



**UNIVERSIDADE ESTADUAL DA PARAÍBA
PRÓ-REITORIA DE PÓS-GRADUAÇÃO E PESQUISA
MESTRADO EM CIÊNCIAS AGRÁRIAS**

EMANUELA MARIA DA SILVA

**ESTRATIFICAÇÃO AMBIENTAL E ANÁLISE DA ADAPTABILIDADE DE
LINHAGENS ELITE DE ALGODÃO VIA MÉTODO FGGA.**

CAMPINA GRANDE – PB

2016

ESTRATIFICAÇÃO AMBIENTAL E ANÁLISE DA ADAPTABILIDADE DE LINHAGENS ELITE DE ALGODÃO VIA MÉTODO FGGA.

EMANUELA MARIA DA SILVA

Dissertação apresentada ao Programa de Pós-Graduação em Ciências Agrárias da Universidade Estadual da Paraíba / Embrapa Algodão, como parte das exigências para obtenção do título de Mestre em Ciências Agrárias / Área de Concentração: Biotecnologia e Melhoramento Vegetal.

Orientador: Prof. Dr. Diogo Gonçalves Neder

Coorientador: Dr. Francisco José Correia Farias

CAMPINA GRANDE – PB

2016

É expressamente proibida a comercialização deste documento, tanto na forma impressa como eletrônica. Sua reprodução total ou parcial é permitida exclusivamente para fins acadêmicos e científicos, desde que na reprodução figure a identificação do autor, título, instituição e ano da dissertação.

S586e Silva, Emanuela Maria da
Estratificação ambiental e análise da adaptabilidade de
linhagens elite de algodão via método FGGA. [manuscrito]
/ Emanuela Maria da Silva. - 2016.
47 p. : il. color.

Digitado.
Dissertação (Programa de Pós-Graduação em Ciências
Agrárias) - Universidade Estadual da Paraíba, Pró-Reitoria de Pós-
Graduação e Pesquisa, 2016.
"Orientação: Prof. Drº Diogo Gonçalves Neder, Pró-Reitoria
de Pós-Graduação e Pesquisa".

1. Genótipos de Algodão. 2. Método FGGE. 3. Interação
GxA. 4. Análise de Fatores I. Título.

21. ed. CDD 633.51

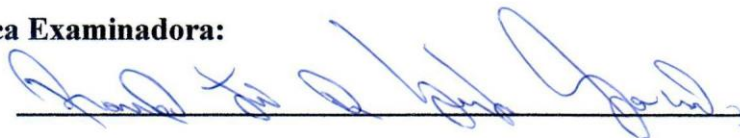
ESTRATIFICAÇÃO AMBIENTAL E ANÁLISE DA ADAPTABILIDADE E ESTABILIDADE DE LINHAGENS ELITE DE ALGODÃO VIA MÉTODO FGGA.

EMANUELA MARIA DA SILVA

Dissertação apresentada ao Programa de Pós-Graduação em Ciências Agrárias da Universidade Estadual da Paraíba / Embrapa Algodão, como parte das exigências para obtenção do título de Mestre em Ciências Agrárias / Área de Concentração: Biotecnologia e Melhoramento Vegetal.

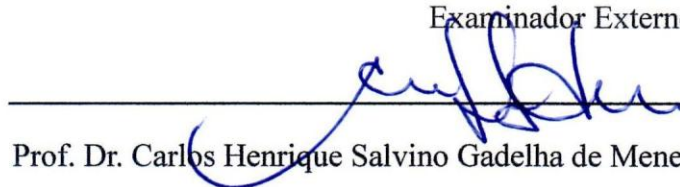
Apresentada em 15 de abril de 2016

Banca Examinadora:



Prof. Dr. Ranoel José de Sousa Gonçalves (Genética, Melhoramento Vegetal e Estatística) – UFCG

Examinador Externo



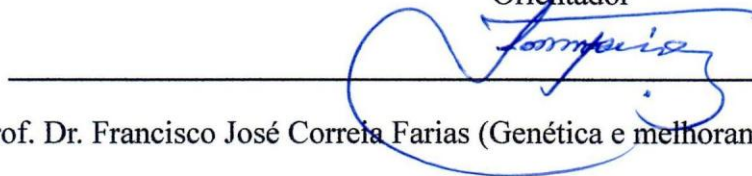
Prof. Dr. Carlos Henrique Salvino Gadelha de Meneses (Biotecnologia Vegetal) - UEPB

Examinador Interno



Prof. Dr. Diogo Gonçalves Neder (Genética e melhoramento de plantas) - UEPB

Orientador



Prof. Dr. Francisco José Correia Farias (Genética e melhoramento de plantas) – EMBRAPA

Co-orientador

Co-orientador

Ao meu bom Deus por tudo que tenho alcançado, sem ele nada sou!

Ofereço

Aos meus pais Antonio e Maria por todo esforço, dedicação. Por terem me instruindo nos caminhos onde deviria andar.

Aos meus amores Miriã e Esther.

Dedico

AGRADECIMENTO

Ao Senhor e Salvador da minha vida, Jesus Cristo! Meu melhor amigo, meu refúgio, minha fortaleza. Quem nunca permitiu que eu desistisse. E todos os dias, diz: Não temas, Eu estou contigo! - Obrigada meu Deus, por tudo!.

Ao meu marido Marcelino que sempre esteve ao meu lado, me apoiando e me dando força nos momentos mais difíceis!

À minha irmã Goreth por esta sempre me estimulando. Aos demais familiares que me apoiaram e me incentivaram nas horas difíceis!

Ao meu Orientador Prof. Dr. Diogo Gonçalves Neder, pela paciência e compreensão inesgotáveis, nesses dois anos, pelos constantes ensinamentos, pelo apoio nos momentos de dificuldades.

Ao professor Dr. Francisco José Correia de Farias pelas orientações concedidas e conhecimento compartilhado, pela disponibilização de dados para a realização dessa dissertação.

Ao Programa de Pós-Graduação em Ciências Agrárias pela oportunidade de realizar a obtenção do título de Mestre, e à Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES) pela concessão da bolsa de estudos.

À EMBRAPA Algodão pelo fornecimento de dados do seu programa de Melhoramento.

Aos professores do Programa de Pós-Graduação em Ciências Agrárias, pelos ensinamentos apreendidos, os quais seguirei ao longo de toda a minha vida.

Aos meus queridos amigos em especial Ruana e Adriano que sempre estiveram comigo.

À todos os demais meu muito obrigada!

LISTA DE TABELAS

Tabela 1	Relação e identificação dos genótipos de algodão utilizados para coleta de dados de produtividade (kg.ha ⁻¹) em oito localidades no estado do Mato Grosso, safra 2008/2009.....	27
Tabela 2	Coordenadas geográficas e altitudes dos Locais (Estado do Mato Grosso) de implantação dos ensaios do programa de melhoramento genético do algodão da Embrapa Algodão, safra 2008/2009.....	27
Tabela 3	Resumo do esquema das análises de variância individuais considerando todos os efeitos aleatórios.....	28
Tabela 4	Resumo do esquema da análise de variância conjunta considerando todos os efeitos aleatórios.....	28
Tabela 5	Representação da matriz dos efeitos da interação genótipos x ambientes (GxA).....	29
Tabela 6	Representação da matriz dos efeitos dos valores genotípicos somados aos efeitos da interação genótipos x ambientes (GxA).....	30
Tabela 7	Resumo das análises de variância para diferentes ambientes do Estado do Mato Grosso (Primavera do Leste – PVA, Pedra Preta – PET, Campo Verde – CV e Lucas do Rio Verde – LRV, Sapezal – SAP, Campo Novo dos Parecis – CNP, Novo Uiratã – NUB e Primavera do Leste 2 – PVA2).....	32
Tabela 8	Resumo da análise de variância conjunta para os diferentes ambientes do Estado do Mato Grosso.....	34
Tabela 9	Porcentagem da variância capturada (por eixo e acumulada) em cada fator, considerando de quatro a um, após a rotação e os agrupamentos obtidos em cada fator.....	36
Tabela 10	Estratificação ambiental por meio da análise de fatores, com 16 genótipos e 8 ambientes.....	38

LISTA DE FIGURAS

- Figura 1 Número de fatores a serem extraídos pelos métodos: coordenadas ideais, fator de aceleração, análise paralela e Kaiser-Guttman (autovalores > 1,0).....35
- Figura 2 Análise gráfica da adaptabilidade de 16 genótipos de algodão a partir dos escores obtidos da análise FGGA.....39

LISTA DE ABREVIATURAS

EMBRAPA	Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária
IAC	Instituto Agronômico de Campinas
AMMI	Additive Main Effects and Multiplicative Interaction Analysis
GGE	Genotype and Genotypes by Environment Interaction
FGGE	Annalise Factors Genotype and Genotypes by Environment Interaction
CNPA	Centro Nacional de Pesquisa de Algodão

RESUMO

SILVA, Emanuela Maria da. M. Sc., Universidade Estadual da Paraíba/Embrapa Algodão, Março, 2016. Estratificação ambiental e análise da adaptabilidade de linhagens elite de algodão via método FGGA. Diogo Gonçalves Neder. Francisco José Correia Farias.

O presente estudo foi realizado com o objetivo de avaliar os efeitos da interação genótipos x ambientes, estimar a adaptabilidade de genótipos de algodão e realizar o agrupamento dos ambientes, por meio do método FGGA (Análise de fatores associados aos efeitos da interação genótipos x ambientes e genotípicos). Foram utilizados dados obtidos junto ao programa de melhoramento genético da Embrapa algodão (CNPA), referentes a 16 genótipos de algodão, em 8 locais (ambientes) distribuídos no Mato Grosso. Foram realizadas análises de variância individual e conjunta, em seguida, as análises de adaptabilidade por meio do método FGGA. Em relação à proporção da captura da interação GxA nos dois primeiros eixos, o método usado permitiu explicar 70% da variação. A partir dos resultados, sugere-se a formação de dois mega-ambientes formados por A1, A4 e A8 e pelos ambientes A5 e A7. Os genótipos G2 (CNPA GO 2000 – 1167), G4 (FMT 701), G5 (FM 993) e G14 (CNPA MT 04 2080) apresentam adaptação ampla para os ambientes avaliados. Enquanto, a técnica FGGA demonstrou ser de fácil interpretação, facilitando a formação de Mega-ambientes e também a recomendação de genótipos com ampla adaptabilidade.

Palavras-Chave: Interação GxA, Análise Multivariada, Análise de fatores.

ABSTRACT

SILVA, Emanuela Maria da. M. Sc., Universidade Estadual da Paraíba / Embrapa Cotton March, 2016. Diogo Gonçalves Neder. Francisco José Correia Farias.

This study was conducted to evaluate the effects of genotype x environment interaction, estimate the adaptability of cotton genotypes and perform clustering environments, through FGGA method (Analysis of factors associated with the effects of genotype x environment interaction and genotypic). They used data obtained from the breeding program of Embrapa Cotton (CNPA), for the 16 cotton genotypes in 8 locations (environments) distributed in Mato Grosso. analysis of individual and joint variance were performed, then the analysis of adaptability through FGGA method. Regarding the proportion of the catch of GE interaction in the first two axes, the method used allowed to explain 70% of the variation. From the results, it is suggested the formation of two mega-environments formed by A1, A4, A5 and A8 and A7 and the environments. G2 genotypes (CNPA GO 2000-1167), G4 (FMT 701), G5 (FM 993) and G14 (CNPA MT 04 2080) are widely adapted to the environments evaluated. While the technique demonstrated FGGA be easy to interpret, facilitating the Mega-environments training and also the recommendation of genotypes with wide adaptability.

Keywords: Interaction GxE, multivariate analysis, factor analysis.

