

Adaptabilidade e estabilidade de genótipos de feijão caupi ereto via REML/BLUP e GGE Biplot

Adaptability and stability of erect cowpea genotypes via REML/BLUP and GGE Biplot

Adriano dos Santos^{1*}, Gessi Ceccon², Paulo Eduardo Teodoro³, Agenor Martinho Correa³, Rita de Cássia Félix Alvarez⁴, Juslei Figueiredo da Silva⁵, Valdecir Batista Alves⁵

1. Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro - Laboratório de Genética e Melhoramento Vegetal- Campos dos Goytacazes (RJ), Brasil.
2. Embrapa - Conservação do Solo e Água - Dourados (MS), Brasil.
3. Universidade Estadual de Mato Grosso do Sul - Fitotecnia - Aquidauana (MS), Brasil.
4. Universidade Estadual de Mato Grosso do Sul - Fitotecnia - Chapadão do Sul (MS), Brasil.
5. Universidade Federal da Grande Dourados - Fitotecnia - Dourados (MS), Brasil.

RESUMO: O objetivo deste trabalho foi verificar a associação entre os métodos GGE Biplot e REML/BLUP e selecionar genótipos de feijão-caupi que reúnam simultaneamente alta produtividade de grãos, adaptabilidade e estabilidade nos ambientes de Mato Grosso do Sul. Os experimentos foram realizados no período de Fevereiro a Julho de 2010, 2011 e 2012, nos municípios de Dourados, Aquidauana e Chapadão do Sul. Os experimentos em Chapadão do Sul foram realizados apenas nos anos de 2010 e 2011, totalizando oito ambientes. Depois de detectar a interação genótipos $\times$ ambientes (GE) significativa, a adaptabilidade e a estabilidade fenotípica dos genótipos de feijão-caupi foram analisadas pelos métodos GGE Biplot e REML/BLUP. Esses métodos foram concordantes na identificação dos melhores genótipos de feijão-caupi para o Estado de Mato Grosso do Sul. As cultivares BRS-Tumucumaque e BRS-Guariba são as mais próximas do ideal em termos de alta produtividade de grãos e estabilidade fenotípica, sendo então indicadas para o cultivo no Estado.

Palavras-chave: *Vigna unguiculata*, análise multivariada, modelos mistos, interação genótipos $\times$ ambientes.

ABSTRACT: The objective of this study was to investigate the association between the GGE Biplot and REML/BLUP methods and select cowpea genotypes that meet simultaneously high grain yield, adaptability and stability in the Mato Grosso do Sul environments. The experiments were carried out from February to July 2010, 2011 and 2012 in the municipalities of Dourados, Aquidauana and Chapadão do Sul. The experiments in Chapadão do Sul were conducted only in the years of 2010 and 2011, totaling eight environments. After detecting significant genotypes $\times$ environments (GE) interaction, the adaptability and the phenotypic stability of cowpea genotypes were analyzed by GGE Biplot and REML/BLUP methods. These methods were concordant in the identification of the best cowpea genotypes for the State of Mato Grosso do Sul. The BRS-Tumucumaque and BRS-Guariba cultivars are the closest to the ideal in terms of high grain yield and phenotypic stability, being suitable for cultivation in the State.

Key words: *Vigna unguiculata*, multivariate analysis, mixed models, genotypes $\times$ environments interaction.

*Autor correspondente: adriano.agro84@yahoo.com.br

Recebido: 3 Jul. 2015 – Aceito: 14 Dez. 2015

INTRODUÇÃO

Nos programas de melhoramento de feijão-caupi, um grande número de genótipos é testado anualmente em diferentes ambientes, antes de sua recomendação final e multiplicação (Santos et al. 2014). Visto que, na maioria das vezes, esses ambientes são distintos, há interação entre genótipos e ambientes (GE), ou seja, resposta diferencial dos genótipos em função do ambiente. A interação GE pode ser simples, o que possibilita a avaliação do real impacto de seleção e assegura alto grau de confiabilidade na recomendação de genótipos, maximizando a produtividade e outros atributos agronômicos de interesse para um determinado local ou grupo de ambientes (Silva et al. 2011; Rosado et al. 2012; Cruz et al. 2014).

