



**UNIVERSIDADE FEDERAL DE SÃO CARLOS
CENTRO DE CIÊNCIAS AGRÁRIAS
PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM
PRODUÇÃO VEGETAL E BIOPROCESSOS ASSOCIADOS**

**ESTUDO DA INTERAÇÃO ENTRE GENÓTIPOS, LOCAIS E ANOS E
DO COEFICIENTE DE REPETIBILIDADE EM ETAPAS FINAIS DO
MELHORAMENTO GENÉTICO DA CANA-DE-AÇÚCAR**

GABRIELA ESTEFANO SARAIVA LEME

Araras

2018



UNIVERSIDADE FEDERAL DE SÃO CARLOS
CENTRO DE CIÊNCIAS AGRÁRIAS
PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM
PRODUÇÃO VEGETAL E BIOPROCESSOS ASSOCIADOS

ESTUDO DA INTERAÇÃO ENTRE GENÓTIPOS, LOCAIS E ANOS E
DO COEFICIENTE DE REPETIBILIDADE EM ETAPAS FINAIS DO
MELHORAMENTO GENÉTICO DA CANA-DE-AÇÚCAR

GABRIELA ESTEFANO SARAIVA LEME

ORIENTADOR: PROF. DR. RODRIGO GAZAFFI

Dissertação apresentada ao Programa de Pós-Graduação em Produção Vegetal e Bioprocessos Associados como requisito parcial à obtenção do título de MESTRE EM PRODUÇÃO VEGETAL E BIOPROCESSOS ASSOCIADOS

Araras

2018

Estefano Saraiva Leme, Gabriela

Estudo da interação entre genótipos, locais e anos e do coeficiente de repetibilidade em etapas finais do melhoramento genético da cana-de-açúcar / Gabriela Estefano Saraiva Leme. -- 2018.

110 f. : 30 cm.

Dissertação (mestrado)-Universidade Federal de São Carlos, campus Araras, Araras

Orientador: Rodrigo Gazaffi

Banca examinadora: Carlos Tadeu dos Santos Dias, Luciana Aparecida Carlini-Garcia, Rodrigo Gazaffi

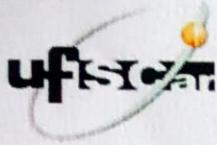
Bibliografia

1. MET. 2. Tucker 3. 3. Koppen-Geiger. I. Orientador. II. Universidade Federal de São Carlos. III. Título.

Ficha catalográfica elaborada pelo Programa de Geração Automática da Secretaria Geral de Informática (SIn).

DADOS FORNECIDOS PELO(A) AUTOR(A)

Bibliotecário(a) Responsável: Maria Helena Sachi do Amaral – CRB/8 7083



UNIVERSIDADE FEDERAL DE SÃO CARLOS

Centro de Ciências Agrárias
Programa de Pós-Graduação em Produção Vegetal e Bioprocessos Associados

Folha de Aprovação

Assinaturas dos membros da comissão examinadora que avaliou e aprovou a Defesa de Dissertação de Mestrado da candidata Gabriela Estefano Saraiva Leme, realizada em 23/08/2018:

Prof. Dr. Rodrigo Gazaffi
UFSCar

Prof. Dr. Carlos Tadeu dos Santos Dias
USP

Profa. Dra. Luciana Aparecida Carlini-Garcia
APTA

AGRADECIMENTOS

Inicio meus agradecimentos a Deus, por me guiar por todo o caminho. Por me permitir estar aqui hoje, e permitir compartilhar esse momento com as pessoas que amo.

Agradeço aos meus pais, Marcel e Rosângela, por me apoiarem e me motivarem durante toda a trajetória. Por confiarem em mim, e serem minha maior inspiração. Ao meu irmão, Guilherme, por dividir esses momentos comigo.

Agradeço as minhas tias queridas, Kelly e Isaura, por sempre estarem ao meu lado e me apoiarem.

Agradeço a UFSCar e ao Programa de Pós Graduação em Produção Vegetal e Bioprocessos Associados, por me aceitarem como estudante de pós-graduação. E a toda equipe do PMGCA, por fornecerem os dados e informações necessários ao desenvolvimento dessa dissertação.

Agradeço ao meu orientador, Rodrigo Gazaffi, por todos os ensinamentos e oportunidades de aprendizado.

Agradeço a CAPES pelo auxílio financeiro.

Dedico este trabalho aos meus amados avós, Geraldo, Jaime, Benilda e Maria.

SUMÁRIO

Página

ÍNDICE DE TABELAS.....	1
ÍNDICE DE FIGURAS.....	3
RESUMO.....	4
ABSTRACT.....	5
INTRODUÇÃO.....	6
OBJETIVOS.....	9
REVISÃO DA LITERATURA.....	10
1. A cana-de-açúcar.....	10
2. O melhoramento genético da cana-de-açúcar.....	12
2.1 Geração da população de melhoramento.....	14
2.2 Seleção e clonagem em etapas iniciais.....	15
2.3 Fases finais.....	16
3. Repetibilidade.....	17
4. Interação entre Genótipos e Ambientes.....	19
5. Metodologias para o estudo da IGA.....	22
6. GGE Biplot.....	23
7. Modelos Tucker.....	25
8. Joint Plot.....	26
LITERATURA CITADA.....	27
CAPÍTULO 1 - REPETIBILIDADE PARA SELEÇÃO DE CLONES DE CANA-DE-AÇÚCAR	35
1. Resumo.....	35
2. Introdução.....	36
3. Materiais e Métodos.....	39

4. Resultados e Discussão.....	46
5. Conclusões.....	62
6. Literatura Citada.....	63
CAPÍTULO 2 - ESTUDO DA INTERAÇÃO ENTRE GENÓTIPOS, LOCAIS E CORTES POR MEIO DA ABORDAGEM GGE GENERALIZADA PARA TRÊS FATORES CONSIDERANDO ENSAIOS MULTIAMBIENTAIS DE CANA-DE-AÇÚCAR	67
1. Resumo.....	67
2. Introdução.....	68
3. Materiais e Métodos.....	70
4. Resultados e Discussão.....	75
5. Conclusões.....	94
6. Literatura Citada.....	95
CONSIDERAÇÕES FINAIS.....	100
APÊNDICE.....	101

ÍNDICE DE TABELAS

Página

Capítulo 1

Tabela 1. Relação dos genótipos que compõem a população MET2008.....	40
Tabela 2. Relação dos genótipos que compõem a população MET2009.....	41
Tabela 3. Relação dos genótipos que compõem a população MET2010.....	42
Tabela 4. Relação dos locais e caracterização dos experimentos em relação a número de cortes, número de repetições e classificação ambiental.....	42
Tabela 5. Relação ds coeficiente de variação calculado para cada experimento das três séries.....	49
Tabela 6. Coeficiente de Repetibilidade e Número de Repetições Preditas para 80% e 90% de confiança.....	51
Tabela 7. Estimativas de Repetibilidade para cada combinação de corte e experimento MET2008.....	53
Tabela 8. Estimativas de Repetibilidade para cada combinação de corte e experimento MET2009.....	55
Tabela 9. Estimativas de Repetibilidade para cada combinação de corte e experimento MET2010.....	56
Tabela 10. Estimação do Coeficiente de Repetibilidade para determinar o número mínimo de cortes para cada experimento a 80% (R80) e 90% (R90) de confiança, para a população de MET2008.....	59
Tabela 11. Estimação do Coeficiente de Repetibilidade para determinar o número mínimo de cortes para cada experimento a 80% (R80) e 90% (R90) de confiança, para a população de MET2009.....	60
Tabela 12. Estimação do Coeficiente de Repetibilidade para determinar o número mínimo de cortes para cada experimento a 80% (R80) e 90% (R90) de confiança, para a população de MET2010.....	61

Capítulo 2

Tabela 1. Relação dos genótipos avaliados para cada uma das três populações de melhoramento.....	71
Tabela 2. Caracterização dos locais avaliados para cada uma das três populações de melhoramento.....	72
Tabela 3 . ANAVA conjunta para MET2008, MET2009 e MET2010.....	77
Tabela 4. Resultado do Procedimento de Timmerman-Kiers para selecionar o modelo Tucker3 para cada MET.....	79
Tabela 5. MET2008 - Escores dos componentes principais para um modelo de Tucker3 (3,2,2) para o arranjo da interação tripla GLA	82
Tabela 6. MET2009 - Escores dos componentes principais para um modelo de Tucker3 (2,2,1) para o arranjo da interação tripla GLA	86
Tabela 7. MET2010 - Escores dos componentes principais para um modelo de Tucker3 (2,2,1) para o arranjo da interação tripla GLA	87

ÍNDICE DE FIGURAS

	Página
Figura 1. Representação Gráfica do Modelo <i>Tucker3</i>	25
 Capítulo 2	
Figura 1. MET2008 - (A) <i>Joint plot</i> projetado dentro da primeira componente da matriz C.(B) <i>Joint plot</i> projetado dentro da segunda componente da matriz C.....	85
Figura 2: (A) <i>Joint plot</i> projetado na componente da matriz C em MET2009 .(B) <i>Joint plot</i> projetado na componente da matriz C em MET2010.....	89

ESTUDO DA INTERAÇÃO ENTRE GENÓTIPOS, LOCAIS E ANOS E DO COEFICIENTE DE REPETIBILIDADE EM ETAPAS FINAIS DO MELHORAMENTO GENÉTICO DA CANA-DE-AÇÚCAR

Autor: GABRIELA ESTEFANO SARAIVA LEME

Orientador: Prof. Dr. RODRIGO GAZAFFI

RESUMO

As últimas etapas de um programa de melhoramento genético são caracterizadas pela condução de ensaios multiambientais (MET) visando a correta seleção de genótipos promissores em relação a caracteres de interesse agrônomo-industrial, como a produção de colmos. Os ensaios multiambientais caracterizam-se pela avaliação de um grupo de genótipos em diferentes ambientes de produção visando identificar aqueles com maior estabilidade genética e adaptabilidade. Nestas condições, estudos de genética quantitativa, tais como quantificação do coeficiente de repetibilidade e interação entre genótipos e ambientes, têm potencial para revelar informações que possam auxiliar os melhoristas envolvidos durante as etapas do melhoramento genético. Considerando três populações de melhoramento de cana-de-açúcar, o presente trabalho objetivou a quantificação do coeficiente de repetibilidade para inferir a representatividade dos dados obtidos para cada genótipo ao longo dos números de repetições e/ou cortes e sua relação com a qualidade experimental; e ainda desenvolver um estudo da interação tripla entre genótipos, locais e anos de colheita por meio da metodologia de análise GGE generalizada para contexto de três fatores, com auxílio da decomposição via modelos *Tucker3*. Dentre os resultados destacam-se que o coeficiente de repetibilidade apresentou correlação significativa e negativa com coeficiente de variação e que o coeficiente de repetibilidade não tem associação com os ambientes de produção, em especial pela classificação apresentada por Prado et al. (2013), cujo fundamento baseia-se na disponibilidade hídrica e características de solo. Para as análises de interação genótipos, ambientes e locais pôde-se concluir que ao estudar os locais, o agrupamento convergiu para a classificação climática de Koppen-Geiger; e para o fator corte detectou-se um contraste de seleção entre cana planta e cana soca.

Palavras-Chave: MET; *Tucker3*; Koppen-Geiger; Joint-plot; TCH.

STUDYING THREE WAY INTERACTION UNDER GENERALIZED SITES REGRESSION MODEL AND ALSO REPETIBILITY COEFFICIENT IN SUGARCANE FINAL ASSESSMENT TRIALS.

Author: GABRIELA ESTEFANO SARAIVA LEME

Adviser: Prof. Dr. RODRIGO GAZAFFI

ABSTRACT

The last stages of a genetic breeding program are characterized by the conduction of multi-environmental trials (MET) aiming at the correct selection of promising genotypes in relation to characters of agronomic-industrial interest, such as stem production. Multi-environmental trials are characterized by the evaluation of a group of genotypes in different production environments in order to identify that have greater genetic stability and adaptability. Under these conditions, quantitative genetics studies, such as quantification of the coefficient of repeatability and interaction between genotypes and environments, have the potential to reveal information that can assist the breeders involved during the breeding stages. Considering three populations of sugarcane breeding, the present work aimed at quantifying the coefficient of repeatability to infer the representativeness of the data obtained for each genotype along the numbers of repetitions and / or cuts and their relation to quality experimental; and to develop a study of the triple interaction between genotypes, environments and harvest years through the generalized GGE analysis methodology for three factors context, with the aid of the Tucker3 decomposition. Among the results, the coefficient of repeatability showed a significant and negative correlation with coefficient of variation and that the coefficient of repeatability was not associated with production environments, especially by the classification presented by Prado et al. (2013), whose foundation is based on water availability and soil characteristics. For the analysis of genotypes, environments and local interaction, it was concluded that, when studying the sites, the grouping converged to the Koppen-Geiger climatic classification; and for the cut factor a contrast of selection between cane plant and harvests was detected.

Key-Words: MET; Tucker3; Koppen-Geiger; Joint-plot; steam.

INTRODUÇÃO

Com ascendente destaque no cenário internacional, a cana-de-açúcar (*Saccharum spp.*) mantém o Brasil auspicioso na produção de biomassa energética e açúcar. Tendências ambientalistas e biossustentáveis trouxeram uma nova conotação à cadeia produtiva sucroenergética, com exploração e uso de subprodutos. Como maior produtor mundial, a cana-de-açúcar apresenta um papel de grande importância para o agronegócio brasileiro. No entanto, o rendimento nacional e o aumento da produtividade têm enfrentado desafios (CONAB, 2017). O segundo levantamento da CONAB (2018) estima, para a safra de 2017/2018, que 8.766,5 mil hectares de cana-de-açúcar serão colhidos, redução de 3,1% em relação ao mesmo período do ano anterior. São Paulo, mesmo sendo o principal estado produtor da cultura, sofreu uma redução de 5,5% em relação à área plantada, o que provavelmente afetou a estimativa de produção desta safra, que deve chegar aos 646 milhões de toneladas de cana, 1,7% inferior à safra anterior. Estes desvios estão associados à expansão da cultura, não somente em áreas tradicionais de cultivo, como também em áreas marginais de produção, com baixa fertilidade, incidentes ataques de patógenos e pragas e instabilidade pluviométrica, principalmente na região centro-sul (UDOP, 2018; CONAB, 2017).

Neste cenário, a escolha da variedade cultivada tem enorme importância no sistema produtivo, sendo o melhoramento a principal estratégia utilizada na exploração do potencial genético das plantas e incremento da produtividade, através do aumento e estabilidade da produção e introdução de novas variedades adaptadas às regiões restritivas e resistentes ou tolerantes ao ataque de pragas e

patógenos. (DAL BIANCO et al., 2012). Os Programas de Melhoramento Genético buscam realizar diversos cruzamentos entre os materiais genéticos disponíveis nos bancos de germoplasma, amplificando a variabilidade com o propósito de aumentar o acúmulo de alelos de interesse agrônômico dentro do conjunto de genes submetido ao processo de sucessivas seleções (DE SOUZA et al., 2011; FILHO et al., 2011; YOU et al., 2013). Logo, o melhoramento genético de cana-de-açúcar está estruturado na amplificação de variabilidade genética por meio de cruzamentos, seguido por sucessivas etapas de seleção (MATSUOKA et al., 1999; LANDELL; BRESSIANI, 2010; GAZAFFI et al., 2010).

Não obstante, a obtenção de novas variedades de cana-de-açúcar, superiores às disponíveis comercialmente faz-se um desafio ao melhoramento, uma vez que o tempo médio para a liberação de um novo genótipo demanda de 10 a 15 anos (MATSUOKA et al., 1999; MORAIS et al., 2015). Este tempo faz-se necessário dado a necessidade de avaliação dos genótipos ao longo de alguns anos de produção, uma vez que há um comportamento diferencial devido à habilidade de rebrota de soqueiras, o que é um desafio para o melhoramento da cana-de-açúcar, por se tratar de um caráter de difícil mensuração, e que passou a receber grande atenção nos últimos anos no Brasil, devido a completa mecanização da colheita (GAZAFFI et al., 2016). Outro efeito considerado é a possível interação dos genótipos em relação aos locais de plantio pois, novamente, um comportamento diferencial pode ser observado para cada local ou ambiente, dificultando a recomendação de variedades de alto desempenho. Por conseguinte, uma estratégia é a recomendação regionalizada visando a identificação dos genótipos mais aptos a determinadas condições de cultivo (BORÉM; MIRANDA, 2013).

Logo, nas fases finais de experimentação, em que o número de genótipos é drasticamente reduzido, é possível realizar experimentos em vários locais, ao longo dos anos agrícolas (cortes), surgindo assim novos componentes na variância fenotípica, como a interação entre genótipos e locais, genótipos e anos, locais e anos, e a interação tripla entre genótipos, locais e anos (GLA). Para avaliar dados de interação, comumente, os melhoristas restringem-se as avaliações a algum corte de cana soca (FERNANDES JR et al., 2013; MAGALHÃES, 2017) ou então aplicam métodos derivados para interação entre genótipos e ambientes, denominando ambiente a combinação entre local e ano (YAN; HUNT, 2002), reduzindo desta

forma a interação tripla para combinação de apenas dois fatores e, possivelmente, provocando uma incorreção na observação dos efeitos da interação total.

Portanto, ensaios finais de melhoramento, cujo objetivo é a avaliação e recomendação de cultivares em diferentes condições ambientais e anos, fundamentam-se em duas questões: se o número de medidas consideradas é suficiente para compreender o comportamento dos genótipos; e qual o padrão que os diferentes genótipos assumem ao serem estudados ao longo dos diferentes locais e anos, simultaneamente. Assim, esta dissertação dispõe de dois capítulos, o primeiro baseado na representatividade dos dados obtidos para cada genótipo em termos de número de repetições utilizada nos experimentos ou em termos de números de cortes considerados; já o segundo capítulo consiste na realização de um estudo da interação tripla entre genótipos, locais e anos através da abordagem GGE (YAN; HOLLAND, 2010;), adaptada para o contexto de decomposição com modelos *Tucker*. Para ambos os casos, as informações geradas visaram a obtenção de maior acurácia na recomendação de variedades para os ambientes avaliados, e melhor compreensão dos padrões de seleção desses locais.

OBJETIVOS

O objetivo do trabalho consistiu na observação da representatividade dos dados obtidos para cada genótipo ao longo das repetições e cortes, e no estudo da interação tripla entre genótipos, ambientes e anos em populações de cana-de-açúcar submetidas às fases finais, e alocadas em diferentes ambientes testes, ao longo dos anos, por meio da metodologia de análise GGE, adaptando sua decomposição de vetores ao modelo *Tucker*. Procurou-se também entender os fatores de interação causados pelo ambiente durante o processo de seleção de novos genótipos de cana-de-açúcar, além de melhorar a capacidade de discriminação das diferenças genéticas entre os genótipos e os ambientes alvos para os quais os genótipos selecionados são mais adaptados.

REVISÃO DA LITERATURA

1. A cana-de-açúcar

A cana-de-açúcar pertence à família *Poaceae*, cujas variedades desenvolvidas e cultivadas no Brasil e no mundo são híbridos oriundos basicamente do gênero *Saccharum* que inclui espécies selvagens, como *S. spontaneum* Linnaeus ($2n=40-128$) e *S. robustum* Brandes e Jeswit ex Grassl. ($2n=60-205$), e outras formas cultivadas, como *S. officinarum* Linnaeus ($2n=80$), *S. barberi* Jeswit ($2n=81-124$), *S. sinensis* Roxb. ($2n=111-120$) e *S. edule* Hassk. ($2n=60-80$). As espécies *S. officinarum* e *S. spontaneum* são as maiores contribuintes para o genoma das variedades modernas. A espécie *S. officinarum*, ou cana-nobre, é capaz de acumular altos níveis de sacarose no colmo, mas possuem pouca resistência as doenças (MORAIS et al., 2015). Apresentam colmos grossos (mais de 3,5 cm de diâmetro) e sistema radicular superficial reduzido, considerada como cana-de-açúcar tropical e altamente exigente quanto às condições edafoclimáticas; *S. spontaneum* possui colmos curtos e finos, alto teor de fibra, sistema radicular bem desenvolvido e tolerante às condições edafoclimáticas diversas e fonte de resistência a vários tipos de estresse (MATSUOKA et al., 1999).

A cana-de-açúcar é um organismo alógamo, com capacidade de propagação vegetativa a partir das gemas localizadas nos internódios dos colmos (MATSUOKA et al., 1999; CHEAVEGATTI-GIANOTTO et al., 2011). Apresenta metabolismo fotossintético do tipo C4, sendo considerada altamente eficiente na conversão de radiação solar em energia química. No entanto, esta alta atividade fotossintética, não

se correlaciona diretamente com a elevada produtividade de biomassa. A grande capacidade da cana-de-açúcar, para a produção de matéria orgânica, reside na alta taxa de fotossíntese por unidade de superfície de terreno, que é influenciado pelo Índice de Área Foliar (IAF). Além disso, o longo ciclo de crescimento da planta resulta em elevadas produções de matéria seca (RODRIGUES, 1995).

O ciclo fenológico da cana-de-açúcar é composto pelas fases de brotação, perfilhamento, crescimento e maturação (SCARPARI; BEAUCLAIR, 2010). Do plantio até à primeira colheita, a cana-planta pode ter um ciclo de desenvolvimento com duração de 18 meses (cana de ano e meio) ou 12 meses (cana de ano), dependendo da época e da região de plantio. Após a primeira colheita, agora denominada cana-soca, passa a ter um ciclo de 12 meses, e a cada corte ocorre a rebrota da soqueira e o início de um novo ciclo (ANTUNES et al., 2015).

Com relação ao desenvolvimento da cultura, o plantio é realizado com o fracionamento dos colmos mantendo segmentos com três a quatro gemas, constituídas de células e tecidos em estado de latência e grande poder de diferenciação. A segunda etapa compreende da brotação das gemas até o final do perfilhamento, caracterizado pelo desenvolvimento de rizomas que são semelhantes ao colmo aéreo, porém os entrenós são mais curtos, grossos e escuros. A partir do desenvolvimento de uma gema há o lançamento do broto, e em seguida a emissão de novos brotos, tais como perfilhos secundários e terciários, assim por diante, formando o *stand*. Os perfilhos derivados da mesma touceira têm ligações entre si, podendo, eventualmente, trocar nutrientes e água. O perfilhamento define, portanto, a capacidade que cada variedade tem de rebrota, por gemas não brotadas (SCARPARI; BEAUCLAIR, 2010).

A capacidade de rebrota, por sua vez, faz com que a cana-de-açúcar, diferentemente de outras culturas, como milho e soja, seja tratada como semi-perene. No entanto, a cada ano a produtividade é reduzida, até que a produção comercial pode não ser mais economicamente viável e, neste caso, é necessária a reforma do canavial (MORAIS et. al., 2015). A terceira etapa, que vai do final do perfilhamento até o início do acúmulo de açúcar, é definida como fase de crescimento da cana-de-açúcar. Este estágio se caracteriza por intensa divisão, diferenciação e alongamento celular. Conseqüentemente, ocorre aumento no tamanho e na matéria seca total da planta, e é conhecida como a fase de

crescimento da planta, cessada com a diminuição na quantidade de matéria seca produzida.

Por fim, inicia-se a fase de maturação, onde ocorre o aumento da concentração de açúcar no colmo, mantida até atingir valores aceitáveis pela indústria e, sendo definida como a fase fisiológica que proporciona retorno econômico. Inicia-se um estágio senescente, entre o crescimento rápido e a morte final da planta; as folhas tornam-se amareladas, sendo que as inferiores secam e os colmos adquirem a coloração característica da cultivar. Esta fase pode ser considerada sob dois diferentes pontos de vista: botânico e fisiológico (TOPPA, et. al., 2010). O aspecto botânico, utilizado para fins de melhoramento, considera a cana-de-açúcar madura após a emissão de flores e formação de sementes; já a maturação fisiológica dar-se-á quando os colmos atingirem seu máximo armazenamento de sacarose.

Segundo Rodrigues (1995), a capacidade da cultura em acumular carboidratos fotossintetizados nos colmos é atribuída às características genéticas da planta, sendo, portanto, um importante fator de discriminação do potencial produtivo entre as variedades, posto que o rendimento econômico da cultura seja dado pela produção de sacarose, além de açúcares redutores, utilizados para formar o melão e, mais recentemente, a fibra, na produção de biomassa energética. No entanto, a síntese de sacarose, que ocorre no citosol, e a síntese de amido, que se verifica no cloroplasto, são processos competitivos, que se estabelecem nas folhas da cana-de-açúcar. As vias metabólicas de síntese de sacarose e de amido possuem diversas fases em comum, envolvendo determinadas enzimas que têm diferentes propriedades e são únicas para um apropriado compartimento celular (TOPPA. et. al., 2010). Esse último aspecto fisiológico é responsável pela correlação negativa entre materiais selecionados para alto rendimento de açúcares e materiais com alta produção de biomassa energética.

2. O melhoramento genético da cana-de-açúcar

O melhoramento genético da cana-de-açúcar baseia-se na seleção e clonagem de genótipos superiores de populações segregantes, obtidas por meio de cruzamentos sexuais entre indivíduos diferentes (MATSUOKA et al., 1999; LANDELL; BRESSIANI, 2010; BORÉM; MIRANDA, 2013). É realizado em diferentes

instituições públicas e privadas que contam com seus bancos de germoplasma, cujos tamanhos em número de acessos são bastante variáveis. O sucesso desses programas está condicionado principalmente à correta identificação e utilização dos recursos genéticos disponíveis para o desenvolvimento de novas cultivares de cana-de-açúcar (MORAIS et al., 2015). No Brasil há três instituições que atuam no melhoramento genético da cana-de-açúcar, são elas: o Centro de Tecnologia Canavieira (CTC), com financiamento privado; o Instituto Agrônomo de Campinas (IAC), financiado pelo governo estadual de São Paulo; e programa RB coordenado pelas universidades federais (RIDESA - *Rede Interuniversitária para o Desenvolvimento do Setor Sucreenergético*), cujo financiamento, de origem federal, conta ainda com parcerias da cadeia produtiva (GAZAFFI et al., 2016, DAROS et al., 2010). Segundo Daros et al. (2010), o programa da RIDESA tem acentuada contribuição para a matriz energética do Brasil, uma vez que, fora responsável por 68% das variedades de cana cultivadas no País na safra 2014/2015. Vale ressaltar que, essencialmente, os programas assemelham-se na estrutura geral, contudo, cada um possui suas especificidades, que os caracterizam.

Inúmeros trabalhos relatam a estrutura de programas de melhoramento de cana-de-açúcar (MATSUOKA et al., 1999; LANDELL; BRESSIANI, 2010; SCORTECCI et al., 2012). No entanto, o manuscrito com maior nível de detalhamento foi apresentado por Matsuoka et al. (1999), cuja descrição fundamenta-se no Programa de Melhoramento Genético da Cana-de-Açúcar da Universidade Federal de São Carlos, integrante da RIDESA. Essencialmente este programa pode ser compreendido em duas etapas principais: a primeira, caracterizada pela geração de uma população de melhoramento, através do cruzamento entre indivíduos heterozigóticos; e a segunda, definida por uma série de experimentação conduzida ao longo de diversos locais e anos. Assim, nas etapas iniciais, têm-se disponíveis milhares de genótipos oriundos desses cruzamentos. Entretanto, a baixa representatividade desses materiais indisponibiliza a organização de experimentos com repetições e tamanhos de parcelas adequados. Ao longo das etapas de seleção e já nos últimos anos de avaliação, o número de genótipos é significativamente reduzido e, em contrapartida, é possível aumentar o tamanho da parcela, além do número de repetições e locais em experimentação.

