**MÉTODOS DE REGRESSÃO E UNI-MULTIVARIADO PARA A
REDUÇÃO DO NÚMERO DE REPETIÇÕES EM EXPERIMENTOS
INTERMEDIÁRIOS DE UM PROGRAMA DE MELHORAMENTO
DE SOJA**

FERNANDO TOLEDO SANTOS DE MIRANDA

Tese apresentada à Escola Superior de
Agricultura “Luiz de Queiroz”, Universidade de
São Paulo, para obtenção do título de Doutor
em Agronomia, Área de Concentração:
Genética e Melhoramento de Plantas.

PIRACICABA
Estado de São Paulo – Brasil
Fevereiro - 2004

**MÉTODOS DE REGRESSÃO E UNI-MULTIVARIADOS PARA A
REDUÇÃO DO NÚMERO DE REPETIÇÕES EM EXPERIMENTOS
INTERMEDIÁRIOS DE UM PROGRAMA DE MELHORAMENTO
DE SOJA**

FERNANDO TOLEDO SANTOS DE MIRANDA
Engenheiro Agrônomo

Orientador: Prof. Dr. **NATAL ANTONIO VELLO**

Tese apresentada à Escola Superior de
Agricultura “Luiz de Queiroz”, Universidade de
São Paulo, para obtenção do título de Doutor
em Agronomia, Área de Concentração:
Genética e Melhoramento de Plantas.

PIRACICABA
Estado de São Paulo – Brasil
Fevereiro - 2004

Dados Internacionais de Catalogação na Publicação (CIP)
DIVISÃO DE BIBLIOTECA E DOCUMENTAÇÃO - ESALQ/USP

Miranda, Fernando Toledo Santos de

Métodos de regressão e uni-multivariado para a redução do número de repetições em experimentos intermediários de um programa de melhoramento de soja / Fernando Toledo Santos de Miranda. - - Piracicaba, 2004.
110 p.

Tese (doutorado) - Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz, 2004.
Bibliografia.

1. Análise de variância 2. Delineamento experimental 3. Interação genótipo ambiente 4. Linhagens vegetais 5. Melhoramento genético vegetal 6. Soja I. Título

CDD 633.34

“Permitida a cópia total ou parcial deste documento, desde que citada a fonte – O autor”

À Jaqueline, Laura e Manuela,
Dedico.

Aos meus pais Manoel e Dulce,
Ofereço.

AGRADECIMENTOS

Ao Prof. Dr. Natal Antonio Vello, pelo apoio e compreensão das minhas dificuldades durante a condução deste trabalho e principalmente pela valiosa orientação;

Ao CNPq pela bolsa de estudo concedida;

A CAPES, CNPq, EMBRAPA, FAPESP e FINEP pelos apoios financeiros às diferentes fases das pesquisas que originaram o germoplasma utilizado;

Ao Departamento de Genética, especialmente ao seu corpo docente, pelos ensinamentos;

À Fundação De Apoio À Pesquisa e Desenvolvimento do Oeste Baiano e à Naturalle Agro Mercantil S/A pelo tempo cedido para a execução deste trabalho;

Aos funcionários do Departamento de Genética Marcos Custódio Nekatschlow, Claudinei Antonio Didoné e Antonio Roberto Cogo pela amizade e auxílio na montagem e condução dos experimentos;

Às bibliotecárias Silvana e Glória pela amizade e auxílio nas fases de revisão de literatura e revisão dos originais;

A Candida Vanderléia de Oliveira pela amizade, paciência e atenção dispensada;

Aos amigos Jair Rogério Unfried e Gustavo Capato Herrera pela indispensável ajuda na fase final deste trabalho;

Aos colegas do grupo da soja, Maurisrael de M. Rocha, Maria Clideana C. Maia, Angela C. de A. Lopes, Cláudio Yuji Tsutsumi, Fábio Pandini (*in memoriam*), José Francisco Ferraz de Toledo, Vanoli Fronza e Rodrigo Luiz Brogin que em todos os momentos estiveram presentes e dispostos a ajudar;

Aos colegas do Departamento de Genética, em especial à Andrea Mittelman, Glauce Rumin, Raimudo Nonato Vieira da Cunha, Vanderlei da Silva Santos, Aurélio Mendes Aguiar, Américo José dos Santos Reis e José Ubirajara Vieira Moreira; pela amizade;

Aos meus pais Manoel e Dulce por tudo o que tem feito por mim e pela minha família;

À Jaqueline por não ter permitido que eu desistisse.

OBRIGADO

SUMÁRIO

	Página
RESUMO	ix
SUMMARY	xi
1 INTRODUÇÃO	1
2 REVISÃO DE LITERATURA	4
2.1 Delineamentos experimentais	4
2.1.1 Blocos aumentados	4
2.1.2 Blocos completos casualizados	6
2.2 Delineamentos de tratamentos	7
2.2.1 Metodologia de Eberhart & Russell (1966)	7
2.2.2 Metodologia AMMI	9
3 MATERIAL E MÉTODOS	16
3.1 Material genético	16
3.2 Caracterização dos ambientes	17
3.3 Avaliação do desempenho agronômico	18
3.4 Delineamentos experimentais	19
3.4.1 Blocos aumentados	19
3.4.2 Blocos ao acaso com tratamentos comuns	20
3.4.3 Análises conjuntas	20
3.5 Delineamentos de tratamentos	21
3.5.1 Método de Eberhart & Russell (1966)	22
3.5.2 Análise AMMI	23
3.6 Correlações de Spearman	24

4 RESULTADOS E DISCUSSÃO	26
4.1 Considerações iniciais	26
4.2 Experimentos em blocos aumentados (BA) em 1998	26
4.2.1 Análise da variância (ANAVA) dos experimentos em BA em 1998....	27
4.2.2 Metodologia de Eberhart & Russell (1966) (ER) dos experimentos em BA em 1998.....	28
4.2.3 Metodologia AMMI dos experimentos em BA em 1998	29
4.3 Experimentos em blocos casualizados subdivididos em conjuntos experimentais (BCCE) em 1998	31
4.3.1 Análise da variância (ANAVA) dos experimentos em BCCE em 1998	31
4.3.2 Metodologia de Eberhart & Russell (1966)(ER) dos experimentos em BCCE em 1998.....	32
4.3.3 Metodologia AMMI dos experimentos em BCCE em 1998	34
4.4 Experimentos em blocos aumentados (BA) em 1999	37
4.4.1 Análise da variância (ANAVA) dos experimentos em BA em 1999....	37
4.4.2 Metodologia de Eberhart & Russell (1966) (ER) dos experimentos em BA em 1999.....	38
4.4.3 Metodologia AMMI dos experimentos em BA em 1999	39
4.5 Experimentos em blocos casualizados subdivididos em conjuntos Experimentais (BCCE) em 1999	39
4.5.1 Análise da variância (ANAVA) dos experimentos em BCCE em 1999	39
4.5.2 Metodologia de Eberhart & Russell (1966)(ER) dos experimentos em BCCE em 1999	41
4.5.3 Metodologia AMMI dos experimentos em BCCE em 1999	42
4.6 Experimentos em blocos aumentados (BA) em 2000	43
4.6.1 Análise da variância (ANAVA) dos experimentos em BA em 2000....	43
4.6.2 Metodologia de Eberhart & Russell (1966) (ER) dos experimentos em BA em 2000	44

4.6.3 Metodologia AMMI dos experimentos em BA em 2000	45
4.7 Experimentos em blocos casualizados subdivididos em conjuntos experimentais (BCCE) em 2000.....	47
4.7.1 Análise da variância (ANAVA) dos experimentos em BCCE em 2000.....	47
4.7.2 Metodologia de Eberhart & Russell (1966) (ER) dos experimentos em BCCE em 2000.....	49
4.7.3 Metodologia AMMI dos experimentos em BCCE em 2000	50
4.8 Anava segundo a metodologia AMMI considerando conjuntamente os 12 ambientes	51
4.9 Correlações de Spearman (r_s)	52
5 CONCLUSÕES	55
ANEXOS	56
REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS	102

MÉTODOS DE REGRESSÃO E UNI-MULTIVARIADO PARA A REDUÇÃO DO NÚMERO DE REPETIÇÕES EM EXPERIMENTOS INTERMEDIÁRIOS DE UM PROGRAMA DE MELHORAMENTO DE SOJA

Autor: FERNANDO TOLEDO SANTOS DE MIRANDA

Orientador: Prof. Dr. NATAL ANTONIO VELLO

RESUMO

A fase intermediária de um programa de melhoramento de soja caracteriza-se pela avaliação de grande número de genótipos (cerca de 100 linhagens) em diversos ambientes, fato que torna esta etapa bastante dispendiosa. A utilização de métodos estatísticos que permitam uma análise da interação genótipos x ambientes (GxE) mais refinada, pode permitir, com o ganho em precisão gerado, uma compensação ao aumento esperado na interação GxE em consequência da diminuição do número de repetições nesses experimentos. A metodologia de Eberhart & Russell (1966) (ER) utiliza a regressão linear como ferramenta para modelar a interação GxE, enquanto que a metodologia AMMI utiliza a análise da variância para modelar os efeitos de genótipos e de ambientes e a decomposição de valores singulares para modelar apenas a interação GxE. O objetivo deste trabalho foi avaliar a possibilidade de redução do número de repetições em experimentos com 72 linhagens em delineamento em blocos casualizados com duas repetições

subdivididas em conjuntos experimentais (BCCE), conduzidos em quatro locais / épocas de cultivo e três anos agrícolas. Os experimentos foram analisados em BCCE e também em blocos aumentados (BA) considerando-se aleatoriamente uma das duas repetições. Como ferramentas auxiliares foram empregadas as metodologias ER e AMMI. A análise conjunta dos 12 ambientes através da metodologia AMMI foi utilizada como padrão para comparações, através de correlações de Spearman (r_s). Em relação a este padrão, a média das r_s dos três anos foi estimada em: 54% para as médias dos experimentos em BA; 64% para os experimentos em BCCE; 65% para os experimentos em BA analisados pela metodologia ER; 69% para os experimentos em BCCE analisados pela metodologia ER; 73% para os experimentos em BA analisados pela metodologia AMMI e 74% para os experimentos em BCCE avaliados pela metodologia AMMI. Os resultados obtidos permitiram concluir que as metodologias para o estudo da interação GxE são capazes de aumentar as r_s com o padrão, indicando a possibilidade de redução de duas para uma repetição nos experimentos intermediários através do uso de: a) metodologia AMMI ao invés da seleção baseada nas médias das duas repetições; b) metodologia ER (em dois dos três anos avaliados) ao invés da seleção baseada nas médias das duas repetições; c) metodologia AMMI (em dois dos três anos avaliados) ao invés da seleção baseada na metodologia ER. Com a redução do número de repetições (duas para uma) é possível diminuir sensivelmente os custos com a experimentação na fase intermediária de programas de melhoramento.

REGRESSION AND UNI-MULTIVARIATE METHODOLOGIES FOR REDUCTION OF THE REPLICATION NUMBER IN EXPERIMENTS OF THE INTERMEDIARY PHASE OF A SOYBEAN BREEDING PROGRAM

Author: FERNANDO TOLEDO SANTOS DE MIRANDA

Adviser: Prof. Dr. NATAL ANTONIO VELLO

SUMMARY

The intermediary phase of a soybean breeding program involves the evaluation of a large number of genotypes (about 100 lines) in several environments, becoming this a very expensive step. The utilization of statistical methods that allow a refined analysis of the genotype x environment (GxE) interaction, may generate gains in precision as a compensation to the expected increase in the GxE estimate and, thus, to permit the reduction of the replication number. Eberhart & Russell (1966) (ER) methodology utilizes linear regression to study G x E interaction; the AMMI methodology employs the analysis of variance to fit effects of genotypes and environments and singular values decomposition to fit only the GxE interaction. The objective of this research was to evaluate experiments with 72 lines in randomized block design with two replications subdivided in sets with common checks (BCCE); these experiments were carried out in four locations / sow dates during three agriculture years. The experiments were analyzed in BCCE and also in augmented blocks (BA) by

considering only one replication taking at random. As auxiliary tools were used ER and AMMI methodologies. The joint analysis of the 12 environments through the AMMI methodology was used as pattern for comparisons through Spearman correlation (r_s). In relation to this pattern, the mean of r_s in the three years was estimated in: 54% for means of BA experiments, 64% for BCCE experiments, 65% for BA experiments analyzed with ER, 69% for BCCE experiments analyzed with ER methodology, 73% for BA experiments analyzed with AMMI methodology and, 74% for BCCE experiments analyzed with AMMI methodology. The results indicated that the application of auxiliary methods for understanding GxE interaction were able to increase the r_s with the pattern, opening the possibility for reducing the replication number in the experiments of the intermediary steps of soybean breeding programs. In conclusion, it was verified the possibility to reduce from two (BCCE) by one (BA) replication by using the following auxiliary methods of analysis: a) AMMI method instead of means of two replications as the unique selection criterion; b) ER method (in two of the three evaluated years) instead of means of two replications as the unique selection criterion; c) AMMI method (in two of the three evaluated years) instead of selection as based on ER method. The reduction from two to one replication makes possible to lower reasonably the experimental costs during the intermediary step of breeding programs.

1 INTRODUÇÃO

A soja (*Glycine max* (L.) Merrill), graças aos conteúdos de óleo e de proteína de seus grãos (aproximadamente 20 e 40%, respectivamente), associados às elevadas produtividades em diferentes ambientes, é considerada hoje a mais importante oleaginosa no mundo, sendo utilizada diretamente no preparo de alimentos, ou indiretamente como fonte de óleo e de proteína, na composição de alimentos e rações. A soja contribui com 22% da disponibilidade global de óleos e gorduras (Becker, 1996), sendo também a principal fonte de farelos protéicos de origem vegetal.

O Brasil é o segundo maior produtor de soja do mundo com uma produção estimada para a safra 2003/04 de aproximadamente 59 milhões de toneladas em 20,785 milhões de ha, alcançando a produtividade média de 2,836kg ha⁻¹ (IBGE, 2004).

A posição do Brasil, de grande produtor e exportador de soja deve-se muito ao trabalho do melhoramento genético, que em relativamente pouco tempo foi capaz de adaptar a cultura às condições dos cerrados brasileiros, ou seja, dias curtos e solos ácidos (Kiihl et al., 1983). Atualmente, a soja é cultivada em praticamente todo o Brasil.

A necessidade do fornecimento contínuo de materiais mais produtivos e adaptados para as condições em que os agricultores necessitam, muitas vezes, obriga o melhorista a utilizar em seus cruzamentos apenas materiais já adaptados, sabidamente portadores de muitos genes favoráveis, fato que implica no estreitamento da base genética da soja (Delannay et al., 1983; Hiromoto & Vello, 1986; Vello, 1985; Vello et al., 1984). Desta maneira, os

ganhos genéticos provavelmente serão cada vez menores e mais difíceis de serem conseguidos, de maneira a forçar os programas serão forçados a trabalhar com um número cada vez maior de progênies (Sousa, 1997).

O melhoramento genético da soja tem assim, o desafio de revelar diferenças cada vez menores em experimentos cada vez maiores (Sousa, 1997). Neste sentido, Gauch Jr. & Zobel (1996) consideram que a interação genótipos por ambientes (GxE) e o ruído (parte da GxE devida a fatores predominantemente aleatórios) são as principais causas de dificuldades na seleção e indicação de novos cultivares. Quanto a GxE, duas estratégias clássicas podem ser consideradas: a) procurar por genótipos que sejam altamente produtivos e amplamente adaptados a todas as regiões de interesse; b) subdividir as regiões de interesse em macroambientes homogêneos, de maneira que a interação GxE seja desprezível dentro de cada macroambiente. Quanto ao ruído, quatro alternativas visando a obtenção de estimativas mais precisas são apontadas pelos autores: a) melhores experimentos; b) mais repetições; c) melhores delineamentos experimentais; e d) metodologias mais detalhadas para o estudo da GxE (aplicadas às médias dos tratamentos por experimento).

A metodologia AMMI (“Additive Main Effects and Multiplicative Interaction” – Efeitos Principais Aditivos e Interação Multiplicativa) pode ser útil tanto na melhoria das estimativas das médias dos tratamentos, quanto na quantificação e entendimento da interação GxE (Gauch Jr. & Zobel, 1996). Entretanto, apesar da atual disponibilidade de recursos computacionais, essa metodologia tem sido pouco utilizada, devido à falta de informações sobre as vantagens em relação às metodologias tradicionalmente utilizadas.

O aumento do tamanho dos experimentos é outro fator que dificulta o controle do ruído, apesar de existirem delineamentos mais eficientes, como os blocos incompletos e os delineamentos espaciais. O delineamento de blocos aumentados tem sido muito utilizado quando o objetivo é a avaliação de um grande número de genótipos com o menor custo possível. A principal razão

para esta preferência é a grande praticidade e flexibilidade deste delineamento, além do fato de permitir que tratamentos com pequeno número de propágulos (mudas, sementes, estacas, etc) sejam analisados estatisticamente.

A combinação de um delineamento experimental simplificado e de um delineamento mais sofisticado para análise da interação GxE pode propiciar uma boa relação entre custo e benefício para a seleção de linhagens superiores em experimentos preliminares, uma vez que a maior eficiência da análise AMMI pode compensar o provável aumento da estimativa de GxE decorrente da redução do número de repetições.

Assim, o objetivo deste trabalho foi avaliar a utilização da metodologia AMMI no estudo da interação GxE como uma ferramenta que permita, através da obtenção de estimativas mais precisas para as médias dos genótipos nos ambientes, a minimização do número de repetições, ou seja, viabilizar a utilização do delineamento de blocos aumentados, para os experimentos da fase intermediária de programas de melhoramento de soja.

2 REVISÃO DE LITERATURA

2.1 Delineamentos experimentais

2.1.1 Blocos aumentados

Os delineamentos aumentados foram propostos por Walter T. Federer em 1955 (Duarte, 2000), com o objetivo principal de permitir a avaliação de um grande número de progênies nas primeiras fases dos programas de melhoramento, nas quais o número de sementes ou mudas de cada genótipo é restrito. O delineamento baseia-se na inclusão dos genótipos a serem avaliados em uma única repetição (tratamentos adicionais) à estrutura de um delineamento padrão (blocos ao acaso, blocos incompletos, parcelas subdivididas, quadrados latinos, etc.), formado por um número restrito de testemunhas (tratamentos comuns) (Federer, 1958; 1961a; 1961b; Federer & Raghavarao, 1975). O balanceamento não é necessário nem para os tratamentos adicionais nem para os tratamentos comuns (Scott & Milliken, 1993; Federer, 1998).

Federer (1961a) apresenta as análises com e sem recuperação da informação interblocos para blocos completos aumentados e para látices balanceados aumentados. Federer & Raghavarao (1975), Federer et al. (1975) apresentam as bases para análise de delineamentos aumentados considerando linhas e colunas. Federer (1998) apresenta a análise com recuperação da informação interregressões e Wolfinger et al. (1997) apresentam os procedimentos SAS para as análises com recuperação da informação

interblocos para delineamentos em linhas e colunas e com recuperação da informação interregressões.

Lin & Poushinky (1983, 1985) propuseram a sistematização da posição dos tratamentos comuns e denominaram de delineamentos 'aumentados modificados'. O delineamento Tipo 1 (Lin & Poushinky, 1983), para parcelas quadradas ou aproximadamente quadradas e o Tipo 2, para parcelas retangulares, com uma testemunha centralizada em todos os conjuntos (controle da parcela) formados por mais quatro subparcelas que podem ser ocupadas por tratamentos regulares ou por controles da subparcela. Os autores também apresentaram o ajuste para os tratamentos regulares através da estrutura do delineamento (Método 1), por um índice de fertilidade calculado através dos controles de parcelas (Método 2) e através de regressão também baseada nos controles de parcelas (Método 3). Diversos autores testaram estas alternativas, entre eles Lin & Voldeng (1989), May et al., (1989), May & Kozub (1995), indicando a superioridade do Método 3.

Sousa (1997) estudou alternativas experimentais para a avaliação de progênies e comparou os delineamentos em látice, em blocos aumentados, blocos completos, testemunhas intercalares, análise da covariância com um índice ambiental, o método de Papadakis e o método das médias móveis, tendo concluído que o delineamento de blocos aumentados pode ser utilizado, desde que se aplique uma intensidade de seleção moderada. Entretanto, o delineamento, segundo a autora, não se mostrou adequado para a estimação de parâmetros genéticos e fenotípicos.

Kempton & Gleeson (1997) consideram que o delineamento em blocos aumentados é impraticável para um grande número de genótipos, pois ele requer um grande número de testemunhas para controlar a variação. Mead (1997) considera que o principal problema na utilização dos delineamentos aumentados é que os tratamentos adicionais irão inflacionar a variância entre parcelas, devido ao aumento do tamanho do bloco. Por essa razão, o autor considera adequada a adição de apenas dois tratamentos por bloco.

Duarte (2000) apresenta uma pesquisa detalhada sobre o delineamento de blocos aumentados, fazendo considerações sobre a análise e a natureza fixa ou aleatória dos tratamentos adicionais e dos tratamentos comuns, e sugerindo metodologias alternativas visando melhorar a eficiência de experimentos instalados em blocos aumentados através da análise espacial. O autor também apresenta os procedimentos do programa SAS para a análise com recuperação da informação interblocos e intergenotípica.

2.1.2 Blocos completos casualizados

A literatura clássica sobre estatística experimental é extremamente abundante com relação ao delineamento de blocos completos casualizados. Textos clássicos, apresentam todos os procedimentos para a análise e um grande número de exemplos práticos; por exemplo, Pimentel Gomes (1990) considera que o delineamento em blocos casualizados talvez seja o mais importante delineamento experimental; e Steel & Torrie (1960) salientam que existe ortogonalidade entre blocos e tratamentos o que leva a uma grande simplicidade aritmética, tornando este delineamento mais freqüentemente utilizado que qualquer outro.

A função e a utilidade das repetições em diminuir o erro experimental, melhorando as estimativas das médias dos tratamentos, é indiscutível. Entretanto, Bos (1983) mostrou que com o mesmo investimento financeiro, o ganho genético esperado pode ser maior quando se avalia um grande número de genótipos com uma menor precisão, do que quando se avalia um menor número de genótipos com grande precisão. Já Talbot (1997) considera que o aumento do número de repetições para mais de três por local é na maioria das situações, menos benéfico que o aumento equivalente no número de locais ou anos.

Diversos autores como Rocha (1998), Miranda (1999), Unêda-Trevisoli (1999) e Rocha (2002) têm utilizado uma variação do delineamento clássico que consiste na subdivisão das repetições em conjuntos experimentais, em que, cada subdivisão recebe uma parte dos tratamentos principais (p. ex. progênies) e alguns tratamentos adicionais (testemunhas comuns); de maneira que cada repetição conta com um número de repetições das testemunhas equivalente ao número de conjuntos experimentais. Assim, cada repetição é montada no campo identicamente a um experimento em blocos aumentados.

2.2 Delineamentos de tratamentos

Delineamentos de tratamentos são delineamentos que desconsideram a estrutura experimental na qual os dados foram obtidos, ou seja, delineamentos aplicados às médias dos tratamentos e que consideram fatores inerentes a estes tratamentos. Os modelos para análise da GxE são assim considerados, bem como os delineamentos genéticos.

2.2.1 Metodologia de Eberhart & Russell (1966)

Os métodos mais freqüentemente usados em estudos sobre a interação GxE são os que envolvem a utilização da regressão linear (RL), destacando-se os de Finlay & Wilkinson (1963^a), citado por Eberhart & Russell (1966) e por Cruz & Regazzi (1994), entre outros) e o de Eberhart & Russell (1966). Ambos os métodos utilizam como variável independente um índice ambiental (I_i), composto pelo desempenho médio dos genótipos em relação aos ambientes; assim, o coeficiente angular da reta (b_i) é uma medida da resposta de cada

^a FINLAY, K. W.; WILKINSON, G. N. The analysis of adaptation in a plant-breeding programme. **Australian Journal of Agricultural Research**, v.14, n.5, p.742-754. 1963.

genótipo à melhoria das condições ambientais representada pelo I_j . A diferença entre eles é que a metodologia proposta por Eberhart & Russell (1966), utiliza os desvios da regressão ($\hat{\sigma}_{d_i}^2$) como medida da estabilidade dos genótipos para os ambientes testados. Eberhart & Russell (1966) estabeleceram como genótipo ideal aquele que tivesse b_i igual a um e $\hat{\sigma}_{d_i}^2$ o menor possível. A literatura com aplicações destes métodos é extremamente vasta, mas alguns trabalhos como os de Zobel et al. (1988), Yau et al. (1995) e Rocha (2002) estabeleceram comparações entre métodos baseados em regressão e a metodologia AMMI e, por isso, tornam-se de interesse especial para o presente trabalho.

Yau (1995) compara a utilização da análise de RL com e sem dados transformados por $\log_{10}$ com a metodologia AMMI, recomendando que a metodologia AMMI seja utilizada para estudos mais detalhados, especialmente em experimentos envolvendo redes internacionais. O autor apresenta resultados que suportam a hipótese de que a metodologia AMMI é ao menos igual e freqüentemente melhor que a RL quanto à proporção da soma de quadrados explicada pelo modelo. Já Rocha (2002) considera que a AMMI foi sempre mais eficiente do que a RL, corroborando os resultados obtidos por Zobel et al. (1988) e de acordo com as previsões apresentadas por Gauch Jr. (1992).

A aplicação de métodos baseados na RL para estudos da GxE é sujeita a diversas críticas, em sua maioria baseadas na ausência de independência entre a variável reposta e o I_j . Outras críticas são baseadas no fato de que o I_j é considerado como uma medida livre de erro, embora esta última crítica foi e pode ser corrigida utilizando a metodologia de Tai (1971) que considera os erros associados ao I_j . O problema de não se considerar o erro associado ao I_j , pode em parte, ser minimizado através da utilização de um número grande de ambientes.

2.2.2 Metodologia AMMI

A metodologia AMMI, um método uni-multivariado, é composta pela análise da variância dos efeitos principais, no caso os efeitos de genótipos (G) e de ambientes (E) e da análise multivariada dos efeitos da interação genótipos x ambientes (GxE). Gauch (1992) fez uma análise histórica, considerando os modelos que conjuntamente fazem parte da análise AMMI, a análise de componentes principais (ACP) e a análise da variância (ANAVA). Segundo o último autor, a ACP foi idealizada por Pearson em 1901, que visualizou uma matriz bidimensional com L linhas e C colunas geometricamente como R pontos em C dimensões (ou o contrário) e propôs um método que permite representar essa matriz em poucas dimensões. A nuvem de pontos original com muitas dimensões, pode então ser transformada em uma compreensível projeção de poucos planos.

O modelo da ACP é multiplicativo, ou seja: idealizando um exemplo com uma média geral igual a 200 e com a utilização de apenas um eixo com os escores para genótipos e ambientes iguais a 5 e 7 respectivamente, a média esperada é de $200 + (5 \times 7) = 235$. No caso de apenas um plano não ser suficiente para explicar adequadamente os dados, poderiam ser utilizados mais eixos do que um, gerando um modelo com mais dois escores para genótipos e ambientes que seriam multiplicados entre si e, então, adicionados ao modelo.