SUMÁRIO

1	INTRODUÇÃO.....	12
2	REVISÃO DE LITERATURA.....	14
2.1	Algodão: características, origem e expansão.....	14
2.2	Melhoramento genético do algodoeiro.....	15
2.2.1	Métodos de Melhoramento.....	17
2.3	Interação genótipos x ambientes.....	19
2.3.1	Métodos de adaptabilidade e estabilidade.....	20
2.3.1.1	Métodos Multivariados.....	22
2.3.1.1.1	Método FGGE.....	23
2.3.1.2	Estratificação ambiental	24
3	MATERIAL E MÉTODOS.....	26
3.1	Dados utilizados nas análises.....	26
3.2	Análises de Variância.....	27
3.3	Estimação dos efeitos genotípicos e de interação GxA.....	28
3.4	Análise de fatores da matriz G+GA (FGGA).....	30
4	RESULTADOS E DISCUSSÃO.....	32
4.1	Análises de Variância individuais.....	32
4.2	Análise de Variância Conjunta.....	33
4.3	FGGA.....	34
4.3.1	Número de fatores a serem extraídos.....	34
4.3.2	Estratificação ambiental.....	37
4.3.3	Adaptabilidade e estabilidade genotípica.....	39
5	CONCLUSÕES.....	41
6	REFERÊNCIAS.....	42

1. INTRODUÇÃO

O algodoeiro (*Gossypium hirsutum* L.) é uma das culturas mais relevantes no cenário agrícola mundial. Seu principal produto, o algodão, é utilizado, principalmente, na indústria têxtil (fibra), na indústria de alimentação animal (torta e farelo) e de óleo vegetal por apresentar alto potencial linoléico (SOUSA, 2010; CARVALHO et al., 2008). A cotonicultura desempenha um importante papel para o agronegócio brasileiro, sobretudo, pelo valor econômico agregado aos produtos.

A cultura do algodão vem se tornando cada vez mais importante no cenário agrícola nacional, tendo como destaque de produção a região do Cerrado. Nessa região os principais produtores são os estados do Mato Grosso, Bahia, Goiás e Mato Grosso do Sul. A área plantada de algodão no Brasil, 2015/2016, foi de 956,7 mil hectares, sendo esses estados responsáveis por 93% da produção (CONAB, 2016).

Os crescentes avanços tecnológicos empregados na cultura do algodoeiro têm permitido aos produtores brasileiros alcançar grande eficiência no processo produtivo e parte desse sucesso deve ser atribuída aos programas de melhoramento genético. A divergência encontrada entre as regiões produtoras de algodão traz a necessidade de estudos sobre interações entre novas cultivares ou linhagens e ambientes.

Faz-se necessária a realização de análises de adaptabilidade e estabilidade, pelas quais se torna possível a identificação de cultivares de comportamento previsível e que sejam responsivos às variações ambientais em condições específicas ou amplas (CRUZ e REGAZZI, 2001). A identificação da interação é importante para determinar os objetivos do programa de melhoramento, com a escolha dos genitores, identificação das condições ideais de teste e recomendação por região de adaptação das cultivares (YAN et al., 2000).

Para analisar a adaptabilidade e estabilidade, encontram-se na literatura diversas metodologias. Nesse contexto podendo-se destacar as técnicas baseadas nas análises multivariadas, capazes de explicar a maior parte da interação genótipos x ambientes, buscando quantificar o comportamento dos genótipos quanto a sua estabilidade nos diversos ambientes (CRUZ et al., 2001). No contexto do melhoramento as características agronômicas e

agroindustriais refletem as diferenças genéticas entre as cultivares (RAMALHO et al., 2001), portanto baseado nesses parâmetros recomendam-se para cada região produtora, com seu respectivo ambiente de produção (LANDELL e BRESSIANI, 2008).

Diante disso, o objetivo desse estudo foi realizar a estratificação ambiental e definir a adaptabilidade de linhagens elites e cultivares de algodão em áreas de produção no estado de Mato Grosso.

2. REVISÃO DE LITERATURA

2.1. Algodão: origem, características e expansão

A classificação botânica apresenta 52 espécies de algodão devidamente identificadas pertencentes ao gênero *Gossypium* e à família Malvaceae. Dentre as quais, apenas quatro são cultivadas comercialmente, a *Gossypium hirsutum* L., *Gossypium barbadense* L., *Gossypium arboreum* L. e *Gossypium herbaceum* L. Somente a espécie *Gossypium hirsutum* L. é responsável por 90% da produção mundial de algodão e seu cultivo no Brasil é de extrema importância socioeconômica. As demais espécies são silvestres e não agregam valor econômico (CARVALHO, 2008). De acordo com pesquisas arqueológicas, o algodão é explorado pelo homem desde a antiguidade, sendo que os primeiros registros históricos do uso do algodão branco foram obtidos no Paquistão e datados de 2700 a.C (GULATI e TURNER, 1928).

O produto do algodoeiro, o algodão em caroço, é composto pela pluma (fibra) e pelo caroço (sementes com línter). Sua utilização concentra-se na indústria de fiação e tecelagem, de alimentação animal (farelo ou torta) e de óleos, além de grande número de produtos secundários (PENNA, 2005). O algodão é produzido em mais de 80 países tropicais e temperados, sendo os principais produtores de algodão em pluma de 2011, a China (6,58 milhões de toneladas), a Índia (5,98 milhões de toneladas), os Estados Unidos (3,41 milhões de toneladas), o Paquistão (2,31 milhões de toneladas), o Brasil (1,67 milhões de toneladas) e o Usbequistão (0,98 milhão de toneladas) (FAO, 2013).

A produção de algodão está concentrada em poucos países, de modo que os seis principais produtores são responsáveis por 75% do total. O mercado mundial de algodão movimenta anualmente, aproximadamente 20 bilhões de dólares, com uma produção atual (2009) estimada em 108,3 milhões de fardos, abrangendo uma área de 30,9 milhões de hectares.

De acordo (CONAB 2016), a redução na área plantada deverá ser de 2% (956,7 mil ha), porém a companhia mantém as estimativas de um ligeiro aumento de área para Mato Grosso,

maior produtor de pluma do país. A expectativa é de que a área total de plantio em Mato Grosso aumente 4,3% em comparação à safra 2014/15, variando de 562,7 mil hectares para 586,9 mil hectares, com o crescimento concentrado, principalmente, na região de Sapezal. A região Nordeste, segunda maior produtora do país, será a responsável pela redução 13% percentual na área plantada com algodão para a temporada 2015/16: na Bahia maior produtor regional, estima-se que serão cultivados cerca de 247,9 mil hectares, representando redução de 11,8% em relação à temporada passada.

A produção de algodão no Brasil se destacou em duas regiões distintas: a região meridional, onde se concentrou o algodoeiro herbáceo (anual) e a região setentrional, onde se concentrou o algodoeiro arbóreo (perene) (YAMAOKA, 2013). O avanço da tecnologia e o aumento da produtividade permitiram ao Brasil passar de maior importador mundial de algodão para o quarto maior exportador do produto em 12 anos. A produção nacional de algodão é, prioritariamente, destinada à indústria têxtil (ABRAPA 2014).

2.2. Melhoramento genético do algodoeiro

O melhoramento do algodão no Brasil já foi marcado pela estreita base genética das cultivares, visto que os materiais utilizados nos cruzamentos eram descendentes exclusivamente das variedades Auburn 56 e da Tamcot SP, ambas originárias dos Estados Unidos. Somente a partir de 1995, que iniciou a inclusão nos trabalhos de seleção de novos materiais originados da Austrália (CARVALHO, 2008).

Dentre as características de destaque a serem melhoradas no algodoeiro, estão as características agrônomicas ligadas à produtividade, à arquitetura da planta, à porcentagem de fibra e as características tecnológicas da fibra. A produtividade é o fator de maior importância, pois é resultado de vários fatores como volume de frutificação, porcentagem de retenção de frutos, tamanho cápsula, e quantidade de fibra por semente, fatores estes que muitas vezes, se correlacionam negativamente (FARIAS et al., 2008).

Outra característica muito importante é a retenção de frutos pela planta, pois a retenção e a produção estão diretamente relacionadas. As partes que mais contribuem para a produção são o terço médio e o terço inferior, que juntos são responsáveis por 80% da produção de algodão (SOARES et al., 1999).

O melhoramento do algodoeiro no Brasil foi iniciado em 1921, quando foi reativado, no Ministério da Agricultura, o Serviço Federal do Algodão com os objetivos de dar assistência técnica aos agricultores, estimular o melhoramento das variedades. Em 1924, o Instituto

Agrônomo de Campinas (IAC) iniciou os trabalhos de melhoramento genético do algodoeiro. Nessa época, foram iniciados também os programas de melhoramento do algodoeiro herbáceo e arbóreo no Maranhão, Paraíba, Rio Grande do Norte, Pernambuco, Ceará e Sergipe, nas estações experimentais de Coroatá, no Maranhão; Cruzeta, no Rio Grande do Norte; Pendência, no Município de Soledade, na Paraíba; Surubim e Serra Talhada, em Pernambuco; Santo Antônio do Pitaguary, Município de Maranguape, no Ceará; e Quissamã, em Sergipe (MOREIRA; SANTOS, 1994).

De acordo com PENNA (2005), em 1975, a EMBRAPA (Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária) iniciou o desenvolvimento de cultivares de algodoeiro, com a criação do Centro Nacional de Pesquisa do Algodão (CNPQ) e seu programa de pesquisa. Esse autor afirma que o Centro de Pesquisa, localizado em Campina Grande, PB, tem desenvolvido vários cultivares para o plantio nas regiões Norte e Nordeste e, atualmente, vem desenvolvendo cultivares para o Centro-Oeste do País.

Nas décadas de 1980 e 1990, os trabalhos de melhoramento do algodoeiro executados no Cerrado do Centro-Oeste eram restritos à avaliação de cultivares desenvolvidas pelo IAC, Iapar e Embrapa Algodoeiro, oriundas dos estados de São Paulo, Paraná e da região Nordeste do Brasil. As cultivares que apresentavam comportamento produtivo superior eram indicadas para plantio, e procurava-se adquirir sementes produzidas nos estados de origem para distribuição aos produtores do Centro-Oeste (FREIRE, 1998).

No Estado de Goiás, as pesquisas com melhoramento iniciaram na década de 1980, por meio de uma parceria entre o Instituto Agrônomo de Campinas com o Grupo Maeda. Nessa época, no Mato Grosso, os grandes produtores do Cerrado iniciaram a busca por novas alternativas agropecuárias, impulsionados pela crise de rentabilidade da soja, além dos problemas fitossanitários, advindos da exploração contínua dos solos com a soja, como o cancro-da-haste, olho-de-rã e o nematoide de cisto (FREIRE, 1998).

Em 1989, foi estabelecido um convênio entre a Embrapa – Centro Nacional de Pesquisa de Algodão – e a Itamarati Norte, com o objetivo de geração de tecnologia para a exploração do algodão no Cerrado de Mato Grosso, incluindo a introdução e avaliação de cultivares e melhoramento do algodoeiro de fibras médias e longas (FREIRE et al, 1998).

Atualmente, o programa de melhoramento do algodoeiro para as condições da região Centro Oeste tem como objetivo fundamental o desenvolvimento de cultivares competitivas para as condições do Cerrado e da agricultura familiar. Os genótipos selecionados devem possuir elevadas produtividades, alto rendimento de pluma, com elevado grau de resistência às principais

doenças da região e com caracteres tecnológicos e de fibras que atendam às exigências da indústria têxtil nacional e internacional (FREIRE; FARIAS, 2005).

O advento da lei de proteção de cultivares atraiu as empresas privadas para o mercado brasileiro de cultivares de algodoeiro, aumentando o número de programas de melhoramento no Brasil. Segundo FREIRE et al. (2007), além da Embrapa, três instituições públicas (Epamig, IAC e Iapar) e cinco privadas (Delta Pine & Land Co., Stoneville, Bayer CropScience, Coodetec e Fundação MT) possuíam programas de pesquisa estruturados, no Brasil. Atualmente esse panorama já se modificou, porque a pos Monsanto comprou a Deltapine e a MDM, e o Instituto Mato-Grossense do Algodão (IMA) comprou o programa de melhoramento da Coodetec e da LD Melhoramento.

