

## **ANÁLISES CONJUNTAS DE EXPERIMENTOS**

,Nos experimentos de avaliação de cultivares ou de recomendações de algumas práticas culturais é fundamental que os experimentos sejam repetidos em vários locais e vários anos.

A análise conjunta é interessante para avaliar as interações com ambientes (locais ou anos) etambém para verificar os efeitos gerais, quando presentes.

Para realizar a análise conjunta há necessidade de certa homogeneidade das variações ambientais, pois a análise conjunta no geral é feita com a média dessas variações.

Na prática, isso é avaliado pela grandeza dos quadrados médios residuais, que amostram as variâncias ambientais. Gomes (2000), compilando vários estudos sugerem que a relação entre o maior e o menor quadrado médio do resíduo deva ser menor que 7(sete). Esse número pode ser ajustado em função dos graus de liberdade dos resíduos das análises individuais (Perecin, 2008).

Experimentos de competição de cultivares (ou testes clonais) são fundamentais para avaliar as qualidades de novos materiais genéticos, pois são desses experimentos que podem surgir recomendações para lançamentos de variedades. A expectativa é que o novo material seja melhor que o antigo, envolvendo, então enormes responsabilidades.

Os lançamentos devem ser precedidos de experimentos ou ensaios regionais e estaduais e, para esses, há necessidade de cuidados especiais para que se possam tirar conclusões com segurança. Eles devem ser conduzidos em vários locais e preferencialmente em vários anos. As análises podem ser feitas por procedimentos clássicos da análise de variância ou por modelos mistos e procedimentos ótimos (Resende, 2002).

Atributos agronomicamente importantes, por exemplo a produção de plantas no geral é influenciada por muitos fatores genéticos e ambientais e também por efeitos extras conhecidos como interação genótipo x ambiente (GxA). Isso faz com que as respostas dos genótipos não possam ser preditas somente pelos efeitos médios do genótipo e dos ambientes.

Assim, avaliações fenotípicas ou genotípicas, pelo menos nos estágios avançados do melhoramento de plantas devem ser executados em múltiplos ambientes, visando avaliar a performance geral do genótipo (através dos ambientes) e eventualmente a performance discrepante (para melhor ou pior) dentro de ambientes específicos.

Falconer&Mackay (1996) citam que uma função relacionando as respostas médias de um genótipo às mudanças no ambiente é chamada norma de reação. Normas de reação podem ser alteradas em respostas às pressões ambientais e podem ter formas variadas.

Entre as normas de reação mais utilizadas, destacam-se as que procuram relacionar a produção (Y) de um genótipo em função de um índice ambiental (X). Do ponto de vista prático, é muito interessante quando essa norma de reação pode ser resumida por uma equação simples, uma reta, por exemplo.

Mas será que existe situação em que a reta ocorre na prática?

Matematicamente, demonstra-se que se X e Y são variáveis com distribuições normais (binormais), o valor esperado de Y em função dos observados valores de X é uma reta, cujo coeficiente angular depende da correlação entre X e Y e dos respectivos desvios padrões (Hogg& Craig, 1965). Ou seja, matematicamente a binormalidade é uma condição suficiente para se ter a reta. Para uso prático, eventualmente, Y poderia ser a produção (TCH, por exemplo) e X uma medida do ambiente. Há genótipos que possuem a capacidade de se adaptar a uma ampla faixa de ambientes e produzir segundo a reta, nos termos do teorema citado; são ditos genótipos plásticos.

Um problema prático é medir, de alguma forma, o ambiente (X).

No método de Eberhart& Russell (1966), um dos mais utilizados, é proposto um índice ambiental calculado a partir dos resultados dos próprios experimentos com múltiplos genótipos em múltiplos ambientes: É feita a subtração entre a média de todos os genótipos em cada ambiente menos a média geral de todos os genótipos em todos os ambientes. Usando o índice ambiental como abscissa X e o valor observado

do genótipo em cada ambiente como ordenada Y, utiliza-se a regressão linear ( $Y = a + b \cdot X$ ) para cada genótipo. Quando  $b < 1$ , o genótipo responde pouco à melhoria ambiental,  $b = 1$  responde de forma igual à média de todos genótipos à melhoria ambiental e  $b > 1$  responde de forma acentuada à melhoria de ambiente e são mais indicados para ambientes melhores.