Proposta por Fisher em 1918, ainda segundo Gauch (1992), a ANAVA calcula estimativas a partir dos desvios para genótipos e ambientes (diferença em relação à média), que somados à média geral, resultam na estimativa de um determinado genótipo em um determinado ambiente. Assim, considerando que os desvios para genótipos e ambientes têm o mesmo valor que os escores utilizados no exemplo anterior para componentes principais, o modelo da ANAVA fornece a estimativa da média como sendo $200 + 5 + 7 = 212$. A análise da

variância possui um resíduo devido à falta de aditividade, que é justamente a GxE.

Gauch (1992) considera ainda que ambas as análises buscam resumir os dados contidos em uma matriz de GxE dados em um modelo que apresenta somado à média, um componente devido a genótipos e um componente devido a ambientes. A única diferença do ponto de vista conceitual é que na ANAVA, as estimativas dos efeitos dos genótipos e dos ambientes são somadas à média geral, enquanto que na ACP elas são multiplicadas entre si e depois somadas à média geral. O autor considera que apesar da ACP ser mais antiga e considerada mais eficiente, a ANAVA tornou-se muito mais popular nos anos subseqüentes, devido à simplicidade dos cálculos exigidos e à fácil interpretação do modelo aditivo. A ACP ficou em segundo plano devido ao método iterativo, que exige um grande recurso computacional, indisponível na primeira metade do século passado e pela maior dificuldade para a interpretação dos efeitos multiplicativos.

Concluindo, Gauch (1992) considera que Williams (1952)^b e Pike & Silverberg (1952)^c inventaram concomitantemente o modelo AMMI, sob a designação de “somas de funções mais produtos de funções”, nas quais é possível substituir funções por números. Estes autores utilizaram a ACP apenas na matriz GxE de resíduos resultantes da ANAVA. Desta maneira, considerando a mesma média geral, e os mesmos desvios utilizados anteriormente na ANAVA (5 e 7 para genótipos e ambientes, respectivamente) e os escores 3 e 2 (para genótipos e ambientes), obtidos a partir do resíduo deixado pela ANAVA, obtêm-se a estimativa: $200+5+7+(3 \times 2)=241$. Kempton (1984) foi o primeiro a utilizar a metodologia em dados de produtividade, enfatizando a possibilidade da utilização do gráfico biplot (Gabriel, 1971) na interpretação dos resultados.

^b WILLIAMS, E. J. The interpretation of interactions in factorial experiments. **Biometrika**, v.39, p.65-81.

^c PIKE, E. W.; SILVERBERG, T. R. Designing mechanical computers. **Machine Design**, v.24, p.131-137, 159-163.

Willers et al. (1995) apresentam uma breve, porém completa explanação sobre as bases da análise AMMI. Gauch Jr. & Zobel (1996) revisaram os principais avanços da metodologia AMMI entre 1992 e 1996. Segundo os autores, nesse período a metodologia tem se mostrado útil ao melhor entendimento de interações GxE complexas, salientando a participação da análise gráfica (biplot) e a capacidade da metodologia em construir um modelo rico em padrão (parte de GxE devida a fatores desconhecidos que causam alterações sistemáticas na GxE), deixando um resíduo rico em ruído, o que segundo os autores, traduz-se em maior acurácia. A utilização da análise AMMI pode significar um ganho de acurácia equivalente a 5 a 20 repetições. Os autores mostraram como a raiz quadrada dos autovalores, que não têm unidade, multiplicada pelos autovetores de genótipos e de ambientes, que têm a mesma unidade, são convenientemente utilizados para a construção do biplot.

Gauch Jr. & Zobel (1996) consideram que a análise AMMI pode ser útil, tanto na identificação de genótipos com adaptação ampla, quanto na identificação de macroambientes homogêneos. Os custos para a implantação de análises estatísticas mais poderosas, incluindo-se inclusive os custos com equipamento e pessoal qualificado, são compensatórios, quando comparados a um maior número de parcelas necessárias para a mesma eficiência. Salientam que a análise estatística não precisa ser a melhor que existe, mas deve ser a melhor possível, sem deixar de ser prática o suficiente para que o melhorista possa efetivamente utilizá-la.

Fox et al. (1997) também apresentam uma breve descrição do modelo AMMI, ressaltando que a possibilidade de se predizerem as médias de uma região é controversa, e que para tal se admite que a validação baseada em repetições adicionais é relevante na predição da performance em um novo ambiente. Estes autores sugerem ainda que dentro de um grupo de ambientes adequadamente agrupados quanto a GxE, esse valor preditivo não seria útil.

Crossa et al. (1991) salientam ainda que existe o risco de que interações de um único ambiente devidas a um estresse específico sejam sobressaltadas;

assim, os resíduos devem ser cuidadosamente monitorados, de maneira a indicar quão bem os dados foram modelados. Outro problema considerado pelos autores é o fenômeno de que um padrão homogêneo em parte dos dados indique uma maior complexidade quando considerados todos os dados em conjunto. Este aparente paradoxo sugere que a extração de ruído pela AMMI requer pesquisas adicionais.

Johnson (2001) mostrou que o modelo não aditivo de Tukey com um grau de liberdade e o modelo de Mandel de feixe de linhas retas, são casos particulares de um mais geral, com interação multiplicativa representado pela análise AMMI. O autor faz uma cronologia histórica sobre o desenvolvimento dessa classe de modelos, apresentando exemplos para o pacote computacional SAS e enfatiza a utilização desses em conjuntos de dados sem repetição. Dagnelie (2001) faz algumas ressalvas quanto à utilização de delineamentos de tratamentos em experimentos sem repetições.

Gabriel (1971) apresenta a utilização do biplot na visualização de qualquer matriz de posto dois ou que possa ser resumida em uma matriz de posto dois, com especial importância na visualização de resultados originados da ACP; Kempton (1984) apresenta a utilização e interpretação de biplots para os modelos ANAVA, RL, ACP e AMMI e sugere, ainda, a utilização de barras horizontais proporcionais às produtividades para um biplot de ACP, como foi posteriormente utilizado por Fox et al. (1997) em uma análise AMMI. Ambos os autores consideram que os biplot são uma interessante ferramenta para a apresentação de resultados de diversas técnicas, com especial interesse para a análise da interação GxE.

Gauch Jr. (1988) explora as implicações das abordagens pós-ditiva e pré-ditiva quanto à acurácia das estimativas obtidas. O sucesso pós-ditivo diz respeito à adequação do modelo aos dados, enquanto o sucesso pré-ditivo, diz respeito à adequação entre um modelo construído a partir de uma parte dos dados e a validação desse modelo pelos dados restantes. Essas abordagens são utilizadas na tomada de decisão quanto à adoção ou não das fontes de

variação em um modelo incompletamente especificado, como é o caso do AMMI. Segundo o autor, a abordagem pré-ditiva, em situações em que existe muito ruído, é considerada superior à abordagem pós-ditiva, por gerar estimativas mais próximas das médias verdadeiras. Outra vantagem da abordagem pré-ditiva é que os modelos selecionados tendem a ser mais simples e mais parcimoniosos. Através da abordagem pré-ditiva, é possível separar pela análise o que é padrão do que é ruído, gerando um modelo que é capaz de prever os dados de validação melhor que os dados usados na construção do modelo, enquanto que pela abordagem pós-ditiva, o modelo pode ser no máximo tão preciso quanto os próprios dados. É apresentado um exemplo com soja no qual, pela abordagem pós-ditiva, três IPCAs (“Interaction Principal Components Analysis” – Componente Principal da Interação) são significativos, enquanto que pela abordagem pré-ditiva, apenas o primeiro eixo é considerado no modelo, sendo muito mais parcimonioso.

Zobel et al. (1988) comparam três metodologias tradicionais (ANAVA, ACP e RL) com a AMMI, com dados de soja: a ANAVA falhou em detectar a significância da GxE; já a ACP falhou em identificar e separar os componentes principais de genótipos e de ambientes e a RL falhou ao capturar apenas uma pequena parcela da soma de quadrados da GxE; o método mais utilizado, o de Finlay & Wilkinson, não permite uma solução de quadrados mínimos e geralmente confunde a GxE com os efeitos principais, reduzindo o poder para os testes de significância; AMMI mostrou uma alta e significativa GxE com um claro sentido agrônômico, permitindo separar os ambientes quanto à latitude e os genótipos quanto à precocidade.

Gauch & Furnas (1991) apresentaram o programa MATMODEL para análise de modelos AMMI através de validação cruzada. O programa permite a estimação de parcelas perdidas e a análise para dados desbalanceados. Os autores ressaltam que as estimativas obtidas são tão acuradas quanto a média de duas a quatro repetições. Assim, os autores sugerem a utilização de poucas

repetições com o aumento proporcional de genótipos a serem testados, graças a essa maior acurácia do modelo.

Yau (1995) compara a utilização da análise de regressão (RL) com a AMMI e recomenda que a AMMI seja utilizada para estudos mais detalhados. O autor considera que AMMI é ao menos tão eficiente e freqüentemente mais eficiente que a RL.

Annicchiarico (1997) compara em quatro grupos de dados de diferentes culturas, dois procedimentos baseados em validação cruzada para testar os eixos dos componentes principais da interação GxE, explorando as facilidades do programa MATMODEL. O uso do teste F de Gollob^d, F_{GH2} , F_R e o critério heurístico baseado na taxa de sinal-para-ruído também são pesquisados. Não houve concordância entre os métodos para a seleção do modelo e o método de Gollob foi considerado adequado apenas para pequenos conjuntos de dados. O autor utiliza a propriedade de que a metodologia AMMI pode ser aplicada para qualquer conjunto de dados organizados em uma matriz de linhas e colunas e como o autor estava interessado em experimentos multi-locais repetidos em alguns anos, apenas a interação genótipos x locais (GxL) foi utilizada na parte multiplicativa do AMMI, de maneira a reter no modelo somente os efeitos que são mantidos entre os anos.

Tai (1999) apresentou uma metodologia alternativa para a análise AMMI com a estimação dos componentes multiplicativos através de análise de variáveis canônicas, na qual os componentes significativos podem ser facilmente identificados através de um teste de χ^2 desenvolvido por Seal (1966)^e que indica seqüencialmente quais os autovalores que são significativamente não diferentes de zero.

Cornelius & Crossa (1999), utilizando estimadores de encolhimento ("shrinkage"), obtiveram resultados para a validação cruzada ao menos tão

^d GOLLOB, H. F. A statistical model which combines features of factor analytic and analysis of variance techniques. *Psychometrika*, v.33, p.73-115. 1968.

^e SEAL, H. L. *Multiplicative statistical analysis for biologists*. Willey, New York. 1966.

eficientes quanto os métodos truncados (F_{GH1} e F_{GH2} entre outros) e BLUPs ('Best Linear Unbiased Prediction'). Os autores concluíram que os dados utilizados para a validação cruzada devem ser ajustados para as diferenças entre repetições, e que o modelo que utiliza estimadores de encolhimento é muito provavelmente o mais preditivamente acurado. Na maioria das situações sem ajuste para repetições, com ou sem ajuste para as diferenças entre repetições, estimativas de "shrinkage" foram sempre melhores que para os modelos truncados. Para situações em que exista padrão na interação, ou seja, em que a interação não é independentemente distribuída, o modelo utilizando estimadores de "shrinkage" é superior ao BLUP. Os resultados sugerem que o modelo utilizando estimadores de "shrinkage" é tão bom quanto os métodos truncados ou BLUP, e que elimina a necessidade tanto da validação cruzada quanto do teste de hipóteses. As estimativas de encolhimento utilizando graus de liberdade de Gollob^d são praticamente idênticas às obtidas por simulação ou interação. Portanto, do ponto de vista prático, esta alternativa deve ser utilizada.

Duarte & Vencovsky (1999) propuseram a utilização da decomposição de valores singulares (DVS) como uma alternativa à utilização da ACP na análise AMMI. Os autores apresentaram uma detalhada descrição dos cálculos utilizados, um exemplo numérico e um programa para a análise AMMI utilizando o pacote SAS.

Diversos são os exemplos de aplicação da metodologia AMMI, desde a mais comum aplicação para o entendimento da interação GxE com e sem a utilização de covariáveis ambientais (Zobel et al., 1988; Yau, 1995; Annicchiarico, 1997; Abamu & Alluri, 1998; Voltas et al., 1999; Lavoranti et al., 2001; Rocha, 2002 e Miranda et al., 2002), até a utilização para a análise de dialelos (Yan & Hunt, 2002), passando também por estudos da interação patógeno x hospedeiro (Schneider et al., 1999).

3 MATERIAL E MÉTODOS

Foram avaliadas 72 linhagens em quatro locais / épocas de cultivo e três anos agrícolas, totalizando 12 ambientes. Os 12 experimentos foram delineados em blocos ao acaso com duas repetições subdivididas em conjuntos experimentais com testemunhas comuns (BCCE). As análises estatístico-genéticas foram feitas de acordo com o delineamento BCCE e, também, através do delineamento em blocos aumentados (BA) tomando-se aleatoriamente uma das repetições. As médias ajustadas desses experimentos foram analisadas em cada ano quanto à interação GxE pelas metodologias de Eberhart & Russell (1966) (ER) e AMMI. Dentro de cada ano, as médias ajustadas das análises individuais e as médias estimadas pelas metodologias de Eberhart & Russell (1966) e AMMI foram comparadas através de correlações de Spearman com as estimativas das médias da análise AMMI considerando-se todos os 12 ambientes.

3.1 Material genético

As 72 linhagens de soja (Tabela 1) são provenientes de 11 populações denominadas seqüencialmente USP-1 a USP-11 (Vello et al., 1994; Hiromoto, 1996; Miranda, 1999), sendo quatro linhagens USP-1, duas USP-2, cinco USP-3, 12 USP-4, três USP-5, quatro USP-6, sete USP-8, três USP-9, sete USP-10, e 21 USP-11. As linhagens de USP-1 a USP-5 foram abertas em F₈ e as linhagens de USP-5 a USP-11 foram abertas em F₅. Estas linhagens foram

desenvolvidas pelo programa de melhoramento genético de soja, em andamento no Setor de Genética Aplicada às Espécies Autógamas do Departamento de Genética da Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz” (ESALQ), Universidade de São Paulo (USP).

As linhagens originadas das 11 populações foram previamente selecionadas quanto à resistência ao nematóide de cisto da soja (*Heterodera glycines* Ichinohe; NCS) em duas ocasiões por Hiromoto (1996) e Miranda (1999). As 11 populações são oriundas de seis cruzamentos envolvendo um genitor resistente ao NCS (Forrest, Foster ou Kirby) e um genitor adaptado (IAC Foscarin-31, Primavera, Paraná, FT-2, SOC81-76 ou FT79-3408). Assim, as linhagens originárias da população USP-1 são provenientes do cruzamento ‘IAC Foscarin-31 x Forrest’; da população USP-2, USP-3 e USP4 do cruzamento ‘Forrest x Primavera’; da população USP-5 de ‘Paraná x Kirby’; das populações USP-6 e USP-7 de ‘Kirby x FT-2’; das populações USP-8 e USP-9 de ‘SOC81-76 x Foster’ e das populações USP-10 e USP-11 do cruzamento ‘Foster x FT79-3408’.

Em um programa de melhoramento de soja, a fase chamada de “Intermediária” ou “preliminar de terceiro ano” é caracterizada pela última safra antes de se iniciar os “testes finais” ou de VCU (valor de cultivo e uso) conduzidos em vários anos e locais. Esta fase geralmente envolve em torno de uma centena de linhagens. As linhagens utilizadas nesta pesquisa podem ser consideradas como se nesta fase estivessem.

3.2 Caracterização dos ambientes

Os experimentos para avaliação do potencial agrônômico das linhagens foram conduzidos em três anos agrícolas (1998/99, 1999/00 e 2000/01, de agora em diante denominados apenas por 1998, 1999 e 2000). Em cada ano foram utilizadas quatro combinações de locais e épocas de semeadura, sendo

que para os locais Anhembi e Areão os experimentos foram instalados apenas na época considerada como normal na região (semeadura em torno de 15 de novembro); já para o local ESALQ, os experimentos foram instalados em duas épocas de semeadura (normal e 15 dias mais tarde). Portanto, os experimentos representam um total de 12 ambientes. Todos os locais (ESALQ, Anhembi e Areão), estão situados no município de Piracicaba, S.P. (22°42'30" de latitude Sul, 47°39'00" de longitude Oeste e 543m de altitude). O solo do local ESALQ caracteriza-se por um latossolo vermelho-escuro eutrófico de textura argilosa e relevo ondulado, situando-se dentro da área experimental do Departamento de Genética (sede da ESALQ/USP). O local Anhembi caracteriza-se por apresentar solo aluvial distrófico, com textura médio-arenosa e relevo plano; situa-se na Estação Experimental Anhembi, às margens do rio Tietê, a aproximadamente 60 km da sede da ESALQ. O local Areão caracteriza-se por apresentar solo podzólico vermelho-amarelo distrófico, textura médio-argilosa e relevo ondulado; situa-se na Fazenda Areão, distante cerca de 3 km da sede da ESALQ, junto à Rodovia Piracicaba-Limeira.

3.3. Avaliação do desempenho agrônômico

Foram instalados, a cada ano, quatro experimentos delineados em blocos casualizados com duas repetições estratificadas em conjuntos experimentais (BCCE) com tratamentos comuns ou testemunhas (IAS-5, IAC-100, IAC-Foscarin 31 e Primavera).

As parcelas experimentais foram formadas por quatro fileiras de 5,0 m x 0,5 m, sendo a área útil (4m²) formada pelas duas fileiras centrais da parcela, descartando-se meio metro em cada uma das extremidades. A densidade de semeadura utilizada foi de 30 sementes por metro linear, visando garantir, após o desbaste, uma densidade de 20 plantas por metro linear ou 400000 plantas por ha.

Apenas o caráter produtividade em Kg ha^{-1} ($\text{Kg} \cdot \text{ha}^{-1} = \frac{10\text{PG}}{4}$, em que

PG = peso de grãos, com aproximadamente 13% de umidade, das plantas da área útil da parcela em g/4m^2) foi considerado nesse trabalho.

3.4 Delineamentos experimentais

3.4.1 Blocos aumentados

Inicialmente, os experimentos instalados no campo em delineamento de blocos casualizados estratificados em conjuntos experimentais (BCCE) foram representados por uma única repetição, escolhida aleatoriamente, e analisados como blocos aumentados (BA).

Para as análises foram utilizados os procedimentos PROC GLM do pacote computacional SAS (análise intrablocos) apresentados por Wolfinger et al. (1997) e Duarte (2000), com base no modelo:

$$Y_{ij} = \mu + \beta_j + \tau_i + \varepsilon_{ij} \quad , \text{ em que:}$$

Y_{ij} é a observação do i -ésimo tratamento no j -ésimo bloco;

μ é uma constante inerente a todas as observações;

β_j é o efeito aleatório do j -ésimo bloco ($j = 1, 2, \dots, J$)

τ_i é o efeito fixo do i -ésimo tratamento ($i = 1, 2, \dots, p, p+1, p+2, \dots, p+t$, sendo p o número de linhagens, t o número de testemunhas e $p+t=v$ o número total de tratamentos).

ε_{ijr} é o erro experimental aleatório, $\varepsilon_{ijk} \sim NID(0, \sigma^2)$.

3.4.2 Blocos ao acaso com tratamentos comuns

A seguir, os experimentos individuais (BCCE) foram analisados como em Carvalho (1991), desconsiderando-se o efeito da interação tratamentos comuns (testemunhas) x conjuntos. Assim, foi considerado o modelo:

$$Y_{ijk} = \mu + \tau_i + \beta_j + \theta_k + \varepsilon_{ijk} \quad , \text{ em que:}$$

Y_{ijk} é a observação do i-ésimo tratamento no j-ésimo conjunto e na k-ésima repetição;

μ é uma constante inerente a todas as observações;

τ_i é o efeito fixo do i-ésimo tratamento;

β_j é o efeito aleatório do j-ésimo conjunto;

θ_k é o efeito aleatório da k-ésima repetição;

ε_{ijk} é o erro amostral ou erro dentro de parcelas, supondo-se

$\varepsilon_{ijk} \sim NID(0, \sigma^2)$ e independentes.

3.4.3 Análises conjuntas

As análises conjuntas dos experimentos em blocos aumentados também seguiram o modelo de Carvalho (1991), pois como ressalta Duarte (2000), este modelo corresponde a uma análise conjunta de experimentos em blocos ao acaso, considerando-se os conjuntos equivalentes aos blocos e as repetições equivalentes aos ambientes.

As análises conjuntas dos experimentos em blocos ao acaso com tratamentos comuns também seguiram o modelo de Carvalho (1991), apenas

adicionando os efeitos de ambientes e a interação entre tratamentos e ambientes. Assim, o modelo resultante é o seguinte:

$$Y_{ijk} = \mu + \tau_i + \beta_j + \alpha_l + \tau\alpha_{il} + \varepsilon_{ijk}, \text{ em que :}$$

Y_{ijkl} é a observação do i-ésimo tratamento no j-ésimo conjunto na k-ésima repetição e no l-ésimo ambiente;

α_l é o efeito fixo do l-ésimo ambiente;

$\tau\alpha_{il}$ é o efeito aleatório da interação tratamentos x ambientes;

ε_{ijkl} é o erro amostral ou erro dentro de parcelas, supondo-se

$$\varepsilon_{ijk} \sim NID(0, \sigma^2);$$

τ_i e β_j definidos no item anterior.

Considerando que os genótipos estejam na fase intermediária de avaliação experimental, não há sentido em se considerar o efeito de anos, pois apenas os genótipos considerados superiores serão utilizados para os testes finais. Assim, os anos não foram considerados e as análises foram sempre realizadas dentro de cada ano.

3.5 Delineamentos de tratamentos

Os delineamentos de tratamentos (Eberhart & Russell (1966) e AMMI) foram aplicados às análises conjuntas dos dados analisados em BA e em BCCE, de maneira que foram realizadas duas análises para cada um dos modelos, gerando assim quatro conjuntos de dados com todas as combinações de delineamentos experimentais e de tratamentos para cada ano.

3.5.1 Método de Eberhart & Russell (1966)

O método de Eberhart & Russell (1966) foi utilizado como padrão para a análise da GxE. As médias estimadas pelos modelos gerados na análise foram utilizadas para a posterior comparação com as médias estimadas pelo AMMI.

O método baseia-se em uma regressão linear simples de acordo com o modelo:

$$Y_{ij} = \mu_i + b_i I_j + d_{ij} + \bar{\varepsilon}_{ij}, \text{ em que:}$$

Y_{ij} é a média do i-ésimo genótipo no j-ésimo ambiente;

μ_i é a média do i-ésimo genótipo em todos os ambientes;

b_i é o coeficiente da regressão linear, que descreve a resposta do i-ésimo genótipo em relação aos ambientes e é estimado por

$$b_i = \frac{\sum_j Y_{ij} I_j}{\sum_j I_j^2}, \text{ e testado pelo teste } t = \frac{b_i - 1}{\sqrt{\frac{QMD_i}{SQI_j}}}, \text{ sob a hipótese } H_0:$$

$b_i = 1$, em que QMD_i é o quadrado médio dos desvios da regressão e SQI_j é a soma de quadrados do I_j ;

I_j é o índice ambiental centralizado, definido por

$$I_j = \frac{1}{g} \sum_i Y_{ij} - \frac{1}{ge} \sum_{ij} Y_{ij}, \text{ o que faz com que } \sum_j I_j = 0;$$

d_{ij} é o desvio da regressão do i-ésimo genótipo no j-ésimo ambiente

$$\text{e o parâmetro de estabilidade } (\hat{\sigma}_{d_i}^2) \text{ é estimado por } \hat{\sigma}_{d_i}^2 = \frac{\sum_j \hat{d}_{ij}^2}{e-2} \text{ e é}$$

testado pelo teste $F = \frac{QMD_i}{QMR}$, em que QMR é o quadrado médio do

resíduo.

$\bar{\varepsilon}_{ij}$ é o erro médio.

3.5.2 Análise AMMI

A análise AMMI (‘Additive Main effects and Multiplicative Interaction’ – Efeitos principais aditivos e interação multiplicativa) (Gauch Jr. & Zobel, 1996; Duarte & Vencovsky, 1999; Chaves, 2001; Rocha, 2002) baseia-se, como o próprio nome diz, na análise em separado da parte aditiva do modelo (genótipos e ambientes), através da análise da variância e da parte multiplicativa (interação GxE) estimada por de análise multivariada (por decomposição de valores singulares). Assim, o modelo pode ser descrito por:

$$Y_{ger} = \mu + \alpha_g + \beta_e + \sum_{n=1} \lambda_n \gamma_{gn} \delta_{en} + \rho_{ge} + \varepsilon_{ger} \quad ,$$

no qual, à semelhança de Gauch Jr. (1992):

Y_{ger} é o valor observado no g-ésimo genótipo no e-ésimo ambiente e na r-ésima repetição;

μ é a média geral;

α_g é o efeito do g-ésimo genótipo;

β_e é o efeito do e-ésimo ambiente;

λ_n é o n-ésimo valor singular da matriz de resíduos (matriz GE) do modelo aditivo ($Y_{ij} = \mu + \alpha_g + \beta_e + \varepsilon_{ger}$) retido no modelo, em que n é o número de componentes principais retidos no modelo $\{n=1,2,..., [\text{mín}(G-1, E-1)]\}$;

γ_{gn} é o valor do n-ésimo vetor singular correspondente ao g-ésimo genótipo;

δ_{en} é o valor do n-ésimo vetor singular correspondente ao e-ésimo ambiente;

ρ_{ge} é o resíduo da interação GxE ou resíduo AMMI, formado pelos $\min(G-1, E-1)-n$ componentes principais, ou seja, os componentes principais não retidos no modelo;

ε_{ger} é o erro experimental.

Os IPCAs (Componentes Principais da Interação GxE) retidos no modelo foram determinados pelo teste F desenvolvido em 1992 por P.L. Cornelius, M. Seyedsadr e J. Crossa^f (citados por Cornelius et al.(1996) e Rocha (2002)):

$$F_{r,n} = \frac{SQ_{GxE} - \sum_{n=1}^r \lambda_n^2}{f_2 QM_{\text{Erro Médio}}}, \text{ em que } f_2 = (G-1-n)(E-1-n) \text{ são os graus de liberdade}$$

para cada IPCA, definidos em 1998 por H. F. Gollob^d citado entre outros por Gauch Jr. (1992).

Para a análise AMMI também foram obtidas as médias estimadas para cada combinação de genótipos e ambientes, que foram comparadas às médias esperadas provenientes do modelo de Eberhart & Russell (1966) e com as médias das análises individuais.

