UNIVERSIDADE FEDERAL RURAL DE PERNAMBUCO PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM AGRONOMIA MESTRADO EM MELHORAMENTO GENÉTICO DE PLANTAS

TALYTA AMARAL MAGALHÃES

ADAPTABILIDADE E ESTABILIDADE FENOTÍPICA DE CLONES

DE CANA-DE-AÇÚCAR

RECIFE-PE 2017

TALYTA AMARAL MAGALHÃES

ADAPTABILIDADE E ESTABILIDADE FENOTÍPICA DE CLONES DE CANA-DE-AÇÚCAR

Dissertação apresentada ao Programa de Pós-Graduação em Agronomia, Área de Concentração em Melhoramento Genético de Plantas, da Universidade Federal Rural de Pernambuco, como requisito parcial para obtenção do título de Mestre em Agronomia, Área de Concentração em Melhoramento Genético de Plantas.

COMITÊ DE ORIENTAÇÃO:

Orientadora: Profa. Dr. Gheysa Coelho Silva

Co-orientador: Profº. Dr. Francisco José de Oliveira

RECIFE-PE 2017

Dados Internacionais de Catalogação na Publicação (CIP) Sistema Integrado de Bibliotecas da UFRPE Biblioteca Central, Recife-PE, Brasil

M188a Magalhães, Talyta Amaral

Adaptabilidade e estabilidade fenotípica de clones de cana-deaçúcar / Talyta Amaral Magalhães. – 2017.

51 f.: il.

Orientadora: Gheysa Coelho Silva.

Dissertação (Mestrado) – Universidade Federal Rural de Pernambuco, Programa de Pós-Graduação em Melhoramento Genético de Plantas, Recife, BR-PE, 2017.

Inclui referências.

1. Saccharum spp. 2. Interação genótipo x ambiente 3. Cana-deaçúcar 4. Melhoramento vegetal I. Silva, Gheysa Coelho, orient. II. Título

CDD 581.15

TALYTA AMARAL MAGALHÃES

ADAPTABILIDADE E ESTABILIDADE FENOTÍPICA DE CLONES DE CANA-DE-AÇÚCAR

Dissertação defendi	ida e aprovada pela banca examinadora em: 18/07/2017
ORIENTADOR:	
	Prof. Dra. Gheysa Coelho Silva (DEPA/UFRPE)
EXAMINADORES:	
	Dr. Joao de Andrade Dutra Filho
	(CCTA/UFCG)
	Prof. Dr. José Wilson da Silva (DEPA/UFRPE)

RECIFE-PE Julho, 2017

Aos meus pais Giane Magna Amaral Magalhães e José Alfredo Neves Magalhães por todo incentivo, carinho e amor.

Aos meus avós Maria do Carmo Ferreira de Santana e Valdomiro Gomes de Santana pelas constantes orações, por todo apoio e amor.

As minhas irmãs Tatiane Amaral Magalhães e Tauana Magna Amaral Magalhães que sempre torceram pelas minhas conquistas.

Amo vocês.

DEDICO

AGRADECIMENTOS

A Deus por fazer muito além do que pedimos ou pensamos. Pelo seu amor, paz, misericórdia e graça. Por ser minha companhia constante me dando forças para continuar.

A minha mãe Giane Magna Amaral Magalhães, esta mulher guerreira e a maior incentivadora de toda a minha trajetória. Ao meu pai José Alfredo Neves Magalhães por todo carinho, confiança e amor incondicional.

A minha avó Maria do Carmo Ferreira de Santana, esta mulher sabia que sempre me escuta e ajuda com conselhos e orações. Ao meu avô Valdomiro Gomes de Santana pelas constantes orações, sem as quais eu não teria conseguido chegar até aqui.

As minhas irmãs Tatiane Amaral Magalhães e Tauana Magna Amaral Magalhães que sempre acreditaram no meu potencial.

Ao meu namorado Esdras Graça e Silva, melhor amigo e companheiro.

A minha orientadora professora Gheysa Coelho Silva pelos ensinamentos, incentivo, respeito e amizade.

Ao meu co-orientador professor Francisco José de Oliveira pelas contribuições dadas para realização deste trabalho e por sempre estar disponível a ajudar.

Ao professor Gerson Quirino Bastos por todos os ensinamentos que foram fundamentais para meu aprimoramento profissional.

A Robison da Silva Ramos por todo esforço, ajuda e conhecimento compartilhado.

Aos meus amigos do curso de Pós-Graduação, em especial Ricardo Valadares, Flávia Gomes, Gersia Gonçalves, Roberta Rocha e Carla Caroline. Obrigada por tornarem os meus dias mais alegres.

A Universidade Federal Rural de Pernambuco, pela oportunidade de realizar o curso de Pós-Graduação. A Estação Experimental de Cana-de-açúcar de Carpina (EECAC), pela concessão dos dados. Ao Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq) pela bolsa de estudo concedida.

LISTA DE TABELAS

Tabela 1. Localização, identificação dos ambientes, usinas, safras e ciclo de
cultivo, onde 14 genótipos de cana-de-açúcar foram avaliados47
Tabela 2. Resumo da análise de variância conjunta para toneladas de cana por
hectare (TCH) e toneladas de pol por hectare (TPH) de 14 genótipos de cana-
de-açúcar, avaliados em 13 ambientes, com desdobramento da interação
original GxA pelo modelo AMMI48
Tabela 3 Médias de toneladas de cana por hectare (TCH) preditas pelo modelo
AMMI2, de 14 genótipos de cana-de-açúcar, avaliados em 13 ambientes49
Tabela 4 Médias de toneladas de pol por hectare (TPH) preditas pelo modelo
AMMI2, de 14 genótipos de cana-de-açúcar, avaliados em 13 ambientes50

LISTA DE FIGURAS

Figura 1: Precipitação acumulada, durante o ciclo da cana-de-açúcar, em cada
um dos 13 ambientes localizados na Zona canavieira de Pernambuco58
Figura 2: Biplot AMMI1(A) e AMMI2(B) para toneladas de cana por hectare
(TCH) de 14 genótipos (G), avaliados em 13 ambientes (A)51
Figura 3: Biplot AMMI1(A), e AMMI2(B), para toneladas de pol por hectare (TPH)
de 14 genótipos (G), avaliados em 13 ambientes (A)51

SUMÁRIO

RESUMO	10
ABSTRACT	11
CAPITULO I	12
1. INTRODUÇÃO	13
2. REFERENCIAL TEÓRICO	14
2.1 Importância da cana-de-açúcar no cenário nacional	14
2.2 O melhoramento da cana-de-açúcar no país	16
2.3 Interação Genótipo x Ambiente	18
2.4 Adaptabilidade e Estabilidade Fenotípica	20
2.5 Método AMMI (additive main effects and multiplicative int	
analysis)	22
3. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS	27
CAPITULO II	34
RESUMO	35
ABSTRACT	35
INTRODUÇÃO	36
MATERIAL E MÉTODOS	37
RESULTADO E DISCUSSÃO	40
CONCLUSÕES	43
REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS	44

RESUMO

Para a recomendação de novas cultivares, o conhecimento da interação genótipo x ambiente (GxA) é essencial, pois, permite analisar o desempenho dos genótipos em diferentes ambiente. Os resultados destes ensaios são sintetizados por estudos de adaptabilidade e estabilidade fenotípica, que permite conhecer a capacidade produtiva, a adaptação frente as variações ambientais e a estabilidade de produção dos genótipos. O objetivo deste trabalho foi avaliar a adaptabilidade e estabilidade fenotípica de genótipos RB de cana-de-açúcar, pelo método AMMI (Additive Main Effects and Multiplicative Interaction Analysis). Os experimentos foram conduzidos em cinco unidades produtoras no estado de Pernambuco, em cultivos de cana planta, soca e ressoca, utilizando 14 genótipos RB de cana-de-açúcar sendo 11 clones RB da série 2004 (G1 ao G11) e três cultivares (G12 ao G14) RB863129, RB867515 e BR92579, como testemunhas. Cada combinação unidade produtora-corte foi considerado como um ambiente, totalizando 13 ambientes. Utilizou-se o delineamento experimental de blocos casualizados, com quatro repetições. Foram avaliadas as variáveis toneladas de cana por hectare (TCH) e toneladas de pol por hectare (TPH). A interação GxA significativa revelou alterações na classificação dos genótipos em resposta aos ambientes. O genótipo G12 apresentou adaptabilidade geral, estabilidade fenotípica e alta produtividade para as duas variáveis. Os genótipos G10, G13 e G14 apresentaram maiores produtividades, maior contribuição com a interação, indicando estabilidade específica.

Palavras-chave: interação genótipo x ambiente, melhoramento vegetal, *Saccharum* spp.

ABSTRACT

For the recommendation of new cultivars the knowledge of the interaction genotype x environment (GxA) is essential, therefore, it allows to analyze the performance of the genotypes in different environment. The results of these tests are synthesized by studies of adaptability and phenotypic stability, which allows to know the productive capacity, the adaptation to the environmental variations and the production stability of the genotypes. The objective of this work was to evaluate the adaptability and phenotypic stability of RB genotypes of sugarcane by the AMMI (Additive Main Effects and Multiplicative Interaction Analysis) method. The experiments were conducted in five production units in the State of Pernambuco, in sugarcane plantations, soca and resoca, using 14 RB sugarcane genotypes, 11 RB clones from the 2004 series (G1 to G11) and three cultivars (G12 To G14) RB863129, RB867515 and BR92579 as controls. Each combination producing-cut unit was considered as an environment, totaling 13 environments. A randomized complete block design with four replications was used. The following variables were evaluated: tons of sugarcane per hectare (TCH) and tons of pol. Per hectare (TPH). The significant GxA interaction revealed changes in the classification of genotypes in response to environments. Genotype G12 showed general adaptability, phenotypic stability and high productivity for both variables. Genotypes G10, G13 and G14 showed higher yields, higher contribution to the interaction, indicating specific stability.

Keywords: interaction genotype x environment, plant breeding, Saccharum spp.

CAPITULO I

INTRODUÇÃO GERAL

1.0 INTRODUÇÃO

O desenvolvimento de novas cultivares é uma das tecnologias que mais contribui para o aumento de produtividade, sem custos adicionais ao agricultor (Polizel et al. 2013). Todavia, a seleção de genótipos superiores é um processo lento que pode levar vários anos.

Ao avaliar um grupo de genótipos em vários ambientes, detecta-se o efeito genético, ambiental e a interação genótipo x ambiente. A interação GxA constituise um dos maiores problemas, para os programas de melhoramento, tanto nas fases de seleção, como para a recomendação de cultivares, dado que, um genótipo superior de um local, pode não atender as expectativas em um outro ambiente (Zeni Neto et al. 2008).

Para atenuar o problema da interação, os melhoristas precisam conhecer a sua magnitude e assim, realizar a recomendação de cultivares com ampla adaptabilidade e boa estabilidade, ou a recomendação regionalizada aproveitando interações positivas (Vasconcelos et al. 2010). Esta segunda opção é possível, quando a interação é quantificada corretamente e revertida em favor de maximizar a produtividade da cultura (Maia et al. 2013).

Adaptabilidade é a capacidade do genótipo de responder vantajosamente a melhoria do ambiente e estabilidade é a capacidade de manter um comportamento previsível em função das mudanças ambientais (Cruz et al. 2014).

Na literatura diversos modelos estatísticos para analisar a adaptabilidade e estabilidade fenotípica são encontrados. Os mais comuns são baseados em análise de variância, estatísticas não paramétricas, analise de regressão linear simples, modelos mistos e análises multivariadas (Silveira et al. 2012). Apesar das diversas opções, muitos pesquisadores preferem metodologias mais simples e de fácil interpretação, todavia, estas tonam-se ineficientes quando a estrutura dos dados é mais complexa (Zobel et al.1988).

Lavoranti et al. (2002) ressalta em seu trabalho que a escolha inadequada do modelo estatístico, resulta em uma análise menos criteriosa da estrutura da interação GxA, este é um dos principais problemas para a recomendação de cultivares, dado que, uma análise superficial não detalha os efeitos da complexidade da interação, consequentemente descartando genótipos

MAGALHAES, T.A. Adaptabilidade e estabilidade fenotípica de clones de cana-de-açúcar superiores. A escolha do método de análise depende dos dados experimentais, número de ambientes, da precisão requerida e da informação desejada (Cruz et

al. 2004). Nesse contexto, o enfoque tradicional univariado está sendo

substituído por modelos multivariados (Perina et al. 2010).

