

# **ADAPTABILIDADE E ESTABILIDADE DE LINHAGEM ENDOGÂMICAS RECOMBINANTES DE TRIGO SOB ESTRESSE HÍDRICO E TÉRMICO USANDO MODELO AMMI**

Fabiane de Lima Silva

**RESUMO:** O objetivo foi avaliar a adaptabilidade, estabilidade e rendimento do grupo de estudo por meio do modelo AMMI. Analisando a interação genótipo versus ambiente (IGA) do banco de dados do repositório CIMMYT (International Maize and Wheat Improvement Center) com dados dos genéticos e fenotípicos de linhagens recombinantes Syn-D / Weebil 1 sob estresse hídrico e por seca, ajustados em um modelo AMMI com vinte genótipos (G) e quatro ambientes (E); caracterizados por: seca (estresse hídrico), calor (estresse térmico) e duas condições conjuntas de seca + calor (estresse hídrico e térmico) em dois períodos diferentes. A escolha do modelo AMMI permite identificar os efeitos dos: genótipos (G), ambientes (E) e a interação entre genótipo e ambiente (IGA). Na análise foi possível identificar por meio da ANOVA conjunta que há interação em todos os níveis com média 259.206 e coeficiente de variação de 9.91%. Três componentes são gerados, sendo PC1 E PC2 significativos. As duas componentes explicam juntas 89% da combinação linear. Os genótipos G4, G5, G6, G10, G13, G18 e G17, apresentaram uma maior estabilidade e os genótipos G10 e G18 uma maior produtividade; assim podemos considerar esses dois genótipos com ideais.

**Palavras-chave:** Modelo AMMI, Análise de Variância, Análise de componentes principais.

## **ADAPTABILITY AND STABILITY OF RECOMBINANT INBROOD LINES OF WHEAT UNDER WATER AND HEAT STRESS USING AMMI MODEL**

**ABSTRACT:** The objective was to assess the adaptability, stability and performance of the study group using the ammi model. Analyzing the genotype versus environment (IGA) interaction of the CIMMYT (International Maize and Wheat Improvement Center) repository database with genetic and phenotypic data from recombinant Syn-D / Weebil 1 strains under water and drought stress, adjusted in a model AMMI with twenty genotypes (G) and four environments (E); characterized by: drought (water stress), heat (thermal stress) and two joint conditions of drought + heat (water and thermal stress) in two different periods. The choice of the AMMI model allows to identify the effects of: genotypes (G), environments (E) and the interaction between genotype and environment (IGA). In the analysis it was possible to identify through the joint ANOVA that there is interaction at all levels with an average of 259,206 and a coefficient of variation of 9.91%. Three components are generated, PC1 AND PC2 being significant. The two components together account for 89% of the linear combination. The genotypes G4, G5, G6, G10, G13, G18 and G17, showed greater stability and the genotypes G10 and G18 a greater productivity; so we can consider these two genotypes with ideals.

**Keywords:** AMMI Model, Analysis of Variance, Principal Component Analysis.

## INTRODUÇÃO

O estudo de experimentos agrícolas é de grande importância e vem ganhando reconhecimento mundial por considerar uma fonte de vantagem econômica, uma vez que permite uma análise estatística adequada do comportamento diferenciado dos genótipos em multi-ambientes (MET). O entendimento das causas de interação genótipo × ambiente ( $G \times E$ ) pode ser usado para estabelecer os objetivos do melhoramento, que é considerada a etapa mais importante e dispendiosa do processo de análise. (HONGYU et al., 2014).

A interação  $G \times E$  é definida como o comportamento diferencial dos genótipos em função da diversidade ambiental, e representa uma das principais dificuldades encontradas durante sua atividade seletiva, para a recomendação de cultivares. Deve ser vista como um fenômeno biológico em suas implicações no melhoramento genético de plantas e não como um simples efeito estatístico, buscando a explicação evolutiva do evento quando quiser obter proveito de seus efeitos benéficos bem como para corrigir seus efeitos indesejáveis sobre a avaliação de genótipos e recomendação de cultivares (CHAVES, 2001; HONGYU et al., 2015).

