrados; QM: quadrado médio; $G_i(G \times E)$: é o efeito do i -ésimo genótipo para a interação, com $i = 1, \dots, g$. Fonte: Araújo (2008).

a) H_{01} : o j -ésimo ambiente não contribui para a interação $G \times E$, para $j = 1, \dots, e$

H_{a1} : o j -ésimo ambiente contribui para a interação $G \times E$, para $j = 1, \dots, e$

Seja $E_j(G \times E)$ a representação do efeito do j -ésimo ambiente para a interação. A soma de quadrados devido ao efeito desse ambiente é obtida por:

$$SQ_{E_j(G \times E)} = \sum_{i=1}^g (\widehat{ge}_{ij})^2 \quad (j = 1, 2, \dots, e)$$

com $\frac{(g-1)(e-1)}{e}$ graus de liberdade associados, e o quadrado médio correspondente é obtido dividindo-se cada soma de quadrados pelos respectivos graus de liberdade, ou seja:

$$QM_{E_j(G \times E)} = \frac{SQ_{E_j(G \times E)}}{\frac{(g-1)(e-1)}{e}} = \frac{e(SQ_{E_j(G \times E)})}{(g-1)(e-1)}, j = 1, \dots, e.$$

Observa-se que a $SQ_{E_1(G \times E)} + \dots + SQ_{E_e(G \times E)} = SQ_{G \times E}$, com $(g-1)(e-1)$ graus de liberdade associados.

Tem-se que a soma de quadrados devido ao efeito de ambiente dividido pela variância segue distribuição qui-quadrado não-central com parâmetro de não centralidade θ_{2j} , ou seja:

$$\frac{SQ_{E_j(G \times E)}}{\sigma^2} \sim \frac{\chi^2(g-1)(e-1)}{(e)} (\theta_{2j})$$

em que $(\theta_{2j}) = \frac{\sum_{i=1}^g (\widehat{ge}_{ij})^2}{\sigma^2}$.

Assim, verifica-se que:

$$F^*_{E_j(G \times E)} = \frac{QM_{E_j(G \times E)}}{QM_{Res}} \sim F\left(\alpha, \frac{(g-1)(e-1)}{e}, e(g-1)(r-1)\right) (\theta_{2j})$$

para todo ambiente j sob H_{02} .

Seja a hipótese $H_0: \theta_{2j} = 0$ versus $H_\alpha: \theta_{2j} > 0$, que é equivalente a hipótese H_{02} versus $H_{2\alpha}$, tem-se que a estatística $F^*_{E_j(G \times E)}$ sob H_0 tem distribuição F central com $\frac{(g-1)(e-1)}{e}$ e $e(g-1)(r-1)$ graus de liberdade (MOSER, 1996).

Ao nível α de significância, rejeita-se H_0 ou H_{02} quando,

$$F^*_{E_j(G \times E)} = \frac{QM_{E_j(G \times E)}}{QM_{Res}} \geq F\left(\alpha, \frac{(g-1)(e-1)}{e}, e(g-1)(r-1)\right) (\theta_{2j}) \text{ para } j = 1, \dots, e.$$

Através do teste F , aplicando a ANOVA, levando em consideração a decomposição dos $(g-1)(e-1)$ graus de liberdade da interação $G \times E$ com $\frac{(g-1)(e-1)}{e}$ graus de liberdade para aos ambientes, resulta o esquema ilustrado pela Tabela 3. Observa-se que a proposta dos graus de liberdade igualitários para genótipos e ambientes vai de encontro à proposta de Gauch Jr (1992) para obtenção dos graus de liberdade dos componentes multiplicativos de um modelo AMMI.

Tabela 3 – Esquema da ANOVA com teste F , para obtenção de ambientes que contribuem significativamente para a interação $G \times E$

Fonte de variação	GL	SQ	QM	F
B d. E	$e(r - 1)$	$SQ_{B\ d.E}$	$QM_{B\ d.E}$	
G	$(g - 1)$	SQ_G	QM_G	
E	$(e - 1)$	SQ_E	QM_E	
$G \times E$	$(g - 1)(e - 1)$	$SQ_{G \times E}$	$QM_{G \times E}$	
$E_1(G \times E)$	$\frac{(g - 1)(e - 1)}{e}$	$SQ_{E_1(G \times E)}$	$QM_{E_1(G \times E)}$	$\frac{QM_{E_1(G \times E)}}{QM_{Res}}$
...
$E_e(G \times E)$	$\frac{(g - 1)(e - 1)}{e(g - 1)(r - 1)}$	$SQ_{E_e(G \times E)}$	$QM_{E_e(G \times E)}$	$\frac{QM_{E_e(G \times E)}}{QM_{Res}}$
Resíduo		SQ_{Res}	QM_{Res}	
Total	$ger - 1$	SQ_{Total}		

GL: Graus de liberdade; SQ: Soma de quadrados; QM: Quadrado médio; $E_j(G \times E)$: é o efeito do j -ésimo ambiente para a interação, com $j = 1, \dots, e$. Fonte: Araújo (2008).