3.6 Correlações de Spearman

Conhecidas também por correlações ordinais, são correlações não paramétricas entre variáveis formadas pela ordem de classificação das variáveis originais, através de dados variáveis como $r_i = 1, 2, \dots, N$, sendo r_i a

^f CORNELIUS, P. L.; SEYEDSADR, M.; CROSSA, J. Using the shifted multiplicative model to search for “separability” in crop cultivar trials. **Theoretical and Applied Genetics**, v.84, n.1-2, p.161-172, 1992.

ordem de classificação do genótipo i e N o número total de genótipos. Desta maneira, o coeficiente da correlação de Spearman entre duas médias estimadas pela combinação de BA ou BCCE e ER ou AMMI é dado por:

$$r_s = 1 - \frac{6 \sum (r_{ij} - r_{ij'})^2}{g(g^2 - 1)}, \text{ em que:}$$

- r_s é o coeficiente de correlação de Spearman;
- r_{ij} é a ordem de classificação do genótipo i na combinação j ;
- $r_{ij'}$ é a ordem de classificação do genótipo i na combinação j' ;
- g é o número de pares $(r_{ij}, r_{ij'})$, que é igual ao número de genótipos.

As correlações de Spearman foram utilizadas para comparar as médias dos experimentos em BA, em BCCE, e as médias estimadas destes pelas metodologias ER e AMMI nos quatro ambientes dentro de cada ano. A correlação de Spearman também foi utilizada para comparar essas médias com as médias estimadas pela análise conjunta em BCCE dos 12 ambientes pela metodologia AMMI, consideradas como padrão ideal de comparação.

4 RESULTADOS E DISCUSSÃO

4.1 Considerações iniciais

Os resultados das análises realizadas dentro de cada ano, porque na fase intermediária a seleção das linhagens é baseada em um único ano, são agora discutidos tendo em vista o número de repetições (uma para blocos aumentados ou BA e duas para blocos casualizados subdivididos em conjuntos experimentais ou BCCE) em cada um dos modelos utilizados (médias, Eberhart & Russell (1966), ER + AMMI, ou seja, modelo aditivo para os efeitos principais e multiplicativo para a interação).

A análise AMMI combinando-se os 12 ambientes [(Anhembi, Areão, ESALQ-1 e ESALQ-2) x anos (1998, 1999 e 2000)], foi considerada a mais completa possível, gerando através do modelo selecionado as médias estimadas mais próximas o possível do ideal. Estas médias foram utilizadas como padrão de comparação para as médias ajustadas dos delineamentos experimentais e das médias estimadas dos delineamentos de tratamentos e para a combinação destes.

4.2 Experimentos em blocos aumentados (BA) em 1998

O cancro da haste da soja (CHS, *Diaporthe phaseolorum* f.sp. *meridionalis*) ocorreu em todos os ambientes analisados, com exceção do

ambiente ESALQ em segunda época (ESALQ-2) em 1998; portanto neste último ambiente, a ausência de CHS favoreceu as linhagens oriundas das populações USP-6 e USP-7 descendentes do cruzamento 'Kirby x FT-2' em que 'FT-2' é suscetível e 'Kirby' é medianamente suscetível a essa doença (Miranda, 1999); as demais populações têm no mínimo um genitor resistente a CHS. A safra anterior foi o primeiro ano de cultivo de soja; antes disso, aquela área foi ocupada pela cultura do milho, o que pode explicar a entrada tardia do CHS.

4.2.1 Análise da variância (ANAVA) dos experimentos em BA em 1998

Para a análise dos experimentos em 1998 foram selecionadas aleatoriamente as primeiras repetições dos experimentos em Anhembi e ESALQ-2 e as segundas repetições dos experimentos em Areão e ESALQ-1 (Tabela 2).

De acordo com a tabela 3, o experimento ESALQ-2 apresentou a maior média geral (2901 kg ha^{-1}) seguido pelo ambiente Anhembi (2880 kg ha^{-1}), que teve o menor CV (13%). O ambiente ESALQ-1 apresentou a menor média (2625 kg ha^{-1}) e o maior CV (22%). Através da ANAVA foi possível detectar a existência de diferenças significativas entre genótipos apenas em Anhembi, e o desdobramento do efeito de genótipos revelou que estas diferenças eram devidas a diferenças entre as linhagens. No ambiente ESALQ-2, o desdobramento do efeito de genótipos revelou a existência de diferenças entre testemunhas ao nível de 94% de probabilidade (Tabela 3). A comparação das médias (Tabela 4), mostrou que as 16 linhagens selecionadas ($p=20\%$) foram sempre mais produtivas que todas as quatro testemunhas, nos quatro ambientes de 1998. Todavia, o teste de Dunnett não detectou diferenças significativas entre as linhagens mais produtivas e a testemunha mais produtiva em nenhum dos ambientes, não permitindo uma avaliação baseada nesta

estatística para a seleção das linhagens. A Tabela 4 também evidencia diferenças nas ordens das linhagens nos quatro ambientes, fato que já indica a possível existência de interação GxE em 1998.

A ANAVA conjunta evidenciou a existência de diferenças entre os ambientes de interação entre genótipos e ambientes (Tabela 5), o que torna não recomendável a utilização das médias gerais dos genótipos para a seleção, pois a média pode mascarar a superioridade ou inferioridade de genótipos em subgrupos de ambientes. De fato, para as médias gerais nos quatro ambientes (Tabela 6), o teste de Dunnett contra a testemunha mais produtiva não detectou linhagens superiores entre as 16 linhagens selecionadas ($p=20\%$).

4.2.2 Metodologia de Eberhart & Russell (1966) (ER) dos experimentos em BA em 1998

A análise ER (Tabela 7) mostrou a existência de diferenças entre genótipos dentro de ambientes, o que já havia sido mostrado pela análise individual para o ambiente Anhembi (Tabela 3); a análise ER evidenciou ainda que os ambientes são responsáveis por diferenças significativas nas médias dos genótipos (Ambiente Linear) e que não existem diferenças entre os coeficientes lineares (G x E Linear). E que existem diferenças entre os desvios desvio das linhagens em relação ao modelo (Desvio Combinado). De fato a ER permitiu, através da avaliação dos parâmetros coeficientes da regressão (β) e da variância dos desvios (σ_d^2) (Tabela 8), a substituição de duas linhagens consideradas instáveis (USP-8-25 e USP-4-6) do grupo das 16 mais produtivas selecionadas ($p=20\%$) para a próxima fase pelas linhas USP-11-33 e USP-11-21, consideradas produtivas e estáveis nesse grupo. A instabilidade das linhagens em experimentos com uma repetição (BA), deve ser considerada com cautela pois o ruído associado às diferenças ambientais dentro do experimento é somente parcialmente removido através do erro calculado apenas com as

testemunhas. Este ruído aparece confundido com os efeitos da interação GxE, inflacionando os desvios do modelo (σ_d^2).

A Tabela 8 mostra ainda que os ambientes ESALQ-2 e Areão foram considerados favoráveis, e o ambiente Anhembi foi considerado neutro, enquanto o ambiente ESALQ-1 foi considerado desfavorável. As médias estimadas para as 16 linhagens mais produtivas e para as 16 linhagens selecionadas pela metodologia ER também são apresentadas nesta tabela.

Considerando todos os genótipos, a correlação de Spearman entre as médias ajustadas do experimento em BA e as médias estimadas pelo modelo ER foi de 71% (Tabela 56), variando de 66 a 80% (Tabela 53).

4.2.3 Metodologia AMMI dos experimentos em BA em 1998

A análise AMMI resultou na seleção do modelo AMMI 1 ($\hat{Y}_{ge} = \alpha_g + \beta_e + \lambda_1 \gamma_{g1} \delta_{e1}$) (Tabela 9) e, considerando como linha de corte os valores maiores que 10 e menores que -10 para o primeiro componente principal da interação (IPCA 1), possibilitou a eliminação de quatro linhagens consideradas instáveis (USP-4-5, USP-8-25, USP-4-9 e USP-4-6). Em substituição a estas linhagens, as linhagens USP-11-33, USP-11-21, USP-11-13 e USP-9-8 (Tabela 10) foram selecionadas. A Tabela 10 apresenta também as médias estimadas segundo o modelo AMMI 1 para as 16 linhagens mais produtivas e para as 16 linhagens selecionadas pela metodologia AMMI.

A representação gráfica em biplot (Figura 1) mostra que a grande maioria das linhagens pode ser considerada estável ou próxima da estabilidade, variando muito mais quanto à produtividade do que quanto à estabilidade, e que as linhagens mais produtivas apresentaram a tendência de estarem associadas ao ambiente Anhembi, enquanto as menos produtivas, apresentaram a tendência de estarem associadas aos ambientes Areão e ESALQ-2 (elipse

negra). As testemunhas formaram um grupo bastante compacto variando basicamente quanto à produtividade e apresentando também uma pequena associação com o ambiente Anhembi. A disposição dos genótipos em um ângulo inclinado sugere, segundo Gauch Jr. (1992), que a utilização de um modelo de regressão linear, como o de ER pode obter um bom ajuste para estes dados.

O ambiente ESALQ-1 pôde ser considerado estável, enquanto que os demais foram considerados instáveis; o ambiente Anhembi foi o mais instável, enquanto que o ambiente ESALQ-2 o mais favorável. O ambiente Areão apresentou estabilidade intermediária e produtividade acima da média. A análise gráfica dos ambientes mostra uma disposição quase vertical, evidenciando que eles diferem basicamente quanto à GxE (elipse vermelha) e que os ambientes mais contrastantes são Anhembi e ESALQ-2 (Figura 1). A principal razão para este contraste pode ser a ocorrência de doenças, pois Anhembi é um ambiente extremamente favorável para o desenvolvimento de doenças, em especial a Mancha parda ou Septoriose (*Septoria glycines*), enquanto que em ESALQ-2', o potencial de inóculo para doenças ainda era considerado baixo.

De maneira geral, a metodologia AMMI permitiu uma série de interpretações biológicas dos dados, o que sem dúvida ajuda o melhorista em sua tomada de decisão. Entretanto, a eliminação de quatro linhagens consideradas instáveis, contra duas eliminadas pela metodologia de ER, deve ser tomada com cautela pois o nível de corte da metodologia AMMI é totalmente empírico. Deve-se considerar ainda que parte da variação que foi analisada como GxE deve-se ao maior ruído decorrente da utilização de apenas uma repetição, que pode ter sido determinante para a instabilidade de determinados genótipos. Entretanto, a DVS (Decomposição de Valores Singulares) tem a capacidade de identificar padrão nos primeiros eixos, deixando o ruído para o resíduo da análise AMMI. Desta maneira, não é

possível estabelecer uma relação direta entre o IPCA 1 e estes ruídos, como ocorreu para a metodologia ER entre estes ruídos e o σ_d^2 .

As r_s das médias ajustadas dos experimentos com uma repetição (BA) analisados pela metodologia AMMI com as médias brutas e com os experimentos analisados pela metodologia ER foram de 67 e 85% respectivamente (Tabela 56), mostrando que a análise AMMI e a análise de ER se equívalem, o que sustenta a capacidade da análise AMMI para a seleção de modelos (Gauch Jr., 1992). Entretanto, as r_s entre a análise AMMI e as médias são menores que as r_s entre a análise ER e as médias, indicando que à medida em que o modelo fica teoricamente mais eficiente as r_s entre os modelos e as médias originais diminui.

4.3 Experimentos em blocos casualizados subdivididos em conjuntos experimentais (BCCE) em 1998

4.3.1 Análise da variância (ANAVA) dos experimentos em BCCE em 1998

As ANAVAs individuais analisadas em BCCE (Tabela 11) não mostraram uma redução para os CVs; entretanto, foram capazes de aumentar a significância para as diferenças já detectadas pela análise em BA (Tabela 3, Anhembi) e detectar diferenças não detectadas anteriormente no ambiente ESALQ-1: como na análise em BA, apenas em Anhembi foram detectadas diferenças entre linhagens, em ESALQ-1, a diferença detectada entre genótipos foi devida a diferenças entre as testemunhas e em ESALQ-2 ao contraste entre linhagens e testemunhas.

O teste de Dunnett detectou apenas a superioridade da linhagem USP-6-27 sobre a testemunha mais produtiva (IAC-100) em ESALQ-2 (Tabela 12).

A ANAVA conjunta para os experimentos em BCCE em 1998 (Tabela 13) detectou apenas as diferenças entre os ambientes; como a GxE foi não

significativa, foi possível utilizar as médias dos genótipos para a seleção; entretanto, o teste de Dunnett não detectou nenhuma linhagem superior a melhor testemunha para o grupo dos 20% melhores desempenhos (Tabela 14). Isto evidencia, como na análise dos experimentos em BA, a dificuldade enfrentada pelo melhorista em utilizar procedimentos estatísticos baseados na ANAVA para seleção de linhagens no estágio preliminar de um programa de melhoramento de soja.

As médias das correlações de Spearman (r_s) entre as médias ajustadas dos experimentos em BA e em BCCE em 1998 foi de 77% (Tabela 56), nunca sendo menor que 71% (ESALQ-1, Tabela 53). Em relação ao experimento em BA, analisado pela metodologia de ER e pela metodologia AMMI, as r_s foram respectivamente, 67 e 71%, mostrando que as classificações das médias ajustadas foram bastante semelhantes para uma ou para duas repetições e, desta maneira, as aplicações dos modelos de ER e AMMI para os dados dos experimentos em BA mantiveram praticamente o mesmo nível para as r_s .

4.3.2 Metodologia de Eberhart & Russell (1966) (ER) dos experimentos em BCCE em 1998

Apesar da interação GxE ser não significativa, o desdobramento desta pela ER permitiu verificar que os ambientes foram responsáveis por diferenças significativas nas médias dos genótipos (Ambiente Linear) (Tabela 15). A análise conjuntos de experimentos em BCCE não detectou diferenças significativas entre os coeficientes angulares e entre os desvios do modelo (Tabela 15). No experimento em BA (Tabela 7), foram detectadas diferenças para o desvio combinado, evidenciando diferenças quanto à estabilidade dos genótipos estudados. Esta diferença entre as análises em BA e BCCE pode ser explicada pelas melhores estimativas das médias dos genótipos propiciada pelo BCCE.

De acordo com a Tabela 16, a análise ER permitiu ainda classificar os ambientes Areão e ESALQ-2 como favoráveis (sendo ESALQ-2 o mais favorável), o ambiente ESALQ-1 como o mais desfavorável e o ambiente Anhembi como praticamente neutro.

Do grupo das 16 linhagens mais produtivas ($p=20\%$), as linhagens USP-4-6 e USP 4-19 puderam ser identificadas como não responsivas ($\beta < 1$) e, portanto, foram eliminadas do grupo das 16 linhagens selecionadas. As linhagens USP-4-6, USP-4-9, USP-4-10 e USP-8-4 foram consideradas instáveis. As melhores estimativas permitidas pelo experimento em BCCE e o menor valor para o resíduo médio propiciaram a identificação de um maior número de linhagens não responsivas e instáveis. Em substituição a estas linhagens, foram selecionadas as linhagens USP-3-2, USP-11-33, USP-10-30, USP-11-19 e USP-10-13 consideradas produtivas e estáveis. Para a análise dos experimentos com duas repetições (BCCE) através da metodologia ER foi possível considerar as linhagens com valores altos para os σ_d^2 como instáveis, pois os valores para a interação GxE estão mais puros.

A r_s de 85% entre os experimentos em BA (uma repetição) e em BCCE (duas repetições) analisados pela metodologia ER (Tabela 56), permitiu que dentre as 16 linhagens selecionadas pelo experimento em BCCE também fossem selecionadas pelo experimento em BA as seguintes 10 linhagens: USP-11-38, USP-4-5, USP-11-27, USP-4-12, USP-10-10, USP-11-21, USP-11-41, USP-11-33, USP-11-19 e USP-10-13.

Ainda de acordo com a Tabela 56, a r_s entre os experimentos em BCCE analisado pela metodologia de ER e as médias dos experimentos em BA e em BCCE foram de 75 e 62%, respectivamente. Esta diferença de 13% (75%-62%) entre correlações é relativamente expressiva, principalmente se for considerado que as médias dos experimentos em BA e BCCE foram semelhantes em classificação, indicando possibilidade da redução do número de repetições com o uso da metodologia ER no estudo da interação GxE.

4.3.3 Metodologia AMMI dos experimentos em BCCE em 1998

A análise AMMI selecionou o modelo AMMI 1 ($\hat{Y}_{ge} = \alpha_g + \beta_e + \lambda_1 \gamma_{g1} \delta_{e1}$) (Tabela 17), utilizando como linha de corte (Figura 1) os valores menores que – 10 e maiores que 10 para o IPCA 1, foi possível identificar as linhagens USP-11-38 e USP-4-10 como instáveis (Tabela 18). Estas linhagens foram então substituídas pelas linhagens USP-3-2 e USP-11-33 para formar o grupo das 16 linhagens selecionadas (p=20%). A análise AMMI dos experimentos em BCCE em 1998, permitiu ainda considerar todas as testemunhas como estáveis (Tabela 18).

Os ambientes Anhembi e ESALQ-2 apresentaram os maiores e menores valores para o IPCA 1 (64,34 e –33,96, respectivamente) podendo ser esta combinação de ambientes considerada como a mais contrastante. Areão e ESALQ-1 apresentaram valores intermediários para o IPCA 1, mostrando alguma associação com o ambiente ESALQ-2 (mesmo sinal) (Tabela 18).

A Figura 2 do biplot para o modelo AMMI1 do experimento com duas repetições (BCCE) mostra que as linhagens, representadas em negro, em sua grande maioria estão dispostas dentro da faixa de estabilidade; entretanto, em comparação com a Figura 1 (biplot para o experimento com uma repetição, BA), um maior número de linhagens está dentro desta faixa e, de maneira geral, os genótipos estão mais próximos do valor 0 para o IPCA 1 devido à maior precisão gerada pelo BCCE. Isto mostra que o modelo AMMI não distingue entre as distorções causadas pela falta de precisão causada pelo experimento com uma repetição (BA) daquelas causadas pela interação GxE, ou seja, a Figura 1 apresenta estas distorções confundidas, enquanto a Figura 2 apresenta predominantemente as distorções devido a GxE.

A r_s entre a análise AMMI em BA e BCCE foi mais baixa (62%, para média de quatro locais / épocas de 1998, Tabela 56), variando de 41 a 74% (Tabela 53) entre os quatro locais / épocas. Portanto, as duas repetições

propiciaram maiores mudanças nas classificações dos genótipos do que a metodologia ER ou as médias.

Pela Tabela 56, as r_s entre as médias para o experimento com duas repetições (BCCE) estimadas pelo modelo AMMI e as médias dos experimentos com uma e com duas repetições foram 53 e 63%, respectivamente; em relação às médias dos experimentos em BCCE foi de 49%. A r_s entre as médias dos experimentos em BCCE estimadas pela metodologia AMMI e as médias dos experimentos em BA foram não significativas ($P=0,0723$). Portanto, considerando a análise AMMI como a mais completa, verifica-se que a adição de uma repetição aumentou a correlação em 10% tanto para as médias quanto para as médias estimadas pela metodologia ER. Além disso, o decréscimo das r_s no sentido das médias dos experimentos em BA (uma repetição) mostra que tanto a utilização de repetições quanto o emprego de delineamentos de tratamentos (ER e AMMI) para o estudo da interação GxE são eficientes em gerar estimativas mais próximas das geradas pelos experimentos com duas repetições estimadas pelo modelo AMMI.

As r_s praticamente idênticas entre as médias dos experimentos em BCCE estimadas pela metodologia AMMI e as médias estimadas pelas metodologias AMMI e ER com uma e duas repetições (62 e 63% respectivamente), juntamente com as superioridades destas em relação às r_s com as médias (39% para BA e 49% para BCCE), reforçam a idéia de que é possível utilizar uma repetição para a seleção de linhagens na fase intermediária do programa de melhoramento desde que se utilize a metodologia AMMI como ferramenta auxiliar.

De maneira semelhante ao observado para BA (Figura 1), nos experimentos em BCCE (Figura 2), as testemunhas novamente apareceram dispostas em um grupo bastante compacto, em que todas puderam ser consideradas estáveis e menos produtivas que a média geral. A estabilidade destes cultivares comerciais é esperada, especialmente em cultivares com alta longevidade como é o caso de 'IAS-5', 'PRIMAVERA' e 'IAC Foscarin-31'. A

estabilidade também é esperada em cultivares com resistência a estresses bióticos e abióticos como é o caso da 'IAC Foscarin-31', resistente à acidez do solo (Mascarenhas et al. 1990) e 'IAC-100', resistente a insetos e a doenças de final de ciclo (Miranda et al., 2003a; Miranda et al. 2003b). Porém, a produtividade inferior à média não era esperada para o grupo das testemunhas, embora isto possa ser explicado pela superioridade dos novos genótipos (linhagens selecionadas) em relação aos mais antigos (testemunhas). Entretanto, a testemunha IAC-100 não apresenta um potencial produtivo para concorrer com a maioria dos cultivares em condições normais de cultivo, sendo especificamente utilizada para a produção de soja orgânica. A testemunha IAS-5, embora com um elevado potencial produtivo, é apenas moderadamente resistente ao cancro da haste (Yorinori, 1996), o que sem dúvida prejudicou o seu desempenho, dada a ocorrência mais ou menos intensa desta doença. A testemunha IAC Foscarin-31, um dos cultivares mais plantados para a rotação com cana-de-açúcar no Estado de São Paulo, foi prejudicada principalmente nos ambientes de alta fertilidade (ESALQ-1 e ESALQ-2) devido ao seu maior acamamento.

A análise da Figura 2 permitiu visualizar claramente o contraste entre o local Anhembi e os outros dois locais (Areão e ESALQ). O local Anhembi apresenta uma topografia plana, solo bem arenoso, com acidez corrigida pela aplicação de calcário dolomítico, tornando-se um ambiente muito favorável ao cultivo da soja, fato que poderia explicar as médias bem mais elevadas de produtividade de grãos, relativamente aos locais Areão e ESALQ. Nas Figuras 1 e 2, os ambientes se dispuseram verticalmente, mostrando que as principais diferenças entre eles foram devidas a GxE, as quais foram capturadas pelo IPCA 1. Mantido este padrão, apenas os ambientes Anhembi e ESALQ-2 seriam suficientes para gerar dados para a seleção de linhagens na fase intermediária, diminuindo pela metade os custos de instalação destes experimentos.

4.4 Experimentos em blocos aumentados (BA) em 1999

4.4.1 Análise da variância (ANAVA) dos experimentos em BA em 1999

Para a análise dos experimentos em 1999 foram escolhidas aleatoriamente as segundas repetições dos experimentos em Anhembi e ESALQ-2 e as primeiras repetições dos experimentos em Areão e ESALQ-1 (Tabela 2).

As ANAVAS individuais dos experimentos em BA de 1999 (Tabela 19), permitiram verificar que o local Anhembi apresentou a maior média (3732 kg ha^{-1}) e o menor CV (12%), sendo possível detectar diferenças entre os genótipos (G); no e desdobramento de G em linhagens (L), testemunhas (T) e linhagens versus testemunhas (LvsT), foram detectadas diferenças entre L e LvsT. O ambiente Areão apresentou a menor média (1539 kg ha^{-1}) e o maior CV (25%); neste ambiente ocorreu um problema de matocompetição, com forte infestação de plantas daninhas reduzindo o potencial produtivo das linhagens e a precisão do experimento. No ambiente ESALQ-2, com média intermediária (2486 kg ha^{-1}) e CV (24%) considerado alto, também foi possível detectar apenas diferenças para LvsT. O ambiente ESALQ-1 apresentou média (2319 kg ha^{-1}) e CV (19%) semelhantes aos apresentados pelo ambiente ESALQ-2, entretanto, a ANAVA não detectou diferenças significativas para nenhuma das fontes de variação.

A Tabela 20 apresenta as médias dos genótipos e os valores de probabilidade para o teste de Dunnett contra a melhor testemunha; embora as diferenças entre as melhores linhagens e a melhor testemunha tenham sido muito altas (cerca de 50%), que não foi detectado nenhum contraste significativo entre as médias nos experimentos em BA de 1999.

A ANAVA conjunta dos experimentos em BA em 1999 (Tabela 21) permitiu observar que existem diferenças entre os ambientes e entre genótipos,

e que as diferenças entre genótipos são devidas a diferenças entre linhagens e no contraste linhagens vs. testemunhas.

De acordo com a Tabela 22, o teste de Dunnett possibilitou a identificação da linhagem USP-10-10 (3540 kg ha⁻¹) como superior à testemunha mais produtiva (IAS-5, com 2381 kg ha⁻¹).

4.4.2 Metodologia de Eberhart & Russell (1966) (ER) dos experimentos em BA de 1999

A Tabela 23 mostra que a ANAVA, segundo a metodologia de ER, evidenciou a existência de diferenças entre genótipos dentro de ambientes e que os ambientes são responsáveis por diferenças significativas nas médias dos genótipos (Tabela 23), não detectando diferenças entre os β e entre os σ_d^2 dos genótipos estudados.

A Tabela 24 indicou apenas três linhagens com β significativos, e sete linhagens selecionadas com $\sigma_d^2=0$. As linhagens USP-8-2, USP-11-21 e USP-10-18 apresentaram adaptação específica a ambientes favoráveis.

Em 1999, a r_s entre as médias e as médias estimadas pela metodologia de ER foi de 55%, evidenciando que a ER foi capaz de modificar a ordem de classificação dos genótipos nos ambientes pela aplicação do modelo (Tabela 56). Pela Tabela 54, as r_s entre as médias ajustadas e as médias estimadas pelo modelo ER variaram de 83% (ESALQ-2) a 38% (Areão); esta última correlação pode ter sido tão baixa porque envolve o local Areão, onde ocorreu o problema com infestação de plantas daninhas.

4.4.3 Metodologia AMMI dos experimentos em BA em 1999

De acordo com as Tabelas 25 e 26, o modelo selecionado pela metodologia AMMI foi o modelo AMMI 0, ou seja, apenas foram considerados os efeitos de genótipos e de ambientes ($\hat{Y}_{ge} = \alpha_g + \beta_e$), ou seja, não foi levado em conta o efeito da interação. Isto implica que a classificação das médias dos genótipos selecionados não muda em relação às médias ajustadas do experimento em BA, entretanto, para a composição das médias estimadas não foi levado em conta o efeito da interação.

Pela Tabela 56, a r_s entre as médias estimadas pela metodologia AMMI e as médias ajustadas dos experimento em BA foi de 52%, que a metodologia AMMI foi capaz de alterar as classificações dos genótipos nos ambientes, de maneira semelhante ao observado com o método ER. A r_s entre as médias estimadas para BA pelas metodologias ER e AMMI foi de 68%, mostrando que as médias estimadas resultantes tem maior correlação entre si do que médias originais.

4.5 Experimentos em blocos casualizados subdivididos em conjuntos experimentais (BCCE) em 1999

4.5.1 Análise da Variância (ANAVA) dos experimentos em BCCE em 1999

A Tabela 27 evidencia que Anhembi foi o local mais favorável com 3672 kg ha⁻¹, apresentando também o menor CV (13%) e Areão o mais desfavorável com 1598 kg ha⁻¹ e 26% de CV, seguindo a mesma tendência da análise em BA 1999. Os ambientes ESALQ-1 e ESALQ-2 apresentaram médias e CVs semelhantes (2204 kg ha⁻¹ e 21% e 2487 e 20% respectivamente) e relativamente intermediários.

