

Interacción genotipo-ambiente en caña de azúcar mediante los modelos AMMI y regresión de sitios en Venezuela

Genotype-environment interaction in sugarcane by AMMI and site regression models in Venezuela

R. Rea¹, O. De Sousa-Vieira², A. Díaz², M. Ramón³, R. Briceño²,
J. George² y M. Niño²

¹Fundación Instituto de Estudios Avanzados, Instituto Nacional de Investigaciones Agrícolas. ²INIA-Yaracuy. ³INIA-Portuguesa.

Resumen

En Venezuela, la caña de azúcar (*Saccharum* spp. Híbrido) es cultivada bajo diferentes condiciones de suelos, niveles de fertilidad y humedad. La interacción genotipo x ambiente (IGA) es un fenómeno reconocido universalmente que ocurre cuando se evalúan genotipos en diferentes ambientes. El objetivo de este trabajo fue estimar la variabilidad en el rendimiento en caña/ha (TCH) y determinar los patrones de respuesta entre genotipos y ambientes mediante los modelos de los efectos aditivos principales e interacciones multiplicativas (AMMI) y el Análisis de Regresión de Sitios (SREG). Se utilizaron los datos provenientes de veinte cultivares de caña de azúcar evaluados en siete localidades de la Región Centro-Occidental de Venezuela, durante tres ciclos de cultivos. La variable TCH fue significativamente afectada por los efectos ambientales y genotípicos, los cuales explican, respectivamente, el 41,16 y 40,67% de la suma de cuadrados total. La IGA expresa el 17,90 % de la variación. Para AMMI1, los cultivares mas rendidores y estables fueron V98-62, V98-120, V99-236 y V00-50. La gráfica GGE (G+GE) biplot del modelo SREG clasificó las localidades en dos macro-ambientes. En el macro-1 se ubicaron Ivonne, Castillera, Las Majaguas, Montaña verde, y FUNDACAÑA; los genotipos más adaptados y de buen rendimiento fueron V98-62, V98-120, V99-236, V00-50, V99-213 y C323-68. El macro-2 quedó conformado por las localidades restantes (Quebrada arriba y Santa Lucia), mientras que los genotipos de mejor rendimiento y adaptación fueron V99-190, V99-208 y V99-203. **Palabras clave:** *Saccharum* spp., Análisis de Regresión de Sitios, AMMI, macro-ambientes, cultivares.

Abstract

In Venezuela, sugarcane (*Saccharum* spp. Híbrido) is grown under different conditions of soil fertility and moisture levels. The genotype x environment interaction (GEI) is a universally recognized phenomenon that occurs when evaluating genotypes in different environments. The aim of this study was to evaluate the variability in cane yield (TCH) and determine the response patterns between genotypes and environments using AMMI and the Sites Regression Analysis model (SREG). We used data from twenty sugarcane genotypes evaluated at seven locations during three years. Cane yield (TCH) was significantly affected by environmental and genotypic effects, which explain, respectively, 41.16 and 40.67% of the total sum of squares. The GEI expressed the 17.90% of the variation. To AMMI1, the highest-yielding and stable cultivars were V98-62, V98-120, V99-236, and V00-50. The graph SREG GGE (G+GE) biplot model classified the environments in two macro-environments. The macro-1 contains locations Ivonne, Castillera, Las Majaguas, Montaña verde, and FUNDACANA where the genotypes more adapted and with better cane yield were V98-62, V98-120, V99-236, V00-50, V99-213, and C323-68. The macro-2 was composed by the locations of Santa Lucia and Quebrada arriba where the genotypes with better performance and adaptation were V99-190, V99-208, and V99-203.

Key words: *Saccharum* spp., Sites Regression Analysis, AMMI, macro-environments, Cultivars.

Introducción

En Venezuela, la caña de azúcar es cultivada bajo diferentes condiciones de suelos, niveles de fertilidad y humedad. Todas esas variables encontradas durante el periodo de producción en campo son llamadas colectivamente ambientes. Los ensayos comparativos de rendimiento multi-ambientales permiten identificar los genotipos de mejor rendimiento y los más estables, es decir, aquellos que mantienen su alto potencial productivo a través de un amplio rango de condiciones ambientales (Rea y De Sousa, 2002). Sin embargo, la selección de estos genotipos es ineficiente por efecto de la interacción genotipo por ambiente (IGA) que hace que las variedades se

Introduction

In Venezuela, sugar cane is cropped under different soil conditions, fertility levels and humidity. All the variables found during the production period in the field are called environment. The comparative essays of multi-environmental yield allow identifying the genotypes of higher yield and the steadiest, that is, those that keep their productive potential through a wide range of environmental conditions (Rea and De Sousa, 2002). However, the selection of these genotypes is not efficient by effect of the genotype interaction with the environment (GIE) that makes that the varieties behave differentially in different locations (Rea *et al.*, 2011).

comporten diferencialmente en distintas localidades (Rea *et al.*, 2011). Cuando la IGA está presente, una de las opciones abiertas para el mejorador es el uso de análisis de estabilidad para determinar rendimiento más altos y estables. Por lo tanto, varios métodos estadísticos se han propuesto y utilizado para estudiar la adaptación y la estabilidad de las variedades en diferentes localidades, (Lin *et al.*, 1986, Flores *et al.*, 1998).