3 Resultados

A Tabela 4 corresponde a ANOVA efetuada no conjunto de dados com 23 genótipos de milho avaliados em 10 ambientes. Verifica-se o que efeito de genótipo (G), o efeito de ambientes (E) e o efeito da interação genótipos \times ambientes ($G \times E$) são significativos ao nível de 5% de significância e suas somas de quadrados (SQ) que correspondem a 8,68%, 67,71%, 13,56% e 10,05%, respectivamente, da soma de quadrados total.

Tabela 4 – ANOVA do conjunto de dados com 23 genótipos de milho avaliados em 10 ambientes

Fonte de Variação	GL	SQ	QM	F	VALOR p
Genótipos (G)	22	161143861	7324720,9		
Ambientes (E)	9	1257055627	139672847,4	154,884	0
Interação (G \times E)	198	251667628	1271048,6	1,409	0,007
Resíduo	207	186670157	901788,2		
Total	436	1856537273			

Fonte: Elaborado pelos autores (2021).

A Tabela 5 corresponde à análise AMMI efetuada no conjunto de dados. Observa-se que a interação $G \times E$ pode ser decomposta em nove componentes principais, sendo que apenas o primeiro é significativo ($p < 0,01$) e explica 57,6% da variabilidade total dos dados.

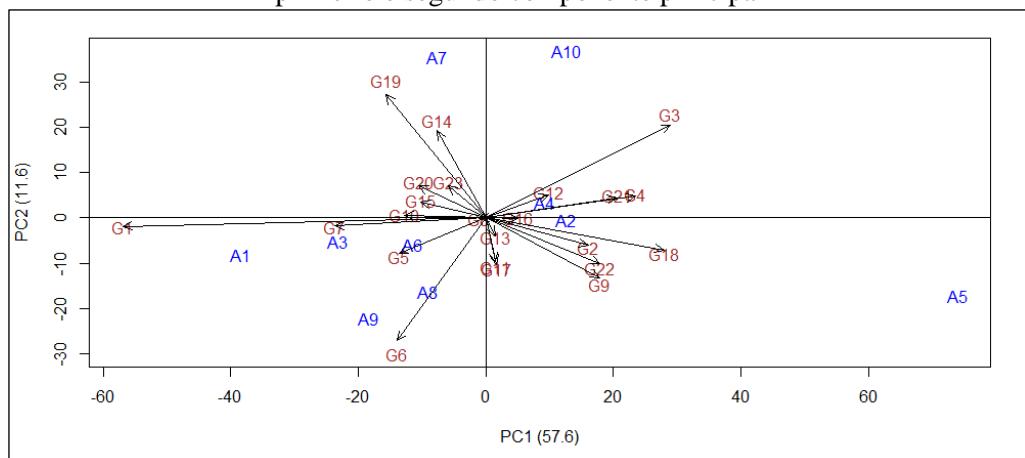
Tabela 5 – ACP do conjunto de dados com 23 genótipos de milho avaliados em 10 ambientes

	Proporção $SQ_{G \times E}/Eixo$	Proporção Acumulada	GL	Soma SQ	Média SQ	F	Valor <i>p</i>
PC1	57,6	57,6	30	144879916,5	4829330,6	5,36	<0,01
PC2	11,6	69,1	28	29127412,99	1040264,8	1,15	0,28
PC3	9,1	78,3	26	22937601,84	882215,46	0,98	0,5
PC4	5,8	84,1	24	14588743,41	607864,31	0,67	0,88
PC5	5,6	89,7	22	14215231,02	646146,86	0,72	0,82
PC6	4,1	93,8	20	10295950,73	514797,54	0,57	0,93
PC7	3,1	96,9	18	7867467,28	437081,52	0,48	0,96
PC8	2,3	99,2	16	5686116,63	355382,29	0,39	0,98
PC9	0,8	100	14	2069187,46	147799,1	0,16	1

PC: componente principal. Fonte: Elaborado pelos autores (2021).