2.2.1 Métodos de melhoramento

O algodoeiro é uma planta com sistema reprodutivo considerado misto, também denominado parcialmente autógamo, por CRISÓSTOMO (1989), devido à ocorrência simultânea de autofecundação e cruzamento natural de origem entomófila. A taxa de alogamia é muito variável, havendo referências desde 2%, até 100%, dependendo da população e ação de insetos vetores, notadamente a abelha *Aphis mellífera* L. (MANGUEIRA, 1971; MORESCO, 1999; SANCHEZ JUNIOR e MALERBO-SOUZA, 2004).

O controle da polinização (autopolinização e cruzamentos) é bastante simples e de fácil execução. A autopolinização consiste na proteção do botão floral, conta a abertura e eventual visita dos insetos, o que pode ser conseguido com o uso de sacos de papel, barbante de algodão, fio de cobre, ou cliques para papel.

Para a realização dos cruzamentos, as flores que receberão o pólen são emasculadas e protegidas na tarde anterior à abertura, polinizadas na manhã seguinte com pólen do doador masculino e protegida novamente para evitar contaminação. O conhecimento do sistema reprodutivo e da taxa de alogamia do é de fundamental importância para escolha do método de melhoramento a ser usado, bem como para a manutenção da pureza dos genótipos.

Os métodos de melhoramento do algodoeiro são agrupados em seleção massal, genealógica, pedigree-massal, recorrente, ou ainda por hibridação, retrocruzamento e uso do vigor híbrido (GRIDI PAPP, 1969; FREIRE, 1983; NILES; FEASTER, 1984; LEE, 1987).

O método denominado seleção pedigree-massal, adotado inicialmente por HARLAND (1944), e que consiste na seleção individual de plantas, no estudo das progênes sob polinização

livre e na mistura das melhores para formar uma nova população denominada bulk, repetindo-se o processo, favorece a recombinação durante a seleção.

Os métodos de seleção recorrentes foram designados para a melhoria da população, pelo aumento da frequência de genes desejáveis, para o caráter sob seleção, para manutenção da variabilidade genética, visando o melhoramento contínuo e a oportunidade de seleção de genótipos superiores em qualquer ciclo. A seleção recorrente tem como pressupostos: a) o uso de uma população de base genética ampla; b) a inclusão do germoplasma mediante seleção; c) o uso da seleção cíclica para aumentar a frequência de genes favoráveis para os caracteres em seleção; d) as populações como possíveis fontes de novas cultivares melhoradas. (HALLAUER; MIRANDA FILHO, 1981).

A seleção massal é geralmente usada para a rápida melhoria de alguns caracteres de alta herdabilidade numa população, ou na manutenção de cultivares melhorada. A seleção massal simples consiste em se escolher, numa população básica, certo número de plantas consideradas do tipo ideal, para multiplicação conjunta. Geralmente, essa escolha é feita por seleção visual e as plantas selecionadas são misturadas para plantio no ano seguinte. Esse método tem sido usado, também, na fase de acabamento em algumas cultivares de algodoeiro. Nesse caso, deseja-se obter uniformização para algum caráter morfológico, como altura de planta, forma de maçã, cor do pólen ou pétala, bráctea frego, folha *okra* ou pilosidade (FREIRE, 1983).

A seleção genealógica, também conhecida como seleção individual, seleção de pedigree e seleção de progênies, é o principal método empregado na maioria dos programas de melhoramento do algodoeiro e consiste na seleção individual de plantas, baseando-se nas características fenotípicas, com estudo posterior das progênies, conduzidas predominantemente sob autofecundação artificial. Plantas superiores são eleitas nas melhores progênies, estudando-se comparativamente sua descendência, até optar-se por uma linhagem superior, que será multiplicada como a nova cultivar. Essa metodologia é aplicada tanto em populações com pouca variabilidade como em populações segregantes, derivadas de hibridações intra ou interespecíficas (CRISÓSTOMO, 1989).

O melhoramento de plantas por método de retrocruzamento envolve uma série de cruzamentos da progênie de duas variedades selecionadas com um dos genitores, por exemplo [(A x B) x A]. A variedade que participa apenas do cruzamento inicial, no exemplo a variedade B, é denominada genitor doador ou não-recorrente e a que é utilizada nos cruzamentos repetidos, no exemplo, a variedade A, genitor recorrente. O termo recorrente indica que a variedade é utilizada repetidas vezes durante o programa (BORÉM, 1997).

O objetivo do método dos retrocruzamentos é a recuperação do genitor recorrente, exceto em relação ao gene de interesse que estão sendo transferidos. Características com alta herdabilidade, controladas por um ou poucos genes, são mais facilmente transferidas por esse método (BORÉM, 1997).

2.3. Interação genótipos x ambientes

Em programas de melhoramento, a presença de interação GxA causa várias dificuldades, principalmente por alterar a performance genotípica através dos ambientes (MOHAMED, 2013) e por minimizar a associação entre os valores fenotípicos e genotípicos (ALWALA et al., 2010), reduzindo o progresso genético.

No melhoramento de plantas, a obtenção de genótipos produtivos e com características desejáveis é resultado do processo de seleção em diferentes ambientes (anos e locais) (CONDÉ et al., 2010). Um mesmo genótipo cultivado em diferentes ambientes, frequentemente mostra variação significativa no desempenho produtivo (DE VITA et al., 2010). Essa flutuação é resultado do componente ambiental e refere-se à interação GxA. Na maioria das vezes, a interação GxA complica o melhoramento, avaliação e seleção de genótipos superiores (MOHAMMADI et al., 2007; HAGOS e ABAY, 2013).

A consequência disso para programas de melhoramento está, principalmente, na necessidade de uma ampla rede de ensaios. Nesse caso, melhoristas testam genótipos em ensaios multi-ambiente, inclusive alternando condições favoráveis e desfavoráveis (ALWALA et al., 2010). Por outro lado, a presença de interação GxA é passível de ser explorada e a identificação de genótipos adaptados a ambientes específicos pode constituir oportunidades.

Conceitualmente, a estabilidade é referida como a consistência de desempenho produtivo nos diferentes ambientes, enquanto a adaptabilidade indica a habilidade do genótipo em produzir bem nesses ambientes (LIN e BINNS, 1988). Genótipos que apresentam rendimento estável mostram ampla capacidade de adaptação, enquanto que, genótipos com elevado rendimento em alguns ambientes e baixo desempenho em outros, são considerados de adaptabilidade específica. É essencial o entendimento das bases e implicações da interação GxA para o rendimento de grãos, em programas de melhoramento. A interação GxA pode ser de natureza simples ou complexa (CRUZ e CARNEIRO, 2003).

A primeira é devido à variação entre genótipos nos ambientes. Já a segunda é resultado do ranqueamento diferenciado dos genótipos através dos ambientes. Inúmeros procedimentos estatísticos estão de fato disponíveis para a avaliação do comportamento dos genótipos frente a

presença de interação GxA significativa. Porém, decidir qual é o método mais eficiente para projetar genótipos que sejam estáveis e adaptados nem sempre é uma tarefa fácil (PAULA et al., 2014). Uma constante preocupação em programas de melhoramento é a possibilidade de descarte de genótipos potencialmente úteis, cuja média pode não ser alta, mas mostra adaptação específica a um nicho de ambientes (POURDAD, 2011).

A ocorrência da interação G x E tem grande importância, principalmente para produtividade de grãos. Uma forma de tirar proveito dessa interação na indicação de novas cultivares é identificar genótipos com alta adaptabilidade e estabilidade fenotípica (PEREIRA et al., 2009). Assim, a estimação dos parâmetros de adaptabilidade e estabilidade fenotípica tem sido uma forma muito difundida, entre os melhoristas de plantas, de avaliar novos genótipos antes de sua recomendação como cultivares (MARQUES et al., 2011).

A partir da avaliação da adaptabilidade e estabilidade pode-se selecionar genótipos com adaptação ampla ou específica para uma região, escolher locais de seleção, identificar o nível de estresse nos ambientes escolhidos para as fases iniciais da seleção e, também determinar o número ideal de genótipos e de ambientes a serem avaliados na seleção (ARANTES 2013).

Em diversos trabalhos é apresentada a importância da interação GxA por meio da porcentagem de sua participação na soma de quadrados total (SQ) ou do valor da variância da interação (σ^2_{ij}). REA et al. (2011) apontam que 14% da SQ da variável toneladas de cana de açúcar por hectare refere-se a interação GxA. Já MOHAMMADI e AMRI (2009) avaliando trigo encontraram 13,36% para produção de grãos, MALLA et al. (2010) trabalhando com trigo de inverno apresentaram 42,2% da variação total devido à interação GxA. Já ARAÚJO et al. (2010) em um estudo com feijão encontrou 28%, SABAGHNIA et al. (2008) estudando 11 genótipos de lentilhas em 20 ambientes observaram que 40% da variação total era devido à interação GxA e SAMONTE et al. (2005), pesquisando a cultura do arroz apresentou uma participação de 27,6% da variação total referente à interação GxA.

2.3.1. Métodos de adaptabilidade e estabilidade

Como já mencionado, a interação G x A constitui-se num dos maiores problemas dos programas de melhoramento de qualquer espécie, seja na fase de seleção ou na recomendação das cultivares. Para amenizar a influência dessa interação, tem-se recomendado o emprego de cultivares com ampla adaptabilidade e boa estabilidade (CRUZ e CARNEIRO, 2003).

Assim, na última fase dos programas de melhoramento de plantas, linhagens candidatas, com potencial de mercado devem ser avaliadas sob uma variedade de condições semelhantes às

reais condições que venham a sofrer quando em uso. Para ser bem sucedida, uma nova cultivar deve ter alta produtividade de grãos e alto desempenho para características agronômicas em uma ampla gama de condições ambientais. Melhoristas de plantas normalmente concordam sobre a importância da estabilidade elevada de produção, mas não necessariamente sobre a definição adequada de estabilidade (FERREIRA et al., 2006).

LIN et al. (1986) propuseram quatro conceitos de estabilidade: Tipo 1: o genótipo, ou a variedade será considerado estável se sua variância entre os ambientes é pequena; Tipo 2: o genótipo, ou a variedade será considerado estável se sua resposta ao ambiente é paralela ao desempenho médio de todos os materiais genéticos avaliados nos ensaios; Tipo 3: o genótipo, ou a variedade é estável se o quadrado médio dos desvios de regressão que avalia a estabilidade é pequeno e Tipo 4 (LIN e BINNS 1988), estável se o quadrado médio da interação genótipos x anos, dentro de locais for pequeno (RAMALHO et al., 2012).

A adaptabilidade deve ser considerada sob duas perspectivas: de adaptação ampla ou específica. O objetivo do melhoramento para adaptação ampla é obter cultivares com bom desempenho em aproximadamente todos os locais de cultivo. Já no melhoramento para adaptação específica, o objetivo é obter cultivares que se desempenhem bem em apenas uma parte bem definida da região de cultivo (ANNICCHIARICO, 2002).

O método de EBERHART e RUSSELL (1966) fundamenta-se na regressão linear e considera desejáveis os genótipos com alto rendimento médio, coeficientes unitários de regressão e desvios da regressão praticamente nulos. A adaptabilidade é obtida pela média e pelo coeficiente de regressão β_1 enquanto que a estabilidade é estimada pela variância dos desvios da regressão (σ^2_{di}).

A metodologia proposta por CRUZ et al. (1989) tem por base a análise de regressão bi-segmentada, considerando como parâmetros de adaptabilidade a média e a resposta linear aos ambientes favoráveis e desfavoráveis. A estabilidade dos genótipos é avaliada pelo desvio da regressão de cada cultivar e pelo valor do coeficiente de determinação, em função das variações ambientais.

A metodologia de CRUZ et al. (1989) tem sido utilizada por vários pesquisadores para estudo da estabilidade e adaptabilidade de cultivares às variações ambientais (HAMAWAKI et al., 2003; GAMA et al., 2000; CARVALHO et al., 2000).