2.1 Geração da população de melhoramento

A primeira etapa para iniciar um programa de melhoramento de cana-de-açúcar é constituir um banco ativo de germoplasma, e promover o florescimento dos genitores, que se dará em condições especiais de fotoperíodo e temperatura (MATSUOKA, et. al., 1999). Ao considerar o Programa da RIDESA, essas variedades têm sua origem no Banco de Germoplasma (BAG) da Cana-de-açúcar da Estação de Floração e Cruzamento Serra do Ouro, em Murici, Alagoas. Os genitores selecionados são substanciais para a geração de variabilidade, obtida nas hibridações. A seleção dos genitores a serem utilizados em cruzamentos é uma das decisões mais importantes a serem feitas pelos melhoristas. Esta escolha será determinada pelos objetivos definidos pelo Programa de Melhoramento, além da disponibilidade de materiais, do comportamento dos genitores frente ao florescimento e valores de melhoramento em combinações específicas de cruzamento e, por fim, das quantidade de dados disponíveis de qualquer genitor ou combinação (HEINZ; TEW, 1987). Como a cana-de-açúcar é uma espécie alógama, deve-se evitar os efeitos de endogamia, que ocorre em decorrência a sistemas de acasalamento que aumentam o nível de homozigose, como em cruzamento de indivíduos aparentados. Em poliploides, à medida que a ploidia aumenta, a heterozigose é reduzida mais lentamente com as autofecundações (BORÉM; MIRANDA, 2009).

Basicamente, existem alguns critérios que devem ser considerados na escolha de parentais para cruzamento, tais como: i) comportamento *per se* dos genitores, que se refere à seleção de um grande número de cultivares para cruzamento, sob a suposição de que combinações desejadas de características positivas irão ocorrer na nova cultivar; ii) genealogia dos genitores, visando minimizar a escolha de genitores aparentados; iii) capacidade geral de combinação (CGC), esta capacidade refere-se à habilidade de um genitor produzir progênes com dado comportamento quando cruzado com uma série de outros genitores, para identificação de indivíduos com melhor *breeding value*; iv) capacidade específica de combinação (CEC), referente ao comportamento de uma combinação específica entre dois indivíduos, ou seja, a identificação de cruzamento com elevada CEC indica que os genitores se complementam de tal forma que na média da progênie tem-se maior número de

indivíduos com comportamento superior, o que em teoria pode potencializar a seleção nas etapas iniciais; v) conhecimento do caráter, que implica na escolha de genitores para cruzamentos baseado no conhecimento de suas características que pretendem ser combinadas em novas cultivares; vi) histórico do genitor, cuja escolha se baseia em informações sobre o histórico dos genótipos como genitores visando evitar inúmeras repetições de cruzamentos ao longo os anos e; vii) conhecimento dos genes envolvidos, baseando a escolha de parentais no conhecimento da constituição genética dos caracteres de interesse, o que para a cana-de-açúcar ainda se trata de um desafio para caracteres associados a produtividade (BORÉM; MIRANDA, 2013; BOROJEVIC, 1990; COX et al., 1985; CURSI, 2016; HEINZ; TEW, 1987; MATSUOKA et al., 2009).

Por fim, ainda na fase de cruzamentos, ao determinar os critérios para seleção de genitores é necessário definir o método de hibridação, sendo comumente utilizados, no melhoramento de cana-de-açúcar, os cruzamento biparentais, os quais geram progênes de irmãos completos, situação a qual ambos os genitores são conhecidos, ou cruzamentos de meios irmãos, em que um grande número de genitores são selecionados e intercruzados, colhendo-se sementes de todas as panículas, onde apenas o genitor feminino é conhecido.

2.2 Seleção e clonagem em etapas iniciais

A cana-de-açúcar é uma cultura de propagação vegetativa, ou seja, os genótipos são reproduzidos integralmente através das gerações (BRESSIANI, 2001; RAM, 2014). Esta particularidade torna o melhoramento mais eficiente, pois faz com que todos os efeitos genéticos sejam capitalizados. Portanto, após a geração de variabilidade, basta proceder à seleção e clonagem dos indivíduos superiores (CURSI, 2016). Esta etapa consiste na obtenção e seleção de mudas (*seedlings*), indivíduos originários de sementes sexuadas obtidas a partir dos cruzamentos realizados. Cada *seedling* corresponde a um genótipo único, o que faz com que esta etapa apresente o maior tamanho efetivo populacional dentro do programa de melhoramento, sendo uma fase vital, pois constitui a população base para as demais fases de seleção (SKINNER et. al., 1987; LANDELL; BRESSIANI, 2010). A necessidade de avaliar o potencial genotípico de indivíduos, por meio de experimentos sem repetições, é um complicador. Assim, a avaliação somente é

viável em caracteres de alta herdabilidade, uma vez que os valores de herdabilidade obtidos nas progênes sugerem grandes possibilidades de ganho genético, tendo em vista que o progresso esperado com a seleção depende da herdabilidade do caráter, da intensidade de seleção e, do desvio padrão fenotípico do caráter (DUDLEY; MOLL, 1969). É importante ressaltar que o parâmetro herdabilidade corresponde à proporção da variabilidade total que é de natureza genética, ou o quociente entre a variância genética e a variância total (WRIGHT, 1976; FALCONER, 1987). O valor genotípico, por sua vez, pode ser desdobrado em uma fração herdável (valor aditivo) e uma fração não herdável (valor atribuído aos desvios de dominância), da mesma forma a variância genotípica pode ser desdobrada em variância aditiva, variância dos valores atribuídos aos desvios de dominância e variância epistática.

Após a fase de germinação e adaptação a condições de campo, estes indivíduos são conduzidos à primeira fase (T1), referente a um teste de progênie em que os tratamentos são os diferentes cruzamentos realizados. Nesta fase cada genótipo corresponde a uma planta individual transplantada em espaçamento de 0,50 m entre plantas e 1,40m entre sulcos e, após 12 meses, tem-se a colheita.

Os materiais selecionados no segundo ano e algumas testemunhas (variedades comerciais), correspondem aos genótipos que irão caracterizar a segunda fase de testes (T2). Em função do grande número de genótipos, usualmente se considera o delineamento de blocos aumentados de Federer (1956), com parcelas compostas de um sulco de cinco ou sete metros. Novamente, a seleção na segunda etapa ocorre visando identificar genótipos com características favoráveis para Brix (açúcares), resistência a doenças e capacidade de rebrota, por exemplo. Os melhores genótipos são selecionados para terceira fase (T3), já caracterizada como fase final do melhoramento.

2.3 Fases finais

Dentro da estrutura de melhoramento apresentada por Matsuoka et al. (1999) a terceira etapa (T3) e quarta etapa, ou fase experimental (FE), são caracterizadas por experimentos em blocos ao acaso, repetidos em locais e avaliados por vários cortes, ou anos agrícolas. A principal diferença entre estas fases consiste no número de genótipos avaliados, cerca de 300 genótipos em T3 e 30 em FE, no número de

repetições utilizadas (2 repetições em T3 e 3 a 4 em FE) e número de locais (aproximadamente 5 em T3 e 10 na FE). A necessidade de alocar experimentos em diferentes ambientes de produção deve-se, principalmente, ao tipo de herança dos caracteres de interesse agrônômicos. Uma vez que seus principais caracteres relacionados à produtividade apresentam herança quantitativa, situação em que o mérito genético do indivíduo é altamente influenciado por componentes ambientais, portanto, para a confiabilidade dos experimentos de cana-de-açúcar deve-se considerar avaliar o desempenho da planta ao longo de vários locais e anos.

Neste contexto, estas duas fases possibilitam, além do estudo do conceito de repetibilidade, que permite averiguar se o número de repetições está adequado para obter resultados com confiança durante as etapas de seleção, estudos de interação entre genótipos e ambientes, que podem auxiliar os melhoristas na tomada de decisão entre melhores genótipos e melhores ambientes. Em paralelo, estudos complementares como época de maturação e inoculação artificial de doenças podem ser conduzidos para caracterizar os genótipos de interesse.

Assim, pela reprodução dos genótipos ao longo de inúmeros ambientes e anos, considera-se os dados da fase experimental (FE) mais adequados para estudos de repetibilidade e de interação entre genótipos e ambientes.

3. Repetibilidade

Durante as fases experimentais é importante que Programa de Melhoramento observe a variação que um genótipo pode apresentar ao longo de suas repetições e, para que a seleção seja efetiva, espera-se que um determinado genótipo tenha capacidade de replicar seus resultados ao longo de várias oportunidades, mantendo suas características durante as etapas de seleção. Nesse contexto, está inserida a repetibilidade, abordada em Cruz e Regazzi (1994), como a correlação entre as medidas de determinado caráter em um mesmo indivíduo, cujas avaliações foram repetidas no tempo ou espaço. Essas medições sucessivas permitem a estimação do coeficiente de repetibilidade, que se torna um indicativo da estabilidade dos genótipos em um dado experimento, uma vez que expressa a proporção da variância total, que é explicada pelas variações proporcionadas pelo genótipo, e pelas permanentes, atribuídas ao ambiente comum, representando o limite superior

para o coeficiente de herdabilidade. (FALCONER, 1981; FERREIRA et. al., 2005; VENCOVSKY, 1973; CRUZ; REGAZZI, 2001).

Segundo Cruz. et. al. (2004), o coeficiente de repetibilidade pode comprovar a veracidade da expectativa de superioridade genotípica, refletindo no potencial desse genótipo em reproduzir seu desempenho. Estatisticamente, o modelo por ser descrito por:

$$Y_{ij} = \mu + G + (E_p + GE_p)_i + (E_t + GE_t)_{ij}$$

em que Y_{ij} corresponde ao valor fenotípico da característica referente ao i -ésimo indivíduo no j -ésimo tempo; μ média geral; G_i efeito genotípico sobre a característica do i -ésimo indivíduo; $(E_p + GE_p)_i$ é o efeito permanente do meio sobre a característica no i -ésimo indivíduo e $(E_t + GE_t)_{ij}$ o efeito temporário, ou localizado, do j -ésimo ambiente sobre o i -ésimo indivíduo.

Este coeficiente varia de acordo com a natureza do caráter, com as propriedades genéticas da população e com as condições de ambiente sob as quais os indivíduos são mantidos (CRUZ et al. 2004). A grosso modo, as características fenotípicas são consequências das variações proporcionadas pelo genótipo e pela ação do ambiente. No caso da repetibilidade, quando as medidas desse genótipo são reproduzidas ao longo dos cortes, parte desse ambiente é intrínseco ou permanente, e parte dele possui um efeito temporário sobre essas características.

Dentre as possíveis aplicações do Coeficiente de Repetibilidade destaca-se, também, a possibilidade de estimar o número de observações fenotípicas necessárias para cada genótipo. Essa avaliação é feita através da obtenção do valor fenotípico médio do indivíduo, levando-se em conta o número de medições. Valores altos da estimativa do coeficiente de repetibilidade do caráter avaliado indicam que é possível prever o comportamento desses indivíduos com um número relativamente pequeno de medições (CORNICCHIA et al., 1995), indicando que haverá pouco ganho em acurácia com o aumento do número de medidas (FALCONER, 1987). No entanto, quando a repetibilidade é baixa, um grande número de repetições será necessário para que se alcance um valor de determinação satisfatório. O conhecimento do coeficiente de repetibilidade permite, portanto, que a fase de avaliação seja executada com eficiência, com dispêndio mínimo de tempo e mão de obra (DELLA BRUNA et al., 2012).

Entre os métodos descritos para estimativa do coeficiente de repetibilidade, Cruz e Regazzi (2001) apresentaram a obtenção das estimativas de repetibilidade por meio da análise de variância (ANAVA). Já Abeywardena (1972), demonstrou por componentes principais que o método é o mais adequado para estimar o coeficiente de repetibilidade quando, ao longo das avaliações, os genótipos apresentam comportamento cíclico, em relação ao caráter estudado; Mansour et al. (1981), por sua vez, propôs a utilização do método de análise estrutural, que apresenta apenas diferenças conceituais em relação ao método dos componentes principais e, segundo seus autores, é mais adequado quando as variâncias nas diversas medições não são homogêneas (FERREIRA et al., 2005). Atualmente o método ANAVA tem sido utilizado nos casos em que o número de medições repetidas difere para cada genótipo e, ou, as medições não foram feitas em igualdade de condições para todos os indivíduos estudados. Já o Método de Análise Estrutural, considera uma matriz paramétrica de correlações entre os genótipos em cada par de avaliações e seu estimador, baseado nos componentes principais. Cruz et al. (2004) demonstra que este estimador é equivalente ao obtido pela Análise de Variância. Esta metodologia fora utilizada para avaliar a qualidade dos materiais selecionados e definir quais experimentos seriam utilizados na análise de interação tripla.

4. Interação entre genótipos e ambientes

Uma característica quantitativa é controlada por muitos genes e usualmente apresenta influência ambiental. Bernardo (2010) cita que ambiente é o conjunto de fatores não genéticos que influenciam a expressão fenotípica de um indivíduo podendo ser considerada em duas escalas, microambiente ou macroambiente. No primeiro caso trata-se de condições ambientais que cada planta apresenta para se desenvolver em relação às demais. Ao longo das etapas de experimentação esta fonte de variação é capturada pela análise estatística através da variação do acaso ou resíduo. Já no segundo caso, o macroambiente refere-se a condições específicas de um local ou período do tempo; e, comumente, representa um ambiente de produção em que é composto por condições de temperatura, pluviosidade, tipos de solos e mesma época de cultivo. Esta fonte de variação surge quando um experimento é repetido em diferentes locais e/ou períodos agrícolas, de forma que

cada situação pode apresentar um efeito constante para o incremento ou redução do fenótipo. Um ambiente com efeito marginal positivo, por exemplo, tende a contribuir incrementando todos os fenótipos de maneira uniforme. Contudo, ao realizar a experimentação em vários macroambientes uma nova fonte de variação surge, a chamada interação entre genótipos e ambientes (IGA) que pode ser definida como a diferença entre o valor fenotípico e o valor esperado da correspondência entre os valores genotípico e ambiental (DUARTE, VECONVSKY, 1999), assim, genótipos e ambientes interagem produzindo uma matriz de combinações de fenótipos. A importância da interação pode ser vista a partir das contribuições relativas de novas cultivares e melhor manejo gerado através de comparações diretas de rendimentos de variedades antigas e novas, em um único teste (SILVEY, 1981).

No estudo da interação entre genótipos e ambientes três casos podem ocorrer, a saber: ausência de interação, situação em que a classificação dos genótipos não é alterada e nem a magnitude entre eles; a chamada interação simples, quando há apenas alteração significativa na magnitude dos fenótipos, mas não da classificação; e interação complexa, situação em que há troca significativa da ordenação dos genótipos podendo ou não também apresentar alteração na magnitude entre os genótipos (LYNCH; WALSH, 1998; BERNARDO, 2010). Logo, nesta definição a presença da interação implica na existência de inconsistência dos genótipos em diferentes ambientes.

Ao considerar que, o lançamento de cultivares para produção comercial baseia-se, entre outros aspectos, na capacidade de reproduzir rendimentos elevados, e outras características agrônômicas essenciais, a interação entre genótipos e ambientes representa um dos principais desafios encontrados pelo melhorista durante as etapas de seleção. Nas etapas preliminares deste processo, IGA pode inflacionar as estimativas da variância genética, resultando em superestimativas dos ganhos genéticos esperados com a seleção. Ao considerar a experimentação realizada nas etapas finais de melhoramento, os ensaios são conduzidos em vários ambientes (locais ou anos), o que possibilita o isolamento do componente da variabilidade; muito embora, neste momento, a intensidade de seleção seja baixa, o que já minimizaria seus efeitos sobre previsões de ganho genético (DUARTE, VECONVSKY, 1999).

A presença de interação do tipo complexa representa a alteração da ordenação de desempenho dos genótipos no gradiente ambiental (FALCONER; MACKAY,

1996). De acordo com Alencar et al. (2005), esta interação pode provocar alterações das variâncias que compõem os parâmetros genéticos e fenotípicos da população, com conseqüente mudança nos critérios de seleção, a depender do ambiente. IGA tem sido um desafio no melhoramento eficiente de plantas uma vez que pode comprometer a seleção de genótipos superiores e impactar, negativamente, na herdabilidade, estimada pela relação entre a variância genotípica e a variância fenotípica. A interação entre genótipos e ambientes não interfere apenas na recomendação de cultivares, mas também dificulta o trabalho do melhorista, que precisa adotar critérios diferenciados para selecionar genótipos superiores e usar métodos alternativos de identificação de material de alto potencial genético (CRUZ; REGAZZI, 1997); pode também dificultar o ganho de seleção e a recomendação de cultivares com ampla adaptabilidade (CRUZ, et. al., 2004). IGA está presente em todas as etapas do melhoramento genético, tem grande contribuição na avaliação do desempenho das cultivares e implicações na alocação de recursos (KANG, 2002). A interação estimula a variabilidade, tornando-se uma importante ferramenta na exploração do potencial de uma cultivar.

O estudo da interação entre genótipos e ambientes, que têm sido recorrentemente explorado (LI et al, 2018; ELIAS et al., 2016; CUEVAS et al., 2017; XAVIER et al., 2018; BIRLA, RAMGIRY; 2014; RAMBURAN, 2012), e apresenta inúmeras abordagens, desde abordagem com componentes de variância derivados da esperança dos quadrados médios calculadas na análise de variância a análises como metodologias derivadas do uso de componentes principais e representação gráfica *biplot* como AMMI, e mais recentemente, GGE. Vale ressaltar que pelas característica da cultura da cana-de-açúcar tem-se a necessidade de estudar a interação entre genótipos ao longo de diferentes locais e anos de colheita, uma solução simplista seria considerar como ambiente as combinações de locais e anos. Contudo, a correta separação destas fontes de variação em uma possível interação tripla pode gerar melhor compreensão do fenômeno em estudo.

5. Metodologias para estudo da IGA

Uma das metodologias utilizadas na avaliação da IGA é aquela baseada em análise multiplicativa, que explora a resposta dos genótipos em ambientes específicos, descrevendo a IGA de uma forma mais criteriosa (LAVORANTI et al., 2004). A vantagem dos métodos multiplicativos é o agrupamento de ambientes e genótipos semelhantes, permitindo também identificar graficamente o genótipo com maior potencial em cada subgrupo de ambientes, mediante o chamado gráfico *biplot*, que é altamente descritivo (RAMOS et al., 2008). Dentre as metodologias que têm sido apresentadas para o estudo da natureza da interação entre genótipos e ambientes, destacam-se AMMI (*Additive Main Effects and Multiplicative Interaction*) e GGE (*Genotype Main Effects and Genotype \times Environment Interaction Effects*) (GAUCH, 2006). Tanto AMMI quanto GGE possuem grande relevância para pesquisas agrícolas, uma vez que incluem matrizes de dados bidirecionais (entradas x e y), que emergem de vários tipos de experimentos. Ambas as análises, baseadas em gráficos *biplot*, representam graficamente uma matriz de dados (SILVA; BENIN, 2012). O gráfico *biplot* captura uma maior proporção do valor real da expressão dos genótipos e sua interação com os ambientes, como foi destacado por Gauch (1988), Zobel et al. (1988), Crossa et al. (1990; 2005; 2006), Yan et al. (2002) e Yan e Hunt (2002).

A análise AMMI combina a análise de variância e a análise de componentes principais, para ajustar, respectivamente, os efeitos principais (genótipos e ambientes) e os efeitos da IGA. Neste caso, o uso da técnica de componentes principais permite separar a IGA em dois componentes: o preditivo, que é ajustado e é utilizado para cálculo das médias dos genótipos ao longo dos ambientes, e uma porção não preditiva, considerada não modelável. A análise GGE, por sua vez, agrupa o efeito marginal de genótipo com o efeito da interação genótipo ambiente e os submete à análise de componentes principais (YAN et al., 2000), detalhes deste procedimento serão fornecidos a seguir. Os valores de significância aplicados ao Teste F determinam o modelo a ser empregado nas análises. GGE *biplot* já fora aplicado para identificar o desempenho de cultivares em vários ambientes de stress e tem sido utilizado com sucesso em ensaios de culturas como aveia, amendoim, trigo, soja, algodão, girassol, cana-de-açúcar, entre outras (LUO et. al., 2012, LUO

et. al., 2013; RAMBURAN et. al., 2012; GLAZ; KANG, 2008; FRUTOS et al., 2014; HAIDER et al., 2017; MARE et al., 2017, MOSTAFAVI et al., 2018).

6. GGE Biplot

O modelo GGE proposto por Yan e Kang (2003) e Yan (2011) considera o efeito principal de genótipo mais a interação GE, cuja representação gráfica da matriz de dados são baseadas em gráficos *biplot*. Este *Biplot* é construído nos dois primeiros componentes principais de uma Análise de Componentes Principais (ACP) utilizando Modelos de Regressões Locais (SREG). A primeira componente, quando se encontra altamente correlacionada com o efeito principal do genótipo, representa a proporção do rendimento que se deve somente às características do genótipo. A segunda componente representa a parte do rendimento devido a IGA (YAN, HOLLAND, 2010; YAN, 2011).

Na análise GGE *biplot*, quando se estuda mega-ambientes, a média no gráfico não está relacionada à média geral, e sim a média do mega-ambiente, e esta abordagem auxilia na identificação de genótipos que possuam adaptação ampla ou específica a determinados ambientes ou grupos de ambientes (YAN; KANG, 2003; YAN, TINKER, 2006 citado por HONGYU, 2015). Para realizar uma análise de GGE para os grupos de experimentos realizados em múltiplos locais ou MET (*multi enviromental trials*) obtém-se uma tabela de dupla entrada para as médias de cada genótipo nos diferentes locais, assim, para um conjunto de dados MET, cada valor na tabela corresponde a produtividade média de um genótipo em um ambiente, que é a soma da média geral, o efeito principal do genótipo para o ambiente avaliado e a interação específica entre o genótipo e o ambiente, ignorando os erros aleatórios (YAN et al., 2000; YAN; HUNT, 2002).

$$Y_{ij} = \mu + G_i + E_j + \Phi_{ij}$$

Em que, Y_{ij} , é a produtividade do i-ésimo genótipo, avaliado no j-ésimo local, μ , intercepto do modelo (média geral), G_i efeito marginal do i-ésimo genótipo, E_j efeito marginal do j-ésimo local e Φ_{ij} efeito da interação entre i-ésimo genótipo avaliado no j-ésimo ambiente. O modelo pode ser reescrito como:

$$Y_{ij} - \mu - E_j = G_i + \Phi_{ij}$$

Neste contexto, os dados fenotípicos são reescalados, ou seja, são removidos dos valores fenotípicos a média geral e o efeito do j-ésimo ambiente. O próximo passo é a realização da Decomposição do Valor Singular (DVS) e construção do gráfico *biplot* (DUARTE, VECONVSKY, 1999; DIAS et al., 2014; KANG, 2002). A representação gráfica do modelo GGE *biplot* visualiza três aspectos importantes: (i) a relação genótipo x ambiente, permitindo o agrupamento tanto de genótipos quanto ambientes com comportamentos semelhantes, mostrando o genótipo com maior potencial e sua identificação em cada subgrupo de ambientes (mega-ambientes); (ii) a inter-relação entre ambientes, facilitando a identificação do melhor ambiente na avaliação das cultivares e indicando qual ambiente pode ser menos favorável; e (iii) a inter-relação entre genótipos, facilitando a comparação dos genótipos e do ordenamento (“ranking”) para os parâmetros de rendimento e estabilidade (YAN, 2011; YAN, 2002).

Não obstante, as análises *biplot* requerem matrizes de dados completas, mas, frequentemente, os ensaios multiambientais apresentam dados faltantes (ALARCON, 2015). Alguns genótipos podem responder diferentemente em alguns locais durante alguns anos, mas não em outros locais durante o mesmo ou em diferentes cortes. Além disso, alguns locais podem estar mais associados com os outros em alguns anos (VARELA et al., 2009), o que faz com que a eficiência no estudo da interação em cana-de-açúcar se torne mais efetiva quando o modelo incluir um terceiro elemento, anos e, assim, os dados são organizados em arranjos de três entradas (genótipos, locais e anos). Neste caso não é possível aplicar a análise de componentes principais clássica, mas sim uma generalização desta abordagem, chamada de análise *multiway*, proposta por Tucker em 1964 (ARAÚJO, 2010), que possibilita o estudo de arranjos com três fatores.

7. Modelos Tucker

Ledyard Tucker foi considerado um dos pioneiros na análise *multiway* e propôs uma série de modelos (TUCKER, 1964;1966), atualmente chamados de análise de componentes principais de n entradas (ARAÚJO, 2009). Matricialmente o modelo Tucker pode ser representado por uma matriz interação GLA de dimensões $I \times J$, onde $GLA = AGB' + E$. Com os dados de genótipo, locais e anos é possível generalizar o modelo para a construção um arranjo de três entradas com elementos $(\hat{g}la)_{ijk} = \sum_{p=1}^{P1} \sum_{q=1}^{Q1} \sum_{r=1}^{R1} a_{ip} b_{jq} c_{kr} + g_{pqr} + e_{ijk}$ em que $(\hat{g}la)_{ijk}$ é um elemento do arranjo; $P1$, $Q1$ e $R1$ representam o número de componentes principais retidos em cada modo respectivamente; a_{ip} representa o valor da componente p do modo genótipos i (linhas); b_{jq} representa o valor da componente q do modo local j (colunas) c_{kr} representa o valor da componente r do modo anos k (cubo); e_{ijk} representa o erro cometido na estimação de $(\hat{g}la)_{ijk}$. Nesse caso, as dimensões das matrizes de cargas são: A ($I \times P$), B ($J \times Q$) e C ($K \times R$); e g_{pqr} é um elemento típico do arranjo núcleo G ($P \times Q \times R$). A ilustração a seguir, baseada no trabalho de Dias et al. (2014) mostra o modelo Tucker3 de GLA com P , Q , R fatores em três entradas diferentes.

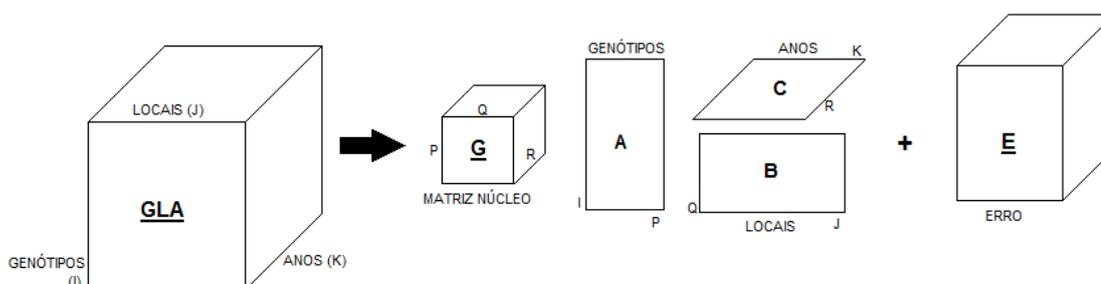


Figura 1: Representação Gráfica do Modelo *Tucker3*.

8. Joint Plot

Na análise *multiway* um *Joint plot* assemelha-se a um *biplot* padrão, e os princípios de interpretação do *biplot* também podem ser utilizados (DIAS et al., 2014). As aplicações do *biplot* clássico, por meio das metodologias AMMI e GGE *biplot*, têm sido implementadas em estudos de interação (ANTUNES et al., 2016; ZHE et al., 2010; MATTOS et al., 2013; MEOTTI et al., 2012; ROSA et al., 2008), no entanto, o *joint plot*, ainda é pouco explorado e sua aplicação tem sido observado apenas em trigo (VARELA et al., 2009), feijão (ARAÚJO et al., 2010) e soja (MAIA et al., 2014).

