



Ciência Rural

ISSN: 0103-8478

cienciarural@mail.ufsm.br

Universidade Federal de Santa Maria
Brasil

Ramos, Lina Maria; Sanches, Adhemar; Cotes, José Miguel
Testes multiambientais na seleção de genótipos de arroz utilizando o modelo de regressão nos sítios
ou locais

Ciência Rural, vol. 39, núm. 1, enero-febrero, 2009, pp. 52-57

Universidade Federal de Santa Maria
Santa Maria, Brasil

Disponível em: <http://www.redalyc.org/articulo.oa?id=33113635009>

- Como citar este artigo
- Número completo
- Mais artigos
- Home da revista no Redalyc

redalyc.org

Sistema de Informação Científica
Rede de Revistas Científicas da América Latina, Caribe, Espanha e Portugal
Projeto acadêmico sem fins lucrativos desenvolvido no âmbito da iniciativa Acesso Aberto

Testes multiambientais na seleção de genótipos de arroz utilizando o modelo de regressão nos sítios ou locais

Multi-environment tests in the selection of rice genotypes using sites regression model

Lina Maria Ramos^{I*} Adhemar Sanches^I José Miguel Cotes^{II}

RESUMO

A análise da interação genótipo x ambiente utilizada no melhoramento de plantas tem sofrido mudanças na última década, melhorando a sua eficiência quanto à seleção dos genótipos sob diferentes condições ambientais. O objetivo deste trabalho foi analisar a produtividade e estabilidade de 12 genótipos de arroz em oito ambientes, durante os anos 2005 e 2006, na Colômbia. O delineamento utilizado foi o de blocos ao acaso com quatro repetições. Os parâmetros de estabilidade fenotípica e o agrupamento dos ambientes foram estimados pelo estudo da interação genótipo x ambiente, segundo o método SREG (Regressão nos sítios ou locais) e seu gráfico biplot (GGE). As análises estatísticas indicaram diferenças significativas (com 5% de probabilidade de erro) entre genótipos e entre ambientes e significância (com 5% de probabilidade de erro) da interação genótipo x ambiente, sugerindo uma resposta diferente dos genótipos nos vários ambientes. No método SREG, os dois primeiros componentes principais da interação explicaram 75,29% da interação. Os genótipos 400094, 350361 e a variedade Fedearroz 50 foram considerados os de maior produtividade. Segundo o gráfico biplot GGE, os ambientes La Libertad e Escobal foram os mais favoráveis para o cultivo do arroz.

Palavras-chave: adaptabilidade fenotípica, gráfico GGE biplot, modelo linear-bilinear, SREG.

ABSTRACT

The analysis of genotype x environment interaction in plant breeding have been enlarged with new methodologies in the last decade, improving its efficiency on the selection of genotypes under different environmental conditions. The objective of this research was to analyze the yield and stability

of twelve genotypes of rice, in eight environments, during the years 2005 and 2006 in Colombia. Completely randomized block designs with four replications were used. The phenotypic stability parameters and grouping of environments were estimated by the genotype-environment interaction study according to SREG (Sites Regression) method and its biplot graphic (GGE). The statistical analysis indicated significant differences (with 5% probability error) among genotypes and among environments. Also, it pointed out the significance (with 5% probability error) of the genotype-environment interaction, indicating different responses of genotypes confronted with different environments. In SREG method, the two first principal components of interactions explained 75.29% of the interaction. The genotypes 400094, 350361 and the variety Fedearroz were found as the highest yields. According to the biplot GGE graphic the environments La Libertad and Escobal were the ones with small variations during the years of study.

Key words: phenotypic adaptability, biplot GGE graphic, linear-bilinear model, SREG.