A ANAVA detectou diferenças significativas entre genótipos em todos os ambientes para os experimentos instalados em BCCE em 1999. Em Anhembi, estas diferenças foram devidas a diferenças entre linhagens (L) e ao contraste entre linhagens e testemunhas (LvsT), o mesmo ocorrendo com o ambientes ESALQ-2. No ambiente Areão foram detectadas diferenças entre L , entre testemunhas (T) e para LvsT. No ambiente ESALQ-1 foram encontradas diferenças entre L e entre T.

Pela Tabela 28, apesar das melhores linhagens terem produzido cerca de 50% a mais do que a melhor testemunha, o teste de Dunnett detectou linhagens significativamente mais produtivas que a melhor testemunha nos experimentos em BCCE em 1999; no entanto, o teste detectou a superioridade da testemunha mais produtiva (IAC Foscarin-31 com 1748 kg ha^{-1}) em relação à testemunha IAC-100, que produziu apenas 918 kg ha^{-1} no local Areão.

A ANAVA conjunta dos experimentos em BCCE em 1999 (Tabela 29) detectou diferenças entre ambientes e entre genótipos (G). No desdobramento de G foi possível verificar que estas diferenças ocorreram entre linhagens (L) e no contraste LvsT. A interação GxE não foi significativa (Tabela 29), permitindo que as médias dos genótipos fossem utilizadas para a seleção. Entretanto, o teste de Dunnett (Tabela 30) não detectou nenhuma linhagem significativamente superior à testemunha mais produtiva, apesar das melhores linhagens terem produzido muito mais que a melhor testemunha.

A correlação de Spearman entre a classificação das médias ajustadas dos experimentos em BA (uma repetição) e em BCCE (duas repetições) em 1999 foi de 79% (Tabela 56), variando de 72 a 89% (Tabela 54), evidenciando que os experimentos com uma ou com duas repetições geram médias brutas bastante semelhantes. Como ocorreu entre as médias nos experimentos em BA, as médias dos experimentos em BCCE também apresentaram r_s mais baixas com as médias dos experimentos em BA estimadas pelas metodologias de ER e AMMI (56 e 66% respectivamente).

4.5.2 Metodologia de Eberhart & Russell (1966) (ER) dos experimentos em BCCE em 1999

A metodologia de ER foi capaz de detectar diferenças entre genótipos dentro de ambientes (E) e para E Linear. Não foram encontradas diferenças entre os coeficientes angulares, nem para os desvios do modelo (Tabela 31).

O estudo dos parâmetros estimados também não possibilitou encontrar linhagens inadaptadas ou instáveis no grupo das 16 linhagens selecionadas (Tabela 32). A análise ER permitiu ainda identificar os ambientes Areão e ESALQ-1 como desfavoráveis, o ambiente Anhembi como favorável e o ambiente ESALQ-2 como relativamente neutro.

As r_s entre as médias estimadas para os experimentos em BA e em BCCE analisadas pela metodologia ER foram de 74% (Tabela 56), variando de 92 a 61% (Tabela 54), evidenciando novamente que à semelhança do que ocorreu com as médias brutas, as médias estimadas pela metodologia ER também foram semelhantes. A r_s entre as classificações das médias ajustadas dos experimentos em BCCE e as classificações das médias estimadas pela metodologia ER foi de 71%, mostrando que as estimativas baseadas na metodologia ER geraram estimativas bastante semelhantes às médias de duas repetições e às médias estimadas pela mesma metodologia a partir de uma única repetição. Entretanto, a r_s entre as médias de duas repetições (BCCE) estimadas pela metodologia ER e as médias brutas para uma repetição foi mais baixa (55%), mostrando que a metodologia ER pode melhorar as estimativas destas médias.

4.5.3 Metodologia AMMI dos experimentos em BCCE em 1999

A análise AMMI permitiu selecionar o modelo AMMI 0 ($\hat{Y}_{ge} = \alpha_g + \beta_e$), como ocorreu para os experimentos em BA, o que pode ser explicado pela elevada r_s entre os experimentos em BA e em BCCE (Tabelas 33 e 34). Pode-se considerar que, quando a análise AMMI seleciona o modelo AMMI 0, a análise de ER foi mais informativa que a análise AMMI, pois os parâmetros apresentados pela ER permitiram, através da visualização dos β e dos σ_d^2 , mesmo sem a identificação de genótipos não adaptados ou instáveis, uma melhor compreensão do comportamento dos genótipos nos ambientes. Esta falta de informação proveniente do modelo AMMI 0 poderia ser solucionada pela adoção do modelo AMMI 1, que geraria este tipo de informação; entretanto, isto poderia levar a erros de interpretação devido à utilização de ruídos como padrão.

Pelas tabelas 54 e 56, as r_s entre médias estimadas pela análise AMMI para os experimentos em BA e em BCCE, foi de 75%, diminuindo gradativamente até as médias ajustadas nos experimentos em BA (75% com as médias estimadas pela metodologia AMMI dos experimentos com uma repetição, 68% com as médias estimadas pela metodologia de ER para os experimentos com duas repetições, 51% com as médias estimadas pela metodologia de ER dos experimentos com uma repetição e com as médias dos experimentos com duas repetições e 43% com as médias dos experimentos com uma repetição). Portanto, quanto mais complexo o modelo menores ficaram as r_s com as médias dos experimentos com uma repetição (BA); a utilização de duas repetições intensificou esse afastamento.

4.6 Experimentos em blocos aumentados (BA) em 2000

No ambiente ESALQ-2 em 2000 ocorreu um ataque de lagartas (*Anticarsia gemmatalis*) após o florescimento, favorecendo a testemunha IAC-100, resistente a insetos (Rossetto et al., 1989).

4.6.1 Análise da variância (ANAVA) dos experimentos em BA em 2000

Foram escolhidas aleatoriamente para a análise em BA em 2000 as segundas repetições nos ambientes Anhembi, ESALQ-1 e ESALQ-2 e a primeira repetição no ambiente Areão.

As ANAVAs individuais para os ambientes em 2000 analisadas em BA (Tabela 35) detectaram diferenças significativas apenas em ESALQ-2 (média de 2268 kg ha⁻¹ e CV=11%) entre genótipos (G) e em todas as fontes de variação do desdobramento de G: linhagens (L) , testemunhas (T) e linhagens versus testemunhas (LvsT). Em contraste, o ambiente Areão apresentou a menor média e o maior CV (1944 kg ha⁻¹ e 22%, respectivamente), não sendo possível encontrar diferenças significativas para nenhuma das fontes de variação estudadas.

O ambiente Anhembi apresentou a maior média (3517 kg ha⁻¹) e um CV considerado bom (12%). Nesse ambiente, a ANAVA detectou diferenças significativas entre testemunhas e para LvsT (Tabela 35).

No ambiente ESALQ-1, com média de 2406 kg ha⁻¹ e CV de 17%, a ANAVA detectou diferenças entre genótipos e dentro dessa fonte de variação (linhagens e para o linhagens vs. testemunhas).

Na Tabela 36 observa-se que as linhagens selecionadas sempre produziram mais do que a melhor testemunha. O teste de Dunnett contra a testemunha mais produtiva detectou diferenças significativas entre 'IAC-100'

(3678 kg ha⁻¹) e Primavera (2713 kg ha⁻¹) no ambiente Anhembi e entre a linhagem USP-8-25 (3596 kg ha⁻¹) e a testemunha Primavera (2234 kg ha⁻¹) no ambiente ESALQ-2 (Tabela 36).

Pela Tabela 37, a análise conjunta para os experimentos em BA em 2000 possibilitou identificar diferenças significativas entre ambientes (E), entre genótipos (G) e para a interação GxE. Através do desdobramento foi possível verificar que as diferenças entre genótipos eram devidas a diferenças entre linhagens e ao contraste LvsT.

Como a GxE foi significativa, não se deve utilizar as médias dos genótipos visando selecionar linhagens com adaptação a todos os ambientes testados, pois a ordem de classificação das linhagens difere entre os ambientes. Realmente, a Tabela 36 mostra diferenças nas ordens de classificação das linhagens entre os locais / épocas; diferenças significativas entre linhagens e a melhor testemunha ocorreram apenas no ambiente ESALQ-2. O teste de Dunnett entre as médias das linhagens nos quatro locais / épocas e a melhor testemunha não detectou nenhum contraste significativo (Tabela 38).

4.6.2 Metodologia de Eberhart & Russell (1966) (ER) dos experimentos em BA em 2000

De acordo com a Tabela 39, a ANAVA, segundo a metodologia ER, identificou diferenças significativas para todas as fontes de variação. A decomposição de GxE em G dentro de E foi altamente significativa mostrando que além dos genótipos apresentarem um comportamento diferencial nos diferentes ambientes, eles também apresentaram diferenças dentro dos ambientes.

O efeito de Ambientes Linear também foi significativo evidenciando que os ambientes influenciaram os genótipos linearmente. A interação GxE Linear

significativa evidenciou diferenças significativas entre os β dos genótipos. A significância dos Desvios Combinados mostrou a existência de genótipos instáveis (Tabela 39).

Através da observação dos parâmetros β e σ_d^2 (Tabela 40) foi possível identificar no grupo das linhagens mais produtivas (p=20%), quatro linhagens instáveis: USP-11-15, USP-10-11, USP-11-12 e USP-11-46. Estas linhagens foram substituídas pelas linhagens USP-11-17, USP-4-8, USP10-18 e USP-8-6, consideradas produtivas e estáveis.

A média das correlções (r_s) entre as médias brutas e as médias estimadas pela metodologia de ER para BA em 2000 foi de 59% (Tabela 56).

4.6.3 Metodologia AMMI dos experimentos em BA em 2000

O modelo selecionado pela análise AMMI foi o modelo AMMMI 2 ($\hat{Y}_{ge} = \alpha_g + \beta_e + \lambda_1 \gamma_{g1} \delta_{e1} + \lambda_2 \gamma_{g2} \delta_{e2}$) (Tabela 41). As médias das linhagens mais produtivas (p=20%), os IPCA 1 e IPCA 2 e as médias estimadas para essas linhagens segundo o modelo AMMI 2 encontram-se na Tabela 42. Observa-se que as linhagens USP-11-12 e USP-11-46 foram consideradas instáveis para os dois parâmetros, enquanto que as linhagens USP-11-18 e USP-11-36 foram consideradas instáveis apenas pelo IPCA 1 e as linhagens USP-11-10 e USP-11-15 foram consideradas instáveis pelo IPCA 2. Em substituição a estas linhagens, as linhagens produtivas e estáveis USP-11-17, USP-4-8, USP-8-6, USP-11-27, USP-5-1 e USP-5-5 foram colocadas no grupo das 16 linhagens selecionadas com base na análise AMMI dos experimentos em BA em 2000.

A análise gráfica através deveria ser realizada através de um gráfico em três dimensões para permitir a análise das médias do primeiro e do segundo IPCAs; entretanto, devido a maior facilidade para a interpretação, este gráfico foi substituído por dois biplots com as médias por IPCA 1 (Figura 3) e IPCA 1

por IPCA 2 (Figura 4) que devem ser analisados simultaneamente. A Figura 3 explicita o relacionamento dos efeitos principais com a interação GxE, mas as conclusões a respeito da interação devem ser tiradas apenas após a observação da Figura 4, pois, sendo os IPCAs ortogonais entre si, a observação apenas do IPCA 1 pode considerar pontos próximos que em profundidade (considerando o IPCA 2) estariam distantes.

Os dois biplots (Figuras 3 e 4) revelam que a grande maioria dos genótipos foi considerada estável e que as testemunhas formaram um grupo compacto e estável. A testemunha IAC-100, resistente a insetos, embora bastante próxima das outras testemunhas ficou com o sinal negativo para os dois componentes principais demonstrando uma associação com o ambiente ESALQ-2, que sofreu com um ataque de lagartas.

O ambiente Anhembi, mais produtivo, também foi o ambiente mais estável, o que concorda com as observações de Whitehead & Allen (1990) que consideram que, trabalhando com a metodologia de ER, os ambientes com baixo estresse oferecem uma maior probabilidade de selecionar linhagens superiores tanto para ambientes de baixo quanto de alto estresse. Para a análise da Figura 4, que envolveu apenas a GxE, os ambientes espalharam-se em todos os quadrantes o que indica que todos os ambientes geram informações importantes para a seleção de linhagens estáveis. O ambiente ESALQ-1 foi muito contrastante com o ambiente ESALQ-2 e o ambiente Areão com o ambiente Anhembi, porém em menor intensidade.

Pela tabela 56, as médias das correlações (r_s) entre as médias estimadas pela análise AMMI e as médias brutas foram maiores que as r_s entre as médias brutas e as estimadas pela metodologia de ER (69% e 59%, respectivamente), ambas relativamente semelhantes à r_s entre as médias estimadas pela metodologia ER e a metodologia AMMI (60%).

4.7 Experimentos em blocos casualizados subdivididos em conjuntos experimentais (BCCE) em 2000

4.7.1 Análise da variância (ANAVA) dos experimentos em BCCE em 2000

Pela Tabela 43, as ANAVAS individuais para os experimentos em BCCE em 2000 detectaram diferenças significativas entre linhagens em todos os ambientes (Tabela 43). Em comparação com experimentos em BA (Tabela 35), os CVs diminuíram e as médias se mantiveram nos mesmos patamares, com exceção do ambiente ESALQ-2 onde a utilização das duas repetições elevou o CV de 11 para 21%, muito provavelmente devido ao ataque de lagartas que foi mais desuniforme na primeira repetição (utilizada apenas para a análise em BCCE). Neste último ambiente, a análise em BCCE também diminuiu os níveis de significância. Em todos os outros ambientes, a análise em BCCE detectou maior número de efeitos significativos e aumentou a significância dos efeitos já detectados pela análise em BA.

Como na ANAVA em BA, o ambiente Anhembi foi o mais produtivo (3545 kg ha⁻¹), mas na ANAVA em BCCE, este ambiente também apresentou o menor CV (11%). Neste ambiente foram detectadas diferenças significativas para todas as fontes de variação, exceto entre repetições.

O ambiente ESALQ-1 apresentou a segunda maior média e o segundo menor CV (2541 kg ha⁻¹ e 15%, respectivamente). Neste ambiente, a ANAVA detectou diferenças significativas entre repetições e entre genótipos (G). Na decomposição de G foi possível verificar que as diferenças foram devidas às diferenças entre linhagens (L) e ao contraste linhagens versus testemunhas (LvsT) (Tabela 43).

Para o experimento em BCCE foram detectadas diferenças significativas para todas as fontes de variação, exceto para LvsT no ambiente Areão (Tabela 43). A ANAVA neste ambiente analisado em BA não havia detectado diferenças para nenhuma fonte de variação (Tabela 35).

No ambiente ESALQ-1 e para o experimento em BCCE foram detectadas diferenças entre as repetições (Tabela 43); para as outras fontes de variação, a ANAVA em BCCE aumentou o nível de significância relativamente ao experimento em BA (Tabelas 43 e 35).

Pela Tabela 44, o teste de Dunnett permitiu, pela maior precisão propiciada pelo BCCE, identificar em Anhembi a superioridade da testemunha IAC-100 (3735 kg ha⁻¹) em relação às testemunhas IAC Foscarin-31 e Primavera (3161 e 2833 kg ha⁻¹ respectivamente). Permitiu ainda detectar a superioridade das linhagens USP-9-14 (3968 kg ha⁻¹), USP-8-4 (3906 kg ha⁻¹), USP-11-12 (3870 kg ha⁻¹), USP-11-13 (3608 kg ha⁻¹), USP-11-49 (3526 kg ha⁻¹), USP-11-15 (3515 kg ha⁻¹) e USP-11-6 (3508 kg ha⁻¹) em relação à testemunha mais produtiva IAS-5, com 2381 kg ha⁻¹ no ambiente ESALQ-1.

De acordo com a Tabela 45, a ANAVA conjunta permitiu, como na ANAVA em BA, observar que os efeitos de ambientes e de genótipos foram altamente significativos. O desdobramento permitiu verificar a existência de diferenças significativas entre linhagens e para LvsT. Ao contrário do que ocorreu na ANAVA em BA, a interação GxE foi não significativa, o que mais uma vez mostra que a falta de precisão provocada pelo delineamento em BA inflaciona a GxE na ANAVA conjunta dos experimentos em BA, o que não ocorreu nos experimentos em BCCE.

Embora a não significância da interação GxE permita a utilização das médias gerais dos genótipos para a seleção (Tabela 45), o teste de Dunnett não detectou nenhuma linhagem superior à testemunha mais produtiva (IAS-5, com 2535 kg ha⁻¹) (Tabela 46).

Apesar das discrepâncias ocasionadas no ambiente ESALQ-2 devido ao ataque de lagartas, fato que certamente ocasionou a r_s mais baixa em todas as comparações entre experimentos em BA e BCCE (67%, Tabela 55), a média das r_s para o ano de 2000 ficou em patamar semelhante ao dos outros anos (79%, Tabela 56). Provavelmente, houveram efeitos compensadores dos

ambientes Anhembi e ESALQ-1, nos quais as r_s foram bastante altas (90 e 82% respectivamente, Tabela 55).

Pela Tabela 56, a r_s entre as médias dos experimentos com duas repetições (BCCE) e as médias dos experimentos com uma repetição (BA) estimadas pelas metodologias de ER e AMMI foram respectivamente 60% e 61%, mostrando que as estimativas das médias através destas duas metodologias causaram maiores mudanças na ordem de classificação dos genótipos do que a utilização de duas repetições.

4.7.2 Metodologia de Eberhart & Russell (1966) (ER) dos experimentos em BCCE em 2000

A ANAVA proposta pela metodologia de ER dos experimentos em BCCE em 2000 detectou diferenças entre os genótipos dentro dos ambientes (Tabela 47) o que já havia sido verificado nas análises individuais (Tabelas 43 e 44); possibilitou ainda verificar que os ambientes influenciaram significativamente os genótipos (A Linear). Pela Tabela 48, a ANAVA proposta pela metodologia de ER não detectou diferenças entre os β e nem entre os σ_d^2 para os experimentos em BCCE em 2000. Observa-se também na Tabela 48 que a análise dos parâmetros da metodologia ER não detectou nenhuma linhagem instável ou não adaptada, indicando que as variações encontradas na análise de ER dos experimentos em BA foram removidas pela maior precisão dos experimentos em BCCE.

Pela Tabela 56, a r_s entre as médias estimadas dos experimentos em BA e BCCE analisados pela metodologia ER foi 71%. Era esperado que a r_s entre as médias ajustadas do experimento em BA em BCCE fossem menores do que a entre os dois experimentos analisados pela metodologia de ER; entretanto, elas ficam no mesmo patamar (69 e 70%, respectivamente). Esta distorção pode ser explicada pelo ataque de lagartas

ocorrido no ambiente ESALQ-2, pois apenas neste ambiente a r_s entre as médias do experimento em BCCE (duas repetições) estimadas pela metodologia de ER e as médias brutas do experimento em BA (uma repetição) foi excepcionalmente alta (Tabela 55).

Pela Tabela 56, a média das r_s entre as médias dos experimentos com duas repetições estimadas pela metodologia de ER e as do experimento com uma repetição estimadas pela metodologia AMMI foi de 70%, portanto, no mesmo patamar que o encontrado entre a primeira e as médias brutas com uma ou com duas repetições.

4.7.3 Metodologia AMMI dos experimentos em BCCE em 2000

Pela Tabela 49, observa-se que foi selecionado o modelo AMMI 0 ($\hat{Y}_{ge} = \alpha_g + \beta_e$). As médias e as estimativas para as médias nos ambientes em 2000 são apresentadas na Tabela 50, na qual se observa que as linhagens selecionadas produziram bem mais que a melhor testemunha.

Pela Tabela 56, a média das r_s entre as médias estimadas pela metodologia AMMI para os experimentos em BCCE e as médias estimadas pela metodologia AMMI para os experimentos em BA foi de 75%, menor apenas que a r_s entre as médias estimadas pelas metodologias de ER e AMMI para os experimentos em BCCE (duas repetições) que ficou em 80%. A r_s entre as médias estimadas para o experimento com duas repetições (BCCE) estimada pela metodologia AMMI e as médias estimadas dos experimentos com uma repetição (BA) pela metodologia de ER foi 68%, esta correlação cai levemente entre para as médias dos experimentos com duas repetições e as médias dos experimentos em BCCE estimadas por AMMI (66%), e diminui ainda mais entre as médias dos experimentos uma repetição (BA) e repetições e as médias dos experimentos em BCCE estimadas por AMMI (60%). A queda progressiva destas r_s foi menos acentuada em 2000 do que nos outros anos.

4.8 ANAVA segundo a metodologia AMMI considerando conjuntamente os 12 ambientes

A análise conjunta dos 12 ambientes em BCCE (Tabela 51) evidenciou que existem diferenças entre os ambientes e entre os genótipos testados, e que a interação GxE foi não significativa. Entretanto, como ressaltam Gauch Jr (1992) e Zobel et al. (1988), é comum a metodologia AMMI encontrar padrões significativos na GxE, mesmo com GxE não significativa. Assim, o modelo selecionado foi o modelo AMMI 2 ($\hat{Y}_{ge} = \alpha_g + \beta_e + \lambda_1 \gamma_{g1} \delta_{e1} + \lambda_2 \gamma_{g2} \delta_{e2}$).

Através desse modelo foram geradas médias estimadas para todos os ambientes e métodos testados (Tabela 52); a seleção baseada nesse modelo possibilitou que, das 16 linhagens mais produtivas (p=20%), apenas as linhagens USP-10-10, USP-9-14, USP-4-9, USP-11-19 e USP-11-27 fossem consideradas estáveis e produtivas. As linhagens USP-11-36, USP-11-44, USP-8-5, USP-11-46, USP-11-33, USP-4-12, USP-11-17, USP-10-18, USP-11-41, USP-8-2 e USP-10-13, consideradas produtivas e estáveis foram, então, selecionadas para completar o grupo das 16 linhagens selecionadas.

A análise do biplot da Figura 5 mostra que a grande maioria das linhagens pode ser considerada estável; além disso o posicionamento destas em ângulo em relação ao IPCA 1 indica que a regressão é um bom modelo para o estudo do comportamento dessas linhagens (Gauch Jr, 1992). A observação da Figura 5 mostra ainda que as testemunhas formaram um grupo compacto, estável e menos produtivo que a média geral.

A observação da Figura 5 mostra também que o ambiente Anhembi formou um grupo contrastante em relação aos outros ambientes e que as linhagens mais produtivas tenderam a estarem associadas a este ambiente.

A Figura 6, que mostra apenas diferenças quanto à interação, mantém o ambiente Anhembi como um grupo separado, mas os valores para o IPCA 2

apresentam valores contrastantes para os anos 1998 e 2000; por esta razão, o ambiente Anhembi pode ser considerado o mais instável entre os ambientes analisados. Observa-se também na Figura 6, que algumas linhagens consideradas estáveis pelo IPCA 1 passaram a ser instáveis pelo IPCA 2, mas de uma maneira geral, a maioria das linhagens ainda ficou dentro dos limites de estabilidade.

A Tabela 52 apresenta os valores para o IPCA 1 e para o IPCA 2 e as médias estimadas para o modelo AMMI 2 para as 16 linhagens selecionadas ($p=20\%$) considerando-se os 12 ambientes. Essas médias estimadas foram utilizadas para comparar a eficiência relativa dos delineamentos experimentais e de tratamentos avaliados em se aproximar desse padrão.

4.9 Correlações de Spearman (r_s)

As Tabelas 53, 54 e 55 apresentam as r_s entre as médias dos experimentos em BA e BCCE nos quatro locais / épocas de cultivo, as médias estimadas destes experimentos, submetidas às metodologias ER e AMMI, para os anos 1998, 1999 e 2000 e as médias estimadas pelo modelo AMMI 2 considerando os 12 ambientes.

Em todos os anos, as médias ajustadas dos experimentos em BA (médias BA) apresentaram a menor r_s com as médias estimadas pelo modelo AMMI 2 para os 12 ambientes (padrão) (Tabela 56), sendo sempre menores (diferencial próximo a 10%) que as r_s entre as médias para os experimentos em BCCE (médias BCCE) e o padrão (Tabela 56) Este ganho de correlação entre as classificações, causado pela utilização de duas repetições, ao invés de uma, pode ser usado como uma medida para a comparação das médias estimadas pelas metodologias ER e AMMI.

Pela Tabela 56, nos anos 1998 e 2000, a r_s em relação ao padrão foram maiores para as médias BA estimadas pela metodologia ER (71% em 1998 e

72% em 2000) do que as médias BCCE (66% em 1998 e 65% em 2000); entretanto em 1999, a r_s entre as médias BA estimadas por ER e o padrão (54%) foi maior apenas que a r_s entre médias BA e o padrão (49%). Em 1998 a r_s entre as médias BCCE segundo a metodologia ER e o padrão (66%) foi menor que a r_s entre as médias BA estimadas por ER e o padrão (71%). Em 1999, a r_s entre as médias BCCE segundo a metodologia ER e o padrão (69%) foi maior que a r_s entre as médias BA estimadas por ER e o padrão (54%) (Tabela 56). Em 2000, as r_s entre as médias BCCE estimadas por ER e o padrão, e entre as médias BA estimadas por ER e o padrão foram iguais (72%).

Ainda pela Tabela 56, em 1998 as r_s entre as médias BA estimadas por ER e o padrão (71%) foram menores apenas que a r_s entre as médias BA estimadas por AMMI e o padrão (72%). Em 1999, as r_s entre as médias BA estimadas por AMMI e o padrão (78%) foram mais altas que as r_s entre o padrão e médias BCCE estimadas por ER (69%), que entre o padrão e as médias BA estimadas por ER (54%), e que entre o padrão e as médias BCCE (61%). Por outro lado, em 2000, as r_s entre médias BA estimadas por AMMI e padrão (70%) foram menores que as r_s entre as médias BCCE estimadas por ER e o padrão (72%) e que entre as médias BA estimadas por ER e o padrão (72%).

As r_s entre as médias BCCE estimadas por AMMI em 1998 e o padrão (64%) foram melhores apenas que r_s entre as médias BA e o padrão (57%), enquanto que nos anos 1999 e 2000 ocorreu o esperado e, as r_s entre as médias BCCE estimadas por AMMI e o padrão foram as mais altas (83% em 1999 e 75% em 2000).

Considerando a média dos três anos foi possível verificar que as r_s em relação ao padrão aumentaram à medida em que foram utilizadas duas repetições ao invés de uma, para todos os métodos (médias, ER e AMMI); e as r_s também aumentam à medida em que se utilizou a metodologia ER em substituição às médias, e a metodologia AMMI em substituição a ER, para uma ou duas repetições (Tabela 57).

A média das r_s entre as médias BA estimadas por ER e o padrão (65%) foi maior do que as médias das r_s entre as médias BCCE e o padrão (64%); a média das r_s entre as médias BA estimadas por AMMI e o padrão (73%) foi maior as médias das r_s entre as médias BCCE estimadas por ER e o padrão (69%) (Tabela 57).