Na Figura 1 é apresentado o biplot AMMI2, sendo a coordenada X a componente principal 1 e a coordenada Y a componente principal 2. Os ambientes 5 (Rio Grande do Sul 2015/2016 Sul Precoce), 7 (Roraima 2015/2016 Norte/Nordeste Precoce) e 10 (Sergipe 2015/2016 Norte/Nordeste Precoce) apresentam uma alta contribuição para a interação G×E. e em relação aos genótipos, tem-se que os 1 (1M1807), 6 (EMBRAPA 1M1782) e 19 (TR 167) apresentam uma contribuição para a interação G×E. Os demais genótipos e ambientes não contribuem significativamente para a interação. Os resultados obtidos são subjetivos e, portanto, há a necessidade da aplicação do teste *F* para verificar quais genótipos e ambientes contribuem mais para a interação G×E.

Figura 1 – Biplot para conjunto de dados com 23 genótipos de milho avaliados em 10 ambientes no primeiro e segundo componente principal



Fonte: Elaborado pelos autores (2021).

Os resultados obtidos através do teste *F*, aplicado a ANOVA, levando em consideração a decomposição dos $(g - 1)(e - 1) = (23 - 1)(10 - 1) = 198$ graus de liberdade da

interação (G×E) com $\left[(g-1)(e-1)/g\right] = \left[(23-1)(10-1)/23\right] \approx 8,61$ graus de liberdade para os genótipos, estão dispostos na Tabela 6. Nota-se que apenas o genótipo 1M1807 foi significativo ao nível de 5% de significância, ou seja, ele contribui mais para a interação e assim, esse genótipo é considerado adaptável. Em relação ao genótipo 1M1807 nota-se que é indicado para o ambiente Goiás 2015/2016 Centro Precoce (Figura 1). Os demais genótipos não contribuem significativamente para a interação G×E, ou seja, são estáveis. Logo tais genótipos podem ser cultivados em qualquer ambiente apresentando sempre a mesma resposta.

Tabela 6 – Teste *F*, aplicado ao conjunto de dados, para a obtenção de genótipos que contribuem significativamente para a interação G×E

Fonte de Variação	GL	SQ	QM	F	VALOR <i>p</i>
1M1807 (G1)	8,61	28552888,03	3316749,62	3,68	0,0004
AL2013 (G2)	8,61	3182375,40	369669,87	0,41	0,9235
AL2014 (G3)	8,61	9872397,55	1146793,66	1,27	0,2566
AX727 (G4)	8,61	5259030,11	610897,44	0,68	0,7221
BG7049H (G5)	8,61	4045004,31	469874,24	0,52	0,8514
EMBRAPA 1M1782 (G6)	8,61	7296745,42	847601,74	0,94	0,4890
EMBRAPA 3H842 (G7)	8,61	7596214,74	882388,58	0,98	0,4571
EMBRAPA HT (G8)	8,61	2644946,32	307241,24	0,34	0,9563
FORRAGEIRO (G9)	8,61				
EMBRAPA HTMV 1 (G10)	8,61	4972710,53	577638,09	0,64	0,7545
EXP 929791 (G11)	8,61	3750108,67	435618,68	0,48	0,8784
EXP 93294 (G12)	8,61	1404295,42	163125,23	0,18	0,9950
EXP 944594 (G13)	8,61	4079850,06	473921,98	0,53	0,8481
EXP918391 (G14)	8,61	1681360,22	195309,52	0,22	0,9905
PHX-01 (G15)	8,61	4123930,36	479042,42	0,53	0,8438
PHX-02 (G16)	8,61	2262945,33	262867,39	0,29	0,9736
PHX-03 (G17)	8,61	532135,19	61813,68	0,07	0,9999
PHX-04 (G18)	8,61	2039354,15	236894,67	0,26	0,9813
PHX-05 (G19)	8,61	9239053,07	1073223,34	1,19	0,3045
PHX-06 (G20)	8,61	6851883,29	795925,84	0,88	0,5381
PHX-07 (G21)	8,61	2073900,06	240907,58	0,27	0,9803
TR 1532 (G22)	8,61	4852581,75	563683,74	0,63	0,7679
TR 167 (G23)	8,61	6133836,45	712516,35	0,79	0,6205
TR 2223 (G24)	8,61	3386267,50	393354,31	0,44	0,9084

Fonte: Elaborado pelos autores (2021).

Agora, levando em consideração a decomposição dos mesmos 198 graus de liberdade da interação G×E com $\left[(g-1)(e-1)/e\right] = \left[(23-1)(10-1)/10\right] \approx 19,80$ graus de

liberdade para os ambientes com aplicação do teste *F* na ANOVA, os resultados encontram-se na Tabela 7. Observa-se que o ambiente Rio Grande do Sul 2015/2016 Sul Precoce contribui significativamente, ao nível de 5% de significância, para a interação (valor $p < 0,05$). Enquanto que os demais ambientes não contribuíram significativamente (valor $p > 0,05$) para a interação genótipos \times ambientes, sendo estes ambientes mais estáveis aos genótipos.