O modelo AMMI (additive main effects and multiplicative interaction analysis), combina os métodos univariados e multivariados, considerando os efeitos principais genótipos e ambientes como componentes aditivos e o efeito da interação como multiplicativo (Silva et al. 2011). Este utiliza a análise de variância e a decomposição dos valores singulares, numa abordagem unificada para avaliar ensaios de rendimento múltiplo (Silveira et al. 2013).

Por permitir maior detalhamento da soma de quadrados da interação SQ_{GXA}, este é superior na seleção de genótipos quando comparado aos modelos tradicionais (García-Peña e Dias 2009). Outra vantagem é a representação por gráficos biplot, em que simultaneamente observa-se os escores dos efeitos da interação para cada genótipos e ambientes, podendo dessa forma, interpretar os resultados analisando a magnitude e o sinal dos escores (Duarte e Vencovsky 1999). Além disto, é possível realizar o zoneamento agronômico, selecionar locais testes e explorar os efeitos positivos da interação (Oliveira et al. 2003).

O presente trabalho teve por objetivo avaliar a adaptabilidade e estabilidade fenotípica de genótipos de cana-de-açúcar, pelo modelo AMMI (Additive Main Effects and Multiplicative Interaction Analysis) (Zobel et al. 1988).

2.0 REFERENCIAL TEÓRICO

2.1 Importância da cana-de-açúcar no cenário nacional

O Brasil é o maior produtor de cana-de-açúcar e açúcar e o segundo de etanol no mundo (FAO 2015). A produção de cana-de-açúcar estimada para safra 2017/2018 é de 647,6 milhões de toneladas, em uma área colhida de 8,84 milhões de hectares. A produção de açúcar deverá atingir 38,70 milhões de toneladas e o etanol total 26,45 bilhões de litros. A região Nordeste será responsável por 45,84 milhões de toneladas, em uma área de 881,50 mil hectares (CONAB 2017).

A contribuição da cana-de-açúcar vai além da produção do açúcar e do álcool, os resíduos sólidos são utilizados na geração de energia térmica, mecânica e elétrica, atendendo a demanda das usinas e gerando excedentes exportáveis (CONAB 2011). Na matriz energética do país, as fontes renováveis representam 75.5%, destes, a cana-de-açúcar e seus derivados contribuem com 17% (MME 2016).

A escassez de reservas de petróleo, as mudanças climáticas e a pressão social no uso de fontes de energias limpas (menor emissão de CO2), afeta o setor agrícola aumentando a demanda por cana-de-açúcar, principalmente na produção do etanol e subprodutos (Kohlhepp 2010). Dentro desse contexto, o Brasil está ganhando destaque pelo grande potencial para agricultura de energia a partir do biocombustível (Marin e Nassif 2013).

O etanol é produzido a partir da fermentação e destilação do caldo de cana e do melaço (resíduo da produção do açúcar), já a bioeletricidade é produzida com a biomassa, derivada da queima do bagaço. As principais vantagens do uso do etanol são econômicas e ambientais. A substituição da gasolina pelo etanol reduz 90% das emissões dos gases causadores de efeito estufa; diferente de outras matérias primas como o milho, grãos e beterraba, para cada unidade de combustível fóssil são geradas 9,3 unidades de energia renovável a partir do etanol da cana, além da maior produtividade em termos de litros por hectare e do preço competitivo com a gasolina (Santini et al. 2011).

A biomassa é considerada uma das fontes de energia renovável com maior potencial de crescimento, tornando-se uma das principais alternativas para diversificar a matriz energética (ANNEL 2008). O bagaço da cana-de-açúcar possui um balanço energético positivo de oito para um, assim são gerados oito unidades de energia para cada unidade de energia utilizada para produzi-la (EPE 2008). A utilização deste, para a geração de energia elétrica, traz grandes benefícios para o Brasil, suprindo a necessidade interna de energia, colocando o país como uma grande nação produtora de energia renovável, além de usar de forma eficiente o maior dejeto da agroindústria brasileira (Santini et al. 2011).

2.2 O melhoramento da cana-de-açúcar no país

A cana-de-açúcar pertence à família *Poaceae* e ao gênero *Saccharum*, neste, ocorrem seis espécies *S. officinarum* L.; *S. robustum* Brandes e Jeswiet ex Grassl; *S. barberi* Jeswiet; *S. sinense* Roxb; *S. spontaneum* L. e *S. edule* Hassk (Matsuoka et al. 2005).

As variedades cultivadas no mundo, são híbridos interespecíficos poliploide de *Saccharum* spp, com número de cromossomos (2n>100) (Glaz et al. 2002). Na composição genética destas, ocorre a contribuição de todas as espécies citadas anteriormente, exceto da *S. edule* (Matsuoka et al. 2005). Assim, é considerada uma das culturas de maior complexidade genética, este aspecto dificulta o melhoramento da espécie (Carvalho e Furtado 2013).

Desde que foi introduzida no Brasil a cana-de-açúcar é uma das principais culturas de importância econômica para o pais. O sucesso desta atividade devese ao melhoramento genético, com seleção de novas variedades (Rosse et al. 2002). Principalmente devido à necessidade de renovar os canaviais em decorrência da degenerescência varietal, que é um declínio na capacidade produtiva provocada pela redução da fertilidade do solo e pelo efeito acumulativo de danos causados por pragas e doenças (Melo et al. 2006; Silveira 2011). Assim, existe uma necessidade constante de obter novas cultivares, com características agronômicas e industriais mais atrativas, assegurando o crescimento da produção

No Brasil existem três programas de melhoramento genético de cana-deaçúcar, a Rede Interuniversitária para o Desenvolvimento do Setor Sucroenergético (RIDESA), composto por dez universidades federais, responsáveis pelas cultivares RB; o Centro de Tecnologia Canavieira (SP-CTC) e o Instituto Agronômico de Campinas – IAC (Souza 2015). Os avanços de produtividade alcançados por estes programas foram significativos, obtendo um incremento de 30% em 30 anos (Carvalho e Furtado 2013).

A RIDESA apresenta acentuada contribuição, com 31 estações experimentais, sendo responsável por 68% das variedades cultivadas nos canaviais brasileiros (Morais et al. 2015).

As principais variedades de cana-de-açúcar lançadas pela RIDESA são RB855156, RB867515, RB966928 e RB92579. Por sua precocidade de

maturação a RB855156 é a principal variedade para colheita no início de safra. A RB867515 apresenta boa capacidade de brotação mesmo em plantio tardio sob baixas temperaturas, além de suplantar a produtividade agroindustrial de muitas outras importantes variedades. A variedade RB966928 de excelente germinação e brotação, é utilizada principalmente em áreas de plantio e colheita mecanizada. Liberada em 2003, a variedade RB92579 impactou a produtividade de cana-de-açúcar da região nordeste devido a boa recuperação após períodos de seca, sendo altamente responsiva a irrigação e muito eficiente no uso da água, apresentando vantajosa produtividade de 30% a 40% acima de outras mais cultivadas (Catálogo RIDESA 2010).

O principal objetivo dos programas de melhoramento, é o lançamento de variedades geneticamente superiores, adaptadas as regiões produtoras e melhor desempenho em campo (Melo et al. 2006). Os caracteres de maior relevância na seleção de clones são resistência a doenças e pragas; produtividade; época de maturação; teor de fibra; velocidade de crescimento e perfilhamento; ausência de florescimento; habito de crescimento ereto; despalha fácil ou natural; brotação e longevidade; adaptabilidade e estabilidade (Morais et al. 2015).

O período gasto entre as inúmeras etapas de um programa de melhoramento até o lançamento de uma variedade é de 12 a 15 anos (Landell et al. 1999). Assim o melhorista precisa conhecer as necessidades futuras da cultura em campo e do mercado.

Devido a utilização da biomassa para a produção de bioenergia e a eficiência das gramíneas tropicais na conversão de energia solar em energia química, alguns programas de melhoramento de cana-de-açúcar estão investindo no desenvolvimento da cana-energia (Morais et al. 2015). Para obtenção dessas variedades, são realizados cruzamentos entre híbridos modernos com espécies selvagens. As características desejadas são alto teor de fibra, baixo teor de sacarose e elevada produtividade de biomassa (Matsuoka et al 2010).

A RIDESA está trabalhando no desenvolvimento de dois tipos de canaenergia. O primeiro tipo mantém o teor de açúcar (15%) e aumenta a quantidade de fibra (14% para 18%), desta forma, atende as usinas produtoras de açúcar, etanol e eletricidade; o segundo tipo o teor de açúcar é reduzido (6%) elevando MAGALHAES, T.A. Adaptabilidade e estabilidade fenotípica de clones de cana-de-açúcar a quantidade de fibra (25%), para atender consumidores de vapor, calor, energia térmica e elétrica (Morais et al. 2015). Assim através dos programas de melhoramento, espera-se atender a demanda da indústria tradicional, bem como, aos novos seguimentos econômicos para a cultura.

2.3 Interação Genótipo x Ambiente

Genótipo é a composição genética de um indivíduo e o ambiente referese as condições externas que influenciam o indivíduo (Ramalho et al. 2012). Em programas de melhoramento genético de plantas, são considerados ambientes os diferentes locais, épocas ou anos de plantio, diversos níveis tecnológicos etc. (Cruz et al. 2004).

A manifestação de um fenótipo é resultado do genótipo sob influência do ambiente. Nos programas de melhoramento da cana-de-açúcar, grande número de clones são avaliados todos os anos em diversos locais, com a finalidade de indicar novas variedades para as regiões, assim detecta-se o efeito genético, ambiental e a interação GxA (Raizer e Vencovsky 1999). A interação GxA é a variação no desempenho dos genótipos, em resposta as diferenças do meio (Costa et al. 2009). Em termos genéticos, a contribuição dos alelos dos diferentes genes que controlam o caráter ou o nível de expressão dos mesmos difere entre os ambientes (Kang e Gauch 1996). Fica evidente que não há uma correlação perfeita entre genótipos e o fenótipo devido a interação, fator que dificulta a validação dos resultados quando estuda-se a herdabilidade, trazendo implicações não apenas estatísticas, mas também para o melhoramento (Anputhas et al. 2011).

Fenômeno natural que faz parte da evolução das espécies, sua ocorrência é atribuída a fatores fisiológicos e bioquímicos (Felicio et al. 2001). Na avaliação de diversos genótipos em diferentes ambientes, pode ocorrer ausência de interação, interação simples ou complexa. No primeiro os genótipos se mantém indiferentes as mudanças do meio; no segundo, os genótipos avaliados mantém a classificação nos diversos ambientes, de forma que não dificulta o trabalho dos melhoristas; no terceiro, ocorre alteração no desempenho dos genótipos, levando a mudança na classificação quanto aos mais ou menos produtivos,

MAGALHAES, T.A. Adaptabilidade e estabilidade fenotípica de clones de cana-de-açúcar influenciando na eficiência de seleção e na precisão de recomendação das cultivares (Cruz e Castoldi 1991)

Os fatores ambientais causadores da interação podem ser previsíveis ou imprevisíveis. Os fatores previsíveis são permanentes ou ocorrem de forma sistemática abrangendo também características controladas pelo homem (tratos culturais, tipo de solo, fotoperíodo); o segundo, inclui os fatores que flutuam aleatoriamente em uma região (condições climáticas, pragas e doenças) (Allard e Bradshaw 1964). Como os genótipos se desenvolvem em sistemas dinâmicos, exibem portanto um comportamento diferenciado em resposta as variações, dificultando o trabalho dos melhoristas (Cruz e Regazzi 2001).

O estudo da interação GxA é de grande importância, pois, devido esta influência mútua, um genótipo superior de um local, pode não atender as expectativas em um outro ambiente, alterando o ganho de seleção e dificultando o lançamento de cultivares de ampla adaptabilidade (Hungyu et al. 2014). Para detectar a interação GxA é necessário avaliar o material genético em dois ou mais ambientes, evitando erros na estimativa da variância genética e superestimativa dos ganhos genéticos (Sebbenn et al. 2008). Este estudo dá suporte no planejamento das estratégias de melhoramento, para assegurar a recomendação de cultivares com estabilidade fenotípica e adaptadas a um a dada região (Ramalho et al. 2012).