Estudar a adaptabilidade e a estabilidade fenotípica fazem com que identifique os efeitos da interação  $G \times E$  ao nível de genótipo e ambiente, mostrando a contribuição relativa para a interação total. Várias técnicas de estatística e genéticas têm sido desenvolvidas com o intuito de melhor quantificar este efeito, mas, as posições críticas dos estatísticos, que atuam em programas de melhoramento genético, referem-se à falta de uma análise criteriosa da estrutura da interação  $G \times E$  (ROSA et al., 2017).

Diversos métodos estatísticos destinados à avaliação da  $G \times E$  estão disponíveis no sentido de entender melhor este efeito e a escolha do método mais adequado depende dos dados experimentais, os estudos de  $G \times E$  vêm se destacando e ganhando grande aplicabilidade nas duas últimas décadas (HONGYU, et al., 2014; HONGYU et al., 2015; ROSA et al., 2017; YOKOMIZO et al., 2023).

O objetivo deste trabalho foi avaliar os efeitos da interação  $G \times E$  sobre caracteres de desenvolvimento plantaçāo de milho (produtividade e altura), com base na análise AMMI, possibilitando a diferenciação do comportamento entre os diferentes genótipos de avaliações e com a finalidade de identificar genótipos com ótimos desempenhos em diferentes ambientes.

## MATERIAIS E MÉTODOS

Os dados dos experimentos foram retirados do CIMMYT (*International Maize and Wheat Improvement Center*). Para esse trabalho foi retirado os dados dos genéticos e fenotípicos de linhagens recombinantes Syn / Weebil sob estresse hídrico e por seca. Foi estudado uma população RIL de 276 entradas derivadas de um cruzamento entre SYN-D × Weebill 1. SYN-D (Croc 1 / Aegilops Squarrosa (224) // Opata) é um trigo hexaplóide derivado sintético com folhas largas verde-escuras sem cera. Os RILs não segregaram para os genes Rht-B1, Rht-D1, Ppd-A1, Ppd-D1, Vrn-A1, Vrn-D1 e Eps-D1 e mostraram uma faixa estreita de fenologia, o que evita a efeito confuso da fenologia para identificar QTL que, de outra forma, poderia ser mascarado pelo desenvolvimento da cultura.

A população de RILs foi fenotipada em um delineamento em rede aleatória com duas repetições (dois períodos diferentes) em quatro Ambientes: seca (2009-2010, D10), calor (2009-2010, H10), calor + seca (2011-2012 e 2012-2013, HD12 e HD13 ) (Tabela 1) - no Campo

Experimental Norman E. Borlaug (CENEB), estação experimental do CIMMYT em Ciudad Obregón, Sonora, Noroeste do México ( $27.20^{\circ}$  N,  $109.54^{\circ}$  W, 38 ms).

Os Ambientes foram codificados segundo a tabela abaixo:

TABELA 1:

| Ambientes   | Codificação |
|-------------|-------------|
| D10         | A1          |
| H10         | A2          |
| HD12 E HD13 | A3          |
| CENEB       | A4          |

O estresse hídrico (D) foi aplicado por plantio normal (final de novembro) com irrigação significativamente reduzida (fornecimento total de água  $<200$  mm); o estresse térmico (H) foi aplicado por semeadura tardia (final de fevereiro) com irrigação suplementar (suprimento total de água  $> 700$  mm) para evitar o efeito da seca; o estresse combinado (H + D) foi aplicado pela data de plantio tardio (final de fevereiro) com irrigação reduzida (suprimento total de água  $<200$  mm).

Na Tabela 2 é feita a codificação de cada Genótipo (G) por uma abreviação sempre começada com a letra G, seguida de um número inteiro. Assim foram selecionados 20 genótipos que tinha algumas características de estabilidade e/ou produtividade no banco de dados. Os selecionados podem ser observar na tabela abaixo.