2.3.1.1. Métodos multivariados

A análise Multivariada é uma ferramenta estatística que apresenta uma visão global do fenômeno, pois estuda as relações entre as variáveis e como seus efeitos determinam o comportamento das variáveis e a totalidade do fenômeno (FERREIRA, 2008). Tal análise também é definida como um conjunto de métodos estatísticos e matemáticos destinada a descrever e interpretar os dados que provém da observação de várias variáveis estudadas conjuntamente e algumas estruturas de correlação (JOHNSON e WICHERN, 2006).

Em relação à estatística multivariada, também cabe ressaltar a importância do conhecimento computacional, uma vez que, os mais diversos métodos de análises multivariadas são desenvolvidos em softwares estatísticos, o que facilita muito o trabalho do pesquisador. São muitas as técnicas de produção de uma análise multivariada, e cada uma com sua finalidade específica. Sendo assim, a técnica a ser aplicada vai depender daquilo que o pesquisador pretende afirmar em relação aos seus dados. Algumas técnicas são utilizadas para prever, outras para otimizar, outras para resumir, cada uma com seus respectivos métodos e aplicabilidades (YAN et al., 2000).

É perceptível nos últimos anos, devido à quantidade de trabalhos dando ênfase nas análises de interação genótipos por ambientes (interação GxA) baseados em técnicas multivariadas, pois apesar da facilidade de interpretação de várias técnicas univariadas, essas têm limitações e críticas de ambos os pontos de vista, biológico ou estatístico (KANDUS et al., 2010). Resumir a interação GxA em uma estatística univariada (BABIC et al., 2010). Dentre as análises multivariadas, para dados de Multiambientes, destacam-se AMMI (*Additive Main Effect and Multiplicative Interaction*) e GGE (*Genotype plus Genotype by Environment*) por apresentarem os *biplots* para auxiliar a interpretação (SILVA et al., 2011).

Outro método que merece destaque é a análise de fatores que consiste, basicamente, em reduzir o número elevado de variáveis de uma base de dados, identificando o padrão de correlações ou de covariância entre elas e gerando um número menor de novas variáveis latentes, não observadas, calculadas a partir dos dados brutos. A redução a um número menor de variáveis, também chamados muitas vezes de “fatores”, “dimensões” ou “componentes”, maximiza o poder de explicação do conjunto de todas as variáveis e possibilitam identificar subgrupos de questões que avaliam uma mesma habilidade ou capacidade cognitiva (PASQUALI, 2009; PRIMI, 2003; 1996; THOMPSON, 2004).

Os fatores podem ser não correlacionados (fatores ortogonais) ou correlacionados (fatores oblíquos). As variáveis são agrupadas por meio de suas correlações, ou seja, aquelas pertencentes

a um mesmo grupo serão fortemente correlacionadas entre si, mas pouco correlacionadas com as variáveis de outro grupo. Cada grupo de variáveis representará um fator (JOHNSON e WICHERN, 1988).

Essas técnicas ficaram, por muito tempo, restritas a alguns pesquisadores devido a dificuldade de acesso aos recursos computacionais e falta de programas específicos que realizassem essa análise de uma forma mais prática para o acesso de todos. Atualmente, com o avanço dos recursos computacionais, a dificuldade da realização das análises multivariadas para a interação GxA foram diminuídas, pois diversos programas estatísticos já estão disponíveis para a realização dessas análises. Dentre eles, destaca-se o ambiente estatístico R (R CORE TEAM, 2012) por ser um *software* livre, sem custos e amplamente reconhecido no meio científico.

2.3.1.1.1. Método FGGE

Essa técnica tem o mesmo princípio que as utilizadas no AMMI e GGE, que é a redução do número de variáveis para facilitar a interpretação. Muitos dos seus exemplos iniciais foram realizados nas áreas da psicologia e ciências sociais, na tentativa de identificar os fatores relacionados com a inteligência humana e liga-los, de algum modo, à etnia (SARTORIO, 2008).

O modelo para AF em uma dada situação com n variáveis (ambientes) pode ser expresso da seguinte forma:

$$(Y_j - \alpha_j) = \beta_{j1} F_1 + \beta_{jm} F_m + \varepsilon_j, j = 1, \dots, n, \text{ onde:}$$

Y_j e j são variáveis respostas originais; α_j são as médias das variáveis (média ambiental); F_i e i são os fatores comuns e explicam as correlações entre as variáveis, sendo $i = 1, 2, \dots, n$; β_{ij} são as cargas fatoriais, que refletem a importância do fator i na explicação da variável j ; e ε_j é erro aleatório, que capta a variação específica (ou fator específico) da variável Y_j não explicada pela combinação linear das cargas fatoriais com os fatores comuns.

Embora utilizem as mesmas ferramentas matemáticas, as técnicas de AF e PCA não devem ser confundidas como técnicas de respostas similares. A diferença entre as duas técnicas é a filosofia do modelo. AF impõe um número fixo de fatores a serem utilizados, enquanto que o PCA determina p fatores, onde p é o número de fatores significativos (HÄRDLE; SIMAR, 2012).

Sendo o principal fator (primeiro eixo) no PCA aquele que contém a maior porção da variação dos dados. E o mais importante fator para AF (após rotação) é o que apresente a máxima interpretação (HÄRDLE; SIMAR, 2012). Segundo EVERITT (2005), a alteração no

número de fatores a serem considerados na AF podem alterar substancialmente os valores de cada fator.

A AF é utilizada nas ciências agrárias principalmente nos estudos de estratificação ambiental, permitindo reduzir um número elevado de variáveis originais a um pequeno número de variáveis abstratas, também chamadas de fatores (CRUZ; CARNEIRO, 2003). MURAKAMI e CRUZ (2004) propõem a utilização da AF aplicada à matriz dos dados fenotípicos ajustados por ambientes para estudos da interação GxA. Outros trabalhos apresentados seguindo ao proposto por MURAKAMI e CRUZ (2004) foram realizados por FRITSCH NETO et al. (2010), GARBUGLIO et al. (2007), HARDNER et al. (2011), MENDONÇA et al. (2007), MEYER (2009) e RIBEIRO e ALMEIDA (2011).

Poucas publicações sobre AF utilizada para fins de estudo na interação GxA são encontradas na literatura. Sua recente popularização ocorreu, do mesmo modo que aconteceu para o AMMI e GGE, devido à popularização do computador e da sua capacidade de cálculo, fazendo com que técnicas outrora propostas sejam revistas, adaptadas e amplamente utilizadas.

Segundo GARBUGLIO (2010), a análise de adaptabilidade baseada na análise de fatores é realizada graficamente por meio dos escores em relação aos fatores. Para isso, são traçados eixos paralelos, tomando-se a média dos escores, de modo a estabelecer quatro quadrantes. GARBUGLIO et al. (2007) relatam que nos quadrantes II e IV ficam situados aqueles genótipos com adaptabilidade específica ao grupo de ambientes determinados pelo fator. No quadrante I ficaram situados aqueles genótipos de adaptabilidade ampla e, no quadrante III, os genótipos ruins, de baixo desempenho e passíveis de descarte ou não indicação para cultivo.

2.3.1.2. Estratificação ambiental

A estratificação ambiental consiste na subdivisão de regiões heterogêneas, em sub-regiões mais uniformes, nas quais se exclui qualquer interação GxA significativa ou, em outras situações, aceita-se GxA significativa porém com predominância de parte simples atuante, ou seja, que não venha comprometer a recomendação das cultivares (CRUZ; CARNEIRO, 2003).

Entre os métodos de estratificação ambiental, o de LIN (1982) procura formar subgrupos homogêneos em que a interação GxA seja não significativa. Quando a interação GxA é significativa entre pares de ambientes, pode-se utilizar o método de Cruz e Castoldi (1991), que identifica o percentual relativo à parte simples da interação, e também as correlações de Pearson e de Spearman. O método de Murakami e Cruz (2004) é baseado na técnica multivariada de análise de fatores e reúne a estratificação ambiental e a análise de estabilidade. A estimativa da

ecoalência (WRICKE, 1965), utilizada inicialmente para medir a contribuição de cada genótipo para a interação GxA, também pode ser utilizada para avaliar a contribuição de cada ambiente para a interação, por meio da decomposição da soma de quadrados da interação em frações relacionadas a esses ambientes e, dessa forma, identificar locais pouco informativos.

Devido ao elevado custo financeiro que os ensaios de avaliações finais requerem, é fundamental identificar se há, entre os ambientes disponíveis, padrões similares de respostas de genótipos, por meio de técnicas de estratificação ambiental. Assim torna-se possível uma eventual redução no número de ambientes quando existem problemas técnicos ou escassez de recursos.

Murakami e Cruz (2004) propuseram um método que reúne as análises de adaptabilidade e estratificação ambiental, simultaneamente, pelo princípio da similaridade do desempenho genotípico, que se baseia na técnica multivariada de análise de fatores. Esta técnica permite reduzir um grande número de variáveis originais a um pequeno número de variáveis abstratas, também chamadas de fatores. Dessa forma, dentro de cada fator, são reunidas variáveis originais fortemente correlacionadas entre si, mas fracamente correlacionadas com as dos demais fatores.

3. MATERIAL E MÉTODOS

3.1. Dados utilizados nas análises

Para a realização das análises propostas foram utilizados dados obtidos junto ao programa de melhoramento genético da Embrapa algodão (CNPA), referentes a 16 genótipos (Tabela 1), sendo oito cultivares (FMT 701, FM 993, FM 910, DELTA OPAL, IPR JATAI, LD CV 05, LD CV 02 e NUOPAL) e oito linhagens oriundas do programa de melhoramento da EMBRAPA, nos núcleos do Mato Grosso, Goiás e Bahia (CNPA MT 98-6399, CNPA MT 96-1067, CNPA MT 05 1245, CNPA MT 04 2080, CNPA MT 04 2088, CNPA GO 03-1947, CNPA GO 2000-1167 e CNPA BA 2000-33), avaliados em 8 locais (ambientes) no estado de Mato Grosso (Tabela 2), durante a safra 2008/2009. As análises foram realizadas utilizando os dados referentes à variável produtividade de algodão em caroço $\text{kg}\cdot\text{ha}^{-1}$.

Nesses experimentos foram avaliados 16 tratamentos (genótipos) em delineamento experimental de blocos ao acaso com quatro repetições, espaçamento de 0,80 m entre linhas e densidade populacional de 110 mil plantas por hectare. As parcelas eram formadas por quatro linhas de 5,00 m de comprimento, sendo a área útil composta pelas duas fileiras centrais, totalizado 8,00 m^2 . Os controles de pragas e de plantas daninhas foram realizados quando necessário.

Tabela 1 – Relação e identificação dos genótipos de algodão utilizados para coleta de dados de produtividade (kg.ha⁻¹) em oito localidades no estado do Mato Grosso, safra 2008/2009.

SIGLA	GENÓTIPO	SIGLA	GENÓTIPO
G1	CNPA MT 98-6399	G9	LD CV 05
G2	CNPA GO 2000- 1167	G10	LD CV 02
G3	CNPA BA 2000-33	G11	CNPA MT 96 -1067
G4	FMT 701	G12	NUOPAL
G5	FM 993	G13	CNPA MT 05 1245
G6	FM 910	G14	CNPA MT 04 2080
G7	DELTA OPAL	G15	CNPA MT 04 2088
G8	IPR JATAI	G16	CNPA GO 03- 1947

Tabela 2 – Coordenadas geográficas e altitudes dos Locais (Estado do Mato Grosso) de implantação dos ensaios do programa de melhoramento genético do algodão da Embrapa Algodão, safra 2008/2009.

