

Uma Aplicação do Modelo AMMI para Avaliar a Produtividade de Milho em Vários Ambientes

Maria L. S. Belini¹, Alessandra Q. Silva², Luciano A. Oliveira³, Elias S. Medeiros⁴

FACET/UFMG, Dourados, MS

Carlos P. Silva⁵

DES/UFLA, Lavras, MG

Modelos lineares-bilineares têm sido amplamente utilizados em programas de melhoramento genético e ensaios agronômicos de maneira geral [1]. Dentre esses modelos o de efeitos principais aditivos e interação multiplicativa (AMMI) é o mais popular, possuindo ampla aplicabilidade para a análise de conjuntos de dados provenientes de ensaios multiambientais (MET) e oferecendo mais possibilidades para o estudo da interação entre genótipos e ambientes (GE), que representa grande dificuldade para seleção e recomendação de melhores cultivares [2, 3].

O procedimento de análise AMMI combina análise de variância com técnicas multivariadas [2, 3]. Uma etapa importante da aplicação deste procedimento é a representação biplot dos escores genotípicos e ambientais relativos aos dois eixos singulares ou eixos principais (PC1 e PC2). Esses escores são coordenadas obtidas pela multiplicação dos vetores singulares pela raiz quadrada dos valores singulares e descrevem a interação entre os fatores no modelo estatístico [4].

Neste trabalho, o principal objetivo foi utilizar o modelo (AMMI) para avaliar cinquenta e cinco híbridos de milho (genótipos) em nove ambientes diferentes.

O ajuste foi realizado em dois estágios: primeiro estimamos os efeitos principais de genótipos e ambientes, pelo método dos mínimos quadrados a partir da matriz de dupla entrada contendo as respostas fenotípicas, que são os valores de produtividade de espigas despalhadas. Na segunda etapa foram obtidos os efeitos da interação GE pelo produto interno entre os vetores compostos pelos escores genotípicos e ambientais. Vetores singulares e valores singulares foram estimados pela decomposição por valores singulares (DVS) da matriz de interação (GE), que por sua vez foi obtida pelos desvios das observações em relação ao modelo ajustado por ANOVA dos efeitos principais. A análise de adaptabilidade e estabilidade foi realizada pela visualização de padrões na representação biplot. Quanto mais afastado o ponto estiver da origem do sistema ortogonal formado pelos dois primeiros PCs, mais o genótipo ou ambiente contribui para a interação, se o ponto estiver perto da origem dizemos que os genótipos e ambientes associados contribuem pouco ou quase nada para a interação (genótipos ou ambientes estáveis). Produto interno positivo evidencia que o genótipo é adaptado, ou recomendado para o ambiente em questão. Por outro lado, produto interno negativo diz que aquela combinação específica entre genótipo e ambiente não é interessante em termos da variável estudada [2].

Pelos resultados do teste FR [5], o modelo selecionado nesta abordagem foi o AMMI-3, ou seja, modelo com três termos multiplicativos. Os genótipos que mais contribuíram com a interação foram observados na representação biplot e são aqueles com maior distância em relação à origem: G2, G19, G21, G9, G40, G47, G9, G27 e G13. Os genótipos e ambientes que possuem valores baixos

¹marialuisabelini@hotmail.com

²alessandrasilva@ufgd.edu.br

³lucianoantonio@ufgd.edu.br

⁴eliasmedeiros@ufgd.edu.br

⁵ccpsilva81@hotmail.com

para ambos os eixos (próximos a origem) são considerados estáveis. Os genótipos G22, G41 e G38 são exemplos de genótipos estáveis, assim como os ambientes A3 e A8 são exemplos de ambientes estáveis. Dos genótipos mais produtivos G4, G11, G7, G49 e G15 são os que menos contribuem com a interação GE e tem recomendação ampla para todos os ambientes de teste. Os genótipos G2, G1, G6, G10, G17, G23, G24, G27, G39, G46 e G49, por outro lado são produtivos, mas como foi observado na representação gráfica possuem contribuições expressivas para a interação.

Além da identificação dos genótipos que menos contribuem com a interação GE, foi possível identificar adaptabilidade de genótipos a ambientes específicos. Como é o caso de G21, G4 e G10 que têm adaptabilidade específica aos ambientes A7 e A1, o grupo G27, G10, G39, G46, G2, G24 com adaptabilidade específica a A6, o grupo G46, G2, G6 com adaptabilidade a A5, G6, G17, G1 tem adaptabilidade a A9, G17, G21 adaptados a A4 e G1 é adaptado a A2. Existem ambientes que compartilham alguns dos genótipos mais produtivos, qual é o caso de G10 adaptado aos ambientes A7, A1 e A6, o grupo G46, G2 adaptados a A5 e A6, dentre outros.

Modelos lineares-bilineares como o AMMI oferecem mais possibilidades para analisar a interação GE que métodos tradicionais, pois se baseiam na redução de uma tabela com dimensões elevadas para uma tabela de menores dimensões simplificando o problema. Além disso, as análises das combinações favoráveis, como ressaltado, utilizam apenas o conceito de produto interno entre vetores.

Agradecimentos

Os autores agradecem a Universidade Federal da Grande Dourados (UFGD).

Referências

- [1] Carlos Pereira da Silva, Luciano Antonio de Oliveira, Joel Jorge Nuvunga, Andrezza Kéllen Alves Pamplona e Marcio Balestre. “A Bayesian shrinkage approach for AMMI models”. Em: **Plos one** 10.7 (2015), e0131414.
- [2] Hugh G Gauch Jr. “A simple protocol for AMMI analysis of yield trials”. Em: **Crop Science** 53.5 (2013), pp. 1860–1869.
- [3] Luciano Antonio de Oliveira, Carlos Pereira da Silva, Joel Jorge Nuvunga, Alessandra Querino Da Silva e Marcio Balestre. “Credible intervals for scores in the AMMI with random effects for genotype”. Em: **Crop Science** 55.2 (2015), pp. 465–476.
- [4] HP Piepho. “Robustness of statistical tests for multiplicative terms in the additive main effects and multiplicative interaction model for cultivar trials”. Em: **Theoretical and Applied Genetics** 90 (1995), pp. 438–443.
- [5] PL Cornelius, M Seyedsadr e J Crossa. “Using the shifted multiplicative model to search for “separability” in crop cultivar trials”. Em: **Theoretical and Applied Genetics** 84 (1992), pp. 161–172.