Uma crítica ao método é que o índice ambiental é função dos próprios dados, exigindo para representatividade um bom número de genótipos e de ambientes (Crossa, 1990). Além disso, para interpretação adequada do método é necessário que o coeficiente da regressão ( $b$ ) seja significativo e os desvios de regressão não significativos; ou seja a linearidade não pode falhar.

Quando se trabalha com médias, pode-se testar os coeficientes de regressão (linearidade) usando os desvios de regressão, como resíduo.

### **Avaliação de experimentos multilocais**

Diversos métodos estão disponíveis para avaliar o desempenho dos genótipos em ensaios multi-ambientes. Crossa (1990) revisou: (i) análises estatísticas convencionais, (ii) métodos de estabilidade e (iii) análises multivariadas para a avaliação e interpretação dos ensaios multi-ambientes. Para cada metodologia o autor discutiu as limitações estatísticas e biológicas.

Os métodos para avaliar a GXA podem ser apresentados, de um modo geral, seguindo uma ordem cronológica. O primeiro método utilizado para avaliar a GXA foi o método baseado na análise de variância convencional (Fisher, 1918). Em seguida, Yates & Cochran (1938) propuseram um método para identificar genótipos estáveis baseado na análise de regressão. Esta abordagem evoluiu, levando ao modelo de Eberhart & Russel (1966). Crossa (1990), argumenta que tais métodos, baseados na análise de regressão linear, não são informativos se a linearidade falhar, sendo fortemente dependentes do grupo de genótipos e ambientes incluídos na análise e

tende a simplificar modelos de resposta por explicar a variação devida à interação em uma única dimensão, quando na realidade ela pode ser bastante complexa, alertando para o risco em sacrificar informações relevantes para facilitar interpretações estatísticas e biológicas. Duarte & Vencovsky (1999) acrescentam ainda o fato desses procedimentos, em geral, não informarem sobre interações específicas de genótipos com ambientes (se positivas ou negativas) dificultando explorar vantajosamente os efeitos da interação.

A partir da década de 70 com o desenvolvimento de hardwares e softwares, grandes quantidades de dados tem sido coletadas, armazenadas e eficientemente gerenciadas através de softwares. Crossa (1990) sugere que a aplicação de métodos multivariados pode ser útil para melhor explorar as informações contidas nos dados, uma vez que, tais métodos distinguem a variação sistemática (padrões dos dados) da não sistemática (ruídos). Recomenda, então, técnicas como a análise de componentes principais (ACP), que pode ser tratada diretamente através da técnica matemática denominada decomposição por valores singulares (DVS), a análise de agrupamentos e a metodologia AMMI (Additive Main Effects and Multiplicative Interaction Analysis), que vem sendo bastante utilizada nos últimos anos (Duarte & Vencovsky, 1999).

Além destes modelos, outro modelo, baseado em ACP, bastante utilizado atualmente, é o GGE (Genotype Main Effects and Genotype x Environment Interaction) biplot (Yan et al., 2000, 2007, 2009; Yan & Kang, 2002). Similar ao modelo AMMI, os genótipos e os ambientes são avaliados visualmente, simultaneamente, em um gráfico denominado biplot (Gabriel, 1971, Yang et al., 2009, 2010).

Resende (2007) argumenta que os métodos para avaliar a GXA evoluíram da análise de variância conjunta de experimentos, passando pelos métodos de estudo da estabilidade e adaptabilidade fenotípica baseados em análise de regressão, pelos métodos não paramétricos para estabilidade e adaptabilidade e pelos AMMI, para os efeitos da interação. Porém, tais procedimentos apresentam limitação para lidar com os dados desbalanceados, delineamentos experimentais não ortogonais (blocos

incompletos) e com a heterogeneidade de variâncias entre os vários locais de experimentação, situações estas corriqueiras na experimentação de campo (Bastos et al., 2007).

Resende (2007) relatam ainda que se o objetivo é ter estimativas dos efeitos genotípicos tão próximas quanto possível dos verdadeiros efeitos, genótipos devem ser considerados como aleatórios. A adoção dos efeitos de cultivares como aleatórios não é ainda de uso generalizado e as razões para isso são históricas. Assim, para os autores, uma grande mudança de cultura é necessária, recomendando enfaticamente o uso de modelos mistos.

