

# METODOLOGIA PARA O AGRUPAMENTO DE AMBIENTES DE MODO A MINIMIZAR A INTERAÇÃO GENÓTIPOS X AMBIENTES NA AVALIAÇÃO DE HÍBRIDOS DE MILHO

## *A METHODOLOGY FOR GROUPING OF ENVIRONMENTS IN ORDER TO MINIMIZE THE GENOTYPES X ENVIRONMENTS INTERACTION IN MAYZE HYBRIDS EVALUATION*

Heyder Diniz SILVA<sup>1</sup>; Rogério de Melo Costa PINTO<sup>1</sup>; Nádia Giaretta BIASE<sup>2</sup>

**RESUMO:** Apresentou-se no presente trabalho uma metodologia para estratificação de ambientes com interações genótipos x ambientes (GxE) não significativas. Utilizou-se a análise de agrupamentos com critério de ligação WPGMA (média ponderada de pares de grupos). Como medida de dissimilaridade entre os ambientes foi usado o inverso do p-valor para o teste F aplicado à hipótese de nulidade da interação GxE, na análise de variância. A metodologia mostrou-se eficiente para o agrupamento de ambientes com interações não significativas, além de permitir a visualização gráfica do agrupamento e a possibilidade de definir o nível de significância a ser adotado para a formação dos grupos no gráfico.

**UNITERMOS:** Análise de agrupamentos, WPGMA, Estratificação e ambientes

### INTRODUÇÃO

A interação de genótipos com ambientes (GxE) representa uma das principais dificuldades encontradas pelo melhorista durante as fases de seleção em um programa de melhoramento (Duarte & Vencovsky, 1999). Nas etapas preliminares desse processo (com avaliação normalmente em uma só localidade), a interação GxE pode inflacionar as estimativas da variância genética, resultando em superestimativas dos ganhos genéticos esperados com a seleção. Nas fases finais, os ensaios são conduzidos em vários ambientes (locais, anos e/ou épocas), o que possibilita o isolamento daquele componente da variabilidade, minimizando seus efeitos sobre previsões de ganho genético.

A determinação dos locais para avaliação de híbridos, seja talvez, o desafio mais difícil enfrentado pelos melhoristas de milho (Hallauer et al., 1988). Sendo que esta escolha deve ser realizada de modo a permitir o uso eficiente dos recursos e maximizar as diferenças entre as cultivares. Sem o conhecimento prévio da natureza da interação GxE, os melhoristas devem selecionar os locais de teste com base em seus conhecimentos a respeito do germoplasma, fatores edafo-climáticos e gerenciais. Uma vez que, informações a respeito da interação GxE estejam disponíveis, essas podem ser utilizadas para adição ou eliminação de locais. Vários critérios têm sido propostos

para a escolha dos locais, com o objetivo de melhorar a eficiência dos programas de melhoramento (ALLEN et al., 1978; HAMBLIM et al., 1980; BROW et al. 1983; FOX & ROSIELLE, 1982a e b; LIN, 1982; RAMEY & ROSIELLE, 1983)

Cruz & Regazzi (1994) recomendam a estratificação da região de adaptação da cultura em sub-regiões mais homogêneas, para contornar os inconvenientes proporcionados pela interação GxE. De acordo com esses autores, tal estratificação pode ser realizada via identificação de padrões de similaridade entre os ambientes quanto ao desempenho das cultivares. Desse modo, pode-se analisar o grau de representatividade dos ensaios e tomar decisões com relação a descarte de ambientes, quando existem problemas técnicos ou escassez de recursos.

Um método para agrupamento de ambientes com interação GxE não significativa, baseado no algoritmo de Lin (1982), apresentado por Cruz & Regazzi (1994), consiste em estimar a soma de quadrados para interação entre genótipos e pares de ambientes e, posteriormente agrupar aqueles ambientes cuja interação é não significativa. O método prossegue com a estimação da soma de quadrados entre genótipos e grupos de três ambientes, sendo empregado o teste F para se avaliar a possibilidade de formação de um novo grupo. Neste algoritmo, dispendo-se

<sup>1</sup> Professor Adjunto da Faculdade de Matemática da Universidade Federal de Uberlândia.