SIGLA	MUNICÍPIO	COORDENADAS	ALTITUDE
PVA1	Primavera do Leste-MT	15°33'32" sul/ 54°17'46" oeste	636 m
PET	Pedra Preta-MT	16°37'23" sul/54°28'26" oeste	248 m
CV	Campo Verde-MT	15°32'48" sul/ 55°10'08" oeste	736 m
SAP	Sapezal-MT	13°32'33" sul/58°48'51" oeste	370 m
CNP	Campo Novo dos Parecis- MT	13°40'31" sul/57°53'31"oeste	572 m
NUB	Nova Ubiratã-MT	12°59'26" sul/55°15'17" oeste	400 m
LRV	Lucas do Rio Verde -MT	13°01'59" sul/55°56'38" oeste	398 m
PVA2	Primavera do Leste-MT	15°33'532" sul/54°17'46'oeste	636 m

3.2. Análises de variância

Para confirmar a existência de variabilidade genética entre os tratamentos para o caráter Produção de algodão em caroço, foi realizada uma análise de variância individual para cada ambiente, utilizando o seguinte modelo:

$$Y_{ij} = m + g_i + b_j + e_{ij}$$

sendo Y_{ij} – valor fenotípico do genótipo i no bloco j ; m – média geral do experimento; g_i – efeito do genótipo i ; b_j – efeito do bloco j ; e_{ij} – erro experimental.

Tabela 3 – Resumo do esquema das análises de variância individuais considerando todos os efeitos aleatórios.

FV	GL	QM	F
Blocos	$j - 1$	Q1	Q1/Q3
Genótipos	$i - 1$	Q2	Q2/Q3
Resíduo	$(i*j) - 1$	Q3	

Segundo PIMENTEL-GOMES (1990), estudos realizados por BOX (1954) indicam que, se em todos os experimentos os tratamentos tiverem o mesmo número de parcelas, e a relação entre o maior e o menor quadrado médio do resíduo for de 3:1 ou 4:1, a análise de variância conjunta e os testes estatísticos podem ser realizados sem maiores complicações. Considerando que os ensaios analisados apresentam o mesmo número de parcelas, após verificação da relação entre o maior e o menor quadrado médio residual, foi realizada a análise de variância conjunta.

O modelo utilizado na análise de variância conjunta consiste em:

$$Y_{ij} = m + (b/a)_{ka} + g_i + a_j + (ga)_{ij} + e_{ij},$$

em que, Y_{ij} – valor fenotípico do genótipo i no ambiente j ; m – média geral; $(b/a)_{já}$ – efeito de blocos ($k=1,2,\dots,r$) dentro de ambientes ($j=1,2,\dots,q$); g_i – efeito de genótipos ($i=1,2,\dots,p$); a_j – efeitos de ambientes ($j=1,2,\dots,q$); $(ga)_{ij}$ – efeito da interação genótipos \times ambientes; e_{ij} – erro aleatório.

Tabela 4 – Resumo do esquema da análise de variância conjunta considerando todos os efeitos aleatórios.

FV	GL	QM	F
Blocos/Ambientes	$q(r - 1)$	Q1	Q1/Q4
Genótipos (G)	$p - 1$	Q2	Q2/Q4
Ambientes (A)	$q - 1$	Q3	Q3/Q4
G x A	$(p-1)(q-1)$	Q4	Q4/Q5
Resíduo	$r(p-1)(q-1)$	Q5	

3.3. Estimação dos efeitos genotípicos e de interação G×A

Para aplicação dos métodos de análise de adaptabilidade e estabilidade baseados em análise multivariada é necessário a estimação de uma matriz dos efeitos das interações genótipos

x ambientes (GA) e dos valores genotípicos somados aos efeitos das interações genótipos x ambientes (G + GA). A matriz para aplicação da FGGA.

A solução por quadrados mínimos ordinários para o sistema de equações normais correspondente à análise conjunta, sob as restrições de identificabilidade $\sum_i g_i = \sum_j a_j = 0$, é dada por:

$$\hat{\mu}g_i = \bar{Y}_{i.} - \bar{Y}_{..}$$

$$\hat{a}_j = \bar{Y}_{.j} - \bar{Y}_{..}$$

considerando-se que: $Y_{..} = \sum Y_{ij}/ga$; $Y_{i.} = \sum Y_{ij}/a$; $Y_{.j} = \sum Y_{ij}/g$;

A aproximação de quadrados mínimos e seu respectivo resíduo, correspondente ao termo geral da interação GxA, ambos invariantes, são dados por

$$Y_{ij} - Y_{i.} - Y_{.j} + Y_{..}; \text{ portanto, } (ga)_{ij} = Y_{ij} - Y_{i.} - Y_{.j} + Y_{..}$$

A partir desse último resultado foi construída a matriz de interações (GA), bem como a matriz que inclui os efeitos genotípicos somados aos efeitos de interação (G+GA) que foi utilizada nessa proposta.

As análises de variância individuais e conjuntas, assim como a construção das matrizes GA e G + GA foram realizadas utilizando a plataforma web para análise de dados genéticos STATGEN (NEDER,2013).

Tabela 5 – Representação da matriz dos efeitos da interação genótipos x ambientes (GA).

gen _p /amb _q	1	2	...	Q
1	$(g\hat{a})_{11}$	$(g\hat{a})_{12}$...	$(g\hat{a})_{1q}$
2	$(g\hat{a})_{21}$	$(g\hat{a})_{22}$...	$(g\hat{a})_{2q}$
...
P	$(g\hat{a})_{p1}$	$(g\hat{a})_{p2}$...	$(g\hat{a})_{pq}$

Tabela 6 – Representação da matriz dos efeitos dos valores genotípicos somados aos efeitos da interação genótipos x ambientes (GA).

gen _p /amb _q	1	2	...	Q
1	$g_1 + (g\hat{a})_{11}$	$g_1 + (g\hat{a})_{12}$...	$g_1 + (g\hat{a})_{1q}$
2	$g_2 + (g\hat{a})_{21}$	$g_2 + (g\hat{a})_{22}$...	$g_2 + (g\hat{a})_{2q}$
...
P	$g_p + (g\hat{a})_{p1}$	$g_p + (g\hat{a})_{p2}$...	$g_p + (g\hat{a})_{pq}$

3.4. Análise de fatores da matriz G+GA (FGGA)

Neste estudo, foi aplicada a análise de fatores na matriz dos g+ga obtida na análise conjunta dos dados Multiambientes. Inicialmente foi realizada uma análise para determinar o número de fatores a serem extraídos. O método de Kaiser-Guttman tem como base o número de fatores igual ao número de autovalores maior ou igual a 1,0, sendo o mais utilizado nas análises de fatores para as ciências agrárias. Já o método do fator de aceleração indica onde cotovelo do scree plot aparece. Ele corresponde à aceleração da curva, isto é, a segunda derivada (RAICHE; RIOPEL; BLAIS, 2006).

O modelo para a Análise de Fatores (AF) em uma dada situação com n variáveis (ambientes) pode ser expresso da seguinte forma:

$$(Y_j - \alpha_j) = \beta_{ij}F_i + \beta_{jm}F_m + \varepsilon_j, j = 1, \dots, n,$$

onde: Y_j são variáveis respostas originais; α_j são as médias das variáveis (média ambiental); F_i são os fatores comuns e explicam as correlações entre as variáveis, sendo $i = 1, 2, \dots, n$; β_{ij} são as cargas fatoriais, que refletem a importância do fator i na explicação da variável j ; e ε_j é erro aleatório, que capta a variação específica (ou fator específico) da variável Y_j não explicada pela combinação linear das cargas fatoriais com os fatores comuns.

A análise de fatores foi realizada pelo pacote psych seguindo a rotina de análise. Para essa análise foi considerado o método de fatoração a máxima verossimilhança (fm= "ml") por ser, provavelmente, o mais preferido e robusto. O método de rotação foi o "varimax", que maximiza a soma dos desvios quadrados dos carregamentos.

A adaptabilidade dos genótipos, com base na análise de fatores, foi realizada por meio da análise gráfica, plotando-se os escores obtidos após rotação. A formação dos quadrantes é feita traçando-se eixos paralelos baseados na média dos escores. Nos quadrantes II e IV ficam situados os genótipos com adaptabilidade específica aos ambientes agrupados em cada fator. No quadrante I ficam situados os genótipos com adaptabilidade ampla, ou seja, são adaptados aos dois grupos de ambientes. E no quadrante III ficam situados os genótipos não adaptados ao grupo de ambientes definidos pelos fatores, sendo não indicáveis ao plantio naqueles ambientes.

4. RESULTADOS E DISCUSSÃO

4.1. Análises de variância individuais

Por meio das análises de variância individuais para os oito ambientes (Tabela 7), foi constatado que os genótipos apresentaram comportamento distinto ($p < 0,05$) dentro de cada ambiente de estudo. Os coeficientes de variação (C.V. %) para produtividade de algodão em caroço oscilaram entre 6,01% (Campo Novo dos Parecis) e 24,68% (Lucas do São Verde), com média de 12,9%, indicando alta precisão experimental do conjunto de ensaios. As médias de produtividade ficaram compreendidas entre 3258,26 kg.ha⁻¹ (Lucas do Rio Verde) e 6254,35 kg.ha⁻¹ (Pedra Preta), refletindo o alto potencial produtivo das cultivares avaliadas.

As magnitudes dos quadrados médios dos resíduos individuais máximos e mínimos foram de 4,96 e, portanto, menores que sete. Este valor de referência foi sugerido por PIMENTEL-GOMES (2000) e CRUZ et al. (2012). Sendo assim, as variâncias residuais foram homogêneas, permitindo a aplicação da análise de variância conjunta dentro e entre os ambientes.

Tabela 7 – Resumo das análises de variância para diferentes ambientes do Estado do Mato Grosso (Primavera do Leste – PVA, Pedra Preta – PET, Campo Verde – CV e Lucas do Rio Verde – LRV, Sapezal – SAP, Campo Novo dos Parecis – CNP, Novo Ubitatã – NUB e Primavera do Leste 2 - PVA2).

		Quadrados Médios							
FV	GL	PVA	PET	CV	LRV	SAP	CNP	NUB	PVA2
Blocos	3	804000 ns	5626100 **	2448600 **	803995,66 ns	1774300 **	318830 ns	1031900 *	29706 ns
Genótipos	15	864910 **	2171200 **	503530 **	864914,50 **	863900 **	426040 **	640380 *	203480 **
Resíduo	45	304260	691800	180740	304258,42	211210	129710	305950	61277
C.V.(%)		12	13,30	10,28	24,68	8,62	6,01	15,61	12,69
Média		4597.35	6254.35	4137.49	3258.26	5329.23	5997.46	3542.40	4355.02

ns não significativo ; * significativo ao nível de 5%; ** significativo ao nível de 1%;

4.2. Análise de variância conjunta

A partir da análise conjunta (Tabela 8), foi constatada diferença significativa ($P < 0,01$) para a fonte de variação genótipos perante os 8 ambientes. Alta significância também foi observada para fonte de variação ambientes, de onde se infere que o conjunto de ambientes foi distinto nas duas safras. Para a interação foi verificada alta significância ($P < 0,01$), o que indica que os genótipos apresentaram respostas diferenciadas em cada ambiente. O coeficiente de variação da análise conjunta foi baixo (12,81%), demonstrando alta precisão experimental do conjunto de ensaios. A média geral dos ensaios foi de $4679,64 \text{ kg.ha}^{-1}$, demonstrando o alto potencial produtivo das cultivares e ambientes dos ensaios. A partir desses resultados surge a possibilidade de aplicação dos estudos de adaptabilidade e estabilidade dos genótipos e a obtenção dos Mega-ambientes, procedendo-se via análises multivariadas pelos métodos FGGA.

Tabela 8 – Resumo da análise de variância conjunta para os diferentes ambientes do Estado do Mato Grosso.

Fontes de Variação	GL	Quadrados Médios
Blocos/Ambientes	24	1569116 **
Ambientes (G)	7	76415198 **
Genótipos (A)	15	2247856 **
Interação G x A	105	659284 **
Resíduo	360	346994
C.V.(%)		12,81
Média Geral (kg.ha ⁻¹)		4679.64

4.3. FGGA

4.3.1. Número de fatores a serem extraídos

Na figura 1 é representado o resultado do número de fatores a serem extraídos pela análise de fatores de acordo aos métodos das coordenadas ideais, fator de aceleração, análise paralela e Kayser-Guttman. Observa-se que o número de fatores variou de 2 a 4 eixos, não havendo concordância total entre os métodos.