El modelo de los efectos aditivos principales e interacciones multiplicativas (AMMI) es uno de los más eficientes en determinar los genotipos más estables y de mayor rendimiento en ensayos multi-ambientales comparados con procedimientos más antiguos como el método de la regresión. Este modelo usa el análisis de varianza para estudiar los efectos principales de genotipos y ambientes y el análisis de componentes principales (CP) para los efectos multiplicativos de la interacción entre genotipos y ambientes. En AMMI, se genera un grafica llamada Biplot donde genotipos y ambientes son representados en el mismo espacio y de allí se pueden realizar inferencias sobre sus interacciones (Rea *et al.*, 2011; Acevedo *et al.*, 2010; Alejos *et al.*, 2006).

El modelo multivariado denominado regresión de sitios (SREG) o GGE Biplot ha sido utilizado para la interpretación de la IGA y se basa en un modelo similar al modelo AMMI, pero los términos lineales de genotipos y ambientes no se consideran individualmente y se adicionan al término multiplicativo de la interacción genotipo x ambiente (Yan, 2011). En efecto, el modelo SREG, que incluye

When the GIE is present, one of the opened options for the improver is the use of stability analyses to determine higher and steadier yields. Therefore, different statistical methods have been proposed and used to study the adaptation and stability of the variables in different locations (Lin *et al.*, 1986, Flores *et al.*, 1998).

The model of the main additive effects and multiplicative interactions (AMMI) is one of the most efficient to determine the steadiest genotypes and with more yields in multi-environmental essays compared to older procedures, such as the regression method. This model uses the variance analysis to study the main effects of genotypes and environments and the analysis of the main components (MC) for the multiplicative effects between the interaction among the genotypes and the environment. In AMMI, a graph called Biplot is generated, where the genotypes and the environments are represented in the same space, and from there inferences about the interactions can be done (Rea *et al.*, 2011; Acevedo *et al.*, 2010; Alejos *et al.*, 2006).

The multivariate model called site regression (SREG) or GGE Biplot has been used for interpreting the GIE, and is based on a similar method such as the AMMI method, but the lineal terms of genotypes and environment are not individually considered and are added to the multiplicative term of the genotype interaction x environment (Yan, 2011). In effect, the SREG model, which included G+GE in the bilinear term, provides an easily interpretable graphic design named biplot GGE (Yan and Tinker, 2006), which has been

G+GE en el término bilineal, proporciona un análisis gráfico de fácil interpretación denominado biplot GGE (Yan and Tinker, 2006), el cual ha sido utilizado en muchos estudios de interacción cultivar x ambiente (Akcura *et al.*, 2011; Chavanne *et al.*, 2007; Jalata, 2011; Kundus *et al.*, 2010; Nassir and Ariyo, 2011; Rodríguez-Gross *et al.*, 2012; Rao *et al.*, 2011; Roa *et al.*, 2010).

El objetivo de este trabajo fue evaluar la variabilidad en el rendimiento en caña (TCH) y determinar los patrones de respuesta entre genotipos y ambientes mediante los modelos AMMI y SREG en veinte genotipos de caña de azúcar en la Región Centro-Occidental de Venezuela.

Materiales y métodos

Las evaluaciones de los genotipos se realizaron en los ensayos regionales del programa de mejoramiento genético de caña de azúcar del Instituto Nacional de Investigaciones Agrícolas (INIA). Estos ensayos fueron instalados en bloques completamente al azar con tres repeticiones y las unidades experimentales fueron de 45 m² (3 hileras de 10 m con separación de 1,5 m).

Las localidades donde se ubicaron los ensayos fueron las siguientes: Quebrada arriba, y Montaña verde ubicadas en el estado Lara; Las Majaguas, Ivone y Castillera en el estado Portuguesa; Santa Lucia y FUNDACAÑA en el estado Yaracuy. Las principales características de suelo y precipitación se encuentran en el cuadro 1. Los experimentos se condujeron por tres años o cortes sucesivos (planta, soca y resoca) durante el periodo 2006-2010. El mate-

used in many researches of cultivar interaction x environment (Akcura *et al.*, 2011; Chavanne *et al.*, 2007; Jalata, 2011; Kundus *et al.*, 2010; Nassir and Ariyo, 2011; Rodríguez-Gross *et al.*, 2012; Rao *et al.*, 2011; Roa *et al.*, 2010).

The aim of this research was to evaluate the variability in the cane yield (TCH) and to determine response patterns among the genotypes and environments through AMMI and SREG models in twenty genotypes of sugar cane in the western central area of the country.

Materials and methods

The evaluations of the genotypes were carried out in the regional essays of the genetic improvement program of sugar cane at the National Institute of Agricultural Research (INIA). These essays were installed in completely randomized designs with three replications and plots of 45 m² (3 rows of 10m with 1.5 m of division). The locations where the essays took place were: Quebrada arriba and Montaña verde, located in Lara state; Las Majaguas, Ivone and Castillera in Portuguesa state; Santa Lucia and FUNDACAÑA in Yaracuy state. The main soil and precipitation characteristics are in table 1. The experiments were carried out for three years or successive cuts (plant, regrowth and second regrowth) during 2006-2010. The vegetal material evaluated was formed by the following Venezuelan genotypes: V91-1(G1), V91-2(G2), V91-6(G3), V91-8(G4), V91-15(G5), V98-62(G6), V98-86(G7), V98-120(G8), V99-117(G9), V99-190(G10),

Cuadro 1. Características principales de suelo y precipitación de las localidades evaluadas, ubicadas en los estados Lara¹, Portuguesa² y Yaracay³.