<sup>2</sup> Graduanda em Matemática pela Universidade Federal de Uberlândia.

de  $l$  locais são necessárias a estimação de

$$C_l^2 = \frac{l!}{2(l-2)!}$$

somas de quadrados para interação GxE, e conseqüentemente deste mesmo número de testes F. Para formação de grupos com 3 locais, é necessário estimar-se as somas de quadrados da interação GxE para os  $l-2$  possíveis grupos de três locais, considerando o grupo inicial (2 locais) e os  $l-2$  locais não agrupados, e assim sucessivamente.

Assim, o presente trabalho teve como objetivo a apresentação de uma metodologia de agrupamento de ambientes com interação GxE não significativa, semelhante à apresentada por Cruz & Regazzi, (1994) porém, utilizando

a análise de agrupamento, com critério de ligação WPGMA (média ponderada de pares de grupos), tendo como medida de dissimilaridade entre dois locais o inverso do p-valor (probabilidade de erro tipo I) para o teste F aplicado a hipótese de nulidade da interação GxE na análise de variância.

## MATERIAL E MÉTODOS

Utilizou-se dados referentes ao rendimento de grãos, em quilogramas por parcela (18,0 m<sup>2</sup> de área útil), corrigidos para 14,5% de umidade, obtidos em um experimento de avaliação de 36 híbridos pré-comerciais de milho, da empresa Cargill Agrícola S.A. O experimento foi conduzido no delineamento em látice simples 6 x 6, no ano agrícola 91/92, em 23 locais (Tabela 1).

**Tabela 1.** Locais em que foram conduzidos os experimentos e suas classificações climáticas.

Local	Cidade – Estado	Local	Cidade – Estado	Local	Cidade – Estado
1	Arapoti – PR (ST)	9	Floresta – PR (RT)	17	Santa Helena – GO (T)
2	Botelhos – MG (RT)	10	Guaira – SP (T)	18	Santa Rosa – RS (ST)
3	Campinas – SP (ST)	11	Iraí – MG (RT)	19	Tibagi – PR (ST)
4	Capinópolis – MG (T)	12	Londrina – PR (RT)	20	Toledo – PR (ST)
5	Cascavel – PR (ST)	13	Ourinhos – SP (ST)	21	Tourinhos – PR (ST)
6	Castro – PR (ST)	14	Rio Verde – GO (T)	22	Tupaciguara – MG (RT)
7	Dourados – MS (RT)	15	Rondonópolis – MS (T)	23	Unaí – MG (T)
8	Erechim – RS (ST)	16	Santa Cruz do Sul – RS (ST)		

ST – região subtropical; RT – região de transição; T – região tropical.

O modelo matemático utilizado para análise dos dados foi:

$$y_{ikj} = \mu + \alpha_j + \beta_{k(j)} + \gamma_i + \alpha\gamma_{ij} + \bar{e}_{ikj} \quad (1)$$

em que:

$y_{ikj}$  é o valor observado na  $k$ -ésima repetição do  $i$ -ésimo genótipo dentro do  $j$ -ésimo local;

$\mu$  é uma constante inerente a todas observações;

$\alpha_j$  é o efeito do ambiente  $j$ ;

$\beta_{k(j)}$  é o efeito da  $k$ -ésima repetição dentro do ambiente  $j$ ;

$\gamma_i$  é o efeito do genótipo  $i$ ;

$(\alpha\gamma)_{ij}$  é o efeito de interação entre o genótipo  $i$  e o ambiente  $j$ ;

$\bar{e}_{ikj}$  é o erro aleatório médio associado à observação  $y_{ikj}$ ;

$e_{ijk} \sim N(0, s^2)$ .