TABELA 2: Códigos de genótipo de trigo e seus pedigrees.

| Codificação do Genótipo (G) | Número de identificação |
|-----------------------------|-------------------------|
| G1                          | 12156594                |
| G2                          | 12156610                |
| G3                          | 12156710                |
| G4                          | 12156766                |
| G5                          | 12156786                |
| G6                          | 12156814                |
| G7                          | 12156842                |
| G8                          | 12156866                |
| G9                          | 12156942                |
| G10                         | 12156944                |
| G11                         | 12157054                |
| G12                         | 12157098                |
| G13                         | 12157108                |
| G14                         | 12157120                |
| G15                         | 12157122                |
| G16                         | 12157146                |
| G17                         | 12157162                |
| G18                         | 12157210                |
| G19                         | 693056                  |
| G20                         | 4896628                 |

O modelo AMMI (*Additive Main effects and Multiplicative Interaction Models*) combina dois métodos na sua análise: análise de variância e a decomposição por valor singular em um único modelo, componentes aditivos para os efeitos principais de genótipos ( $g_i$ ), ambientes ( $e_j$ ) e componentes multiplicativos para os efeitos da interação ( $ge_{ij}$ ) para a

resposta média do i-ésimo genótipo no j-ésimo ambiente sobre r blocos (repetições) foi adotado o modelo conforme a equação (GAUCH, 1992; GAUCH, 2013; HONGYU *et al.*, 2014):

$$Y_{ijr} = \mu + g_i + e_j + \sum_{k=1}^n \lambda_k \gamma_{ik} \alpha_{jk} + \rho_{ij} + b_{(r)j} + \varepsilon_{ijr}$$

em que:  $Y_{ijr}$  é a média do i-ésimo genótipo no j-ésimo ambiente e no r-ésimo bloco, com  $i=1, 2, \dots, g$ ;  $j=1, 2, \dots, e$  e  $r=1, \dots, h$ .  $\mu$  é a média geral;  $g_i$  e  $e_j$  são os efeitos do i-ésimo genótipo e j-ésimo ambiente, respectivamente;  $\lambda_k$  é o k-ésimo valor singular da matriz (**GE**) e com  $\lambda_1 \geq \lambda_2 \geq \dots \geq \lambda_n$ ;  $\gamma_{ik}$  e  $\alpha_{jk}$  são elementos dos k-ésimos valores singulares correspondentes ao i-ésimo genótipo e j-ésimo ambiente respectivamente;  $\rho_{ij}$  é o resíduo da interação G × E; n é o número de eixos ou componentes principais retidos pelo modelo; r é o número de repetições ou blocos;  $b_{(r)j}$  é o efeito do r-ésimo bloco dentro do j-ésimo ambiente e  $\varepsilon_{ijr}$  é o erro médio experimental associado ao i-ésimo genótipo e j-ésimo ambiente no r-ésimo bloco, assumidos independentes e  $\varepsilon_{ijr} \sim N(0, \frac{\sigma^2}{r})$ .

Na primeira fase os efeitos principais, na parte aditiva (média geral, efeitos de genótipos e ambientes), são ajustados por uma análise de variância comum aplicada à matriz de média ( $Y_{(g \times e)}$ ), resultando em um resíduo de não aditividade, isto é, na interação G × E, dada por  $(ge)_{ij}$ , essa interação constitui a parte multiplicativa do modelo. Na segunda fase a interação é analisada pela decomposição em valores singulares (DVS) ou por análise de componentes principais da matriz de interações ( $\mathbf{GE}_{(g \times e)} = [(ge)_{ij}]$ ) (HONGYU *et al.*, 2014).

A matriz GE é a matriz de interação entre os genótipos e os ambientes, (matriz de resíduo dos efeitos principais), em que cada elemento  $(ge)_{ij}$  de **GE** são dados por (HONGYU *et al.*, 2015):

$$(ge)_{ij} = Y_{ij} - \bar{Y}_{i\cdot} - \bar{Y}_{\cdot j} + \bar{Y}_{..}$$

em que  $Y_{ij}$  é a média das repetições do genótipo i no ambiente j, com  $i = 1, 2, \dots, g$  e  $j = 1, 2, \dots, e$ ;  $\bar{Y}_{i\cdot}$  é a média do genótipo i;  $\bar{Y}_{\cdot j}$  é a média do ambiente j e  $\bar{Y}_{..}$  é a média geral do experimento.