Table 1. Main soil and precipitation characteristics of the evaluated locations located in Lara, Portuguesa and Yaracuy.

Localidades	Suelos (textura)	Precipitación (mm)	pH
¹ Quebrada arriba	Franco arcilloso	1101	7,7
³ Santa Lucia	Franco arcillo limoso	700	8,0
³ FUNDACAÑA	Franco limoso	1111	8,1
¹ Montaña verde	Franco	1048	7,3
² Las Majaguas	Franco Arcilloso	1500	7,0
² Ivone	Franco Arcilloso	1500	7,0
³ Castillera	Franco Arcilloso	1500	7,0

rial experimental evaluado estuvo conformado por los genotipos venezolanos siguientes: V91-1(G1), V91-2(G2), V91-6(G3), V91-8(G4), V91-15(G5), V98-62(G6), V98-86(G7), V98-120(G8), V99-117(G9), V99-190(G10), V99-203(G11), V99-208(G12), V99-213(G13), V99-217(G14), V99-236(G15), V99-245(G16), V00-50(G17) y tres testigos: B80-408(G18), C323-68(G19) y CP74-2005(G20). Este grupo de genotipos experimentales pertenecen a la última etapa de selección del programa de mejoramiento genético de la caña de azúcar en Venezuela (INIA). Los cultivares testigos se caracterizan por su amplio uso como materiales comerciales en las principales áreas cañeras del país. El rendimiento agronómico en toneladas de caña por hectárea (TCH) fue determinado mediante el pesaje del área efectiva de cada parcela experimental al momento de la cosecha. Un análisis de varianza fue realizado para rendimiento en caña promediando los tres ciclos de cosecha para investigar la relativa contribución de la variabilidad total de

V99-203(G11), V99-208(G12), V99-213(G13), V99-217(G14), V99-236(G15), V99-245(G16), V00-50(G17) and three witnesses: B80-408(G18), C323-68(G19) and CP74-2005(G20).

This group of experimental genotypes belongs to the last selection phase of the genetic improvement program of sugar cane in Venezuela (INIA). The witness cultivars are characterized by their wide use as commercial materials in the main cane areas of the country. The agronomic yield in tons of cane per hectare (TCH) was determined weighting the effective area of each experimental plot at the moment of the harvest. A variance analysis was done for the yield in cane, averaging the three harvesting cycles to investigate the relative contribution of the total variability of the genotype, environmental and IGA effects.

AMMI and GGE biplot methodology (Crossa *et al.*, 1990; Yan, 2011) was used to evaluate cane yield (TCH) and to consider the general and

los efectos genotípicos, ambientales y de la IGA.

Para evaluar el rendimiento en caña (TCH) y considerar adaptabilidad general, específica y posibles agrupamientos de ambientes se usó la metodología de AMMI y GGE biplot (Crossa *et al.*, 1990; Yan, 2011). Los análisis estadísticos se realizaron mediante el software Infogen (Balzarini y Di Renzo, 2011)

El modelo de Efectos Aditivos e Interacción Multiplicativa (AMMI) es representado mediante la fórmula matemática siguiente:

$$Y_{ij} = \mu + g_i + e_j + \sum_{k=1}^P \lambda_k y_{ik} \alpha_{jk} + \varepsilon_{ij}$$

Donde:

Y_{ij} : Es la respuesta media de un genotipo i en un ambiente j .

μ : Es la media general de las observaciones (Su estimación se hace por medio de $\hat{\mu} = \bar{Y}_{..}$).

g_i : Es el efecto del genotipo i (Desvío respecto al promedio general del genotipo i , y se estima a través de $\hat{g}_i = \bar{Y}_{i.} - \bar{Y}_{..}$).

e_j : Es el efecto del ambiente j (Desvío respecto al promedio general del ambiente j , y se estima por medio de $\hat{e}_j = \bar{Y}_{.j} - \bar{Y}_{..}$).

λ_k : Es el valor propio del eje k de componentes principales.

y_{ik} : Son los vectores propios unitarios genotípicos asociados a λ_k .

α_{jk} : Son los vectores propios unitarios ambientales asociados a λ_k .

ε_{ij} : Error del genotipo i en el ambiente j .

p : Número de ejes de componentes principales considerados en el modelo AMMI.

specific adaptability and possible grouping of environments. The statistical analyses were carried out using the software Infogen (Balzarini and Di Renzo, 2011)

The model of additive effects and multiplicative interaction (AMMI) is represented with the following mathematical formula:

$$Y_{ij} = \mu + g_i + e_j + \sum_{k=1}^P \lambda_k y_{ik} \alpha_{jk} + \varepsilon_{ij}$$

Where:

Y_{ij} : Is the mean response of a i genotype in a j environment

μ : Is the general mean of the observations (its estimation is done with $\hat{\mu} = \bar{Y}_{..}$).

g_i : Is the effect of the i genotype (Deviation regarding the general average of the i genotype and it is estimated with $\hat{g}_i = \bar{Y}_{i.} - \bar{Y}_{..}$).

e_j : Is the environment effect of j (Deviation regarding the general average of the j environment and it is estimated with $\hat{e}_j = \bar{Y}_{.j} - \bar{Y}_{..}$).