Segundo Dias et al. (2014) a diferença entre os modelos consiste no fato do *Joint plot* ser construído como um *biplot* para dois fatores dada a matriz de componente do modelo *Tucker3* referente ao terceiro fator ou modo de referência. Segundo o autor é feito um fatiamento para cada componente do modo de referência, e o *Joint plot* é construído usando diferentes fatias do arranjo núcleo. Essas fatias contém o poder de ligação ou pesos para os componentes dos modos apresentados no gráfico, e os coeficientes no componente associado ao modo de referência pondera inteiramente o *joint plot* por seus valores, de forma que os *Joint plots* mostram-se pequenos para pequenos valores no componente, e vice-versa. O procedimento para a construção do *Joint plot* encontra-se descrito em Kroonenberg (1984).

LITERATURA CITADA

- ABERYWARDENA, V. An application of principal component analysis in genetics. **Journal Gene**, v. 16, p. 27, 1972.
- ALARCON, S. A. **Imputação de dados em experimentos multiambientais: novos algoritmos utilizando a decomposição por valores singulares**. Tese (Doutorado) – Universidade de São Paulo, Piracicaba, 2015.
- ALENCAR, M.M. de; MASCIOLI, A. dos S.; FREITAS, A.R. Evidências de interação genótipo x ambiente sobre características de crescimento em bovinos de corte. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.34, p.489-495, 2005.
- ANTUNES, J. F. G. et al. Avaliação da dinâmica do cultivo de cana-de-açúcar no estado de São Paulo por meio de perfis temporais de dados modis. **Journal of the Brazilian Association of Agricultural Engineering**. 2015. Disponível em:<<http://www.scielo.br/pdf/eagri/v35n6/1809-4430-eagri-35-6-1127.pdf>>. Acesso em 10 de janeiro de 2018.
- ANTUNES, W. R.; SCHOFFEL, E. R.; SILVA, S. D. A.; EICHOLZ, E.; HARTER, A. Adaptabilidade e estabilidade fenotípica de clones de cana-de-açúcar. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.51, p.142-148, 2016.
- ARAÚJO, L.B. **Seleção e análise dos modelos PARAFAC e Tucker e gráfico triplot com aplicação em interação tripla** – Tese (Doutorado). Universidade de São Paulo, 111p, 2009.
- ARAÚJO, L. B. et al. Gráficos biplot e joint plot para o estudo da interação tripla. **Ciência Rural**, v.40, n.4, 2010.
- BERNARDO, R. Breeding for quantitative traits in plants. **Stemma press**, 2 ed., 390p, 2010.
- BIRLA, D.; RAMGIRY, S. R. AMMI analysis to comprehend genotype-by-environment (G x E) interactions in rainfed grown soybean [Glycine max. (L)Merrill]. **Indian Journal of agricultural research**., p.39-45, 2014.
- BORÉM, A.; MIRANDA, G. Endogamia e Heterose. In: **Melhoramento De Plantas**. Viçosa, 2009, p.303-320.
- BORÉM, A.; MIRANDA, G. Seleção de genitores. In: **Melhoramento de Plantas**. Viçosa, 2013, p. 165–186.
- BOROJEVIC, S. Principles and Methods of Plant Breeding. **Elsevier**, Amsterdam, 6 ed, 1990.
- BRESSIANI, J. A. **Seleção Sequencial em Cana-de-Açúcar**. Tese (Pós-Doutorado) - Universidade de São Paulo, Piracicaba, 2001.

CHEVEGATTI – GIANOTTO, A. et al. Sugarcane (*Saccharum X officinarum*): A Reference Study for the Regulation of Genetically Modified Cultivars in Brazil. **Tropical Plant Biology**, v.4, p. 62–89, 2011.

CONAB. Quarto levantamento da safra 2016/2017. **Acompanhamento da safra brasileira de cana-de-açúcar**, v.3, n.4, 2017.

CONAB. Segundo levantamento da safra 2017/2018. **Acompanhamento da safra brasileira de cana-de-açúcar**, v.4, n.2. 2018. Disponível em: <https://www.conab.gov.br/info-agro/safras/cana/boletim-da-safra-de-cana-de-acucar/item/download/1209_3473288df6b6414380e1d3ad68a39246>. Acesso em: janeiro de 2018.

CORNACCHIA, G.; CRUZ, C.D.; LOBO, P.R.; PIRES, I.E. Estimativas do coeficiente de repetibilidade para características fenotípicas de procedências de *Pinus tecunumanii* (Schw.) **Revista Árvore**, Viçosa, v.19, n.3, p.333-345, 1995.

COX, T., G. et al. Genetic relationships among hard red winter wheat cultivars as evaluated by pedigree analysis and gliadin polyacrilamide gel eletrophoretic patterns. **Crop Science**, 25 ed., p.1058–1063, 1985.

CROSSA, J. et al. Using linear-bilinear model for studying gene expression x treatment interaction in microarray experiments. **Journal of Agricultural, Biological and Environmental Statistics**, v.10, n.3, p. 337-353, 2005.

CROSSA, J. et al. Modeling genotype x environment interaction using additive genetic covariances of relatives for predicting breeding values of wheat genotypes. **Crop Science**, v.46, p.1722-1733, 2006.

CROSSA, J.; GAUCH, H. G.; ZOBEL, R. W. Additive main effects and multiplicative analysis of two international maize cultivar trials. **Crop Science**, v. 30, p. 493 – 500, 1990.

CRUZ, C.D.; REGAZZI, A. J. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. 1 ed. Viçosa, 390p, 1994.

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

CRUZ; C. D.; REGAZZI, A. J. **Modelos Biométricos aplicados ao melhoramento genético**. Editora UFV, 2ed., 390p, 2001.

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

CUEVAS, J. et al. Bayesian genomic prediction with genotype· environment interaction kernel models. **G3 – Genes, Genomes and Genetics**, v.7, p. 41–53, 2017.

CURSI, D. E. **Análise comparativa de diferentes métodos de seleção em fases iniciais do melhoramento da cana-de-açúcar**. 2016. Dissertação (Mestrado) — Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz, Piracicaba.

DAL BIANCO, M. et al. Sugarcane improvement: How far can we go? **Current Opinion in Biotechnology**, v. 23, p. 265 – 270, 2012.

DAROS, E.; OLIVEIRA, R. A.; ZAMBON, J. L. C.; BESPALOCK FILHO, J. C. **45 anos de variedades RB de Cana-de-açúcar: 25 anos de RIDESA**. Curitiba: RIDESA, 136 p., 2010.

DELLA BRUNA, E. et al. **Uso do coeficiente de repetibilidade na seleção de clones de pessegueiro para o litoral sul de Santa Catarina**. 2012. Disponível em: < <http://www.scielo.br/pdf/rbf/v34n1/v34n1a28.pdf>>. Acesso em fevereiro de 2018.

DE SOUZA, A. E. R. et al. Seleção de famílias RB visando alta produtividade e precocidade na maturação em cana-de-açúcar. **Bragantia**, v. 70, p. 788 – 795, 2011.

DIAS, C. T. S. **A Metodologia AMMI: Com Aplicação ao Melhoramento Genético**. Piracicaba: ESALQ, 169p., 2014.

DUARTE, J.B.; VENKOVSKY, R. Interação entre genótipos e ambientes: uma introdução à análise AMMI. **FUNPEC**, 60p., 1999.

DUDLEY, J.W.; MOLL, R.H. Interpretation and use of estimation of heritability and genetic variance in plant breeding. **Crop Science**, Madison v.2, n.3, p.257-262, 1969.

ELIAS, A. A. et al. Half a Century of Studying Genotype × Environment Interactions in Plant Breeding Experiments. **ACSESS**, v. 56, n. 5, p. 2090-2105, 2016.

LAVORANTI, O. J. et al. **Modelagem AMMI para estudos de interação em modelos estatísticos de efeitos fixos**. Embrapa Florestas, 7p., 2004.

MORAIS, L. K. et al. **Melhoramento genético da cana-de-açúcar**. Embrapa Tabuleiros Costeiros, 40p., 2015.

FALCONER, D. S. **Introdução à Genética Quantitativa**. Universidade Federal de Viçosa, 279p., 1981.

FALCONER, D.S. **Introdução à genética quantitativa**. Imprensa Universitária, 279p., 1987.

FALCONER, D. S; MACKAY, T. F. C. Introduction to quantitative genetics. **Longman Group Limited**, Edinburgh, 4 ed., 1996.

FEDERER, W.T. Augmented (hoonuiaku) designs. **Hawaiian Planters Record**, Aica, v.55, p.191-208, 1956.

FERNANDES JR., A. R. et al. Adaptabilidade e estabilidade de clones de cana-de-açúcar. **Bragantia**, v. 72, n. 3, p.208-216, 2013.

FERREIRA, F. M., M et al. Effects of inbreeding on the selection of sugar cane clones. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, p. 174–182, 2005.

FERREIRA, R.P.; BOTREL, M.A.; PEREIRA, A.V.; CRUZ, C.D. Avaliação de cultivares de alfafa e estimativas de repetibilidade de caracteres forrageiros. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.34, p.995-1002, 1999.

FILHO, J. D. A. D. et al. Aplicação de técnicas multivariadas no estudo da divergência genética em cana-de-açúcar. **Revista Ciência Agrônômica**, v. 42, p. 185 – 192, 2011.

FRUTOS, E. et al. An interactive biplot implementation in R for modeling genotype-by-environment interaction. **Springer**, v. 28, p.1629–1641., 2014.

GAUCH, H.G. Model selection and validation for yield trials with interaction. **Biometrics**, 44 ed., p. 705–715., 1988.

GAUCH, H. G. Statistical Analysis of Yield Trials by AMMI and GGE. **Crop Science**, v. 46, n. 4, p. 1488 – 1500, 2006.

GAZAFFI, R., et al. Sugarcane: breeding methods and genetic mapping. In: **Bioetanol de cana-de-açúcar - P&D para produtividade e sustentabilidade**, 1 ed., p.333–352, 2010.

GAZAFFI, R. et al. RB varieties: a major contribution to the sugarcane industry in Brazil. **ISSCT XXIX Congress**, Thailand, v. 29, 2016.

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

HAIDER, Z. et al. Comparison of GGE biplot and AMMI analysis of multi-environment trial (MET) data to assess adaptability and stability of rice genotypes. **African journal of plant science**, v.12, p. 3542-3548, 2017.

HEINZ, D. J.; TEW, T. L. Hybridization Procedures. In: **Sugarcane Improvement through Breeding**, 11 ed., p. 313–342, 1987.

HONGYU, K. et al. Comparação entre modelos AMMI e GGE Biplot para os dados de ensaios multi-ambientais. **Revista Brasileira de Biometria**, São Paulo, v.33, n.2, p.139-155, 2015.

KANG, M. S. Genotype–Environment Interaction: Progress and Prospects. In: **Quantitative Genetics, Genomics and Plant Breeding**. 2002.

KROONENBERG, P. M. Three Mode Principal Component Analysis: Illustrated an example from Attachment Theory. In: LAW, H. G. et al. **Research methods for multimode data analysis**, 1984, p. 64-103.

LANDELL, M.G. A. Cana-de-açúcar. **Instituto Agronômico de Campinas**, p. 101-156, 2010.

LANDELL, M. G. A.; BRESSIANI, J. A. Melhoramento genético e manejo varietal. **Instituto Agronômico de Campinas**, n. 1, p. 99 – 156, 2010.

LI, Z. et al. **Genotype-by-environment interactions affecting heterosis in maize**. 2018. Disponível em: <<http://journals.plos.org/plosone/article?id=10.1371/journal.pone.019132>>. Acesso em: fevereiro de 2018.

LUO, J. et. al. Analysis of yield and quality traits in sugarcane cultivars (lines) with GGE-*biplot*. **Acta Agronômica Sinica**, v. 39, p. 142 – 152, 2013.

LUO, J., Zhang, H., Deng, Z. H. & Que, Y. X. Trait stability and test site representativeness of sugarcane cultivars based on GGE *biplot* analysis. **Chinese Journal of Applied Ecology**. 23 ed., p. 1319–1325, 2012.

LYNCH, M; WALSH, B. Genetics analysis of quantitative traits. **Sinaauer**, 980p., 1988.

MAGALHÃES, T. A. **Adaptabilidade e Estabilidade fenotípica de clones de cana-de-açúcar**. 2017. Dissertação (Mestrado) – Universidade Federal Rural de Pernambuco, Recife, Pernambuco.

MAIA, M. C. C. et al. Interação genótipo-ambiente em soja via análise de componentes principais com múltiplas matrizes de dados. **Revista Agroambiente On-line**, v. 8, n. 1, p. 104-111, 2014.

MANSOUR, H.; NORDHEIM, E.V.; RULEDGE, J.J. Estimators of repeatability. **Theoretical and Applied Genetics**, v.60, p.151-156, 1981.

MARE, M. et al. GGE biplot analysis of genotypes by environment interaction on *Sorghum bicolor* L. (Moench) in Zimbabwe. **African journal of plant science**, V.11, p. 308-319, 2017.

MATTOS, P. H. C. et al. Avaliação de genótipos de cana-de-açúcar e ambientes de produção no Estado do Paraná via GGE Biplot e AMMI. **Crop breeding and applied Biotechnology**. 2013. Disponível em: <<http://submission.scielo.br/index.php/cbab/article/view/107358>>. Acesso em 12 de Janeiro de 2018.

MATSUOKA, S. et al. Melhoramento da cana-de-açúcar. In: **Melhoramento de espécies cultivadas**. Universidade Federal de Viçosa, 1999, p. 205 – 252.

MATSUOKA, S. et al. Hibridação da Cana-de-açúcar. In: **Hibridação Artificial de Plantas**. Universidade Federal de Viçosa, 2 ed., 2009, p. 251 – 304.

MATSUOKA, S.; GARCIA, A. A. F.; CALHEIROS, G. C. Hibridação em cana-de-açúcar. **Embrapa: Melhoramento genético da cana-de-açúcar**, 1999.

MEOTTI, G. V. et al. Épocas de semeadura e desempenho agrônômico de cultivares de soja. **Pesq. agropec. bras., Brasília, v.47, n.1, p.14-21, 2012.**

MORAIS, L. K. et al. Breeding of Sugarcane. In: CRUZ, V. M. V.; DIERIG, D. A. **Industrial Crops: breeding for bioenergy and bioproducts**, 2015, 444 p.

MOSTAFAVI, K. et al. Stability and adaptability analysis in sugar beet varieties for sugar content using GGE-biplot and AMMI methods. **Bulgarian Journal of Agricultural Science**, v.24, n.1, p.40-45, 2018.

PEDROZO, C. A. et al. Repeatability of full-sib sugarcane families across harvests and the efficiency of early selection. **Euphytica**, v.132, 2011.

R DEVELOPMENT CORE TEAM. R: a language and environment for statistical computing. Vienna: R Foundation for Statistical Computing, Vienna, 2014.

RAM, M., Plant breeding methods. **Prentice-Hall of India**, India, 2014.

RAMBURAN, S.; ZHOU, M.; LABUSCHAGNE, M. Integrating empirical and analytical approaches to investigate genotype environment interactions in sugarcane. **Crop Science**, v. 52, p. 2153 – 2165, 2012.

RAMOS, L. M. et al. **Testes multiambientais na seleção de genótipos de arroz utilizando o modelo de regressão nos sítios ou locais**. 2008. Disponível em: <<http://www.scielo.br/pdf/cr/v39n1/a09v39n1.pdf>>. Acesso em 20 de Janeiro de 2018.

RODRIGUES, J. D. Fisiologia da cana-de-açúcar. **Instituto de Biociências**, p. 1-10, 1995.

ROSA, C. O. **Interação de genótipos de cana-de-açúcar com ambientes no estado de Goiás**. 2008. Dissertação (Mestrado) – Universidade Federal de Goiás, Goiânia.

SCARPARI, M. S.; BEAUCLAIR, E. G. F. Anatomia e botânica. In: DINARDO-MIRANDA, L. L.; VASCONCELOS, A. C. M. de; LANDELL, M. G. de A. **Cana-de-açúcar**. Instituto Agrônomo de Campinas, 882p, 2010.

SCORTECCI, K. et al. **Challenges, Opportunities and Recent Advances in Sugarcane Breeding**. 2012. Disponível em: <<http://www.intechopen.com/books/plant-breeding/challenges-opportunities-and-recent-advances-insugarcane-breeding>>. Acesso em: Janeiro de 2018.

SILVA, R. R.; BENIN, G. Análises Biplot: conceitos, interpretações e aplicações. **Ciência Rural**, v. 42, n. 8, p. 1404 – 1412, 2012.

SKINNER, J. C.; HOGARTH, D. M.; WU, K. K. Sugarcane improvement through breeding. In: HEINZ, D. J. Sugarcane improvement through breeding. **Elsevier**, Amsterdam, p. 409 – 453, 1987.

TOPPA, E. V. B. et al. Aspectos da fisiologia de produção da cana-de-açúcar (*Saccharum Officinarum L.*). **Pesquisa Aplicada & Agrotecnologia**, v.3 n.3, 2010.

TUCKER, L. R. The extension of factor analysis to three-dimensional matrices. In: **Contributions to mathematical psychology**, New York, 1964.

TUCKER, L. R. Some mathematical notes on three-mode factor analysis. **Psychometrika**, v.31, p.279-311, 1966.

UDOP. **Pouca chuva prejudica desenvolvimento da cana-de-açúcar**. 2018. Disponível em: <<http://www.udop.com.br/index.php?item=noticias&cod=1164393>>. Acesso em: abril de 2018.

VARELA, M., J.; et al. Generalizing the site regression model to three-way interaction including multi-attributes. **Crop Science**, 2009.

VENCOVSKY, R. **Princípios de genética quantitativa**. Piracicaba: Esalq, 1973. 97p.

WRIGHT, J.W. Introduction to forest genetics. **New York: Academic**, 1976, 463p.

XAVIER, A. et al. Genome-Wide Analysis of Grain Yield Stability and Environmental Interactions in a Multiparental Soybean Population. **G3 – Genes, Genomes and Genetics**, v.8, 2018.

YAN, W. Singular-value partition for biplot analysis of multi-environment trial data. **Agronomy Journal**, v.94, n.5, p.990-996, 2002.

YAN, W. GGE Biplot vs. AMMI Graphs for Genotype-by-Environment Data Analysis. **Journal of the India Society of Agricultural Statistics**, v.65, n.2, p.181-193, 2011.

YAN, W. et. al. Cultivar evaluation and mega-environment investigation based on the GGE Biplot. **Crop Science**, v. 40, n. 3, p. 597 – 605, 2000.

YAN, W.; HOLLAND, J. B. A heritability-adjusted GGE biplot for test environment evaluation. **Euphytica**, p. 355 – 369, 2010.

YAN, W.; HUNT, L. A biplot analysis of multi-environment trial data. In: KANG, M.S. **Quantitative genetics, genomics and plant breeding**, 2002, p.289-31.

YAN, W.; KANG, M. S. GGE Biplot Analysis: A Graphical Tool for Breeders, Geneticists, and Agronomists. **CRC Press**, Boca Raton, 2003.

YAN, W; TINKER, A. Biplot analysis of multi environment trial data: principles and applications. **Canadian Journal of Plant Science**, v.86, n.3, p.623-645, 2006.

YOU, Q. et al. Genetic diversity analysis of sugarcane parents in Chinese breeding programmes using GSSR markers. **The Scientific World Journal**, 2013.

ZHE, Y.; LAUER, J.G.; BORGES, R.; LEON, N. Effects of genotype x environment interaction on agronomic traits in soybean. **Crop Science**, v.50, p.696-702, 2010.

ZOBEL, R. W. et al. Statistical analysis of a yield trial. **Agronomy Journal**, v. 80, n. 3, p. 388 – 393, 1988.

CAPÍTULO 1. REPETIBILIDADE PARA SELEÇÃO DE CLONES DE CANA-DE-AÇÚCAR.

1. Resumo

Nos estudos genéticos da cana-de-açúcar, onde a fenotipagem em condições de campo é necessária, recursos e tempo são questões importantes. Como a cana-de-açúcar é uma cultura semi-perene, deve-se também planejar um ensaio para avaliar esses genótipos ao longo de várias colheitas. Metodologias que indicam um número ideal para repetição ou colheitas são desejáveis para indicar um equilíbrio entre precisão e custo operacional. O coeficiente de repetibilidade é uma ferramenta estatística que permite a estimativa de um número mínimo de registros requeridos para um dado nível de precisão. O objetivo deste trabalho foi avaliar a qualidade experimental dos ensaios realizados pelo programa de melhoramento genético da cana-de-açúcar desenvolvido pela UFSCar/RIDESA por meio do uso do coeficiente de repetibilidade. Para tanto, três populações foram consideradas MET2008, MET2009 e MET2010 em várias áreas representativas de produção de cana-de-açúcar no estado de São Paulo. Os experimentos tinham de três a quatro repetições, e foram implantados em blocos ao acaso e avaliados dentre dois a quatro cortes. A característica considerada foi toneladas de colmo por hectare. A estimativa dos componentes de repetibilidade foi realizada utilizando o método da ANAVA e análise estrutural. Os valores estimados foram comparados com os coeficientes necessários para determinar o número mínimo de repetições assumindo um nível de probabilidade de 80%. Dentre os resultados destacam-se que MET2008 apresentou coeficientes de repetibilidade mais elevados que MET2009 e MET2010, e estas apresentaram desempenho semelhante, mesmo com composições genéticas distintas. Ainda verificou-se uma correlação negativa entre coeficiente de repetibilidade e coeficiente de variação, sendo o coeficiente de repetibilidade mais rigoroso no critério de estabelecer se um experimento está mais adequado que outro; As populações analisadas têm o número de observações adequadas quanto a repetições; já para o número de cortes, a repetibilidade é baixa, provavelmente decorrente da forte interação entre genótipos e corte, o que é explicada pela fisiologia da rebrota de cana-de-açúcar. Os experimentos mostraram que não há associação entre coeficiente de repetibilidade e ambientes de produção de cana-de-açúcar, cuja classificação apresentada por Prado et al. (2013) está baseada essencialmente em disponibilidade hídrica e características de solo.

2.Introdução

A cana-de-açúcar destaca-se mundialmente como a principal cultura açucareira, ocupando cerca de 27 milhões de hectares plantados em mais de 130 países e, atualmente, o Brasil é o maior produtor mundial da cultura (FAO, 2015; CURSI, 2016). A produção de cana tem aumentado em todo o mundo devido aos programas de melhoramento que tem destinado seus esforços em desenvolver clones produtivos para usos específicos e adaptados a diferentes condições climáticas (MORAIS et al., 2015). O melhoramento da cana-de-açúcar pode ser sumarizado em dois momentos, o primeiro fundamentado na geração de variabilidade genética através de cruzamentos bi- ou multiparentais e o segundo momento baseado em diversas sub-etapas de experimentação para seleção e clonagem dos genótipos superiores, cujas diferenças podem existir em função das especificidades de cada programa de melhoramento. De modo geral, as primeiras etapas caracterizam-se por muitos genótipos com nenhuma ou baixa repetição, enquanto nas fases finais há uma drástica redução no número de genótipos, permitindo estudar os materiais selecionados através de experimentos com várias repetições, avaliados em diferentes ambientes e colheitas/safras, possibilitando a compreensão do comportamento desses genótipos em diferentes ambientes (MATSUOKA et al., 1999; LANDELL; BRESSIANI, 2010; GAZAFFI et al., 2016).

Um dos desafios do melhoramento de cana-de-açúcar está na alocação de experimentos em fases finais em inúmeras regiões de produção, ao longo de vários anos agrícolas e, segundo Cuenya e Mariotti (1993), a eficácia dos programas de melhoramento da cana-de-açúcar depende principalmente da repetibilidade espacial e temporal dos caracteres sob seleção. Estatisticamente, este conceito pode ser enunciado como sendo a correlação entre as medidas de um mesmo indivíduo, cujas avaliações foram repetidas no tempo ou espaço (CRUZ; REGAZZI, 2001). Baseia-se, portanto, na tomada de mais de uma observação fenotípica de cada indivíduo, sem utilizar progênies resultantes de cruzamento ou autofecundação, a fim de medir a capacidade que os organismos têm de repetir a expressão do caráter (VENCOVSKY, 1973). Para as situações em que há repetições entre medidas para determinados indivíduos é possível particionar a variância fenotípica em componente genético e um componente ambiental, sendo que em casos de medidas repetidas é possível a partição do ambiente em ambiente permanente e ambiente temporário

(FALCONER, 1987; CRUZ; REGAZZI, 2001). Assim, a repetibilidade permite ao melhorista selecionar os genótipos que são capazes de reproduzir determinado caráter ao longo das etapas de seleção, aumentando a eficiência e consumindo menos tempo e mão-de-obra durante o processo (FERREIRA et al., 1999).

Há diversas metodologias utilizadas na determinação do coeficiente de repetibilidade e alguns trabalhos têm sido realizados para determinar estimativas no melhoramento de plantas (SANTOS et al., 2004; FERREIRA et al., 2005; GONÇALVEZ, 1995; FONSECA et al., 1990; COSTA et al., 1997). Cruz e Regazzi (2001) descrevem três métodos para estimação do coeficiente de repetibilidade: o Método de Análise de Variância, que considera as esperanças dos quadrados médios; o método de componentes principais, que essencialmente aplica metodologia de nome análogo na matriz de correlação R, obtida a partir das diferentes observações avaliadas para os genótipos considerados, sendo o valor de repetibilidade correspondente ao autovalor que está associado ao autovetor cujos elementos tem mesma magnitude e sinal; e por fim, o método de Análise Estrutural que apresenta diferenças conceituais em relação ao método de componentes principais, porém em sua derivação o estimador pode ser interpretado como uma média aritmética os coeficientes de correlação da matriz R.

Vale ressaltar que para a cana-de-açúcar é possível clonar os melhores genótipos, fixando assim as melhores combinações genéticas, permitindo a seleção de toda a variabilidade genética entre cada etapa de experimentação (FALCONER; MACKAY,1996; MATSUOKA et al., 1999). Desta forma, a seleção em cana-de-açúcar pode ser entendida como resultado direto da repetibilidade de caracteres associados a produtividade, com destaque para a produção de colmos que apresenta elevada participação ambiental, e da interação entre genótipos e ambientes. Na cana-de-açúcar a constituição genética dos clones selecionados é fixada pela propagação vegetativa e, portanto, em todas as fases do programa de melhoramento, a avaliação segura da superioridade genotípica é fundamental e, por conseguinte, a repetibilidade dos caracteres ao longo dos anos torna-se informação indispensável ao melhorista (FALCONER; MACKAY,1996 citado por FERREIRA et al., 2005).

Por se tratar de uma cultura semi-perene, a repetibilidade pode ser avaliada não somente no número de repetições de um dado experimento em um ano agrícola (variação ambiental ou estatisticamente variação residual), como também no número

mínimo de cortes para que o número de observações fenotípicas realizadas em cada indivíduo seja determinante para que a discriminação entre os genótipos seja eficiente. Quando várias medidas de um mesmo caráter são feitas em cada indivíduo, a variância fenotípica poderá ser parcelada, servindo para quantificar o ganho em precisão, pela repetição das medidas, e esclarecer a natureza da variação causada pelo ambiente (FALCONER, 1987).

Logo, o entendimento do conceito de repetibilidade é importante para nortear decisões com relação a seleção de genótipos dentro de um ou vários experimentos, assim como a inferência para número mínimo de observações para um determinado nível de confiabilidade. O objetivo deste estudo foi estimar o coeficiente de repetibilidade para três diferentes populações de cana-de-açúcar do Programa de Melhoramento Genético da Cana-de-Açúcar da UFSCAR Araras, em fases finais de seleção, visando o monitoramento da qualidade dos experimentos de um programa de melhoramento genético.