Entretanto, quando a interação é complexa, a simples análise da interação GE não proporciona informações completas e exatas sobre o desempenho de cada genótipo em várias condições ambientais. Faz-se necessário realizar análises de adaptabilidade e estabilidade fenotípicas, pelas quais é possível a identificação de genótipos com desempenho previsível, que sejam responsivos às variações ambientais, em condições específicas ou amplas como mencionado por Yates e Cochran (1938) e Cruz et al. (2014). Nesse contexto, há métodos recentes e que explicam adequadamente os efeitos principais (de genótipos e de ambientes) e de sua interação, podendo-se destacar GGE Biplot e REML/BLUP (Silva et al. 2011).

A análise GGE Biplot foi proposta como um gráfico capaz de interpretar a interação GE no modelo SREG (Yan et al. 2000). Esse método considera que o efeito principal do ambiente não é relevante na seleção dos genótipos (G), sendo o efeito de G apresentado como um efeito multiplicativo da GE. Os eixos dos gráficos da análise são os dois primeiros componentes principais da análise multivariada, assumindo os efeitos dos ambientes como fixos e os demais como aleatórios (Miranda et al. 2009). Assim, na seleção de cultivares e formação de mega-ambientes, a capacidade adaptativa dos genótipos é mais importante em relação às condições edafoclimáticas, e as mudanças no caráter em questão são devidas apenas aos efeitos de G e GE (Yan et al. 2000).

A análise REML/BLUP permite considerar erros correlacionados dentro de locais, bem como a estabilidade e a adaptabilidade na seleção de genótipos superiores, fornece valores genéticos já descontados da instabilidade e pode ser aplicada a qualquer número de ambientes. Além disso, gera resultados na própria unidade ou escala do caráter avaliado, que podem ser interpretados diretamente como valores genéticos, o que

os outros métodos não permitem. Assim, a seleção simultânea por produtividade, estabilidade e adaptabilidade, no contexto dos modelos mistos, pode ser realizada pelo método da média harmônica do desempenho relativo dos valores genéticos (MHPRVG) preditos (Silva et al. 2011; Rosado et al. 2012).

Recentemente, os métodos GGE Biplot e REML/BLUP vêm sendo utilizados separadamente para investigar a interação GE em diversas culturas, porém ainda não há relatos de sua utilização para o feijão-caupi. Assim, o objetivo deste trabalho foi verificar a associação entre os métodos GGE Biplot e REML/BLUP e selecionar genótipos de feijão-caupi ereto que reúnam simultaneamente alta produtividade de grãos, adaptabilidade e estabilidade nos ambientes de Mato Grosso do Sul.

MATERIAL E MÉTODOS

Os genótipos de feijão-caupi ereto utilizados no experimento são provenientes da Embrapa Meio Norte, sendo 16 linhagens avançadas: MNC02-675F-4-9 (G1), MNC02-675F-4-2 (G2), MNC02-675F-9-2 (G3), MNC02-675F-9-3 (G4), MNC02-676F-3 (G5), MNC02-682F-2-6 (G6), MNC02-683F-1 (G7), MNC02-684F-5-6 (G8), MNC03-725F-3 (G9), MNC03-736F-7 (G10), MNC03-737F-5-1 (G11), MNC03-737F-5-4 (G12), MNC03-737F-5-9 (G13), MNC03-737F-5-10 (G14), MNC03-737F-5-11 (G15) e MNC03-737F-11 (G16).

As linhagens foram obtidas, principalmente, pelos métodos descendente de uma única vagem (SPD) e genealógico com ciclos de seleção bianual. A seleção das linhagens avançadas foi realizada com base na produção, arquitetura de plantas, precocidade e qualidade de grão, visando ainda à resistência múltipla a vírus, maior tolerância aos insetos-praga e teores nutricionais mais elevados. As quatro cultivares comerciais utilizadas como testemunhas foram selecionadas por apresentarem características favoráveis, sendo que a cultivar BRS-Tumucumaque (G17) possui arquitetura moderna que possibilita a colheita mecanizada, grãos brancos de tamanho médio e de grande aceitação comercial, alta produtividade e ciclo precoce. A cultivar BRS-Cauamé (G18) tem crescimento indeterminado, porte semiereto, ciclo precoce, possui um bom nível de resistência ao acamamento e é de fácil colheita manual, sendo adequada para a colheita mecânica com o dessecamento das plantas. A cultivar BRS-Itaim (G19) possui grão tipo fradinho de tamanho médio, ciclo precoce, porte da planta ereto, associados a alta produtividade. A BRS-Guariba (G20) possui grãos brancos



de tamanho pequeno a médio, ciclo de maturidade precoce, porte semiereto, alta produtividade e é recomendada para condições de alta tecnologia, sendo amplamente utilizada.