λ_k : Is the own value of the k axis of main components

y_{ik} : Are the genotype own unit vectors associated to λ_k .

α_{jk} : Are the environmental own unit vectors associated to λ_k .

ε_{ij} : Error of i genotype in the j environment

p : Number of axes of the main components considered in the AMMI model

The regression model on sites (SREG) is presented as:

$$Y_{ij} = \mu_j + \sum_{k=1}^P \lambda_k y_{ik} \alpha_{jk} + \varepsilon_{ij}$$

Where:

y_{ij} : Is the mean response of a i genotype in a j environment.

El modelo de regresión sobre sitios (SREG) está dado por:

$$Y_{ij} = \mu_j + \sum_{k=1}^p \lambda_k y_{ik} \alpha_{jk} + \varepsilon_{ij}$$

Donde:

γ_j : Es la respuesta media de un genotipo i en un ambiente j .

μ_j : Media del ambiente j para todos los genotipos y en este modelo se estima por medio de.

$$\mu_j = \bar{Y}_j$$

λ_k : Es el valor propio del eje k de componentes principales.

γ_{ik} : Son los vectores propios unitarios genotípicos asociados a λ_k .

α_{jk} : Son los vectores propios unitarios ambientales asociados a λ_k .

ε_{ij} : Error del genotipo i en el ambiente j .

p : Número de ejes de componentes principales considerados en el modelo SREG.

Resultados y discusión

El rendimiento promedio en caña (TCH) fue significativamente afectado por los efectos ambientales y genotípicos, los cuales explicaron el 41,16 y 40,67% de la suma de cuadrados total, respectivamente. La interacción genotipo x ambiente (IGA) expuso el 17,90% de la variación. La partición de la interacción en el modelo AMMI, mostró que los dos primeros ejes del componente principal (CP1 y CP2) explicaron, respectivamente, el 30,54 y 22,14% de la suma de cuadrados de la interacción (cuadro 2).

Los rendimientos medios de los genotipos variaron desde 81,64 (V99-245) hasta 129,10 t de caña.ha⁻¹ (V98-62). Los rendimientos promedios para

μ_j : Mean of the j environment for all the genotypes and this model is estimated by.

$$\mu_j = \bar{Y}_j$$

λ_k : Is the own value of the k axis of the main components.

γ_{ik} : Are the genotype unit own vectors associated to λ_k .

α_{jk} : Are the environmental unit own vectors associated to λ_k .

ε_{ij} : Error of the i genotype in the j environment.

p : Number of axes of the main components considered in the SREG model.

Results and discussion

The average yield in cane (TCH) was significantly affected by the environmental and genotype effects, which explained the 41.16 and 40.67% of the sum of total squares, respectively. The genotype x environment interaction (IGA) expressed the 17.90% of the variation. The partition of the interaction in the AMMI model showed that the first two axes of the main component (CP1 and CP2) explained the 30.54 and 22.14 respectively, of the square sum in the interaction (table 2). The mean yields of the genotypes varied from 81.64 (V99-245) to 129.10 t of cane.ha⁻¹ (V98-62). The average yields for the locations varied from 90.75 (Santa Lucia) to 136.64 t of cane.ha⁻¹ (Montaña Verde) (table 3). The genotypes were represented on a biplot (figure 1) according to the values of the two main components (AMMI2). With this graphic representation it is possible to identify genotype and environmental groupings located near or in the same

Cuadro 2. Análisis de varianza para rendimiento en toneladas por hectárea de caña de azúcar (TCH) mediante el modelo de los efectos aditivos principales e interacciones multiplicativas (AMMI).

Table 2. Variance analysis for yield in tons per hectare of sugar cane (TCH) with the model of the main additive effects and multiplicative interactions (AMMI).

Fuentes de variación	GL	CM	% Suma de cuadrados
Genotipo	19	13272.66**	40.67
Ambiente	6	42537.55**	41.16
G x A	114	973.72*	17.90
PCA 1	24	470.86*	30.54
PCA 2	22	372.41*	22.14

*, ** Significancia al $P < 0.05$ y al $P < 0.01$, respectivamente

las localidades variaron desde 90,75 (Santa Lucía) hasta 136,64 t de caña.ha⁻¹ (Montaña Verde) (cuadro 3). Los genotipos fueron representados sobre un biplot (figura 1) de acuerdo a los valores de sus dos primeros componentes principales (AMMI2). Mediante esta representación gráfica, es posible identificar agrupamientos de genotipos y ambientes que estén ubicados cercanos o en la misma región de zonas agronómicas de interés (Da Silveira *et al.*, 2013). El AMMI2 según Gauch and Zobel (1996) puede también identificar genotipos con adaptación amplia e identificar macro ambientes homogéneos. Los genotipos y ambientes estadísticamente estables son representados por puntos cercanos a cero para los dos ejes de la interacción (CP1 y CP2). Los ambientes o genotipos con ángulos muy estrechos se correlacionan entre sí (Yan and Kang, 2003). La ausencia de asociación entre ambientes o genotipos es dada por el ángulo recto entre vectores y la aso-

region of interest agronomic areas (Da Silveira *et al.*, 2013).