INTRODUÇÃO

A interação genótipo x ambiente (IGA) deve-se a diferentes respostas dos genótipos nos ambientes de avaliação. Esse fenômeno é preocupante para o melhorista de plantas, especialmente quando seu efeito é grande, dificultando a seleção e recomendação de genótipos estáveis e tornando lentos os avanços na seleção (DELACY et al., 1996). Com metodologias apropriadas de estatística e melhoramento, é possível

^IDepartamento de Ciências Exatas, Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias (FCAV), Universidade Estadual Paulista (UNESP). Via de acesso Prof. Paulo Donato Castellane, s/n., 14849-900, Jaboticabal, SP, Brasil. Email: limaramo@gmail.com. *Autor para correspondência.

^{II}Departamento de Ciencias Exactas, Facultad de Ciencias Agropecuarias, Universidad Nacional de Colombia, Sede Medellín (UNALMED). Facultad de Ciencias Agropecuarias Medellín (Antioquia), Colombia. Email: jmcotes@gmail.com

entender as causas da IGA (COUTINHO-ESTRADA & VIDAL-MARTINEZ, 2003).

A seleção de genótipos com alta produtividade, em vários ambientes, é um dos objetivos básicos do melhoramento de plantas. Entretanto, essa seleção é afetada pela presença da IGA, resultando em comportamento variável dos genótipos cultivados sob diferentes condições ambientais. Existem diferentes metodologias destinadas à avaliação da IGA, em que a escolha de um método depende dos dados experimentais, especialmente do número de ambientes disponíveis, da precisão requerida e do tipo de informação desejada. Além disso, existem métodos alternativos, enquanto outros são complementares, podendo ser utilizados conjuntamente (CRUZ et al., 2004).

Uma das metodologias utilizadas na avaliação da IGA é aquela baseada em análise multiplicativa, que explora a resposta dos genótipos em ambientes específicos, descrevendo a IGA de uma forma mais criteriosa (EMBRAPA, 2004). A vantagem dos métodos multiplicativos é o agrupamento de ambientes e genótipos semelhantes, permitindo também identificar graficamente o genótipo com maior potencial em cada subgrupo de ambientes, mediante o chamado gráfico *biplot*, que é altamente descritivo. O gráfico *biplot* captura uma maior proporção do valor real da expressão dos genótipos e sua interação com os ambientes, como foi destacado por GAUCH (1988), ZOBEL et al. (1988), CROSSA et al. (1991; 2005; 2006), YAN et al. (2001), YAN & KANG (2002), CASTILLO et al. (2005) e GORDON-MENDOZA et al. (2006), dentre outros.

Os modelos multiplicativos capturam, nos dois primeiros componentes principais da interação ou componentes empíricos da Decomposição de Valores Singulares (DVS), o verdadeiro valor da variabilidade, dado que os últimos componentes empíricos praticamente são constituídos por um erro dentro da interação, denominado “ruído” (GAUCH, 1988).

Dentre os métodos multiplicativos, está o modelo SREG, que utiliza o gráfico conhecido como GGE (Genotype-Genotype Environment), proposto para explorar as respostas dos genótipos a ambientes específicos (CASTILLO et al., 2005). O modelo multiplicativo SREG é semelhante ao modelo multiplicativo AMMI, com a diferença de que os efeitos principais dos genótipos são considerados junto com o efeito da interação genótipo x ambiente, que no AMMI são estimados como efeitos aditivos (YAN et al., 2000).

O gráfico *GGE biplot* visualiza três aspectos importantes: (i) a relação genótipo x ambiente, permitindo o agrupamento de genótipos e ambientes

com comportamentos semelhantes, mostrando o genótipo com maior potencial e sua identificação em cada subgrupo de ambientes (mega-ambientes); (ii) a inter-relação entre ambientes, facilitando a identificação do melhor ambiente na avaliação das cultivares e indicando qual ambiente pode ser menos favorável; e (iii) a inter-relação entre genótipos, facilitando a comparação dos genótipos e do ordenamento (“ranking”) para os parâmetros de rendimento e estabilidade (YAN, 2002).