Para identificação de ambientes com interação GxE não significativa, realizaram-se as análises de variâncias,

utilizando o modelo (1), para todas as combinações de ambientes dois a dois.

Para definir uma medida de dissimilaridade entre dois locais, partiu-se do fato de que, adotando-se um nível de significância de 5%, para que a interação GxE, entre genótipos e um grupo de ambientes seja não significativa, o p-valor para o teste F desta hipótese deverá, necessariamente, ser superior a 0,05. Assim, quanto maior o p-valor, mais concordantes serão os locais quanto à classificação dos genótipos. Por outro lado, quanto mais significativa for a interação GxE, menor será esse valor e portanto menos concordantes os locais.

O agrupamento dos ambientes com interações GxE não significativas foi então realizado por meio de uma análise de cluster (agrupamento) utilizando o procedimento WPGMA (média ponderada de pares de grupo) (SNEATH & SOKAL, 1973). Para realização da análise de agrupamento com o critério de ligação WPGMA, é necessário definir-se uma medida de dissimilaridade entre os locais a serem agrupados, de modo que quanto menor for esta escala (distância), mais semelhantes serão os locais. Como medida de dissimilaridade entre dois ambientes foi utilizada o inverso

do p-valor para teste F da hipótese de nulidade dos efeitos da interação GxE. Assim, definindo-se

$$d = \frac{1}{p - \text{valor}}$$

tem-se que quanto mais semelhantes forem os locais menor será o valor de  $d$  e quanto mais significativa for a interação GxE maior será  $d$ .

Considerou-se, para formação dos agrupamentos quatro situações: agrupar os ambientes com interações não significativas nos níveis de significância de 0,05, 0,10, 0,16, 0,25 e 0,50.

Para confirmação dos grupos, realizou-se a análise de variância de acordo com o modelo (1), considerando todos os ambientes de cada grupo.

A título de ilustração e comparação de resultados, realizou-se o agrupamento dos locais com interação GxE não significativas, utilizando o algoritmo apresentado por Cruz & Regazzi (1994), o qual encontra-se implementado no programa GENES (CRUZ, 1997). Neste caso foi utilizado um nível de significância de 5% para formação dos grupos (padrão do programa).

## RESULTADOS E DISCUSSÕES

A interação GE, considerando todos os ambientes e genótipos, foi altamente significativa (Tabela 2). Assim, realizou-se um estudo pormenorizado desta interação, com o intuito de obter um agrupamento dos ambientes, com interação GE não significativa, para fins de avaliação de híbridos de milho.

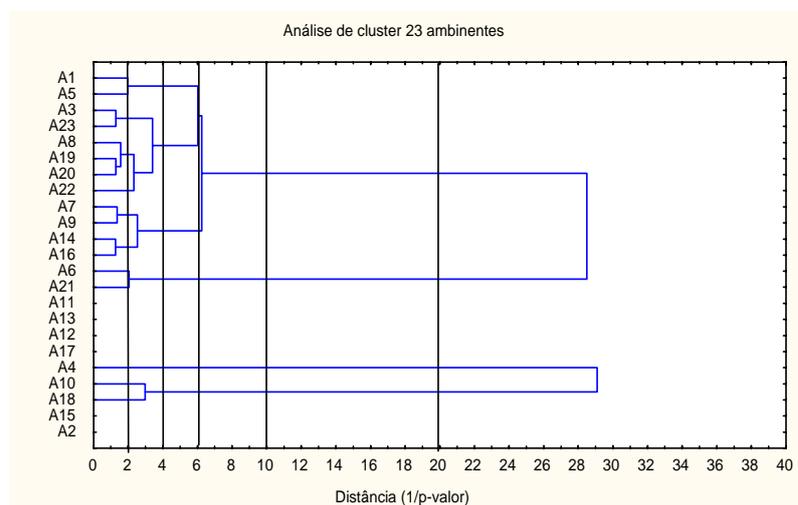
**Tabela 2.** Resumo da análise de variância considerando os 23 ambientes.