According to Gauch and Zobel (1996) AMMI2 can also identify genotypes with wide adaptation and identify homogenous macro environments. The statistically stable genotypes and environments are represented by points close to zero for both interaction axes (CP1 and CP2). The environments or genotypes with narrowed angles correlate in between (Yan and Kang, 2003). The absence of association among environments or genotypes is given by the straight angle among vectors and the negative association by the obtuse angle (Yan, 2011; Alejos *et al.*, 2006; Rea *et al.*, 2011; Rao *et al.*, 2011).

Locations Las Majaguas (E) and Ivone farm (F) discriminate the genotypes in an opposite way; as well as the locations Santa Lucía and Fundacaña (obtuse angle); nevertheless, Las Majaguas (E), FUNDACANA (C) and Montaña ver-

ciación negativa por el ángulo obtuso (Yan, 2011; Alejos *et al.*, 2006; Rea *et al.*, 2011; Rao *et al.*, 2011).

Las localidades Las Majaguas (E) y finca Ivone (F) discriminan los genotipos en forma opuesta; al igual que localidades Santa Lucía y Fundacaña (ángulo obtuso); en cambio, Las Majaguas (E), FUNDACAÑA (C) y Montaña verde (D) tienden a distinguir los genotipos de manera similar (ángulos estrechos). Los genotipos V00-50 (G17), V98-120 (G8), y V99-236 (G15) tienden a ser estables y superan el rendimiento medio en todas las localidades (cuadro 3). Los genotipos V91-1 (G2) y V91-6 (G3) son estables pero no logran superar rendimiento medio de cada localidad (figura 1 y cuadro 3). El genotipo V98-62 presenta adaptabilidad específica con la localidad Las Majaguas y el genotipo V99-212 con la localidad finca Ivone. En el caso de las localidades Las Majaguas y la Finca Ivone que están ubicada en el mismo estado, pero de comportamiento contrastante, o todas aquellas que tengan asociación negativa (ángulo obtuso) deberían seguir usándose para la evaluación de ensayos regionales. En cambio en las localidades que discriminan igualmente a los genotipos, se debe seleccionar una de ellas para futuros ensayos de variedades.

En la figura 2 se presenta la grafica Biplot del modelo regresión de sitios correspondiente a los dos primeros ejes de los componentes principales (CP1 y CP2). Ambos ejes explican el 82,8% de la IGA, el CP1 explica el 74,6% de la interacción y el CP2 explica 8,2%. En este tipo de biplot, los genotipos ubicados en los vértices del polígono son considerados los que más aportan a la

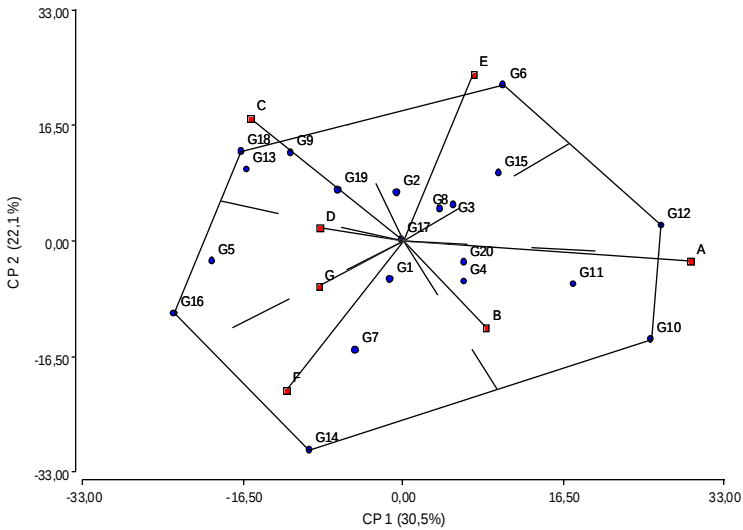
de (D) tend to distinguish the genotypes similarly (narrowed angles). Genotypes V00-50 (G17), V98-120 (G8), and V99-236 (G15) tend to be stable and surpass the mean yield in all the locations (table 3). Genotypes V91-1 (G2) and V91-6 (G3) are stable but do not surpass the average yield of each location (figure 1 and table 3). Genotype V98-62 presents specific adaptability with the location Las Majaguas and the Ivone farm, located in the same state, but with contrasting behavior, or all with negative association (obtuse angle) should be used for evaluating regional essays. Instead, in the locations that discriminate the genotypes similarly, one should be chosen for future essays of the varieties.

In figure 2 is presented the Biplot graphic of the site regression model correspondent to the first two axes of the main components (CP1 and CP2). Both axes explain the 82.8% of the IGA, the CP1 explains the 74.6% of the interaction and the CP2 explains 8.2%. In this kind of Biplot, the genotypes located in the vertices of the polygon are considered the ones that more contribute to the interaction, both negatively and positively (Yan and Tinker, 2006). The lines traced perpendicularly to each side of the polygon form location groups with similar behavior. In this sense, the biplot GGE classified the environments into two macro-environments. The first macro environment grouped the locations Ivone (F), Castillera (G), Las Majaguas (E), Montaña verde (D), and FUNDACAÑA (C). The most adapted genotypes with good yield towards the first macro-environments were V98-62

Cuadro 3. Rendimiento promedio en toneladas por hectárea de caña de azúcar (TCH) para veinte genotipos en tres ciclos de cosecha, evaluados en siete localidades, ubicadas en los estados Lara, Portuguesa y Yaracay.