5 CONCLUSÕES

Os resultados discutidos permitiram concluir que com o auxílio de delineamentos de tratamentos baseados em regressão linear (Eberhart & Russell, 1966, ER) e em análise uni-multivariada (AMMI) foi possível eliminar parte do ruído originado da falta de precisão das médias e que vem confundido com a interação genótipos x ambientes e, conseqüentemente, aumentar a correlação com o padrão ideal (AMMI- 12 ambientes) e, assim, possibilitar a redução de duas para uma repetição nos experimentos intermediários, nas seguintes situações:

- a) método AMMI ao invés de seleção baseada nas médias de duas repetições;
- b) método ER (em dois dos três anos avaliados) ao invés da seleção baseada nas médias de duas repetições;
- c) método AMMI (em dois dos três anos avaliados) ao invés de seleção baseada no ER.

ANEXOS

Tabela 1. Origem, genealogia e reação ao nematóide de cisto da soja (NCS) de 72 linhagens de soja

Origem	Genealogia	Linhagens	Reação NCS ^a
População USP-1	IAC-Foscarin 31 x Forrest	USP-1-03	R
		USP-1-04	MR
		USP-1-11	MR
		USP-1-19	MR
População USP-2	Forrest x Primavera	USP-2-08	MR
		USP-2-18	R
População USP-3	Forrest x Primavera	USP-3-02	MR
		USP-3-07	R
		USP-3-09	R
		USP-3-12	R
		USP-3-14	R
População USP-4	Forrest x Primavera	USP-4-03	R
		USP-4-05	R
		USP-4-06	R
		USP-4-07	R
		USP-4-08	R
		USP-4-09	R
		USP-4-10	R
		USP-4-12	MR
		USP-4-13	R
		USP-4-16	MR
		USP-4-18	R
		USP-4-19	MR
População USP-5	Paraná x Kirby	USP-5-01	MR
		USP-5-05	MR
		USP-5-17	MR
População USP-6	Kirby x FT-2	USP-6-15	MR
		USP-6-22	MR
		USP-6-27	R
		USP-6-30	MR
População USP-7	Kirby x FT-2	USP-7-04	MR
		USP-7-09	MR
		USP-7-12	MR
		USP-7-14	MR
População USP-8	SOC81-76 x Foster	USP-8-02	MR
		USP-8-04	MR
		USP-8-05	MR
		USP-8-06	MR
		USP-8-20	R
		USP-8-25	R
		USP-8-29	MR
População USP-9	SOC81-76 x Foster	USP-9-03	MR
		USP-9-08	R
		USP-9-14	MR
População USP-10	Foster x FT79-3408	USP-0-10	R
		USP-10-13	MR
		USP-10-18	MR
		USP-10-20	MR
		USP-10-24	R
		USP-10-25	MR
		USP-10-30	MR
População USP-11	Foster x FT79-3408	USP-11-08	MR
		USP-11-10	R
		USP-11-12	MR
		USP-11-13	MR
		USP-11-15	R
		USP-11-17	MR
		USP-11-18	R
		USP-11-19	MR
		USP-11-20	MR
		USP-11-21	MR
		USP-11-22	MR
		USP-11-23	R
		USP-11-27	MR
		USP-11-33	MR
		USP-11-36	MR
		USP-11-38	SI
		USP-11-41	SI
		USP-11-43	SI
		USP-11-44	SI
		USP-11-46	SI
		USP-11-49	SI

^a Reação ao NCS: R= Resistente; MR: Moderadamente Resistente; SI: Sem Informação

Tabela 2. Repetições do delineamento em blocos casualizados subdivididos em conjuntos experimentais tomadas aleatoriamente para as análises em blocos aumentados

Anos	Ambientes	Repetição
1998	Anhembi	1
	Areão	2
	ESALQ-1	2
	ESALQ-2	1
1999	Anhembi	2
	Areão	1
	ESALQ-1	1
	ESALQ-2	2
2000	Anhembi	2
	Areão	1
	ESALQ-1	2
	ESALQ-2	2

Tabela 3. Resumo das análises de variância para os experimentos em blocos aumentados em 1998

FV	GL	QM	F	Pr < F
Anhembi				
Blocos	5	212176	1,49	0,2512
Genótipos	75	615388	4,32	0,0014
Linhagens (L)	71	635615	4,46	0,0012
Testemunhas (T)	3	265926	1,87	0,1785
L vs T	1	92839	0,65	0,4321
Resíduo	15	142419		
Média = 2880,26 ^a				
CV% = 13 ^b				
Areão				
Blocos	5	305735	1,06	0,4179
Genótipos	74	208363	0,73	0,8192
Linhagens (L)	70	206323	0,72	0,8243
Testemunhas (T)	3	134114	0,47	0,7097
L vs T	1	578242	2,01	0,1764
Resíduo	15	287208		
Média = 2911,68				
CV% = 18				
ESALQ-1				
Blocos	5	117726	0,35	0,8729
Genótipos	74	282105	0,84	0,6977
Linhagens (L)	70	257089	0,77	0,7744
Testemunhas (T)	3	761993	2,28	0,1212
L vs T	1	681449	2,04	0,1739
Resíduo	15	334324		
Média = 2625,00				
CV% = 22				
ESALQ-2				
Blocos	5	352798	1,31	0,3131
Genótipos	75	408191	1,51	0,1869
Linhagens (L)	71	312393	1,16	0,3949
Testemunhas (T)	3	804184	2,98	0,0650
L vs T	1	5388598	19,96	0,0005
Resíduo	15	270020		
Média = 2901,10				
CV% = 18				

^a Produtividade média kg ha⁻¹ para este ambiente no respectivo ano agrícola^b Coeficiente de variação

Tabela 4. Teste de Dunnett para as 16 linhagens mais produtivas e testemunhas contra a testemunha mais produtiva para os experimentos em blocos aumentados em 1998

Genótipos	Anhembi		Ambientes			ESALQ 1ª época			ESALQ 2ª época		
	Média	Pr < t	Genótipos	Média	Pr < t	Genótipos	Média	Pr < t	Genótipos	Média	Pr < t
Linhagens:											
04-05	4378	0,47	10-10	3998	0,98	04-06	4350	0,82	06-27	4670	0,36
04-16	4163	0,77	10-20	3878	0,99	01-03	3807	0,99	10-24	4300	0,73
04-13	4148	0,79	11-41	3643	1	04-05	3730	0,99	11-38	4021	0,94
10-13	4145	0,80	04-12	3563	1	08-25	3630	1	11-17	3882	0,98
11-38	4072	0,88	09-08	3533	1	06-30	3572	1	03-09	3815	0,99
04-08	4041	0,91	06-27	3531	1	03-09	3562	1	11-18	3811	0,99
08-25	4003	0,94	11-10	3463	1	11-46	3434	1	11-08	3792	0,99
04-06	3878	0,99	11-15	3453	1	04-16	3370	1	08-20	3781	0,99
04-09	3868	0,99	11-21	3373	1	10-25	3302	1	11-22	3776	0,99
08-20	3867	0,99	07-14	3368	1	04-18	3205	1	10-13	3765	0,99
11-27	3836	1	08-25	3333	1	04-12	3200	1	11-41	3746	0,99
03-02	3710	1	11-38	3328	1	04-09	3140	1	10-25	3625	0,99
11-13	3682	1	11-27	3308	1	04-19	3120	1	11-49	3566	1
11-18	3647	1	11-19	3303	1	03-12	3117	1	10-20	3556	1
04-19	3633	1	11-33	3298	1	02-18	3112	1	01-04	3541	1
11-10	3592	1	10-18	3293	1	11-21	3107	1	11-20	3526	1
Testemunhas:											
Foscarin	3185	padrão	Primavera	2959	padrão	Primavera	2909	padrão	Primavera	2907	padrão
IAC-100	2982	1	Foscarin	2741	1	IAC-100	2631	1	IAC-100	2572	1
Primavera	2870	1	IAS-5	2671	1	IAS-5	2281	0,92	IAS-5	2372	0,96
IAS-5	2682	0,71	IAC-100	2617	1	Foscarin	2113	0,66	Foscarin	2032	0,35

Tabela 5. Análise de variância conjunta para os experimentos em blocos aumentados em 1998

FV	GL	QM	F	Pr > F
Ambientes (E)	3	1356147,69	3,56	0,0151
Genótipos (G)	75	483430,73	1,27	0,0946
Linhagens (L)	71	494653,00	1,30	0,0787
Testemunhas (T)	3	146737,00	0,39	0,7639
L vs T	1	668310,55	1,75	0,1868
GxE	223	381080,70	1,47	0,0381
Erro médio	60	258492,89		
Média = 2861,35 ^a				
CV% = 22 ^b				

^a Produtividade média em kg ha⁻¹;

^b Coeficiente de variação

Tabela 6. Teste de Dunnett para as 16 linhagens mais produtivas e testemunhas, contra a testemunha mais produtiva para a análise conjunta dos experimentos de quatro ambientes em blocos aumentados em 1998

Genótipos	Parâmetros	
	kg ha ^{-1a}	Pr > t
Linhagens:		
04-05	3642	0,92
11-38	3511	0,99
10-20	3429	1
08-20	3408	1
10-13	3373	1
11-41	3335	1
11-27	3306	1
01-03	3213	1
08-25	3191	1
11-18	3186	1
10-10	3185	1
04-09	3183	1
04-12	3182	1
10-25	3149	1
09-08	3144	1
11-19	3140	1
Testemunhas:		
Primavera	2911	padrão
IAC-100	2701	1
Foscarin	2518	1
IAS-5	2502	1

^a Produtividade média em kg ha⁻¹

Tabela 7. Análise de variância segundo a metodologia de Eberhart & Russell (1966) para os experimentos delineados em blocos aumentados em 1998

FV	GL	QM	F	Pr>F
Ambientes (E)	3	1458910	3,78	0,0112
Genótipos (G)	75	459286	1,19	0,1664
GxE	225	385741	1,49	0,0338
G dentro de E	228	399862	1,55	0,0233
E Linear	1	4376730	16,93	0,0001
GxE Linear	75	338846	1,31	0,1390
Desvios Combinados	152	403805	1,56	0,0249
Resíduo	60	258493		

Tabela 8. Parâmetros e médias estimadas a partir do modelo de Eberhart & Russell (1966) nos experimentos delineados em blocos aumentados em 1998 para 16 linhagens selecionadas (p=20%) e com substituição de duas linhagens instáveis (08-25 e 04-16) por duas estáveis (11-33 e 11-21)

Genótipos	Parâmetros						Ambientes			
	Média	β	Pr > t (%)	σ_d^2	Pr > F (%)	R ² (%)	Anhembi	Areão	ESALQ-1	ESALQ-2
Linhagens:										
04-05	3642	-1,6	22	110320	25	17	3642	3548	3953	3424
11-38	3511	3,9	17	0	100	64	3511	3738	2757	4037
10-20	3429	2,5	52	0	100	72	3429	3574	2949	3764
08-20	3408	2,4	52	0	100	46	3408	3547	2948	3730
10-13	3373	2,9	62	234304	16	33	3373	3540	2820	3760
11-41	3335	3,6	22	0	100	98	3335	3544	2639	3820
11-27	3306	2,4	52	0	100	47	3306	3444	2849	3626
01-03	3213	-3,1	6	0	100	75	3213	3037	3797	2805
08-25	3191	-4,5	1	556177	5	42	3191	2929	4059	2584
11-18	3186	4,2	14	0	100	70	3186	3426	2391	3742
10-10	3185	2,9	61	85222	27	41	3185	3349	2639	3566
04-09	3183	-1,3	28	123468	24	12	3183	3107	3436	3006
04-12	3182	-1,0	64	0	100	11	3182	3126	3368	3052
10-25	3149	0,5	79	0	100	2	3149	3176	3062	3210
11-19	3140	0,8	92	0	100	54	3140	3186	2990	3246
04-06	3108	-6,3	0	1396047	0	41	3108	2744	4317	2264
11-33	3100	1,8	72	0	100	87	3100	3201	2763	3335
11-21	3090	0,3	75	0	100	3	3090	3109	3026	3134
Testemunhas:										
Primavera	2911	0,0	66	0	100	3	2911	2914	2903	2917
IAC-100	2701	-0,1	60	0	100	1	2701	2692	2729	2681
Foscarin	2518	0,4	79	182935	19	1	2518	2543	2434	2577
IAS-5	2502	0,6	85	0	100	17	2502	2536	2386	2582
Índices ambientais							-0,010	57,589	-190,984	133,405

Tabela 9. Análise de variância segundo a metodologia AMMI dos experimentos em blocos aumentados em 1998

FV	GL	QM	F	Pr > F
Ambientes (E)	3	1458910	3,78	0,0112
Genótipos (G)	75	459286	1,19	0,1664
G x E	225	385741	1,49	0,0338
AMMI 1	77	615529	2,38	0,0003
Resíduo AMMI 1	148	266190	1,03	0,4584
Resíduo	60	258493	-	-
Média = 2860,91 ^a				
CV% = 22 ^b				

^a Produtividade média kg ha⁻¹

^b Coeficiente de variação

Tabela 10. Parâmetros e médias estimadas para a metodologia AMMI nos experimentos em blocos aumentados em 1998 para as 16 linhagens selecionadas ($p=20\%$) e com substituição de quatro linhagens instáveis (04-05, 08-25, 04-09 e 04-06) por quatro estáveis (11-33, 11-21, 11-15 e 9-8)

Genótipos	Parâmetros AMMI 1		Médias estimadas			
	Médias	IPCA1	Anhembi	Areão	ESALQ-1	ESALQ-2
Linhagens:						
04-05	3642	12,03	4421	3475	3477	3194
11-38	3511	3,07	3710	3511	3327	3496
10-20	3429	-1,52	3331	3515	3235	3636
08-20	3408	3,44	3631	3402	3225	3376
10-13	3373	6,61	3801	3308	3196	3187
11-41	3335	-2,82	3152	3445	3138	3604
11-27	3306	5,15	3640	3268	3126	3191
01-03	3213	6,08	3607	3157	3035	3053
08-25	3191	18,34	4379	2906	3039	2438
11-18	3186	1,38	3276	3218	2998	3253
10-10	3185	-6,66	2753	3367	2979	3640
04-09	3183	12,03	3962	3016	3018	2736
04-12	3182	5,58	3543	3135	3003	3046
10-25	3149	-6,37	2737	3326	2945	3591
11-19	3140	-1,17	3064	3220	2947	3330
04-06	3108	14,90	4073	2888	2949	2522
11-33	3100	0,13	3108	3155	2909	3227
11-21	3090	-3,21	2882	3207	2892	3378
11-15	3087	1,67	3195	3114	2900	3140
09-08	3072	-0,04	3069	3130	2880	3207
Testemunhas:						
Foscarin	2518	10,11	3173	2387	2349	2163
IAC-100	2701	4,90	3018	2667	2520	2597
IAS-5	2502	3,22	2710	2499	2318	2479
Primavera	2911	0,67	2954	2956	2722	3013
Ambientes:						
Anhembi	2861	64,79				
Areão	2918	-18,65				
ESALQ-1	2670	2,17				
ESALQ-2	2994	-48,31				

Tabela 11. Análise de variância para os experimentos em blocos casualizados subdivididos em conjuntos experimentais em 1998

FV	GL	QM	F	Pr < F
Anhembi				
Repetições (R)	1	65892	0,24	0,6287
Conjuntos / R	10	465373	1,66	0,1002
Genótipos	75	788406	2,81	<0,0001
Linhagens (L)	71	805831	2,88	<0,0001
Testemunhas (T)	3	530837	1,89	0,1352
L vs T	1	280716	1,00	0,3192
Resíduo	102	280143		
Média = 2870,93 ^a				
CV% = 18 ^b				
Areão				
Repetições (R)	1	14822	0,05	0,8321
Conjuntos / R	10	537349	1,64	0,1063
Genótipos	74	282007	0,86	0,7536
Linhagens (L)	70	253602	0,77	0,8745
Testemunhas (T)	3	449244	1,37	0,2564
L vs T	1	1821131	5,55	0,0204
Resíduo	103	328137		
Média = 2881,69				
CV% = 20				
ESALQ-1				
Repetições (R)	1	162397	0,63	0,4296
Conjuntos / R	10	195363	0,76	0,6700
Genótipos	75	372047	1,44	0,0429
Linhagens (L)	71	345421	1,34	0,0882
Testemunhas (T)	3	1108331	4,29	0,0068
L vs T	1	128380	0,50	0,4824
Resíduo	103	258288		
Média = 2592,67				
CV% = 20				
ESALQ-2				
Repetições	1	110637	0,45	0,5058
Conjuntos / R	10	277559	1,12	0,3560
Genótipos	75	456380	1,84	0,0022
Linhagens (L)	71	324206	1,31	0,1085
Testemunhas (T)	3	458098	1,85	0,1437
L vs T	1	7902541	31,85	<0,0001
Resíduo	100	248147		
Média = 2933,24				
CV% = 17				

^a Produtividade média kg ha⁻¹ para este ambiente no respectivo ano agrícola^b Coeficiente de variação

Tabela 12. Teste de Dunnett para as 16 linhagens mais produtivas ($p=20\%$) e testemunhas contra a testemunha mais produtiva para os experimentos em blocos casualizados subdivididos em conjuntos experimentais em 1998

Ambientes											
Anhembí			Areão			ESALQ-1			ESALQ-2		
Genótipos	Média	Pr < t	Genótipos	Média	Pr < t	Genótipos	Média	Pr < t	Genótipos	Média	Pr < t
Linhagens:											
11-38	4500	0,13	04-09	3893	0,89	04-06	4270	0,68	06-27	4347	0,02
04-10	4013	0,92	07-12	3803	0,96	09-08	3535	1	11-17	3686	0,83
04-16	4012	0,92	10-10	3763	0,98	11-17	3369	1	11-38	3652	0,88
04-06	3834	0,99	11-38	3755	0,98	01-03	3280	1	11-49	3635	0,91
04-05	3752	0,99	08-25	3620	0,99	04-05	3270	1	05-05	3614	0,93
11-43	3683	1	04-12	3533	1	04-19	3258	1	11-20	3609	0,94
11-21	3655	1	04-19	3533	1	05-17	3214	1	11-15	3577	0,96
04-13	3634	1	04-03	3445	1	02-18	3191	1	10-25	3565	0,97
08-20	3630	1	09-14	3393	1	04-08	3142	1	11-27	3533	0,98
11-49	3625	1	07-14	3338	1	08-04	3119	1	11-12	3523	0,98
08-04	3600	1	11-27	3297	1	04-09	3098	1	11-22	3490	0,99
11-13	3595	1	11-10	3243	1	11-20	3095	1	11-46	3464	0,99
04-08	3590	1	11-20	3243	1	03-09	3083	1	10-13	3460	0,99
11-27	3500	1	10-24	3227	1	10-18	3024	1	05-01	3459	0,99
10-30	3495	1	05-05	3206	1	11-46	3009	1	09-03	3452	0,99
03-02	3468	1	04-05	3198	1	10-24	2954	1	08-29	3447	0,99
Testemunhas:											
Foscarin	3123	padrão	IAC-100	2900	padrão	Primavera	2940	padrão	Primavera	2782	padrão
IAC-100	3075	1	IAS-5	2828	1	IAC-100	2585	0,99	IAC-100	2604	1
IAS-5	2788	0,99	Foscarin	2582	1	IAS-5	2509	0,90	IAS-5	2485	0,99
Primavera	2697	0,94	Primavera	2494	0,99	Foscarin	2200	0,04	Foscarin	2318	0,76

Tabela 13. Análise de variância conjunta para os experimentos em blocos casualizados subdivididos em conjuntos experimentais em 1998

FV	GL	QM	F	Pr > F
Ambientes (E)	3	2042205	7,36	0,0001
Genótipos (G)	75	331743	1,19	0,1617
Linhagens (L)	71	342518	1,23	0,1269
Testemunhas (T)	3	41027	0,15	0,9310
L vs T	1	415428	1,50	0,2225
GxE	224	277613	1,00	0,5111
Resíduo	408	278900		
Média = 2843,02 ^a				
CV% = 19 ^b				

^a Produtividade média kg ha⁻¹

^b Coeficiente de variação

Tabela 14. Teste de Dunnett para as 16 linhagens mais produtivas ($p=20\%$) e testemunhas contra a testemunha mais produtiva para os experimentos em blocos casualizados subdivididos em conjuntos experimentais em 1998

Genótipos	Parâmetros	
	kg ha ^{-1a}	Pr > t
Linhagens:		
11-38	3573	0,60
04-06	3366	0,97
04-05	3282	0,99
11-27	3275	0,99
04-09	3273	0,99
09-08	3238	0,99
04-10	3179	1
11-17	3162	1
11-20	3130	1
04-12	3118	1
11-12	3084	1
10-10	3073	1
11-21	3046	1
08-04	3037	1
04-19	3031	1
11-41	3013	1
Testemunhas:		
IAC-100	2791	padrão
Primavera	2728	1
IAS-5	2653	1
Foscarin	2556	1

^a Produtividade média kg ha⁻¹

Tabela 15. Análise de variância segundo a metodologia de Eberhart & Russell (1966) nos experimentos delineados em blocos casualizados subdivididos em conjuntos experimentais em 1998

FV	GL	QM	F	Pr>F
Ambientes (E)	3	2102402	7,45	0,0001
Genótipos (G)	75	314618	1,12	0,2695
GxE	225	282088	1,01	0,4570
G dentro de E	228	306039	1,10	0,2096
E Linear	1	6307206	22,61	0,0001
GxE Linear	75	214637	0,77	0,9173
Desvios Combinados	152	311658	1,12	0,1969
Resíduo	408	139450		

Tabela 16. Parâmetros e médias estimadas a partir do modelo de Eberhart & Russell (1966) nos experimentos delineados em blocos casualizados subdivididos em conjuntos experimentais em 1998

Genótipos	Parâmetros						Ambientes			
	Média	β	Pr > t (%)	σ_d^2	Pr > F (%)	R ² (%)	Anhembi	Areão	ESALQ-1	ESALQ-2
Linhagens:										
11-38	3572	3,5	6	521340	1	43	3543	3821	2791	4136
04-06	3361	-4,0	0	328706	4	58	3397	3076	4260	2714
04-05	3282	-0,8	16	15471	33	15	3289	3223	3468	3148
11-27	3275	1,9	51	0	100	78	3259	3410	2852	3581
04-09	3268	-0,3	67	293010	5	1	3271	3249	3332	3223
09-08	3237	-1,3	7	0	100	48	3249	3142	3539	3020
04-10	3178	1,5	72	382549	2	15	3166	3284	2848	3417
11-17	3162	0,0	55	189839	10	0	3162	3162	3163	3162
11-20	3130	1,2	87	78151	21	21	3120	3217	2860	3326
04-12	3119	1,2	87	0	100	32	3108	3206	2846	3316
11-12	3083	1,8	57	0	100	53	3068	3210	2687	3370
10-10	3072	2,8	16	34681	29	65	3048	3274	2442	3528
11-21	3046	1,9	51	122566	15	37	3029	3184	2612	3359
08-04	3036	-0,5	24	505354	1	2	3041	3000	3153	2953
04-19	3027	-1,8	3	211637	8	27	3043	2899	3431	2736
11-41	3012	1,8	56	0	100	76	2997	3140	2612	3302
03-02	3011	0,4	65	3752	36	5	3008	3041	2919	3076
11-33	3005	0,3	58	0	100	7	3003	3024	2946	3047
10-30	2986	0,1	52	41580	27	0	2986	2992	2969	2999
11-19	2981	1,9	52	0	100	84	2967	3123	2541	3294
10-13	2980	2,5	24	0	100	98	2962	3164	2408	3385
Testemunhas:										
IAC-100	2790	0,3	57	0	100	3	2789	2809	2733	2832
Primavera	2728	-0,7	20	0	100	36	2734	2680	2880	2619
IAS-5	2652	0,2	55	0	100	3	2651	2667	2608	2685
Foscarin	2556	0,5	68	103974	18	4	2552	2590	2451	2632
Índices ambientais							-8,752	71,726	-225,75	162,78

Tabela 17. Análise de variância segundo a metodologia AMMI dos experimentos em blocos casualizados subdivididos em conjuntos experimentais em 1998 pelo modelo AMMI 1

FV	GL	QM	F	Pr>F
Ambientes (E)	3	2102402	7,45	<0,0001
Genótipos (G)	75	314618	1,12	0,2695
GxE	225	282088	1,36	0,0430
AMMI 1	77	430651	1,54	0,0043
Resíduo AMMI 1	148	204795	0,73	0,9859
Resíduo	408	278900		
Média = 2843,26 ^a				
CV% = 19 ^b				

^a Produtividade média kg ha⁻¹

^b Coeficiente de variação

Tabela 18. Parâmetros e médias estimadas para a metodologia AMMI dos experimentos em blocos casualizados subdivididos em conjuntos experimentais em 1998, Modelo AMMI 1, para as 16 linhagens selecionadas ($p=20\%$) e com substituição de duas linhagens instáveis (11-38 e 04-10) por duas estáveis (03-02 e 11-33)

Genótipos	Parâmetros AMMI 1		Médias estimadas			
	Médias	IPCA1	Anhembi	Areão	ESALQ-1	ESALQ-2
Linhagens:						
11-38	3573	12,92	4399	4397	3432	3167
04-06	3366	8,60	3901	3912	3297	3020
04-05	3282	8,43	3816	3817	3215	2938
11-27	3276	2,84	3451	3451	3302	3009
04-09	3273	5,19	3606	3599	3260	2974
09-08	3238	3,72	3466	3470	3249	2959
04-10	3179	11,68	3920	3923	3059	2790
11-17	3162	-3,17	2946	2951	3288	2979
11-20	3130	-8,58	2570	2571	3346	3022
04-12	3119	2,74	3290	3288	3146	2854
11-12	3084	2,43	3230	3232	3117	2823
10-10	3073	-3,21	2864	2859	3199	2890
11-21	3046	8,65	3595	3595	2976	2699
08-04	3037	7,74	3521	3528	2982	2703
04-19	3031	4,18	3298	3292	3035	2746
11-41	3013	2,83	3188	3188	3039	2747
03-02	3011	7,35	3476	3476	2963	2682
11-33	3005	3,57	3226	3228	3019	2728
Testemunhas:						
IAC-100	2791	5,16	3117	3116	2779	2493
Primavera	2728	0,19	2731	2733	2798	2499
IAS-5	2653	3,04	2842	2841	2675	2383
Foscarin	2556	9,22	3142	3142	2477	2202
Ambientes:						
ESALQ-2	3004	-33,96				
Areão	2916	-16,56				
Anhembi	2836	64,34				
ESALQ-1	2616	-13,82				

Tabela 19. Análise de variância para os experimentos em blocos aumentados em 1999