Existem várias técnicas para atribuir os graus de liberdade a um modelo AMMI, um dos procedimentos usuais consiste em determinar os graus de liberdade associados à cada parcela da  $SQ_{G \times E}$ , ou seja, associada a  $\lambda_k^2$ , relacionada a cada membro da família de modelos AMMI, obtém-se o quadrado médio ( $QM$ ) correspondente a cada parcela (ou modelo), em seguida, é obtido um teste F avaliando-se a significância de cada componente em relação ao  $QM_{\text{Erro médio}}$ . Isso resulta num quadro de análise de variância semelhante ao tradicional, com desdobramento para fonte de variação da interação G × E (GAUCH, 2013; HONGYU *et al.*, 2015).

Dessa forma, a definição do número de eixos a serem retidos para explicar o padrão relacionado à interação leva em consideração a proporção da  $SQ_{G \times E}$  acumulada até o n-ésimo eixo ( $\sum_{k=1}^n \lambda_k^2 / SQ_{G \times E}$ ). O ponto de parada que determina a seleção do modelo (AMMI0, AMMI1, ..., ou AMMIF) baseia-se na significância do teste F para os sucessivos termos da interação (HONGYU *et al.*, 2015). O método de Gollob (1968) é um dos mais utilizados para atribuir graus de liberdades a um modelo AMMI, a expressão do método é:  $GL_{PC_k} = g + e - 1 - 2k$ , com  $k = 1, 2, \dots, p$ ,  $p = \min(g-1, e-1)$ , em que CPk é o k-ésimo eixo de componente principal.

O método AMMI está na possibilidade de representar, num único gráfico, os efeitos de interação para cada genótipo e cada ambiente no *biplot* baseando-se na aproximação de Decomposição por valores singulares (DV S) da matriz de GE (interação genótipo × ambiente) (HONGYU *et al.*, 2015).

Na análise AMMI, a DVS é aplicada à matriz de interações **GE** (matriz de posto p) (Hongyu *et al.*, 2014):

$$\mathbf{G}\widehat{\mathbf{E}}_{(g \times e)} = \sum_{k=1}^n \lambda_k \gamma_k \alpha'_k = \widetilde{\mathbf{U}} \widetilde{\mathbf{S}} \widetilde{\mathbf{V}}'$$

em que,  $\widetilde{\mathbf{U}}_{(g \times n)}$  tem em suas colunas apenas os  $n$  primeiros vetores  $\boldsymbol{\gamma}_{(g \times 1)}$ ;  $\widetilde{\mathbf{S}}_{(n)}$  é a matriz diagonal com os primeiros valores singulares:  $\lambda_1, \lambda_2, \dots, \lambda_p$  (com  $n < p$ ) e  $\widetilde{\mathbf{V}}'_{(n \times e)}$  tem em suas primeiras linhas os  $n$  primeiros vetores  $\boldsymbol{\alpha}'_{(1 \times e)}$ .

Assim, na análise AMMI tem-se a decomposição exata dada por  $\mathbf{G}\mathbf{E}_{(g \times e)} = \mathbf{U} \mathbf{S} \mathbf{V}' = \mathbf{U} \mathbf{S}^{\frac{1}{2}} \mathbf{S}^{\frac{1}{2}} \mathbf{V}' = \mathbf{G} \mathbf{H}'$  e a decomposição aproximada por  $n$  componentes  $\mathbf{G}\widehat{\mathbf{E}}_{(g \times e)} = \widetilde{\mathbf{U}} \widetilde{\mathbf{S}} \widetilde{\mathbf{V}}' = \widetilde{\mathbf{G}} \widetilde{\mathbf{H}}' = \sum_{k=1}^n (\lambda_k^{\frac{1}{2}} \gamma_k^{\frac{1}{2}}) (\gamma_k^{\frac{1}{2}} \alpha'_k)$  sendo  $\widetilde{\mathbf{G}}_{(g \times e)}$  efeitos de genótipos e  $\widetilde{\mathbf{H}}'_{(n \times e)}$  efeitos de locais (Gauch, 1992; Gauch, 2013).