Nesse contexto, o presente trabalho teve como objetivos estudar a interação genótipo x ambiente pelos padrões de respostas de 12 genótipos de arroz em quatro ambientes durante o ano 2005 e quatro ambientes no ano 2006, na Colômbia, utilizando o modelo SREG; determinar visualmente as variações de produtividade nos diferentes ambientes, com base no gráfico *biplot*, e selecionar os genótipos para alta produção e estabilidade, segundo as respostas nos ambientes.

MATERIAL E MÉTODOS

Foram realizados estudos em dois sistemas diferentes do cultivo de arroz, sendo estes arroz irrigado nos Estados de Meta (La libertad), Tolima (Escobal) e Huila (Juncal) e arroz sequeiro no Estado de Meta (Tanane), avaliando assim quatro ambientes no período de 2005, com repetição no ano de 2006. As localidades com as respectivas coordenadas geográficas latitude e altitude (metros), e as características climáticas, tais como temperatura média anual (°C) e precipitação média anual, (mm) são: La libertad (4°03'34,9" Norte; 73°23'37,3" Oeste; 326m.; temperatura 21 a 34°C; e precipitação 4406mm.), Tanane (4°03'16,4" Norte; 73°27'30,9" Oeste; 329m.; temperatura 21 a 32°C; e precipitação 4406mm), Escobal (4°24'10,8" Norte; 75°07'1,67" Oeste; 848m.; temperatura 23 a 35°C; e precipitação 1181mm) e Juncal (3°02'40,5" Norte; 75°17'18,5" Oeste; 521m.; temperatura 22 a 34°C; e precipitação 1354mm). A variável resposta foi a produtividade de grãos (kg ha⁻¹) de oito genótipos de arroz da empresa SEMILLANO Ltda. (350356, 350361, 350405, 350406, 350411, 400090, 400094 e 400099) e quatro cultivares comerciais utilizadas como testemunhas ('Bonanza 6-30', 'Fedearroz 50', 'Fortaleza 5-30' e 'Progreso 4-25'), totalizando 12 genótipos avaliados.

Em cada ambiente foi utilizado o delineamento de blocos ao acaso com quatro repetições. A unidade experimental foi constituída de 20 linhas de 5m de comprimento, 0,25m de espaçamento entre linhas e uma densidade de 20g de semente por

linha (160kg ha⁻¹). As práticas culturais adotadas foram as usuais da cultura segundo o ambiente. Realizou-se a análise de variância individual para cada experimento, e foi feito o teste de F máximo de Hartley para verificar e fazer a correção da homogeneidade de variâncias residuais. Em seguida, foi feita a análise conjunta dos ambientes com a finalidade de determinar a significância da interação genótipo x ambiente. Os genótipos e os ambientes são considerados de efeitos fixos.

O modelo multiplicativo de regressão SREG (regressão nos sítios ou locais) utilizado neste estudo é representado da seguinte forma (CORNELIUS et al., 1996):

$$\bar{Y}_{ij} = \underbrace{\mu_j}_{\text{aditiva}} + \underbrace{(ga)_{ij}}_{\text{multiplicativa}} + \bar{\varepsilon}_{ij}$$

$$\underbrace{(ga)_{ij}}_{\text{multiplicativa}} = \sum_{k=1}^p \lambda_k \gamma_{ik} \alpha_{jk}$$

$$\bar{Y}_{ij} = \mu_j + \left(\sum_{k=1}^n \lambda_k \gamma_{ik} \alpha_{jk} + \rho_{ij} \right) + \bar{\varepsilon}_{ij}$$