FV	GL	QM	F	Pr < F
Anhembi				
Blocos	5	435980	2,20	0,1089
Genótipos	75	463401	2,54	0,0340
Linhagens (L)	71	422868	2,13	0,0514
Testemunhas (T)	3	90870	0,46	0,7154
L vs T	1	4458844	22,49	0,0003
Resíduo	15	198279		
Média = 3731,41 ^a				
CV% = 12 ^b				
Areão				
Blocos	5	103389	0,67	0,6502
Genótipos	75	274398	1,79	0,1040
Linhagens (L)	71	223105	1,45	0,2128
Testemunhas (T)	3	445886	2,90	0,0694
L vs T	1	3401701	22,14	0,0003
Resíduo	15	153615		
Média = 1539,38				
CV% = 25				
ESALQ-1				
Blocos	5	328599	1,73	0,1894
Genótipos	75	293481	1,54	0,1753
Linhagens (L)	71	299727	1,57	0,1640
Testemunhas (T)	3	213164	1,12	0,3724
L vs T	1	91022	0,48	0,4999
Resíduo	15	190406		
Média = 2319,17				
CV% = 19				
ESALQ- 2				
Blocos	5	109895	0,31	0,8998
Genótipos	70	297709	0,83	0,7028
Linhagens (L)	66	271082	0,76	0,7751
Testemunhas (T)	3	141011	0,39	0,7592
L vs T	1	2428044	6,79	0,0218
Resíduo	15	270020		
Média = 2485,79				
CV% = 24				

^a Produtividade média kg ha⁻¹ para este ambiente no respectivo ano agrícola^b Coeficiente de variação

Tabela 20. Teste de Dunnett para as 16 linhagens mais produtivas ($p=20\%$) e testemunhas a contra testemunha mais produtiva para os experimentos em blocos aumentados em 1999

Ambientes											
Anhembi			Areão			ESALQ-1			ESALQ-2		
Genótipos	Média	Pr < t	Genótipos	Média	Pr < t	Genótipos	Média	Pr < t	Genótipos	Média	Pr < t
Linhagens:											
04-19	3737	0,89	10-10	3085	0,18	11-19	3730	0,69	04-19	3737	0,89
11-46	3635	0,94	09-14	2950	0,29	11-13	3568	0,87	11-46	3635	0,94
04-06	3572	0,96	04-09	2748	0,53	11-36	3368	0,98	04-06	3572	0,96
08-02	3517	0,98	11-27	2515	0,84	11-21	3258	1	08-02	3517	0,98
10-18	3504	0,98	04-05	2403	0,94	04-08	3047	1	10-18	3504	0,98
11-43	3490	0,98	08-20	2362	0,96	11-46	3016	1	11-43	3490	0,98
08-20	3432	0,99	07-14	2358	0,96	09-03	2998	1	08-20	3432	0,99
08-04	3285	1	11-18	2315	0,98	11-17	2973	1	08-04	3285	1
10-10	3221	1	11-15	2255	0,99	08-25	2926	1	10-10	3221	1
01-11	3159	1	05-05	2187	1	11-41	2920	1	01-11	3159	1
11-33	3141	1	11-44	2113	1	11-08	2883	1	11-33	3141	1
08-05	3099	1	05-01	2112	1	10-10	2878	1	08-05	3099	1
09-03	3059	1	08-05	2058	1	09-14	2863	1	09-03	3059	1
11-19	3056	1	10-30	2053	1	04-19	2812	1	11-19	3056	1
11-44	3055	1	10-13	2038	1	01-04	2803	1	11-44	3055	1
03-02	2972	1	11-13	1970	1	05-05	2797	1	03-02	2972	1
Testemunhas:											
IAS-5	2375	padrão	Foscarin	1553	padrão	IAS-5	2530	padrão	IAS-5	2375	padrão
Primavera	2287	1	IAS-5	1262	1	Primavera	2257	1	Primavera	2287	1
IAC-100	2228	1	Primavera	1141	0,94	IAC-C	2184	1	IAC-100	2228	1
Foscarin	1985	1	IAC-100	898	0,36	FOSCA	2093	0,97	Foscarin	1985	1

Tabela 21. Análise de variância conjunta para os experimentos delineados em blocos aumentados em 1999

FV	GL	QM	F	Pr > F
Ambientes (E)	3	64189710	250,26	<0,0001
Genótipos (G)	75	647355	2,52	<0,0001
GxE	220	256488	1,16	0,2503
Linhagens (L)	71	656457	2,56	<0,0001
Testemunhas (T)	3	39650	0,15	0,9267
L vs T	1	1795074	7,00	0,0087
Resíduo	58	220391		
Média = 2592,64 ^a				
CV% = 20 ^b				

^a Produtividade média kg ha⁻¹

^b Coeficiente de variação

Tabela 22. Teste de Dunnett para as 16 linhagens mais produtivas ($p=20\%$) e testemunhas contra a testemunha mais produtiva para a análise conjunta dos experimentos em blocos aumentados em 1999

Genótipos	Parâmetros	
	kg ha ^{-1a}	Pr > t
Linhagens:		
10-10	3540	0,05
08-02	3358	0,19
11-46	3230	0,40
11-21	3193	0,47
08-20	3165	0,53
08-05	3159	0,55
09-14	3124	0,63
10-18	3036	0,82
04-19	2996	0,90
11-36	2994	0,90
11-44	2991	0,90
11-13	2985	0,91
04-10	2984	0,91
11-41	2983	0,97
04-06	2965	0,94
04-09	2956	0,95
Testemunhas:		
IAS-5	2381	padrão
Primavera	2303	1
Foscarin	2218	1
IAC-100	2153	1

a Produtividade média kg ha⁻¹

Tabela 23. Análise de variância segundo a metodologia de Eberhart & Russell (1966) para os experimentos delineados em blocos aumentados em 1999

FV	GL	QM	F	Pr>F
Ambientes (E)	3	64183950	253,02	0,0001
Genótipos (G)	75	638704	2,52	0,0001
GxE	225	253672	1,15	0,2665
G dentro de E	228	1094859	4,97	0,0001
E Linear	1	192551851	873,68	0,0001
GxE Linear	75	245999	1,12	0,3332
Desvios Combinados	152	254119	1,15	0,2706
Resíduo	58	220391		

Tabela 24. Parâmetros e médias estimadas a partir do modelo de Eberhart & Russell (1966) para os experimentos delineados em blocos aumentados em 1999

Genótipos	Parâmetros					Estimativas				
	Média	β	Pr > t (%)	σ_d^2	Pr > F (%)	R ² (%)	Anhembi	Areão	ESALQ-1	ESALQ-2
Linhagens:										
10-10	3540	0,9	85	55146	29	80	4709	2627	3295	3530
08-02	3358	1,8	1	0	100	99	5529	1661	2904	3340
11-46	3230	1,1	66	0	100	91	4631	2134	2936	3218
11-21	3193	1,6	5	21370	34	93	5158	1656	2781	3176
08-20	3165	1,0	96	0	100	89	4382	2212	2909	3154
08-05	3159	1,6	6	40484	31	92	5085	1652	2755	3142
09-14	3124	0,7	24	190102	16	57	3934	2491	2954	3117
10-18	3036	1,8	1	0	100	96	5301	1265	2562	3017
04-19	2996	1,0	99	240464	13	73	4232	2029	2737	2985
11-36	2994	1,5	7	247652	13	86	4890	1512	2597	2978
11-44	2991	1,0	92	0	100	97	4266	1994	2724	2980
11-13	2985	0,7	61	208084	15	62	3902	2269	2793	2977
04-10	2984	1,3	66	0	100	98	4573	1741	2650	2970
04-06	2965	1,0	86	35310	32	82	4141	2045	2718	2954
04-09	2956	0,8	55	234161	14	65	3968	2165	2744	2948
05-01	2950	1,1	75	0	100	95	4305	1890	2666	2938
Testemunhas:										
IAS-5	2381	0,9	71	0	100	90	3482	1521	2151	2372
Primavera	2303	1,0	87	0	100	97	3598	1290	2032	2292
Foscarin	2218	0,8	56	0	100	96	3168	1476	2019	2210
IAC-100	2153	1,0	90	0	100	94	3436	1150	1884	2142
Índices ambientais							1237,18	-967,28	-259,26	-10,63

Tabela 25. Análise de variância segundo a metodologia AMMI dos experimentos em blocos aumentados em 1999, modelo AMMI 0

FV	GL	QM	F	Pr > F
Ambientes (E)	3	64183950	253,02	<0,0001
Genótipos (G)	75	638704	2,52	<0,0001
GxE	225	253672	1,15	0,2665
Resíduo	58	220391		
Média = 2592,46 ^a				
CV% = 19 ^b				

^a Produtividade média kg ha⁻¹

^b Coeficiente de variação

Tabela 26. Parâmetros e médias estimadas para a metodologia AMMI nos experimentos dispostos em blocos aumentados em 1999, modelo AMMI 0

Genótipos	Parâmetros AMMI 0	Médias estimadas			
	Médias	Anhembi	Areão	ESALQ-1	ESALQ-2
Linhagens:					
10-10	3540	4777	2573	3281	3530
08-02	3358	4596	2391	3099	3348
11-46	3230	4467	2262	2970	3219
11-21	3193	4430	2225	2933	3182
08-20	3165	4402	2197	2905	3154
08-05	3159	4396	2191	2899	3148
09-14	3124	4361	2157	2865	3113
10-18	3036	4273	2069	2777	3026
04-19	2996	4233	2029	2737	2985
11-36	2994	4231	2027	2735	2983
11-44	2991	4228	2024	2732	2980
11-13	2985	4222	2018	2726	2975
04-10	2984	4221	2016	2724	2973
04-06	2965	4202	1997	2705	2954
04-09	2956	4193	1989	2697	2946
05-01	2950	4187	1982	2690	2939
Testemunhas:					
IAS-5	2381	3619	1414	2122	2371
Primavera	2303	3540	1336	2044	2293
Foscarin	2218	3455	1251	1959	2208
IAC-100	2153	3390	1186	1894	2142
Ambientes:					
Anhembi	3830				
ESALQ-2	2582				
ESALQ-1	2333				
Areão	1625				

Tabela 27. Análise de variância para os experimentos em blocos casualizados subdivididos em conjuntos experimentais em 1999

FV	GL	QM	F	Pr < F
Anhembi				
Repetições (R)	1	884011	3,76	0,0554
Conjuntos / R	10	397438	1,69	0,0935
Genótipos	75	575962	2,45	<0,0001
Linhagens (L)	71	427645	1,82	0,0029
Testemunhas (T)	3	253770	1,08	0,3617
L vs T	1	11713609	49,79	<0,0001
Resíduo	100	235260		
Média = 3672,14 ^a				
CV% = 13 ^b				
Areão				
Repetições (R)	1	652750	3,82	0,0534
Conjuntos / R	10	152347	0,89	0,5442
Genótipos	75	355462	2,08	0,0003
Linhagens (L)	71	274388	1,60	0,0136
Testemunhas (T)	3	1460505	8,54	<0,0001
L vs T	1	2796559	16,36	0,0001
Resíduo	105	170980		
Média = 1597,68				
CV% = 26				
ESALQ-1				
Repetições (R)	1	2549560	11,78	0,0009
Conjuntos / R	10	386135	1,78	0,0724
Genótipos	75	326155	1,51	0,0263
Linhagens (L)	71	308887	1,43	0,0485
Testemunhas (T)	3	831751	3,84	0,0118
L vs T	1	35391	0,16	0,6868
Resíduo	105	216472		
Média = 2203,93				
CV% = 21				
ESALQ-2				
Repetições (R)	1	1150	0,00	0,9454
Conjuntos / R	10	709300	2,91	0,0031
Genótipos	75	389405	1,60	0,0149
Linhagens (L)	71	375045	1,54	0,0242
Testemunhas (T)	3	278743	1,14	0,3356
L vs T	1	1423857	5,84	0,0175
Resíduo	98	243838		
Média = 2487,11				
CV% = 20				

^a Produtividade média kg ha⁻¹^b Coeficiente de variação

Tabela 28. Teste de Dunnett para as 16 linhagens mais produtivas ($p=20\%$) e testemunhas contra a testemunha mais produtiva para os experimentos em blocos casualizados subdivididos em conjuntos experimentais em 1999

Ambientes											
Anhembi			Areão			ESALQ-1			ESALQ-2		
Genótipos	Média	Pr < t	Genótipos	Média	Pr < t	Genótipos	Média	Pr < t	Genótipos	Média	Pr < t
Linhagens:											
08-02	4779	0,08	10-10	2777	0,20	11-21	2975	1	10-18	3407	0,83
08-05	4653	0,13	04-09	2409	0,96	11-19	2874	1	04-16	3392	0,86
10-10	4570	0,30	11-15	2407	0,96	11-13	2852	1	04-05	3302	0,96
11-21	4543	0,35	11-18	2330	0,99	11-23	2757	1	11-36	3279	0,97
11-38	4451	0,42	11-27	2285	1	04-12	2733	1	11-38	3278	1
11-36	4433	0,56	09-14	2240	1	11-08	2680	1	04-09	3197	1
04-05	4428	0,47	11-13	2230	1	04-19	2654	1	11-46	3166	1
10-18	4393	0,54	11-33	2190	1	11-44	2625	1	01-11	3155	1
11-08	4390	0,65	08-20	2137	1	10-18	2615	1	04-12	3150	1
04-10	4358	0,62	07-14	2100	1	04-16	2593	1	09-03	3122	1
08-04	4319	0,71	04-05	2039	1	11-17	2587	1	11-18	3089	1
11-27	4300	0,82	08-04	1996	1	11-41	2577	1	11-12	3038	1
09-08	4259	0,82	06-30	1996	1	02-18	2560	1	07-12	3027	1
11-41	4256	0,83	11-44	1986	1	08-05	2543	1	04-03	3011	1
11-46	4209	0,90	01-03	1975	1	04-13	2539	1	11-43	3009	1
04-09	4200	0,91	04-12	1942	1	11-46	2527	1	11-44	3004	1
Testemunhas:											
Primavera	3374	padrão	Foscarin	1748	padrão	IAS-5	2547	padrão	IAC-100	2510	padrão
IAS-5	3262	1	IAS-5	1511	1	Primavera	2198	0,98	IAS-5	2408	1
IAC-100	3206	1	Primavera	1378	0,83	IAC-100	1993	0,24	Primavera	2256	1
Foscarin	3011	0,99	IAC-100	918	0,00	Foscarin	1985	0,22	Foscarin	2154	0,99

Tabela 29. Análise de variância conjunta para os experimentos em blocos casualizados subdivididos em conjuntos experimentais em 1999

FV	GL	QM	F	Pr > F
Ambientes (E)	3	61672265	461,05	<0,0001
Genótipos (G)	75	477973	3,57	<0,0001
Linhagens (L)	71	486001	3,63	<0,0001
Testemunhas (T)	3	55782	0,42	0,7410
L vs T	1	1174540	8,78	0,0034
GxE	225	133764	0,62	1,0000
Resíduo	406	279599		
Média = 2542,31 ^a				
CV% = 14 ^b				

^a Produtividade média kg ha⁻¹

^b Coeficiente de variação

Tabela 30. Teste de Dunnett para as 16 linhagens mais produtivas ($p=20\%$) e testemunhas, contra a testemunha mais produtiva, para os experimentos em blocos casualizados subdivididos em conjuntos experimentais em 1999

Genótipos	Parâmetros	
	kg ha ^{-1a}	Pr > t
Linhagens:		
10-10	3204	0,10
04-09	3032	0,43
10-18	2995	0,53
11-13	2990	0,55
04-05	2957	0,66
04-12	2949	0,68
08-05	2945	0,70
04-10	2930	0,74
11-44	2927	0,75
11-15	2926	0,76
11-21	2925	0,76
11-46	2920	0,77
11-38	2909	0,81
11-18	2897	0,84
04-16	2896	0,84
09-14	2891	0,86
Testemunhas:		
IAS-5	2432	padrão
Primavera	2301	1
Foscarin	2224	1
IAC-100	2157	1

^a Produtividade média kg ha⁻¹

Tabela 31. Análise de variância segundo a metodologia de Eberhart & Russell (1966) para os experimentos delineados em blocos casualizados subdivididos em conjuntos experimentais em 1999

FV	GL	QM	F	Pr>F
Ambientes (E)	3	61672264	461,05	<0,0001
Genótipos (G)	75	477973	3,57	<0,0001
GxE	225	133764	0,48	1,0000
G dentro de E	228	943481	3,37	<0,0001
E Linear	1	185016794	661,72	<0,0001
GxE Linear	75	100409	0,36	1,0000
Desvios Combinados	152	148462	0,53	1,0000
Resíduo	406	139800		

Tabela 32. Parâmetros e médias estimadas a partir do modelo de Eberhart & Russell (1966), para os experimentos em blocos casualizados subdivididos em conjuntos experimentais, em 1999

Genótipos	Parâmetros						Ambientes			
	Média	β	Pr > t (%)	σ_d^2	Pr > F (%)	R ² (%)	Anhembi	Areão	ESALQ-1	ESALQ-2
Linhagens:										
10-10	3204	1,0	83	69829	22	84	4382	2358	2888	3189
04-09	3032	0,9	73	0	100	90	4168	2215	2727	3017
10-18	2995	1,3	24	14223	33	93	4582	1855	2570	2975
11-13	2990	0,8	52	0	100	98	4032	2241	2710	2976
04-05	2957	1,2	60	61893	24	90	4447	1887	2558	2938
04-12	2949	0,9	72	0	100	95	4082	2134	2645	2934
08-05	2945	1,3	14	0	100	100	4614	1745	2497	2923
04-10	2930	1,2	53	0	100	100	4359	1904	2547	2912
11-44	2927	1,0	92	0	100	99	4138	2057	2602	2912
11-15	2926	0,9	59	0	100	91	4001	2154	2638	2912
11-21	2925	1,4	12	43800	27	93	4624	1705	2470	2903
11-46	2920	1,1	61	0	100	97	4313	1920	2547	2902
11-38	2909	1,3	21	5181	36	93	4516	1754	2478	2888
11-18	2897	0,9	77	50994	26	85	4047	2070	2588	2882
04-16	2896	0,9	56	52559	25	82	3960	2132	2611	2882
09-14	2891	0,8	54	0	100	98	3908	2160	2618	2878
Testemunhas:										
IAS-5	2432	0,7	28	0	100	87	3351,9	1771	2185	2420
Primavera	2301	0,9	67	0	100	97	3412,2	1502	2003	2287
Foscarin	2224	0,6	10	0	100	99	2976,1	1684	2023	2215
IAC-100	2157	1,0	98	21133	32	88	3402,4	1262	1823	2141
Índices ambientais							1237,91	-889,61	-332,18	-16,11

Tabela 33. Análise de variância segundo a metodologia AMMI dos experimentos em blocos casualizados subdivididos em conjuntos experimentais em 1999, modelo AMMI 0

FV	GL	QM	F	Pr>F
Ambientes (E)	3	61672265	461,05	<0,0001
Genótipos (G)	75	477973	3,57	<0,0001
GxE	225	133764	0,48	0,9999
Resíduo	406	279599		
Média = 2542,31 ^a				
CV% = 14 ^b				

^a Produtividade média kg ha⁻¹

^b Coeficiente de variação

Tabela 34. Parâmetros e médias estimadas para a metodologia AMMI dos experimentos em blocos casualizados subdivididos em conjuntos experimentais em 1999, modelo AMMI 0

Genótipos	Parâmetros AMMI 0	Médias estimadas			
	Médias	Anhembi	Areão	ESALQ-1	ESALQ-2
Linhagens:					
10-10	3204	4442	2314	2872	3188
04-09	3032	4270	2142	2700	3016
10-18	2995	4233	2106	2663	2979
11-13	2990	4228	2100	2658	2974
04-05	2957	4195	2068	2625	2941
04-12	2949	4187	2059	2616	2932
08-05	2945	4183	2055	2613	2929
04-10	2930	4168	2041	2598	2914
11-44	2927	4165	2038	2595	2911
11-15	2926	4164	2036	2594	2910
11-21	2925	4163	2036	2593	2909
11-46	2920	4158	2031	2588	2904
11-38	2909	4147	2019	2577	2893
11-18	2897	4134	2007	2564	2880
04-16	2896	4134	2006	2564	2880
09-14	2891	4129	2001	2559	2875
Testemunhas:					
IAS-5	2432	3670	1542	2100	2416
Primavera	2301	3539	1412	1969	2285
Foscarin	2224	3462	1335	1892	2208
IAC-100	2157	3395	1267	1825	2141
Ambientes:					
Anhembi	3780				
ESALQ-2	2526				
ESALQ-1	2210				
Areão	1653				

Tabela 35. Análise de variância para os experimentos em blocos aumentados em 2000

FV	GL	QM	F	Pr < F
Anhembi				
Blocos	5	82430	0,46	0,7973
Genótipos	75	370065	2,08	0,0634
Linhagens (L)	71	320473	1,80	0,1099
Testemunhas (T)	3	960200	5,40	0,0112
L vs T	1	2140022	12,02	0,0038
Resíduo	14	177978		
Média = 3516,63 ^a				
CV% = 12 ^b				
Areão				
Blocos	5	373074	2,04	0,1313
Genótipos	74	236261	1,29	0,3000
Linhagens (L)	70	245043	1,34	0,2715
Testemunhas (T)	3	103424	0,56	0,6466
L vs T	1	15999	0,09	0,7716
Resíduo	15	183164		
Média = 1944,45				
CV% = 22				
ESALQ-1				
Blocos	5	551893	0,35	0,8734
Genótipos	73	430350	2,71	0,0172
Linhagens (L)	69	374055	2,35	0,0336
Testemunhas (T)	3	199087	1,25	0,3262
L vs T	1	5112955	32,15	<0,0001
Resíduo	15	159041		
Média = 2406,44				
CV% = 17				
ESALQ-2				
Blocos	5	270530	4,44	0,0110
Genótipos	75	291956	4,80	0,0008
Linhagens (L)	71	280323	4,61	0,0010
Testemunhas (T)	3	281307	4,62	0,0176
L vs T	1	1149823	18,89	0,0006
Resíduo	15	60863		
Média = 2268,31				
CV% = 11				

^a Produtividade média kg ha⁻¹^b Coeficiente de variação

Tabela 36. Teste de Dunnett para as 16 linhagens mais produtivas ($p=20\%$) e testemunhas contra a testemunha mais produtiva para os experimentos em blocos aumentados em 2000

Ambientes											
Anhembi			Areão			ESALQ-1			ESALQ-2		
Genótipos	Média	Pr < t	Genótipos	Média	Pr < t	Genótipos	Média	Pr < t	Genótipos	Média	Pr < t
Linhagens:											
08-20	4601	0,93	11-10	3162	0,83	10-24	3930	0,09	08-25	3596	0,02
11-36	4534	0,97	11-18	3126	0,87	11-13	3920	0,10	11-46	3341	0,08
04-06	4501	0,98	10-10	2812	1	11-15	3874	0,11	04-06	3338	0,08
07-12	4480	0,98	11-20	2811	1	11-12	3836	0,13	09-14	3311	0,09
11-22	4450	0,99	11-36	2721	1	11-46	3672	0,24	11-10	3290	0,11
11-17	4429	0,99	09-14	2642	1	11-08	3590	0,31	11-38	3244	0,14
11-41	4395	1	04-18	2566	1	08-04	3545	0,36	08-05	3243	0,14
10-18	4335	1	04-06	2441	1	11-49	3465	0,45	10-18	3236	0,15
08-04	4314	1	11-19	2397	1	04-09	3399	0,54	08-29	3188	0,19
09-14	4271	1	02-08	2386	1	04-13	3299	0,67	09-08	3166	0,22
09-08	4240	1	04-05	2382	1	09-14	3284	0,69	08-06	3080	0,34
11-10	4235	1	06-22	2371	1	11-27	3237	0,76	11-12	3030	0,44
11-38	4224	1	04-03	2358	1	11-18	3230	0,76	01-04	2930	0,65
11-13	4164	1	04-07	2356	1	11-33	3217	0,78	11-22	2900	0,72
11-19	4140	1	11-15	2327	1	04-08	3216	0,78	05-01	2893	0,73
11-21	4120	1	03-12	2326	1	10-10	3124	0,88	11-08	2854	0,81
Testemunhas:											
IAC-100	3678	padrão	IAS-5	2113	padrão	IAS-5	2195	padrão	Primavera	2234	padrão
IAS-5	3343	1	Foscarin	1878	1	Foscarin	2122	1	IAC-100	2188	1
Foscarin	3260	0,98	Primavera	1869	1	Primavera	1909	1	IAS-5	2133	1
Primavera	2713	0,07	IAC-100	1818	1	IAC-100	1803	0,97	Foscarin	1760	0,18

Tabela 37. Análise de variância conjunta para os experimentos delineados em blocos aumentados em 2000

FV	GL	QM	F	Pr > F
Ambientes (E)	3	37350499	136,36	<0,0001
Genótipos (G)	75	663258	2,42	<0,0001
Linhagens (L)	71	679973	2,48	<0,0001
Testemunhas (T)	3	55660	0,20	0,8941
L vs T	1	1309695	4,78	0,0298
GxE	222	273915	1,89	0,0022
Resíduo	59	144707		
Média = 2593,48 ^a				
CV% = 20 ^b				

^a Produtividade média kg ha⁻¹

^b Coeficiente de variação

Tabela 38. Teste de Dunnett para as 16 linhagens mais produtivas ($p=20\%$) e testemunhas contra a testemunha mais produtiva, para a análise conjunta dos experimentos em blocos aumentados em 2000

Genótipos	Parâmetros	
	kg ha ^{-1a}	Pr > t
Linhagens:		
09-14	3377	0,30
11-10	3348	0,35
04-06	3280	0,48
11-18	3214	0,62
11-08	3183	0,69
08-25	3163	0,74
08-04	3142	0,78
10-10	3129	0,81
11-38	3117	0,83
11-15	3107	0,85
11-19	3033	0,95
08-29	3029	0,96
11-49	3019	0,97
11-36	2988	0,98
11-12	2966	0,99
11-46	2959	0,99
Testemunhas:		
IAS-5	2446	padrão
IAC-100	2372	1
Foscarin	2255	1
Primavera	2181	1

^a Produtividade média kg ha⁻¹

Tabela 39. Análise de variância segundo a metodologia de Eberhart & Russell (1966) para os experimentos delineados em blocos aumentados em 2000

FV	GL	QM	F	Pr>F
Ambientes (E)	3	37457615	138,12	<0,0001
Genótipos (G)	75	660437	2,44	<0,0001
GxE	225	271203	1,87	0,0025
G dentro de E	228	760498	5,26	<0,0001
E Linear	1	112372846	776,56	<0,0001
GxE Linear	75	245203	1,69	0,0182
Desvios Combinados	152	280464	1,94	0,0022
Resíduo	59	144707		

Tabela 40. Parâmetros e médias estimadas a partir do modelo de Eberhart & Russell (1966) para os experimentos delineados em blocos aumentados em 2000

