

Análise de agrupamento e método AMMI em divergência genética de trigo

Damallys de Assis Oliveira¹, Anderson Cristiano Neisse², Kuang Hongyu³

Resumo: Os efeitos da interação entre genótipos e ambientes ($G \times E$) sobre o melhoramento genético de plantas é um dos processos mais complexos e exige muita atenção do melhorista. Neste estudo utilizamos técnicas multivariadas visando avaliar a seleção de genótipos de trigo (*Triticum aestivum*) dos mais divergentes e de maior potencial produtivo para a compreensão da adaptabilidade e estabilidade entre 50 genótipos, avaliados em 60 ambientes (distribuídos em 18 países). Os dados aferidos foram submetidos à análise de agrupamento (que tem como objetivo agrupar dados semelhantes, de acordo com suas características), realizado pelo método Ward combinada com o conceito de k-medoid, aplicados a matriz de distâncias pela correlação com base nos dados originais, forneceu 25 genótipos e 6 ambientes. Os modelos AMMI (Additive Main effects and Multiplicative Interaction) foi utilizado para analisar a interação $G \times E$, sobre os dados ajustados, modelo esse baseado em gráficos biplot. O modelo AMMI explicou muito bem a variabilidade dos dados 71,4%, podendo então aumentar a confiabilidade na seleção de cultivares superiores e testar ambientes. Com base na análise conjunta, os genótipos G2 e G13 foram os mais próximos da definição do "genótipo ideal".

Palavras-chave: Análise multivariada; melhoramento genético; integração $G \times E$; ensaios multi-ambientais, trigo

¹ Graduada pelo Departamento de Estatística, UFMT. email: damallys@gmail.com.

² Mestrando em Estatística Aplicada e Biometria, UFV. email: a.neisse@gmail.com

³ Professor Adjunto do Departamento de Estatística, UFMT. email: prof.kuang@gmail.com.