3. Material e Métodos

Para a realização dos estudos de repetibilidade foram considerados dados da rede de experimentos de melhoramento genético conduzidos pelo Programa de Melhoramento Genético da Cana-de-Açúcar da Universidade Federal de São Carlos, pertencente à Rede Interuniversitária para o Desenvolvimento do Setor Sucroenergético (RIDESA), em especial experimentos da quarta e última etapa experimental. Com o intuito de aumentar a consistência do estudo optou-se por trabalhar com três populações distintas, denominadas MET2008, MET2009 e MET2010. As populações foram geradas em 1998, 1999 e 2000, respectivamente, a partir de diferentes cruzamentos biparentais e/ou multiparentais com indivíduos pertencentes ao Banco Ativo de Germoplasma da RIDESA localizado na Serra do Ouro (Murici, AL). Estas três populações passaram, independentemente, por três etapas de seleção e clonagem para diferentes características, como resistência a doenças e produtividade, conforme apresentado em Matsuoka et al. (1999), onde os melhores genótipos foram testados com testemunhas, que são genótipos de alta representatividade comercial (Tabela 1, 2 e 3). De forma geral, os experimentos foram instalados em blocos ao acaso, em diferentes localidades do estado de Estado de São Paulo, sendo avaliados dentre dois a quatro anos agrícolas (cortes) e com número de repetições variando de 3 a 4 em função da localidade que o experimento foi implantado (Tabela 4). A população MET2008 foi plantada em 2008, enquanto MET2009 e MET2010 em 2009 e 2010, respectivamente. Os períodos de experimentação ocorreram entre 2008 e 2013, e caráter avaliado foi a produtividade expressa em toneladas de colmos por hectare (TCH).

Tabela 1: Relação dos genótipos que compõem a população MET2008.

Testemunhas	Genótipos sob seleção			
CTC 15	RB975091	RB985517	RB985637	RB985782
IAC87-3396	RB975134	RB985523	RB985643	RB985783
IAC91-1099	RB975138	RB985526	RB985652	RB985788
IAC95-5000	RB975143	RB985553	RB985660	RB985797
IAC96-1005	RB975375	RB985530	RB985667	RB985798
IAC96-1021	RB975385	RB985534	RB985673	RB986407
IAC96-1066	RB975955	RB985535	RB985675	RB986410
IAC96-2100	RB975956	RB985541	RB985680	RB986419
IAC96-7506	RB975958	RB985545	RB985682	RB98710
IAC97-7018	RB975960	RB985546	RB985685	RB987935
IAC97-7543	RB975962	RB985547	RB985686	RB987941
IAC98-3011	RB976938	RB985549	RB985689	
IAC98-5016	RB985402	RB985551	RB985692	
IAC98-5063	RB985407	RB985554	RB985695	
IAC98-7043	RB985415	RB985559	RB985696	
RB72454	RB985433	RB985562	RB985709	
SP80-3280	RB985435	RB985568	RB985710	
SP81-3250	RB985437	RB985570	RB985711	
SP83-2847	RB985442	RB985571	RB985717	
SP89-1115	RB985452	RB985573	RB985721	
RB835054	RB985458	RB985574	RB985722	
RB855035	RB985460	RB985579	RB985725	
RB855453	RB985469	RB985580	RB985734	
RB855536	RB985473	RB985587	RB985739	
RB863129	RB985475	RB985598	RB985743	
RB867515	RB985476	RB985606	RB985746	
RB925345	RB985484	RB985619	RB985750	
RB928064	RB985485	RB985620	RB985761	
RB931011	RB985493	RB985621	RB985765	
RB931530	RB985501	RB985622	RB985771	
RB93509	RB985506	RB985623	RB985780	
RB935744	RB985516	RB985626	RB985781	

Os genótipos RB são referentes a seleção do programa de melhoramento da RIDESA. CTC15, variedades IAC e SP foram utilizadas ao longo da rede de experimentação.

Tabela 2: Relação dos genótipos que compõem a população MET2009.

Testemunhas		Genótipos sob seleção	
SP89-1115	IAC99-4013	RB995019	RB995222
SP83-2847	IAC97-4039	RB995285	RB995118
SP80-3280	IAC99-1352	RB996532	RB995198
SP81-3250	IAC99-4011	RB995031	RB995042
RB92579	IAC87-3396	RB995429	RB995037
RB72454	IAC95-5000	RB995010	RB995246
RB867515	IAC98-3021	RB995026	RB995190
RB855536	IAC00-8198	RB995271	RB995082
RB935744	IAC96-7603	RB995119	RB995308
CTC15	IAC99-4010	RB995274	RB995123
CTC9	IAC99-1418	RB995436	RB995417
IAC99-1305	IAC99-2014	RB995094	RB995135
IAC96-2100	IAC98-2030	RB995296	RB995419
IAC97-4048	IAC96-7506	RB995014	RB995152
IAC96-1005	IAC91-1099	RB995256	RB995426
IAC99-4007	IAC99-2110	RB995402	RB995164
IAC96-1021	IAC97-4039	RB995265	RB995427
IAC98-3020	IAC99-1309	RB995383	RB995385
IAC96-1066		RB995167	RB995431
IAC99-4008		RB995095	RB995348
IAC99-1308		RB995469	RB995466
IAC99-1419		RB995406	RB995329
IAC99-2121		RB995050	

Os genótipos RB são referentes a seleção do programa de melhoramento da RIDESA. CTC15, variedades IAC e SP foram utilizadas ao longo da rede de experimentação.

Tabela 3: Relação dos genótipos que compõem a população MET2010.

Testemunhas	Genótipos sob seleção			
RB935744	RB005715	RB005038	RB005739	RB005632
RB855453	RB005609	RB005048	RB005235	RB005730
RB92579	RB005713	RB005498	RB005415	RB005152
RB867515	RB005287	RB005695	RB005440	RB005162
RB835054	RB005258	RB005233	RB006609	RB005749
RB825336	RB005041	RB005460	RB006606	RB005073
SP83-2847	RB005205	RB005124	RB005600	RB005279
IAC98-2072	RB005515	RB005381	RB005678	RB005671
IAC99-1306	RB006624	RB005710	RB005159	RB006637
IAC98-5008	RB006607	RB005042	RB005144	RB005639
IAC98-5012	RB006651	RB005697	RB005120	RB005779
IAC96-7603	RB005014	RB005003	RB005075	
IAC00-8198	RB005772	RB005482	RB005554	
IAC95-5000	RB005098	RB005468	RB006629	
IAC99-3357	RB005021	RB005062	RB005372	
SP81-3250	RB005685	RB005150	RB005677	
CTC 9	RB005040	RB005417	RB005399	

Os genótipos RB são referentes a seleção do programa de melhoramento da RIDESA. CTC15, variedades IAC e SP foram utilizadas ao longo da rede de experimentação.

Tabela 4: Relação dos locais e caracterização dos experimentos em relação a número de cortes, número de repetições e classificação ambiental proposta por Prato et al. (2005) (continua):

População	Código Experimento	Localização	Classificação Ambiental	No. cortes	No. Repetições
MET2008	552	Barra Bonita	A	3	3
MET2008	640	Ourinhos	A	3	4
MET2008	687	Guaíra	A	4	4
MET2008	633	Pradópolis	B	3	4
MET2008	639	Iracemópolis	B	4	3
MET2008	654	Piracicaba	B	4	3
MET2008	660	Américo Brasiliense	B	3	4
MET2008	677	Cosmópolis	B	2	4
MET2008	683	Guaíra	B	4	4
MET2008	559	Tarumã	C	3	4
MET2008	645	Orindiuva	C	4	4
MET2008	648	Araraquara	C	2	4

Tabela 4: Relação dos locais e caracterização dos experimentos em relação a número de cortes, número de repetições e classificação ambiental proposta por Prato et al. (2005) (conclusão):

População	Código Experimento	Localização	Classificação Ambiental	No. cortes	No. Repetições
MET2008	657	Olímpia	C	3	4
MET2008	690	Promissão	C	3	4
MET2008	641	Paraguaçu Paulista	D	4	4
MET2008	643	Nova Europa	D	4	4
MET2008	646	Guariba	E	3	4
MET2008	681	Serrana	E	2	4
MET2009	718	Guaíra	A	4	4
MET2009	664	Pradópolis	B	4	4
MET2009	667	Iracemópolis	B	4	4
MET2009	717	Guaíra	B	4	4
MET2009	608	Tanabi	C	2	4
MET2009	666	Paraguaçu Paulista	C	4	4
MET2009	673	Orindiuva	C	3	4
MET2009	647	Paraguaçu Paulista	D	4	4
MET2009	715	Promissão	D	3	4
MET2009	682	Barra Bonita	E	3	4
MET2009	701	Piracicaba	E	4	4
MET2009	678	Guariba	E	2	3
MET2010	708	Guaíra	A	4	4
MET2010	515	Valparaíso	B	2	4
MET2010	697	Pradópolis	B	4	4
MET2010	707	Guaíra	B	4	4
MET2010	785	Cosmópolis	B	2	3
MET2010	662	Valparaíso	C	3	4
MET2010	706	Guaíra	C	4	4
MET2010	709	Valparaíso	C	3	4
MET2010	710	Valparaíso	C	2	4
MET2010	744	Olímpia	C	3	4
MET2010	721	Barra Bonita	C	3	4
MET2010	694	Nova Europa	D	4	4
MET2010	702	Araçatuba	D	2	4
MET2010	726	Orindiuva	D	3	3
MET2010	727	Promissão	D	3	4
MET2010	760	Paraguaçu Paulista	D	3	4
MET2010	675	Rio das Pedras	E	2	4

Para cada um dos grupos de experimentos (MET2008, MET2009 e MET2010) o coeficiente de repetibilidade foi calculado utilizando os métodos de análise de variância (ANAVA) e análise estrutural (AE), considerando dois enfoques distintos, a saber: determinação do coeficiente de repetibilidade dentro de cada combinação entre locais e cortes, o que permite inferir se o número de repetições utilizado para cada experimento está adequado; assim como a determinação do coeficiente de repetibilidade entre os diferentes cortes, para compreender se a quantidade de cortes considerados para esta rede experimental fora suficiente.

3.1 Cálculo da repetibilidade – ANAVA:

Ao considerar o método da análise de variância foi possível inferir os valores de repetibilidade em função das esperanças dos quadrados médios, conforme apresentado por Barbin (1993) e Cruz e Regazzi (2001). Para a situação em que se deseja estudar a repetibilidade em cada combinação de local e corte foi considerado o delineamento de blocos ao acaso, onde as esperanças do quadrado médio do resíduo e de tratamento (genótipos) são definidas como $E(QM_{Res}) = \sigma^2_E$ e $E(QM_G) = \sigma^2_E + b \sigma^2_G$; b é o número de repetições do experimento; σ^2_E é a variação ambiental; σ^2_G é a variação genética confundida com o efeito do ambiente permanente, calculada através da relação $\sigma^2_G = (QM_G - QM_{Res})/b$. O coeficiente de repetibilidade é definido como $r = \sigma^2_G / (\sigma^2_E + \sigma^2_G)$.

Já para a determinação do coeficiente de repetibilidade para número de cortes considerou-se a estratégia de análise conjunta:

$$r = [(QM_G - QM_I)/c] / \{QM_I + [(QM_G - QM_I)/c]\}$$

Em que, r é o coeficiente de repetibilidade; QM_G é o quadrado médio do genótipo; QM_I é o quadrado médio da interação entre genótipos e cortes; c é o número de cortes.

3.2 Cálculo da repetibilidade – Análise Estrutural:

O cálculo da repetibilidade a partir da análise estrutural, proposto por Mansour et al. (1981), é uma variação da Análise de Componentes Principais que, neste caso,

considera uma matriz de correlação R obtida a partir de uma tabela de dupla entrada, onde nas linhas são inseridos os genótipos, e nas colunas as observações em nível de repetições para um dado experimento e/ou médias ao longo de vários cortes. Considere como um exemplo, um conjunto de 20 genótipos avaliados em um experimento com quatro repetições, neste caso tem-se uma tabela de dupla entrada com dimensão 20×4 e uma matriz de correlação R de dimensão 4×4 , em que os elementos da diagonal correspondem a 1 e fora da diagonal, o valor da correlação entre os pares de repetições que neste caso corresponde a seis combinações. A média deste valores corresponde a estimativa via análise estrutural, interpretada como a média aritmética das correlações fenotípicas entre pares de dados (CRUZ; REGAZZI, 2001; FERREIRA et al., 2005). Novamente, a repetibilidade foi calculada para dois objetivos: primeiro para inferir a repetibilidade dentro de cada combinação de local e corte e posteriormente entre diferentes cortes, dentro de um mesmo local. Os dois resultados geram interpretações distintas.

3.3 Inferência no número de observações preditas:

Uma aplicação dos coeficientes de repetibilidade é a possibilidade de inferir o número teórico mínimo de observações (seja repetições ou cortes), ou número de repetições preditas, considerando um determinado nível de probabilidade, cuja fórmula apresentada em Cruz e Regazzi (2001) é:

$$\text{NRP} = [R^2(1-r)] / [(1-R^2)r], \text{ em que}$$

R corresponde ao nível de confiança (por exemplo, 80%, 90%) e r o coeficiente de repetibilidade da característica. Esta fórmula indica que ao fixar um determinado nível de probabilidade, quanto maior for a repetibilidade estimada menor será o número de observações necessárias, de forma que o NRP pode ser utilizado como uma ferramenta de inferência de precisão experimental. Todas as análises foram realizadas através do programa estatístico R.

4. Resultados e Discussão

4.1 identificação da qualidade experimental através do coeficiente de variação

Para a população MET2008 tinha-se disponíveis 19 experimentos, sendo todos avaliados nos dois primeiros cortes, sendo quinze avaliados no terceiro corte e oito, no quarto corte (Tabela 05). Ainda, dentre os experimentos, três estavam implantados em locais com classificação fitotécnica proposta por Prado et al. (2013) do tipo A (acima de 96 ton.ha⁻¹ na média de cinco cortes), seis em locais classificados como B (potencial produtivo entre 88 e 95 ton.ha⁻¹), seis como ambiente do tipo C (80-87 ton.ha⁻¹), dois ambientes D (72-79 ton.ha⁻¹) e dois ambientes E (produção média inferior a 71 ton.ha⁻¹).

Inicialmente, as observações referentes aos coeficientes de variação foram obtidas a partir de análises individuais considerando cada combinação de local e corte. Neste caso, o CV observado para os experimentos variou de 2,84% (Exp643, no primeiro corte) a 22,47% (Exp639, no quarto corte), sendo a média 10,54%. Pode-se considerar que são valores adequados que permitem boa precisão ambiental, pois Couto et al. (2013) aponta que CVs para produtividade entre 15% e 21% são considerados elevados e acima de 21% muito elevados. Apenas em sete observações foram identificados CVs elevados, sendo quatro no terceiro corte (Exp639, Exp646, Exp657 e Exp683) e dois no quarto corte (Exp683 e Exp687). Somente no Exp639 fora observado um CV muito alto.

Ainda, ao considerar o CV médio para cada corte, é possível verificar que com o passar das safras há uma tendência de redução da precisão experimental, pois os valores apresentam aumento, isto é, o CV médio para o primeiro corte foi 7,41%, para o segundo e terceiro corte foram de 11,16% e 11,96%, respectivamente e 13,84%, para quarto corte. Outra possibilidade está em estudar os CVs ao longo dos ambientes de produção dentro de cada corte. De maneira geral, tem-se que o ambiente D apresenta menor média de CV do que os demais, em todos os cortes, e também uma tendência de que o CV seja similar nos ambientes A, B e C, por exemplo, para o primeiro corte a média para ambiente A foi 7,41, para B, 7,65 e para C, 7,75. Uma explicação para os resultados sugerem que o fator predominante para se obter um valor elevado ou baixo de CV não estaria diretamente associado com os ambientes de produção, que é importante para a estudo e identificação da interação entre genótipos e ambientes, e sim ao manejo realizado pelos parceiros do

programa de cana-de-açúcar da UFSCar/RIDESa, uma vez que tem-se o controle da variação ambiental, reduzindo o CV e conseqüentemente destacando a variância genética, justamente o objetivo destes trabalhos de fase final de melhoramento.

Para a população MET2009 tem-se 12 experimentos, sendo um alocado em um ambiente do tipo A, três do tipo B, três do tipo C, dois do tipo D, três do tipo E. Todos os experimentos foram avaliados nos dois primeiros cortes, sendo dez avaliados no terceiro corte e sete no quarto corte. De forma geral, o CV médio deste conjunto de experimentos foi de 14,17%, em CVs muito elevados foram registrados em três situações (Exp673 no primeiro corte e Exp682 segundo e terceiro corte) e oito situações com CV elevado (Exp667, nos três primeiros cortes; Exp682, no segundo e terceiro corte; Exp608, segundo corte; Exp666, terceiro corte e Exp718, quarto corte). Observou-se ainda, para os quatro cortes, valores médios de CV de 11,79% (primeiro corte), 14,97 (segundo corte), 16,55 (terceiro corte) e 13,85 (quarto corte), evidenciando a tendência de obter CVs mais elevados nos anos em que o desenvolvimento da cultura depende da capacidade de rebrota. Novamente, o ambiente com CVs mais baixos estão relacionados ao ambiente D, assim como na população MET2008.

Por fim, ao considerar a população MET2010, 17 experimentos foram instalados, sendo um em ambiente do tipo A, quatro em ambientes B, seis em ambiente C, cinco em ambientes D e um localizado em ambiente de classificação E. Todos foram avaliados nos dois primeiros cortes, doze no terceiro e cinco até o quarto corte. Vale destacar que em nenhum dos casos houve CV acima de 21% (muito elevado) e onze observações com CV entre 15% e 21% (elevado): Exp675 nos dois primeiros cortes; Exp709 no segundo e terceiro corte; Exp515, no primeiro corte, Exp662 e Exp702, ambos no segundo corte; Exp727, no terceiro corte. Neste conjunto, também há uma tendência no aumento nos CVs com o avanço dos cortes, mas em menor magnitude do que o observado nos dois conjuntos anteriores. Vale destacar que nesta situação a diferença entre a média do CV para ambiente D e os demais não está evidenciado como em MET2009 e MET2010, no entanto, o menor coeficiente de variação identificado no estudo foi para Exp694, no primeiro corte (2,68%), referente ao experimento conduzido pela mesma usina do Exp641 (MET2008). Logo é possível concluir que a condução do experimento é um fator fundamental para controle da variação ambiental, o que torna o experimento de

elevada qualidade para identificação de genótipos superiores neste tipo de ambiente de produção.

Ainda, para cada local conduziu-se análises conjuntas para avaliar o efeito de corte e interação entre genótipos e cortes. Para MET2008, a média das análises conjuntas foi 9,79%, e a amplitude variou de 4,56% a 19,04%, sendo apenas dois experimentos com CV elevado ou acima de 15% (Exp639 – 15,23% e Exp683 – 19,04%). Para MET2009, a amplitude variou de 9,62% a 28,95%, porém com três experimentos com CV acima de 21%, classificados como muito elevados segundo Couto et al., (2013) (Exp664, Exp647 e Exp682). Em MET2010, o CV médio foi de 11,49%, com amplitude de 4,48% a 17,66%, onde apenas três CV foram classificados como elevados (Exp706, Exp702 e Exp726), com valores entre 16,06% e 17,66%. De forma geral, nota-se que apesar da composição genética das populações MET2008, MET2009 e MET2010 serem distintas, há resultados que se convergem, principalmente entre MET2008 e MET2010 quanto aos valores de CVs semelhantes, seja entre cortes, entre ambientes de produção dentro de cortes ou até mesmo na análise conjunta para os cortes. MET2009 tem CVs mais elevados, de forma que alguns experimentos devem ser interpretados com cautela ou até mesmo serem removidos em análises futuras. Já os demais experimentos seguem o mesmo padrão detectado nas outras populações.

Tabela 5: Relação dos coeficientes de variação calculado para cada experimento das três populações (MET2008, MET2009 e MET2010) (continua).

MET	EXP	AMB	CORTE1	CORTE2	CORTE3	CORTE4	ANÁLISE CONJUNTA
2008	552	A	7,27	13,09	11,32	-	7,07
2008	640	A	6,45	15,93	8,83	-	5,77
2008	687	A	8,51	12,78	14,53	16,14	13,80
2008	633	B	6,43	8,54	12,77	-	4,94
2008	639	B	8,82	12,22	16,53	22,47	15,23
2008	654	B	8,54	11,35	12,92	12,52	13,25
2008	660	B	6,92	5,39	7,96	-	8,24
2008	677	B	8,83	14,97	-	-	7,42
2008	683	B	6,36	10,94	15,7	16,02	19,04
2008	559	C	7,25	7,44	7,56	-	5,55
2008	645	C	11,16	12,5	11,49	13,2	13,05
2008	648	C	3,95	13,8	-	-	4,56
2008	657	C	6,21	11,87	15,93	-	6,37
2008	690	C	9,22	9	8,55	-	12,99
2008	716	C	8,73	10,21	12,43	11,33	13,90
2008	641	D	6,13	6,77	7,47	13,07	5,38
2008	643	D	2,84	8,32	NA	5,99	13,19
2008	646	E	10,68	13,56	15,41	-	8,93
2008	681	E	6,48	13,34	-	-	7,25
	MÍN		2,84	5,39	7,47	5,99	4,56
	MÉDIA		7,41	11,16	11,96	13,84	9,79
	MÁX		11,16	15,93	16,53	22,47	19,04
2009	718	A	11,24	13,98	13,35	18,29	13,06
2009	664	B	9,75	11,17	12,87	12,85	24,27
2009	667	B	16,92	16,14	17,84	12,28	20,23
2009	717	B	8,11	10,42	15,65	11,56	15,84
2009	608	C	11,12	16,86	-	-	10,67
2009	666	C	11,1	11,05	17,89	20,58	10,01
2009	673	C	12,37	33,33	29,76	-	15,25
2009	647	D	9,48	10,32	11,66	10,02	21,27
2009	715	D	9,94	15,17	15,1	-	11,01
2009	682	E	22,66	19,06	19,88	-	28,95
2009	701	E	8,93	8,87	11,54	11,37	9,62
2009	678	E	7,48	13,32	-	-	10,89
	MÍN		7,48	8,87	11,54	10,02	9,62
	MÉDIA		11,59	14,97	16,55	13,85	15,92
	MÁX		22,66	33,33	29,76	20,58	28,95

Tabela 5: Relação dos coeficientes de variação calculado para cada experimento das três populações (MET2008, MET2009 e MET2010) (conclusão).

MET	EXP	AMB	CORTE1	CORTE2	CORTE3	CORTE4	ANÁLISE CONJUNTA
2010	708	A	13,36	12,5	14,37	12,5	12,59
2010	515	B	17,17	14,12	-	-	9,23
2010	697	B	13,41	11,32	9,41	9,36	12,03
2010	707	B	15,6	11,1	12,65	13,94	13,13
2010	785	B	6,21	9,7	-	-	4,48
2010	662	C	14,35	19,3	14,33	-	13,47
2010	706	C	11,89	10,6	12,12	12,27	17,66
2010	709	C	12,34	16,78	18,87	-	12,81
2010	710	C	9,49	10,3	-	-	8,82
2010	744	C	16,75	12,75	13,12	-	14,66
2010	721	C	9,98	7,06	11,96	-	9,32
2010	694	D	2,68	3,22	4,85	12,39	5,96
2010	702	D	11,73	18,85	-	-	16,11
2010	726	D	10,75	8,43	18,63	-	16,06
2010	727	D	8,75	12,17	15,39	-	8,38
2010	760	D	8,87	10,7	12,71	-	9,3
2010	675	E	16,24	15,93	-	-	11,32
	MÍN		2,68	3,22	4,85	9,36	4,48
	MÉDIA		11,74	12,05	13,2	12,09	11,49
	MÁX		17,17	19,3	18,87	13,94	17,66

As colunas cortes indicam os valores obtidos via análise individual e análise conjunta, considera a informação de todos os cortes disponíveis no local.

4.2 Relação entre repetibilidade e o número predito de repetições

Uma aplicação para o coeficiente de repetibilidade está associada a determinação de um número mínimo de observações necessárias dado um nível de probabilidade, considerado neste estudo 80% e 90%. Logo, o primeiro passo consistiu em determinar valores mínimos de repetibilidade para até dez repetições (Tabela 6). Desta forma, para experimentos em um determinado corte que apresentavam três repetições, por exemplo, era necessário que a repetibilidade fosse no mínimo 0,57, estabelecendo 80% como nível de probabilidade. Caso o valor de probabilidade estabelecido fosse 90%, a repetibilidade mínima deveria ser de 0,75. Se o valor for menor do que o estimado, conclui-se que o experimento necessita de mais observações do que de fato ocorreu. Quando a repetibilidade é maior que este limiar

indica que a precisão do experimento era superior ao necessário. De maneira geral, os experimentos de cana-de-açúcar têm sua qualidade experimental inferida através da interpretação dos coeficientes de variação (CV) (COUTO, 2010; BRAGA JR; SANTOS FILHO, 2012; COUTO; PETERNELLI; BARBOSA, 2013). Por outro lado, tomando o coeficiente de repetibilidade como referência pode-se considerar que experimentos satisfatórios seriam aqueles cujos número de observações fossem iguais ou superiores ao mínimo predito. Para este trabalho considera-se que ambos os critérios possam ser utilizados em conjunto permitindo unir estas informações para auxiliar na identificação da qualidade experimental do trabalho.

A Tabela 6 pode ser ainda utilizada como referência para avaliar o coeficiente de repetibilidade em relação ao número predito de observações para corte. Uma vantagem deste tipo de estudo é que após cada corte é possível estimar este coeficiente de repetibilidade e decidir se o experimento continua em avaliação ou já seria finalizado. Esta estratégia somente é possível pois a repetibilidade no contexto de número de cortes infere observações ao longo do tempo, já para determinação dos números de repetições preditas, os resultados podem nortear decisões de experimentos futuros. Vale lembrar que a determinação do coeficiente de repetibilidade em cana-de-açúcar está relacionado essencialmente ao número de cortes e/ou entre diferentes etapas de seleção (SANTOS et al., 2004; FERREIRA et al., 2005; GLYNN et al., 2009; PEDROZO et al., 2011; ROSA et al., 2010; SILVA et al., 2018), mas dentre nosso conhecimento o diferencial deste consta no fato da estimação da repetibilidade para cada combinação de experimento e corte.

Tabela 6: Coeficiente de Repetibilidade e Número de Repetições Preditas para 80% e 90% de confiança.

<i>NRP</i>	<i>R80</i>	<i>R90</i>
1	0,80	0,90
2	0,67	0,82
3	0,57	0,75
4	0,50	0,69
5	0,44	0,64
6	0,40	0,60
7	0,36	0,56
8	0,33	0,53
9	0,31	0,50
10	0,30	0,47

(Tabela feita pelo próprio autor)

4.3 Repetibilidade para número de repetições

Ao considerar os experimentos da população MET2008, foi possível estimar 63 coeficientes de repetibilidade para os 19 experimentos e quatro cortes (Tabela 7). Assumindo que os experimentos 552, 639 e 654 para MET2008, 679 para MET2009, e 785 e 721 MET2010 apresentavam três repetições, o limiar do coeficiente de repetibilidade adequado foi 0,57 para determinar se o experimento estaria adequado, pois corresponde a repetibilidade mínima para que se considere um experimento com três repetições preditas a 80% de probabilidade. Para os demais experimentos o limiar adotado foi 0,50, uma vez que há quatro repetições disponíveis.

Os coeficientes de repetibilidade foram estimados através do método da Análise de Variância (ANAVA) e também Análise Estrutural (AE), sendo a correlação significativa entre ambos os métodos de 0,59. Há diferenças pontuais nas estimativas dos coeficientes, sendo a maior diferença estimada no Exp660, que para o segundo corte obteve a repetibilidade de 0,90 para ANAVA e 0,20 para AE. Outras dez observações apresentaram diferença nas estimativas entre 0,50 e 0,22 unidades, e os demais valores apresentaram estimativas relativamente próximas. Vale destacar que essas discrepâncias foram encontradas nos dois primeiros cortes, justamente situação em que a repetibilidade tende a apresentar efeitos maiores e opostos, uma vez que existe uma diferença de produtividade entre cana-planta e socas. Contudo, ao observar o comportamento médio das estimativas percebe-se que a média para ANAVA foi de 0,54, com amplitude de 0,10 a 0,91, e para AE a média foi de 0,55, com amplitude de 0,10 a 0,90, indicando que no comportamento ao longo de várias observações os resultados se equivalem.