## RESULTADOS E DISCUSSÃO

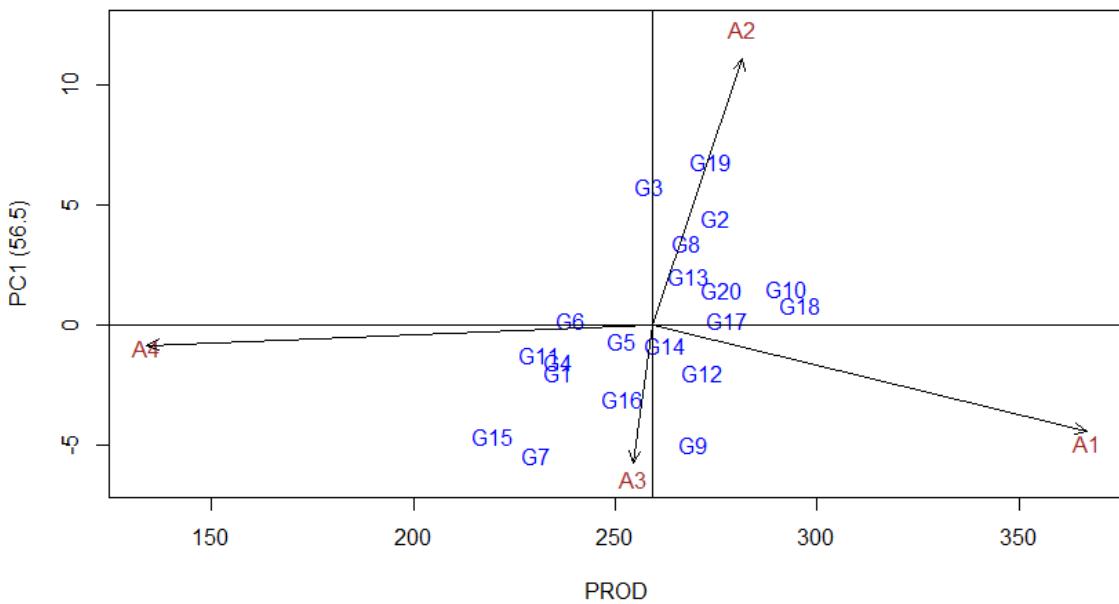
O modelo AMMI permite identificar por meio da ANOVA conjunta a significância de cada parte do experimento. Observando a Tabela 3 temos que há significância no comportamento da produção por influência do Ambiente (E) (valor-p < 0,01), indicando que a localização é um fator a ser levado em consideração para o trigo. Também identificamos que há diferenças significativas entre os genótipos (valor-p < 0,01) contribuindo com a idéia que o tipo é essencial para a garantia de uma boa produção. E por fim também é identificado uma interação entre Genótipo (G)/Ambiente (E) (valor-p < 0,01), contribuindo para a escolha do grupo de genótipos e de Ambientes que leve para uma estabilidade de produção ou um aumento significativo de produção de trigo.

**TABELA 3:** Análise de variância conjunta do experimento com 20 genótipos avaliados em 4 ambientes e decomposição das somas de quadrados da interação GxE.

| Resposta          | G.L. | SQ       | QM       | F        | Valor-p     |
|-------------------|------|----------|----------|----------|-------------|
| Ambientes (E)     | 3    | 1111780  | 370593   | 170,4134 | 0,000113*** |
| Blocos ambientais | 4    | 8699     | 2175     | 3,2937   | 0,015212**  |
| Genótipos (G)     | 19   | 69802    | 3674     | 5,5642   | <0,0001***  |
| Interação (GxE)   | 57   | 169406   | 2972     | 4,5014   | <0,0001***  |
| Resíduos          | 76   | 50179    | 660      |          |             |
| PC1               |      | 95731,29 | 4558,633 | 6,90     | <0,0001***  |
| PC2               |      | 54992,72 | 2894,354 | 4,38     | <0,0001***  |
| PC3               |      | 18681,92 | 1098,936 | 1,66     | 0,0699 NS   |
| Média             |      | 259,2064 |          |          |             |
| CV                |      | 9,91     |          |          |             |

NS: Não Significativo; \* Significativo a 0,05; \*\* Significativo a 0,01; \*\*\* Significativo a 0,001.