Genótipos	Parâmetros						Ambientes			
	Médias	β	Pr > t (%)	σ_d^2	Pr > F (%)	R ² (%)	Anhembi	Areão	ESALQ-1	ESALQ-2
Linhagens:										
09-14	3377	0,9	83	0	100	96	4307	2775	3305	3122
11-10	3348	0,7	62	90139	21	62	4063	2885	3293	3152
04-06	3280	1,2	54	0	100	89	4468	2511	3188	2954
11-18	3214	0,8	52	121216	17	62	3981	2718	3155	3004
11-08	3183	0,9	86	17294	33	80	4123	2574	3110	2925
08-25	3163	0,7	58	185916	11	55	3901	2685	3106	2960
08-04	3142	1,3	65	28769	31	88	4431	2307	3042	2788
10-10	3129	0,8	56	0	100	87	3935	2608	3067	2908
11-38	3117	1,1	69	0	100	87	4237	2391	3030	2809
11-15	3107	0,8	53	318282	5	51	3902	2592	3046	2889
11-19	3033	1,1	82	0	100	97	4095	2346	2951	2742
08-29	3029	1,1	87	23083	32	83	4073	2354	2949	2743
11-49	3019	1,1	72	110691	18	78	4126	2303	2934	2716
10-11	2988	1,4	20	605595	1	66	4382	2085	2880	2605
11-12	2966	1,5	14	1046447	0	57	4420	2024	2853	2566
11-46	2959	1,3	27	1192623	0	50	4297	2092	2856	2592
11-17	2939	1,5	14	0	100	98	4386	2002	2827	2542
04-08	2916	0,9	74	0	100	87	3804	2341	2848	2672
10-18	2892	1,5	12	266428	7	80	4372	1933	2777	2485
08-06	2864	1,2	63	92119	20	81	4010	2122	2776	2550
Testemunhas										
IAS-5	2446	0,8	57	0	100	92	3257	1920	2383	2223
IAC-100	2372	1,2	57	9239	35	87	3544	1613	2281	2050
Foscarin	2255	0,9	83	0	100	92	3184	1653	2183	2000
Primavera	2181	0,5	11	0	100	80	2674	1862	2143	2046
Índices ambientais							992,44	-642,97	-76,82	-272,65

Tabela 41. Análise de variância segundo a metodologia AMMI dos experimentos em blocos aumentados em 2000, modelo AMMI 2

FV	GL	QM	F	Pr > F
Ambientes (E)	3	37458515	138,12	<0,0001
Genótipos (G)	75	660441	2,44	<0,0001
GxE	225	271199	1,87	0,0025
AMMI 1	77	336372	2,32	0,0005
AMMI 2	75	283220	1,96	0,0040
Resíduo GxE	73	190105	1,31	0,1396
Resíduo	59	144707		
Média = 2590,84 ^a				
CV% = 20 ^b				

^a Produtividade média kg ha⁻¹

^b Coeficiente de variação

Tabela 42. Parâmetros e médias estimadas das linhagens mais produtivas (p=20%) para a metodologia AMMI nos experimentos dispostos em blocos aumentados em 2000, Modelo AMMI 2

Genótipos	Parâmetros AMMI 2			Médias estimadas			
	Médias	IPCA1	IPCA2	Anhembi	Areão	ESALQ-1	ESALQ-2
Linhagens:							
09-14	3377	-2,08	-0,53	4423	2648	3236	3200
11-10	3348	1,47	-11,14	4277	3164	2693	3259
04-06	3280	-6,91	-4,23	4445	2438	2858	3378
11-18	3214	10,53	-0,64	3928	3119	3280	2531
11-08	3183	0,89	7,53	4169	2324	3529	2711
08-25	3163	-6,66	-0,99	4329	2222	2921	3180
08-04	3142	0,05	9,75	4155	2164	3594	2655
10-10	3129	6,19	-0,44	3958	2811	3132	2617
11-38	3117	-7,13	-2,90	4291	2219	2764	3195
11-15	3107	5,92	12,17	3971	2339	3788	2330
11-19	3033	-1,81	-2,72	4067	2394	2779	2893
08-29	3029	-6,88	1,00	4206	2008	2892	3012
11-49	3019	4,97	8,95	3901	2315	3510	2352
11-36	2988	10,34	5,04	3720	2687	3357	2189
11-12	2966	-12,39	19,30	4329	1037	3726	2771
11-46	2959	-15,15	16,17	4388	1001	3504	2944
11-17	2939	-6,38	-0,99	4098	2012	2702	2946
04-08	2916	2,38	5,35	3858	2207	3169	2431
08-06	2864	-9,09	1,64	4100	1711	2724	2922
11-27	2840	-1,30	7,41	3884	1876	3143	2459
05-01	2840	-4,06	-3,94	3930	2130	2482	2816
05-05	2822	-2,86	-2,74	3884	2131	2549	2725
Testemunhas:							
IAS-5	2446	3,28	-4,22	3342	2112	2195	2133
IAC-100	2372	-3,07	-6,71	3430	1808	1880	2370
Foscarin	2255	4,12	-1,60	3135	1873	2160	1851
PRIMA	2181	2,41	-6,54	3096	1885	1791	1955
Ambientes:							
Anhembi	3583	-26,36	2,27				
ESALQ-1	2514	16,75	54,14				
ESALQ-2	2318	-40,29	-21,82				
Areão	1948	49,91	-34,59				

Tabela 43. Análise de variância para os experimentos em blocos casualizados subdivididos em conjuntos experimentais em 2000

FV	GL	QM	F	Pr < F
Anhembi				
Repetições (R)	1	173952	1,16	0,2837
Conjuntos / R	10	1088823	7,27	<0,0001
Genótipos	75	750435	5,01	<0,0001
Linhagens (L)	71	648905	4,33	<0,0001
Testemunhas (T)	3	1666540	11,12	<0,0001
L vs T	1	5308222	35,43	<0,0001
Resíduo	104	149818		
Média = 3544,95 ^a				
CV% = 11 ^b				
Areão				
Repetições (R)	1	12502711	70,72	<0,0001
Conjuntos / R	10	388285	2,20	0,0236
Genótipos	75	276254	1,56	0,0178
Linhagens (L)	71	265411	1,50	0,0295
Testemunhas (T)	3	510626	2,89	0,0391
L vs T	1	348427	1,97	0,1634
Resíduo	103	176792		
Média = 2203,41				
CV% = 19				
ESALQ-1				
Repetições (R)	1	3256201	21,90	<0,0001
Conjuntos / R	10	60605	0,41	0,9402
Genótipos	75	557085	3,75	<0,0001
Linhagens (L)	71	473060	3,18	<0,0001
Testemunhas (T)	3	249326	1,68	0,1767
L vs T	1	7031739	47,29	<0,0001
Resíduo	101	148679		
Média = 2541,12				
CV% = 15				
ESALQ-2				
Repetições (R)	1	1024117,	5,05	0,0267
Conjuntos / R	10	981781,	4,84	<0,0001
Genótipos	75	332596	1,64	0,0096
Linhagens (L)	71	300098	1,48	0,0335
Testemunhas (T)	3	506401	2,50	0,0637
L vs T	1	2118541	10,45	0,0016
Resíduo	105	202703		
Média = 2195,27				
CV% = 21				

^a Produtividade média kg ha⁻¹

^b Coeficiente de variação

Tabela 44. Teste de Dunnett para as 16 linhagens mais produtivas ($p=20\%$) e testemunhas contra a testemunha mais produtiva para os experimentos em blocos casualizados subdivididos em conjuntos experimentais em 2000

Ambientes											
Anhembi			Areão			ESALQ-1			ESALQ-2		
Genótipos	Médias	Pr < t	Genótipos	Médias	Pr < t	Genótipos	Médias	Pr < t	Genótipos	Médias	Pr < t
Linhagens:											
08-20	4768	0,11	11-19	3621	0,77	10-24	3968	0,00	09-14	3303	0,13
11-19	4544	0,55	11-27	3585	0,84	08-04	3906	0,00	11-22	3111	0,45
11-12	4537	0,57	09-14	3411	0,97	11-12	3870	0,00	11-38	2935	0,85
08-04	4458	0,78	11-12	3321	0,99	11-13	3608	0,02	04-06	2885	0,92
11-21	4435	0,85	11-15	3251	1	11-49	3526	0,04	11-19	2854	0,95
11-22	4422	0,86	04-12	3221	1	11-15	3515	0,04	10-13	2848	0,96
11-36	4383	0,93	11-38	3220	1	11-08	3508	0,05	11-15	2846	0,96
11-18	4366	0,95	10-13	3181	1	04-13	3422	0,10	04-16	2813	0,98
11-08	4331	0,98	08-02	3171	1	11-18	3333	0,21	10-10	2761	1
04-06	4300	0,99	04-06	3166	1	11-46	3318	0,24	08-29	2725	1
11-13	4286	0,99	04-08	2971	1	11-41	3265	0,35	11-44	2722	1
11-15	4259	1	11-41	2926	1	04-03	3253	0,38	08-04	2702	1
09-14	4251	1	02-18	2880	1	11-27	3253	0,38	11-10	2679	1
10-10	4249	1	10-25	2880	1	11-38	3238	0,41	11-18	2587	1
10-18	4217	1	05-05	2876	1	11-33	3223	0,45	08-25	2578	1
10-30	4149	1	04-03	2855	1	11-23	3155	0,64	09-03	2558	1
Testemunhas:											
IAC-100	3735	padrão	IAS-5	2668	padrão	IAS-5	2381	padrão	IAC-100	2128	padrão
IAS-5	3279	0,26	Primavera	2509	1	Foscarin	2252	1	Primavera	2127	1
Foscarin	3161	0,04	Foscarin	2178	0,71	IAC-100	2130	1	IAS-5	2092	1
Primavera	2833	0,00	IAC-100	2013	0,28	Primavera	2041	0,88	Foscarin	1706	0,75

Tabela 45. Análise de variância conjunta para os experimentos em blocos casualizados subdivididos em conjuntos experimentais em 2000

FV	GL	QM	F	Pr > F
Ambientes (E)	3	32466124	202,41	<0,0001
Genótipos (G)	75	591430	3,69	<0,0001
Linhagens (L)	71	603551	3,76	<0,0001
Testemunhas (T)	3	63017,	0,39	0,7582
L vs T	1	1316045	8,20	0,0046
GxE	225	160400	0,95	0,6802
Resíduo	413	169712		
Média = 2678,78 ^a				
CV% = 15 ^b				

^a Produtividade média kg ha⁻¹

^b Coeficiente de variação

Tabela 46. Teste de Dunnett para as 16 linhagens mais produtivas ($p=20\%$) e testemunhas, contra a testemunha mais produtiva, para os experimentos em blocos casualizados subdivididos em conjuntos experimentais em 2000

Genótipos	Parâmetros	
	kg ha ^{-1a}	Pr > t
Linhagens:		
09-14	3366	0,12
08-04	3360	0,13
11-15	3352	0,13
11-18	3309	0,19
11-19	3297	0,21
11-12	3219	0,36
11-22	3218	0,36
11-38	3214	0,37
11-08	3141	0,57
10-10	3129	0,60
04-06	3096	0,70
04-03	3065	0,79
11-36	3061	0,80
11-10	3059	0,80
11-49	3053	0,82
04-16	3031	0,87
Testemunhas:		
IAS-5	2535	padrão
IAC-100	2477	1
Primavera	2299	1
Foscarin	2287	1

^a Produtividade média kg ha⁻¹

Tabela 47. Análise de variância segundo a metodologia de Eberhart & Russell (1966) para os experimentos em blocos casualizados subdivididos em conjuntos experimentais em 2000

FV	GL	QM	F	Pr>F
Ambientes (E)	3	32466124	202,41	<0,0001
Genótipos (G)	75	591430	3,69	<0,0001
GxE	225	160400	0,95	0,6802
G dentro de E	228	585475	3,45	<0,0001
E Linear	1	97398371	573,90	<0,0001
GxE Linear	75	198184	1,17	0,1764
Desvios Combinados	152	139646	0,82	0,9206
Resíduo	413	84856		

Tabela 48. Parâmetros e médias estimadas a partir do modelo de Eberhart & Russell (1966), para os experimentos em blocos casualizados subdivididos em conjuntos experimentais em 2000

Genótipos	Parâmetros						Ambientes			
	Médias	β	Pr > t (%)	σ_d^2	Pr > F (%)	R ² (%)	Anhembi	Areão	ESALQ-1	ESALQ-2
Linhagens:										
09-14	3366	0,8	61	0	100	74	4128	2999	3323	3013
08-04	3360	1,4	67	108349	20	81	4634	2748	3289	2770
11-15	3352	1,0	93	0	100	96	4320	2887	3298	2904
11-18	3309	1,1	69	0	100	95	4387	2790	3248	2809
11-19	3297	1,2	61	0	100	86	4415	2760	3234	2779
11-12	3219	1,6	8	195107	12	82	4746	2485	3133	2512
11-22	3218	1,3	54	19207	33	85	4417	2642	3151	2663
11-38	3214	0,8	63	0	100	97	3986	2844	3171	2857
11-08	3141	1,4	27	0	100	91	4455	2509	3067	2532
10-10	3129	1,1	74	0	100	96	4184	2621	3069	2640
04-06	3096	1,1	81	108301	20	73	4119	2605	3039	2623
04-03	3065	1,2	66	0	100	93	4158	2540	3004	2559
11-36	3061	1,4	27	0	100	100	4378	2428	2988	2452
11-10	3059	1,1	83	0	100	97	4071	2572	3002	2590
11-49	3053	1,1	75	21424	33	81	4103	2549	2994	2567
04-16	3031	1,0	92	0	100	92	4005	2563	2976	2580
Testemunhas:										
IAS-5	2535	0,8	51	0	100	92	3244	2194	2496	2207
IAC-100	2477	1,3	51	0	100	94	3656	1910	2411	1931
Primavera	2299	0,5	16	0	100	81	2767	2074	2273	2082
Foscarin	2287	0,9	85	0	100	95	3163	1866	2238	1881
Índices ambientais							940,53	-452,11	-52,79	-435,63

Tabela 49. Análise de variância segundo a metodologia AMMI dos experimentos em blocos casualizados subdivididos em conjuntos experimentais em 2000, modelo AMMI 0

FV	GL	QM	F	Pr>F
Ambientes (E)	3	32466124	202,41	<0,0001
Genótipos (G)	75	591430	3,69	<0,0001
GxE	225	160400	0,95	0,6802
Resíduo	413	169712		
Média = 2678,79 ^a				
CV% = 15 ^b				

^a Produtividade média kg ha⁻¹

^b Coeficiente de variação

Tabela 50. Parâmetros e médias estimadas para a metodologia AMMI dos experimentos em blocos casualizados subdivididos em conjuntos experimentais em 2000, modelo AMMI 0

Genótipos	Parâmetros AMMI 0	Médias estimadas			
	Médias	Anhembi	Areão	ESALQ-1	ESALQ-2
Linhagens:					
09-14	3366	4306	2913	3313	2930
08-04	3360	4301	2908	3307	2924
11-15	3352	4293	2900	3300	2917
11-18	3309	4249	2857	3256	2873
11-19	3297	4238	2845	3244	2862
11-12	3219	4160	2767	3166	2783
11-22	3218	4159	2766	3166	2783
11-38	3214	4155	2762	3162	2779
11-08	3141	4081	2689	3088	2705
10-10	3129	4069	2677	3076	2693
04-06	3096	4037	2644	3044	2661
04-03	3065	4006	2613	3013	2630
11-36	3061	4002	2609	3009	2626
11-10	3059	4000	2607	3006	2623
11-49	3053	3994	2601	3000	2618
04-16	3031	3972	2579	2978	2596
Testemunhas:					
IAS-5	2535	3476	2083	2483	2100
IAC-100	2477	3418	2025	2425	2042
Primavera	2299	3240	1847	2246	1863
Foscarin	2287	3227	1835	2234	1851
Ambientes:					
Anhembi	3619				
ESALQ-2	2626				
ESALQ-1	2243				
Areão	2227				

Tabela 51. Análise de variância segundo a metodologia AMMI considerando conjuntamente os 12 ambientes, modelo AMMI 2

FV	GL	QM	F	Pr > F
Ambientes (E)	11	27502650	143,59	<0,0001
Genótipos (G)	75	1005856	5,25	<0,0001
GxE	825	191538	0,87	0,9879
AMMI 1	85	446270	2,02	<0,0001
AMMI 2	83	289166	1,31	0,0376
Resíduo AMMI 2	657	146249	0,66	1,0000
Resíduo	1229	221308		
Média = 2688,12 ^a				
CV% = 16 ^b				

^a Produtividade média kg ha⁻¹

^b Coeficiente de variação

Tabela 52. Médias gerais, estimativas de parâmetros IPCA 1 e IPCA 2 e médias estimadas através do modelo AMMI 2 para genótipos nos 12 ambientes avaliados

Genótipos	Médias	IPCA1	IPCA2	Médias estimadas													
				Ano 1998				Ano 1999				Ano 2000					
				Anhembi	Areão	ESALQ-1	ESALQ-2	Anhembi	Areão	ESALQ-1	ESALQ-2	Anhembi	Areão	ESALQ-1	ESALQ-2		
Linhagens:																	
11-38	3232	11,49	-0,51	3974	3191	2854	3232	4420	2108	2708	3064	4480	2665	3398	2691		
10-10	3135	-1,87	-7,95	2916	3379	2758	3678	4241	2170	2581	2977	4186	2676	3295	2766		
9-14	3074	4,69	-2,62	3367	3186	2760	3324	4214	2022	2549	2910	4189	2566	3190	2611		
8-4	3060	12,90	-6,85	3707	2958	2389	3132	4283	1961	2470	2892	4475	2466	3440	2545		
4-9	3046	1,40	7,44	3478	3275	3247	3187	4123	1957	2636	2883	3863	2589	2787	2543		
11-18	3045	7,90	-12,33	3223	3043	2246	3390	4247	2028	2414	2882	4445	2488	3516	2618		
11-15	3040	9,39	-17,83	3125	2982	1965	3454	4275	2047	2348	2878	4597	2458	3713	2638		
11-19	3029	2,91	-5,02	3172	3173	2672	3367	4163	2004	2491	2867	4141	2532	3177	2595		
11-12	3021	9,23	-11,24	3323	2990	2248	3294	4230	1982	2399	2857	4431	2453	3474	2571		
11-27	2999	3,22	-1,94	3266	3139	2751	3259	4127	1950	2488	2836	4067	2502	3067	2538		
4-6	2996	4,69	17,19	3959	3184	3581	2813	4062	1807	2684	2828	3677	2528	2459	2386		
4-16	2961	14,96	7,02	4110	2874	2823	2719	4150	1764	2501	2790	4141	2381	2956	2341		
4-10	2954	10,65	3,51	3789	2948	2779	2890	4120	1809	2476	2785	4092	2403	2972	2390		
11-22	2934	-0,79	-11,69	3138	2675	2385	3509	4061	1980	2342	2776	4085	2457	3219	2577		
11-13	2933	14,02	-1,81	3776	2825	2435	2883	4147	1796	2386	2763	4277	2339	3187	2377		
4-5	2932	1,99	13,81	3616	3169	3411	2912	3989	1791	2587	2765	3622	2481	2470	2374		
11-36	2915	2,22	-6,70	2971	3066	2500	3304	4049	1905	2361	2753	4046	2420	3103	2497		
11-44	2905	3,98	-1,84	3207	3033	2655	3145	4036	1849	2394	2741	3980	2403	2973	2438		
08-05	2884	2,59	0,98	3201	3056	2790	3106	3994	1821	2407	2720	3864	2401	2839	2409		
11-46	2870	-5,26	-8,08	2484	3190	2581	3501	3949	1930	2329	2714	3831	2441	2964	2528		
11-33	2867	5,10	-0,46	3272	2975	2650	3048	4003	1794	2366	2703	3944	2359	2914	2381		
04-12	2865	-4,36	9,82	3089	3232	3323	3106	3886	1801	2502	2703	3474	2463	2415	2390		
11-17	2853	-2,28	4,16	3010	3150	3016	3149	3911	1808	2425	2691	3636	2420	2618	2399		
10-18	2845	-1,18	-6,18	2737	3078	2537	3321	3950	1860	2309	2686	3875	2382	2955	2454		
11-41	2839	6,94	-5,19	3194	2886	2372	3063	4007	1782	2284	2675	4064	2304	3067	2369		
08-02	2817	-1,73	-7,43	2640	3058	2469	3335	3923	1844	2271	2659	3859	2357	2956	2440		
10-13	2812	-1,25	-3,04	2798	3058	2640	3226	3905	1806	2308	2652	3774	2356	2822	2399		
Testemunhas:																	
IAS-5	2540	-0,04	5,67	2850	2793	2706	2750	3611	1470	2117	2377	3353	2091	2304	2058		
IAC-100	2475	4,15	6,52	3047	2634	2586	2541	3576	1364	2049	2309	3376	1990	2281	1948		
Primavera	2443	-4,93	10,42	2655	2827	2944	2687	3456	1379	2088	2281	3022	2047	1961	1968		
Foscarin	2356	5,59	6,06	2984	2476	2398	2394	3472	1238	1917	2189	3313	1855	2213	1821		
Ambientes:																	
Anhembi 99	3780	8,23	-3,96														
Anhembi 00	3619	26,58	-21,58														
ESALQ-2 98	3008	-29,47	-21,89														
Areão 98	2915	-23,12	5,30														
Anhembi 98	2836	53,17	31,25														
ESALQ-1 00	2626	18,01	-30,92														
ESALQ-1 98	2619	-25,28	42,17														
ESALQ-2 99	2526	0,69	-1,15														
ESALQ-2 00	2243	-8,50	-6,52														
Areão 00	2227	-8,88	2,64														
ESALQ-1 99	2210	-3,23	10,47														
Areão 99	1653	-8,19	-5,82														
MÉDIA	2689																

Tabela 53. Correlações de Spearman (acima da diagonal) e os respectivos níveis de significância (abaixo da diagonal) entre as médias dos experimentos em BA^a (uma repetição) e em BCCE^b (duas repetições), médias estimadas através das metodologias de ER^c e AMMI e as médias estimadas pela análise AMMI para os 12 ambientes em 1998

1998		Modelos						
ANHEMBI		Médias		ER		AMMI		AMMI 12
		BA ^a	BCCE ^b	BA	BCCE	BA	BCCE	AMB ^d
Médias	BA	1	0,74	0,80	0,70	0,73	0,59	0,73
	BCCE	0,0001	1	0,80	0,75	0,79	0,61	0,82
ER	BA	0,0001	0,0001	1	0,86	0,92	0,69	0,87
	BCCE	0,0001	0,0001	0,0001	1	0,76	0,72	0,75
AMMI	BA	0,0001	0,0001	0,0001	0,0001	1	0,69	0,92
	BCCE	0,0001	0,0001	0,0001	0,0001	0,0001	1	0,69
AMMI 12 AMB		0,0001	0,0001	0,0001	0,0001	0,0001	0,0001	1

1998		Modelos						
AREÃO		Médias		ER		AMMI		AMMI 12
		BA	BCCE	BA	BCCE	BA	BCCE	AMB
Médias	BA	1	0,73	0,66	0,52	0,57	0,24	0,58
	BCCE	0,0001	1	0,52	0,73	0,60	0,47	0,69
Eberhart	BA	0,0001	0,0001	1	0,78	0,78	0,40	0,50
Russell	BCCE	0,0001	0,0001	0,0001	1	0,74	0,63	0,58
AMMI	BA	0,0001	0,0001	0,0001	0,0001	1	0,64	0,62
	BCCE	0,0692	0,0002	0,0018	0,0001	0,0001	1	0,52
AMMI 12 AMB		0,0001	0,0001	0,0001	0,0001	0,0001	0,0001	1

1998		Modelos						
ESALQ-1		Médias		ER		AMMI		AMMI 12
		BA	BCCE	BA	BCCE	BA	BCCE	AMB
Médias	BA	1	0,71	0,67	0,56	0,70	0,17	0,49
	BCCE	0,0001	1	0,70	0,74	0,73	0,26	0,54
Eberhart	BA	0,0001	0,0001	1	0,86	0,81	0,30	0,79
Russell	BCCE	0,0001	0,0001	0,0001	1	0,77	0,39	0,65
AMMI	BA	0,0001	0,0001	0,0001	0,0001	1	0,41	0,64
	BCCE	0,2199	0,0528	0,0232	0,003	0,0018	1	0,47
AMMI 12 AMB		0,0001	0,0001	0,0001	0,0001	0,0001	0,0002	1

1998		Modelos						
ESALQ-2		Médias		ER		AMMI		AMMI 12
		BA	BCCE	BA	BCCE	BA	BCCE	AMB
Médias	BA	1	0,88	0,71	0,70	0,68	0,55	0,49
	BCCE	0,0001	1	0,66	0,79	0,73	0,62	0,59
Eberhart	BA	0,0001	0,0001	1	0,88	0,87	0,72	0,67
Russell	BCCE	0,0001	0,0001	0,0001	1	0,87	0,77	0,70
AMMI	BA	0,0001	0,0001	0,0001	0,0001	1	0,74	0,69
	BCCE	0,0001	0,0001	0,0001	0,0001	0,0001	1	0,88
AMMI 12 AMB		0,0001	0,0001	0,0001	0,0001	0,0001	0,0001	1

^a: Blocos aumentados

^b: Blocos subdivididos em conjuntos experimentais

^c: Metodologia de Eberhart e Russell (1966)

^d: Ambientes

Tabela 54. Correlações de Spearman (acima da diagonal) e os respectivos níveis de significância (abaixo da diagonal) entre as médias dos experimentos em BA^a (uma repetição) e em BCCE^b (duas repetições), médias estimadas através das metodologias de ER^c e AMMI e as médias estimadas pela análise AMMI para os 12 ambientes em 1999

1999		Modelos						
ANHEMBI		Médias		ER		AMMI		AMMI 12
		BAa	BCCE ^b	BA	BCCE	BA	BCCE	AMB ^d
Médias	BA	1	0,72	0,51	0,51	0,46	0,49	0,48
	BCCE	0,0001	1	0,49	0,75	0,72	0,50	0,62
Eberhart	BA	0,0001	0,0001	1	0,61	0,58	0,45	0,48
Russell	BCCE	0,0001	0,0001	0,0001	1	0,78	0,69	0,65
AMMI	BA	0,0003	0,0001	0,0001	0,0001	1	0,68	0,70
	BCCE	0,0001	0,0001	0,0005	0,0001	0,0001	1	0,78
AMMI 12 AMB		0,0002	0,0001	0,0002	0,0001	0,0001	0,0001	1

1999		Modelos						
AREÃO		Médias		ER		AMMI		AMMI 12
		BA	BCCE	BA	BCCE	BA	BCCE	AMB
Médias	BA	1	0,78	0,38	0,45	0,48	0,29	0,29
	BCCE	0,0001	1	0,46	0,72	0,64	0,47	0,56
Eberhart	BA	0,0034	0,0003	1	0,68	0,70	0,49	0,46
Russell	BCCE	0,0005	0,0001	0,0001	1	0,73	0,61	0,60
AMMI	BA	0,0001	0,0001	0,0001	0,0001	1	0,74	0,76
	BCCE	0,0304	0,0002	0,0001	0,0001	0,0001	1	0,87
AMMI 12 AMB		0,0267	0,0001	0,0003	0,0001	0,0001	0,0001	1

1999		Modelos						
ESALQ-1		Médias		ER		AMMI		AMMI 12
		BA	BCCE	BA	BCCE	BA	BCCE	AMB
Médias	BA	1	0,77	0,46	0,49	0,49	0,37	0,47
	BCCE	0,0001	1	0,50	0,62	0,63	0,51	0,54
Eberhart	BA	0,0004	0,0001	1	0,74	0,63	0,43	0,41
Russell	BCCE	0,0001	0,0001	0,0001	1	0,77	0,62	0,64
AMMI	BA	0,0001	0,0001	0,0001	0,0001	1	0,68	0,81
	BCCE	0,0045	0,0001	0,0009	0,0001	0,0001	1	0,81
AMMI 12 AMB		0,0003	0,0001	0,0017	0,0001	0,0001	0,0001	1