FV	GL	QM	P.VALOR
Ambiente	22	384,9707	<0,0001
Genótipos	35	24,1046	<0,0001
Genótipos x Ambiente	770	1,5454	<0,0001
Resíduo	804	0,7340	

Os p-valores para o teste F da interação GxE, considerando os pares de ambientes, apresentaram valores elevados para alguns pares (Tabela 3), tais como para os locais 16 (Santa Cruz do Sul – RS) e 14 (Rio Verde – GO), 23 (Unai – MG) e 3 (Campinas SP), 20 (Toledo – PR) e 19 (Tibagi – PR), 19 (Tibagi – PR) e 8 (Erechim – RS), 23 (Unai – MG) e 9 (Floresta – PR), cujos p-valores foram respectivamente, 0,7906, 0,7821, 0,7775, 0,7769 e 0,7599, indicando claramente a ausência de interação entre os genótipos e estes locais. Por outro lado, alguns locais, como os locais 2 (Botelhos – MG) e

4 (Capinópolis – MG), apresentaram alta interação com quase todos os outros locais, mostrando que o comportamento dos híbridos nestes ambientes não segue o mesmo padrão.

Ao se agrupar os ambientes com interações não significativas ao nível de 0,10 (distância = 10), verifica-se que 16, dos 23 ambientes avaliados agruparam-se em 3 grupos com interações não significativas (Figura 1). O primeiro grupo ( $G_1$ ) é formado pelos locais 10 e 18, o segundo ( $G_2$ ), pelos locais 6 e 21, e o terceiro ( $G_3$ ), pelos locais 7, 9, 14, 16, 8, 19, 20, 22, 3, 23, 1 e 5 (Figura 1 e Tabela 4).



**Figura 1.** Dendrograma obtido a partir da análise de agrupamento, utilizando o procedimento WPGMA (média ponderada de pares de grupo).

**Tabela 3.** p-valores para o teste F da hipótese de nulidade da interação GxE entre pares de ambientes.

		Ambientes																						
		1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17	18	19	20	21	22	23
1	—																							
2	0,0000	—																						
3	0,4654	0,0000	—																					
4	0,0030	0,0000	0,0000	—																				
5	0,5041	0,0000	0,3513	0,0136	—																			
6	0,4792	0,4790	0,4890	0,4753	0,4921	—																		
7	0,0521	0,0000	0,0405	0,0000	0,3573	0,4801	—																	
8	0,0998	0,0000	0,1096	0,0000	0,0531	0,4883	0,0747	—																
9	0,4225	0,0000	0,3357	0,0075	0,4703	0,4852	0,7390	0,4502	—															
10	0,0465	0,0000	0,0001	0,0530	0,0530	0,4748	0,0052	0,0005	0,0417	—														
11	0,0386	0,0000	0,0190	0,0005	0,0559	0,4791	0,0019	0,0112	0,0339	0,0031	—													
12	0,0393	0,0000	0,0158	0,0000	0,0108	0,4684	0,0360	0,1265	0,1798	0,0002	0,0022	—												
13	0,0092	0,0000	0,0004	0,0000	0,0022	0,4715	0,0003	0,0176	0,1208	0,0000	0,0004	0,0002	—											
14	0,1529	0,0000	0,1453	0,0006	0,2500	0,4861	0,2540	0,7370	0,6918	0,0280	0,1363	0,0576	0,0108	—										
15	0,0001	0,0000	0,0000	0,0008	0,0022	0,4719	0,0014	0,0000	0,0019	0,0110	0,0030	0,0000	0,0000	0,0072	—									
16	0,0926	0,0000	0,4154	0,0008	0,3023	0,4754	0,3175	0,5184	0,6218	0,0101	0,0110	0,4371	0,0381	0,7906	0,0034	—								
17	0,0261	0,0000	0,0001	0,0107	0,0579	0,4763	0,0009	0,0002	0,0751	0,0390	0,0045	0,0000	0,0000	0,0439	0,0000	0,0031	—							
18	0,0296	0,0000	0,0008	0,0255	0,0720	0,4752	0,0209	0,0026	0,1347	0,3357	0,0004	0,0026	0,0000	0,0279	0,0329	0,3123	0,0000	—						
19	0,3193	0,0000	0,4101	0,0001	0,1907	0,4803	0,4615	0,7769	0,5736	0,0156	0,0207	0,0711	0,0629	0,3729	0,0003	0,2719	0,0072	0,0215	—					
20	0,2161	0,0000	0,3822	0,0000	0,1175	0,4908	0,0212	0,5467	0,4151	0,0013	0,0103	0,0005	0,0356	0,5152	0,0000	0,1505	0,0045	0,0006	0,7775	—				
21	0,0196	0,0000	0,0069	0,0000	0,0576	0,4887	0,0104	0,0069	0,0503	0,0000	0,0007	0,0000	0,0006	0,0190	0,0000	0,0320	0,0000	0,0000	0,0146	0,1176	—			
22	0,3616	0,0000	0,3441	0,0023	0,3234	0,4774	0,1955	0,5278	0,2143	0,2571	0,0117	0,0250	0,0272	0,3612	0,0035	0,4919	0,0449	0,1387	0,3635	0,4263	0,1726	—		
23	0,1312	0,0000	0,7821	0,0002	0,2844	0,4864	0,3154	0,2327	0,7599	0,0213	0,0106	0,0320	0,0054	0,3151	0,0007	0,4198	0,0186	0,0930	0,3690	0,7606	0,0498	0,5415	—	