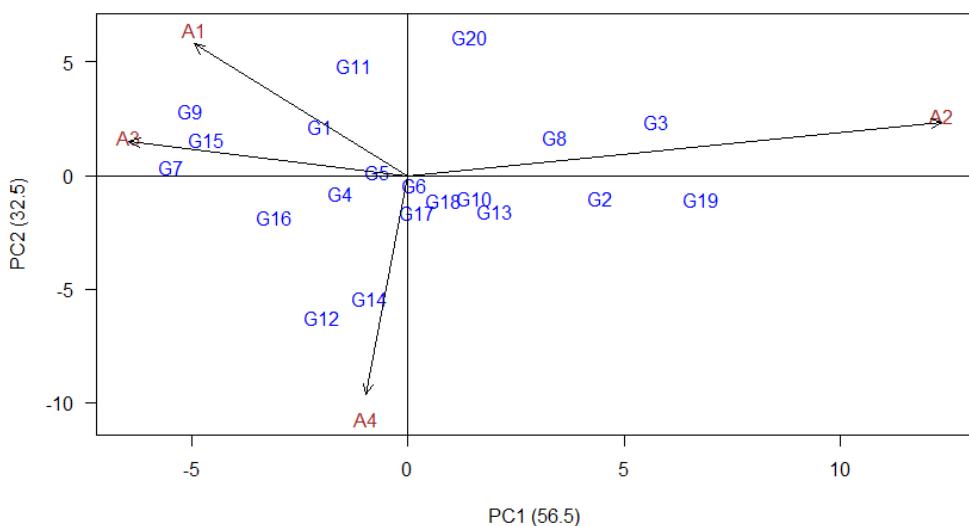
O modelo AMMI foi capaz de gerar duas componentes principais que contribuem com 56,5% e 32,5% respectivamente. Com significância (valor – p < 0,01) de 1%. Isso demonstra um acumulado nas duas componentes de 89% para explicar a combinação linear.



**FIGURA 1: Biplot AMMI1 para a produtividade de trigo com vinte Genótipos e quatro Ambientes.**

Na Figura 1 temos uma relação entre o nível de produção de cada genótipo e Ambiente (E). Verificamos que os Ambientes A3 e A4 apresentam uma produtividade abaixo da média não sendo indicados para a produção do trigo. Como os ambientes A2 e A1 apresentam uma produtividade superior a média, é favorável um estudo do melhor Genótipo (G) para a produção.

Podemos observar que os genótipos G10 e G18 são os mais produtivos entre os demais. Os genótipos G4, G5 e G6 apresentam uma produção inferior a média geral, e assim não são indicados como bons genótipos. Os genótipos G13 e G17 apresentam uma produção superior a média, porém não são os mais produtivos de modo geral. Assim os G10 e G18 podem ser classificados como genótipos ideais para a produção de trigo, pois são estáveis e possuem alta produção (Figura 1).