em que: \bar{Y}_{ij} é a média do rendimento do i-ésimo genótipo no j-ésimo ambiente; μ_j é a média do j-ésimo ambiente; λ_k é a raiz quadrada do k-ésimo autovalor λ_k^2 das matrizes (GE)(GE)' ou (GE)'(GE); k é o número de componentes principais, k = 1,2,3,...,p, chamados de efeitos primários, secundários, terciários,...; γ_{ik} e α_{jk} são os i-ésimos e j-ésimos componentes dos autovetores coluna e linha respectivamente, correspondentes aos autovalores λ_k^2 (não-nulos) da matriz (GE)(GE)' ou (GE)'(GE); ρ_{ij} é o resíduo da interação genótipo-ambiente, também conhecido por "ruído", correspondente aos p - n componentes principais não retidos no modelo; n é o número de componentes principais retidos no modelo; p é o número total de componentes presentes no modelo, obtido como min (g-1, a-1); $\bar{\varepsilon}_{ij}$ é o residual do modelo com distribuição normal, com média zero e variância σ^2/r (em que σ^2 é a variância do erro entre parcelas para cada ambiente, e r é o número de repetições).

Para a análise do modelo SREG, foi utilizado o programa SAS (SAS, 2003) a fim de calcular a interação genótipo x ambiente, com nível de significância de 5% de probabilidade de erro, e a decomposição dos valores singulares e também obter os gráficos *biplot*.

Para um maior entendimento do efeito da IGA, é utilizado o gráfico desenvolvido por YAN et al. (2001), chamado GGE, construído a partir dos dados da decomposição das médias empíricas, apresentando graficamente o genótipo com melhor desenvolvimento.

O gráfico consiste em fazer um polígono unindo os pontos dos genótipos mais afastados da origem em cada quadrante, sendo que todos os outros genótipos estarão incluídos dentro do polígono formado. Posteriormente, é traçada uma perpendicular para cada lado do polígono com relação à origem e, assim, os ambientes e genótipos são separados em setores. Os genótipos em cada setor são os que apresentam o melhor desenvolvimento nos ambientes incluídos naquele setor.

As interpretações do gráfico *biplot* são feitas segundo a direção e longitude dos vetores. As médias empíricas para os genótipos (44444) são explicadas pelos efeitos primários bilineares (γ_{ik}) referentes aos genótipos, no seguinte sentido: no gráfico *biplot*, quando o componente principal CP₁ está perto de 1, os genótipos apresentam médias altas. Se o segundo componente principal CP₂ está próximo de zero, os genótipos são considerados como mais estáveis e ideais. O gráfico *biplot* também pode indicar a existência de um ambiente ideal, dado por aquele que tem, no primeiro componente principal CP₁, um valor próximo de 1, apresentando alta capacidade para discriminar os genótipos. Além disso, se o segundo componente principal CP₂ for próximo de zero, isso indica que o ambiente proporciona a maior produtividade média.

RESULTADOS E DISCUSSÃO

Na análise de variância conjunta (Tabela 1) pode-se observar que existem diferenças significativas (com 5% de probabilidade de erro) entre os genótipos, e ambientes, bem como a existe a interação genótipo x ambiente. O coeficiente de variação obtido foi de 11,47%, indicando boa precisão do experimento.

Pela análise de variância, pode-se também observar que as variações na produtividade de genótipos em diferentes ambientes acontecem, principalmente neste estudo, por efeitos ambientais (72,35%). Esse resultado concorda com o trabalho de YAN (2002), no qual o autor descreve que os efeitos ambientais geralmente explicam 80% ou mais do total das variações na produção, sendo os efeitos genéticos e de interação geralmente menores.

As análises da IGA, obtidas em SREG, indicaram que, dos sete componentes principais obtidos neste estudo, o primeiro componente principal (CP₁) é responsável por 57,19% da interação e o segundo componente principal (CP₂) explica 18,10% do efeito da interação. Desta forma, os acumulados dos CP₁ e CP₂ explicam 75,29% do total do efeito da IGA. Assim, pode-se sugerir que os dois primeiros componentes principais da interação são considerados

Tabela 1 - Análise de variância conjunta para a variável produção de arroz (kg ha⁻¹) de 12 genótipos em quatro ambientes, no ano de 2005, e quatro em 2006, na Colômbia. Explicação e porcentagem acumulada dos componentes principais (CP) da interação genótipo x ambiente obtidos no modelo SREG.