Os caracteres de maior interesse agronômico, normalmente são de natureza quantitativa, ou seja, controlados por muitos genes, consequentemente sofrem maior influência ambiental (Schmildt et al 2011). Estima-se que o efeito da interação na cana-de-açúcar é de 15% (Silveira et al. 2012). As variedades são avaliadas quanto a capacidade produtiva, responsibilidade e estabilidade fenotípica. Genótipos com alta capacidade produtiva em condições favoráveis são classificados como variedades responsivas; os que apresentam comportamento mediano em locais desfavoráveis e respondem a melhorias são denominados exigentes; por fim, os genótipos adaptados a ambientes desfavoráveis são classificados como rústicos (Landell e Bressiani 2010).

Assim é fundamental avaliar a magnitude da interação de forma que seja possível adotar procedimentos para minimiza-la e/ou aproveita-la (Cruz et al. 2004). O melhorista precisa conhecer os genótipos, os ambientes e os fatores que estão aumentando a interação, agrupar as regiões onde a interação é

MAGALHAES, T.A. Adaptabilidade e estabilidade fenotípica de clones de cana-de-açúcar mínima e selecionar os genótipos fenotipicamente mais estáveis para cada estrato, ou recomendar o emprego de cultivares com ampla adaptabilidade e boa estabilidade, entretanto estas são menos produtivas (Peluzio et al. 2010).

A existência das interações positivas e características ambientais previsíveis, oferece a oportunidade de aproveitar vantajosamente a interação, elevando a produtividade (Vasconcelos et al. 2010). O melhoramento da canade-açúcar procura explorar os ganhos gerados pela interação GxA, recomendando variedades comerciais para ambientes que proporcionem a melhor expressão produtiva, pois, a utilização de genótipos com adaptações especificas podem fazer a diferença entre uma boa e uma excelente variedade.

Melo et al. (2006) avaliando a interação genótipos X ciclos de colheita, de clones RB da série 94, na Região da Mata Norte de Pernambuco, constatou que o efeito de corte da cana foi altamente significativo, indicando o comportamento específico entre os genótipos nos diversos cortes de cana, de modo que, a variável tonelada de cana por hectare foi a mais influenciada pelos ciclos de colheita. Silva (2008) avaliou a magnitude da interação genótipo X ambiente e confirmou alteração no comportamento dos genótipos nos diferentes locais, sendo, todas as variáveis influenciadas pela interação, destacando número de colmos por metro.

Tiawari et al. (2011) ao avaliar o efeito da interação em clones elites de cana-de-açúcar, com o objetivo de identificar genótipos menos influenciados pela interação, observou que todos os caracteres apresentaram interação significativa, todavia, alguns genótipos apresentaram menor sensibilidade às mudanças ambientais. Silva et al. (2015) realizou a seleção de genótipos de cana-de-açúcar via interação X ciclos de colheita na Zona da Mata de Pernambuco. A predominância da fração complexa da interação, nos primeiros ciclos, sugeriu que estratégias específicas devem ser adotadas para o melhoramento e manejo dos clones nos ciclos de colheita.

2.4 Adaptabilidade e Estabilidade Fenotípica

Adaptabilidade é a capacidade do genótipo de responder vantajosamente a melhoria do ambiente e estabilidade é a capacidade de manter um

MAGALHAES, T.A. Adaptabilidade e estabilidade fenotípica de clones de cana-de-açúcar comportamento previsível em função das mudanças ambientais (Cruz et al. 2014).

Na presença da interação GxA é possível visualizar o desempenho de cada genótipo e identificar os que apresentam comportamento previsível e que respondam as alterações do meio, tanto em condições específicas como amplas (Cruz et al. 2004). Características herdáveis e estimadas por diferentes modelos estatísticos, o estudo da adaptabilidade e estabilidade é de grande interesse para os melhoristas (Piana et al. 1999).

A plasticidade fenotípica é a alteração na expressão de um dado caracter devido a mudanças ambientais (Squilassi 2003). O grau de adaptabilidade de uma variedade reflete a plasticidade fenotípica, este mecanismo permite compreender porque algumas variedades apresentam alta produtividade em diversos locais e outras desenvolvem-se bem apenas em algumas regiões (Miranda 2016). Assim variedades de ampla adaptabilidade apresentam maior plasticidade guando comparadas a cultivares regionalizadas.

A homeostase ou estabilidade biológica é a capacidade da planta de adaptar suas funções fisiológicas para manter-se estável frente as variações ambientais, desta forma, um caráter homeostático apresenta resposta fenotípica constante de um ambiente para outro (Squilassi 2003). Quantificada pela variância ambiental que mede os desvios em relação à média de cada ambiente, este tipo de estabilidade é observada em caracteres qualitativos (Borém e Miranda 2009). Na estabilidade agronômica ou dinâmica, o genótipo responde a variação de forma previsível, apresentando previsibilidade produtiva e interação mínima com o ambiente (Squilassi 2003). Associada aos caracteres quantitativos, esta é uma importante ferramenta no manejo da cana-de-açúcar (Oliveira 2013).

Embora não exista unanimidade quanto a conceituação da estabilidade biológica e dinâmica, bem como da adaptabilidade. Para o lançamento de uma nova variedade é indispensável a conjugação dessas características, para que esta seja confiável o suficiente para substituir outra (Lavoranti e Matsuoka 2001).

A indicação de genótipos considerando apenas a média geral dos ensaios, não permite separa-los para condições favoráveis e desfavoráveis, beneficiando os que destacam-se nos melhores locais, sendo assim, conhecer o comportamento possibilita avaliar o valor agronômico e identificar os que

apresentam interação mínima (Murakami et al. 2004). O genótipo ideal deve apresentar adaptabilidade geral e alta previsibilidade, respondendo vantajosamente as melhorias do meio e mantendo o bom desempenho produtivo mesmo sob condições adversas (Costa et al. 1999). Outra forma de recomendar é utilizar variedades adaptadas a ambientes específicos, aproveitando o efeito da interação (Rocha et al. 2005). Variedades regionalizadas podem ser muito úteis em ambientes de condições incomuns, de cultivo difícil ou até mesmo condições extremas.

Existem inúmeras metodologias genético-estatísticos para analisar a adaptabilidade e estabilidade, dentre os quais se pode citar: metodologias baseadas em análise de variância, analises não paramétricas, analise de regressão linear simples, dupla analise de regressão linear, analise de regressão bissegmentada, modelos mistos e análises multivariadas (Silveira et al. 2012).

A escolha do método de análise depende dos dados experimentais, número de ambientes, da precisão requerida e da informação desejada (Cruz et al. 2004). Com o objetivo de indicar novas variedades para regiões produtoras de cana, existem inúmeros trabalhos de adaptabilidade e estabilidade, com um grande número de clores, avaliados por anos em diferentes ambientes por exemplo Zeni et al. (2008), Guerra et al. (2009), Silveira et al. (2012), Verissimo et al. (2012), Silveira et al. (2013), Souza et al. (2012), Fernandes Júnior et al. (2013) e Antunes et al. (2016).

2.5 Método AMMI (additive main effects and multiplicative interaction analysis)

Ao longo dos anos, inúmeras metodologias foram e continuam sendo sugeridas para melhor avaliar a interação GxA. Alguns modelos realizam a estratificação, recomendando os genótipos para locais específicos onde a interação não é significativa; outros métodos identificam os genótipos mais estáveis para amplo uso (Duarte e Vencovsky 1999). Tais procedimentos estatísticos, evoluíram da tradicional análise conjunta, passando pela regressão linear, em seguida pelos métodos não paramétricos, chegando aos modelos multiplicativos (Peixouto 2013).

As metodologias baseadas na análise de variância foram por muito tempo uma das mais utilizadas, devido a facilidade de aplicação e de interpretação dos resultados (Babic et al. 2010). Todavia, a principal limitação deste, é a suposição da homogeneidade da variância entre os ambientes, necessária para determinar as diferenças genotípicas (Kandus et al. 2010). Por ser um modelo aditivo, descreve os efeitos principais, mas não permite visualizar os componentes que dão origem a interação (Zobel et al. 1988).

A análise de regressão linear é amplamente utilizada e revisada por vários autores, esta envolve o rendimento médio de todos os genótipos em cada ambiente, fornecendo um índice de estabilidade. Entretanto, apresenta limitações biológicas e estatísticas, a primeira ocorre quando locais de rendimento muito baixo e muito alto são incluídos na análise e o ajuste é feito considerando o desempenho nestes ambientes extremos; a segunda ocorre devido à suposição de uma relação linear na interação, quando esta é intrinsecamente multivariada (Kandus et al. 2010). Carvalho et al. (2016) afirma que esta técnica é útil apenas para avaliações preliminares, pois, apresenta grandes desvios de linearidade. Dias (2005) argumenta que se os dados não apresentarem linearidade a analise não é informativa, desta forma, a precisão é dependente dos genótipos e ambientes; outro ponto importante, é a seleção tendenciosa e a simplificação da realidade, uma vez que explica a variação devido a interação em uma única dimensão, quando esta é bastante complexa, sacrificando informações importantes. Tais procedimento também não informam sobre interações específicas positivas e negativas.

Quando os dados não atendem aos pressupostos da análise de regressão, uma alternativa é utilizar estatística não paramétrica. De fácil interpretação e matematicamente mais simples, a principal limitação desse modelo é a ausência de inferência sobre os ambientes, além de não distinguir os genótipos quanto a adaptações específicas (Silveira et al. 2012). Segundo Zobel et al. (1988) estas metodologias tonam-se ineficientes quando a estrutura dos dados é mais complexa. Utilizar analise univariada, para identificar as melhores combinações, entre, um grande número de caracteres e de genótipos, torna o procedimento impraticável. Este seria adequando se houvesse independência entre as variáveis (pouco comum na prática). Assim para

MAGALHAES, T.A. Adaptabilidade e estabilidade fenotípica de clones de cana-de-açúcar aumentar o êxito em uma avaliação, deve-se preferir analise multivariada que extrai as informações principais numa grande massa de dados (Pimentel 1990).

Com o desenvolvimento de programas computacionais e o maior acesso a estes, metodologias baseadas em análise multivariadas, tornaram-se mais acessíveis e preferencialmente utilizadas (Carvalho et al. 2016). Segundo Babic et al. (2010) através destas, é possível medir a natureza da interação em ensaios de multilocação; dividir os ambientes em regiões alvo menores; eliminar o "ruído"; resumir as informações e estruturar os dados. Yokomizo et al. 2013 afirma que tais modelos permitem explorar melhor os dados, pois, separa a variação sistemática proveniente do padrão dos dados, da variação não sistemática o "ruído". Assim, um número considerado de genótipos, respondem de forma sistemática, significante e interpretável a determinados ambientes, este é o padrão presente nos dados; o ruído refere-se a respostas imprevisíveis e não interpretáveis (Lavoranti 2003).

Entre as metodologias baseadas em análise multivariadas, o modelo AMMI (additive main effects and multiplicative interaction analysis), combina os métodos univariados e multivariados, considerando os efeitos principais genótipos e ambientes como componentes aditivos e o efeito da interação como multiplicativo (Duarte e Vencovsky 1999). Segundo Zobel et al. (1988) somente uma análise apropriada capta padrões agronômicos e estatísticos presentes na interação (GxA), neste sentido, a metodologia AMMI mostra-se promissora.

Desenvolvido por Madel (1971) e popularizado por Zobel et al. (1988) em uma abordagem mais original, considerar o efeito da interação GxA como componente multiplicativo, torna a análise mais realista em termos biológicos (Carvalho et al. 2016). Uma vez que, o número de dados usados na análise AMMI aumentam significativamente, resultando em maior precisão nas estimativas (Zobel et al.1988).

O modelo AMMI, permite identificar genótipos de alta produtividade e de adaptabilidade ampla, bem como, realiza o zoneamento agronômico para recomendações regionalizadas e seleção de locais teste (Duarte e Vencovsky 1999). Esta análise procura captar padrões na estrutura dos dados, para melhor explicar a interação; garante a seleção dos genótipos mais produtivos devido as interações positivas com ambiente; apresenta maior precisão quanto as respostas genotípicas; além da fácil interpretação gráfica (Zobel et al.1988).

Segundo Ferraudo (2013) o modelo AMMI apresenta superioridade agronômica, uma vez que, trabalha as três fontes de variação (genótipos, ambientes e interação) separadamente, ao mesmo tempo que considera-os de forma integrada, proporcionando aos pesquisadores diferentes desafios e oportunidades.