A escolha do número de fatores a serem utilizados é considerada uma etapa crucial neste tipo de análise. No entanto, observou-se que a cada vez que se executava a rotina, para o mesmo banco de dados, os métodos das coordenadas ideais, fator de aceleração, análise paralela apresentaram valores diferentes. Resultado esse também observado por PEIXOUTO (2013), o qual justifica este fato em razão dos três métodos utilizarem reamostragem para realização dos cálculos do número dos fatores. Assim sendo, o resultado apresentado consiste no que ocorreu de forma mais recorrente.

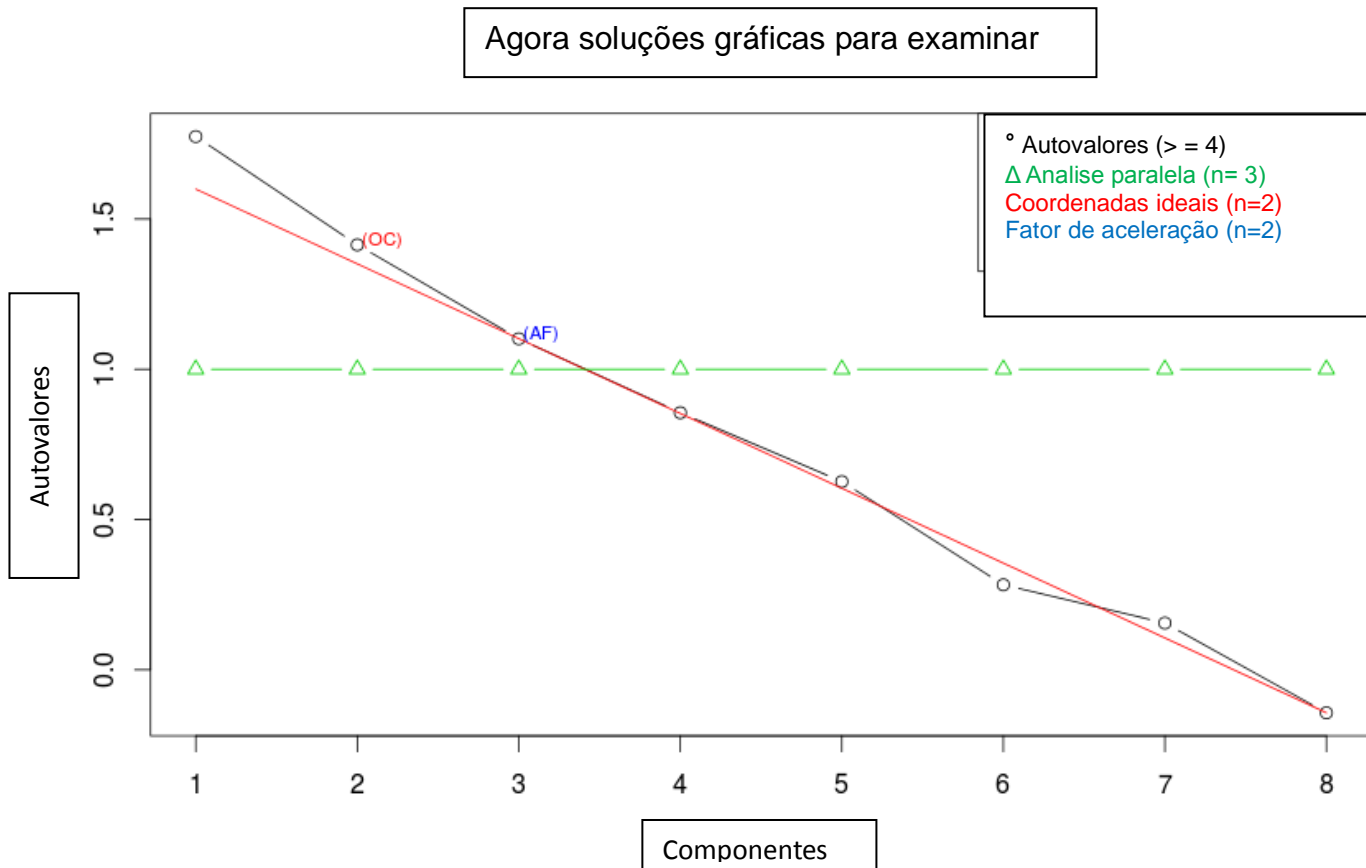


Figura 1. Número de fatores a serem extraídos pelos métodos: coordenadas ideais, fator de aceleração, análise paralela e Kaiser-Guttman (autovalores > 1,0).

Diversos autores relatam que o número de fatores extraídos deve ser igual ao número de autovalores maior ou igual a 1,0 ou caso a proporção da explicação desses fatores seja baixa, deve-se utilizar números de fatores que expliquem próximo à 80% da variação total (FRITSCH NETO et al., 2011; GARBUGLIO et al., 2007; MENDONÇA et al., 2007; RIBEIRO; ALMEIDA, 2011). No caso atual, 80% da variação é conseguida com 4 fatores, que é maior que o número de fatores indicado pelos autovalores maiores que 1,0 (TABELA 9).

Tabela 9 - Porcentagem da variância capturada (por eixo e acumulada) em cada fator, considerando de quatro a um, após a rotação e os agrupamentos obtidos em cada fator.

	Fator 1	Fator 2	Fator 3	Fator 4
% da Variância explicada	0,22	0,16	0,16	0,26
% da Variância acumulada	0,22	0,38	0,54	0,80
% da Variância explicada	0,30	0,17	0,28	
% da Variância acumulada	0,30	0,47	0,75	
% da Variância explicada	0,39	0,31		
% da Variância acumulada	0,39	0,70		
% da Variância explicada	0,65			
% da Variância acumulada	0,65			

Todavia, a análise de fatores concentra o máximo da variação nos primeiros eixos deixando para os últimos pouca variação e muito ruído. Como se pode observar, com apenas um eixo, 65% da variação total é capturada e a cada eixo adicionado, a proporção da variação somada é baixa (5% em média). Observa-se também que a proporção capturada é redistribuída pelos eixos utilizados.

Nos trabalhos de MURAKAMI e CRUZ (2004) os dois primeiros eixos capturaram 81%, 67,3% e 60,31% da variação total capturada nos seus três anos agrícolas. Já GARBUGLIO et al. (2007) obtiveram 65,8% da variação total capturada nos dois primeiros eixos e RIBEIRO e ALMEIDA (2011) observaram que os dois primeiros eixos continham 64,73% da variação total.

BRIAN (2005) relata que em situações com poucos fatores utilizados esses terão muitas cargas elevadas, já com muitos fatores podem ser fragmentados tornando-se a interpretação de forma convincente dificultada. FRITSCH NETO et al. (2010) e RIBEIRO e ALMEIDA (2011) obtiveram resultados similares, onde os ambientes foram espalhados pelos fatores e consequentemente não obtendo um agrupamento.

Outro ponto é que nas análises AMMI e GGE, técnicas análogas ao FGGA, as proporções da explicação da variação giram em torno de 60% a 70%, como pode ser observado nos trabalhos de MOHAMMADI e AMRI (2009) com 66,51% nos dois primeiros eixos, REA et al. (2011) com 61,09% também nos dois primeiros eixos significativos, ambos trabalhos com Ammi e OLIVEIRA et al. (2010) capturaram 51,53% da variação g+ga na análise GGE Biplot e BALESTRE et al. (2009) obtiveram 70,36% da variação, também com GGE Biplot. Além disso,

as análises GGE têm como padrão a utilização dos dois primeiros eixos para a análise gráfica e nas análises AMMI é comum utilizar dois eixos para facilitar a interpretação dos resultados, chegando a utilizar no máximo três eixos.

RESENDE (2007) relata que o número de fatores a serem utilizados pode ser determinado por (i) estrutura física das variáveis, que pode sugerir certo número de fatores; (ii) número de autovalores maiores que 1,0 (Critério de Kaiser-Guttman), quando se utiliza uma matriz de correlação; e (iii) número de fatores que expliquem uma proporção desejada da variação total. Ou seja, não há um critério metodológico para a escolha do número de fatores, e essa escolha depende dos critérios pré-estabelecidos pelo pesquisador. Com o exposto, foi proposto por PEIXOUTO (2013) que a análise FGGAA tenha como padrão a apresentação gráfica com os dois primeiros eixos, similar ao que já é usual nas metodologias AMMI e GGE biplot.

4.3.2. Estratificação ambiental

Na tabela 10 são representadas as cargas fatoriais obtidas após rotação e suas comunalidades. Os dois fatores explicaram 70% da variação total observada na matriz dos efeitos genotípicos somados ao da interação genótipos por ambientes. As comunalidades obtidas nos ambientes com cargas fatoriais acima de 0,69 foram superiores a 0,64, o que segundo CRUZ e CARNEIRO (2003) podem ser classificadas como razoáveis por representarem uma correlação próxima de 0,80 entre a variável padronizada e a parte comum, que explica essa variável. As demais comunalidades inferiores a esse valor, indicam que os locais não apresentam correlação com os fatores. O que é esperado, já que a análise de fatores agrega os ambientes altamente correlacionados no fator, logo esses ambientes não foram agrupados em nenhum dos fatores apresentando correlações baixas entre esses dois fatores.

Tabela 10 - Estratificação ambiental por meio da análise de fatores, com 16 genótipos e 8 ambientes.

Ambientes	Fator 1	Fator 2	Comunalidade
A1	0,76	0,4	0,73
A2	0,21	0,56	0,36
A3	0,55	0,22	0,36
A4	0,73	0,5	0,78
A5	0,61	0,79	1,00
A6	0,58	0,56	0,65
A7	0,44	0,72	0,71
A8	0,88	0,48	1,00
Autovalores	4,76	4,23	
% da variância explicada	0,39	0,31	
% da variância acumulada	0,39	0,70	

No fator 1 foram agrupados os locais A1, A4 e A8 e o fator 2 agrupou os locais A5 e A7. Para confirmar a eficiência dos agrupamentos obtidos MURAKAMI e CRUZ (2004) estimaram a correlação entre os pares de ambientes classificados no mesmo fator e deles com os outros ambientes não agrupados, e assim confirmando que as correlações entre os ambientes agrupados naquele fator são altas, e deles com os outros ambientes não agrupados sendo baixa. Já GARBUGLIO et al. (2007) fizeram a decomposição da interação em parte simples e complexa para todos os pares de ambientes e observaram que os ambientes agrupados no mesmo fator continham grande parte da interação como simples. Esses resultados também foram observados em MENDONÇA et al. (2007) e RIBEIRO e ALMEIDA (2011). Eles confirmam a eficiência dos agrupamentos obtidos via análises de fatores após a rotação. Sendo assim, não há a necessidade de realizar novamente essa confirmação. Desse modo, a FGGA com dois fatores explicando 70% da variação total permitiu a realização da estratificação ambiental, agrupando mais da metade dos ambientes testados nos dois eixos.

4.3.3. Adaptabilidade e estabilidade genotípica

No método FGGA com dois fatores (PC1 x PC2) explica 70% da variação total. Na figura 1 são representados os escores dos genótipos em uma representação gráfica, facilitando a interpretação.

No quadrante I (Q1) estão situados os genótipos com adaptabilidade ampla, no presente caso foram os genótipos G2 (CNPA GO 2000 – 1167), G4 (FMT 701), G5 (FM 993) E G14 (CNPA MT 04 2080). Nos quadrantes II (Q2) e IV (Q4), situam-se os genótipos com adaptabilidade específica, respectivamente os genótipos G3 (CNPA BA 2000-33), G8 (IPR JATAI), G9 (LD CV 05), G11 (CNPA MT 96-1067), G15 (CNPA MT 04 2088) E G16 (CNPA GO 03-1947), situados no quadrante II (Q2), os genótipos situados no quadrante IV (Q4), G1 (CNPA MT 98-6399), G6 (FM 910), G7 (DELTA OPAL), G12 (NUOPAL) e G13 (CNPA MT 05 1245). O demais genótipo encontra-se no quadrante III (Q3), apresentando baixo desempenho.

