

AMMI & GGE BILOT: UMA ANÁLISE COMPARATIVA DA AVALIAÇÃO DE LOCAIS DE TESTE DE GENÓTIPOS DE ARROZ

Rodrigo Gomes Branquinho¹; Alexandre Bryan Heinemann²; Adriano Pereira de Castro³; José Manoel Colombari Filho³; João Batista Duarte⁴; Patrícia Guimarães Santos Melo⁴; Odilon Peixoto de Moraes Júnior⁵; Paulo Henrique Ramos Guimarães⁵

Palavras-chave: Interação GxE, Ensaios de VCU, Oryza sativa.

INTRODUÇÃO

Ensaios de Valor de Cultivo e Uso (VCU) são de grande importância no melhoramento de plantas. A análise desses experimentos é comumente realizada utilizando-se diversas ferramentas estatísticas. Entre estas, nos últimos anos tem ganhado aplicação crescente análises como AMMI (*Additive Main effects and Multiplicative Interaction*) e GGE *biplot* (*Genotype main effects and Genotype x Environment interaction effects*) (Gauch et al., 2008). O método GGE *biplot* tem ampla aceitação, e seu uso, crescido vertiginosamente em análises de experimentos duplo fatoriais. Entretanto, seu mérito tem sido questionado, e comparações com a análise AMMI tem sido alvo de alguns estudos e reiteradas revisões na literatura (Gauch, 2006; Yan et al., 2007; Gauch et al., 2008). O modelo AMMI₁, com apenas um componente principal da interação “genótipos x ambientes” (GE), normalmente tem sido priorizado na família de modelos AMMI (AMMI₁, AMMI₂, ..., AMMI_F). Por sua vez, o *biplot* GGE é quase sempre representado em duas dimensões (CP₁ e CP₂). Os gráficos AMMI₁ e GGE₂ são essencialmente semelhantes, podendo oferecer resultados coerentes se a correlação entre suas abscissas (médias AMMI₁ e escores GGE do primeiro componente principal, CP₁) for aproximadamente perfeita ($r > 0,95$). Entretanto, esta condição somente é atendida em casos específicos, quando os componentes principais da análise GGE não são substancialmente compartilhados por efeitos genotípicos (G) e de interação (GE), o que deve ocorrer quando cerca de 40% da soma de quadrados GGE estiver associada à fonte de variação G (Gauch, 2006). A identificação de locais efetivos na avaliação de cultivares, isto é, com maior poder de discriminação dos genótipos e maior representatividade da população de locais de teste, é um importante componente da análise de ensaios de VCU. No método GGE *biplot* esta avaliação é feita comparando-se os locais da rede experimental com um local hipotético ideal. Essa importante propriedade não tem sido explorada em análises envolvendo o método AMMI (Yan et al., 2007). Contudo, existem procedimentos capazes de fazer semelhante avaliação. Pacheco et al. (2005) propuseram a abordagem do “local suplementar”, procedimento adaptado para uso em análises AMMI, e que possui semelhanças conceituais com o local ideal utilizado no método GGE *biplot*. Neste trabalho, locais de testes pertencentes a uma rede de ensaios de VCU foram avaliados quanto à representatividade e poder de discriminação de genótipos via abordagens AMMI e GGE *biplot*. Teve como objetivo comparar resultados obtidos a partir de ambas as metodologias, buscando-se identificar possíveis discordâncias entre os métodos, bem como as possíveis causas de discordância. Os resultados obtidos são relativos a ensaios de VCU de arroz de terras altas, mas demonstra o potencial dos referidos métodos também na avaliação de locais de teste de arroz cultivado no sistema irrigado.

¹ Engenheiro Agrônomo, pós-graduando em Genética e Melhoramento de Plantas. Universidade Federal de Goiás. Goiânia-GO, rodrigogobr@bol.com.br.

² Engenheiro Agrônomo, Doutor em Irrigação e Drenagem. Embrapa Arroz e Feijão.

³ Engenheiro Agrônomo, Doutor em Genética e Melhoramento de Plantas. Embrapa Arroz e Feijão.