O ajuste do modelo por quadrados mínimos é obtido em duas etapas. Na primeira, os efeitos principais (parte aditiva) são ajustados por uma análise de variância comum, aplicada a matriz de médias, resultando em um resíduo não aditivo, ou seja, a interação GxA, está é em seguida analisada pela decomposição por valores singulares (DVS) da matriz da interação (Duarte e Vencovsky 1999). A (DVS) consiste em reescrever a matriz da interação, em outro sistema de eixo mais conveniente para análise, assim n-variáveis originais geram n-componentes principais, em ordem decrescente de máxima variância, deste modo, o primeiro componente principal, contêm mais informações estatísticas que o segundo e assim por diante (Moita Neto e Moita 1997).

De forma cumulativa os temos da decomposição, aproxima-se cada vez melhor da soma dos quadrados da interação original, todavia, alguns poucos primeiros termos são suficientes para explica-la, ou seja, a análise descreve a interação usando um número reduzido de eixos, consumindo poucos graus de liberdade (Duarte e Vencovsky 1999). Conforme o número de eixos usados é gerado uma família de modelos AMMIO, AMMI1,... AMMIF, no primeiro membro da família nenhum eixo da interação é ajustado, no segundo apenas o primeiro eixo da interação e assim sucessivamente (Lavoranti 2003). Um modelo que use todos os eixos torna-se mais completo, consumindo muitos graus de liberdade, todavia, o objetivo é explicar a interação reduzindo o número de eixos e descartando um resíduo adicional, pois, esta análise não tem objetivo de recuperar toda a SQ_{GXA}, consequentemente, as variações indesejáveis são adicionadas ao erro experimental (Gonçalves et al. 2009). Assim o modelo AMMI capta o padrão subjacente a interação e descarta os ruídos presentes nos dados, caracterizando os fatores genéticos e ambientais realmente envolvidos na interação (Oliveira et al. 2003).

Duarte e Vencovsky (1999) relatam dois procedimentos para definir o número de eixos. O primeiro consiste em determinar graus de liberdade, associados à parcela da SQ_{GXA} relacionado a cada membro da família, obtém-

se o quadrado médio (QM) de cada parcela, em seguida é realizado o teste F. O segundo procedimento é realizado em programas estatísticos computacionais, em que, a seleção do melhor modelo (AMM0, AMM1, ... ou AMMF) é feita através da validação cruzada. Os dados de repetições são divididos aleatoriamente em dados para o ajuste e dados de validação; um determinado modelo da família AMMI é confrontados com os dados de validação, obtendo-se a diferença dos valores. Esse procedimento é repetido várias vezes, sendo gerado um valor para cada membro da família. O membro que apresentar o menor valor é escolhido e usado na análise definitiva. Segundo Dias (2005) os procedimentos para determinar o número de componentes multiplicativos a serem retidos no modelo, ainda é um aspecto não resolvido completamente, uma vez que a inclusão excessiva de termos pode reduzir a precisão da análise.

Uma das principais vantagens do método AMMI é apresentar os resultados da análise, em um único gráfico de fácil interpretação (Gonçalves et al. 2009). No biplot AMMI1 no eixo das abscissas encontra-se as médias de genótipos e ambientes, e nas ordenadas os escores para o eixo da interação (IPCA1); no biplot AMMI2 são representados apenas o efeito da interação (IPCA1) e (IPCA2) (Duarte e Vencovsky 1999). Segundo Zobel et al. (1988) o AMMI1 capta a maior parte da SQ_{GXA}, assim concentra a maior proporção do padrão e menor ruído. Nesses gráficos, observa-se a magnitude e o sinal dos escores de genótipos e ambientar para cada eixo (Lavoranti 2003). Duarte e Vencovsky (1999) em seu trabalho descrevem como interpretar as análises: os pontos mais próximos ao eixo zero (AMMI1), ou próximo à origem (AMMI2) representam os genótipos e ambientes mais estáveis, ou seja, que menos contribuíram para a interação; a avaliação quanto à alta produtividade é feita com base nas médias dos efeitos principais, presentes no biplot AMMI1; para esta mesma análise no biplot AMMI2, é necessário fazer o ranking dos genótipos com base no primeiro gráfico.

O método AMMI separam os genótipos e ambientes em quatro grupos: 1) rendimento elevado e estáveis; 2) baixo rendimento e estáveis; 3) rendimento elevado e instáveis; 4) baixo rendimento e instáveis (Duarte e Vencovsky 1999). Além disto, é possível realizar o zoneamento agronômico, selecionar locais testes e explorar os efeitos positivos da interação (Oliveira et al. 2003). Estatisticamente mais complexo, os resultados gerados permitem interpretações

MAGALHAES, T.A. Adaptabilidade e estabilidade fenotípica de clones de cana-de-açúcar mais coerentes com a realidade, desta forma, o aumento no uso dessa técnica é devido a sua eficiência e acurácia (Lavoranti 2003).

Antunes et al. (2016) utilizou o método AMMI na avaliação de 13 clones RB em nove ambiente, constatou que os genótipos apresentaram interação com os ambientes; o clone RB996527 destacou-se em produtividade, estabilidade e ampla adaptação; e o município de Santa Rosa foi o mais produtivo. Fernandes Junior et al. (2013) avaliando clones de cana-de-açúcar utilizando o método de regressão bissegmentada e análise AMMI, observou que para a análise bissegmentada nenhum dos genótipos apresentaram os parâmetros ideais para serem recomendados, entretanto, o método AMMI classificou os genótipos RB97521, RB975157, RB975932 e RB875162, como promissores para cultivo comercial devido a sua estabilidade e adaptabilidade geral; este método também viabilizou o zoneamento agronômico agrupando os ambientes similares e destacando os mais estáveis.

Guerra et al. (2009) avaliando 14 clones precoces de cana-de-açúcar em 11 locais no estado do Pananá, em cultivo de cana planta e primeira soca, destacou o genótipo RB966928 como possível clone precoce para região Norte do Paraná devido ao desempenho satisfatório de produtividade, estabilidade e adaptabilidade. Silveira et al. (2013) avaliando 15 genótipos em nove ambientes no estado de Minas Gerais, averiguou que o genótipo RB935641 é promissor para ambientes desfavoráveis, revelando-se estável e adaptado; o genótipo RB867515 apresentou performance similar a testemunha sendo indicado para cultivo comercial. Souza et al. (2012) analisando 11 clones e 15 variedades de cana-de-açúcar, na microrregião canavieira da Zona centro de Pernambuco, concluiu que todos os genótipos apresentam potencial para fins de melhoramento, com destaque para o caráter toneladas de cana por hectare; os genótipos RB92579 e RB93509 foram os mais produtivos e de maior rentabilidade, sendo indicados para colheita no início de safra na microrregião.

3.0 Referências Bibliográficas

Allard RW e and Bradshaw AD (1964) **Implications of genotype-environmental interactions in applied plant breeding. Crop Science** 4: 503-508

ANNEL (2008) **Atlas de energia elétrica do Brasil.** Agência Nacional de Energia Elétrica. 3 ed. 17p.

Anputhas M, Samita S e Abeysiriwardena DSZ (2011) Stability and adaptability analysis of rice cultivars using environment-centered yield in two-way ANOVA model. **Communications in Biometry and Crop Science** 6: 80–86.

Antunes WRA, Schöffel ER, Silva DAS, Eicholz E e Harter A (2016) Adaptabilidade e estabilidade fenotípica de clones de cana-de-açúcar. **Pesquisa Agropecuária Brasileira** 51: 142-148.

Babic V, Babic M, Ivanovic M, Kraljevic-Balalic M e Dimitrijevic M (2010) Understanding and utilization of genotype-byenvironment interaction in maize breeding. **Genetika** 42:79-90.

Borém A e Miranda G (2009) **Melhoramento de plantas**. 5ed. Editora UFV, Viçosa, 529p.

Carvalho LCB, Damasceno-Silva KJ, Rocha MM e Oliveira GCX (2016) Evolution of methodology for the study of adaptability and stability in cultivated species. **African Journal of Agricultural Research** 11: 990-1000.

Carvalho SAD e Furtado AT (2013) O melhoramento genético de cana-de-açúcar no brasil e o desafio das mudanças climáticas globais. **Revista Gestão e Conexões** 2: 22-46.

CONAB (2011) A geração termoelétrica com a queima do bagaço de canade-açúcar no Brasil. Análise do Desempenho da Safra 2009-2010, 160p.

CONAB (2017) **Acompanhamento da safra brasileira de cana-de-açúcar.** Monitoramento Agrícola- Cana-de-Açúcar — Safra 2017/18, 62p.

Costa EG, Espindola SMCG, Lima PC, Bisinotto FF, Cavalcante AK e Hamawaki OT (2009) Rendimento produtivo de linhagens de soja em Uberaba-MG. **FAZU em Revista** 6:40-44.

Costa JG, Marinho JTS, Pereira RCA, Ledo FJS e Moraes RNS (1999) Adaptabilidade e estabilidade da produção de cultivares de milho recomendadas para o estado do Acre. **Ciência e Agrotecnologia** 23: 7-11.

Cruz CD e Castoldi FL (1991) Decomposição da interação genótipo x ambiente em partes simples e complexas. **Revista Ceres** 38: 422-430.

Cruz CD e Regazzi AJ. (2001) **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. 2ed. Editora UFV, Viçosa, 390 p.

Cruz CD, Carneiro PCS e Regazzi AJ (2014) **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético.** 3ed. rev. Editora UFV, Viçosa, 668p.

Cruz CD, Regazzi AJ e Carneiro PCS (2004) **Modelos Biométricos Aplicados ao Melhoramento Genético.** 3ed. rev. Editora UFV, Viçosa, 480p.

Dias CTS (2005) **Métodos para escolha de componentes em modelo de efeito principal aditivo e interação multiplicativa (AMMI).** Tese (Dourado em Ciências Exatas) – Universidade de São Paulo, 80p.

Duarte JB e Vencovsky R (1999) **Interação genótipo x ambiente uma introdução à análise "AMMI"**. Sociedade Brasileira de Genética, Ribeirão Preto, 60p.

Dultra Filho JA, Junior TC e Simões Neto DE (2015) Genetic analyses, phenotypic adaptability and stability in sugarcane genotypes for commercial cultivation in Pernambuco. **Genetics and Molecular Research** 14: 12102-12110.

EPE (2008) **Perspectivas para o etanol no Brasil.** Caderno de Energia EPE, 62p.

FAO (2015) Perspectivas agrícolas no Brasil: desafios da agricultura brasileira 2015-2024, 54p.

Felicio JC, Camargo CEO, Ferreira Filho AWP e Gallo PB (2001) Avaliação de genótipos de triticale e trigo em ambientes favoráveis e desfavoráveis no estado de São Paulo. **Bragantia** 2: 83-91.

Fernandes Júnior AR, Andrade JAC, Santos PC, Hoffmann HP, Chapola GC, Carneiro MS e Cursi DE (2013) Adaptabilidade e estabilidade de clones de cana-de-açúcar. **Bragantia** 72: 208-216.

Ferraudo GM (2013) Comparação de modelos mistos, AMMI e Eberhart-Russel via simulação no estudo da interação genótipo x ambiente em canade-açúcar. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Universidade Estadual Paulista, 115p.

García-Penã e Dias CTS (2009) Análise dos modelos aditivos com interação multiplicativa (ammi) bivariados. **Revista Brasileira de Biometria** 27: 586-602.

Glaz B, Edme SJ, Miller JD, Milligan SB, Holder DG (2002) Sugarcane cultivar response to high summer water tables in the Everglades. **Agronomy Journal** 94: 624-629.

Gonçalves JGR, Chiorato AF, Perina EFC e Carbonell SAM (2009) Estabilidade fenotípica em feijoeiro estimada por análise AMMI com genótipo suplementar. **Bragantia** 68: 863-871.

Guerra EP, Oliveira RA, Daros E, Zambon JLC, Ido OT e Bespalhok Filho JC (2009) Stability and adaptability of early maturing sugarcane clones by AMMI analysis. **Crop Breeding and Applied Biotechnology** 9: 260-267.

Hungyu K, García-Penã, Araújo LB e Dias CTS (2014) Statistical analysis of yield trials by AMMI analysis of genotype \varkappa environment interaction. **Biometrical Letters** 51: 89-102.

Kandus M, Almorza D, Ronceros RB e Salerno JC (2010) Statistical models for evaluating the genotype-environment interaction in maize (*Zea mays* L.) **International Journal of Experimental Botany** 79: 39-46.

Kang MS e Gauch Júnior HG (1996) Genotype by environment interaction. Nem York: CRC 416p.

Kohlhepp G. (2010) Análise da situação da produção de etanol e biodiesel no Brasil. Estudos Avançados 24: 223-253.