Piepho et al. (2008) analisaram a aplicação dos modelos mistos (BLUP) no melhoramento de plantas e ensaios de variedades. O BLUP permite incluir o uso de informações de parentesco para modelar e explorar a correlação genética entre parentes e o uso de estruturas mais flexíveis da matriz de variância-covariância da GXA. Os autores demonstraram que o BLUP tem uma boa capacidade preditiva quando comparado a outros procedimentos e, mesmo nos casos onde não foi utilizado a informação de parentesco, o BLUP demonstrou resultados perfeitamente razoáveis.

„Para outras avaliações dos métodos de avaliar GxA, ver por exemplo, Flores et al. (1998), Bajpai e Kumar (2005), Namorato et al. (2009), Bernardo (2010), Ramburan et al. (2011), Ferraudo&Perecin (2014).

### **Conceitos de estabilidade e de adaptabilidade**

Há dois tipos de estabilidade: (i) estática ou biológica, quando um genótipo apresenta comportamento constante entre ambientes; e (ii) dinâmica ou agronômica, quando determinado genótipo responde à variação do ambiente de forma paralela à resposta média de todos os genótipos no experimento.

Se houver estabilidade dinâmica não há interação GxA.

No caso do uso do método de Eberhart e Russel, não haverá interação GXA para os genótipos que mostram paralelismo com a reta ( $Y = a + b \cdot X$ ) obtida com a média de

todos genótipos, são genótipos que mostram plasticidade ou adaptabilidade ampla ( $b=1$ ), respondendo ao ambiente como a média de todos genótipos

Na Figura 1 estão dados médios hipotéticos da produção (TCH) de quatro cultivares (A,B,C,D), em função do índice de Eberhart& Russel (1966), em cinco ambientes.

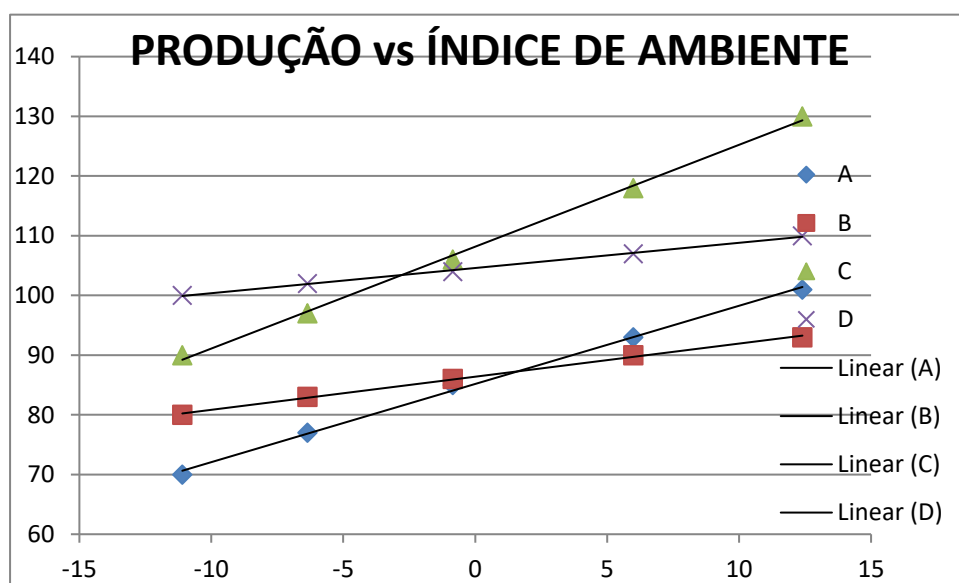


Figura 1.Dados médios hipotéticos de quatro cultivares em função do índice de Eberhart& Russel (1966).

”

Na prática, será interessante para ambientes bons alocar genótipos com alta produção média e  $b>1$ , para ambientes ruins, alocar genótipos com alta produção média e  $b<1$ . Quando um genótipo não possui um comportamento previsível em função dos ambientes (por exemplo, se a linearidade falhar) ele poderá eventualmente ter resposta favorável a ambientes específicos (adaptabilidade preferencial ou específica para determinados ambientes); o que sugere, para esse caso, seleção regional ou para locais específicos.

