

Adaptabilidade e estabilidade em feijão-caupi por GGE biplot¹

Adaptability and stability of cowpea by GGE biplot

Leonardo Castelo Branco Carvalho², Kaesel Jackson Damasceno e Silva^{3*}, Giancarlo Conde Xavier de Oliveira⁴, Maurisrael de Moura Rocha⁵

RESUMO: O feijão-de-corda (*Vigna unguiculata* (L.) Walp) é considerado uma cultura estratégica para melhoramento genético e uma importante fonte de proteína para as pessoas mais pobres nos países em desenvolvimento. A avaliação da capacidade de resiliência e adaptabilidade de espécies cultivadas é crucial para a recomendação de cultivo amplas e específicas. O objetivo deste estudo foi avaliar genótipos elite do feijão caupi, para rendimento de grãos, em uma ampla faixa de variação latitudinal e temporal. Foram avaliados 20 genótipos em 82 ambientes (combinações locais x anos) através da metodologia GGE Biplot. A análise de variância mostrou efeitos altamente significativos ($p \leq 0,001$) de genótipos, ambientes e interação GxA, mas a decomposição do efeito de interação mostrou baixa eficiência, com os dois primeiros componentes principais explicando apenas 38% da variação total. Os genótipos 11 (MNC03-737F-5-1), 12 (MNC03-737F-5-4), 13 (MNC03-737F-5-9), 17 (BRS Tumucumaque), 18 (BRS Cauamé) e 20 (BRS Guariba) apresentaram comportamento mais estável segundo o modelo GGE Biplot, e os genótipos 13 (MNC03-737F-5-9) e 17 (BRS Tumucumaque) foram considerados amplamente adaptados.

Palavras-Chave: Adaptação. Mudanças climáticas. Interação GxA. *Vigna unguiculata*.

ABSTRACT: Cowpea (*Vigna unguiculata* (L.) Walp) is considered a strategic crop for breeding and a important protein source for poorest people in developing countries. The assessment of the resilience capacity and adaptability of cultivated species is crucial for both general and specific places recommendation. The aim of this study was to evaluate elite genotypes of cowpea, for grain yield, at a wide range of latitudinal and temporal variation. Were evaluated 20 genotypes in 82 environments (local x year combinations) through GGE Biplot methodology; and analysis of variance showed highly significant effects ($p \leq 0.001$) of genotypes, environments, and GxE interaction, but the decomposition of the interaction effect showed low efficiency with two first components explaining only 38% of the total variation. Genotypes 11 (MNC03-737F-5-1), 12 (MNC03-737F-5-4), 13 (MNC03-737F-5-9), 17 (BRS Tumucumaque), 18 (BRS Cauamé), and 20 (BRS Guariba) showed the most stable behavior according to the GGE Biplot models, and genotypes 13 (MNC03-737F-5-9) and 17 (BRS Tumucumaque) were considered widely adapted.

Key Words: Adaptation. Climatic change. GxE interaction. *Vigna unguiculata*.

*Autor para correspondência

¹ Parte da Tese de Doutorado do primeiro autor apresentada ao programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento de Plantas da Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz, Universidade de São Paulo.

² Departamento de Genética, Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz, Universidade de São Paulo, Piracicaba, São Paulo, Brasil, cbcleonardo@gmail.com.

^{3*} Embrapa Meio-Norte, Avenida Duque de Caxias, 5650, 64008-780, Teresina, Piauí, Brasil, kaesel.damasceno@embrapa.br.

⁴ Departamento de Genética, Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz, Universidade de São Paulo, Piracicaba, São Paulo, Brasil, gcxolive@gmail.com.

⁵ Embrapa Meio-Norte, Avenida Duque de Caxias, 5650, 64008-780, Teresina, Piauí, Brasil, maurisrael.rocha@embrapa.br.

INTRODUÇÃO

O feijão-caupi (*Vigna unguiculata* (L.) Walp), espécie autógama de elevado valor nutricional, tem como centro de origem e domesticação a região Centro-Oeste da África, estando na Nigéria o provável centro primário de diversidade. Atualmente, essa espécie ocupa uma área plantada no mundo que corresponde a mais de 12 milhões de hectares distribuídos em todas as regiões de clima tropical, especialmente na Índia e no continente africano, assim como em algumas áreas de clima temperado, como no Vale Central da Califórnia e na bacia do Mediterrâneo (FREIRE FILHO et al., 2012).