Landell MGA, Alvarez R, Zimback L, Campana MP, Silva MA, Pereira JCVNA, Perecin D, Gallo PB, Martins ALM, Kanthack RAD, Figueiredo P e Vasconcelos ACM (1999) Avaliação final de clones IAC de cana-de-açúcar da série 1982, em latossolo roxo da região de Ribeirão Preto. **Bragantia** 58: 269-280.

Landell, MGA, Bressiani JA (2010) Melhoramento genético, caracterização e manejo varietal. In: Dinardo-Miranda LL, Vasconcellos ACM e Landell MGA (Ed.). **Cana-de-açúcar**. Campinas: IAC, p. 101-155.

Lavoranti NA e Matsuoka S (2001) Combinação de métodos paramétricos e nãoparamétricos na análise de estabilidade de cultivares de cana-de-açúcar. **Pesquisa Agropecuária Brasileira** 36: 653-658.

Lavoranti OJ (2003) **Estabilidade e adaptabilidade fenotípica através da reamostragem "Bootstrap" no modelo AMMI.** Tese (Doutorado em Agronomia) – Universidade de São Paulo, 184p.

Lavoranti OJ, Dias CTS e Vencovsky R (2002) Estudo da adaptabilidade e estabilidade fenotípica de progênies de *Eucalyptus grandis* via metodologia AMMI. **Boletim de** *Pesquisa* **Florestal** 44: 107-124.

Maia MCC, Vello NA, Araújo LB, Dias CTS, Oliveira LC e Rocha MM (2013) Interação genótipo x ambiente com uso da análise de componentes principais para populações de soja selecionadas para resistência a insetos. **Revista Brasileira de Biometria** 31: 13-27.

Marin F e Nassif DSP (2013) Mudanças climáticas e a cana-de-açúcar no Brasil: Fisiologia, conjuntura e cenário futuro. **Revista Brasileira de Engenharia Agrícola e Ambiental** 17: 232–239.

Matsuoka S, Bressiani J, Maccheroni W e Fouto I (2010) Bioenergia da cana. In Santos F, Borém A and Caldas C (eds.) **Cana-de-açúcar: bioenergia, açúcar e álcool: tecnologia e perspectivas**. Editora Suprema, Visconde do Rio Branco, p.487-517.

Matsuoka S, Garcia AAF e Arizono H (2005) Melhoramento da cana-de-açúcar. In: Borém A. (ed). **Melhoramento de espécies cultivadas**. Editora UFV, Viçosa, p.225-274.

Melo LJOT, Oliveira FJ, Bastos GQ, Anunciação Filho CJ e Reis OV (2006) Interação genótipo x ciclos de colheita de cana-de-açúcar da zona da mata norte de Pernambuco. **Bragantia** 65: 197-205.

Miranda AC (2016) Caracterização e comparação da diversidade genética de populações de *eucalyptus grandis* por meio de marcadores moleculares e características quantitativas. Tese (Doutorado em Ciência Florestal) - Universidade Estadual Paulista, 84p.

MME (2016) **Balanço energético nacional 2016.** Empresa de Pesquisa Energética, 296p.

Moita Neto JM e Moita GC (1997) Uma introdução à análise exploratória de dados multivariados. **Química Nova** 21: 467-469.

Morais LK, Cursi DE, Santos JM, Sampaio M, Câmara TMM, Silva PA, Barbosa GV, Hoffmann HP, Chapola RG, Fernandes Junior AR e Gazaffi R (2015) **Melhoramento genético da cana-de-açúcar.** Disponível em: https://www.bdpa.cnptia.embrapa.br. Acesso em 02 abr. 2017.

Murakami DM, Cardoso AA, Cruz CD e Bizão N (2004) Considerações sobre duas metodologias de análise de estabilidade e adaptabilidade. **Ciência Rural** 34:71-78.

Oliveira AB, Duarte JB e Pinheiro JB (2003) Emprego da análise AMMI na avaliação da estabilidade produtiva em soja. **Revista Pesquisa Agropecuária** 38: 357-364.

Oliveira RS (2013) **Fatores edafoclimáticos determinantes da interação de genótipos com ambientes em cana-de-açúcar**. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Universidade Federal de Goiás, 75p.

Peixouto LS (2013) **Proposta de análise de fatores na matriz G+GA via modelos mistos em multiambientes.** Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Universidade Federal de Lavras, 124p.

Peluzio JM, Afférri FS, Monteiro FJF, Melo AV e Pimenta RS (2010) Adaptabilidade e estabilidade de cultivares de soja em várzea irrigada no Tocantins. **Revista Ciência Agronômica** 41: 427-434.

Perina EF, Carvalho CRL, Chiorato AF, Gonçalves JGR e Carbonell SAM (2010) Avaliação da estabilidade e adaptabilidade de genótipos de feijoeiro (*Phaseolus vulgaris* I.) baseada na análise multivariada da "performance" genotípica. *Ciência* e Agrotecnologia 34: 398-406.

Piana CDB, Antunes IF, Silva JGC e Silveira EP (1999) Adaptabilidade e estabilidade do rendimento de grãos de genótipos de feijão. **Pesquisa Agropecuária Brasileira** 34: 553-564.

Pimentel GF (2000) **Estatística experimental.** Editora Nobel SA, Piracicaba, 240p.

Polizel AC, Juliatti FC, Hamawaki OT, Hamawaki RL e Guimarães SL (2013) Adaptabilidade e estabilidade fenotípica de genótipos de soja no estado do Mato Grosso. *Bioscience Journal* 29: 910-920.

Raizer AJ e Vencovsky R (1999) Estabilidade fenotípica de novas variedades de cana-de-açúcar para o estado de São Paulo. **Pesquisa Agropecuária Brasileira** 34: 2241-2246.

Ramalho MAP, Santos JB, Pinto CABP, Souza EA, Gonçalves FMA e Souza JC (2012) **Genética na agropecuária**. Editora UFLA, Lavras, 566p.

RIDESA (2010) Catálogo Nacional de Variedade (RB) de cana-de-açúcar. Disponível em

http://media.wix.com/ugd/097ffce328a69f7b78434088b21262cab3c75f.pdf. Acesso em 05 mai. 2017.

Rocha RB, Muro-Abad JI, Araújo EF e Cruz CD (2005) Avaliação do método centróide para estudo de adaptabilidade ao ambiente de clones de *Eucalyptus grandis*. **Ciência Florestal** 15: 255-266.

Rosse LN, Vencovsky R e Ferreira DF (2002) Comparação de métodos de regressão para avaliar a estabilidade fenotípica em cana-de-açúcar. **Pesquisa Agropecuária Brasileira** 37: 25-32.

Santini GA, Pinto LB e Queiroz TR (2011) Cana-de-açúcar como base da matriz energética nacional. **Revista Política Agrícola** 1: 89-99.

Schmildt ER, Nascimento AL, Cruz CD e Oliveira JAR (2011) Avaliação de metodologias de adaptabilidade e estabilidade de cultivares de milho. **Acta Scientiarum Agronomy** 33: 51-58.

Sebbenn AM, Bôas OV e Maz JCM (2008) Altas herdabilidades e ganhos na seleção para caracteres de crescimento em teste de progênies de polinização aberta de *Pinus elliottii* engelm var. *elliottii*, aos 25 anos de idade em assis-sp*. **Revista do Instituto Florestal** 20: 95-102.

Silva MA (2008) Interação genótipo X ambiente e estabilidade fenotípica de cana-de-açúcar em ciclo de cana de ano. **Bragantia** 67: 109-117.

Silva GC, Oliveira FJ, Melo LJOT (2015) Seleção de genótipos de cana-deaçúcar via interação X ciclos de colheita na Zona da Mata de Pernambuco. **Revista Brasileira de Ciências Agrárias** 10: 184-188;

Silva ET, Souza EP, Santos RS e Barbosa MS (2011) A engenharia genética aplicada no melhoramento da cana-de-açúcar: uma nova alternativa para a produção de biodiesel de segunda geração. **Revista da Universidade Vale do Rio Verde** 9: 03-23.

Silveira LCI (2011) Adaptabilidade e estabilidade de clones de cana-deaçúcar no estado de Minas Gerais. Dissertação (Mestrado em Produção Vegetal) – Universidade Federal do Paraná, 60p.

Silveira LCI, Kist V, Paula TOM, Barbosa MHP, Oliveira RA e Daros E (2012) Adaptabilidade e estabilidade fenotípica de genótipos de cana-de-açúcar no estado de Minas Gerais. **Ciência Rural** 42: 587-593.

Silveira LCI, Kist V, Paula TOM, Barbosa MHP, Peternelli LA e Daros E. (2013) AMMI analysis to evaluate the adaptability and phenotypic stability of sugarcane genotypes. **Scientia Agricola** 70: 27-32.

Souza MSXA (2015) Adaptabilidade e estabilidade de genótipos de cana-deaçúcar nos estados de goiás e minas gerais pelo método GGEbiplot. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas) - Universidade Federal de Lavras, 68p.

Souza PHN, Bastos GQ, Anunciação Filho CJ, Dutra Filho JÁ e Machado PR (2012) Avaliação de genótipos de cana-de-açúcar para início de safra na Microrregião Centro de Pernambuco. **Revista Ceres** 59: 677-683.

Squilassi MG (2003) Interação de genótipos com ambientes. Embrapa Tabuleiros Costeiros, 47p. Disponível em http://www.cpatc.embrapa.br. Acesso em 05 abr. 2017.

Tiawari DK, Pandey P, Singh RK, Singh SP e Singh SB (2011) **Genotype x** Environment Interaction and Stability Analysis in Elite Clones of Sugarcane (S accharum officinarum L.). International Journal of Plant Breeding and Genetics 5: 93-98.

Vasconcelos ES, Reis MS, Cruz CD, Sediyama T e Scapim CA (2010) Adaptability and stability of semilate and late maturing soybean genotypes in Minas Gerais state. **Acta Scientiarum. Agronomy** 32: 411-415.

Verissimo MAA, Silva DAS, Aires RF, Daros E e Panziera W (2012) Adaptabilidade e estabilidade de genótipos precoces de cana-de-açúcar no Rio Grande do Sul. **Pesquisa Agropecuária Brasileira** 47: 561-568.

Yokomizo GK, Duarte JB, Vello NA e Unfried JR (2013) Análise AMMI da produtividade de grãos em linhagens de soja selecionadas para resistência à ferrugem asiática. **Pesquisa Agropecuária Brasileira** 48: 1376-1384.

Zeni Neto H, Daros E, Zambon JLC, Bespalhok Filho JC, Oliveira RA e Weber H (2008) Adaptabilidade e estabilidade fenotípica de clones precoces de cana-deaçúcar no estado do Paraná. **Scientia Agraria** 9: 283-289.

Zobel RW, Wright MJ e Gauch HGJ (1988) Statistical analysis of a yield trial. **Published in Agronomy** 80: 388-393.

CAPITULO II

ADAPTABILIDADE E ESTABILIDADE FENOTÍPICA DE GENÓTIPOS RB DE CANA-DE-AÇÚCAR PELO MÉTODO AMMI

ADAPTABILIDADE E ESTABILIDADE FENOTÍPICA DE GENÓTIPOS RB DE CANA-DE-AÇÚCAR PELO MÉTODO AMMI

RESUMO

O objetivo deste trabalho foi avaliar a adaptabilidade e estabilidade fenotípica de genótipos RB de cana-de-açúcar, pelo método AMMI (Additive Main Effects and Multiplicative Interaction Analysis). Os experimentos foram conduzidos em cinco unidades produtoras no estado de Pernambuco, em cultivos de cana planta, soca e ressoca, utilizando 14 genótipos RB de cana-deacúcar, sendo 11 clones RB da série 2004 (G1 ao G11) e três cultivares (G12 ao G14) RB863129, RB867515 e BR92579, como testemunhas. Cada combinação unidade produtora-corte foi considerado como um ambiente, totalizando 13 ambientes. Utilizou-se o delineamento experimental de blocos casualizados, com quatro repetições. Foram avaliadas as variáveis toneladas de cana por hectare (TCH) e toneladas de pol por hectare (TPH). A interação GxA significativa revelou alterações na classificação dos genótipos em resposta aos ambientes. O genótipo G12 apresentou adaptabilidade geral, estabilidade fenotípica e alta produtividade para as duas variáveis. Os genótipos G10, G13 e G14 apresentaram maiores produtividades, maior contribuição com a interação, indicando adaptabilidade específica.

Palavras-chave: interação genótipo x ambiente, melhoramento vegetal, *Saccharum* spp.