Nota-se (Figura 1) que há dois cultivares com produção média alta (C e D) e dois com produção média baixa (A e B) e que nenhum dos quatro cultivares tem comportamento igual à média dos cultivares, sugerindo interação ( $G \times A$ ), o que é mostrado na ANOVA (Tabela 1). Os valores de  $b$  da reta ( $Y = a + b \cdot X$ ) são

respectivamente: 1,2564 para A; 0,5385 para B; 1,8718 para C e 0,4616 para D. Para recomendação prática, levando-se em conta a capacidade produtiva e a responsividade, sugere-se: cultivar D para os piores ambientes e C para os melhores.

Tabela 1 -Resumo da ANOVA, com os dados da Figura 4.

Fontes de variação	Quadrado Médio	p-value
Ambiente	1690	<0,001
Cultivares	1299	<0,001
Ambientes x Cultivar	158	<0,001
Blocos dentro de Ambientes	309	<0,001
Resíduo dentro de ambientes	15	

### **Índices ambientais não dependentes dos próprios dados**

Dias et al. (1999) e Landell et al. (2003) mostraram que a produtividade da cana-de-açúcar de cortes mais avançados da cana-de-açúcar apresenta uma correlação do tipo linear com atributos dos solos.

Um interessante índice para avaliar a produção de cana-de-açúcar, foi proposto por Landellet al. (2007). Cada um dos períodos de safra definidos para o Centro-Sul do Brasil impõe sobre a planta de cana-de-açúcar diferentes condições climáticas durante os estágios fenológicos. Foram atribuídas notas aos ambientes de produção qualificados segundo conceitos pedológicos, com os três ciclos de desenvolvimento (outono, inverno e primavera). No Centro de Cana IAC a esta tabela dá-se o nome de “matriz de ambientes”, definindo caselas a partir da intersecção dos níveis dos fatores ambientes e épocas. Esta caracterização permite estabelecer estratégias de alocação varietal quando se conhece o perfil de resposta das cultivares aos ambientes, conforme Landell e Bressiani (2008).

Assim a classificação pedológica, aliada com a época de colheita, é importante para previsão de produtividade e, principalmente, para alocação de cultivares, conforme o seu perfil de resposta.

O grupo de solos favoráveis é composto por aqueles de maior potencial químico, como os eutróficos e mesotróficos, e aqueles com maior potencial de armazenamento de água, como os cambissolos profundos, englobam os tipos classificados como A1, A2, B1, B2. No grupo de solos médios estão incluídos os distróficos e os álicos mais profundos com bom potencial de armazenamento de água, tipos C1, C2 e D1. Entretanto, no grupo de solos desfavoráveis estão os ácricos, os latossolosálicos com teor de argila entre 15 e 25%, os neossolosquartzarênicos, entre outros com restrições físico-químicas, tipos D2, E1 e E2.

Landell & Bressiani (2008) mostraram como as caselas da matriz podem dar idéia melhor do potencial agrícola para os ambientes compostos pelas combinações solos e épocas de colheita. Na Figura 5 estão dados do Programa Cana IAC para ilustrar.