Fonte de variação	GL	Soma de quadrados	Quadrado médio	Explicação (%)	Porcentagem acumulada
Rep/ambiente	24	13281428,0	553335,28	1,24	
Ambiente (A)	7	777293009,7	111041016**	72,35	
Genótipo (G)	11	105290924,7	9571752**	9,8	
G x A	77	178432489,5	2317266**	16,61	
Interação CP ₁				57,19	57,19
Interação CP ₂				18,10	75,29
Interação CP ₃				11,14	86,43
Interação CP ₄				7,16	93,59
Interação CP ₅				3,89	97,49
Interação CP ₆				1,33	98,81
Interação CP ₇				1,18	100,00
Erro	264	95101384	360236		
Coeficiente de variação		= 11,47%			

** significativo a 5% de probabilidade de erro pelo teste F.

como a parte expressiva da interação. Essa observação concorda com os estudos feitos por GAUCH (1988).

Segundo os valores dos dois primeiros componentes principais (CP₁ e CP₂), os genótipos 400094 e Fedearroz 50 foram os que apresentaram as melhores respostas às condições ambientais prevalentes durante o desenvolvimento do cultivo, sendo também os de maiores produtividades (Tabela 2), não apresentando diferença com 5% de probabilidade de erro segundo o teste de Scott – Knott.

Além disso, como é possível observar (Tabela 2), os valores da produtividade média indicam, na ordem decrescente, que Juncal no ano de 2005 e Escobal no ano de 2006 são ambientes onde a cultura apresentou maiores produtividades, não apresentando diferença com 5% de probabilidade de erro segundo o teste de Scott-Knott.

Para avaliar o entendimento do efeito da interação genótipo x ambiente, foi utilizado o gráfico *biplot* GGE feito com os valores de CP₁ e CP₂, e foi construído um polígono com base nos genótipos que estão localizados nos pontos mais afastados da figura. Assim, os genótipos Fedearroz 50 (Fe), Fortaleza 5-30 (Fo), 350406 (406), 350356 (356), 350405 (405), 350361 (361), Progreso 4-25 (Po) e Bonanza 6-30 (Bo) foram os pontos extremos que dão a conformação do polígono (Figura 1). Traçando-se linhas perpendiculares às arestas desse polígono, pode-se determinar os mega-ambientes. Assim, no gráfico *biplot* GGE são observados 6 mega-ambientes, dos quais só dois são considerados de importância. O primeiro deles,

denominado mega-ambiente A, é considerado como o mais adequado, pois nele estão incluídos os genótipos

Tabela 2 - Valores dos Componentes Principais (CP), no modelo SREG, para a variável produtividade de arroz de 12 genótipos em 40 ambientes, no ano de 2005 e 2006, na Colômbia.

Genótipos e localidades/ano*	Produção média (kg ha ⁻¹)	CP ₁	CP ₂
Bonanza 6-30	5245,6 c	0,1392	0,4801
Fedearroz 50	6111,9 a	0,0609	0,1612
Fortaleza 5-30	5517,9 c	0,2550	0,7449
Progreso 4-25	5184,3 c	0,2550	0,7449
350356	4415,5 d	0,0517	0,1241
350361	5578,5 b	0,0390	0,3941
350405	4384,5 d	0,7013	0,5222
350406	5113,1 c	0,3597	0,4496
350411	5141,7 c	0,0140	0,3843
400090	4831,3 c	0,4999	0,0123
400094	6033,6 a	0,7239	0,0295
400099	5124,6 c	0,2814	0,0488
Tanane/2005	4270,3 c	0,4434	0,5869
Escobal/2005	3288,6 d	0,9945	0,1735
Juncal/2005	7417,8 A	0,8473	0,0393
La Libertad/2005	5449,8 c	0,7501	0,0451
Tanane/2006	4040,9 c	0,5055	0,0312
Escobal/2006	7308,9 b	0,6170	0,0170
Juncal/2006	5622,4 b	0,3371	0,0272
La Libertad/2006	4409,8 C	0,8473	-0,7429