ADAPTABILITY AND PHENOTYPIC STABILITY OF RB GENOTYPES OF SUGARCANE BY THE AMMI METHOD

ABSTRACT

The objective of this work was to evaluate the adaptability and phenotypic stability of RB genotypes of sugarcane by the AMMI (Additive Main Effects and Multiplicative Interaction Analysis) method. The experiments were conducted in five production units in the State of Pernambuco, in sugarcane plantations, soca and ressoca, using 14 RB sugarcane genotypes, 11 RB clones from the 2004 series (G1 to G11) and three cultivars (G12 To G14) RB863129, RB867515 and BR92579 as controls. Each combination producing-cut unit was considered as

an environment, totaling 13 environments. A randomized complete block design with four replications was used. The following variables were evaluated: tons of cane per hectare (TCH) and tons of pol. Per hectare (TPH). The significant GxA interaction revealed changes in the classification of genotypes in response to environments. Genotype G12 showed general adaptability, phenotypic stability and high productivity for both variables. Genotypes G10, G13 and G14 presented higher yields, greater contribution to the interaction, indicating specific adaptability.

Keywords: Interaction genotype x environment, plant breeding, *Saccharum* spp.

INTRODUÇÃO

O Brasil é o maior produtor mundial de cana-de-açúcar há mais de 30 anos (FAO 2015). A produção de cana-de-açúcar estimada para safra 2017/2018 é de 647,6 milhões de toneladas de cana; 38,70 milhões de toneladas de açúcar e 26,45 bilhões de litros de etanol (CONAB 2017). Tais resultados se devem principalmente ao melhoramento genético da espécie, na busca por genótipos mais produtivos, de alta qualidade e adaptados às diversas condições edafoclimáticas (Silva et al. 2011).

Para a recomendação de cultivares, é necessário realizar ensaios de competição em diversos ambientes e estimar a magnitude da interação genótipo x ambiente (GxA). O efeito da interação (GxA) sobre o desempenho dos genótipos, é de grande importância, visto que, cada genótipo apresenta uma capacidade inerente de responder as mudanças ambientais (Pinto et al. 2011). Tal fenômeno representa uma barreira ao ganho de seleção e a recomendação de cultivares (Andrade et al. 2013). Desta forma, para atenuar tais efeitos, os melhoristas precisam realizar a recomendação de cultivares com ampla adaptabilidade e boa estabilidade, ou a recomendação regionalizada, visto que, interações positivas associadas a previsibilidade ambiental representa uma oportunidade de exploração comercial (Vasconcelos et al. 2010).

Adaptabilidade é a capacidade do genótipo de responder vantajosamente a melhoria do ambiente e estabilidade é a capacidade de manter um comportamento previsível em função das mudanças ambientais (Cruz et al. 2014). A qualidade das cultivares é resultado do conhecimento científicos

MAGALHAES, T.A. Adaptabilidade e estabilidade fenotípica de clones de cana-de-açúcar adquirido ao longo dos anos, principalmente através dos trabalhos de competição e das metodologias estatísticas utilizadas nessas análises, que permite alocação otimizada dos genótipos nos vários ambientes (Pereira et al. 2009).

Na literatura existem diversos modelos estatísticos para analisar a adaptabilidade e estabilidade fenotípica, os mais comuns são baseados em análise de variância, estatísticas não paramétricas, analise de regressão linear simples, modelos mistos e análises multivariadas (Silveira et al. 2012). O modelo AMMI (additive main effects and multiplicative interaction analysis), combina os métodos univariados e multivariados, considerando os efeitos principais genótipos e ambientes como componentes aditivos e o efeito da interação como multiplicativo (Silva et al. 2011). Utiliza a análise de variância e a decomposição dos valores singulares, numa abordagem unificada para avaliar ensaios de rendimento múltiplo (Silveira et al. 2013).

Este método permite identificar genótipos de alto rendimento e amplamente adaptados; realizar o zoneamento agronômico; selecionar locais testes; explorar os efeitos positivos da interação; eliminar o ruído da interação e apresentar os resultados da análise, em um único gráfico biplot de fácil interpretação (Duarte e Vencovsky 1999). Existem na literatura inúmeros trabalhos de adaptabilidade e estabilidade utilizando o modelo AMMI Guerra, et al. (2009); Silva et al. (2011); Verissimo et al. (2012); Silveira et al. (2012); Souza et al. (2012); Andrade et al. (2013); Fernandes Júnior et al. (2013); Silveira et al. (2013) e Antunes et al. (2016).

O presente trabalho teve por objetivo avaliar a adaptabilidade e estabilidade fenotípica de genótipos RB de cana-de-açúcar, pelo método AMMI (Additive Main Effects and Multiplicative Interaction Analysis).

MATERIAL E MÉTODOS

Foram avaliados 14 genótipos de cana-de-açúcar, sendo 11 clones RB da série 2004 (G1 ao G11) e três cultivares (G12 ao G14) RB863129, RB867515 e RB92579, como testemunhas. Os experimentos foram conduzidos em cinco unidades produtoras na Zona da Mata de Pernambuco, em cultivo de cana planta, soca e ressoca. Cada combinação unidade produtora - corte foi

considerado como um ambiente, totalizando 13 ambientes (Tabela 1). Foram analisados os dados fenotípicos de produtividade das safras 2010/2011, 2011/2012 e 2012/2013, obtidos de experimentos de avaliação de clones de cana-de-açúcar, implantados pela Estação Experimental de Cana-de-açúcar do Carpina (EECAC), conduzidos pela Rede Interuniversitária para o Desenvolvimento do Setor Sucroenergético (Ridesa) e disponibilizados pelo Programa de Melhoramento Genético da Cana-de-açúcar (PMGCA) da Universidade Federal Rural de Pernambuco (UFRPE).

Os experimentos foram conduzidos em delineamento em blocos completos casualizados, com quatro repetições. A parcela experimental foi composta de cinco linhas de 8,0m de comprimento, espaçadas a 1,0 m, apresentando área total 40 m².

O plantio foi realizado no mês de julho de 2010, utilizando o sistema convencional de cultivo da cultura, com a distribuição (manual) das canas sementes, com três gemas, ao longo dos sulcos, com profundidade de 30 a 40 cm, totalizando 18 gemas m-1. O manejo para o controle de plantas daninhas, pragas e doenças foi realizado de acordo com o recomendado para a cultura, e a adubação conforme a análise química do solo de cada local. Procedeu-se com a colheita da cana-planta aos 15 meses de idade, primeira-soca e segunda-soca aos 12 meses, respectivamente. As variáveis avaliadas foram toneladas de cana por hectare (TCH), calculada por meio da transformação do peso total dos colmos das parcelas em toneladas por hectare, e toneladas de pol por hectare (TPH), obtido através da multiplicação do TCH pelo percentual de sacarose aparente (PC), este é quantificado pela amostragem de dez canas por parcelas, segundo Fernandes (2003).

Foram realizadas as análises de variância individual para cada ambiente, segundo modelo $Y_{ij} = \mu + G_i + B_j + \varepsilon_{ij}$, em que, Y_{ij} é o valor observado do iésimo genótipo no j-ésimo bloco; μ é a média geral do experimento; G_i é o efeito do i-ésimo genótipo; B_j é o efeito do j-ésimo bloco e ε_{ij} é o erro aleatório associado à observação Y_{ij} . Logo após, procedeu-se com a análise conjunta considerando o efeito do genótipo como fixo e do ambiente como aleatório, segundo modelo $Y_{ijk} = \mu + G_i + A_j + GA_{ij} + \varepsilon_{ijk}$, em que, Y_{ijk} é o valor observado do k-ésimo bloco do i-ésimo genótipo no j-ésimo ambiente; μ é a

MAGALHAES, T.A. Adaptabilidade e estabilidade fenotípica de clones de cana-de-açúcar média geral; G_i é o efeito do i-ésimo genótipo; A_j é o efeito do j-ésimo ambiente; GA_{ij} é o efeito da interação do i-ésimo genótipo com o j-ésimo ambiente e E_{ijk} é o erro aleatório associado à observação Y_{ijk} .

Segundo Pimentel (2000), quando a razão entre maior e menor quadrado médio residual (QMr) é menor que sete, estas são homogêneas. Todavia, devido à falta de homogeneidade procedeu-se com os ajustes dos graus de liberdade do erro médio e da interação (GxA) conforme o método de Cochran (1954). O efeito significativo da interação GxA pelo teste de F na análise de variância conjunta, revelou o comportamento diferenciado dos genótipos diante da variação ambiental.

A adaptabilidade e estabilidade fenotípica foi avaliada pelo modelo AMMI (Additive main effects and multiplicative interaction analysis). Conforme o modelo descrito por Duarte e Vencovsky (1999): $\gamma_{ij} = \mu + g_i + a_j + \sum_{k=1}^n \lambda_k \gamma_{ik} \alpha_{jk} + \rho_{ij} + \varepsilon_{ij}$, em que, Y_{ij} é a resposta média do genótipo i no ambiente j; μ é a média geral; g_i é o efeito fixo do genótipo i; q_i é o efeito aleatório do ambiente j. A interação é modelada pelos fatores: λ_k que é o valor singular do k-esimo componente principal da interação (IPCA); y_{jk} é o valor singular do j-ésimo ambiente no k-ésimo IPCA; q_{ik} é o valor singular do i-ésimo genótipo no k-ésimo IPCA; ρ_{ij} é o resíduo da interação GxA ou resíduo AMMI (ruído presente nos dados); ε_{ij} é o erro experimental médio. k é o índice que se refere aos eixos principais da avaliação dos componentes principais (ACP) aplicada à matriz da interação (GxA); n é o número de eixos ou componentes principais selecionados para descrever o padrão da interação.

A análise AMMI gera uma família de modelos AMMIO, AMMI1,... AMMIF conforme o número de eixos usados, no entanto, alguns poucos primeiros termos são suficientes para explicar a interação (Duarte e Vencovsky, 1999). A soma dos quadrados da interação (SQ_{GXA}) foi decomposta em onze (IPCA), entretanto, os modelos AMMI1 e AMM2, foram preferidos para interpretação e visualização dos resultados. A interpretação do gráfico biplot foi realizada conforme Duarte e Vencovsky (1999) os pontos mais próximos ao eixo zero (AMMI1), ou próximo à origem (AMMI2) foram classificados como os genótipos e ambientes mais estáveis, ou seja, que menos contribuíram para a interação; a avaliação quanto à alta produtividade foi feita com base nas médias dos efeitos principais,

MAGALHAES, T.A. Adaptabilidade e estabilidade fenotípica de clones de cana-de-açúcar presentes no biplot AMMI1; para esta mesma análise no biplot AMMI2, foi necessário fazer o ranking dos genótipos com base no primeiro gráfico.

As análises de variância e adaptabilidade e estabilidade fenotípica foram realizadas utilizando-se o programa GENES (Cruz 2013).

RESULTADO E DISCUSSÃO

A análise de variância conjunta revelou diferenças altamente significativas (P≤0,01), pelo teste F, entre os genótipos (G), ambientes (A) e interação GxA, para toneladas de cana por hectare (TCH) e toneladas de pol por hectare (TPH) (Tabela 2). A magnitude de variação para ambientes foi superior às demais fontes, podendo assim inferir que estes contribuíram de modo mais relevante para as variações na produtividade. Mattos et al. (2013) relatou que em ensaios multi-ambientais, os ambientes explicam a maior parte da variação. A interação GxA significativa revelou alterações no desempenho dos genótipos em resposta as diferenças do meio, justificando a aplicação das análises de adaptabilidade e estabilidade. Verissimo et al. (2012) enfatiza a importância do estudo detalhado da interação para que esta seja controlada ou utilizada positivamente.

As médias das variáveis tonelada de cana por hectare (TCH) e tonelada de pol por hectare (TPH) foram 64,17t ha⁻¹ e 8,87 t ha⁻¹, respectivamente (Tabela 3 e 4). Estes valores são inferiores se comparados com outros trabalhos conduzidos com clones RB (Silveira et al. 2012; Fernandes Junior et al. 2013; Silveira et al. 2013; Antunes et al. 2016), todavia, estes diferem na série de clones, nos ambientes e anos agrícolas.