⁴ Engenheiro (a) Agrônomo (a), Doutor (a) em Genética e Melhoramento de Plantas. Universidade Federal de Goiás.

⁵ Engenheiro Agrônomo, pós-graduando em Genética e Melhoramento de Plantas. Universidade Federal de Goiás.

MATERIAL E MÉTODOS

A base de dados utilizada no estudo é proveniente de ensaios de Valor de Cultivo e Uso (VCU), conduzidos pela Embrapa Arroz e Feijão. Foram utilizados dados de produtividade de grãos (kg/ha) de dezesseis genótipos de arroz de terras altas, avaliados em dezoito localidades, na safra 2009/2010.

Os experimentos foram delineados em blocos completos casualizados, com quatro repetições. Na rede de ensaios, os tratamentos foram delineados em esquema fatorial de classificação cruzada, envolvendo os fatores genótipos e locais de avaliação. Inicialmente, procederam-se análises individuais de variância, com estimação das médias de produtividade de cada genótipo em cada ambiente. Na sequência, estas médias foram submetidas à análise conjunta de variância, via modelos AMMI₁ e GGE₂. O primeiro, neste caso, descrito como: $Y_{ij} = \mu + g_i + a_j + \gamma_{i1}\lambda_1^i\lambda_1^{-j}\alpha_{j1} + \rho_{ij} + \varepsilon_{ij}$; em que: \bar{Y}_{ij} é a resposta média do genótipo i ($i=1, 2, \dots, 16$) no ambiente j ($j=1, 2, \dots, 18$); μ é uma constante (média geral dos experimentos); g_i é o efeito fixo do genótipo i ; a_j é o efeito fixo do ambiente j ; λ_1^i é o primeiro valor singular da matriz GE, sendo f o coeficiente de particionamento de λ entre os ponderadores de genótipos e de ambientes; γ_{i1} é o elemento correspondente ao i -ésimo genótipo no primeiro vetor singular-coluna dessa matriz; α_{j1} é o elemento associado ao j -ésimo ambiente no primeiro vetor singular-linha da matriz; ρ_{ij} é o ruído associado à interação GE; e ε_{ij} é o erro experimental médio, assumido i.i.d $-N(0, \sigma^2)$. Por sua vez, no modelo GGE₂, tem-se (Yan et al., 2000): $\bar{y}_{ij} - \bar{y}_i = \delta_1 v_{i1} \omega_{j1} + \delta_2 v_{i2} \omega_{j2} + \xi_{ij} + \bar{\varepsilon}_{ij}$. Além dos termos \bar{y}_{ij} e ε_{ij} já definidos, \bar{y}_i é a média do genótipo i , e os demais termos são relativos à decomposição singular da matriz GGE (com efeitos genotípicos G adicionados à matriz GE), isto é, δ_1 e δ_2 são seus dois primeiros valores singulares, aos quais estão associados vetores singulares com os respectivos elementos v_{i1} e v_{i2} do i -ésimo genótipo, e elementos ω_{j1} e ω_{j2} do j -ésimo ambiente; além do ruído do modelo, ξ_{ij} .

Conforme já informado, as representações gráficas GGE₂ e AMMI₁ podem ser equivalentes se os efeitos médios genotípicos, representados na abscissa do gráfico AMMI₁, forem perfeitamente correlacionados aos escores do primeiro componente principal (abscissa) do gráfico GGE₂. Se isto ocorrer, a variação genotípica fica confinada ao primeiro eixo principal (primeiro valor singular da matriz GGE), e a interação GE, aos demais eixos da análise. Portanto, serve de medida para o compartilhamento de componentes principais entre as fontes de variação G e GE. A referida correlação foi, então, estimada conforme a proposta de Gauch (2006).

Na análise GGE *biplo*t, os locais de avaliação foram comparados a um local ideal, hipotético, identificado em análise visual do gráfico de dispersão, conforme procedimento proposto por (Yan et al., 2000). Por sua vez, na análise com modelo AMMI₁, os locais de avaliação também foram comparados a um local hipotético no gráfico de dispersão, denominado "local suplementar" (Pacheco et al., 2005). Para tornar válida essa comparação, a ordenada deste gráfico foi expressa na mesma escala utilizada em sua abscissa (kg/ha). Isto foi feito empregando coeficiente de particionamento $f = 0$. Por fim, o ordenamento foi obtido pela análise visual dos gráficos de dispersão; locais com maior proximidade ao local hipotético foram considerados prioritários.