Os experimentos foram realizados no período de Fevereiro a Julho de 2010, 2011 e 2012, nos municípios de Dourados, Aquidauana e Chapadão do Sul, localizados no Estado de Mato Grosso do Sul. Os experimentos em Chapadão do Sul foram realizados apenas nos anos de 2010 e 2011, totalizando oito ambientes, cujas características edafoclimáticas estão expressas na Tabela 1. Cabe ressaltar que nos ambientes A2 (Chapadão do Sul 2010) e A3 (Dourados 2010) a precipitação acumulada no decorrer do experimento foi inferior ao mínimo exigido pela cultura, que é de aproximadamente 300 mm (Nascimento et al. 2011).

Utilizou-se delineamento experimental em blocos casualizados, com 20 genótipos e quatro repetições. A parcela experimental constituiu-se de quatro linhas com 5 m de comprimento, espaçadas a 0,50 m entre si, considerando-se

como área útil as duas linhas centrais. A implantação dos experimentos foi realizada em Fevereiro, Abril e Março, enquanto que a colheita foi realizada em Maio, Julho e Junho, respectivamente, em Dourados, Aquidauana e Chapadão do Sul. Esse escalonamento teve como objetivo homogeneizar as condições climáticas, considerando-se as particularidades de cada município. A adubação de semeadura constou de 200 kg-ha⁻¹ de adubo químico da fórmula comercial 04-20-20. Uma semana após a emergência das plântulas, foi realizado o desbaste manual deixando oito plântulas por metro. Em todos os anos e locais, não foram realizadas adubações de cobertura.

Inicialmente, foram realizadas as análises de variância individuais para cada um dos oito ambientes, considerando-se todos os 20 genótipos. Após verificar a variabilidade genética entre os genótipos e a homogeneidade das variâncias, realizou-se uma análise conjunta de variância para os genótipos, reunindo os três locais e anos. Depois de detectar



Tabela 1. Características edafoclimáticas de cada ambiente onde foram avaliados 20 genótipos de feijão-caupi de porte ereto.

Ambiente	Ano	Local	Latitude	Longitude	Altitude (m)	Bioma	Solo	Clima*	Temperatura média (°C)**	Precipitação acumulada (mm)**
A1	2010	Aquidauana	22°01'S	54°05'W	174	Pantanal	Argissolo Vermelho-Amarelo distrófico	Aw	28,1	398,1
A2	2010	Chapadão do Sul	18°05'S	52°04'W	820	Cerrado	Latossolo Vermelho distroférrico argiloso	Aw	26,8	214,8
A3	2010	Dourados	20°03'S	55°05'W	407	Mata Atlântica	Latossolo Vermelho distroférrico	Cwa	25,6	200,1
A4	2011	Aquidauana	22°01'S	54°05'W	174	Pantanal	Argissolo Vermelho-Amarelo distrófico	Aw	28,7	315,1
A5	2011	Chapadão do Sul	18°05'S	52°04'W	820	Cerrado	Latossolo Vermelho distroférrico argiloso	Aw	26,3	410,6
A6	2011	Dourados	20°03'S	55°05'W	407	Mata Atlântica	Latossolo Vermelho distroférrico	Cwa	25,9	435,5
A7	2012	Aquidauana	22°01'S	54°05'W	174	Pantanal	Argissolo Vermelho-Amarelo distrófico	Aw	27,9	377,9
A8	2012	Dourados	20°03'S	55°05'W	407	Mata Atlântica	Latossolo Vermelho distroférrico	Cwa	26,2	387,4

*De acordo com Köppen-Geiger; **No decorrer do experimento.

a interação GE significativa, a adaptabilidade e a estabilidade fenotípica dos genótipos de feijão-caupi foram estimadas pelos métodos GGE Biplot e REML/BLUP.