**Tabela 4.** Agrupamentos dos ambientes com interações não significativas, dois a dois, considerando os níveis de significância de 0,5; 0,25 ; 0,16 e 0,10.

Grupo	Significância			
	0,50	0,25	0,16	0,10
1	6, 21	10, 18	10, 18	10, 18
2	7, 9	6, 21	6, 21	6, 21
3	14, 16	7, 9, 14, 16	7, 9, 14, 16	7, 9, 14, 16, 8, 19, 20, 3, 23, 22, 1, 5
4	8, 19, 20	8, 19, 20, 22, 3, 23	8, 19, 20, 3, 23, 22, 1, 5	
5	3, 23	1, 5		
6	1, 5			

Adotando-se uma distância de seis, equivalente ao nível de significância de 0,16, o grupo  $G_3$  foi subdividido em dois, sendo um formado pelos locais 8, 19, 20, 22, 3, 23, 1, 5 ( $G_{3,1}$ ) e o outro pelos 7, 9, 14, 16 ( $G_{3,2}$ ). Ao adotar-se o nível de 0,25 (distância = 4), o grupo  $G_{3,1}$  foi subdividido em dois: 8, 19, 20, 22, 3, 23 ( $G_{3,1,1}$ ) e 1, 5 ( $G_{3,1,2}$ ). Passando para uma significância de 0,50 (distância = 2) o grupo  $G_{3,1,1}$  foi particionado em  $G_{3,1,1,1}$  (3, 23) e  $G_{3,1,1,2}$  (8, 19, 20) sendo que o grupo  $G_1$  foi desfeito (Tabela 4).