Ao separar os coeficientes de repetibilidade em função de corte, nota-se que os maiores valores são encontrados predominantemente no primeiro ano e que na média tende a se reduzir ao longo dos cortes. Vale ressaltar que nas situações em que a repetibilidade no primeiro corte não atingiu o limiar considerado para que o número de repetições preditas fosse ao menos igual a observada, esta tendência se repetiria em pelo menos algum dos cortes subsequentes e, em raras situações esses valores seriam aumentados, indicando que o uso da repetibilidade assim como o CV pode ser usado para monitorar a qualidade do experimento ao longo dos cortes, seja para tentar melhorar as condições de manejo ou mesmo para decidir se

o experimento pode ser descontinuado. Pelos resultados, entende-se que o maior desafio na condução dos experimentos é manter elevado o valor de repetibilidade ao avançar dos cortes. A partir do terceiro ano, os dois métodos se equivalem diferindo numericamente apenas a partir da segunda casa decimal. Ao considerar a informação dos ambientes de produção tem-se situação análoga aos valores apresentados de CV, pois o ambiente D apresentou maior repetibilidade pela ANAVA, sendo a diferença menos pronunciada pela AE. Vale ressaltar que a correlação entre coeficiente de repetibilidade estimado entre ANAVA e CV foi de -0,7170, já entre AE e CV foi de -0,4695, indicando que há associação significativa (*valores-p* <0,05) em ambos os casos.

Tabela 7: Estimativas de Repetibilidade para cada combinação de corte e experimento obtido a partir da Análise de Variância (ANAVA) e Análise Estrutural (AE) em MET2008.

EXP	REP	PRADO	ANAVA				AE			
			1C	2C	3C	4C	1C	2C	3C	4C
552	3	A	0,74	0,20	0,48	-	0,50	0,70	0,50	-
640	4	A	0,88	0,50	0,71	-	0,60	0,90	0,70	-
687	4	A	0,47	0,40	0,30	0,26	0,40	0,10	0,30	0,30
633	4	B	0,62	0,70	0,77	-	0,80	0,70	0,80	-
639	3	B	0,63	0,70	0,44	0,51	0,80	0,50	0,40	0,50
654	3	B	0,44	0,50	0,49	0,10	0,80	0,50	0,50	0,10
660	4	B	0,68	0,90	0,68	-	0,70	0,20	0,70	-
677	4	B	0,55	0,20	-	-	0,50	0,40	-	-
683	4	B	0,71	0,10	0,30	0,17	0,90	0,30	0,30	0,20
559	4	C	0,76	0,70	0,81	-	0,40	0,40	0,80	-
645	4	C	0,63	0,30	0,44	0,47	0,90	0,20	0,50	0,50
648	4	C	0,86	0,40	-	-	0,90	0,40	-	-
657	4	C	0,62	0,40	0,39	-	0,60	0,50	0,40	-
690	4	C	0,65	0,60	0,67	-	0,70	0,70	0,70	-
716	4	C	0,48	0,40	0,35	0,54	0,70	0,80	0,40	0,50
641	4	D	0,78	0,70	0,60	0,46	0,60	0,50	0,60	0,50
643	4	D	0,93	0,80	-	0,91	0,80	0,70	-	0,90
646	4	E	0,43	0,40	0,10	-	0,60	0,60	0,10	-
681	4	E	0,78	0,50	-	-	0,60	0,40	-	-
MÉDIA			0,67	0,49	0,50	0,43	0,67	0,50	0,51	0,44
MÁX			0,93	0,86	0,81	0,91	0,90	0,9	0,80	0,90
MÍN			0,43	0,13	0,10	0,10	0,40	0,10	0,10	0,10

Para a população MET2009, dentre 47 coeficientes de repetibilidade, 28 (ANAVA) e 26 (AE) situações apresentaram-se abaixo do limiar, indicando a necessidade do aumento de repetições para esta população (Tabela 8). De modo geral as interpretações foram semelhantes em ambos os métodos, evidenciado através do coeficiente de correlação entre os métodos de estimação, que foi de 0,7057 e *valor-p* de $2,68 \times 10^{-7}$. Ao considerar o comportamento ao longo dos cortes, novamente, há uma tendência de redução dos valores de repetibilidade do primeiro para o terceiro corte. Ainda se observa que os valores calculados para o quarto corte, em média, são similares ao segundo corte, mas com a ressalva de que apenas sete dos doze experimentos foram avaliados no quarto ano.

Ao considerar a classificação ambiental percebe-se que para ANAVA o ambiente D tem maior repetibilidade média no primeiro corte (0,68); para segundo corte os ambientes B e D obtiveram os maiores valores (0,60), e para terceiro e quarto corte os valores para esses ambientes são 0,69 e 0,59, respectivamente. Para AE, os valores diferem, pois o ambiente C apresentou maior valor (0,55), seguido pelo ambiente E (0,51) e D (0,49). Já para o segundo corte, a maior repetibilidade média foi observada para o ambiente B (0,60), seguido pelos ambientes E (0,41), C (0,39) e D (0,38). No terceiro corte, o ambiente com maior repetibilidade foi D (0,50), seguido de A (0,40) e no quarto corte novamente a maior repetibilidade foi observada para ambiente D (0,70), seguido dos ambientes B (0,47) e C (0,40). Isto mostra que nesta população assim como em MET2008 não há associação entre valores de repetibilidade e a classificação ambiental indicando que o fator determinante não está no potencial que um ambiente propicia, mas sim a variabilidade existente nele. Vale ressaltar ainda que as correlações entre repetibilidade calculada pela ANAVA e CV foi de -0,5761 (*valor-p* = $8,091 \times 10^{-5}$) e AE e CV foi de -0,2361 (*valor-p* = 0,1372).

Tabela 8: Estimativas de Repetibilidade para cada combinação de corte e experimento obtido a partir da Análise de Variância (ANAVA) e Análise Estrutural (AE) em MET2009.

EXP	REP	PRADO	ANOVA				AE			
			1C	2C	3C	4C	1C	2C	3C	4C
718	4	A	0.38	0.40	0.42	0.28	0.35	0.06	0.40	0.30
664	4	B	0.53	0.80	0.44	0.55	0.45	0.76	0.50	0.60
667	4	B	0.3	0.40	0.19	0.63	0.33	0.37	0.20	0.60
717	4	B	0.47	0.60	0.14	0.25	0.45	0.67	0.10	0.20
608	4	C	0.34	0.10	-	-	0.44	0.39	-	-
666	4	C	0.45	0.40	0.34	0.41	0.58	0.42	0.30	0.40
673	4	C	0.55	0	0.16	-	0.62	0.36	0.20	-
647	4	D	0.75	0.70	0.60	0.69	0.38	0.62	0.60	0.70
715	4	D	0.61	0.50	0.40	-	0.59	0.13	0.40	-
682	4	E	0.30	0.40	0.08	-	0.76	0.57	0.10	-
701	4	E	0.42	0.60	0.06	0.11	0.33	0.51	0.10	0.10
678	3	E	0.45	0.10	-	-	0.45	0.15	-	-
MÉDIA			0.46	0.41	0.28	0.42	0.48	0.42	0.28	0.42
MÁX			0.75	0.77	0.6	0.69	0.76	0.76	0.60	0.69
MÍN			0.3	0.04	0.06	0.11	0.33	0.06	0.05	0.11

Na população MET2010 foram obtidos 51 valores de repetibilidade (Tabela 9) cujas interpretações não são discordantes em relação aos resultados anteriores (MET2008 e MET2009), isto é, os dois métodos de estimação foram similares. Para ambos os casos a média foi de 0,43, sendo que na ANAVA a amplitude foi de 0,09 e 0,93, e na AE a amplitude foi de 0,08 e 0,93. A correlação entre os métodos foi 0,35, valor significativo a *valor-p* de 0,01082. Ao considerar a informação por cortes percebe-se que as médias de repetibilidade são similares no primeiro (0,44, ANAVA e 0,45 AE) e segundo corte (0,48, ANAVA e 0,44, AE), havendo uma redução no terceiro corte em ambos os métodos (0,34, ANAVA e 0,35, AE) e, no quarto corte, há um acréscimo nos valores, tornando-os novamente semelhantes aos dois primeiros anos (0,48 para ambos métodos). É importante destacar que a informação do quarto está restrita a um número reduzido de usinas, em função das estratégias operacionais e custos para continuar a experimentação. Logo se ressalta a necessidade de interpretar com cautela os valores no quarto corte. A correlação

entre repetibilidade, calculada via ANOVA, e o CV foi de -0,7199 (*p*-valor de $2,63 \times 10^{-9}$), e entre AE e CV foi de -0,3932 (*p*-valor de 0,004315), significativo em ambos os casos.

Tabela 9: Estimativas de Repetibilidade para cada combinação de corte e experimento obtido a partir da Análise de Variância (ANOVA) e Análise Estrutural (AE) em MET10.

EXP	REP	PRADO	ANOVA				AE			
			1C	2C	3C	4C	1C	2C	3C	4C
708	4	A	0.34	0.50	0.36	0.69	0.3	0.51	0.40	0.70
515	4	B	0.46	0.40	NA	NA	0.47	-0.10	NA	NA
697	4	B	0.18	0.50	0.54	0.51	0.51	0.54	0.60	0.50
707	4	B	0.19	0.50	0.23	0.33	0.93	0.53	0.20	0.30
785	3	B	0.70	0.70	NA	NA	0.7	0.50	NA	NA
662	4	C	0.24	0.20	0.28	NA	0.24	0.69	0.30	NA
706	4	C	0.50	0.50	0.37	0.41	0.19	0.26	0.40	0.40
709	4	C	0.37	0.20	0.34	NA	0.34	0.19	0.30	NA
710	4	C	0.30	0.30	NA	NA	0.45	0.27	NA	NA
744	4	C	0.49	0.50	0.26	NA	0.33	0.53	0.30	NA
721	3	C	0.21	0.70	0.22	NA	0.68	0.26	0.30	NA
694	4	D	0.93	0.90	0.77	0.45	0.52	0.92	0.80	0.50
702	4	D	0.50	0.20	NA	NA	0.38	0.54	NA	NA
726	3	D	0.68	0.70	0.09	NA	0.5	0.55	0.10	NA
727	4	D	0.50	0.30	0.31	NA	0.51	0.66	0.30	NA
760	4	D	0.42	0.50	0.35	NA	0.43	0.42	0.4	NA
675	4	E	0.48	0.50	NA	NA	0.23	0.24	NA	NA
MÉDIA			0.44	0.48	0.34	0.48	0.45	0.44	0.35	0.48
MÁX			0.93	0.92	0.77	0.69	0.93	0.92	0.78	0.69
MÍN			0.18	0.19	0.09	0.33	0.19	0.10	0.08	0.34

Neste contexto, as avaliações de repetibilidade tiveram como objetivo estudar esse coeficiente em cada combinação de local e ambiente, permitindo inferir o número de repetições preditas. Santos et al. (2004) comentam que altos valores de repetibilidade para a característica produção de colmos (TCH) indica regularidade entre as repetições, o que é desejável, podendo-se esperar que estas variáveis expressem um elevado controle genético. Já Vencovsky (1973) apresenta que coeficientes de repetibilidade altos podem ser empregados como parâmetros para medir a capacidade de repetição da expressão do caráter avaliado. Neste caso,

quanto maior a repetibilidade menor o efeito ambiental, de forma que se a característica tem influência não genética, esta estaria minimizada no experimento. Ao comparar, os métodos de ANAVA e AE foram, similares para as três populações, e assim semelhante ao demonstrado por Ferreira et al. (2005).

Nota-se que a classificação ambiental apresentada por Prado et al. (2013) é importante para definição de potencial de regiões produtoras, contudo, não deve ser relacionada com valores de repetibilidade, pois em nenhum dos casos esta associação é verificada. Fundamentalmente, ao avançar dos anos de produção há um tendência de reduzir os valores deste coeficiente e isto poderia ser explicado dado o efeito de rebrota, que a cada ano tende a reduzir os valores de produtividade, até o ponto que se faz necessária a renovação do canavial. Entende-se que ao longo dos anos de rebrota as condições ambientais são mais desafiadoras, de forma que o caráter produção de colmos passa a ser mais afetado pelo ambiente, tornando as observações entre os corte mais desuniformes. Vale considerar que o caráter principal para cultura da cana-de-açúcar é TPH (produção açúcar por hectare), e esta variável é obtida algebricamente pelo produto entre teor de POL (sacarose aparente) e toneladas de produção de colmos (TCH), sendo esta segunda mais influenciada pelo ambiente (BALSALOBRE et al., 2016; CURSI, 2016), justificando, portanto, sua escolha. Por se tratar de elevado efeito ambiental, com repetibilidade que nem sempre assume valores elevados (acima de 0,70), todo processo de seleção necessariamente deve ser considerado através de médias para contornar o valor de menor repetibilidade, sendo a seleção individual mais evidenciada em características de alta herdabilidade, o que já é recomendado (MATSUOKA et al., 1999; LANDELL; BRESSIANI, 2010; GAZAFFI et al., 2010; BORÉM; MIRANDA, 2013).

4.4 Repetibilidade para número de cortes

Com o intuito de estudar o comportamento dos genótipos ao longo de vários cortes as análises de repetibilidade foram conduzidas através dos métodos de ANAVA Conjunta e Análise Estrutural, permitindo inferir o número necessário de observações (cortes) para que os valores fossem estimados a um determinado nível de probabilidade, por exemplo, a 80%. Para as três populações houve dez casos em que apenas dois cortes estavam disponíveis (três para MET2008, dois para MET2009 e cinco para MET2010), 18 experimentos com três cortes (oito para

MET2008, três para MET2009 e sete para MET2010) e 20 experimentos com quatro cortes (oito para MET2008, sete para MET2009 e cinco para MET2010). Os valores calculados estão indicados nas Tabelas 10, 11 e 12.

A comparação entre os métodos forneceram resultados semelhantes, uma vez que, para MET2008 a média para os coeficientes de repetibilidade foi 0,55, cuja amplitude variou de 0,30 a 0,89 no método da ANAVA, e de 0,56, com amplitude de 0,30 a 0,80 para AE. Ao considerar MET2009 as estimativas foram mais baixas, e as médias para ANAVA e AE foram de 0,38 e 0,40, respectivamente, e as amplitudes de 0,24 a 0,68 (ANAVA) e 0,25 a 0,57 (AE). Para MET2010 a média foi de 0,43, com amplitude de 0,25 e 0,77 para ANAVA e 0,42, com extremos de 0,19 e 0,67 na Análise Estrutural. As correlações entre os métodos foram de 0,81 (MET2008), 0,61 (MET2009) e 0,50 (MET2010), todas significativas ao nível de significância de 5%. De acordo com os dados avaliados o número de cortes preditos médio para MET2008 seria, aproximadamente, três, e seis para MET2009 e cinco para MET2010. Ao considerar uma abordagem mais simples pode-se considerar que apenas MET2008 teria experimentos suficientes que considerassem a condição mínima de observações, quando comparamos com os dados obtidos na Tabela 6.

De acordo com Cruz e Regazzi (1997), valores abaixo de 0,5 evidenciarão que o conjunto de genótipos avaliados são influenciados pelo ambiente, ou seja, não houve regularidade na repetição dos caracteres de um corte para outro; o que pode ser entendido através da capacidade de rebrota em cana-de-açúcar, onde fisiologicamente a produção tende a ser menor com o passar dos anos, até que há necessidade de reforma do canavial (CHEAVEGATTI-GIANOTTO et al., 2011), diferentemente do teor de açúcar, que tende a se manter uniforme ao longo dos cortes (BALSALOBRE et al., 2016). Neste caso, é possível que entre os genótipos exista um comportamento diferencial ao passar dos anos, caracterizando a interação entre genótipos e cortes, o que foi verificado ao longo das análises de variância para o teste da interação (resultados não apresentados). Deste modo o conceito de repetibilidade deve ser interpretado com cautela, para as situações em que o valor de repetibilidade é elevado os genótipos desta população apresentam estabilidade de produção ao longo dos cortes. Por outro lado, baixos valores de repetibilidade podem indicar duas situações: os genótipos apresentam pronunciada redução de produtividade que se relaciona ao efeito de corte; ou existe interação entre genótipos e cortes, seja simples ou complexa, uma vez que em ambos os casos a

produtividade tem alterações ao longo dos cortes, gerando pontos com elevada dispersão em relação à média, resultando na redução da repetibilidade do caráter na população avaliada em um determinado local. Considera-se que a baixa repetibilidade, em especial para MET2009 e MET2010, pode estar atribuída aos efeitos da interação, e também ao efeito principal dos corte. Logo, recomenda-se que a interpretação da previsibilidade que os genótipos apresentam para produção de colmos ao longo dos cortes seja estudada através de metodologia que consideram a interação entre dois fatores, tais como AMMI, GGE, ou mesmo modelos mistos (KANG, 2002; MOUTIQ et al.; 2002; YAN; HUNT, 2002; YANG, 2007; GONÇALVES, 2014).

Tabela 10: Estimação do Coeficiente de Repetibilidade para determinar o número mínimo de cortes para cada experimento a 80% (R80) e 90% (R90) de confiança, utilizando Análise de Variância (ANAVA) e Análise Estrutural (AE), para a população de MET2008.

EXP	CORTES	AE			ANAVA		
		Repetibilidade	R80	R90	Repetibilidade	R80	R90
552	3	0,37	6,8	15,3	0,34	7,76	17,47
640	3	0,63	2,3	5,3	0,37	6,81	15,32
687	4	0,64	2,3	5,1	0,47	4,51	10,15
633	3	0,48	4,3	9,8	0,2	16,00	36,00
639	4	0,66	2,1	4,6	0,32	8,50	19,13
654	4	0,39	6,3	14,1	0,44	5,09	11,45
660	3	0,51	3,8	8,6	0,48	4,33	9,75
677	2	0,66	2,1	4,6	0,16	21,00	47,25
683	4	0,48	4,3	9,8	0,22	14,18	31,91
559	3	0,38	6,5	14,7	0,33	8,12	18,27
645	4	0,46	4,7	10,6	0,4	6,00	13,50
648	2	0,4	6,0	13,5	0,46	4,70	10,57
657	3	0,74	1,4	3,2	0,33	8,12	18,27
690	3	0,57	3,0	6,8	0,51	3,84	8,65
716	4	0,46	4,7	10,6	0,36	7,11	16,00
641	4	0,37	6,8	15,3	0,6	2,67	6,00
643	4	0,6	2,7	6,0	0,3	9,33	21,00
646	3	0,88	0,5	1,2	0,19	17,05	38,37
681	2	0,29	9,8	22,0	0,75	1,33	3,00
MÉDIA*		0,52	3,9	8,8	0,4	6,4	14,4
DESVIO PADRÃO*		0,15	1,99	4,47	0,13	3,06	6,89
MÁX		0,9	6,8	15,3	0,8	14,2	31,9
MÍN*		0,29	0,55	1,23	0,22	1,33	3,00

*Estimativas desconsiderando valores de $r \leq 0,2$.

Tabela 11: Estimação do Coeficiente de Repetibilidade para determinar o número mínimo de cortes para cada experimento a 80% (R80) e 90% (R90) de confiança, utilizando Análise de Variância (ANAVA) e Análise Estrutural (AE), para a população de MET2009.

EXP	CORTES	AE			ANAVA		
		Repetibilidade	R80	R90	Repetibilidade	R80	R90
718	4	0,8	1,1	2,4	0,3	10,3	23,1
664	4	0,6	2,3	5,3	0,6	2,5	5,5
667	4	0,5	3,5	8,0	0,5	4,0	9,00
717	4	0,6	2,3	5,3	0,5	4,5	10,2
608	2	0,5	4,5	10,1	0,1	36,0	81,0
666	4	0,2	17,1	38,4	0,3	9,8	22,0
673	3	0,5	3,8	8,6	0,4	6,8	15,3
647	4	0,6	2,5	5,5	0,8	1,1	2,5
715	3	0,5	4,5	10,1	0,3	12,0	27,0
682	3	0,3	7,8	17,5	0,2	22,7	51,0
701	4	0,05	76,0	171,0	0,3	9,3	21,0
678	2	0,4	5,8	13,0	0,03	129,3	291,0
MÉDIA*		0,54	3,8	8,6	0,4	6,7	15,1
DESVIO PADRÃO*		0,13	1,95	4,38	0,18	3,85	8,66
MÁX		0,8	7,8	17,5	0,8	12,0	27,0
MÍN*		0,34	1,06	2,39	0,25	1,13	2,54

*Estimativas desconsiderando valores de $r \leq 0,2$.

Tabela 12: Estimação do Coeficiente de Repetibilidade para determinar o número mínimo de cortes para cada experimento a 80% (R80) e 90% (R90) de confiança, utilizando Análise de Variância (ANAVA) e Análise Estrutural (AE) para a população de MET2010.

EXP	CORTES	AE			ANAVA		
		Repetibilidade	R80	R90	Repetibilidade	R80	R90
708	4	0,5	4,7	10,6	0,5	3,7	8,3
515	2	0,7	1,8	4,0	0,1	26,8	60,2
697	4	0,8	1,3	3,0	0,8	1,3	3,0
707	4	0,4	5,1	11,5	0,3	7,8	17,5
785	2	0,7	2,2	4,8	0,6	3,3	7,4
662	3	0,6	2,5	5,5	0,4	7,4	16,7
706	4	0,6	2,3	5,3	0,5	3,8	8,6
709	3	0,4	5,1	11,5	0,4	7,4	16,7
710	2	0,4	6,5	14,7	0,3	9,8	22,0
744	3	0,1	53,1	119,6	0,5	4,5	10,1
721	3	0,5	4,7	10,6	0,7	2,1	4,6
694	4	0,7	1,6	3,7	0,6	3,3	7,4
702	2	0,7	1,6	3,7	0,3	10,3	23,1
726	3	0,1	32,4	72,8	0,1	53,1	119,6
727	3	0,1	36,0	81,0	0,2	22,7	51,0
760	3	0,5	3,8	8,6	0,6	3,0	6,8
675	2	0,6	2,3	5,1	0,5	4,9	11,0
MÉDIA*		0,58	3,3	7,3	0,5	5,2	11,7
DESVIO PADRÃO*		0,12	1,68	3,78	0,14	2,84	6,40
MÁX		0,8	6,5	14,7	0,8	10,3	23,1
MÍN*		0,38	1,33	3,00	0,28	1,33	3,00

*Estimativas desconsiderando valores de $r \leq 0,2$.

5. Conclusões

Neste estudo o objetivo estava em verificar o comportamento do coeficiente de variação (CV) e de repetibilidade para orientação na qualidade dos experimentos em fase final de seleção em melhoramento da cana-de-açúcar. Para tanto, três populações geneticamente distintas foram consideradas visando calcular o coeficiente de repetibilidade dos experimentos para número de repetições e também número de cortes. Acerca dos resultados obtidos:

a) De maneira geral MET2008 apresentou coeficientes de repetibilidade mais elevados que MET2009 e MET2010, e estas apresentaram desempenho semelhante, mesmo com composições genéticas distintas;

b) Houve correlação negativa entre coeficiente de repetibilidade e coeficiente de variação, sendo o coeficiente de repetibilidade mais rigoroso no critério de estabelecer se um experimento está mais adequado que outro;

c) Para número de repetições as populações analisadas têm o número de observações adequadas;

d) Para o número de cortes, a repetibilidade, de forma geral, é baixa, e possivelmente está atribuída a forte interação entre genótipos e corte, o que é explicada pela fisiologia da rebrota de cana-de-açúcar;

e) Não há associação entre coeficiente de repetibilidade e ambientes de produção de cana-de-açúcar, cuja classificação apresentada por Prado et al. (2013) está baseada essencialmente em disponibilidade hídrica e características de solo.

6. Literatura citada

BALSALOBRE, T. et al. Mixed Modeling of Yield Components and Brown Rust Resistance in Sugarcane Families. **Agronomy Journal**, v. 108, 2016.

BARBIN, D. **Componentes de Variância**. Teoria e Aplicações, 2 ed., 120p, 1993.

BORÉM, A.; MIRANDA, G. Seleção de genitores. In: **Melhoramento de Plantas**. Viçosa. 2013, p. 165–186.

BRAGA JR, R. L., SANTOS FILHO, J., Avaliação do coeficiente de variação na experimentação com cana-de-açúcar. In: **57 Região Brasileira da Sociedade Internacional de Biometria**. Piracicaba, 2012.

CHEAVEGATTI-GIANOTTO, A. Sugarcane (*Saccharum officinarum*): A Reference Study for the Regulation of Genetically Modified Cultivars in Brazil. **Tropical Plant Biology**, v.4, p. 62–89, 2011.

COSTA, J.G.; LEDO, A.S.; OLIVEIRA, M.N. Estimativas de repetibilidade de características de frutos de cupuaçuzeiro no Estado do Acre. **Revista Brasileira de Fruticultura**, v.19, p.313-318, 1997.

COUTO, M. F. **Classificação da Qualidade dos Experimentos com cana-de-açúcar**. 2010. Dissertação (Mestrado). Disponível em: <<http://www.locus.ufv.br/handle/123456789/4025>>. Acesso em: abril de 2018.

COUTO, M.F.; PETERNELLI, L. A.; BARBOSA, M. H. P. Classification of the coefficients of variation for sugarcane crops. **Ciência Rural**, Santa Maria , v. 43, n. 6, p. 957-961, 2013.

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

CRUZ; C. D.; REGAZZI, A. J. **Modelos Biométricos aplicados ao melhoramento genético**. Editora UFV, 2ed., 390p, 2001.

CUENYA, M.I.; MARIOTTI, J.A. Repetibilidad de la expresion en etapas tempranas de seleccion en progenies hibridas de caña de azucar (*Saccharum* spp.). **Revista Industrial y Agrícola de Tucumán**, v.70, p.41-48, 1993.

CURSI, D. E. **Análise comparativa de diferentes métodos de seleção em fases iniciais do melhoramento da cana-de-açúcar**. 2016. Dissertação (Mestrado) — Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz, Piracicaba.

FAO. **Perspectivas agrícolas no Brasil: desafios da agricultura brasileira**, 54p, 2015.

FALCONER, D.S. **Introdução à genética quantitativa**. Imprensa Universitária, 279p, 1987.

FALCONER, D. S; MACKAY, T. F. C. Introduction to quantitative genetics. **Longman Group Limited**, Edinburgh, 4 ed, 1996.

FERREIRA, F. M., M et al. Effects of inbreeding on the selection of sugar cane clones. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, p. 174–182, 2005.

FONSECA, C.E.L.; ESCOBAR, J.R.; BUENO, D.M. Variabilidade de alguns caracteres físicos e químicos do fruto do cupuaçuzeiro. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.25, p.1079-1084, 1990.

GAZAFFI, R; et al. Sugarcane: Breeding and genetic mapping. In: Luís Augusto Barbosa Cortez. **Sugarcane bioethanol: R&D for productivity and sustainability**, 1 ed., v. 1, p. 333-344, 2010.

GAZAFFI, R. et al. RB varieties: a major contribution to the sugarcane industry in Brazil. **ISSCT XXIX Congress**, Thailand, v. 29, 2016.

GLYNN, N. C. et al. Repeatability Between Two Intermediate Sugarcane Genotype Selection Stages in Florida. **Journal of Crop Improvement**, v. 23, 2009.

GONÇALVES, G. M. 2014. Breeding new sugarcane clones by mixed models under genotype by environmental interaction. **Scientia Agricola**, v. 71, n.1, 2014.