Tabela 7 – Teste *F*, aplicado ao conjunto de dados, para a obtenção de ambientes que contribuem significativamente para a interação G \times E

Fonte de Variação	GL	SQ	QM	F	VALOR <i>p</i>
Goiás 2015/2016 Centro Precoce (A1)	19,80	18524576,72	935584,68	1,04	0,4201
Mato Grosso 2015/2016 Safrinha Precoce (A2)	19,80	8432849,08	425901,47	0,47	0,9736
Pará 2015/2016 Norte/Nordeste Precoce (A3)	19,80	7872553,85	397603,73	0,44	0,9823
Piauí 2015/2016 Norte/Nordeste Precoce (A4)	19,80	3441631,39	173819,77	0,19	1,0000
Rio Grande do Sul 2015/2016 Sul Precoce (A5)	19,80	48713773,09	2460291,57	2,73	0,0002
Rondônia 2015/2016 Safrinha Precoce (A6)	19,80	6732506,18	340025,56	0,38	0,9932
Roraima 2015/2016 Norte/Nordeste Precoce (A7)	19,80	8434650,54	425992,45	0,47	0,9736
São Paulo 2015/2016 Centro Precoce (A8)	19,80	5047257,65	254912,00	0,28	0,9991
São Paulo 2015/2016 Safrinha Precoce (A9)	19,80	9157625,45	462506,34	0,51	0,9585
Sergipe 2015/2016 Norte/Nordeste Precoce (A10)	19,80	9476389,99	478605,56	0,53	0,9503

Fonte: Elaborado pelos autores (2021).

4 Considerações finais

A análise de variância resultante do teste *F* forneceu quais genótipos e ambientes contribuem mais para a interação. Observou-se que o genótipo considerado mais adaptado a todos os ambientes foi o 1M807. Assim, este genótipo é adequado e apresenta uma interação positiva com o ambiente Goiás 2015/2016 Centro Precoce (A1) e interação negativa com o ambiente Rio Grande do Sul 2015/2016 Sul Precoce (A5). Os demais genótipos são considerados estáveis, ou seja, podem ser cultivados em qualquer um desses ambientes avaliados que apresentarão o mesmo comportamento (mesma produção).

Em relação aos ambientes, apenas o ambiente Rio Grande do Sul 2015/2016 Sul Precoce contribuiu para a interação G×E, com isso, existem genótipos que apresentam comportamentos diferentes neste ambiente. Os demais ambientes são estáveis e podem receber qualquer um desses materiais genéticos que a produção deles não será alterada.

5 Referências

- ALLARD, R.W. **Princípios do melhoramento genético das plantas**. Rio de Janeiro: USAID/Edgard Blucher, 1971. 381p.
- ARAUJO, M.F.C. **Teste estatístico para contribuição de genótipos e ambientes na matriz de interação GE**. 2008. Dissertação (Mestrado em Estatística e Experimentação Agronômica) - Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Universidade de São Paulo, Piracicaba, 2008.
- CHAVES, L.J. Interação de cultivares com ambientes. In: NASS, L.L.; VALOIS, A.C.C; MELO, L.S.; VALADARES, M.C. **Recursos genéticos e melhoramento – plantas**. Rondonópolis: Fundação MT, 2001, p.673-713.
- EBERHAR.T, S.A.; RUSSELL, W.A. Stability parameters for comparing varieties. **Crop Science**, Madison, v.6, p.36-40, 1966.
- GAUCH Jr, H.G. Statistical analysis of regional yield trials: AMMI analysis of factorial designs. Amsterdam: Elsevier, 1992, 277p.
- GAUCH Jr, H.G; ZOBEL, R.W. AMMI analysis of yield trials. IN: KANG, M.D.; GAUCH Jr., H.G. **Genotype-by-environment interaction**, Boca Raton: CRC Press, 1996. chap.4, p.85-112.
- MOSER, B.K. **Linear models**: a mean model approach. San Diego: Academic Press, 1996, 228p.
- PIOVESAN, P. **Validação cruzada com correção de autovalores e regressão isotônica nos modelos AMMI**. 2007. 77P. Dissertação (Mestrado em Estatística e Experimentação Agronômica) – Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Universidade de São PAULO, Piracicaba, 2007.
- VENCOVSKY, R.; BARRIGA, P. **Genética biométrica no fitomelhoramento**. Ribeirão Preto: Sbg, 1992. 486p.