Assim, adotando-se um ponto de corte na Figura 1, igual a 2, para formação dos grupos, o agrupamento final seria formado pelos seguintes grupos: grupo 1: locais 6 e 21 (Castro-PR e Tourinos-PR), grupo 2: locais 7 e 9 (Dourados-MS e Floresta PR), grupo 3: locais 14 e 16 (Rio Verde-GO e Santa Cruz do Sul-RS), grupo 4: locais 8, 19 e 20 (Erechim-RS, Tibagi-PR e Toledo-PR), grupo 5: locais 3 e 23 (Campinas-SP e Unaí-MG) e grupo 6: locais 1 e 5 (Arapoti-PR e Cascavél-PR). Um ponto de corte igual a 2 indica que a maior distância entre ambientes, dentro de um mesmo grupo é igual a duas unidades. Lembrando que, a medida de dissimilaridade adotada no presente trabalho é o inverso do p-valor para o teste F da interação GxE, este valor equivale

a um p-valor de 0,5, ou seja o p-valor ou nível de significância mínimo para o teste F da interação GxE considerando os locais de um mesmo grupamento será de no mínimo 0,50. Realizando tais testes foram obtidos os seguintes p-valores para o teste da interação GxE: 0,7887, 0,7389, 0,7906, 0,7924, 0,7821 e 0,5041, para os grupos 1, 2, 3, 4, 5 e 6, respectivamente. Como esperado, todos formam superiores ao p-valor nominal do agrupamento (0,50). Dentro dos grupos 1, 2, 4 e 6 os locais possuem a mesma classificação climática. Já nos grupos 3 e 5, foram agrupados locais como classificados de clima subtropical e tropical, entretanto, como anteriormente comentado, a interação GxE considerando esses grupos de locais foi altamente não significativa. Adotando-se este ponto de corte, os 23 ambientes foram agrupados em 16 grupos (Tabela 5) que apresentam padrões de comportamento distintos entre si, quanto ao comportamento dos híbridos. Deste modo, em um grupo que apresente dois ou mais locais (grupos 1, 2, 3, 5, 6 e 16), a condução do ensaio em apenas um deles é suficiente para avaliação do comportamento dos híbridos, resultando numa redução nos custos dos programas de avaliação de híbridos.

**Tabela 5.** Agrupamento dos 23 ambientes em grupos com interação G x E não significativas no nível de significância de 0,50.

Grupo	Ambientes	Grupo	Ambientes
1	Castro – PR; Tourinos – PR	9	Irai – MG
2	Dourados - MS; Floresta – PR	10	Londrina – PR
3	Santa Cruz do Sul – RS; Rio Verde – GO	11	Ourinhos – SP
4	Capinópolis – MG	12	Rondonópolis – MS
5	Campinas – SP; Unaí – MG	13	Santa Helena – GO
6	Arapoti – PR; Cascavel – PR	14	Santa Rosa – RS
7	Botelhos – MG	15	Tupaciguara – MG
8	Guairá – SP	16	Erechim – RS; Tibagi – PR; Toledo – PR

O agrupamento sugerido pelo programa GENES, que utiliza o algoritmo, apresentado por Cruz & Regazzi (1994),

adotando um nível de significância de 5% para formação dos grupos foi: Grupo 1: locais 3, 7, 8, 14, 16, 19, 20, 21, 22 e 23 e

Grupo2: locais 4, 10, 17, 18, 23, 15. Adotando-se esse mesmo nível de significância, o agrupamento sugerido pela Figura 1 foi: Grupo1: locais 1, 3, 5, 7, 8, 9, 14, 16, 19, 20, 22 e 23, Grupo2 locais 6 e 21 e Grupo3 locais 10 e 18. Nota-se que os agrupamentos dos ambientes, sugeridos pelos dois critérios (CRUZ & REGAZZI, 1994 e o apresentado no presente trabalho) foram bastante concordantes. Diferindo somente em relação aos locais 6 (Castro-PR) e 21 (Tourinos-PR), que formam um grupo pela presente metodologia e os locais e 1 (Arapoti-PR), 5 (Cascavel-PR) e 9 (Floresta-PR), que foram agrupados no Grupo1, ao passo que, pelo algoritmo de Cruz & Regazzi (1994) estes locais não foram agrupados. Vale ressaltar que o nível de significância para o teste F para interação GxE, considerando os locais agrupados no Grupo1 pela metodologia de Cruz & Regazzi (1994) foi 0,0509, superior a 5% como previsto no algoritmo. No caso do agrupamento sugerido pela análise de agrupamento, utilizando o critério de ligação WPGMA, e tendo como medida de dissimilaridade o inverso do p-valor para o teste F na análise para a hipótese de ausência de interação GxE aqui

apresentado, o p-valor para o Grupo1 formado de 0,1225, indicando, apesar do maior número de locais, uma interação GxE menos pronunciada, do que a observada no grupo sugerido pela metodologia de Cruz & Regazzi (1994).