Table 3. Average yield in tons per hectare of sugar cane (TCH) for twenty genotypes in three cropping cycles, evaluated in seven locations located in Lara, Portuguesa and Yaracuy.

Genotipos/Localidades	Quebrada arriba	Santa Lucia verde	FUNDACAÑA	Montaña	Las Majaguas	Ivone	Catillera	Media G
	(A)	(B)	(C)	(D)	(E)	(F)	(G)	
V91-1 (G1)	110,49	85,18	101,28	134,65	96,04	94,11	75,88	99,66
V91-2 (G2)	104,80	76,50	107,20	110,97	94,62	76,77	81,00	93,12
V91-6 (G3)	125,64	59,11	101,93	128,52	102,70	91,14	93,18	100,32
V91-8 (G4)	111,43	89,25	92,87	121,06	101,42	83,94	95,91	99,41
V91-15 (G5)	90,75	87,76	98,06	142,06	102,77	85,99	109,29	102,38
V98-62 (G6)	142,29	104,65	123,60	169,70	150,94	98,78	113,77	129,10
V98-86 (G7)	99,10	82,13	85,22	113,14	102,46	102,93	93,65	96,95
V98-120 (G8)	140,01	109,84	118,05	173,56	136,71	105,67	119,19	129,00
V99-117 (G9)	106,93	89,04	126,62	122,65	108,11	83,41	104,67	105,92
V99-190 (G10)	154,64	116,63	108,76	146,66	114,93	101,91	114,40	122,56
V99-203 (G11)	133,13	112,83	106,14	135,06	119,31	100,08	96,35	114,70
V99-208 (G12)	154,55	107,62	108,58	139,22	144,04	105,27	127,51	126,68
V99-213 (G13)	116,38	101,00	126,46	155,80	138,34	110,89	122,64	124,50
V99-217 (G14)	101,79	80,30	81,02	127,02	83,66	105,58	97,31	96,67
V99-236 (G15)	145,22	105,80	129,57	149,33	133,13	103,30	115,31	125,95
V99-245 (G16)	82,02	56,15	90,55	120,19	62,97	74,10	85,50	81,64
V00-50 (G17)	132,54	100,01	114,46	153,36	132,50	110,49	124,61	123,99
B80-408 (G18)	100,06	77,94	116,38	125,88	121,68	100,40	96,28	105,52
C323-68 (G19)	124,07	92,90	121,26	150,25	128,92	108,78	108,78	119,28
CP74-2005 (G20)	108,37	80,42	91,31	113,70	100,10	84,54	85,36	94,83
Media Localidades	119,21	90,75	107,47	136,64	113,77	96,40	103,03	109,61
MDS $\alpha=0,05$	36,40	20,91	28,89	18,73	24,44	33,97	29,02	



Genotipos: G1= V91-1; G2= V91-2; G3= V91-6; G4= V91-8; G5= V91-15; G6= V98-62; G7= V98-86; G8= V98-120; G9= V99-117; G10= V99-190; G11= V99-203; G12= V99-208; G13= V99-213; G14= V99-217; G15= V99-236; G16= V99-245; G17= V00-50; G18= B80-408; G19= C323-68; G20= CP74-2005.

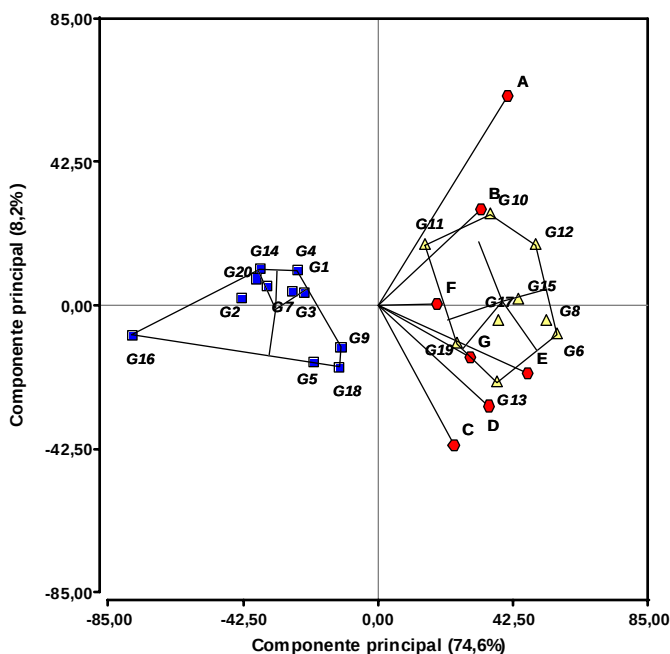
Localidades: A= Quebrada arriba; B= Santa Lucia; C= FUNDACANA; D= Montaña verde; E= Las Majaguas; F= Ivonne; G= Castellera

Figura. 1. Biplot del modelo de efectos aditivos e interacción multiplicativa (AMMI-2) para rendimiento medio en toneladas por hectárea de caña de azúcar (TCH) de veinte genotipos en siete localidades, ubicadas en los estados Lara, Portuguesa y Yaracuy, Venezuela.