RESULTADOS E DISCUSSÃO

Os locais Santo Antônio de Goiás (11) e Santa Carmen (4) foram os que mais se aproximaram dos locais ideais preconizados nas duas análises (Figura 1). Em ambas, eles ocuparam respectivamente a primeira e a segunda posição, em termos dessa proximidade. Por outro lado, em grande parte a análise dos gráficos AMMI₁ e GGE₂ forneceu resultados

discordantes. Quinze dos dezoito locais de avaliação apresentaram mudanças de posição no ordenamento produzido (Figura 1c). Essa discordância se confirma também pelo coeficiente de correlação de postos (ρ de Spearman), que apesar de significativo ($p < 0,05$), foi apenas mediano ($\rho = 0,59$).

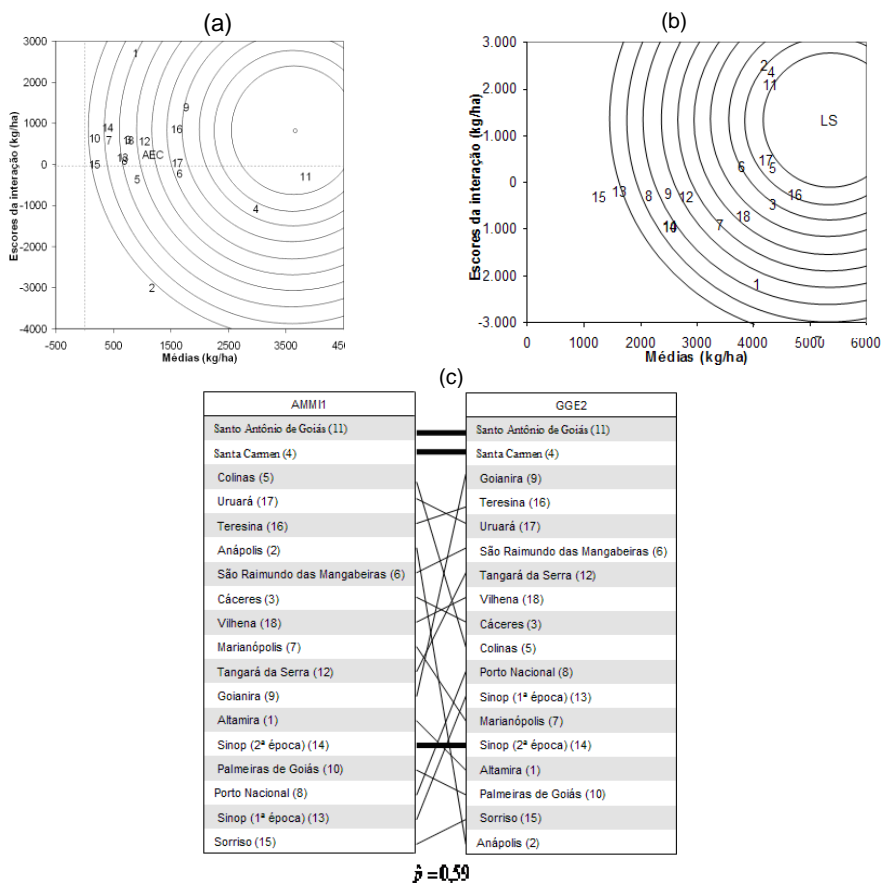


Figura 1. Gráficos de classificação dos locais de uma rede de ensaios de avaliação de cultivares de arroz de terras altas, via modelagens GGE *biplot* (a) e AMMI (b), utilizando-se como referência locais ideais teoricamente preconizados (ponto ao centro, em “a”, e LS, o local suplementar, em “b”), e a comparação dos respectivos ordenamentos (c).