1999		Modelos						
ESALQ-2		Médias		ER		AMMI		AMMI 12
		BA	BCCE	BA	BCCE	BA	BCCE	AMB
Médias	BA	1	0,89	0,83	0,75	0,66	0,56	0,72
	BCCE	0,0001	1	0,78	0,77	0,64	0,55	0,72
Eberhart	BA	0,0001	0,0001	1	0,92	0,79	0,68	0,79
Russell	BCCE	0,0001	0,0001	0,0001	1	0,78	0,78	0,84
AMMI	BA	0,0001	0,0001	0,0001	0,0001	1	0,90	0,86
	BCCE	0,0001	0,0001	0,0001	0,0001	0,0001	1	0,87
AMMI 12 AMB		0,0001	0,0001	0,0001	0,0001	0,0001	0,0001	1

^a: Blocos aumentados

^b: Blocos subdivididos em conjuntos experimentais

^c: Metodologia de Eberhart e Russell (1966)

^d: Ambientes

Tabela 55. Correlações de Spearman (acima da diagonal) e os respectivos níveis de significância (abaixo da diagonal) entre as médias dos experimentos em BA^a (uma repetição) e em BCCE^b (duas repetições), médias estimadas através das metodologias de ER^c e AMMI e as médias estimadas pela análise AMMI para os 12 ambientes em 2000

2000		Modelos						
ANHEMBI		Médias		ER		AMMI		AMMI 12
		BAa	BCCE ^b	BA	BCCE	BA	BCCE	AMB ^d
Médias	BA	1	0,90	0,67	0,75	0,75	0,68	0,58
	BCCE	0,0001	1	0,59	0,78	0,72	0,69	0,68
Eberhart	BA	0,0001	0,0001	1	0,70	0,67	0,72	0,70
Russell	BCCE	0,0001	0,0001	0,0001	1	0,79	0,84	0,78
AMMI	BA	0,0001	0,0001	0,0001	0,0001	1	0,79	0,67
	BCCE	0,0001	0,0001	0,0001	0,0001	0,0001	1	0,70
AMMI 12 AMB		0,0001	0,0001	0,0001	0,0001	0,0001	0,0001	1

2000		Modelos						
AREÃO		Médias		ER		AMMI		AMMI 12
		BA	BCCE	BA	BCCE	BA	BCCE	AMB
Médias	BA	1	0,78	0,47	0,60	0,66	0,43	0,54
	BCCE	0,0001	1	0,43	0,48	0,56	0,47	0,53
Eberhart	BA	0,0007	0,0007	1	0,75	0,63	0,68	0,71
Russell	BCCE	0,0001	0,0001	0,0001	1	0,61	0,72	0,70
AMMI	BA	0,0001	0,0001	0,0001	0,0001	1	0,71	0,78
	BCCE	0,0009	0,0002	0,0001	0,0001	0,0001	1	0,77
AMMI 12 AMB		0,0001	0,0001	0,0001	0,0001	0,0001	0,0001	1

2000		Modelos						
ESALQ-1		Médias		ER		AMMI		AMMI 12
		BA	BCCE	BA	BCCE	BA	BCCE	AMB
Médias	BA	1	0,82	0,56	0,63	0,62	0,64	0,57
	BCCE	0,0001	1	0,52	0,80	0,51	0,74	0,63
Eberhart	BA	0,0001	0,0001	1	0,67	0,49	0,61	0,72
Russell	BCCE	0,0001	0,0001	0,0001	1	0,59	0,91	0,77
AMMI	BA	0,0001	0,0001	0,0001	0,0001	1	0,65	0,57
	BCCE	0,0001	0,0001	0,0001	0,0001	0,0001	1	0,71
AMMI 12 AMB		0,0001	0,0001	0,0001	0,0001	0,0001	0,0001	1

2000		Modelos						
ESALQ-1		Médias		ER		AMMI		AMMI 12
		BA	BCCE	BA	BCCE	BA	BCCE	AMB
Médias	BA	1	0,67	0,68	0,81	0,71	0,65	0,55
	BCCE	0,0001	1	0,91	0,70	0,60	0,75	0,73
Eberhart	BA	0,0001	0,0001	1	0,72	0,62	0,71	0,74
Russell	BCCE	0,0001	0,0001	0,0001	1	0,80	0,73	0,65
AMMI	BA	0,0001	0,0001	0,0001	0,0001	1	0,85	0,78
	BCCE	0,0001	0,0001	0,0001	0,0001	0,0001	1	0,82
AMMI 12 AMB		0,0001	0,0001	0,0001	0,0001	0,0001	0,0001	1

^a: Blocos aumentados

^b: Blocos subdivididos em conjuntos experimentais

^c: Metodologia de Eberhart e Russell (1966).

^d: Ambientes

Tabela 56. Médias das correlações de Spearman (acima da diagonal) e médias dos respectivos níveis de significância (abaixo da diagonal) entre as médias dos experimentos em BA^a (uma repetição) e em BCCE^b (duas repetições), médias estimadas através das metodologias de ER^c e AMMI, e médias estimadas pela análise AMMI para os 12 ambientes nos anos de 1998, 1999 e 2000

1998		Modelos						
Médias de 4 locais / épocas		Médias		ER		AMMI		AMMI 12
		BAa	BCCE ^b	BA	BCCE	BA	BCCE	AMB ^d
Médias	BA	1	0,77	0,71	0,62	0,67	0,39	0,57
	BCCE	0,0001	1	0,67	0,75	0,71	0,49	0,66
Eberhart	BA	0,0001	0,0001	1	0,85	0,85	0,53	0,71
Russell	BCCE	0,0001	0,0001	0,0001	1	0,78	0,63	0,67
AMMI	BA	0,0001	0,0001	0,0001	0,0001	1	0,62	0,72
	BCCE	0,0723	0,0133	0,0063	0,0008	0,0005	1	0,64
AMMI 12 AMB		0,0001	0,0001	0,0001	0,0001	0,0001	0,0001	1

1999		Modelos						
Médias de 4 locais / épocas		Médias		ER		AMMI		AMMI 12
		BA	BCCE	BA	BCCE	BA	BCCE	AMB
Médias	BA	1	0,79	0,55	0,55	0,52	0,43	0,49
	BCCE	0,0001	1	0,56	0,71	0,66	0,51	0,61
Eberhart	BA	0,0001	0,0002	1	0,74	0,68	0,51	0,54
Russell	BCCE	0,0002	0,0001	0,0001	1	0,77	0,68	0,69
AMMI	BA	0,0002	0,0001	0,0001	0,0001	1	0,75	0,78
	BCCE	0,0088	0,0001	0,0004	0,0001	0,0001	1	0,83
AMMI 12 AMB		0,0068	0,0001	0,0006	0,0001	0,0001	0,0001	1

2000		Modelos						
Médias de 4 locais / épocas		Médias		ER		AMMI		AMMI 12
		BA	BCCE	BA	BCCE	BA	BCCE	AMB
Médias	BA	1	0,79	0,59	0,70	0,69	0,60	0,56
	BCCE	0,0001	1	0,61	0,69	0,60	0,66	0,65
Eberhart	BA	0,0003	0,0003	1	0,71	0,60	0,68	0,72
Russell	BCCE	0,0001	0,0001	0,0001	1	0,70	0,80	0,72
AMMI	BA	0,0001	0,0001	0,0001	0,0001	1	0,75	0,70
	BCCE	0,0003	0,0001	0,0001	0,0001	0,0001	1	0,75
AMMI 12 AMB		0,0001	0,0001	0,0001	0,0001	0,0001	0,0001	1

^a: Blocos aumentados

^b: Blocos subdivididos em conjuntos experimentais

^c: Metodologia de Eberhart e Russell (1966)

^d: Ambientes

Tabela 57. Médias das correlações de Spearman (acima da diagonal) e médias dos os respectivos níveis de significância (abaixo da diagonal) entre as médias dos experimentos em BA^a, (uma repetição) e em BCCE^b (duas repetições), médias estimadas através das metodologias de ER^c e AMMI e as médias estimadas pela análise AMMI para os 12 ambientes

Médias de 3 anos		Modelos						
		Médias		ER		AMMI		AMMI 12 AMB ^d
		BA ^a	BCCE ^b	BA	BCCE	BA	BCCE	
Médias	BA	1	0,78	0,62	0,62	0,63	0,47	0,54
	BCCE	0,0001	1	0,61	0,72	0,66	0,55	0,64
Eberhart	BA	0,0005	0,0002	1	0,77	0,71	0,57	0,65
Russell	BCCE	0,0001	0,0001	0,0001	1	0,75	0,70	0,69
AMMI	BA	0,0001	0,0001	0,0001	0,0001	1	0,71	0,73
	BCCE	0,0271	0,0045	0,0023	0,0003	0,0002	1	0,74
AMMI 12 AMB		0,0023	0,0001	0,0003	0,0001	0,0001	0,0001	1

^a: Blocos aumentados

^b: Blocos subdivididos em conjuntos experimentais

^c: Metodologia de Eberhart e Russell (1966)

^d: Ambientes

Figura 1 - Biplot de médias e IPCA 1 para AMMI 1 dos experimentos em blocos aumentados em 1998, para as 72 linhagens, quatro testemunhas e quatro locais / épocas de cultivo. Abreviações: ANH: Anhembi, ARE: Areão, ESA1: ESALQ-1, ESA2: ESALQ-2, FOSCA: IAC Foscari-31, IAC-C: IAC-100, PRIMA: Primavera

Figura 2 - Biplot de médias e IPCA 1 para AMMI 1 dos experimentos em blocos casualizados subdivididos em conjuntos experimentais em 1998, para as 72 linhagens, quatro testemunhas e quatro locais / épocas de cultivo. Abreviações: ANH: Anhembi, ARE: Areão, ESA1: ESALQ-1, ESA2: ESALQ-2, FOSCA: IAC Foscari-31, IAC-C: IAC-100, PRIMA: Primavera

Figura 3 - Biplot de médias e IPCA 1 AMMI 1 dos experimentos em blocos aumentados em 2000, para as 72 linhagens, quatro testemunhas e quatro locais / épocas de cultivo. Abreviações: ANH: Anhembí, ARE: Areão, ESA1: ESALQ-1, ESA2: ESALQ-2, FOSCA: IAC Foscari-31, IAC-C: IAC-100, PRIMA: Primavera

Figura 4 - Biplot de IPCA 1 e IPCA 2 para AMMI 1 dos experimentos em blocos aumentados em 2000, para as 72 linhagens, quatro testemunhas e quatro locais / épocas de cultivo. Abreviações: ANH: Anhembí, ARE: Areão, ESA1: ESALQ-1, ESA2: ESALQ-2, FOSCA: IAC Foscari-31, IAC-C: IAC-100, PRIMA: Primavera

Figura 5 - Biplot das médias e IPCA 1 para AMMI dos 12 ambientes, para as 72 linhagens, quatro testemunhas e quatro locais / épocas de cultivo. Abreviações: ANH: Anhembi, ARE: Areão, ESA1: ESALQ-1, ESA2: ESALQ-2, FOSCA: IAC Foscarin-31, IAC-C: IAC-100, PRIMA: Primavera

Figura 6 - Biplot de IPCA1 e IPCA 2 para AMMI dos 12 ambientes, para as 72 linhagens, quatro testemunhas e quatro locais / épocas de cultivo. Abreviações: ANH: Anhembi, ARE: Areão, ESA1: ESALQ-1, ESA2: ESALQ-2, FOSCA: IAC Foscarin-31, IAC-C: IAC-100, PRIMA: Primavera

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- ABAMU, F. J.; ALLURI, K. AMMI analysis of a rainfed lowland rice (*Oryza sativa*) trials in Nigeria. **Plant Breeding**. v.117, p.359-397. 1998.
- ANNICCHIARICO, P. Additive main effects and multiplicative interaction (AMMI) analysis of genotype-location interaction in variety trials repeated over years. **Theoretical and Applied Genetics**, v.94, p.1072-1077. 1997.
- BECKER, R. Oleoquímica – óleos e gorduras: matérias primas do futuro. In: SEMINÁRIO INTERNACIONAL DE TRANSFERÊNCIA DE TECNOLOGIA, 3, Salvador, 1996. **Novos rumos da agroindústria**. Salvador: SEBRAE/Instituto Euvaldo Lodi, 1996. p.27-31.
- BOS, I. The optimum number of replications when testing lines or families on a fixed number of plots. **Euphytica**, v.32, p.311-318. 1983.
- CARVALHO, L.R. Blocos casualizados com tratamentos comuns: uma aplicação ao melhoramento genético de soja. Piracicaba, 1991. 82p. Dissertação (Mestrado) – Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Universidade de São Paulo.
- CHAVES, L.J. Interação de genótipos com ambientes. In: NASS, L.L.; VALOIS, A.C.C.; MELO, I.S.; VALADARES-INGLIS, M.C. (Ed.) **Recursos genéticos e melhoramento**: plantas. Rondonópolis: Fundação MT, 2001. 1183 p.

- CORNELIUS, P. L.; CROSSA, J. Prediction assessment of shrinkage estimators of multiplicative models for multi-environment cultivar trials. **Crop Science**, v.39, p. 998-1009. 1999.
- CORNELIUS, P.L.; CROSSA, J.; SEYEDSADR, M.S. Statistical tests and estimators of multiplicative models for genotype-by-environment interaction. In: KANG, M. S.; GAUCH Jr, H. G. (Ed.) **Genotype-by-environment interaction**. Boca Raton: CRC Press, 1996, p.85-122.
- CROSSA, J.; FOX, P.N.; PFEIFFER, W.H.; RAJARAM, S.; GAUCH, H.G. AMMI adjustment for statistical analysis of an international wheat yield trial. **Theoretical and Applied Genetics**. v. 81, n. 1, p. 27-37, 1991.
- CRUZ, C.D.; REGAZZI, A.J. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. Viçosa: UFV, 1994. 390 p
- DAGNELIE, P. The planning of experiments: towards a reasonable balance between treatment design and experimental design. In: REUNIÃO ANUAL DA RBRAS, 46.; SEAGRO 9., Piracicaba, 2001. **Anais e Resumos**. Piracicaba: ESQ/USP, 2001. p.10.
- DELANNAY, X.; RODGERS, D.M.; PALMER, R.G. Relative genetic contributions among ancestral lines to North American soybean cultivars. **Crop Science**, v.22, p.631-637. 1993.
- DUARTE, J.B. Sobre o emprego e a análise estatística do delineamento em blocos aumentados no melhoramento genético vegetal. Piracicaba, 2000. 293p. Tese (Doutorado), Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Universidade de São Paulo.
- DUARTE, J.B.; VENCOSKY, R. **Interação genótipos x ambientes: uma introdução à análise AMMI**. Ribeirão Preto: Sociedade Brasileira de Genética, 1999. 60p. (Série Monografias, 9).

EBERHART, S.A.; RUSSELL, W.L. Stability parameters for comparing varieties. **Crop Science**. v.6, p.36–40. 1966.

FEDERER, W.T. Augmented designs. **Biometrics**, v.14, p.134, 1958 /Abstract 469/.

FEDERER, W.T. Augmented designs with one-way elimination of heterogeneity. **Biometrics**, v.17, p. 447-473. 1961a.

FEDERER, W.T. Augmented designs with two- three and higher-way elimination of heterogeneity. **Biometrics**, v.17, p. 166. 1961b.

FEDERER, W.T. Recovery of interblock, intergradient, and intervaltial information in incomplete block and lattice rectangle designs experiments. **Biometrics**, v.54, p. 471-481. 1998.

FEDERER, W.T.; RAGHAVARAO, D. On augmented designs. **Biometrics**, v.31, p. 29-35. 1975.

FEDERER, W.T.; NAIR, R.C.; RAGHAVARAO, D. Some augmented row-column designs. **Biometrics**, v.31, p. 36-374. 1975.

FOX, P.N.; CROSSA, J.; ROMAGOSA, I. Multi-environment testing and genotype x environment interaction. In: KEMPTON, R.A.; FOX, P.N. (Ed) **Statistical methods for plant variety evaluation**. New York: Chapman e Hall, 1997. cap.8, p. 117-138.

GABRIEL, K. R. The biplot graphic display of matrices with application to principal component analysis. **Biometrika**, v.58, p. 453-467. 1971.

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

- GAUCH Jr, H.G. **Statistical Analysis of regional yield trials**: AMMI analysis of factorial designs. Amsterdam : Elsevier, 1992. cap.1, p. 1-14.
- GAUCH Jr, H.G.; FURNAS, R.E. Statistical analysis of yield trials with MATMODEL. **Agronomy Journal**, v.83, p. 916-920. 1991.
- GAUCH Jr, H.G.; ZOBEL, R.W. AMMI analysis of yield trials. In: KANG, M.S.; GAUCH Jr, H.G. (Ed.) **Genotype-by-environment interaction**. Boca Raton: CRC Press, 1996. cap.4, p. 85-122.
- HIROMOTO, D.M. Seleção de genótipos de soja para resistência a *Heterodera glycines* Ichinohe e *Diaporthe phaseolorum* f.sp. *meridionalis* Morgan-Jones. Piracicaba, 1996. 84p. Tese (Doutorado) – Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Universidade de São Paulo.
- HIROMOTO, D.M.; VELLO, N.A. The genetic base of Brazilian soybean (*Glycine max* (L.) Merrill) cultivars. **Revista Brasileira de Genética**, v.9, n.2, p. 395-406, 1986.
- INSTITUTO BRASILEIRO DE GEOGRAFIA E ESTATÍSTICA. Levantamento Sistemático da produção Agrícola, 2004. Soja. <<http://www.ibge.gov.br>>. (30 jan. 2004).
- JOHNSON, D.E. An introduction to multiplicative interaction models sometimes called AMMI models. In: REUNIÃO ANUAL DA RBRAS, 46.; SEAGRO 9., Piracicaba, 2001. **Anais e Resumos**. Piracicaba: ESALQ/USP, 2001. p.9.
- KEMPTON, R.A. The use of biplots in interpreting variety by environment interactions. **Journal of Agricultural Science**, v.103, p. 123-135. 1984.
- KEMPTON, R.A.; GLEESON, A.C. Unreplicated trials. In: KEMPTON, R.A.; FOX, P.N. (Ed) **Statistical methods for plant variety evaluation**. London: Chapman & Hall, 1997. cap.6, p. 86-100.

- KIIHL, R. A. S.; BOYS, I. A.; ALMEIDA, L. A. Soybean breeding for the Brazilian tropics. In: SOYBEAN IN THE TROPICAL AND SUBTROPICAL CROPPING SYSTEMS., Tsukuba, 1983. **Proceedings of a symposium.** Shanhuan: The Asian Vegetable Research and Development Center, 1986. p.141-144.
- LAVORANTI, J.O.; DIAS, J.T. dos S.; VENCOVSKY, R. Estudo da adaptabilidade e estabilidade genética de progênies de *Eucalyptus grandis*, através da metodologia AMMI. In: REUNIÃO ANUAL DA RBRAS, 46. ; SEAGRO 9., Piracicaba, 2001. **Anais e Resumos.** Piracicaba: ESALQ/USP, 2001. p. 118-121.
- LIN, C.S.; POUSHINSKY, G. A modified augmented design for an early stage of plant selection involving a large number of test lines without replication. **Biometrics**, v.39, p. 553-561, 1983.
- LIN, C.S.; POUSHINSKY, G. A modified augmented design (type 2) for retangular plots. **Canadian Journal of Plant Science**, v.65, p. 743-749, 1985.
- LIN, C.S.; VOLDENG, H.D. Efficiency of type 2 modified augmented designs in soybean variety trials. **Agronomy Journal**, v.81, p. 512-517, 1989.
- MASCARENHAS, H.A.A.; MIRANDA, M.A.C. de, TANAKA, R.T.; FALIVENE, S.M.P.; DECHEN, A.R. Comportamento de cultivares precoces de soja em solução nutritiva contendo diferentes níveis de manganês. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**. V.25, p.609-615, 1990.
- MAY, K.W.; KOZUB, G.C. Success of a selection program for increasing grain yield of two-row lines and evaluation of the modified augmented design (type 2). **Canadian Journal of Plant Science**, v.75, p. 795-799, 1995.

MAY, K.W.; KOZUB, G.C.; SCHAALE, G.B. Field evaluation of a modified augmented design (type 2) for screening barley lines. **Canadian Journal of Plant Science**, v.69, p. 9-15, 1989.

MEAD, R. Design of plant breeding trials. In: KEMPTON, R.A.; FOX, P.N. (Ed.) **Statistical methods for plant variety evaluation**. London: Chapman & Hall, 1997. Cap.4, p. 40-67.

MIRANDA, F.T.S. Interação genótipos x ambientes em linhagens de soja selecionadas para resistência ao nematóide de cisto. Piracicaba, 1999. 141p. Dissertação (Mestrado) – Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Universidade de São Paulo.

MIRANDA, F.T.S. de; ROCHA, M.M.; VELLO, N.A. MARIANO, J.R. Avaliação da metodologia AMMI como ferramenta na seleção de linhagens estáveis e produtivas. In: CONGRESSO BRASILEIRO DE SOJA 2., Foz do Iguaçu, 2002. **Anais**. Foz do Iguaçu: Embrapa Soja, 2002. p.161.

MIRANDA, M.A.C.; BRAGA, N.R.; LOURENÇÃO, A.L.; MIRANDA, F.T.S.; UNÊDA, S.E.; ITO, M.F. Descrição, produtividade e estabilidade da cultivar IAC-23, resistente a insetos. **Bragantia**, v.62, n.1, p.19-27, 2003a.

MIRANDA, M.A.C.; BRAGA, N.R.; LOURENÇÃO, A.L.; MIRANDA, F.T.S.; UNÊDA, S.E.; ITO, M.F. Descrição, produtividade e estabilidade da cultivar IAC-24, resistente a insetos. **Bragantia**, v.62, n.1, p.29-37, 2003b.

PIMENTEL GOMES, F.P. **Curso de Estatística Experimental**. 13 ed. Piracicaba, 1990. 467p.

ROCHA, M.M. Interação genótipos x locais em linhagens experimentais de soja com diferentes ciclos de maturação. Piracicaba, 1998. 98 p. Dissertação (Mestrado) – Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Universidade de São Paulo.

- ROCHA, M.M. Seleção de linhagens experimentais de soja para adaptabilidade e estabilidade fenotípica. Piracicaba, 2002. 173p. Tese (Doutorado) – Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Universidade de São Paulo.
- ROSSETO, C.J.; TISSELI FILHO, O.; RAZERA, L.F.; GALLO, P.B.; PEDRO JR.; M.J.; CAMARGO M.B.P. DE; IGUE, T.; J.P.F. Integration of resistant cultivar and date of planting for cultivation of soybean with reduced use of insecticides. In: WORLD SOYBEAN RESEARCH CONFERENCE, 4., Buenos Aires, 1989. **Proceedings**. Buenos Aires: SRL, 1989. p.1582-1587.
- SCHNEIDER, J.H.M.; VAN DER BOOGERT, P.H.J.F.; ZADOKS, J.C. Exploring differential interactions between *Rhizoctonia solani* AG 2-t isolates and tulip cultivars. **Plant Disease**, v.83, n.5, p. 474-481, 1999.
- SCOTT, R.A.; MILLIKEN, G.A. A SAS program for analyzing augmented randomized complete-block designs. **Crop Science**, v.33, p. 865-867, 1993.
- SOUSA, E.A. de. Alternativas experimentais na avaliação de progênies em programas de melhoramento genético vegetal. Piracicaba, 1997. 122p. Tese (Doutorado) – Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Universidade de São Paulo.
- STELL, R.G.D.; TORRIE, J.H. 1960. **Principles and Procedures of Statistics**. New York: McGraw Hill Book Company, pp. 481.
- TAI, G.C.C. Genotypic stability analysis and its application to potato regional trials. **Crop Science**, v. 11, p. 184 – 190, 1971.
- TAI, G.C.C. Cannonical variate analysis of genotype x environment interactions. **Canadian Journal of Plant Science**, v.79, p. 427-431, 1999.

- TALBOT, M. Resources allocation for selection systems. In: KEMPTON, R. A.; FOX, P. N. (Ed) **Statistical methods for plant variety evaluation**. London: Chapman & Hall, 1997. cap.10, p. 162-174.
- UNÊDA-TREVISOLI, S. H. Estabilidade fenotípica e potencialidade de progênies obtidas por cruzamentos óctuplos em soja. Piracicaba, 1999. 228 p. Tese (Doutorado) – Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Universidade de São Paulo.
- VELLO, N.A. Efeitos da introdução de germoplasma exótico sobre a produtividade e relações com a base genética das cultivares de soja. Piracicaba, 1985. 91p. Tese (Livre Docência) – Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Universidade de São Paulo.
- VELLO, N.A.; FEHR, W.R.; BAHRENFUS, J.B. Genetic variability and agronomic performance of soybean populations developed from plant introductions. **Crop Science**, v.24, n.3, p. 511-522. 1984.
- VELLO, N.A.; HIROMOTO, D.M.; YORINORI, J.T.; FERREIRA, B.M.; BOOTAN, A.J.; KIIHL, R.A.S.; USP 01 a USP 11: novas linhagens de soja resistentes ao nematóide de cisto, cancro da haste, mancha olho-de-rã. **Revista Brasileira de Genética**, v.17, p.262.1994. Suplemento. /Apresentado ao 40. Congresso Brasileiro de Genética, Caxambu, 1994 - Resumo
- VOLTAS, J. VAN EEUWIJK, F.A.; SOMBRERO, A.; LAFARGA, A; IGARTUA, E.; ROMAGOSA, I. Integrating statistical and ecophysiological analyses of genotype by environment interaction for grain filling of barley I. individual grain weight. **Field Crops Research**, v.62, p. 63-74. 1999.
- WHITEHEAD, W.F.; ALLEN, F.L. High-vs. low-stress yield test environments for selection superior soybeans lines. **Crop Science**, v.30, p. 912-918, 1990.

- WILLERS, J.L.; WAGNER, T.L.; SEQUEIRA, R.A.; THESEIRA, G.W.; BOYKIN, D. L. Analysis of deterministic simulation models using methods applicable to two-way treatment structures without replication. **Agronomy Journal**, v.87, p. 478-492, 1995.
- WOLFINGER, R.D.; FEDERER, W.T.; CORDERO-BRANA, O. Recovering information in augmented designs using SAS PROC GLM and PROC MIXED. **Agronomy Journal**, v.89, p. 856-859. 1997.
- YAN, W.; HUNT, L. A. Biplot analysis of diallel data. **Crop Science**, v.42, p.21-30, 2002.
- YAU, S. K. Regression and AMMI analyses of genotype x environment interactions: an empirical comparison. **Agronomy Journal**, v.87, p. 121-126, 1995.
- YORINORI, J.T. **Cancro da haste da soja: epidemiologia e controle**. Londrina: Embrapa-Soja, 1996. 75p. (Embrapa Soja. Circular Técnica, 14).
- ZOBEL, R.W.; WRIGHT, M.J.; GAUCH Jr, H.G. Statistical analysis of a yield trial. **Agronomy Journal**, v.80, p. 388-393, 1988.