Figure 1. Biplot of the additive effect and multiplicative interaction model (AMMI-2) for the average yield in tons per hectare of sugar cane (TCH) of twenty genotypes in seven locations, located in Lara, Portuguesa and Yaracuy states, Venezuela.

interacción tanto negativamente como positivamente (Yan and Tinker, 2006). Las líneas trazadas perpendiculares a cada lado del polígono forman grupos de localidades con comportamiento similar. En este caso, el GGE biplot clasificó los ambientes en dos macro-ambientes. El primer macro-ambiente agrupó a las localidades Ivonne (F), Castellera (G), Las Majaguas (E), Montaña verde (D), y FUNDACANA (C).

(G6), V98-120 (G8), V99-236 (G15), V00-50 (G17), V99-213 (G13) and C323-68 (G19). The other macro-environment is formed by the locations Santa Lucia (B) and Quebrada arriba (A). The genotypes with the best yields were V99-190 (G10), V99-208 (G12) and V99-203 (G11). These results indicate that this group of genotypes might be related successfully into two macro-environments instead of seven locations.



Genotipos: G1=V91-1; G2=V91-2; G3=V91-6; G4=V91-8; G5=V91-15; G6=V98-62; G7=V98-86; G8=V98-120; G9=V99-117; G10=V99-190; G11=V99-203; G12=V99-208; G13=V99-213; G14=V99-217; G15=V99-236; G16=V99-245; G17=V00-50; G18=B80-408; G19=C323-68; G20=CP74-2005.

Localidades: A=Quebrada arriba; B=Santa Lucia; C=FUNDACANÁ; D=Montaña verde; E=Las Majaguas; F=Ivone; G=Castillera.

Figura 2. Biplot del modelo de regresión sobre sitios basado en rendimiento en toneladas por hectárea de caña de azúcar (TCH) de veinte genotipos en siete localidades, ubicadas en los estados Lara, Portuguesa y Yaracuy, Venezuela.

Figure 2. Biplot of the regression model on sites based on the yield in tons per hectare of sugar cane (TCH) of twenty genotypes in seven locations located in Lara, Portuguesa and Yaracuy, Venezuela.

Los genotipos más adaptados y de buen rendimiento a este primer macro-ambiente fueron V98-62 (G6), V98-120 (G8). V99-236 (G15), V00-50 (G17), V99-213 (G13) y C323-68 (G19). El otro macro-ambiente está conformado por las localidades Santa Lucia (B) y Quebrada arriba (A). Los genotipos de mejores

The grouping of locations with similar behavior is very important for the improvement programs, since there are not enough resources to test the genotypes in different environment, thus, the detected macro-environments might be used as a good indicator to evaluate the potential of new cultivars

rendimientos allí fueron V99-190 (G10), V99-208 (G12) y V99-203 (G11). Estos resultados indican que este grupo de genotipos pudieran ser evaluados exitosamente en dos macro-ambientes en vez de siete localidades.

El agrupamiento de localidades de comportamiento similares es de valioso interés para los programas de mejoramiento, que al no contar con recursos suficientes para probar genotipos en varios ambientes, los macro-ambientes detectados pudieran usarse como un buen indicador para evaluar el potencial de los nuevos cultivares en regiones de interés. Los resultados de este trabajo también permitieron la identificación de genotipos estables y otros de adaptación específica usando tanto el modelo AMMI como el de regresión de sitios como ha sido reseñado por varios autores (Chavanne *et al.*, 2007; Da Silveira *et al.*, 2013; Rea *et al.*, 2011)

Conclusiones

Este trabajo demostró que tanto el modelo AMMI y Regresión de sitios son efectivos en estudiar los patrones de la IGA y en interpretar los datos de rendimiento en caña evaluados en diferentes ambientes.

Para el modelo AMMI, los genotipos V00-50, V98-120, y V99-236 tienden a ser estables y adicionalmente superan el rendimiento medio de caña en todas las localidades. El genotipo V98-62 presento adaptabilidad específica para Las Majaguas y el genotipo V99-212 para la finca Ivone (ambas en el estado Portuguesa).

El modelo regresión de sitios clasifico los ambientes en dos macro-am-

in the region. The results of this research also allowed identifying stable genotypes and others with specific adaptation using the AMMI model, such as the site regression as mentioned by different authors (Chavanne *et al.*, 2007; Da Silveira *et al.*, 2013; Rea *et al.*, 2011).

Conclusions

This research proved that both the AMMI model and the site regression are effective to study the IGA patterns, and to interpret the data on cane yields evaluated in different environments.

In the AMMI model, the genotypes V00-50, V98-120 and V99-236 tend to be more stable, additionally; these surpass the average yield of cane in all the locations. Genotype V98-62 presented specific adaptability for Las Majaguas and the genotype V99-212 for the farm Ivone (both in Portuguesa state).

The site regression model classified the environments into two macro-environments. Macro-1 formed by the locations: Las Majaguas, Ivone, Castillera (Portuguesa state), Montaña verde (Lara state) and FUNDACANA (Yaracuy state) where a good adaptability was observed in the genotypes: V98-62, V98-120, V99-236, V00-50, V99-213 and C323-68.

In macro-2 were located the environments: Quebrada Arriba (Lara state) and Santa Lucia (Yaracuy state) and the genotypes of the best genotypes were: V99-190, V99-208 and V99-203.

The macro-environments detected might be used in further essays as indicators to evaluate the

bientes. El macro-1 conformado por las localidades: Las Majaguas, Ivone, Castellera (estado Portuguesa), Montaña verde (estado Lara) y FUNDACANA (estado Yaracuy) donde se observó buena adaptabilidad para los genotipos: V98-62, V98-120, V99-236, V00-50, V99-213 y C323-68.