* Grupos de médias seguidas pela mesma letra minúscula para genótipos e maiúscula para localidades não diferem pelo critério de Scott-Knott em nível de 5% de probabilidade de erro.

- maiz. **Revista Fitotecnia Mexicana**, v.28, n.2, p.135-143, 2005.
- CORNELIUS, P.L. et al. Statistical test and estimator of multiplicative model for genotype-by-environment interaction. In: KANG, M.S.; GAUCH Jr, H.G. (Ed.). **Genotype-by-environment interaction**. New York: Washington D.C. 1996. Cap.8, p.199-234.
- COUTINHO-ESTRADA, B.; VIDAL-MARTINEZ, V.A. Estabilidad del rendimiento de grano de híbridos de maíz usando mejores predictores lineares insesgados. **Agrociencia**, v.37, p.605-616, 2003.
- CROSSA, J. et al. AMMI adjustment for statistical analysis of an international wheat yield trial. **Theoric Application in Genetic**, v.81, p.27-37, 1991.
- CROSSA, J. et al. Using linear-bilinear model for studying gene expression x treatment interaction in microarray experiments. **Journal of Agricultural, Biological and Environmental Statistics**. v.10, n.3, p. 337-353, 2005.
- CROSSA, J. et al. Modeling genotype x environment interaction using additive genetic covariances of relatives for predicting breeding values of wheat genotypes. **Crop Science**, v.46, p.1722-1733, 2006.
- CRUZ, C.D. et al. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. Viçosa: Universidade Federal de Viçosa, 2004. 480p.
- DeLACY, I.H. et al. Relationships among analytical methods used to study genotype-by-environment interactions and evaluation of their impact on response to selection. In: KANG, M.S.; GAUCH Jr., H.G. (Ed.). **Genotype by environment interaction**. New York: Washington D.C, 1996. Cap.3, p.51-84.
- EMBRAPA FLORESTAS. **Modelagem AMMI para estudos de interação em modelos estatísticos de efeitos fixos**. Dourados: Embrapa Florestas, 2004. 7p. (Comunicado Técnico, 124). Capturado em 13 jun. 2007. Online. Disponível em: http://www.cnpf.embrapa.br/publica/comuntec/edicoes/com_tec124.pdf.
- GAUCH Jr., H.G. Model selection and validation for yield trials with interaction. **Biometrics**, v.44, p.705-715, 1988.
- GORDÓN-MENDOZA, R. et al. Evaluación de la adaptabilidad y estabilidad de 14 híbridos de maíz, Azuero, Panamá. **Agronomía Mesoamericana**, v.17, n.2, p.189-199, 2006.
- SAS INSTITUTE Inc. **SAS 9.1**. Cary, 2003.
- YAN, W.L. et al. Cultivar evaluation and mega environment investigation based on the GGE biplot. **Crop Science**, v.40, p.597-605, 2000.
- YAN, W. et al. Two types of GGE Biplot for analyzing multi-environment trial data. **Crop Science**, v.41, p.656-663, 2001.
- YAN, W. Singular value partitioning in biplot analysis of multi-environment trial data. **Agronomy Journal** v.94, p.990-996, 2002.
- YAN, W.; KANG, M. **GGE biplot analysis: a graphical tool for breeder, geneticists, and agronomists**. New York: Washington, 2002. 271p.
- ZOBEL, R.W. et al. Statistical analysis of a yield trial. **Agronomy Journal**, v.80, p.388-393, 1988.