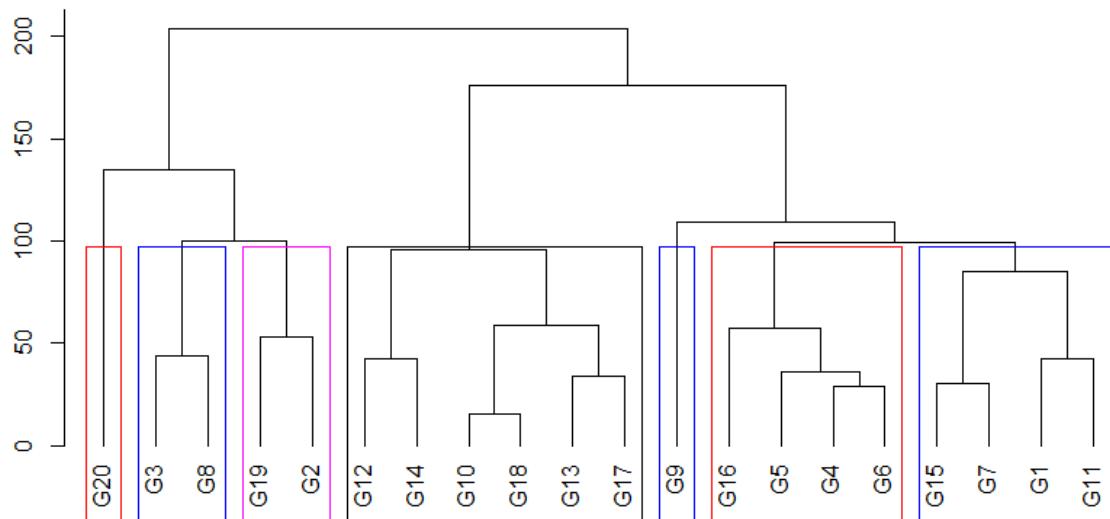


**FIGURA 2: Biplot AMMI2 para os rendimentos de grão de trigos com vinte Genótipos e quatro Ambientes.**

O modelo gera dois gráficos que permitem estudar o comportamento dos Ambientes e Genótipos. Na figura 2 podemos observar que os genótipos G4, G5, G6, G10, G13, G18 e G17 estão dispostos mais próximos da origem das duas componentes, indicando que são genótipos mais estáveis que os demais. Isso significa que eles podem ser utilizados em qual dos quatro Ambientes, pois não são afetados pelas condições de estresse hídrico e de temperatura.

Também é possível identificar que os G7, G15 e G9 são mais adaptados ao Ambiente (E) A3; os G12 e G14 são mais adaptados ao Ambiente A4 e os G19, G3, G2 e G8 a adaptação está relacionada ao ambiente A2. Isso pode significar que esses Genótipos podem apresentar uma produtividade melhor quando cultivados nesses Ambientes específicos, porém ao mudar o Ambiente (E) você pode não ter mais os mesmos resultados esperados. Os outros genótipos não podem ser caracterizados nem pela estabilidade e nem pela adaptabilidade entre os Ambientes (Figura 2).

**FIGURA 3: Dendrograma de similaridade com vinte Genótipos.**



A Figura 3 fica destacado pela matriz de distância completa, a similaridade de produção entre os Genótipos do estudo e podemos averiguar que os G10 e G18, realmente apresentavam semelhanças na produção. Nesse caso uma alta produção em relação aos demais Genótipos. Já o grupo formado por G15, G7, G1 e G11 são os menos produtivos entre todos e assim formam um grupo semelhante. O que indica que os agrupamentos podem ser por fatores positivos (alta produção) ou fatores negativos (baixa produção).

## CONCLUSÃO

A utilização do modelo AMMI tornou-se eficaz para a exploração da interação genótipo  $\times$  ambiente, com a vantagem de explicar a parcela das somas de quadrados da interação  $G \times E$ , e possibilitou uma fácil interpretação gráfica dos resultados na análise estatística.

A análise AMMI foi capaz de separar os efeitos de genótipos, ambientes e da interação  $G \times E$ , como é necessário para a maioria dos objetivos da pesquisa agrícola. Além disso, o AMMI separou os ruídos e padrão da interação, para obter ótima precisão para melhores recomendações e seleções genotípicas.

## REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- ASSIS, Tatiana Oliveira Gonçalves de. Comparação dos modelos AMMI e AMMI ponderado na análise da interação genótipo x Ambiente e interação QTL x Ambiente. 2015. Tese de Doutorado. Universidade de São Paulo.
- CROSSA, Jose. Statistical analyses of multilocation trials. In: Advances in agronomy. Academic Press, 1990. p. 55-85.
- FALCONER, D., Falconer, D. S., Falconer, D., Silva-Serra, M. A., França-Silva, J. C., Telles, S., & Silva, J. C. (1987). Introdução à genética quantitativa.
- GAUCH JR, Hugh G. Model selection and validation for yield trials with interaction. *Biometrics*, p. 705-715, 1988.
- GAUCH, Hugh G.; ZOBEL, Richard W. Predictive and postdictive success of statistical analyses of yield trials. *Theoretical and Applied genetics*, v. 76, n. 1, p. 1-10, 1988.
- GAUCH JR, H. G. AMMI analysis on yield trials. CIMMYT Wheat Special Report (CIMMYT), 1992.
- Liu, Caiyun; Sukumaran, Sivakumar; Claverie, Etienne; Sansaloni, Carolina; Dreisigacker, Susanne; Reynolds, Matthew , 2019, "Genetic and phenotypic data of Syn/Weebil recombinant inbred lines under drought and heat stresses", hdl:11529/10548170, CIMMYT Research Data & Software Repository Network, V1.
- YOKOMIZO, GK-I. et al. Análise AMMI em caracteres vegetativos de genótipos de bananeiras no Amapá. Embrapa Amapá-Artigo em periódico indexado (ALICE), 2016.