A análise AMMI recupera parte da soma dos quadrados da interação (SQ_{GxA}), chamada de padrão (efeito de genótipos e ambientes) e descarta os ruídos (Gonçalves et al. 2010). Consequentemente, os primeiros eixos explicaram a maior proporção da variação sistemática proveniente do padrão dos dados e os demais IPCA's contém a variação não sistemática o "ruído" que refere-se a respostas imprevisíveis e não interpretáveis (Duarte e Vencovsky 1999). Quanto mais IPCA's são utilizados maior o ruído, portanto, reduz o poder de predição da análise AMMI (Zobel et al. 1988). Segundo Guerra et al. (2009) avaliar a interação usando o biplot AMMI2 é portanto aceitável.

A soma dos quadrados da interação (SQ_{GXA}) foi decomposta em onze componente principal da interação (IPCA's). Os modelos AMMI1 e AMM2, foram preferidos para interpretação e visualização dos resultados, pois, estes explicam 55% e 62% da variância acumulada para TCH e TPH, respectivamente. Esses valores foram maiores que os encontrados por Verissimo et al. (2012) e Antunes et al. (2016) e semelhantes aos valores encontrados por Guerra et al. (2009), Silveira et al. 2012, Fernandes Junior et al. (2013), Mattos et al. (2013) e Silveira et al. (2013).

No biplot AMMI1(A) para TCH, os genótipos G1, G8 e G12 posicionados mais próximo ao eixo zero, apresentam estabilidade fenotípica. No entanto, os genótipos G10, G13 e G14 encontraram-se mais distantes do eixo zero, indicando baixa previsibilidade. Estabilidade intermediária foi observada para os genótipos G2, G3, G4, G5, G6, G7, G9 e G11, todavia, destaca-se o genótipo G6 e G11 com produtividade acima da média (Figura 2). No biplot AMMI2(B) confirmou-se a estabilidade fenotípica para os genótipos G1 e G12 e estabilidade intermediária para G2, G4, G7, G9 e G11 (Figura 2). Quanto à estabilidade fenotípica no biplot AMMI1(A) para TPH verifica-se que os genótipos G2, G4 e G12 pouco contribuíram com a interação, já os que apresentaram maior magnitude de escore no eixo da IPCA1 foram G3, G5, G6, G9 e G14. Observouse estabilidade intermediária para os genótipos G1, G7, G8, G10, G11 e G13 característica importante, pois, estes apresentaram boa produtividade. No biplot AMMI2(B) a estabilidade foi confirmada para os genótipos G12, todavia, a estabilidade intermediaria não foi confirmada para os genótipos G10 e G13 (Figura 3). Este posicionamento é um indicativo de sua amplitude adaptativa aos ambientes testes (Duarte e Vencovsky 1999).

Para TCH, os dois modelos AMMI1(A) e AMM2(B), mostraram que os genótipos G1 e G12 possuem excelente comportamento, com elevada estabilidade e alta produtividade, ficando na média e acima da média, respectivamente (Figura 2 e Tabela 3). Os genótipos G8 e G14 apresentaram produtividade semelhante. Entretanto, o G8 diferiu em interação nos biplots (Figura 2 e Tabela 3).

Em relação a estabilidade, adaptabilidade e produtividade, para as duas variáveis, em todos os ambientes testes, o genótipo G12 revelou-se mais promissor (Figura 2 e 3).

Os genótipos G3, G4, G5 e G9 apresentaram os menores rendimentos tanto para TCH como para TPH (Tabela 3 e 4). E, os genótipos G10, G13 e G14 apresentaram os melhores rendimentos, estes também apresentaram a maior magnitude de escore no eixo de interação (Tabela 3 e 4) e (Figura 2 e 3). Observações semelhantes foram feitas por Fernandes Junior et al. (2013) e Antunes et al. (2016) que ao avaliarem clones RB verificaram elevadas médias de TCH e TPH e baixa estabilidade. Logo, médias elevadas de produtividade parece estar associado a adaptações específicas (Verissimo et al. 2012).

Genótipos e ambientes posicionados próximos e no mesmo quadrante no biplot têm associações positivas, possibilitam a criação de zonas agronômicas com facilidade (Silveira et al. 2013). A análise AMMI2(B) para TCH, aponta interações positivas entre o genótipo G5 nos ambientes A4 e A5, genótipos G6 e G8 nos ambientes A7, A10 e A12, genótipo G10 nos ambientes A2 e A3 e do genótipo G13 no ambiente A9 (Figura 2). Para TPH foram observadas interações positivas entre G8, A8 e A12; G10, A1 e A2; G14, A7 e A10 (Figura 3). Guerra et al. (2009) e Mattos et al. (2013) utilizando a análise AMMI identificaram genótipos e ambientes com IPCA de mesmo sinal, com interações específicas positivas para cana-de-açúcar.

Interações positivas com ambientes (anos agrícolas) e não com locais (unidade produtora) também foram constatadas por Verissimo et al. (2012) e Antunes et al. (2016). Estes resultados são devidos a alterações na precipitação, temperaturas, condições do solo, ocorrência de pragas e doenças. Neste contexto, genótipos estáveis, de ampla adaptação e alta produtividade, são constantemente buscadas pelos programas de melhoramento (Hongyu et al. 2014). Todavia, utilizar cultivares regionalizadas, aproveitando o efeito da interação para aumentar a produtividade podem ser muito útil em ambientes estáveis, ou que apresente condições incomuns de cultivo ou até mesmo condições extremas (Silveira et al. 2013).

Foram identificadas interações negativas pela grande distância no biplot AMMI2(B) do genótipo G14 nos ambientes A2 e A3 (Figura 2). E dos genótipos G14 e G6 nos ambientes A4 e A5 (Figura 3). Tais interações negativas contribuíram para a baixa previsibilidade destes. Duarte e Vencovsky (1999) destacam que genótipos e ambientes de sinais opostos devem interagir negativamente, indicando incompatibilidade, ou seja, uma combinação

MAGALHAES, T.A. Adaptabilidade e estabilidade fenotípica de clones de cana-de-açúcar desfavorável. Esta informação é fundamental no processo de seleção, aumentando a probabilidade de sucesso nas recomendações.

Os ambientes A1, A4, A5, A7, A10 e A12 foram classificados como ambientes favoráveis por registrarem produtividades acima da média tanto para TCH como para TPH (Tabela 3 e 4). Um dos principais motivos para os altos valores de produtividade nesses ambientes, devem principalmente aos altos índices pluviométricos (Figura 1). Os ambientes A6, A9 e A11 foram classificados como desfavoráveis devido ao baixo rendimento (Tabela 3 e 4). Os ambientes que menos contribuíram com a interação foram A6, A8, A11, A12 e A13, pois apresentaram escores IPCAs menores, ficando mais próximos a origem, AMMI2(B) (Figura 2 e 3). Entretanto, a alteração de interação entre as safras (ambientes diferentes) para um mesmo local, dificulta a recomendação dos genótipos. Resultados semelhantes foram observados por Verissimo et al. (2012) ao avaliar genótipos precoces e de ciclo médio-tardio de cana-de-açúcar.

Para as duas variáveis, os ambientes que mais contribuíram com a interação foram A1, A2, A4, A5, A7 e A10, uma vez que apresentaram os escores mais altos, AMMI2(B) (Figura 2 e 3).

A unidade produtora no município de Primavera (A12 e A13) foi classificado com estabilidade intermediária para TCH e TPH. Segundo Duarte e Vencovsky (1999), fazer o ranqueamento dos genótipos em ambientes que pouco contribuem com a interação, torna a classificação mais confiável, sendo também o mais indicado para testes preliminares. Nestes ambientes, genótipos com adaptabilidade geral tendem a se destacar e podem ser selecionados com maior segurança, servindo de referência para recomendações em outras áreas (Guerra et al. 2009).

CONCLUSÕES

O genótipo G12 apresentou adaptabilidade geral, estabilidade fenotípica e alta produtividade para as duas variáveis, podendo ser indicado para cultivo comercial.

Os genótipos G10, G13 e G14 apresentaram maiores produtividades, maior contribuição com a interação, indicando adaptabilidade específica.

O método AMMI foi adequado para avaliação da adaptabilidade e estabilidade fenotípica de genótipos RB de cana-de-açúcar.

AGRADECIMENTOS

Ao Programa de Pós-Graduação em Agronomia – Melhoramento Genético de Plantas (PPGAMGP). À Estação Experimental de Cana-de-açúcar de Carpina (EECAC), pela concessão dos dados fenotípicos. E ao Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq) pela bolsa de estudo concedida.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

Andrade VT, Rezende JC, Botelho CE, Carvalho GR, Gonçalves FMA e Carvalho AM (2013) Interação genótipo x ambiente em genótipos de cafeeiro Mundo Novo por modelos não lineares e multiplicativos. **Bragantia** 72: 338-345.

Antunes WRA, Schöffel ER, Silva DAS, Eicholz E e Harter A (2016) Adaptabilidade e estabilidade fenotípica de clones de cana-de-açúcar. **Pesquisa Agropecuária Brasileira** 51: 142-148.

CONAB (2017) **Acompanhamento da safra brasileira de cana-de-açúcar.** Monitoramento Agrícola- Cana-de-Açúcar — Safra 2017/18, 62p.

Cruz CD (2013) Genes - a software package for analysis in experimental statistics and quantitative genetics. **Acta Scientiarum Agronomy** 35: 271-276.

Cruz CD, Carneiro PCS e Regazzi AJ (2014) **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético.** 3ª ed. rev. Editora UFV, Viçosa, 668p.

Duarte JB e Vencovsky R (1999) **Interação genótipo x ambiente uma introdução à análise "AMMI".** Sociedade Brasileira de Genética, Ribeirão Preto, 60p.

Dultra Filho JA, Junior TC e Simões Neto DE (2015) Genetic analyses, phenotypic adaptability and stability in sugarcane genotypes for commercial cultivation in Pernambuco. **Genetics and Molecular Research** 14: 12102-12110.

FAO (2015) Perspectivas agrícolas no Brasil: desafios da agricultura brasileira 2015-2024, 54p.

Fernandes A (2003) **Cálculos na agroindústria da cana-de-açúcar**. 2ed. Editora EME, Piracicaba, 240p.

Fernandes Júnior AR, Andrade JAC, Santos PC, Hoffmann HP, Chapola GC, Carneiro MS e Cursi DE (2013) Adaptabilidade e estabilidade de clones de cana -de-acúcar. **Bragantia** 72: 208-216.

Gonçalves JGR, Chiorato AF, Morais LK, Perina EF, Farias FL e Carbonell SAM (2010) Estudo da estabilidade fenotípica de feijoeiro com grãos especiais. **Ciência e Agrotecnologia** 34: 922-931.

Guerra EP, Oliveira RA, Daros ED, Zambon JL, Ido OT e Bespalhok Filho JC (2009) Stability and adaptability of early maturing sugarcane clones by AMMI analysis. **Crop Breeding and Applied Biotechnology** 9: 260-267.

Hongyu K, García-Penã M, Araújo LB e Dias CTS (2014) Statistical analysis of yield trials by AMMI analysis of genotype *x* environment interaction. **Biometrical Letters** 51: 89-102.

Mattos PHC, Oliveira RA, Bespalhok Filho JC, Daros E e Verissimo MAA (2013) Evaluation of sugarcane genotypes and production environments in Paraná by GGE biplot and AMMI analysis. **Crop Breeding and Applied Biotechnology** 13: 83-90.

Pereira HS, Melo LC, Peloso MJ, Faria LC, Costa JGC, Díaz JLC, Rava CA e Wendland A (2009) Comparação de métodos de análise de adaptabilidade e estabilidade fenotípica em feijoeiro-comum. **Pesquisa Agropecuária Brasileira** 44: 374-383.

Pimentel GF (2000) **Estatística experimental.** Editora Nobel SA, Piracicaba, 240p.

Pinto MF, Carvalho GR, Botelho CE, Gonçalves FMA, Rezende JC e Ferrera AD (2011) Eficiência na seleção de progênies de cafeeiro avaliadas em Minas Gerais. **Bragantia** 71: 187-199.

Silva ET, Souza EP, Santos RS e Barbosa MS (2011) A engenharia genética aplicada no melhoramento da cana-de-açúcar: uma nova alternativa para a produção de biodiesel de segunda geração. **Revista da Universidade Vale do Rio Verde** 9: 03-23.

Silva GO, Carvalho ADF, Vieira JV e Benin G (2011) Verificação da adaptabilidade e estabilidade de populações de cenoura pelos métodos AMMI, GGE biplot e REML/BLUP. **Bragantia** 70: 494-501.

Silveira LCI, Kist V, Paula TOM, Barbosa MHP, Oliveira, RA e Daros E (2012) Adaptabilidade e estabilidade fenotípica de genótipos de cana-de-açúcar no estado de Minas Gerais. **Ciência Rural** 42: 587-593.