Em análises como esta, os locais (E) respondem por grande parcela da variação nos tratamentos (combinação dos fatores genótipos e locais). Genótipos (G) e interação (GE) participam com proporções normalmente equivalentes, a exemplo do que reporta a literatura, E:G:GE \approx 70:10:20 (Gauch & Zobel, 1996). No presente estudo, a variação nos tratamentos foi decomposta nas seguintes proporções: 70:07:23 (E:G:GE). Portanto, os genótipos participaram com 23,3% da variação GGE, indicando baixa correlação entre as médias de ambientes e os escores ambientais no primeiro componente principal (CP₁) da análise GGE; o que se confirmou pelo respectivo coeficiente de correlação ($r = 0.518$).

Acrescenta-se a isto outra constatação importante: a análise da variação dos dados GGE demonstrou que o primeiro CP₁ foi substancialmente compartilhado pelas fontes de variação G e GE (62,4% e 37,5%, respectivamente) (Tabela 1). Este compartilhamento pode ser uma das causas pelas quais os gráficos AMMI₁ e GGE₂ forneceram diferentes ordenamentos dos locais de teste.

Tabela 1. Desdobramento das somas de quadrados relativas às fontes de variação G e GE, nos componentes principais (CP) da matriz GGE.

CP	Genótipos (G)		Interação GE		PSQ ²
	SQ	Part. ¹	SQ	Part.	
1	25671093	0,6242	15454123	0,3758	0,3184
2	936854	0,0406	22123727	0,9594	0,1785
⋮	⋮	⋮	⋮	⋮	⋮
15	5599	0,0357	151111	0,9643	0,0012
16	0	-	0	-	0

¹ Part.: contribuição relativa na soma de quadrados (SQ) de cada componente principal.

² PSQ: proporção da variação GGE explicada individualmente por componente principal.

CONCLUSÕES

A identificação dos locais mais efetivos na discriminação genotípica e com representatividade da população de ambientes foi concordante entre as abordagens AMMI e GGE *biplot*. Todavia, a correlação do ordenamento dos locais pelas duas análises foi apenas mediana, provavelmente em razão do compartilhamento das fontes de variação G e GE pelo primeiro componente principal da análise GGE.

Os locais Santo Antônio de Goiás e Santa Carmen mostraram-se prioritários na rede de ensaios de VCU de arroz de terras altas, tendo sido assim identificados pelas duas abordagens. Contudo, deve-se ressaltar que as análises efetuadas são relativas a apenas um ano de avaliação, e que análises em um período maior de anos (duas ou mais safras) são necessárias para obtenção de resultados mais consistentes.

REFERÊNCIAS

- GAUCH, H. G. Statistical analysis of yield trials by AMMI and GGE. **Crop Science**, Madison, v. 46, n. 4, p. 1488-1500, 2006.
- GAUCH, H. G., JR.; PIEPHO, H.-P.; ANNICCHIARICO, P. Statistical analysis of yield trials by AMMI and GGE: further considerations. **Crop Science**, Madison, v. 48, n. 3, p. 866-889, 2008.
- GAUCH, H. G.; ZOBEL, R. W. AMMI analysis of yield trials. In: KANG, M. S.; GAUCH, H. G. (Ed.). **Genotype by environment interaction**. Boca Raton: CRC Press, 1996. 85-122 p.
- PACHECO, R. M.; DUARTE, J. B.; VENCOSKY, R.; PINHEIRO, J. B.; OLIVEIRA, A. B. Use of supplementary genotypes in AMMI analysis. **Theoretical and Applied Genetics**, Stuttgart, v. 110, n. 5, p. 812-818, 2005.
- YAN, W.; HUNT, L.; SHENG, Q.; SZLAVNICS, Z. Cultivar evaluation and mega-environment investigation based on the GGE biplot. **Crop Science**, Madison, v. 40, n. 3, p. 597-605, 2000.
- YAN, W.; KANG, M. S.; MA, B.; WOODS, S.; CORNELIUS, P. L. GGE Biplot vs. AMMI Analysis of Genotype by Environment Data. **Crop Science**, v. 47, n. 2, p. 643-653, 2007.