GONÇALVES, P.S.; MARTINS, A.L.M.; BORTOLETTO, N.; UTIDA, R.C. Variabilidade dos caracteres estruturais do sistema laticífero da casca em plantas jovens de seringueira. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.30, p.649-656, 1995.

KANG, M. S. Genotype–Environment Interaction: Progress and Prospects. In: **Quantitative Genetics, Genomics and Plant Breeding**, 2002, 417p.

LANDELL, M. G. A.; BRESSIANI, J. A. Melhoramento genético e manejo varietal. **Cana-de-açúcar - Instituto Agrônômico**, n. 1, p. 99 – 156, 2010.

MANSOUR, H.; NORDHEIM, E.V.; RULEDGE, J.J. Estimators of repeatability. **Theoretical and Applied Genetics**, v.60, p.151-156, 1981.

MORAIS, L. K.; AGUIAR, M. S.; SILVA, P. A.; CÂMARA, T. M. M.; CURSI, D. E.; FERNANDES JUNIOR, A. R.; CHAPOLA, R. G.; CARNEIRO, M. S.; BESPALHOK FILHO, J. C. Breeding of Sugarcane. In: CRUZ, V. M. V.; DIERIG, D. A. **Industrial Crops: breeding for bioenergy and bioproducts**. Springer, 2015, 444 p.

MATSUOKA, S. et al. Melhoramento da cana-de-açúcar. In: **Melhoramento de espécies cultivadas**. Universidade Federal de Viçosa, 1999, p. 205 – 252.

MATSUOKA, S.; GARCIA, A. A. F.; CALHEIROS, G. C. Hibridação em cana-de-açúcar. **Embrapa: Melhoramento genético da cana-de-açúcar**, 1999.

MOUTIQ, R. et al. Elements of Genotype–Environment Interaction: Genetic Components of the Photoperiod Response in Maize. In: KANG, M. S. 2002. In: **Quantitative Genetics, Genomics and Plant Breeding**, 2002, 417p.

PRADO, H. et al. **Solos e ambientes de produção de cana-de-açúcar na região centro-sul di brasil**. Piracicaba, 47p., 2013.

R DEVELOPMENT CORE TEAM. R: a language and environment for statistical computing. Vienna: R Foundation for Statistical Computing, Vienna, 2014.

ROSA, J.R.B.F. et al. Repeatability estimates in early maturing sugarcane genotypes. **Proc. Int. Soc. Sugar Cane Technol.**, v. 27, 2010.

SANTOS, M. S. M. et al. Repetibilidade de características agroindustriais em cana-de-açúcar. **Pesquisa agropecuária**. Brasileira, Brasília, v.39, n.4, p.301-306, 2004.

SILVA, H. C. et al. Repetibilidade de caracteres agroindustriais em cana-de-açúcar em diferentes ciclos de colheita. **Revista Ciência Agronômica**, v.49, n.2, 2018.

VENCOVSKY, R. **Princípios de genética quantitativa**. Piracicaba, 97p., 1973.

YAN, W.; HUNT, L. A biplot analysis of multi-environment trial data. In: KANG, M.S. **Quantitative genetics, genomics and plant breeding**, 2002, p.289-31.

YANG, R. C. Mixed-Model Analysis of Crossover Genotype-Environment Interactions. **Crop science**, v.47, no.3, p. 1051-1062, 2007.

CAPÍTULO 2. ESTUDO DA INTERAÇÃO ENTRE GENÓTIPOS, LOCAIS E CORTES POR MEIO DA ABORDAGEM GGE GENERALIZADA PARA TRÊS FATORES CONSIDERANDO ENSAIOS MULTIAMBIENTAIS DE CANA-DE-AÇÚCAR

1. Resumo

Na cultura da cana-de-açúcar os caracteres responsáveis por propriedades de interesse agrônomo sob aspectos de produtividade são, predominantemente, quantitativos, de forma que a seleção de novos cultivares é fortemente influenciada por componentes ambientais. Por se tratar de uma planta semiperene e, portanto, permanecer no campo por vários cortes, as interações podem acentuar-se entre os diferentes locais e anos de cultivo, sendo um grande desafio aos melhoristas à recomendação de locais e genótipos capazes de se manterem produtivos ao longo dos cortes, caracterizando uma interação tripla entre genótipos, locais e anos (GLA), cujo estudo em cana-de-açúcar ainda é pouco explorado. Essa interação entre componentes genéticos e ambientais tem sido um grande desafio à seleção e recomendação de genótipos superiores no melhoramento genético de plantas, uma vez que intervém na capacidade de discriminar diferenças genéticas entre os genótipos e selecionar os ambientes alvos para os quais os genótipos selecionados são mais adaptados. Dentre as formas de avaliar este tipo de interação, as quais diferem quanto aos seus conceitos e procedimentos biométricos de estimação, está o método de análise *GGE*, que considera o efeito principal de genótipo mais a interação genótipo e ambiente, e representa graficamente uma matriz de dados, que pode ser ajustada para avaliar interações triplas GLA, através de metodologias de decomposição de componentes pelo método de *Tucker* e representação gráfica *Joint plot*. Neste contexto, o trabalho objetivou o estudo da interação GLA de três populações de melhoramento em fases finais de avaliação. Em cada população as variedades foram repetidas 3-4 vezes, em 6 ambientes diferentes ao longo de 3 anos agrícolas. A interação foi significativa nas três populações estudadas. A decomposição de *Tucker3* mostrou que a primeira combinação linear entre locais e anos é uma média ponderada dos níveis dos fatores. A classificação climática de Koppen definiu as condições de seleção dos locais e a componente de anos mostrou um contraste entre cana-planta e as socas, explicada pela habilidade de soqueira.

2. Introdução

A seleção para ampla adaptação e estabilidade de desempenho é um dos principais objetivos em qualquer programa de melhoramento de plantas. Especialmente em cana-de-açúcar, alguns genótipos podem responder diferentemente em alguns locais e estes podem associar-se a outros em alguns anos. Este tipo de ensaio é denominado ensaios multiambientais (MET – multienvironmental trials) e seu principal objetivo está na possibilidade de estudar a estabilidade e adaptação que genótipos ditos promissores podem apresentar ao longo de diferentes condições de cultivo. Para as situações em que não é possível encontrar um grupo de indivíduos com ampla adaptação as diferentes condições de cultivo, pode-se priorizar a seleção regionalizada de forma a explorar a recomendação localizada de certos genótipos, caracterizando diferentes estratégias de exploração da interação entre genótipos e ambientes (IGA) (ISIK et. al., 2017). Os experimentos multiambientais (MET) são conduzidos através de vários anos para os principais produtos agrícolas no mundo, essencial para a liberação de um novo genótipo de um produto agrícola e, conseqüentemente, a recomendação de cultivar. A utilização desta metodologia no estudo da interação no melhoramento da cana-de-açúcar se faz concludente uma vez que os genótipos permanecem no campo ao longo dos anos, sendo avaliados a cada ciclo. O principal objetivo de um MET é identificar cultivares superiores e, a prática mais comum usada para esse fim é comparar o rendimento de um genótipo em vários ambientes de teste (normalmente combinações de locais e anos). A segunda utilidade de análise de dados multiambientais, antes de fazer a avaliação de cultivares, deveria ser investigar as relações entre os ambientes de teste e a possibilidade de diferenciação do mega-ambiente (YAN; HUNT, 2002, citado por ARAÚJO et al., 2010). Segundo Ferh (1987), as variações imprevisíveis são as que mais contribuem para as interações entre genótipos e anos, genótipos e locais, bem como para as interações tripla genótipos, locais e anos.

Inúmeros modelos estatísticos podem ser utilizados para analisar e interpretar dados de MET, com foco especial no relacionamento dos componentes da interação. As principais metodologias e aplicações são AMMI (GAUCH, 1992) e

GGE (YAN; KANG, 2003), desenvolvidas inicialmente para o contexto de dois fatores. De forma geral, AMMI modela apenas a interação GE, enquanto GGE modela os efeitos combinados da interação acrescidos pelos efeitos marginais genotípicos (DETTORI et al., 2011). O método GGE *biplot* tem ampla aceitação, e seu uso, crescido vertiginosamente em análises de experimentos duplo fatoriais. (GAUCH, 2006; YAN et al., 2007; GAUCH et al., 2008). Além disso, alguns trabalhos mostram que GGE apresenta uma representação gráfica mais eficiente e de fácil interpretação quando comparado a AMMI (OLIVEIRA, 2009; GAUCH, 2006; YAN et al., 2007; CAMARGO-BUITRAGO et al., 2011; HONGYU et al., 2015).

Para as situações de interação tripla é comum os pesquisadores combinarem os fatores locais e anos (criando outro fator, denominado ambiente), reduzindo um problema tridimensional a um bidimensional, e aplicando modelos já desenvolvidos. No entanto, de acordo com Varela et al. (2006), essa combinação leva a uma perda de informação quando se ajusta um modelo de duas entradas e quando se faz a estimação dos efeitos da interação. Assim, faz-se necessário o uso ferramentas que permitam o desdobramento e a interpretação da interação tripla (ARAÚJO et al., 2010), como a organização dos dados em um arranjo de três entradas e a utilização do modelo proposto por Tucker (1966), um arranjo tridimensional de dados em quatro matrizes, uma para cada fator e uma matriz núcleo, procedimento que pode ser entendido como uma generalização da decomposição dos valores singulares. A representação gráfica neste caso é feita através de um *Joint plot*, cujo princípio é similar a um gráfico *biplot*, porém no contexto de três fatores.

Posto isto, o objetivo do trabalho fora utilizar a técnica da análise de GGE com ajustes do modelo *Tucker* para os dados de interação genótipos, locais e anos no melhoramento da cana-de-açúcar e avaliar o comportamento das componentes de cada variável, avaliar o comportamento dos genótipos e ambientes em cada componente de anos e compreender as causas da interação genótipo por ambiente e os padrões de segregação destes ambientes.

3. Material e Métodos

3.1 Caracterização dos experimentos

No presente estudo consideraram-se três populações de melhoramento em fase experimental do Programa de Melhoramento Genético da Cana-de-Açúcar da Universidade Federal de São Carlos, pertencente à Rede Interuniversitária para o Desenvolvimento do Setor Sucroenergético (RIDESA). As populações, denominadas MET2008, MET2009, MET2010, atingiram a FE em 2008, 2009 e 2010, respectivamente e, portanto, foram geradas em 1998, 1999, e 2000 a partir de diferentes cruzamentos biparentais e/ou multiparentais com indivíduos pertencentes ao Banco Ativo de Germoplasma da RIDESA localizado na Serra do Ouro (Murici, AL), caracterizando-se três populações geneticamente heterogêneas. Após a geração da população de melhoramento, as três populações passaram por etapas de seleção e clonagem para diversas características como doenças, produtividade e teor de açúcar, de forma que os genótipos mais promissores e genótipos de relevância comercial (RB72454, RB867515, RB92579, RB935744 e SP813250) em destaque na Tabela 1, foram avaliados em experimentos em blocos ao acaso, com 3 a 4 repetições, implantados em diferentes localidades do Estado de São Paulo (Tabela 2 - locais) e avaliado ao longo de três anos de produção (cortes). Para estes locais tem-se a classificação climática de Koppen-Geiger (1928) e também a classificação dos ambientes de produção seguindo a proposta apresentada por Prado et al. (2013). Esta classificação foi fornecida pelos profissionais envolvidos com o setor de experimentação das usinas conveniadas ao PMGCA/UFSCar/RIDESA. A população de MET2008 foi plantada em 2008, sendo o primeiro corte em 2009, o segundo corte em 2010 e o terceiro corte em 2011. Assumindo notação semelhante, têm-se as populações MET2009 e MET2010, cujos terceiros cortes foram realizados em 2012 e 2013, respectivamente. A variável de produtividade considerada neste trabalho foi toneladas de cana por hectare (TCH), que é importante para o melhoramento de cana-de-açúcar e tem elevada influência ambiental (CURSI, 2016; MAGALHÃES, 2017; VERÍSSIMO, 2017).

Tabela 1: Relação dos genótipos avaliados para cada uma das três populações de melhoramento.

CÓDIGO	MET2008	MET2009	MET2010
G1	RB72454	RB72454	RB005003
G2	RB867515	RB867515	RB005014
G3	RB935744	RB995019	RB005021
G4	RB975134	RB995026	RB005048
G5	RB975375	RB995031	RB005062
G6	RB975385	RB995095	RB005098
G7	RB975955	RB995123	RB005144
G8	RB985402	RB995135	RB005152
G9	RB985407	RB995152	RB005159
G10	RB985442	RB995164	RB005162
G11	RB985476	RB995198	RB005233
G12	RB985484	RB995265	RB005287
G13	RB985493	RB995271	RB005399
G14	RB985503	RB995285	RB005460
G15	RB985516	RB995296	RB005468
G16	RB985523	RB995329	RB005482
G17	RB985554	RB995348	RB005498
G18	RB985559	RB995385	RB005609
G19	RB985571	RB995417	RB005632
G20	RB985580	RB995419	RB005685
G21	RB985587	RB995426	RB005695
G22	RB985619	RB995427	RB005715
G23	RB985696	RB995431	RB005730
G24	RB986410	RB995466	RB005772
G25	SP813250	RB995469	RB867515
G26	-	RB996532	RB92579
G27	-	SP813250	RB935744
G28	-	-	SP813250

A população MET2008 contava com 25 genótipos, MET2009, com 27 e MET2010 com 28. Os genótipos considerados testemunhas estão indicados em negrito.

Tabela 2: Caracterização dos locais utilizados para implementação dos experimentos referentes a etapa final de melhoramento genético da cana de açúcar conduzido pela UFSCar/RIDESa para as populações MET2008, MET2009 e MET2010. Os locais referem-se a regiões produtoras de cana-de-açúcar do estado de São Paulo classificados em função das condições climáticas proposta por Koppen-Geiger (1928) e classificação ambiental de Prado et al. (2013) que modela o potencial produtivo em função das características de solo e disponibilidade hídrica.

POPULAÇÃO	CÓDIGO	MUNICÍPIO	Classificação ambiental		REPETIÇÕES
			KOPPEN	PRADO	
MET2008	L1	Barra Bonita	Aw	A	3
MET2008	L2	Tarumã	Am	C	4
MET2008	L3	Paraguaçu Paulista	Cwa	D	4
MET2008	L4	Piracicaba	Cwa	B	3
MET2008	L5	Américo Brasiliense	Cwa	B	4
MET2008	L6	Olímpia	Cwa	C	4
MET2009	L1	Paraguaçu Paulista	Cwa	D	4
MET2009	L2	Barrinha	Aw	B	4
MET2009	L3	Iracemópolis	Cwa	B	4
MET2009	L4	Orindiúva	Aw	C	4
MET2009	L5	Piracicaba	Cwa	E	4
MET2009	L6	Guaíra	Aw	B	4
MET2010	L1	Nova Europa	Aw	D	4
MET2010	L2	Barrinha	Aw	B	4
MET2010	L3	Orindiúva	Aw	D	3
MET2010	L4	Guapiaçu	Aw	C	4
MET2010	L5	Assis	Cfa	C	3
MET2010	L6	Paraguaçu Paulista	Cwa	D	4

3.2 Análise de variância conjunta para verificação de interação significativa

O primeiro passo no estudo consistiu na verificação da existência de possíveis interações significativas, em especial a interação tripla entre genótipos, locais e anos (cortes). Para tanto, realizou-se uma análise de variância (ANAVA) conjunta com dados de produtividade de TCH, cujo modelo estatístico foi:

$$y_{ijk} = \mu + g_i + l_j + a_k + la_{jk} + gl_{ij} + ga_{ik} + gla_{ijk} + b_{jkr} + e_{ijk}, \text{ em que:}$$

y_{ijk_r} corresponde ao fenótipo do i -ésimo genótipo, avaliado no j -ésimo local, k -ésimo ano e no r -ésimo bloco; μ corresponde ao intercepto do modelo, g_i é o efeito fixo do i -ésimo genótipo; l_j é o efeito fixo do j -ésimo local; a_k é o efeito fixo para k -ésimo ano; l_{jk} é o efeito fixo para a interação entre j -ésimo local e o k -ésimo ano; g_{aik} é o efeito fixo para a interação entre o i -ésimo genótipo e k -ésimo ano; g_{lij} é o efeito fixo do i -ésimo genótipo e j -ésimo local; g_{laijk} é o efeito fixo para a interação tripla entre i -ésimo genótipo no j -ésimo local e k -ésimo ano; b_{jkr} é o efeito fixo de r -ésimo bloco dentro da combinação entre j -ésimo local e k -ésimo ano; e_{ijk_r} é o erro aleatório do modelo associado ao i -ésimo genótipo, avaliado no j -ésimo local, k -ésimo ano e no r -ésimo bloco. A análise foi conduzida no programa estatístico R, cujo intuito era verificar a presença de interação tripla significativa.

3.3 Análise GGE para interação tripla GLA

O procedimento adotado foi análogo ao apresentado por Varela et al. (2009), sendo consideradas as etapas de preparação dos dados, realização da decomposição através do Modelo Tucker3, seguido pela identificação do número ideal de parâmetros, identificação da fração modelada por cada componente do modelo e representação da interação via *joint plot*, repetidas para as três populações MET. O modelo linear para um experimento implantado para avaliar diferentes genótipos, ao longo de vários locais e anos é:

$$\bar{Y}_{ijk} = \mu + g_i + l_j + a_k + g_{lij} + g_{aik} + l_{jk} + g_{laijk} + \bar{e}_{ijk}, \text{ em que:}$$

\bar{Y}_{ijk} corresponde a produção média do i -ésimo genótipo, no j -ésimo local e k -ésimo corte ao longo dos r blocos; \bar{e}_{ijk} erro médio do modelo; μ , g_i , l_j , a_k , g_{lij} , g_{aik} , l_{jk} e g_{laijk} já definidos anteriormente. De maneira geral, a análise de GGE com dois fatores caracteriza-se por não separar o efeito marginal g_i , a interação g_{lij} e o erro médio \bar{e}_{ijk} , para a análise de decomposição do valor singular. Neste caso por haver mais interações envolvendo componente genotípico, o modelo pode ser reescrito como:

$$\bar{Y}_{ijk} - \mu - l_j - a_k - l_{jk} = g_i + g_{lij} + g_{aik} + g_{laijk} + \bar{e}_{ijk}.$$

Varela et al. (2009) demonstram que, utilizando estimativas de mínimos quadrados, o componente $g_i + g_{lij} + g_{aik} + g_{lajik} + \bar{\epsilon}_{ijk}$ pode ser obtido como $\bar{Y}_{ijk} - \bar{Y}_{.jk}$, ou seja, o valor médio de TCH para o i-ésimo genótipo, avaliado no i-ésimo local e k-ésimo corte deve ser centrado em função da produtividade média do j-ésimo local e k-ésimo corte.

Após o reescalamento, o próximo passo consiste na organização dos dados em um arranjo tridimensional (z_{ijk}) com dimensões i para a representação dos genótipos nas linhas, j (colunas) para locais e k (tubos) para cortes, de modo que, MET2008 terá dimensões 25x6x3, MET2009, 27x6x3 e MET2010, 28x6x3. Com estes arranjos procede-se a decomposição utilizando modelo de *Tucker3*. Em essência esta abordagem fornece quatro matrizes: uma matriz **A**, contendo as informações de genótipos, com dimensão (i,p); **B**, contendo a informação relativa a locais, e dimensão (j,q); **C**, contendo informação relativa a cortes, e dimensão (k, r); **G** arranjo núcleo com dimensões (p, q, r), em que p, q e r são números de componentes considerados para realizar a decomposição do arranjo.

A determinação do número de parâmetros para p, q e r é um passo importante nesta análise. Ao se considerar todas as possíveis combinações de modelos *Tucker3* para os METs verificou-se 450, 486 e 504 possíveis modelos para MET2008, MET2009 e MET2010, respectivamente. Assim, a seleção do melhor modelo baseou-se no procedimento apresentado por Timmerman-Kiers (2000), que pode ser sumarizado em quatro etapas. A primeira consiste na aplicação de um filtro que considere os modelos que satisfaçam simultaneamente as condições de Krustal (1989), isto é, $P \leq QR$, $Q \leq PR$ e $R \leq PQ$. O segundo filtro requer que para modelos com mesmo número de parâmetros (S), sendo $S=P+Q+R$, deve-se selecionar aqueles com maior soma de quadrados. Na terceira etapa é feita a ordenação crescente dos modelos em função do número de parâmetros, para que seja possível o cálculo da diferença (dif_s) entre a soma de quadrados dos modelos entre um modelo com S parâmetros e S_{s-1} , isto é, $dif_s = SQ_s - SQ_{s-1}$; para $P=1$; $Q=1$ e $R=1$ sugere-se considerar $dif_s=0$ (SCHEPERS, CEULEMANS; VAN MECHELEN, 2008; DIAS et al., 2014). A última etapa consiste na obtenção da relação b_s , que é obtida pela razão dos dif_s mantidos em ordem decrescente. Este cálculo permite identificar o maior ganho proporcional ao considerar um modelo de maior complexidade.

Com a escolha do melhor modelo *Tucker3* faz-se necessário mensurar a percentagem da variação capturada por cada eixo, cujas informações estão

indicadas no arranjo núcleo G, contextualizado, no entanto, em relação ao total da variação GLA que é obtida ao modelo maximal. Esta estimação é feita considerando o escore ao quadrado e dividindo-o pela somatória dos quadrados dos escores do arranjo G do modelo maximal. Por fim, tem-se a representação dos resultados via *joint plot*. Ao considerar que o maior interesse deste trabalho está no estudo da interação entre genótipos e ambientes, dentro do componente de corte r , obtém-se uma matriz Δ_r calculada a partir das matrizes originárias de *Tucker3* e definida como AG_rB' , sendo G_r um subarranjo de dimensão p e q referente ao componente r de interesse. A decomposição do valor singular $U_r\lambda_rV_r'$ é realizada para G_r de forma que é possível escrever $M = (I/J)^{(1/4)}AU_r\lambda_r^{(1/2)}$ e $N = (J/I)^{(1/4)}BV_r\lambda_r^{(1/2)}$, sendo U e V matrizes cujas colunas contém vetores singulares para as matrizes $\Delta_r\Delta_r'$ e $\Delta_r'\Delta_r$, respectivamente e λ_r valores singulares não nulos de Δ_r . Assim, M e N são matrizes que contém as posições para representação gráfica dos I genótipos e J locais, respectivamente. A interpretação do comportamento dos genótipos nos diferentes ambientes é auxiliada em função do *joint plot* e também dos coeficientes da matriz C . As etapas foram desenvolvidas no programa estatístico R, com auxílio da biblioteca “*rrcov3way*”, que fornece métodos para análise de dados *multiway* por meio do modelo *Tucker3*. Através dos escores dos componentes principais gerados nessas matrizes é possível realizar a representação gráfica *Joint plot*.

4. Resultados e Discussão

4.1 Análise de variância conjunta

Com o intuito de compreender a distribuição dos dados foram feitas análises de variâncias exploratórias para visualizar a homogeneidade dos experimentos e posterior agrupamento dos dados em análises conjuntas. Neste caso, foram analisados os experimentos para cada combinação entre locais e cortes, considerando um experimento em blocos ao acaso, cujas repetições variavam de duas a três em função do local considerado, assim como uma análise conjunta de cortes para cada local considerado. Os resultados para MET2008 estão sumarizados no Apêndice1 e, de maneira geral, os CVs variaram de 5,97% a 16,54% quando considerado a análise individual para combinações de local e corte,

sendo, ainda, a razão entre o menor e o maior quadrado médio do resíduo 9,42. Quando foi considerado o conjunto dos cortes para cada local, os CVs variaram de 6,71% a 10,77% e a relação entre o menor e o maior quadrado médio do resíduo 3,54. Os resultados foram análogos para as outras duas populações, com exceção do experimento 673 do MET2009 e o experimento 694, do MET2010. O primeiro por apresentar CVs acima dos valores observados no segundo e terceiro corte, o que fez com que, para as combinações locais e cortes, os CVs variassem de 8,08% a 33,81%, e a razão entre maior e o menor quadrado médio foi de 16,62 para MET2009. Já para MET2010, os baixos valores de CVs do experimento 694 fez com que os CVs dessa população ficassem entre 2,75% e 18,99%, e a razão entre os quadrados médios foi 28,94. Ao fazer conjunta por cortes para cada local o CVs variaram de 9,49% a 17,19% (MET2009) e 3,62% a 14,34% (MET2010) e relação entre QM_{Res} de 5,66 (MET2009) e 16,89 (MET2010). Os resultados indicaram que é possível concatenar os dados para uma análise conjunta considerando vários locais e anos simultaneamente, e estão compilados na Tabela 3, para as três populações. De maneira geral verificou-se que a interação tripla é significativa para as populações MET2008 ($valor-p < 2,2 \cdot 10^{-16}$) e MET2010 ($valor-p = 1,040 \cdot 10^{-7}$) e, para MET2009, o $valor-p$ (0,05249) está próximo do limiar (0,05) de forma que há uma possível interação significativa, mas com moderado efeito, sendo significativa apenas ao nível de 10% de significância.

Vale ressaltar que os CVs das análises conjuntas em cada MET foram 8,73% (MET2008), 13,79% (MET2009) e 11,09% (MET2010), sendo todas interações duplas e efeitos marginais significativos. Desta forma, priorizou-se a realização do estudo da interação via modelo SREG generalizado para três fatores.

Tabela 3: Análise de variância conjunta para os dados das populações MET2008, MET2009 e MET2010.

MET2008					
FONTE DE VARIAÇÃO	GL	SQ	QM	Fc	Pr>Fc
LOCAL (L)	5	124648	2493	238,96	2.2E-16
CORTE (C)	2	1014680	507340	4862,96	2.2E-16
VARIEDADES (V)	24	130434	5435	52,09	2.2E-16
L x C	10	115117	11512	110,34	2.2E-16
L x V	120	77436	645	6,19	2.2E-16
C x V	48	51961	1083	10,38	2.2E-16
L x C x V	240	56934	237	2,27	2.2E-16
BLOCO dentro de L x A	48	14595	304	2,9	3.76E-10
RESÍDUO	1152	120185	104		

MET2009					
FONTE DE VARIAÇÃO	GL	SQ	QM	Fc	Pr>Fc
LOCAL (L)	5	1443199	288640	1344,89	2.2E-16
ANO (A)	2	543405	271703	1265,98	2.2E-16
VARIEDADES (V)	26	121742	4682	21,82	2.2E-16
L x A	10	739843	73984	344,72	2.2E-16
L x V	130	125585	966	4,5	2.2E-16
A x V	52	36775	707	3,29	1.31E-13
L x A x V	260	64843	249	1,16	0,05249
BLOCO dentro de L x A	54	34843	645	3	6,63E-12
RESÍDUO	1404	301324	215		

MET2010					
FONTE DE VARIAÇÃO	GL	SQ	QM	Fc	Pr>Fc
LOCAL (L)	5	354314	70863	468,38	2.2E-16
ANO (A)	2	141377	70689	467,23	2.2E-16
VARIEDADES (V)	27	150445	5572	36,83	2.2E-16
L x A	10	149276	14928	98,67	2.2E-16
L x V	135	76511	567	3,75	2.2E-16
A x V	54	21332	395	2,61	4.4E-09
L x A x V	270	65094	241	1,59	1.04E-07
BLOCO dentro de L x A	48	19671	410	2,71	6,19E-09
RESÍDUO	1296	196074	151		

4.2 Seleção de modelos *Tucker3*

Para os dados de MET2008 o arranjo de dados apresentava dimensão 25x6x3, sendo disponíveis 450 diferentes modelos. No entanto, considerando o primeiro filtro (simultaneamente, $P \leq QR$; $Q \leq PR$; $R \leq PQ$), o modelo foi reduzido a 98 possibilidades (Apêndice 1, em que, o modelo minimal foi $p=1$, $q=1$ e $r=1$ ($S=3$) e o modelo maximal, $p=18$, $q=6$, $r=3$ ($S=27$). O segundo filtro consistiu em classificar os diferentes modelos com mesmo número de parâmetros e considerar apenas o que tem maior valor ajustado. Por exemplo, ao considerar $S=5$ têm-se três possíveis situações: $p=1$; $q=2$ e $r=2$ (43,22%) ou $p=2$, $q=1$, $r=2$ (56,67%) ou $p=2$, $q=2$ e $r=1$ (54,09%). Nesta situação, o modelo selecionado para $S=5$ seria $p=2$, $q=1$ e $r=2$, pois compreende melhor a interação. Este procedimento foi repetido para todos os outros valores de S e os modelos selecionados estão representados na Tabela 4. O próximo passo consistiu no cálculo das diferenças entre valores ajustados de modelos consecutivos, por exemplo, para $S=6$ tem-se 58,96 e $S=5$ 56,67, sendo a diferença de 2,29. Para o modelo minimal considerou-se $dif=0$, como proposto na literatura. Finalmente, o último passo consistiu na obtenção dos b_s , que foi calculado ordenando os valores de dif_s em ordem decrescente. Considerando simultaneamente a ordenação em função dos números de parâmetros, neste caso, o primeiro b_s calculado correspondia a $S=2$ vs $S=4$ (1,45) e os próximos foram $S=4$ vs $S=6$ (2,47), $S=6$ vs $S=10$ (1,35) e assim por diante. Este procedimento é análogo ao apresentado por Timmerman e Kiers (2000), e o modelo *Tucker* considerado mais informativo para este conjunto de experimentos foi $p=3$, $q=2$ e $r=2$, o qual apresenta o maior de b_s com o menor número de parâmetros.