Silveira LCI, Kist V, Paula TOM, Barbosa MHP, Peternelli LA e Daros E (2013) AMMI analysis to evaluate the adaptability and phenotypic stability of sugarcane genotypes. **Scientia Agricola** 70: 27-32.

Souza PHN, Bastos GQ, Anunciação Filho CJ, Dutra Filho JA e Machado PR (2012) Avaliação de genótipos de cana-de-açúcar para início de safra na Microrregião Centro de Pernambuco. **Revista Ceres** 59: 677-683.

Vasconcelos ES, Reis MS, Cruz CD, Sediyama T e Scapim CA (2010) Adaptability and stability of semilate and late maturing soybean genotypes in Minas Gerais state. **Acta Scientiarum. Agronomy** 32: 411-415.

Verissimo MAA, Silva DAS, Aires RF, Daros E e Panziera W (2012) Adaptabilidade e estabilidade de genótipos precoces de cana-de-açúcar no Rio Grande do Sul. **Pesquisa Agropecuária Brasileira** 47: 561-568.

Zobel RW, Wright MJ e Gauch HGJ (1988) Statistical Analysis of a Yield Trial. **Published in Agronomy** 80: 388-393.

TABELAS E FIGURAS

Tabela 1. Identificação dos 13 ambientes onde os 14 genótipos de cana-deaçúcar foram avaliados.

ID ²	Municípios ¹	Coordenadas Geográficas	Unidade Produtora ³	Safra	Ciclo (corte)
A1	Rio Formoso	08°39'49"S; 35°09'31"W	Cucaú	2010/2011	Planta
A2	Rio Formoso	08º39'49"S; 35°09'31"W	Cucaú	2011/2012	Soca
А3	Rio Formoso	08º39'49"S; 35°09'31"W	Cucaú	2012/2013	Ressoca
A4	Camutanga	07°25'37"S; 35°14'56"W	Central Olho D'água	2010/2011	Planta
A5	Camutanga	07°25'37"S; 35°14'56"W	Central Olho D'água	2011/2012	Soca
A6	Camutanga	07°25'37"S; 35°14'56"W	Central Olho D'água	2012/2013	Ressoca
A7	Goiana	07°33'38"S; 35°00'09"W	Santa Teresa	2010/2011	Planta
A8	Goiana	07°33'38"S; 35°00'09"W	Santa Teresa	2011/2012	Soca
A9	Goiana	07°33'38"S; 35°00'09"W	Santa Teresa	2012/2013	Ressoca
A10	Lagoa do Itaenga	07°56'12"S; 35°17'25"W	Petribu	2010/2011	Planta
A11	Lagoa do Itaenga	07°56'12"S; 35°17'25"W	Petribu	2011/2012	Soca
A12	Primavera	08°21′32″S; 35°13′26″W	União e Industria	2010/2011	Planta
A13	Primavera	08°21′32″S; 35°13′26″W	União e Industria	2011/2012	Soca

ID²: Identificação dos ambientes; Municípios¹: Rio Formoso e Primavera, localizados na Microregião da Mata Meridional (Mata Sul) Pernambucana; Municípios: Camutanga, Goiana e Lagoa de Itaenga, localizados na Microregião da Mata Setentrional (Mata Norte) Pernambucana; Unidade Produtora³: área agrícola da Usina.

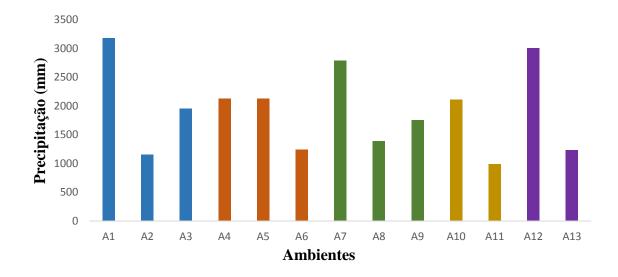


Figura 1: Precipitação acumulada, durante o ciclo da cana-de-açúcar, em cada um dos 13 ambientes localizados na Zona canavieira de Pernambuco.

Tabela 2. Resumo da análise de variância conjunta para toneladas de cana por hectare (TCH) e toneladas de pol por hectare (TPH) de 14 genótipos de canade-açúcar, avaliados em 13 ambientes na Zona canavieira de Pernambuco, com desdobramento da interação original G x A, pelo modelo AMMI, 2017.

Fonte de variação		TC	Н		TPH						
	GL	QM	F	Pr>F	GL	QM	F	Pr>F			
Genótipo (G)	13	3.429,460	8,786	0,000	13	70,234	5,369	0,000			
Ambiente (A)	12	25.048,059	116,557	0,000	12	542,123	82,768	0,000			
GxA	87	390,325	1,816	0,012	71	13,079	1,997	0,006			
Residuo	293	214.899	-	-	237	6,549	-	-			
Interação GxA (médias)	156	54,420	2,343	0,000	156	1,488	2,343	0,000			
IPCA1 (padrão)	24	104,928	4,517	0,000	24	3,502	5,512	0,000			
Resíduo AMMI1	132	45,237	1,947	0,000	132	1,122	1,766	0,000			
IPCA 2	22	100,004	4,305	0,000	22	2,798	4,404	0,000			
Resíduo AMMI2	110	34,284	1,476	0,004	110	0,787	1,239	0,073			
Erro médio/r	378	23,232	-	-	378	0,635	-	-			

Tabela 3 Médias de toneladas de cana por hectare (TCH) preditas pelo modelo AMMI2, de 14 genótipos de cana-de-açúcar, avaliados em 13 ambientes, na Zona canavieira de Pernambuco, 2017.

Ambientes														
Genótipos	A1	A2	A3	A4	A5	A6	A7	A8	A9	A10	A11	A12	A13	Médias
G1	89.11	57.29	55.02	69.54	67.02	26.41	87.90	61.02	43.94	98.36	38.96	78.04	60.44	64.27
G2	90.82	63.95	66.20	63.33	65.11	29.02	79.37	51.13	31.35	100.92	35.74	78.31	55.95	62.26
G3	62.82	40.81	45.79	67.44	59.04	27.12	72.30	48.77	37.55	85.71	32.11	67.84	55.31	54.69
G4	60.39	32.74	36.10	47.79	38.59	14.52	67.87	41.17	25.58	83.38	22.80	62.17	41.79	44.93
G5	77.66	52.83	52.52	71.90	73.87	21.69	72.08	48.11	34.32	83.19	29.51	65.90	55.84	56.72
G6	101.67	65.92	63.35	64.98	60.02	30.53	96.79	66.72	45.15	111.73	44.67	87.82	61.95	69.71
G7	91.04	61.10	58.60	70.82	69.90	24.51	82.67	56.20	38.80	94.53	35.63	74.78	59.06	62.96
G8	104.71	68.81	66.35	63.35	65.22	30.60	96.48	65.70	42.83	113.47	44.43	88.75	61.15	70.00
G9	92.15	60.87	56.16	68.24	67.98	17.87	78.59	51.98	33.71	89.09	30.36	69.63	54.98	59.37
G10	118.53	79.97	67.97	83.85	79.98	23.83	98.18	70.66	50.09	101.59	43.12	82.45	69.12	74.86
G11	96.51	65.75	60.21	81.30	85.60	25.54	86.72	61.70	45.84	93.00	38.63	75.48	65.22	67.47
G12	99.40	62.87	55.01	76.55	78.70	23.59	94.63	67.95	50.43	98.09	41.11	79.03	64.74	68.45
G13	91.43	56.73	52.27	80.66	79.94	32.78	101.17	75.52	61.16	103.74	48.94	85.13	70.87	72.39
G14	95.22	53.17	47.06	66.25	68.12	27.98	107.44	78.09	59.22	111.33	48.67	88.73	64.79	70.32
Médias	90.81	58.77	55.90	69.71	68.50	25.42	87.30	60.33	42.85	97.72	38.19	77.43	60.08	64.17

Tabela 4 Médias de toneladas de pol por hectare (TPH) preditas pelo modelo AMMI2, de 14 genótipos de cana-de-açúcar, avaliados em 13 ambientes, na Zona canavieira de Pernambuco, 2017.

Ambientes														
Genótipos	A 1	A2	A3	A4	A5	A6	A7	A8	A9	A10	A11	A12	A13	Médias
G1	11.38	7.84	7.82	10.08	9.12	3.78	11.80	8.57	5.56	14.00	4.41	9.93	8.26	8.73
G2	13.32	9.06	8.70	9.79	9.05	3.29	11.70	8.13	4.93	13.44	4.06	9.67	7.91	8.75
G3	8.23	5.69	6.14	9.80	7.13	3.00	9.96	7.52	4.77	12.47	3.51	8.67	7.50	7.47
G4	8.82	5.13	5.05	7.20	6.11	1.29	9.68	6.21	3.15	11.96	1.91	7.58	5.67	6.22
G5	11.17	7.90	8.00	10.35	12.68	2.86	9.89	7.30	4.37	11.74	3.55	8.66	7.66	7.99
G6	15.97	10.19	9.13	8.49	8.20	4.08	14.96	9.68	6.06	16.78	4.90	11.46	8.26	9.88
G7	12.85	8.90	8.68	10.19	8.50	3.48	11.52	8.22	5.10	13.34	4.21	9.70	8.13	8.81
G8	13.50	8.99	8.53	9.56	10.66	4.19	13.52	9.36	6.08	15.60	4.89	10.89	8.51	9.48
G9	12.66	8.83	8.66	10.07	9.82	2.27	9.50	6.72	3.64	10.95	3.08	8.22	7.23	7.84
G10	16.93	11.66	10.83	10.45	9.98	4.22	13.54	9.29	5.82	14.88	5.13	11.04	8.89	10.24
G11	13.23	9.44	9.30	10.98	8.67	3.99	11.74	8.65	5.57	13.53	4.73	10.10	8.71	9.30
G12	13.67	9.31	8.90	9.98	7.24	3.98	12.79	8.97	5.73	14.69	4.72	10.50	8.47	9.36
G13	11.42	8.44	8.70	11.84	12.22	5.55	13.17	10.26	7.40	15.66	6.09	11.49	9.95	10.14
G14	13.84	8.74	8.02	7.61	7.98	4.87	15.70	10.54	7.09	18.14	5.52	12.13	8.77	10.05
Médias	12.64	8.58	8.32	9.81	9.21	3.63	12.10	8.53	5.38	14.08	4.34	10.00	8.14	8.87

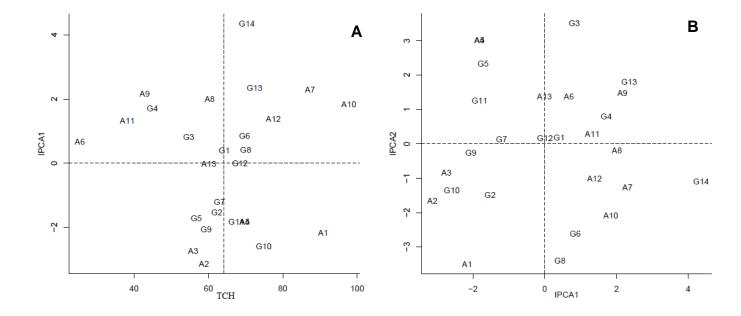


Figura 2: Biplot AMMI1(A) e AMMI2(B) para toneladas de cana por hectare (TCH) de 14 genótipos (G), avaliados em 13 ambientes (A) na zona canavieira de Pernambuco, 2017.

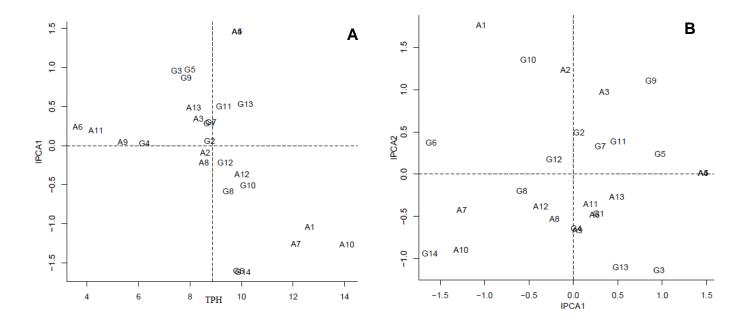


Figura 3: Biplot AMMI1(A) e AMMI2(B) para toneladas de pol por hectare (TPH) de 14 genótipos (G), avaliados em 13 ambientes (A) na zona canavieira de Pernambuco, 2017.