Pelo fato de ainda ser bastante cultivado por pequenos agricultores e diante da comprovada rusticidade dessa leguminosa, principalmente quando cultivada em regiões com baixa disponibilidade de água e elevada temperatura (desenvolvendo-se de forma satisfatória em regiões onde a temperatura média pode atingir os 35°), o feijão-caupi é considerada uma espécie de importância estratégica como fonte de proteína vegetal em locais situados a baixas latitudes e que são, portanto, mais vulneráveis aos efeitos da elevação da temperatura ocasionado pelas mudanças climáticas (SINGH, 2000; CHIULELE et al, 2011).

Modelos multivariados, que consideram o efeito da interação como multiplicativo, além de capitalizarem de forma mais eficiente a interação GxA (ZOBEL; WRIGHT; GAUCH, 1988), possuem vantagens tais como a quantificação de cada genótipo e ambiente para a soma de quadrados da interação e o fato de fornecerem uma fácil interpretação dos resultados por meio de gráficos *Biplot* (GABRIEL, 1971; KEMPTON, 1984; YAN; TINKER, 2006). Diante disso, o objetivo desse estudo foi avaliar, frente a uma ampla faixa de variação latitudinal e temporal, a capacidade de resiliência e adaptação de 20 linhagens elite de feijão-caupi, no que diz respeito ao caráter produtividade de grãos.

MATERIAL E MÉTODOS

Foram avaliados 20 genótipos (16 linhagens e 4 cultivares) oriundos da coleção de trabalho do Programa de Melhoramento de feijão-caupi da Embrapa Meio-Norte. Sendo assim, foram obtidos dados, considerando o caráter “Produtividade de grãos”(kg.ha⁻¹), referentes a experimentos realizados ao longo de 3 anos (2010 a 2012), em 47 estações experimentais do Brasil, totalizando 82 combinações *locais x anos*. O delineamento experimental utilizado em todos os ensaios foi o de blocos completos casualizados (DBC), com todos os genótipos distribuídos em 4 repetições. A parcela útil foi composta por duas fileiras de 5 m, com espaçamento entre fileiras de 0,5 m e, entre plantas, de 0,25 m.

Foi aplicada a metodologia GGE Biplot à tabela de dupla entrada contendo as médias fenotípicas dos genótipos em cada ambiente. Para isso, os dados fenotípicos transformados foram analisados sem fator de escala (opção *Scaling* = 0, do pacote *GGEbiplotGUI*) para gerar o Biplot (*centring* = 2). Realizou-se então a decomposição da matriz de médias ajustadas dos efeitos via *SVD*, com o intuito de analisar a parte multiplicativa do modelo GGE Biplot, como segue: $\mathbf{GGE} = \sum_{k=1}^n \lambda_k \gamma_{ik} \alpha_{jk} + \rho_{ij}$; Em que: \mathbf{GGE} é a matriz dos efeitos de genótipos somados aos efeitos da interação; λ_k corresponde ao singular do *k-ésimo* eixo da análise dos componentes principais; γ_{ik} e α_{jk} são os *k-ésimos* autovetores dos *n* componentes principais genotípicos e ambientais retidos no modelo, respectivamente; e ρ_{ij} é o resíduo referente ao ajuste. Todas as análises apresentadas no presente trabalho foram realizadas com auxílio do Ambiente Estatístico R (R version 3.1.2), gratuito e livremente distribuído nos termos da General Public Licence (GPL-2).