Este procedimento foi identicamente repetido para as populações MET2009 e MET2010, sendo que os resultados indicaram que para ambos conjunto de dados os melhores modelos foram $p=2$, $q=2$ e $r=1$. Destaca-se que a escolha de modelos mais simples possui uma relação direta com os valores observados para análise de variância, uma vez que dentre as três populações o maior valor de F calculado (2,27) para a interação tripla foi, justamente, para MET2008 (Tabela 3), indicando um efeito de interação mais pronunciado nessa população.

Tabela 4: Resultado do Procedimento de Timmerman-Kiers para selecionar o modelo de *Tucker3* para cada MET.

MET2008							MET2009							MET2010						
P	Q	R	S	SQ	dif	bs	P	Q	R	S	SQ	dif	bs	P	Q	R	S	SQ	dif	bs
1	1	1	3	43,05	0	0,00	1	1	1	3	38,21	0	0,00	1	1	1	3	51,64	0	0,00
2	1	2	5	56,67	13,62	1,45	2	2	1	5	50,99	12,78	1,58	2	2	1	5	60,37	8,73	1,73
2	2	2	6	58,96	2,29	1,02	2	2	2	6	51,03	0,04	-	2	2	2	6	60,99	0,62	1,02
3	2	2	7	68,33	9,37	2,47	3	2	2	7	59,12	8,09	1,49	3	3	1	7	66,05	5,06	1,37
4	2	2	8	71,18	2,85	1,22	3	3	2	8	62,96	3,84	1,06	3	3	2	8	69,75	3,7	1,04
4	3	2	9	74,98	3,8	1,28	4	3	2	9	68,38	5,42	1,41	4	3	2	9	72,69	2,94	1,02
5	3	2	10	77,83	2,85	1,00	5	3	2	10	71,06	2,68	1,03	4	4	2	10	76,26	3,57	1,20
5	3	3	11	80,07	2,24	1,02	5	4	2	11	74,69	3,63	1,13	5	4	2	11	79,14	2,88	1,19
5	4	3	12	82,41	2,34	1,02	6	4	2	12	77,52	2,83	1,03	5	4	3	12	81,3	2,16	1,19
6	4	3	13	85,39	2,98	1,05	6	5	2	13	80,74	3,22	1,04	6	4	3	13	84,28	2,98	1,01
7	4	3	14	87,78	2,39	1,02	7	5	2	14	83,35	2,61	1,14	7	4	3	14	86,68	2,4	1,04
8	4	3	15	89,8	2,02	1,44	7	5	3	15	85,36	2,01	1,02	7	5	3	15	88,98	2,3	1,06
8	5	3	16	92	2,2	1,06	8	5	3	16	88,45	3,09	1,09	8	5	3	16	91,4	2,42	1,01
9	5	3	17	94,08	2,08	1,03	8	6	3	17	90,74	2,29	1,14	9	5	3	17	93,21	1,81	1,18
9	6	3	18	95,35	1,27	1,04	9	6	3	18	93,49	2,75	1,03	10	5	3	18	94,75	1,54	1,22
10	6	3	19	96,75	1,4	1,10	10	6	3	19	95,47	1,98	1,52	10	6	3	19	95,88	1,13	1,28
11	6	3	20	97,97	1,22	1,85	11	6	3	20	96,77	1,3	1,10	11	6	3	20	97,14	1,26	1,12
12	6	3	21	98,63	0,66	1,18	12	6	3	21	97,95	1,18	1,62	12	6	3	21	98,02	0,88	1,42
13	6	3	22	99,19	0,56	1,44	13	6	3	22	98,68	0,73	1,49	13	6	3	22	98,63	0,61	1,17
14	6	3	23	99,58	0,39	1,95	14	6	3	23	99,17	0,49	1,32	14	6	3	23	99,15	0,52	1,79
15	6	3	24	99,78	0,2	1,67	15	6	3	24	99,54	0,37	1,76	15	6	3	24	99,44	0,29	1,12
16	6	3	25	99,9	0,12	1,33	16	6	3	25	99,75	0,21	1,31	16	6	3	25	99,7	0,26	1,53
17	6	3	26	99,99	0,09	-	17	6	3	26	99,91	0,16	1,78	17	6	3	26	99,87	0,17	1,31
18	6	3	27	100	0,01	-	18	6	3	27	100	0,09	-	18	6	3	27	100	0,13	-

4.3 Matrizes de interação e componentes principais

Para os três conjuntos de dados diferentes modelos *Tucker3* foram ajustados. A população MET2008 apresentou melhor ajuste para três componentes de genótipos, dois de locais e dois de anos. Já MET2009 e MET2010 apresentaram o mesmo modelo, com menos parâmetros utilizados, isto é, dois componentes para genótipos, um componente para local e um para ano.

Em MET2008, na Tabela 5 foram apresentados os resultados da decomposição das componentes de genótipos (matriz A), de locais (matriz B) e de ano/corte (matriz C), além do arranjo núcleo G. Ao considerar as três combinações lineares da matriz A, é possível perceber que em todas elas, há genótipos de elevada participação, seja com efeito positivo ou negativo, e também genótipos com valores próximos a

zero. Muitos destes genótipos não apresentam um comportamento padrão, e a interpretação dos coeficientes, neste caso, torna-se difícil. Contudo, para aqueles genótipos que sob avaliação assumem coeficientes semelhantes as variedades comerciais, é possível considerar que seu comportamento sob aspectos produtivos sejam similares. Destaca-se que RB867515, é um genótipo com grande valor comercial conhecido por sua elevada rusticidade, RB935744 tem elevada produtividade de colmo e SP81-3250 é tido como um material com produção estável ao longo dos diferentes ambientes. Assim, para a primeira combinação (p1) onze genótipos apresentaram efeitos positivos, e os mais pronunciados foram RB935744 (0,5226), seguido por RB985476 (0,4456), RB867515 (0,2342), RB985571 (0,1962) e RB985580 (0,1500). Por outro lado, quatorze genótipos têm efeitos negativos, destacando-se RB985554 (-0,2929), RB986410 (-0,2799), RB985559 (-0,2460) RB985619 (-0,2200) e RB985402 (-0,1752). Vale ressaltar RB867515 e RB925744 foram agrupados na categoria de coeficientes positivos e elevados; já RB72454 apresentou efeito negativo (-0,1435), e SP81-3250 um valor muito próximo de zero (-0,0236). Para a segunda combinação linear (p2) 15 genótipos apresentaram valores positivos, sendo nove com efeitos mais pronunciados (acima de 0,09) e dez genótipos apresentaram valores negativos, destacando-se RB935744 (-0,2987), RB975134 (-0,2029), RB985554 (-0,4786) e RB985580 (-0,3235). RB72454 (-0,0381), SP81-3250 (-0,0291) e RB867515 (0,0376), no entanto, apresentaram valores próximos de zero, não contribuindo majoritariamente na composição do índice. Para a terceira combinação linear (p3) têm-se onze genótipos com valores positivos, e RB867515 (0,1950) e RB935744 com valores mais próximos de zero (0,0415). Dentre os 14 genótipos com coeficientes negativos destaca-se a RB985407 como maior participação na composição deste contraste. Os padrões comerciais, RB72454 e SP81-3250, apresentaram valores próximos de zero. De maneira geral, ao longo das três combinações lineares, os genótipos que são padrões comerciais tiveram a tendência de mostrar valores mais próximos de zero, principalmente os considerados estáveis, como SP81-3250.

Para a matriz B que contém a decomposição referente ao efeito de local, o primeiro componente (q1) pode ser interpretado como uma média ponderada entre os ambientes. Já o segundo componente (q2) indica uma combinação em que L4 (0,5159) e L6 (0,5118) contribuem de forma majoritariamente positiva para composição do índice e L2 (-0,6056) de forma negativa, seguidos pelos ambientes

L3 (-0,2992) e L5 (-0,1251). Já o ambiente L1 tem contribuição neutra para composição do índice (0,0039). Uma possível interpretação desta combinação pode ser obtida ao considerar as características climáticas do local em que o experimento foi instalado, por exemplo, L4 e L6 contribuem ambos com sinal positivo e justamente tem mesma classificação climática proposta por Koppen-Geiger (1928) como Cwa, clima temperado úmido, com inverno seco e verão quente. Além disso, a classificação proposta por Prado (2013) para o solo das duas regiões é do tipo B, isto é, a produção média varia de 88-96 ton/ha. Por outro lado, L2 e L3 localizam-se em uma região do estado com clima predominantemente Am, conhecido como clima de monção, clima tropical chuvoso, com inverno seco, onde o mês menos chuvoso tem precipitação inferior a 60mm. O mês mais frio tem temperatura média superior a 18°C (CPA, 2018). Ademais, a produtividade média dessas regiões é considerada inferior a L4 e L6, aumentando a divergência entre os ambientes na seleção de genótipos. Já L1, possui alto potencial de produção (média acima de 96 ton/ha) e classificação climática Aw, tropical chuvoso com inverno seco, diferente dos demais locais avaliados, o que faz com que este local se encontre em transição entre Am e Cwa.

Ao considerar os coeficientes presentes na matriz C, relativa aos anos de colheita (cortes), observa-se que a primeira componente (r_1), assim como em q_1 , pode ser entendida como média ponderada entre anos. Para a primeira colheita (cana planta) tem-se valor (-0,7141) e para o segundo (cana soca) e terceiro ano (cana ressoca) há valores próximos a -0,50. Logo, a produtividade para o primeiro ano apresenta número importância na composição da combinação linear. Já r_2 indica um índice formado pela combinação entre primeira colheita com efeito positivo (0,6973) e a segunda e terceira com efeitos negativos (-0,4557 e -0,5532, respectivamente). De forma geral, esta combinação acaba contrastando a produção entre cana planta e cana soca, cuja principal explicação é a capacidade de rebrota que a cana-de-açúcar precisa expressar para manter a produtividade ao longo dos anos.

adaptam melhor a alguma destas situações. Já os genótipos mais próximos da origem tendem a apresentar maior estabilidade, como é o caso dos materiais RB975134 (G4), RB975375 (G5), RB975385 (G6), RB985442 (G10), RB985493 (G13), RB985503 (G14), RB985523 (G16), RB985587 (G21), RB985696 (G23) e SP81-3250 (G25). Já RB867515 (G2), RB935744 (G3), RB985407 (G9), RB985476 (G11), RB985554 (G17), RB985559 (G18), RB985571 (G19), RB985619 (G22) e RB986410 (G24) foram os genótipos que mais contribuíram para a interação. RB935744 e RB985476 interagem positivamente com todos os ambientes, o que provavelmente fez com que estes genótipos apresentassem as maiores produtividades, seguidos por RB867515 e RB985571; RB985559 e RB985619 interagem negativamente na região de Tarumã, clima Am. RB985619 também interage negativamente em Paraguaçu Paulista (ambiente caracterizado por temperaturas elevadas); RB72454 (G1), RB975955 (G7), RB985402 (G8) e RB985484 (G12) estão menos adaptados a ambientes Cwa, como Piracicaba e Olímpia, que aos demais. RB985407, no entanto, interage positivamente com esses ambientes; Ainda, a interpretação dos coeficientes dos locais está reforçada na representação dos *joint plots*, em especial na discriminação dos dados pelo eixo segundo eixo (eixo y), pois Piracicaba e Olímpia estão no quadrante superior direito, enquanto Tarumã, Paraguaçu Paulista e Américo Brasiliense tem projeções no quadrante inferior direito, e Barra Bonita com comportamento intermediário, isto é, $y=0$ (Figura 1).

Vale ressaltar que o *joint plot* projetado na primeira componente de anos explica 78,88% da soma de quadrado da interação tripla e, uma vez que a segunda componente de anos (r_2) explica 21,11% da interação, o arranjo G, com as duas componentes de anos, explica, 99,9% da soma de quadrados da interação tripla entre genótipos, locais e anos. A relação mais importante é representada pelas primeiras componentes de cada fator, $g_{111}=192,393$ que, juntas, explicam 62,4% da SQ_{GLA} .

O segundo *joint plot* (Figura 2) fora construído a partir da segunda componente de anos (r_2), que representa uma comparação entre o primeiro ano e os demais, isto é, efeito da produtividade em cana planta versus produtividade em cana soca, que indica capacidade de brotação de soqueiras. Novamente o primeiro ano apresentou fator com maior peso, no entanto, desta vez, positivo (0,6973) e segundo e terceiro ano coeficiente negativo (-0,4557 e -0,5532, respectivamente). Neste caso, para o

primeiro ano a proximidade entre os genótipos e locais são proporcionais à adaptação, indicando um efeito positivo de interação. Logo, os genótipos que mais contribuem para a interação são RB72454 (G1), RB935744 (G3), RB975134 (G4), RB985402 (G8), RB985442 (G10), RB985476 (G11), RB985484 (G12), RB985503 (G14), RB985554 (G17), RB985571 (G19) e RB985580 (G20), por estarem mais distantes da origem. Já RB975385 (G6), RB985407 (G9) e SP81-3250 (G25) são os mais estáveis. Os demais apresentam contribuição moderada para a interação. Especificamente, os genótipos RB985402, RB985503 e RB985571 são pronunciadamente os menos adaptados para o primeiro corte em todos os locais, mas se tornam os mais adaptados considerando o segundo e terceiro corte. Este mesmo padrão é observado, porém em menor intensidade para os demais genótipos localizados nos quadrantes, superior-direito e inferior-direito. Já RB985619 interage positivamente em ambientes de clima Cwa e classificação de solo B (Piracicaba e Olímpia) no primeiro corte, mas inverte seu comportamento nos anos seguintes; RB985493 (G13) e RB985696 (G23) estão adaptados aos locais Barra Bonita, Tarumã, Paraguaçu Paulista e Américo Brasiliense para o primeiro corte e menos adaptados nos anos posteriores; RB985554 (G17) e RB72454 (G1) têm efeito positivo com Piracicaba e Olímpia no primeiro ano, porém estes valores tornam-se negativos nos demais cortes; por fim, RB975134, RB985580 e RB935744 são genótipos com elevados efeitos positivos no primeiro corte para Barra Bonita, Tarumã, Paraguaçu Paulista e Américo Brasiliense, mas que tem efeitos invertidos para as soqueiras.

De forma geral, RB975385 e SP81-3250 foram os genótipos mais estáveis para os dois componentes simultaneamente, e RB935744, RB985476, RB985554, RB985571 e RB985580 apresentaram, simultaneamente, elevada interação nos dois *jointplots*.

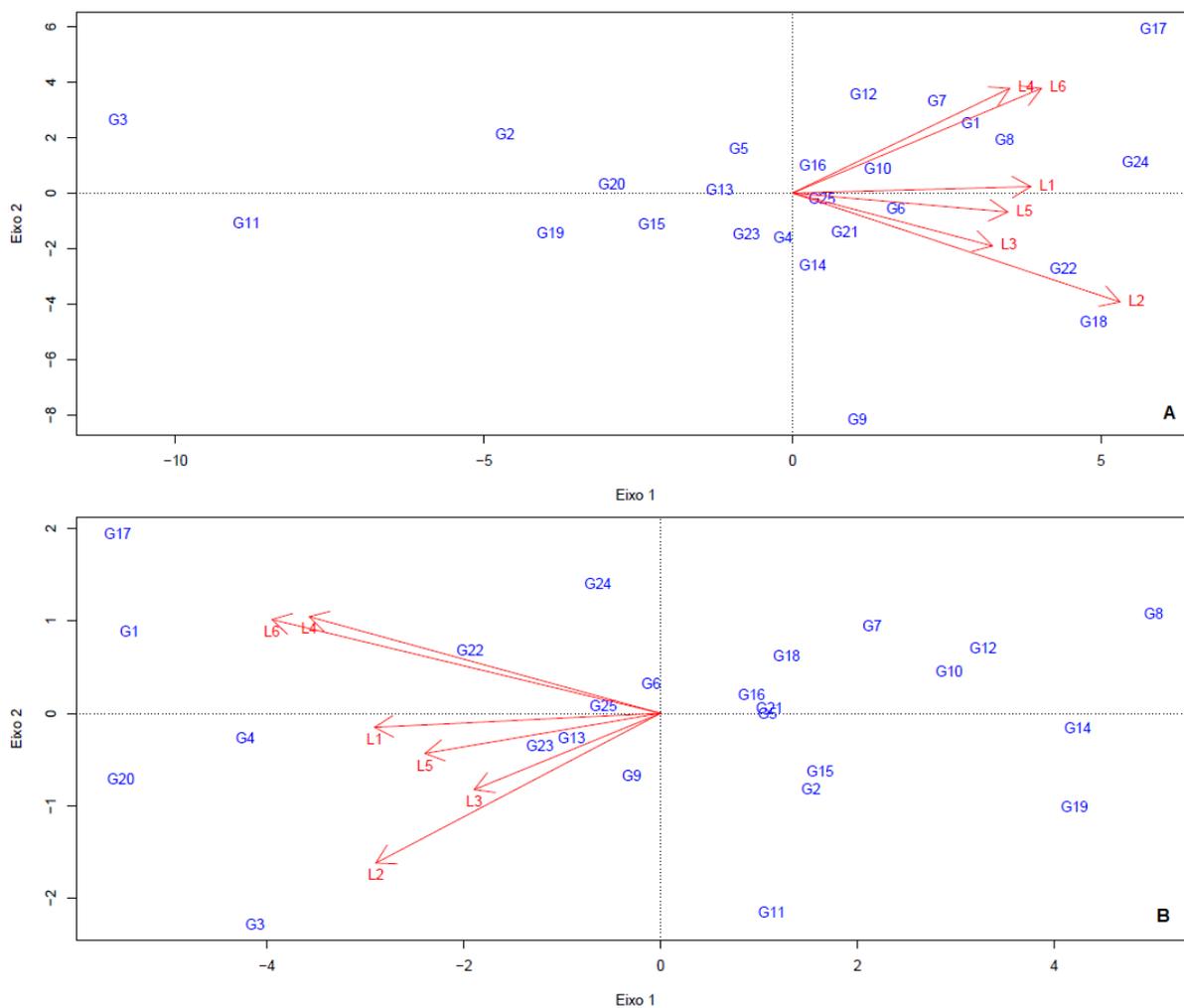


Figura 1: MET2008 - (A) *Joint plot* projetado dentro da primeira componente da matriz C. (B) *Joint plot* projetado dentro da segunda componente da matriz C.

Ao considerar as outras duas populações (MET2009 e MET2010) o procedimento de análise foi análogo ao apresentado anteriormente, a principal diferença está no modelo *Tucker3*, ajustado na ordem 2,2,1, resultando em apenas uma componente de anos e, portanto, apenas um *joint plot* para cada uma das séries. Logo, para MET2009 a Tabela 6 indica as matrizes A, B, C e o arranjo núcleo G. O mesmo resultado é apresentado na Tabela 7 para MET2010. Os jointplots estão representados na Figura W.

Tabela 6: MET2009 - Escores dos componentes principais para um modelo de Tucker3 (2,2,1) para o arranjo da interação tripla GLA.

Genótipos (A)				Locais (B)		
<i>ID</i>	<i>VAR</i>	<i>p1</i>	<i>p2</i>		<i>q1</i>	<i>q2</i>
G1	RB72454	-0,2313	-0,144	L1	-0,1655	0,7751
G2	RB867515	0,1187	-0,3337	L2	-0,5089	-0,1604
G3	RB995019	-0,0581	-0,0584	L3	-0,5353	-0,5868
G4	RB995026	-0,0202	-0,148	L4	-0,3256	0,0536
G5	RB995031	-0,1624	0,1656	L5	-0,361	0,0573
G6	RB995095	-0,0902	0,0459	L6	-0,4367	0,1514
G7	RB995123	0,0181	0,3144			
G8	RB995135	-0,0379	-0,161	Anos (C)		
G9	RB995152	-0,006	-0,1295	<i>r1</i>		
G10	RB995164	0,143	-0,5771	A1	-0,5256	
G11	RB995198	0,5856	0,3309	A2	-0,6917	
G12	RB995265	-0,0442	0,0093	A3	-0,4953	
G13	RB995271	-0,3935	-0,0817			
G14	RB995285	-0,1579	0,0376	Arranjo Núcleo (G)		
G15	RB995296	-0,1066	0,174	<i>r1</i>		
G16	RB995329	0,0871	-0,0978	<i>q1</i> <i>q2</i>		
G17	RB995348	-0,2771	0,1178	p1	182,8242	0,0003
G18	RB995385	-0,1116	-0,0937	p2	0,0001	105,7333
G19	RB995417	0,0444	-0,1053			
G20	RB995419	0,1896	-0,1009			
G21	RB995426	-0,0029	0,0996			
G22	RB995427	-0,1976	0,0807			
G23	RB995431	0,3191	0,0804			
G24	RB995466	-0,0268	0,2474			
G25	RB995469	0,2391	-0,2087			
G26	RB996532	0,0382	-0,0327			
G27	SP81-3250	0,0287	0,091			

Tabela 7: MET2010 - Escores dos componentes principais para um modelo de Tucker3 (2,2,1) para o arranjo da interação tripla GLA.

Genótipos (A)				Locais (B)		
<i>ID</i>	<i>VAR</i>	<i>p1</i>	<i>p2</i>		<i>q1</i>	<i>q2</i>
G1	RB005003	-0,2165	0,2002	L1	-0,3373	0,3723
G2	RB005014	0,1727	-0,2101	L2	-0,449	-0,5653
G3	RB005021	-0,3584	0,1768	L3	-0,3425	-0,1716
G4	RB005048	-0,2884	-0,2995	L4	-0,6148	-0,1254
G5	RB005062	-0,2037	0,0987	L5	-0,2968	0,676
G6	RB005098	-0,1375	0,2182	L6	-0,3182	0,1994
G7	RB005144	0,1151	0,1217			
G8	RB005152	-0,0686	-0,0446			
G9	RB005159	-0,1925	0,024			
G10	RB005162	-0,0466	0,0437			
G11	RB005233	-0,219	0,1622			
G12	RB005287	0,2834	0,3662			
G13	RB005399	0,1512	-0,1043			
G14	RB005460	-0,215	-0,156			
G15	RB005468	-0,2268	-0,149			
G16	RB005482	-0,0334	-0,3008			
G17	RB005498	0,0735	-0,0751	p1	210,1727	0,0001
G18	RB005609	-0,1256	0,1968	p2	-0,0006	-86,6005
G19	RB005632	0,1059	-0,1082			
G20	RB005685	0,023	0,0154			
G21	RB005695	0,0172	-0,1158			
G22	RB005715	0,2151	-0,2114			
G23	RB005730	0,1758	0,3118			
G24	RB005772	0,0884	-0,2584			
G25	RB867515	0,1361	0,289			
G26	RB92579	0,3155	0,1195			
G27	RB935744	0,2591	-0,1798			
G28	SP81-3250	-0,2019	0,0356			

De maneira geral, em MET 09, a primeira combinação linear para matriz de genótipos (p1) apresenta um contraste entre genótipos e, entre aqueles que apresentam coeficientes positivos destacam-se RB995198 (0,5856), seguido de RB995431 (0,3191) e RB995469 (0,2391). Entre os genótipos com coeficientes negativos e, portanto, inseridos em um grupo distinto, destacam-se RB995271 (-0,3935), RB995348 (-0,2771) e RB72454 (-0,2313). Vale destacar que os padrões comerciais RB867515 (0,1187) e SP81-3250 (0,0287) apesar de apresentarem sinal

positivo, não tem elevada contribuição na composição da combinação, sendo assim classificados como genótipos neutros, nesta comparação. Para a segunda comparação (p2) a principal participação na composição da combinação para pesos positivos foram de RB995198 (0,3309) e RB995123 (0,3144) RB995466 (0,2474), SP813250 também apresenta efeito positivo (0,0910). Já entre os genótipos com coeficiente negativo, destaca-se principalmente RB995164 (-0,5771), seguido por RB867515 (-0,3337) e RB99546 (-0,2087). RB72454 (-0,1440) também tem participação neste grupo. Com base na interpretação de p2 pode-se considerar que esta combinação linear indica uma comparação entre genótipos estáveis (coeficientes positivos) e genótipos rústicos (genótipos negativos), isto é evidenciado principalmente pelo comportamento dos padrões comerciais.

Ao observar os coeficientes da matriz B (locais) é possível notar que o primeiro componente (q1) corresponde novamente a uma média ponderada de todos os locais e o segundo componente (q2) trata-se de uma comparação majoritária entre L1 (Paraguaçu Paulista), cujo clima majoritariamente é Cwa, com ambiente de produção do tipo D versus L3 (Iracemópolis) também com clima Cwa, mas com classificação fitotécnica do tipo B. Nesta situação, o contraste tem tendência a comparar ambientes superiores versus inferiores de produção, segundo classificação fitotécnica proposta Prado et al. (2013). Os demais locais apresentam valores de baixa magnitude, não influenciando na composição da combinação linear. Por outro lado, ao considerar a matriz C (anos ou colheita) tem-se que a primeira componente é uma média aritmética entre os demais genótipos, todos com efeito negativo. Neste caso, a matriz G indicou que 100% da interação foi capturada, sendo q1r1 (primeiro eixo) correspondendo a 74,9% e q2r1 (segundo eixo), a 25,1%.

Diferentemente da população de MET2008, em MET2009 a representação se dá através de apenas um *jointplot* (Figura 2A), que corresponde a primeira componente de anos. Logo, os genótipos mais estáveis foram RB995019, RB995026, RB995135, RB995152, RB995265, RB995417, RB995426, RB996532 e SP813250. Considerando que todos os efeitos de anos são negativos, pode-se também verificar que os genótipos que mais contribuem para a interação foram RB867515, RB995164, RB995198, RB995419, RB995431 e RB995469 com efeito positivo e RB72454, RB995031, RB995123, RB995271, RB995285, RB995296, RB995348 e RB995466, todos com efeitos negativos para interação. Ao observar o comportamento dos locais, a identificação dos três grupos é mais clara, L1 (Cwa e

Ambiente de produção B) está localizado no quadrante superior-direito, L3 localizado no quadrante inferior-direito e os demais localizados no lado direito, em posição intermediária, próxima a posição $y=0$. Neste contexto, os genótipos RB995123, RB995296 e RB995466 são menos adaptados a região de Paraguaçu Paulista; RB72454 e RB995385, menos adaptados a Iracemópolis e RB995285, RB995348 e RB995427 menos adaptados a ambientes de clima Aw, como Barrinha, Orindiúva e Guaíra, e também a Piracicaba.