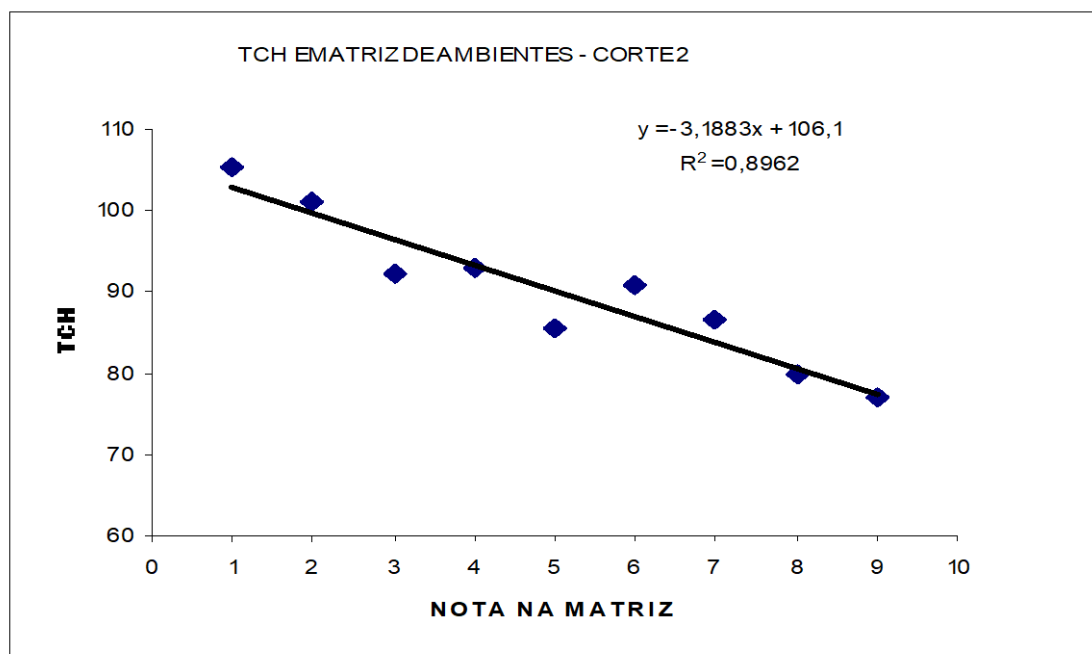


Figura 2—Médias de TCH (toneladas de cana por hectare) do segundo corte de 275 genótipos em 260 experimentos nos nove ambientes (nota 1 a 9) da matriz. (Fonte: Programa Cana IAC, experimentos de 1993 a 2008).



Nota-se (Figura 2) que na média com muitos genótipos e muitos experimentos, há uma boa relação linear entre a nota (índice) na matriz de ambientes e a produção TCH, perdendo-se cerca de 3,2 toneladas (taxa de decaimento) para aumento de uma unidade na nota na matriz.

. Genótipos que mostrem não paralelismo com essa reta da Figura 2 ou não linearidade indicam interações GxA e a adaptabilidade e recomendação prática deve ser avaliada em função da Capacidade Produtiva (produção média) e da Responsividade (taxa de decaimento). Se a reta falhar, eventualmente, podem existir cultivares específicos para determinados ambientes ou para uso regional.

### **Genótipos fixos ou aleatórios?**

Essa é uma questão que ainda gera discussões. No tradicional os genótipos eram considerados como fixos e os blocos como aleatórios. Faziam-se, então comparações múltiplas entre as médias fenotípicas ajustadas para efeitos de blocos (procedimentos de comparações múltiplas, O'Neill & Wetherill, 1971; correções para falsas significâncias, FDR, Benjamin & Hochberg, 1995).

Atualmente o mais usual é considerar genótipos como aleatórios e blocos como fixos, gerando as predições REML/BLUP. A diferença fundamental é que as predições mostram o fenômeno de “shrinkage”, ou seja, um estreitamento em direção à média e os preditores tem sido interpretados como mais genotípicos que as médias fenotípicas do processo tradicional. Além disso, com os modelos mistos é possível introduzir ponderações pelos números de repetições desiguais, pelo efeitos de parentesco entre os genótipos e pelas informações moleculares..

### **REFERÊNCIAS COM ÊNFASE EM INTERAÇÃO GxE**

- BAJPAI, P. K. & KUMAR, R. (2005). Comparison of methods for studying genotype x environment interaction in sugarcane. **Sugar Tech**, v. 7, n. 4, p. 129 – 135.
- BASTOS, I. T.; BARBOSA, M. H. P.; RESENDE, M. D. V.; PETERNELLI, L. A.; SILVEIRA, L. C. I.; DONDA, L. R.; FORTUNATO, A. A.; COSTA, P. M. A.; FIGUEIREDO, I. C. R. (2007). Avaliação da interação genótipo x ambiente em cana-de-açúcar via modelos mistos. **Pesquisa Agropecuária Tropical**, Goiânia, v. 37, n. 4, p. 195 – 203.
- BENJAMINI, Y. & HOCHBERG, Y. (1995). Controlling the false discovery rate: A practical and powerful approach to multiple testing. **Journal of the Royal Statistical Society**, Series B, v. 57, p. 289-300.
- BERNARDO, R. (2010). Genotype x Environment Interaction. In: \_\_\_\_\_ (Ed.). **Breeding for quantitative traits in plants**. Woodbury: Stemma Press, 2010, cap. 8, p. 177 - 203.
- CROSSA, J. (1990). Statistical analysis of multilocation trials. **Advances Agronomy**, v. 44, p.55-85.
- DIAS, F. L. F. ; MAZZA, J. A. ; MATSUOKA, S. ; PERECIN, D. ; MAULE, R. F. (1999). Produtividade da cana-de-açúcar em relação a clima e solos da região noroeste do estado de São Paulo. *Revista Brasileira de Ciência do Solo*, Viçosa, v. 23, n.3, p. 627-634.
- DUARTE, J. B. & VENCOVSKY, R. (1999). **Interação genótipos x ambientes**: uma introdução à análise “AMMI”. Ribeirão Preto: Sociedade Brasileira de Genética, 60 p. Série Monografias, 9.
- EBERHART, S. A.; RUSSEL, W. A. (1966). Stability parameters for comparing varieties. **Crop Science**, Madison, v. 1, n. 6, p. 36 – 40.
- FALCONER, D.S. & MACKAY, T.F.C. (1996). **Introduction to quantitative genetics**, 4<sup>th</sup> ed. Longman Group, Essex, 464 p.