En el macro-2 se ubicaron los ambientes: Quebrada Arriba (estado Lara) y Santa Lucía (estado Yaracuy) y los genotipos de mejores rendimientos fueron: V99-190, V99-208 y V99-203

Los macro-ambientes detectados pudieran usarse en futuros ensayos como indicadores para evaluar el potencial de los nuevos cultivares en esas regiones.

Literatura citada

- Acevedo M., E. Reyes, W. Castrillo, O. Torres, C. Marín, R. Álvarez, O. Moreno y E. Torres. 2010. Estabilidad fenotípica de arroz de riego en Venezuela utilizando los modelos Lin-Binns y AMMI. *Agronomía Trop.* 60(2): 131-138.
- Akcura M., S. Taner y Y. Kaya. 2011. Evaluation of bread wheat genotypes under irrigated multi-environment conditions using GGE biplot analyses. *Agriculture.* 98(1): 35-40.
- Alejos, G., P. Monasterio y R. Rea. 2006. Análisis de la interacción genotipo ambiente para rendimiento de maíz en la región maicera del estado Yaracuy, Venezuela. *Agronomía Trop.* 56(3): 369-384.
- Balzarini, M.G y J.A. Di Renzo. 2011. Software Infogen versión 2011. FCA. Universidad de Córdoba, Argentina.
- Chavanne E., S. Ostengo, M. García y M. Cuenya. 2007. Evaluación del comportamiento productivo de cultivares de caña de azúcar (*Saccharum* spp) a través de potential of the new cultivars in these regions.
- End of english version*
-
- diferentes ambientes en Tucumán, aplicando la técnica estadística "GGE biplot". *Rev. Ind. y Agric. de Tucumán.* 84 (2): 19-24.
- Crossa, J., H. Gauch y R. Zobel. 1990. Additive main effects and multiplicative interaction analysis of two international maize cultivar trials. *Crop Sci.* 30: 493-500.
- Da Silveira, L., V. Kist, T. Mendes de Paula, M. Pereira, L. Peternelli y E. Daros. 2013. AMMI analysis to evaluate the adaptability and phenotypic stability of sugarcane genotypes. *Sci. Agric.* 70(1):27-32.
- Flores, F., M. Moreno y J. Cubero. 1998. A comparison of univariate and multivariate methods to analyze G x E interaction. *Field Crops Res.* 47: 117-127.
- Gauch, H. y R. Zobel. 1996. AMMI analysis of yield trials. In: Kang MS and Gauch HG (eds.) *Genotype by environment interaction*. CRC Press, Boca Raton. p. 85-122.
- Jalata, Z. 2011. GGE-biplot analysis of multi-environment yield trials of barley (*Hordeum vulgare*. L.) genotypes in Southeastern Ethiopia Highlands. *Int. J. Plant Breed. Genet.* 5 (1): 59-75.
- Kundus, M., D. Almorza, R. Boggio y J. Salerno. 2010. Statistical models for evaluating the genotype-environment interaction in maize (*Zea mays* L.). *ÖYTON* 79:39-46.
- Lin, C., M. Binns y L. Lefkovich. 1986. Stability analysis: Where do we stand? *Crop Sci.* 26: 894-900.
- Nassir, A. y O. Ariyo. 2011. Genotype x environment interaction and yield-stability analysis of rice grown in tropical inland-swamp. *Not Bot Hort Agrobot cluj.* 39 (1): 220-225.

- Rao, P., P. Reddy, A. Rathore, B. Reddy y S. Panwar. 2011. Application GGE biplot and AMMI model to evaluate sweet sorghum (*Sorghum bicolor*) hybrids for genotype x environment interaction and seasonal adaptation. IJAS. 81 (5): 438-444.
- Rea, R. y O. De Sousa-Vieira. 2002. Genotype x environment interaction in sugarcane yield trials in the central-western region of Venezuela. Interciencia. 27 (11): 620-624.
- Rea, R., O. De Sousa-Vieira, M. Ramón, G. Alejos, A. Díaz y R. Briceño. 2011. AMMI analysis and its application to sugarcane regional trials in Venezuela. Sugar Tech. 13(2): 108-113.
- Roa, S. y C. Barboza y A. Zambrano. 2010. Estabilidad del rendimiento de variedades de papa (*Solanum tuberosum* L.) para procesamiento industrial en el estado Táchira, Venezuela. Rev. Fac. Agron. (LUZ). 27 (2): 173-192.
- Rodríguez-Gross R., Y. Puchades-Isaguirre, N. Bernal-Liranza, H. Jorge-Suárez, H. García-Pérez. 2012. Métodos estadísticos multivariados en el estudio de la interacción genotipo-ambiente en la caña de azúcar. Ciencia en su PC. 1:47-60
- Yan, W. 2011. GGE Biplot vs. AMMI graphs for genotype-by- environment data analysis. JISAS. 65(5): 181-193.
- Yan, W. y M. Kang. 2003. GGE biplot analysis: A graphical tool for breeders, geneticists, and agronomists. CRC Press, Boca Raton, Florida. 271 p.
- Yan, W. y N.A. Tinker, 2006. Biplot analysis of multi-environment trial data: Principles and applications. Can. J. Plant Sci. 86: 623-645.