Observa-se que os genótipos que ficaram no Q1 têm as maiores médias e o genótipo situado no Q3 foi o menos produtivo. E os intermediários situaram-se nos Q2 e Q4. Com esses resultados os indivíduos adaptados especificamente estão contidos no quadrante II e IV, os indivíduos com adaptação ampla encontram-se no quadrante I, que são adaptados aos oito ambientes estudados.

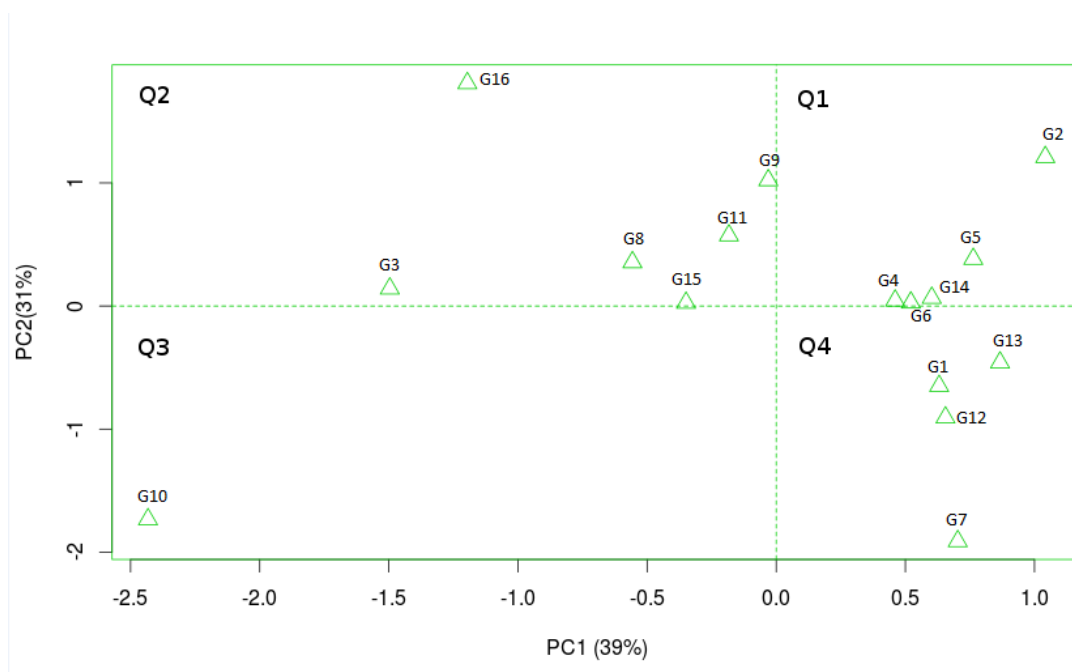


Figura 2 - Análise gráfica da adaptabilidade de 16 genótipos de algodão a partir dos escores obtidos da análise FGGA.

Com esses resultados o melhorista opta por maximizar a interação G x A, utilizando-a em seu favor, selecionando os indivíduos adaptados especificamente ao ambiente, indicando os genótipos contidos nos quadrantes II e IV para seus respectivos ambientes ou seleciona indivíduos com adaptação ampla, como os situados no quadrante I, que são adaptados aos cinco ambientes que apresentaram cargas fatoriais acima de 0,7.

GARBUGLIO et al. (2007), utilizando três eixos com 73,7% da variação total, observaram que os indivíduos que ficaram no Q1 têm as maiores médias e os que ficaram no Q3 eram os menos produtivos. E os intermediários situaram-se nos Q2 e Q4. Resultados que corroboram para atestar a eficiência do método mesmo utilizando-se menos de 80% da variação.

Após analisar todos os resultados pode-se concluir que a técnica FGGAA apresenta fácil interpretação, facilitando a formação de Mega-ambientes e também a recomendação das novas cultivares com ampla adaptabilidade.

5. CONCLUSÕES

1 – É possível o agrupamento dos ambientes em dois mega-ambientes formados por A1, A4 e A8 e pelos ambientes A5 e A7.

2 – Os genótipos G2 (CNPA GO 2000 – 1167), G4 (FMT 701), G5 (FM 993) e G14 (CNPA MT 04 2080) apresentam adaptação ampla para os ambientes avaliados.

3 – A técnica FGGA apresenta fácil interpretação, facilitando a formação de Mega-ambientes e também a recomendação de genótipos com ampla adaptabilidade.

REFERÊNCIAS

- ALWALA, S.; KWOLEK, T.; MCPHERSON, M.; PELLOW, J.; MEYER, D. A Comprehensive comparison between Eberhart and Russell joint regression and GGE biplot analyses to identify stable and high yielding maize hybrids. **Field Crops Research**, v.119, n.2, p.225–230, 2010.
- ANNICCHIARICO, P. Genotype x environment interactions: challenges and opportunities for plant breeding and cultivar recommendations. **Food&AgricultureOrg.**, 2002. ISBN 9251048703.
- ARANTES, Flávio Cese **A662i Interação genótipo x ambiente, adaptabilidade e estabilidade em genótipos de cana-de-açúcar** / Flávio Cese Arantes. – – Jaboticabal, 2013 xii, 94 f. ; 28 cm Tese - Universidade Estadual Paulista, Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias, 2013.
- ARAUJO, L. B. et al Gráficos biplot e joint plot para o estudo da interação tripla. **Ciências Rural**, Santa Maria, v. 40, n. 4,p. 833-839, abr. 2010.
- BABIC V. et al. Understanding and utilization of genotype-byenvironment interaction in maize breeding. **Genetika**, Beograd, v.42, n. 1, p. 79-90, 2010.
- BALESTRE,M. et al. Yield stability and adaptability of maize hybrids based on GGE biplot analysis characteristics. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, Londrina, v 9, p. 219-228, 2009.
- BORÉM, A. **Melhoramento de plantas**. Viçosa: UFV , 1997. 547p.
- BORÉM, A.; MIRANDA, G. **Melhoramento de plantas**.5a.edição. Viçosa: Editora UFV. p, v. 529, 2009.
- BOX, G E.; COX, D. R. An analysis of transformatis. **Journal of the Royal Statistical Society, Series B**, v.26, n.2, p.211-252, 1964.
- BRIAN, S. E. An R and S-Plus companion to multivariate analysis. London: **Springer- Verlag**, 2005. 221p.
- CARVALHO, H.W.L. de; LEAL,M. de L. da S.; SANTOS, M. X. dos; CARDOSO, M.J; MONTEIRO, A.A.T.; TABOSA, J.N. 2000. Adaptabilidade e estabilidade de cultivares de milho no Nordeste Brasileiro. **Pesquisa Agropecuária Brasileira** 35: (6):1115-1123.
- CARVALHO, L. P. de. O gênero *Gossypium* e suas espécies cultivadas e silvestres. In: BELTRÃO, N. E. de M. e AZEVEDO, D. M. P. de. (Org.). **O agronegócio do algodão no Brasil**. 2. ed. Brasília, DF: Embrapa Informação Tecnológica, 2008. v.1, p.252-70.
- CONAB- COMPANHIA NACIONAL DE ABASTECIMENTO. **Acompanhamento da safra Brasileira-Algodão: V. 3 - SAFRA 2015/16 - N. 4 -Quarto levantamento | DEZEMBRO 2015:** <http://www.conab.gov.br> Acesso em: 24 de fevereiro de 2016.
- CONDÉ, A.B.T.; COELHO, M.A.O.; YAMANAKA, C. H.; CORTE, H.R. Adaptabilidade e estabilidade de genótipos de trigo sob cultivo de sequeiro em minas gerais. **Pesquisa Agropecuária Tropical**, Goiânia, v. 40, n.01, p. 45-52, 2010.

CRISÓSTOMO, J. R. **Avaliação da estrutura e do potencial genético de uma população de algodoeiro (*G. hirsutum* L.) parcialmente autógama**. 1989. 191 f. Tese (Doutorado) - Universidade de São Paulo, Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiróz”, Piracicaba.

CRUZ, C. D.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. Viçosa: UFV, 2003. 585 p.

CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. Viçosa: UFV, 2001. 390 p.

CRUZ, C.D. et al. An alternative approach to the stability analysis proposed by Silva and Barreto. **Rev. Bras. Genét.**, Ribeirão Preto, v.12, n.2, p.567-580, 1989.

CRUZ, C.D., REGAZZI, A.J., CARNEIRO, P.C.S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. 4 ed. Viçosa: Ed. UFV, 2012. 514p.

Cruz, C.D.; Castoldi, F. Decomposição da interação genótipos x ambientes em partes simples e complexa. **Revista Ceres**, v.38, p.422-430, 1991

DE VITA, P.; MASTRANGELOA, A.M.; MATTEUA, L.; MAZZUCOTELLIB, E.; VIRZÌC, N.; PALUMBOC, M.; LO STORTOD, M.; RIZZAB, F.; CATTIVELLIA, L. Genetic improvement effects on yield stability in durum wheat genotypes grown in Italy. **Field Crops Research**, v.119, p.68–77, 2010.

EBERHART, S. A.; RUSSELL, W. A. Stability parameters for comparing varieties. **Crop Science**, Madison, v. 6, n. 1, p. 36-40, 1966.

EVERITT, B. S. An R and S-Pus companion to multivariate analysis. New York: **Springer**, 2005. 221 p.

FARIAS, F. J. C.; FREIRE, E. C.; BELTRÃO, N. E. de M.; BÉLOT, J. L. Caracteres de importância econômica no melhoramento do algodoeiro. In: BELTRÃO, N. E. de M.; AZEVEDO, D. M. P. de. (Ed.). **O agronegócio do algodão no Brasil**. Brasília, DF: Embrapa Informação Tecnológica, 2008. v.1, p. 413-429.

FERREIRA, D. F.; **Estatística Multivariada**, 1º edição, ed. UFLA, 2008

FREIRE, E. C. **Algodão no cerrado**. Campina Grande: EMBRAPA-CNPA, 1998. 29p. (EMBRAPA-CNPA. Documentos, 57).

FREIRE, E. C. **Distribuição, coleta, uso e preservação das espécies silvestres de algodão no Brasil**. Campina Grande: EMBRAPA-CNPA, 2000. 28p. (EMBRAPA-CNPA. Documentos, 78).

FREIRE, E. C. **Métodos de melhoramento disponíveis para o algodoeiro**. São Paulo: ESALQ/USP, 1983. 111p.

FREIRE, E. C.; MORELLO, C. L.; FARIAS, F. J. C. Melhoramento do algodoeiro no Cerrado. In: FREIRE, E. C. (Org.). **Algodão no cerrado do Brasil**. 1. ed. Brasília, DF: Abrapa, 2007, v. 1, p. 267-318.

FRITSCHÉ-NETO, R.; GONÇALVES, M.C.; VENCOSKY, R.; SOUZA JUNIOR, C.L. Prediction of genotypic values of maize hybrids in unbalanced experiments. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v.10, p.32-39, 2010.

GAMA, E.E.G; PARENTONI, S.N.; PACHECO, C.A.P.; OLIVEIRA, A.C. de; GUIMARAES, P.E. de O.; SANTOS, M.X. dos. 2000. Estabilidade da produção de germoplasma de milho avaliados em diferentes regiões do Brasil. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, 35: (6): 1143-1149.

GARBUGLIO, D. D.; GERAGE, A. C.; ARAUJO, P. M.; FONSECA JÚNIOR, N. S.; SHIOGA, P. S. Análise de fatores e regressão bissegmentada em estudos de estratificação ambiental e adaptabilidade em milho. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v.42, n.2, p.183-191, 2007.