Assim, verifica-se uma boa eficiência da metodologia apresentada, pois, os pares de ambientes (6 e 21) e (1 e 5) foram agrupados, por esta metodologia, e não o foram pela de Cruz & Regazzi (1994), apresentam mesma classificação climática e estão geograficamente próximos.

Outra vantagem da metodologia, ora apresentada, reside na possibilidade de uma visualização gráfica do agrupamento, bem como da definição do nível de significância a ser adotado para o agrupamento, a partir do gráfico.

## CONCLUSÃO

A metodologia utilizada mostrou-se adequada para o agrupamento de ambientes com interações não significativas.

---

**ABSTRACT:** A methodology for grouping environments with no genotype x environment interaction was showed. These method uses the WPGMA cluster analysis. The inverse of the p-value for interaction x environment F test in the usual anova was used as dissimilarity measure. The methodology was shown efficient for the grouping of environments with no genotypes x environments interaction, besides allowing the graphic visualization of the grouping and the possibility of defining the significance level to be adopted for the grouping, from the graphic.

**UNITERMS:** Custer analisis, WPGMA, stratification of megaenvironments

---

## REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- ALLEN, F.L.; COMSTOCK, R.E.; RASMUSSEN, D.C. Optimal environments for yield testing. **Crop Science**, Madison, 18, p.747-751. 1978.
- BROWN, K.D.; SORRELLS, M.E.; COFFMAN, W.R. A method for classification and evaluation of testing environments. **Crop Science**, Madison, 23, p.889-893. 1983.
- CRUZ, C.D. **Programa Genes – Aplicativo computacional em genética e estatística**. Viçosa: Editora UFV, 1997. 442p.
- CRUZ, C.D.; REGAZZI, A.J. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. Viçosa: Imprensa Universitária, 1994. 390p.
- DUARTE, J.B. & VENCOVSKY, R. **Interação genótipos x ambientes**, uma introdução à análise *AMMI*. Série Monografias-SBG, n.9. Ribeirão Preto, SBG, 1999. 60 p.

FOX, P.N.; ROSIELLE, A.A. Reference sets of genotypes and selection for yield in unpredictable environments. **Crop Science**, Madison, 4, p.291-295, 1982 a.

FOX, P.N.; ROSIELLE, A.A. Reducing the influence of environmental main-effects on pattern and analysis of plant breeding environments. **Euphytica**, Wageningen, 31, p.645-656, 1982b.

HALLAUER, A.R.; RUSSEL, W.A.; LAMKEY, K.R. **Corn Breeding**. In: Corn and Corn improvement 3ed. (SPRAGUE, G.F.; DUDLEY, J. W. Editors). Madison: American Society of Agronomy Inc. 1988. 986p.

HAMBLIN, H.H.; FISHER, M.; RIDINGS, H.I. The joice of locality for plant breeding when selecting for high yield and general adaptation. **Euphytica**. 29:161-168, 1980.

LIN, C.S. Grouping genotypes by a cluster method directly related to genotype-environment interaction mean square. **Theoretical and Applied Genetics**, New York, 62, p.277-280, 1982.

RAMEY, T.B.; ROSIELLE, A.A. HASS cluster analysis: a new method for grouping genotypes or environments in plant breeding. **Theoretical and Applied Genetics**, New York, 66, p.131-133, 1983.

SNEATH, P.A.; SOKAL, R.R. **Numerical Taxonomi**. San Francisco, W. H. Freeman, 1973.