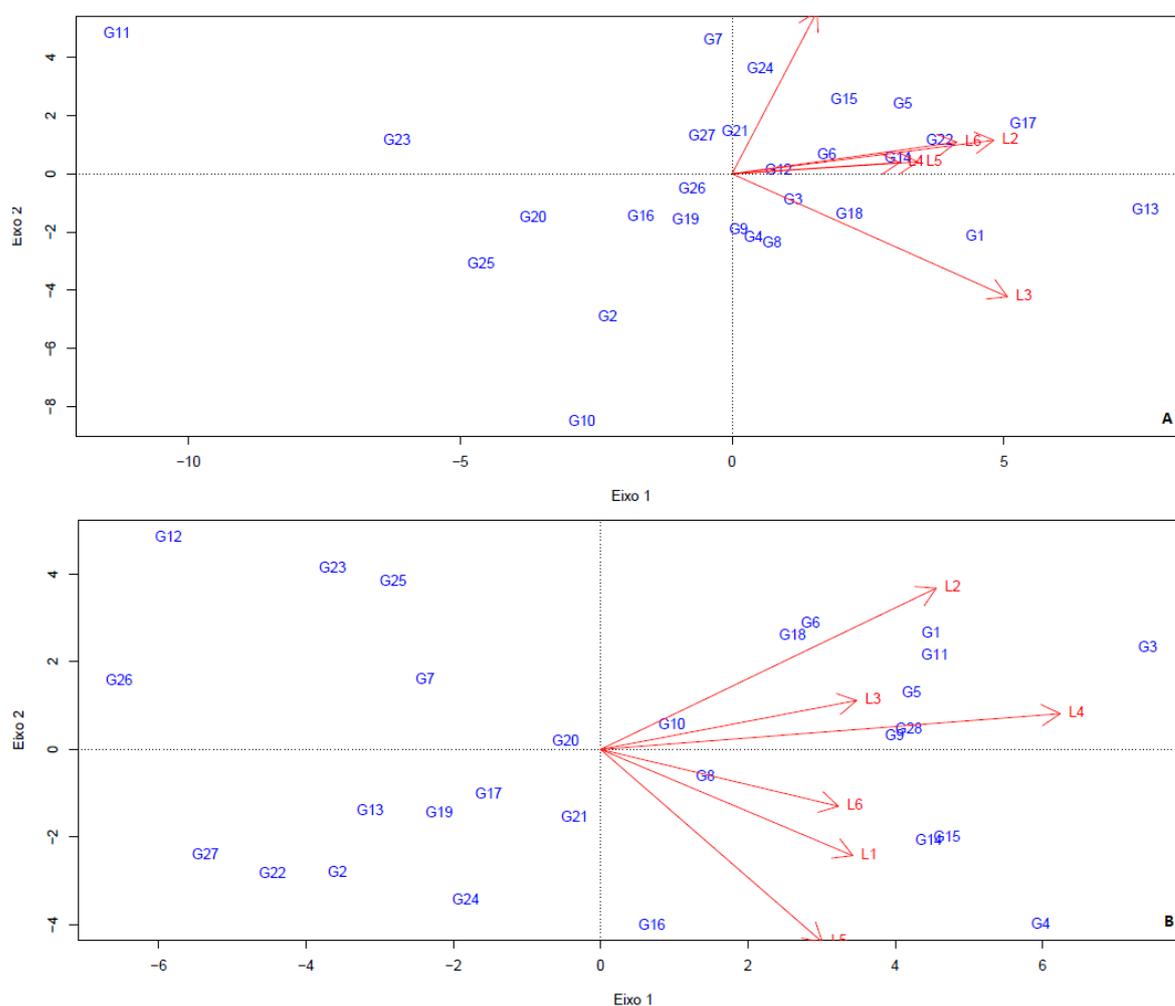


Figura 2: (A) *Joint plot* projetado na componente da matriz C em MET2009. (B) *Joint plot* projetado na componente da matriz C em MET2010.

Para MET2010, o modelo *Tucker3* também tinha $p=2$, $q=2$ e $r=1$ parâmetros (Tabela 7). Para a matriz A, p1 indica uma relação estabelecida entre os padrões comerciais RB867515, RB92579 e RB935744, com efeitos positivos, e em contraste SP81-3250, com efeito negativo. Os genótipos em avaliação dentro de MET2010,

RB005021, RB005062, RB005486, RB005460, RB005287, RB005003, apresentaram coeficientes análogos a SP81-3250; e RB005287 e RB005715 com comportamento similar aos outros três padrões comerciais. Já para a segunda componente (p2) a relação entre RB935744 (-0,1798) contrasta com os genótipos RB867515 (0,289) e RB92579 (0,1195); e SP81-3250 apresenta coeficiente próximo de zero (0,0356). Ao considerar os genótipos com coeficientes similares a RB867515 e RB92579 têm-se RB005287, RB005730, RB005098, RB005003, RB005609, além de outros genótipos que também apresentaram coeficientes positivos. Dentre os similares a RB935744 têm-se RB005482, RB005048, RB005772, RB005014 e RB005715.

Novamente, ao considerar a primeira componente de locais (q1) observa-se que esta representa a média ponderada dos ambientes considerados. Para q2, há uma comparação entre os ambientes L2 (Barrinha) com clima Aw e com ambiente de produção do tipo C e L5 (município de Assis), caracterizado por um clima do tipo Cfa, com precipitação abundante em todos os meses do ano, e ambiente de produção do tipo C. Os locais L3 (Orindiúva) e L4 (Guapiaçú) caracterizados também como Aw apresentam coeficientes negativos (-0,1716 e -0,1254, respectivamente). Por outro lado, Paraguaçu Paulista (L6) que tem clima Cwa consta no mesmo grupo de Assis (Cfa). Para a componente de anos/cortes (r1) tem-se que a combinação linear gera uma média ponderada entre os três cortes. O arranjo núcleo da primeira componente dos ambientes dentro da primeira componente de anos explica 85,49% da interação, enquanto que, cabe a segunda componente, explicar 14,51% e, juntas totalizam 100% da interação total dos dados.

Ao considerar o *joint plot* (Figura 2B) para identificar a interação entre genótipos e ambientes dentro da combinação linear r1 apenas o genótipo G20 (RB005685) apresentou alta estabilidade, enquanto os genótipos RB005152, RB005162 e RB005695 apresentaram mostraram-se instáveis ao longo dos ambientes, quando comparados a RB005685. Todos os demais contribuem altamente para a interação tripla. Uma vez que os coeficientes para os três anos são negativos, pode-se inferir que RB005159 e SP813250 interagem negativamente com a região de Guapiaçú (L4); RB005003, RB005098 e RB005609 não estão adaptados a Barrinha, mas mostraram-se mais produtivos que a média dos genótipos em Assis (L5); RB005152 interage negativamente sob condições climáticas de Paraguaçu Paulista; RB005287 e RB92579 interagem positivamente com todos os ambientes testados na série e por

isso, apresentaram as maiores médias de produção de TCH. RB005014 e RB935744 também se mostraram bastantes produtivos. Os locais L2 (Barrinha), L3 (Orindiúva), L4 (Guapiaçu), além da classificação climática em comum, localizados no quadrante superior-direito do gráfico, também apresentam localização geográfica semelhante no estado de São Paulo, ou seja, são regiões definidas a nordeste do estado, enquanto os demais estão localizados a oeste.

As diferenças observadas nesse estudo tendem a se repetir nas populações sob seleção no melhoramento da cana-de-açúcar que foram estudadas neste trabalho, uma vez que nas etapas finais os genótipos são distribuídos em diferentes ambientes, e nestes permanecem por 3 ou 4 anos agrícolas, o que permite a interpretação do comportamento dos materiais selecionados quanto a interação entre genótipos, ambientes e anos.

Há hoje, inúmeras formas de estudar essa interação, como as abordagens baseadas em análises biplot derivada de componentes principais, como AMMI e GGE (KANG, 2002; YAN; HUNT, 2002 ; CROSSA; CORNELIUS, 2002; MATTOS et al., 2013; YAN et al., 2000). Não obstante, a maioria dos trabalhos publicados baseia-se no estudo da interação entre genótipos e ambientes, mas considera ambiente apenas a reprodução desses materiais em diferentes ambientes, avaliando o genótipo apenas em um ano agrícola (FERNANDES JR. et al, 2013) ou na média dos anos (LUO et al., 2015), o que não é uma estratégia interessante para a cana-de-açúcar, que tende a permanecer no campo por vários cortes e, naturalmente, aborda um problema de com três dimensões de interação. Uma aproximação seria considerar cada combinação de local e corte como um ambiente, no entanto, em seu trabalho, Dias (2014) mostra desvantagens em utilizar uma abordagem de natureza tridimensional para uma simplificação bidimensional. Assim, modelos que realizam decomposição de arranjos tridimensionais são fundamentais para desenvolvimento destes estudos, como é o caso da decomposição da matriz de interação através do modelo *Tucker3*. Obviamente esta é uma abordagem pouco usual até o momento dentro do nosso conhecimento para análise de dados em cana-de-açúcar.

A estrutura do Programa de Melhoramento da RIDESA permite que todos os anos novas populações sob seleção sejam instaladas em diferentes ambientes, e nestes permanecem por alguns anos, o que garante a formação de inúmeros blocos de ensaios de multi-ambientes, MET. O relacionamento do Programa com outras unidades do setor produtivo, como usinas, garante que estes ensaios sejam

conduzidos anualmente. No entanto, nem sempre o mesmo local pode ser utilizado para experimentação, e por isso outras regiões são designadas para alocarem esses experimentos, permitindo, ao final, que os experimentos sejam conduzidos em diferentes unidades dentro de uma mesma macrorregião, com características climáticas semelhantes, mas que podem ter diferenças no manejo e condições locais de solo. Apesar do trabalho abordar três populações distintas, alocadas em diferentes locais, a decomposição permitiu encontrar padrões entre os locais, entre os anos e até mesmo entre os genótipos sob seleção dentro de cada MET, o que não é possível quando o estudo baseia-se apenas na interação dupla.

Ao observar a proximidade comportamental entre clones e variedades comerciais é possível ter uma ideia do comportamento desse genótipo, uma vez que a quantidade de informações disponíveis para as cultivares comerciais é muito superior. Neste caso, o uso de número maior de padrões comerciais pode contribuir para a interpretação das combinações lineares, e na predição do comportamento dos clones.

Nos três conjuntos de dados a primeira componente de locais representou a média estabelecida entre estes, indicando possivelmente que a componente da interação reflete o comportamento médio da combinação entre genótipo e local ao longo dos anos. Já a segunda componente é usualmente um contraste que reflete a classificação climática de Köppen (1928), e leva em consideração a temperatura média e o regime de chuvas, distribuído entre as seis regiões agrônomicas distintas que compõem o Estado de São Paulo (RIDESA, 2016). Entende-se que a variação genética existe para respostas das plantas aos fatores de estresse bióticos e abióticos, e os ensaios conduzidos neste trabalho mostraram que as relações entre os ambientes e os padrões de seleção estão relacionadas, principalmente, a temperatura e água, descritos na literatura como um dos principais fatores abióticos na causa das variações (ISIK et al., 2017). Mudanças rápidas de temperatura, particularmente aquelas em direção à extremidade superior do intervalo de adaptação para espécies de plantas, podem produzir mudanças dramáticas no padrão de expressão gênica (KANG, 2002). Outra fonte de variação baseia-se na classificação de ambiente de produção proposta por Prado et al. (2013), na qual o autor define como principais aspectos na composição da produtividade a disponibilidade hídrica e as propriedades físicas do solo, relacionado principalmente a capacidade de retenção de água. Em outros casos notou-se que a localização

geográfica tem relação direta na segregação desses genótipos, também explicada pelas condições macroambientais da região. No entanto esta pode ser minimizada de acordo com as condições de manejo dos experimentos.

Para os anos, apenas MET2008 apresentou duas componentes. A principal componente representou a média entre cortes, enquanto que em MET2008, a segunda componente representa o contraste entre cana-planta e socas. Esta informação é extremamente relevante no processo de seleção de genótipos estáveis, uma vez que a estabilidade e adaptação é uma informação relativa, que deve ser compreendida no todo, e não apenas observando o comportamento daquele genótipo em um único ano.

Por fim, a metodologia aplicada ao trabalho é um caso de GGE expandido para a interação tripla entre genótipos, locais e anos (GLA), ou seja, "GGLA". A importância desta metodologia está, principalmente, na revelação dos padrões entre anos, uma grande dificuldade no melhoramento de cana, uma vez que implica diretamente na seleção para rebrota. Vale ressaltar que este trabalho considerou TCH, caráter com menor herdabilidade que POL, e que conseqüentemente sofre alta influência ambiental. Obviamente que alguns materiais podem ser considerados produtivos, mas a avaliação de outros atributos são imprescindíveis a seleção, tais como resistência a doenças e pragas. Acredita-se que os estudos de interação tripla, quando incluídos a um programa de melhoramento de cana-de-açúcar torna-se, ao melhorista, uma importante ferramenta na seleção de genótipos., uma vez que permite comparar o comportamento de clones e variedades comerciais e entender a distribuição dos ambientes e formação de macrorregiões de seleção, além dos fatores climáticos que contribuem para essa segregação, como água e temperatura. Dessa forma, o conceito de definir ambientes de produção de cana-de-açúcar é usualmente relacionado para definir regiões climáticas, classificadas pela sazonalidade e valores médios anuais e mensais da temperatura do ar e da precipitação. Assim, programas de melhoramento podem nortear a definição de seus sítios de fenotipagem em etapas finais em função da regionalização Climática de Koppen, demonstrado através das três populações deste estudo.

5. Conclusões

Nas três populações avaliadas a interação tripla mostrou-se significativa, e deve, portanto, ser considerada em estudos de interação em cana-de-açúcar para uma abordagem mais completa do fenômeno. RB975385 e SP81-3250 foram os genótipos mais estáveis para os dois componentes em MET2008, e RB935744, RB985476, RB985554, RB985571 e RB985580 apresentaram, simultaneamente, elevada interação nos dois *jointplots*. Já em MET2009 os genótipos mais estáveis foram RB995019, RB995026, RB995135, RB995152, RB995265, RB995417, RB995426, RB996532 e SP813250. Em MET2010 o genótipo RB005685 apresentou alta estabilidade, enquanto os genótipos RB005152, RB005162 e RB005695 apresentaram mostraram-se instáveis ao longo dos ambientes, quando comparados a RB005685.

O coeficiente de Tucker3 indicou que a primeira combinação linear para local e anos é uma média ponderada dos níveis dos fatores e a os fatores abióticos considerados na Classificação Climática de Koppen são responsáveis pela segregação dos ambientes e seleção dos materiais vegetais.

Por fim, outra contribuição deste trabalho na interpretação dos dados das componentes gerados pela decomposição da matriz de interação está no contraste entre cana planta e socas, explicado pela habilidade de soqueira desta cultura.

6. Literatura Citada

ARAÚJO, L. B. et al. Gráficos biplot e joint plot para o estudo da interação tripla. **Ciência Rural**, v.40, n.4, 2010.

BALSALOBRE, T. et al. Mixed Modeling of Yield Components and Brown Rust Resistance in Sugarcane Families. **Agronomy Journal**, v. 108, 2016.

BUITRAGO, I. et al. Identificación de mega ambientes para potenciar el uso de genótipos superiores de arroz en Panamá. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.46, n.9, p.1601-1069, 2011.

CPA. **Centro de Pesquisas Meteorológicas e Climáticas aplicadas a agricultura**. 2018. Disponível em: <<https://www.cpa.unicamp.br/>>. Acesso em: janeiro de 2018.

CURSI, D. E. **Análise comparativa de diferentes métodos de seleção em fases iniciais do melhoramento da cana-de-açúcar**. 2016. Dissertação (Mestrado) — Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz, Piracicaba, São Paulo.

CROSSA, J.; CORNELIUS, P. L. Biplots of Linear-Bilinear Models for Studying Crossover Genotype \times Environment Interaction. **Crop Science**, p. 305-322, 2002.

DETTORI, M. et al. Three-Mode Principal Component Analysis of Genotype-by-Environment-by-Trait Data in Durum Wheat. **Journal of Crop Improvement**, 25 ed., n.6, p. 619-649, 2011.

DIAS, C. T. S. **A Metodologia AMMI: Com Aplicação ao Melhoramento Genético**. Piracicaba: ESALQ, 169p, 2014.

FERNANDES JR. et al. Adaptabilidade e estabilidade de clones de cana-de-açúcar. **Bragantia**, Campinas, v. 72, n. 3, p.208-216, 2013.

FEHR, W.R. Genotype x environment interaction. In: **Principles of Cultivar Development, Theory and Technique Macmillan Publishing Co.**, New York v.1, p. 247-258, 1987.

GABRIEL, K. R. The biplot graphical of display of matrices with application to principal components. **Biometrika**, v.58, p-253-267, 1971.

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

GAUCH, H. G. Statistical Analysis of Yield Trials by AMMI and GGE. **Crop Science**, v.46, n.4, p.1488-1500, 2006.

GAUCH, H. G.; PIEPHO, H. P.; ANNICCHIARICO, P. Statistical analysis of yield trials by AMMI and GGE: Further considerations. **Crop Science**, v.48, n.3, p.866-889, 2008.

GAUCH JR, H. G.; ZOBEL, R. W. AMMI analysis of yield trials. In: KANG, M.S.; GAUCH JR., H.G. **Genotype-by-environment interaction**, 1996, p. 85 – 122.

HONGYU, K. et al. Statistical analysis of yield trials by AMMI analysis of genotype x environment interaction. **Biometrical Letters**, v. 51, p. 89 – 102, 2014.

HONGYU, K. et al. Comparação entre modelos AMMI e GGE Biplot para os dados de ensaios multi-ambientais. **Revista Brasileira de Biometria**, São Paulo, v.33, n.2, p.139-155, 2015.

ISIK, F. et al. Genetic Data Analysis for plant and animal breeding. **Springer**. 400p., 2017.

KANG, M.S. **Genotype-by-environment interaction and plant breeding**. Louisiana State University Agricultural Center, 392 p., 1990.

KANG, M. S. Genotype–Environment Interaction: Progress and Prospects. In: **Quantitative Genetics, Genomics and Plant Breeding**, 2002.

KÖPPEN, W.; GEIGER, R. **Klimate der Erde**. Gotha: Verlag Justus Perthes. 1928.

LUO, J. et al. Biplot evaluation of test environments and identification of mega-environment for sugarcane cultivars in China. **Scientific Reports**, 2015.

MAGALHÃES, T. A. **Adaptabilidade e Estabilidade fenotípica de clones de cana-de-açúcar**. 2017. Dissertação (Mestrado) – Universidade Federal Rural de Pernambuco, Recife, Pernambuco.

MATTOS, P. H. C. et al. Evaluation of sugarcane genotypes and production environments in Paraná by GGE biplot and AMMI analysis. **Crop Breed. Appl. Biotechnol.** vol.13 no.1, 2013.

MATSUOKA, S. et al. Melhoramento da cana-de-açúcar. In: **Melhoramento de espécies cultivadas**. Universidade Federal de Viçosa, 1999, p. 205 – 252.

OLIVEIRA, R. L. **Uso dos métodos AMMI e GGE Biplot para análises de adaptabilidade e estabilidade de híbridos de milho e estratificação ambiental**. 2009. Dissertação (Mestrado) – Universidade Federal de Lavras, Minas Gerais.

PRADO, H. et al. **Solos e ambientes de produção de cana-de-açúcar na região centro-sul di brasil**. Piracicaba, 47p., 2013.

R DEVELOPMENT CORE TEAM. R: a language and environment for statistical computing. Vienna: R Foundation for Statistical Computing, Vienna, 2014.

RIDESA. **Censo varietal de cana-de-açúcar 2016/2017**. 2016. Disponível em: <<https://www.ridesa.com.br/censo-varietal>>. Acesso em: janeiro de 2018.

SCHEPERS, J.; CEULEMANS, E.; VAN MECHELEN, I. Selecting among multi-mode partitioning models of different complexities: a comparison of four model selection criteria. **Journal of Classification**, New York, v.25, p.67-85, 2008.

TIMMERMAN, M.E., KIERS, H.A.L. Three-mode principal components analysis. Choosing the numbers of components and sensitivity to local optima. **British Journal of Mathematical and Statistical Psychology**, 53 ed., p. 1–16, 2000.

TUCKER, L. R. Some mathematical notes on three-mode factor analysis. **Psychometrika**, v.31, p.279-311, 1966.

TUCKER, L. R. The extension of factor analysis to three-dimensional matrices. In: **Contributions to mathematical psychology**, New York, 1964.

VARELA, M., et al. Generalizing the site regression model to three-way interaction including multi-attributes. **Crop Science**. 49 ed., v.2, 2009.

VARELA, M. et al. Analysis of a three-way interaction including multi-attributes. **Australian Journal of Agricultural Research**, p. 1185–1193, 2006.

VERISSIMO, M. A. A. **Seleção em cana-de-açúcar avaliada em condições naturais de estresse por frio no Sul do Brasil**. 2017. Tese (Doutorado) – Universidade Federal do Paraná, Paraná.

YAN, W. et. al. Cultivar evaluation and mega-environment investigation based on the GGE Biplot. **Crop Science**, v. 40, n. 3, p. 597 – 605, 2000.

YAN, W. et al. Oat mega-environments and test-locations in Quebec. **Canadian Journal of Plant Science**, v. 91, p. 643 – 649, 2011.

YAN, W. et al. GGE Biplots vs. AMMI analysis of genotype-by-environment data. **Crop science**, v.47, n.2, p.643-655, 2007.

YAN, W.; HUNT, L. A biplot analysis of multi-environment trial data. In: KANG, M.S. **Quantitative genetics, genomics and plant breeding**, p.289-31, 2002.

YAN, W.; KANG, M. S. GGE Biplot Analysis: A Graphical Tool for Breeders, Geneticists, and Agronomists. **CRC Press**, Boca Raton, 2003.

YAN, W.; KANG, M. S.; MA, B.; WOODS, S.; CORNELIUS, P.L. GGE biplot vs. AMMI analysis of genotype-by-environment data. **Crop Science**, v.47, n.2, p.643-655, 2007.

ZOBEL, R.W, WRIGHT, M. J., GAUCH, H. G. J. Statistical analysis of a yield trial. **Agronomy**, v.80, p. 388-393, 1988.

CONSIDERAÇÕES FINAIS

No estudo acerca da repetibilidade dos genótipos sob seleção verificou-se que, de maneira geral, houve correlação negativa entre coeficiente de repetibilidade e coeficiente de variação, sendo o coeficiente de repetibilidade mais rigoroso no critério de estabelecer se um experimento está mais adequado que outro; Para número de repetições as populações analisadas têm o número de observações adequadas. Já para o número de cortes, a repetibilidade, de forma geral, é baixa, e possivelmente está atribuída a forte interação entre genótipos e corte, o que é explicada pela fisiologia da rebrota de cana-de-açúcar; Por fim, não houve associação entre o coeficiente de repetibilidade e ambientes de produção de cana-de-açúcar.

Já na análise de interação tripla, nas três populações avaliadas a interação tripla mostrou-se significativa, e deve, portanto, ser considerada em estudos de interação em cana-de-açúcar para uma abordagem mais completa do fenômeno. O coeficiente de Tucker³ indicou que a primeira combinação linear para local e anos é uma média ponderada dos níveis dos fatores e a os fatores abióticos considerados na Classificação Climática de Koppen são responsáveis pela segregação dos ambientes e seleção dos materiais vegetais. Por fim, outra contribuição deste trabalho na interpretação dos dados das componentes gerados pela decomposição da matriz de interação está no contraste entre cana planta e socas, explicado pela habilidade de soqueira desta cultura.

APÊNDICE 1

Seleção dos Modelos *Tucker3*

Tabela 1: Modelos possíveis para determinação das componentes em *Tucker3* (continua).

P	Q	R	$P \leq QR$	$R \leq PQ$	$Q \leq PR$	S
1	1	1	1	1	1	3
1	2	2	1	1	1	5
1	3	3	1	1	1	7
2	1	2	1	1	1	5
2	2	1	1	1	1	5
2	2	2	1	1	1	6
2	2	3	1	1	1	7
2	3	2	1	1	1	7
2	3	3	1	1	1	8
2	4	2	1	1	1	8
2	4	3	1	1	1	9
2	5	3	1	1	1	10
2	6	3	1	1	1	11
3	1	3	1	1	1	7
3	2	2	1	1	1	7
3	2	3	1	1	1	8
3	3	1	1	1	1	7
3	3	2	1	1	1	8
3	3	3	1	1	1	9
3	4	2	1	1	1	9
3	4	3	1	1	1	10
3	5	2	1	1	1	10
3	5	3	1	1	1	11
3	6	2	1	1	1	11
3	6	3	1	1	1	12

Tabela 1: Modelos possíveis para determinação das componentes em *Tucker3* (continua).

P	Q	R	P≤QR	R≤PQ	Q≤PR	S
4	2	2	1	1	1	8
4	2	3	1	1	1	9
4	3	2	1	1	1	9
4	3	3	1	1	1	10
4	4	1	1	1	1	9
4	4	2	1	1	1	10
4	4	3	1	1	1	11
4	5	2	1	1	1	11
4	5	3	1	1	1	12
4	6	2	1	1	1	12
4	6	3	1	1	1	13
5	2	3	1	1	1	10
5	3	2	1	1	1	10
5	3	3	1	1	1	11
5	4	2	1	1	1	11
5	4	3	1	1	1	12
5	5	1	1	1	1	11
5	5	2	1	1	1	12
5	5	3	1	1	1	13
5	6	2	1	1	1	13
5	6	3	1	1	1	14
6	2	3	1	1	1	11
6	3	2	1	1	1	11
6	3	3	1	1	1	12
6	4	2	1	1	1	12
6	4	3	1	1	1	13
6	5	2	1	1	1	13
6	5	3	1	1	1	14
6	6	1	1	1	1	13
6	6	2	1	1	1	14
6	6	3	1	1	1	15
7	3	3	1	1	1	13
7	4	2	1	1	1	13
7	4	3	1	1	1	14
7	5	2	1	1	1	14
7	5	3	1	1	1	15
7	6	2	1	1	1	15
7	6	3	1	1	1	16
8	3	3	1	1	1	14
8	4	2	1	1	1	14
8	4	3	1	1	1	15
8	5	2	1	1	1	15

Tabela 1: Modelos possíveis para determinação das componentes em *Tucker3* (conclusão).

8	5	3	1	1	1	16
8	6	2	1	1	1	16
8	6	3	1	1	1	17
9	3	3	1	1	1	15
9	4	3	1	1	1	16
9	5	2	1	1	1	16
9	5	3	1	1	1	17
9	6	2	1	1	1	17
9	6	3	1	1	1	18
10	4	3	1	1	1	17
10	5	2	1	1	1	17
10	5	3	1	1	1	18
10	6	2	1	1	1	18
10	6	3	1	1	1	19
11	4	3	1	1	1	18
11	5	3	1	1	1	19
11	6	2	1	1	1	19
11	6	3	1	1	1	20
12	4	3	1	1	1	19
12	5	3	1	1	1	20
12	6	2	1	1	1	20
12	6	3	1	1	1	21
13	5	3	1	1	1	21
13	6	3	1	1	1	22
14	5	3	1	1	1	22
14	6	3	1	1	1	23
15	5	3	1	1	1	23
15	6	3	1	1	1	24
16	6	3	1	1	1	25
17	6	3	1	1	1	26
18	6	3	1	1	1	27