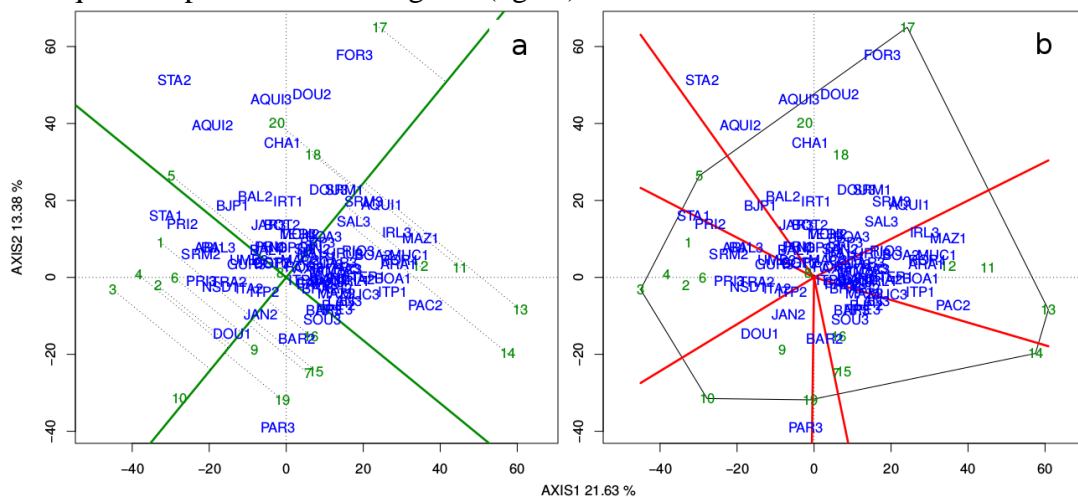
RESULTADOS E DISCUSSÃO

Os efeitos de genótipos, ambientes, e a da interação genótipos x ambientes foram significativos ($p \leq 0,001$) e a decomposição *SVD* dos efeitos da matriz GGE apresentou baixa eficiência, tendo em vista que os dois primeiros componentes principais explicaram apenas 38%

da variação total para a produtividade de grãos. Para a explicação de pelo menos 80% da variação total foram necessários no mínimo 9 componentes. Crossa (1990) e Castillo et al. (2012), obtiveram porcentagens de aproximadamente 27% e 54% da variação explicada pelos dois primeiros eixos e realizaram a análise Biplot; e Oliveira et al. (2003) obtiveram uma explicação conjunta de 31% da variação com o uso de dois componentes principais pelo método AMMI1. Olayiwola et al. (2015) ressaltam que ocorrem importantes ganhos de eficiência na estimação da interação GxE quando os genótipos são avaliados em muitos ambientes via modelos multiplicativos, tais como o GGE Biplot.

De acordo com o método GGE Biplot (Figura 1a), o genótipo 17 destacou-se bastante dos demais, apresentando elevada produtividade, seguido por 13, 20, 18 e 11. Os genótipos 8 e 10 destacaram-se como os mais estáveis (com projeção mínima do eixo 1). O genótipo 17 apresentou boa relação com os ambientes FOR (Formoso do Araguaia) e DOU (Dourados). Já os genótipos 18 e 20 possuem adaptação específica para CHA (Chapadão do Sul), AQUI (Aquidauana) e DOU (Dourados). O genótipo 19 apresentou baixa produtividade média bem como uma estabilidade mediana, mas apresentou desempenho vantajoso em relação aos demais no ambiente PAR (Paragominas).

Figura 1. GGE Biplot considerando 20 genótipos de feijão-caupi avaliados em 82 ambientes quanto à produtividade de grãos (kg/ha).



A Figura 1b refere-se à adaptabilidade específica aos locais de teste. Os genótipos 3, 5, 10, 13, 14, 17 e 19 (genótipos que formaram os vértices do heptágono) apresentaram melhor desempenho médio dentro dos respectivos mega-ambientes, destacando-se 13 e 17 como as linhagens mais indicadas para a maioria dos ambientes.

Akande (2007), avaliando 9 linhagens de feijão-caupi para a produtividade de grãos e número de dias de florescimento em 4 locais dentro de dois anos pela metodologia GGE Biplot, concluiu que essa metodologia obteve sucesso para identificar genótipos superiores com boa estabilidade, bem como no auxílio à recomendação de linhagens especificamente adaptadas a alguns ambientes. Olayiwola et al. (2015) também usaram essa abordagem em feijão-caupi e concluíram que a análise GGE Biplot foi eficiente para identificar os genótipos mais produtivos e com boa estabilidade.