FERRAUDO, G. M.& PERECIN, D. (2014) Mixed Model, AMMI and Eberhart-Russel Comparison via Simulation on Genotype  $\times$  Environment Interaction Study in Sugarcane. **Applied Mathematics**, v. 05, p. 2107-2119.

FISHER, R. A. (1918). The correlation between relatives on the supposition of Mendelian inheritance. **Transactions of the Royal Society**, Edinburgh, v. 52, p. 399 – 433.

FLORES, F. MORENO, M. T.; CUBERO, J. I.(1998). A comparison of univariate and multivariate methods to analyze G X E interaction. **Field Crops Research**, v. 56, n. 3, p. 271 – 286.

GABRIEL, K. R.(1971).The biplot graphic display of matrices with application to principal components analysis. **Biometrika**, v. 58, n. 3, p. 453 - 467.

GOMES, F. P.(2000). **Curso de Estatística Experimental**. 14ª Edição. Piracicaba, ESAL/USP. 477 p.

HOGG, R.V. & CRAIG, A.T.(1965)**Introduction to mathematical statistics**, 2ª ed., New York, Macmillan Co., 388 p.

LANDELL, M. G. de A.;VASCONCELOS, A.C.M.; SILVA, M.A.; PERECIN, D.; CARVALHO, R.S.R.; BARBOSA, V. PENNA, M.J. (1999). Validação de Métodos de Amostragem para Estimativa de Produção de Cana-de-Açúcar, em Áreas de Colheita Mecanizada .**Revista STAB**, v.18, n.2., p.48-51.

LANDELL, M. G. A. ; PRADO, H. ; VASCONCELOS, A. C. M. ; PERECIN, D. ; ROSSETO, R. ; BIDOIA, M. A. P. ; SILVA, M. A. ; XAVIER, M. A. (2003) . Oxisol subsurface chemical attributes related to sugarcane productivity. **Scientia Agrícola** (USP. Impresso), Piracicaba, v. 60, n.4, p. 741-745.

LANDELL, M. G. A. et al. (2007). **Variedades de cana-de-açúcar para o Centro-Sul do Brasil: 16ª liberação do programa cana IAC (1959-2007)**. Campinas, IAC, Boletim Técnico IAC 201. 37 p.