GARBUGLIO, D. D. **Metodologia de estratificação ambiental e adaptabilidade via análise de fatores associada aos efeitos genotípicos e de interação genótipos por ambientes**. 2010. 105 p. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Universidade Federal de Lavras, Lavras, 2010.

GOLLOB, H. F. A statistical model which combines features of factor analytic and analysis of variance techniques. **Psychometrika**, Williamsburg, v. 33, p. 73-145, 1968.

GRIDI-PAPP, I. L. Genética e melhoramento do algodoeiro. In: KERR, W.W. **Melhoramento e genética**. São Paulo: USP, 1969. cap.4, p.75-93.

GULATI, A. N.; TURNER, A. J. A Note on the early history of cotton. India: **Indian Central Cotton Committee**, 1928.

HALLAUER, A. R.; MIRANDA FILHO, J. B. Quantitative genetics in maize breeding. Ames: Iowa State University, 1981. 468p.

HAMAWAKI, O T e SANTOS, P. G. 2003. Adaptabilidade e estabilidade de genótipos de milho avaliadas por meio do modelo de regressão. **Ciência Rural** 33: 195-199.

HARDLE, W.; SIMAR, L. Applied multivariate statistical analysis. 3rd ed. Heidelberg: **Springer Verlag**, 2012. 539p.

HARDNER, C. M. et al. Identifying deployment zones for *Eucalyptus camaldulensis* x *E. globulus* and x *E. grandis* hybrids using factor analytic modelling of genotype by environment interaction. Australian Forestry. **Queen** Victoria, v.74, p. 30-35, 2011.

HARLAND, G. C. Trabajos de selección del algodón Peruvian-Tanguis. Lima: Sociedade Nacional Agraria, **Instituto de Genética de Algodon**, 1944. 101p. (Boletim, 1).

JOHNSON, R.A.; WICHERN, D.W.; Applied Multivariate Statistical Analysis. New Jersey: **Prentice-Hall**, Fifth Edition, 2006. 767 p.

KANDUS, M. et al. Statistical models for evaluating the genotype-environment interaction in maize (*Zea mays* L.). **Phyton**, Buenos Aires, v. 79, n. 1, p. 1851-5657, 2010.

LANDELL, M.G.A, BRESSIANI, J.A. **Melhoramento genético , caracterização e manejo varietal**. In: DINARDO – MIRANDA, L.L.; VASCONCELOS, A.C.M.; LANDELL, M.A.G. Cana-de-açúcar. Campinas: Instituto Agronômico, 2008. p. 791-806.

LEE, J. A. Cotton. In: FERH, W. R. (Ed.). Principles of cultivar development. New York: **MacMillan**, 1987. p. 126-160.

LIN, C. S; BINNS, M. R.; LEFKOVITCH, L. P. Stability analysis. Where do we stand? **Crop Science**, Madison, v. 26, p. 894-899, 1986.

LIN, C.S.; BINNS, M.R. A superiority measure of cultivar performance for cultivar x location data. **Canadian Journal of Plant Science**. v.68, n.1, p.193-198, 1988.

MALLA, S. et al. Comparison of shifted multiplicative model, rank correlation, and biplot analysis for clustering winter wheat production environments. **Euphytica**, Wageningen, v. 174, p. 357-370, 2010.

MANGUEIRA, O. B. Taxa de alogamia na cultura do algodoeiro mocó (*Gossypium hirsutum* var. marie galante Hutch). **Pesquisa Agropecuária no Nordeste**, Recife. v. 3, p.5-13, 1971.

MARQUES, M. C.; HAMAWAKI, O. T.; SEDIYAMA, T.; BUENO, M. R.; REIS, M. S.; CRUZ, C. D.; NOGUEIRA, A. P. O. Adaptabilidade e estabilidade de genótipos de soja em diferentes épocas de semeadura. **Bioscience Journal**, Uberlândia, v.27, n.1, p.5969, 2011.

MENDES DE PAULA, T.O.; MARINHO, C.D.; SOUZA, V.; BARBOSA, M.H.P.; PETERNELLI, L.A; KIMBENG, C.A; ZHOU, M.M. Relationships between methods of variety adaptability and stability in sugarcane. **Genetics and Molecular Research**, v.13, n.2, p.4216–4225, 2014.

MENDONÇA. O et al. Análise de fatores e estratificação ambiental na avaliação da adaptabilidade e estabilidade em soja. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v.42, p 1567-1575, 2007.

MEYER, L.; MAC DONALD, S.; KYAWU, J. **Cotton and wool outlook**. Washington: USDA, 2009. Disponível em: <<http://cottonusa.files.cms-plus.com/economicData/CWS-04-102009.pdf>>. Acesso em: 15 abr. 2009.

MOHAMMADI, R.; AMRI, A. Analysis of genotype x environment interactions for grain yield in durum wheat. **Crop Science**, Madison, v. 49, p. 1177-1186, July/Aug. 2009.

MOHAMMADI, R.; HAGHPARAST, R.; AGHAEI, M.; ROSTAEI, M.; POURDAD, S.S. Biplot Analysis of Multi-Environment Trials for Identification of Winter Wheat Megaenvironments in Iran. **World Journal of Agricultural Sciences**, v.3, p.475-480, 2007.

MOREIRA, J. de A. N.; SANTOS, R. F. dos. **Origem, crescimento e progresso da cotonicultura no Brasil**. Campina Grande: EMBRAPA-CNPA, 1994. 169p.

MORESCO, E. R. **Taxa de cruzamento natural do algodoeiro herbáceo no Estado do Mato**

Grosso. Piracicaba. 1999. 71 f. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Universidade de São Paulo, Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiróz, Piracicaba.

MURAKAMI, D.M.; CRUZ, C.D. Proposal of methodologies for environment stratification and analysis of genotype adaptability. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, Londrina, v.4, p. 7-11, 2004.

NEDER, D. G. STATGEN - plataforma web para análise de dados genéticos. In: Reunião Anual da Região Brasileira da Sociedade Internacional de Biometria, 58., 2013, Campina Grande, PB. Anais... Campina Grande, 2013. p.155.

NILES, G.A.; FEASTER, C.V. Breeding. In: KOHER, R.J.; LEWIS, C.F. **Cotton**. Madison: American Society of Agronomy, 1984. cap. 7, p 202-229.

OLIVEIRA, R. L. et al. Evaluation of maize hybrids and environmental stratification by the methods AMMI and GGE biplot. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, Londrina, v. 10, n. 3, p. 247-253, Sept. 2010.

PEIXOUTO, Leandro Santos. **Proposta de análise de fatores na matriz G+GA via modelos mistos em Multi-Ambientes** / Leandro Santos Peixoto.-Lavras : UFLA, 2013. 110 p.: il.Tese (doutorado)- Lavras: Universidade Federal de Lavras, 2013.

PENNA, J. C. V. Melhoramento do algodão. In: BORÉM, A. (Ed). **Melhoramento de espécies cultivadas**. 2. ed. Viçosa, MG: UFV, 2005, p. 15-53.

PEREIRA, H. S.; MELO, L. C.; FARIA, L. C.; DEL PELOSO, M. J.; COSTA, J. G. C.; RAVA, C. A.; WENDLAND, A. Adaptabilidade e estabilidade de genótipos de feijoeiro comum com grãos tipo carioca na Região Central do Brasil. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 44, n. 1, p. 29-37, 2009.

PESKE, S. T.; VILLELA, F. A.; MENEGHELO, G. **Produção de sementes**. In: **Sementes: Fundamentos Científicos e Tecnológicos**. Silmar Teichert Peske; Francisco Amaral Villela; Geri Meneguelo. 3ªed. ver. e ampl. Pelotas: Ed. Universitária/UFPel, 2012, 564p

PIMENTEL GOMES, F. **Curso de estatística experimental**. 8. ed. São Paulo: Nobel, 1990. 468p.

PIMENTEL-GOMES, F.P. **Curso de estatística experimental**. 11.ed. São Paulo: Nobel, 2000. 466p.

POURDAD, S.S. Repeatability and relationships among parametric and nonparametric yield stability measures in safflower (*Carthamus tinctorius* L.) genotypes. **Crop Breeding Journal**, v.01, n.02, p.109-118, 2011.

R CORE TEAM. R: a language and environment for statistical computing. Vienna: R Foundation for Statistical Computing, 2012.

RAICHE, G; RIOPEL, M.; BLAIS, J.G. **Non graphical solutions for the Cattell's scree test**. 2006. Disponível em: < <http://www.er.uqam.ca/nobel/>>. Acesso em 22 jan 2013.

RAMALHO, M.A.P.; ABREU A. de F.B.; SANTOS J.B. dos; NUNES, J.A.R. **Aplicações da**

genética quantitativa no melhoramento de plantas autógamas. Lavras: Ufla, 2012. 522p.

RAVEN P. H.; EVERT, R. F.; EICHHORN, S. E. **Biologia Vegetal.** 6ª edição. Rio de Janeiro: ed. Guanabara, 2001.

REA, R.; Sousa-Vieira, O.; Ramón, M.; Alejos, G.; Díaz, A.; Briceño, R. 2011. **AMMI analysis and its application to sugarcane regional trials in Venezuela.** 2011 Sugar Tech 1–6. Disponível :<http://dx.doi.org/10.1007/s12355-011-0070-8> Acessado em 10 Dez 2014.

RESENDE, M. D. V. Matemática e estatística na análise de experimentos e no melhoramento genético. **Colombo:** Embrapa Florestas, 2007. 435p.

RIBEIRO, J.Z.; ALMEIDA, M.I.M. Estratificação ambiental pela análise de interação genotipo x ambiente em milho. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 46, n. 8, p. 875-883, 2011.

SABAGHNI, N.; SABAGHPOUR, S. H.; DEGHANI, H. The use of an AMMI model and its parameters to analyse yield stability in multi-environment trials. **Jours of agricultural Science**, Cambridge, v. 146, p. 517-581, 2008.

SAMONTE, S.O.P. B. et al. Targeting cultivars onto rice growing environments using AMMI and SREG GGE biplot analyses. **Crop Science**, Madison, v. 45, p 2124-2424, Nov/Dec. 2005.

SANCHEZ JUNIOR, J. L. B.; MALERBO-SOUZA, D. T. Frequência dos insetos na polinização e produção de algodão. **Acta Scientiarum**, Maringá: v. 26, n. 4, p. 461-465, 2004.

SARTORIO, S. D. **Aplicações de técnicas multivariadas em experimentos agropecuários usando o software R. 2008.130p.** Dissertação (Mestrado em Estatística e Experimentação Agrícola)- Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz, 2008.

SILVA, D.L.; RIBEIRO, N.D.; MINETTO, C.; SOUZA, J.F.; ANTUNES, I.F. Metodologias de análise de adaptabilidade e de estabilidade para a identificação de linhagens de feijão promissoras para o cultivo no Rio Grande do Sul. **Semina: Ciências Agrárias**, v.34, n.3, p.1065-1076, 2013.

SILVA, G. O. et al. Verificação da adaptabilidade e estabilidade de populações de cenoura pelos métodos AMMI, GGE biplot e REML/BLUP. **Bragantia**, Campinas, v. 70, n. 3, p. 494-501, Sept. 2011.

SOARES, J. J.; LARA, F. M.; SILVA, C. A. D.; ALMEIDA, R. P.; WANDERLEY, D. S. Influência da posição do fruto na planta sobre a produção do algodoeiro. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, 34: 5, 1999.

SOUSA, L. B. O algodoeiro: Alguns aspectos importantes da cultura. **Revista Verde**, v.5, n.4, p. 19-26, 2010.

VIDAL NETO, F. das C.; CARVALHO, L. P. de . Cerrado e semi-árido requerem cultivares diferenciadas. **Visão Agrícola**, Piracicaba, v. 6, p. 32-34, 2006.

YAN, W.; HUNT, L.A.; SHENG, Q.L.; SZLAVNICS, Z. Cultivar evaluation and mega-environment investigation based on the GGE Biplot. **Crop Science**, Madison, v.40,n.3, p.597-605, 2000.