CONCLUSÃO

Os genótipos 11 (MNC03-737F-5-1), 12 (MNC03-737F-5-4), 13 (MNC03-737F-5-9), 17 (BRS Tumucumaque), 18 (BRS Cauamé) e 20 (BRS Guariba) apresentaram o comportamento mais estável segundo o modelo GGE Biplot, sendo 13 (MNC03-737F-5-9) e 17 (BRS Tumucumaque) considerados como amplamente adaptados.

AGRADECIMENTOS

À Embrapa pelo suporte financeiro à pesquisa e ao CNPq pela bolsa de estudos.

REFERÊNCIAS

- AKANDE, S.R. Genotype by environment interaction for cowpea seed yield and disease reactions in the forest and derived savanna agro-ecologies of south-west Nigeria. *American-Eurasian Journal of Agriculture & Environment Science*, Dubai, v. 2, p. 163-168, 2007.
- CASTILLO, D.; MATUS, I.; DEL POZO, A.; MADARIAGA, R.; MELLADO, M. Adaptability and genotype x environment interaction of Spring wheat cultivars in Chile using regression analysis, AMMI, and SREG. **Chilean Journal of Agricultural Research**, Santiago, v. 72, p. 167-174, 2012.
- CHIULELE, R.M.; MWANGI, G.; TONGOONA, P.; EHLERS, J.D.; NDEVE, A.D.; TENYWA, J.S.; SANTOS, L. Assessment of cowpea genotypes for variability to drought tolerance. **African Crop Science Conference Proceedings**, El-Minia, v. 10, p. 531-537, 2011.
- CROSSA, J. Statistical analyses of multilocation trials. **Advances in Agronomy**, New York, v. 44, p. 55-85, 1990.
- FREIRE FILHO, F.R.; RIBEIRO V.Q.; ROCHA, M.M.; SILVA, K.J.D.; NOGUEIRA, M.S.R.; RODRIGUES, E.V. **Feijão-caupi no Brasil, produção, melhoramento genético, avanços e desafios**. Brasília: Embrapa. 2012. 81 p.
- GABRIEL, K.R. The biplot graphic display of matrices with application to principal component analysis. **Biometrics**, Washington, v. 58, p. 453-467, 1971.
- KEMPTON, R.A. The use of biplot in interpreting variety by environment interactions. **Journal of Agricultural Science**, London, v. 103, p. 123-135, 1984.
- OLAYIWOLA, M.O.; SOREMI, P.A.S.; OKELEYE, K.A. Evaluation of some cowpea (*Vigna unguiculata* L. [walp]) genotypes for stability of performance over 4 years. **Current Research in Agricultural Sciences**, Punjab, v. 2, p. 22-30, 2015.
- OLIVEIRA, A.P.; SILVA, V.R.; DE ARRUDA, F.P.; DO NASCIMENTO, I.S.; ALVES, A.U. Rendimento de feijão-caupi em função de doses e formas de aplicação de nitrogênio. **Horticultura Brasileira**, Brasília, v. 21, n. 1, p. 77-80, 2003.
- OLIVEIRA, A.B.; DUARTE, J.B.; CHAVES, L.J.; COUTO, M.A. Environmental and genotypic factors associated with genotype by environment interactions in soybean. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, Viçosa, v. 6, p. 79-86, 2006.
- R Development Core Team. **R: A Language and Environment for Statistical Computing**. R Foundation for Statistical Computing, 2018. Disponível em: <<http://www.R-project.org>>. Acesso em: 5 jan. 2018.
- SINGH, B.B. Breeding cowpea varieties for wide adaptation by minimizing GXE interactions. In: _____. **GxE analysis of IITA mandate crops in Sub-Saharan Africa**. Ibadan: Ekanayeke I.J. 2000. p. 173-181.
- YAN, W.; TINKER, N.A. Biplot analysis of multi-environment trial data: Principles and applications. **Canadian Journal of Plant Science**, Ottawa, v. 86, p. 623-645, 2006.
- ZOBEL, R.W.; WRIGHT, M.J.; GAUCH, H.G. Statistical analysis of a yield trial. **Agronomy Journal**, Madison, v. 80, p. 388-393, 1988.