- LANDELL, M. G. A. et al. (2012). **Sistema de multiplicação de cana-de-açúcar com o uso de mudas pré-brotadas (MPB), oriundas de gemas individualizadas**. Campinas: Instituto Agrônômico. 16 p. (Documentos IAC, N. 109) online.
- LANDELL, M. G. A. & BRESSIANI, J. A. (2008).Melhoramento genético, caracterização e manejo varietal. In: DINARDO-MIRANDA, L. L.; VASCONCELLOS, A. C. M.; LANDELL, M. G. A. **Cana-de-açúcar**. Campinas: IAC,cap. 5,p. 101 - 155.
- NAMORATO, H.; MIRANDA, G. V.; SOUZA, L. V.; OLIVEIRA, L. R.; LIMA, R. O.; MANTOVANI, E. E. (2009). Comparing biplot multivariate analysis with Eberhart and Russel's method for genotype x environment interaction.**Crop Breeding and Applied Biotechnology**, Viçosa, v. 9, p. 299 – 307.
- O'NEILL, R. & WETHERILL, G. B. (1971). The present state of multiple comparison methods.**J. Royal Stat. Soc., B.**, v.33, p.218-250.
- PERECIN, D. (2008). Experimentação com cana-de-açúcar. In: DINARDO-MIRANDA, L. L.; VASCONCELLOS, A. C. M.; LANDELL, M. G. A. **Cana-de-açúcar**. Campinas: IAC,p. 809 - 820.
- PERECIN, D.& BARBOSA, J.C. (2008). Uma avaliação de seis procedimentos para comparações múltiplas. **Rev. Mat. Estat.**, São Paulo, v.6, p.95-103.
- PERECIN, D. & CARGNELUTTI FILHO, A.(2008). Efeitos por comparações e por experimento em interações de experimentos fatoriais. **Ciência e Agrotecnologia** (UFLA), v. 32, p. 68-72.
- PERECIN, D.; MARQUES, D.G.; LANDELL, M.G.A.(2004). Selo de Qualidade para ensaios de melhoramento de cana-de-açúcar. In: REUNIÃO ANUAL DA REGIÃO BRASILEIRA DA SOCIEDADE INTERNACIONAL DE BIOMETRIA, 49, Uberlândia - MG,Resumos..., p.83.
- PERECIN, D., LANDELL, M. G. A., XAVIER, M. A., ANJOS, I. A., BIDOIA, M. A. P., SILVA, D.N. (2009). Progressos agrônômico e genético em programa de melhoramento de cana-de-açúcar. *Revista Brasileira de Biometria.*, v.27, p.279 – 287.
- PIEPHO, H. P.; MÖHRING, J.; MELCHINGER, A. E.; BÜCHSE, A. (2008). BLUP for

phenotypic selection in plant breeding and variety testing.**Euphytica**, v. 161, p. 209 - 228.

RAMBURAN, S.; ZHOU, M.; LABUSCHAGNE, M. (2011). Interpretation of genotype x environment interactions of sugarcane: Identifying significant environmental factors. **Field Crops Research**, v. 124, n. 3, p. 392 – 399.

RESENDE, M. D. V. (2002). **Genética Biométrica e Estatística no Melhoramento de Plantas Perenes**. Brasília: Embrapa Informação Tecnológica. 975 p.

RESENDE, M.D.V. (2007). Estimação e predição em modelos lineares mistos. In: Resende, M.D.V., Ed., **Matemática e estatística na análise de experimentos e no melhoramento genético**, Embrapa Florestas, Colombo,p.101-170.

SCOTT, R. A. & MILLIKEN, G. (1993).A SAS program for analysing augmented randomized complete-block designs.**Crop Science**, v. 33, p.865-867.

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

YAN, W.; KANG, M. S.(2002).**GGE biplot analysis: a graphical tool for breeders, geneticists and agronomists**. Boca Raton: CRC Press. 288p.

YAN, W.; KANG, M. S.; MA, B.; WOODS, S.; CORNELIUS, P. L. (2007).GGE biplot vs. AMMI analysis of genotype-by-environment data.**Crop Science**, Madison, v. 47, p. 643 – 655.

YAN, W.; GLOVER, K. D.; KANG, M. S. (2010). Comment on “Biplot Analysis of Genotype x Environment Interaction: Proceed with Caution”, by R.-C. Yang, J. Crossa, P.L. Cornelius, and J. Burgueño in Crop Science 2009 49:1564–1576. **Crop Science**, v. 50, p. 1121 – 1123.

YANG, R. -C.; CROSSA, J.; CORNELIUS, P. L.; BURGUEÑO, J. (2009).Biplot analysis of genotype x environment interaction: Proceed with caution. **Crop Science**, Madison, v. 49, p. 1564 – 1576.

YANG, R. C.; CROSSA, J.; BURGUEÑO, J. (2010). Reply to Comment on “Biplot Analysis of Genotype x Environment Interaction: Proceed with Caution”, by R.-C. Yang, J. Crossa, P.L. Cornelius, and J. Burgueño in Crop Science 2009 49:1564–1576. **Crop Science**, v. 50, p. 1123 – 1123.

YATES, F.; COCHRAN, W. G. (1938).The analysis of groups of experiments.**The Journal of Agricultural Science**, Cambridg