O modelo GGE Biplot utilizado foi o seguinte: $Y_{ij} - y_j = y_i \varepsilon_{i1} Q_{j1} + y_i \varepsilon_{i2} Q_{j2} + \varepsilon_{ij}$ onde: Y_{ij} representa a produtividade de grãos média do genótipo i no ambiente j ; y_j é a média geral dos genótipos no ambiente j ; $y_i \varepsilon_{i1} Q_{j1}$ é o primeiro componente principal (PC1); $y_i \varepsilon_{i2} Q_{j2}$ é o segundo componente principal (PC2); y_i e y_j são os valores próprios associados a IPCA1 e IPCA2, respectivamente; ε_1 e ε_2 são os valores do PC1 e PC2, respectivamente, do genótipo i ; Q_{j1} e Q_{j2} são os valores do PC1 e PC2, respectivamente, para o ambiente j ; e ε_{ij} é o erro associado com o modelo do i -ésimo genótipo e j -ésimo ambiente (Yan et al. 2000). Essa análise foi realizada com auxílio do pacote GGEbiplotGui implementado no software R (R Development Core Team 2014).

Para avaliar o efeito da interação GE via REML/BLUP, foi utilizado o modelo estatístico 54 do software Selegen-REML/BLUP (Resende 2007), correspondente a $y = Xb + Zg + Wc + e$, em que y , b , g , c e e correspondem, respectivamente, aos vetores de dados de efeitos fixos (médias de blocos através dos ambientes), efeitos dos genótipos (aleatório), efeitos da interação genótipo $\times$ ambiente (aleatório) e de erros aleatórios; X , Z e W representam matrizes de incidência para b , g e c , respectivamente. As distribuições e estruturas de médias (E) e variâncias (Var) assumidas foram:

$$E \begin{bmatrix} y \\ g \\ c \\ e \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} Xb \\ 0 \\ 0 \\ 0 \end{bmatrix}; \text{Var} \begin{bmatrix} g \\ c \\ e \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} I\sigma_g^2 & 0 & 0 \\ 0 & I\sigma_c^2 & 0 \\ 0 & 0 & I\sigma_e^2 \end{bmatrix}$$

O ajuste do modelo foi obtido a partir das equações de modelo misto:

$$\begin{bmatrix} X'X & X'Z & X'W \\ Z'X & Z'Z + 1\lambda_1 & Z'W \\ W'X & W'Z & W'W + 1\lambda_2 \end{bmatrix} \times \begin{bmatrix} \hat{b} \\ \hat{g} \\ \hat{c} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X'y \\ Z'y \\ W'y \end{bmatrix}$$

onde $\lambda_1 = \sigma_c^2 / \sigma_g^2 = (1 - h_g^2 - c^2) / h_g^2$; $\lambda_2 = \sigma_c^2 / \sigma_e^2 = (1 - h_g^2 - c^2) / h_g^2$, em que: $h_g^2 = \sigma_g^2 / (\sigma_g^2 + \sigma_c^2 + \sigma_e^2)$ corresponde à herdabilidade individual, no sentido amplo no bloco; $c^2 = \sigma_c^2 / (\sigma_g^2 + \sigma_c^2 + \sigma_e^2)$ corresponde ao coeficiente de determinação dos efeitos da interação genótipo $\times$ ambiente; σ_g^2 é a variância genotípica entre os genótipos de feijão-caupi; σ_c^2 é variância da interação genótipo $\times$ ambiente; σ_e^2 é a variância residual entre parcelas.

Essa análise foi realizada com o software Selegen (Resende 2007).

RESULTADOS E DISCUSSÃO

Os vetores provenientes do centro Biplot (0; 0) dividiram o gráfico em cinco setores. O polígono gerado ligou os genótipos MNC03-736F-7 (G10), MNC02-682F-2-6 (G6), BRS-Tumucumaque (G17), MNC03-737F-5-1 (G11), MNC03-737F-5-11 (G15) e MNC03-737F-5-10 (G14), que estão mais afastados da origem Biplot (Figura 1a). Esses genótipos têm os maiores vetores nas respectivas direções; o comprimento de vetor e direção representa a extensão da resposta dos genótipos para os ambientes testados. Todos os outros genótipos estão contidos dentro do polígono e têm vetores menores, isto é, são menos sensíveis em relação à interação com os ambientes de cada setor (Yan e Rajcan 2002). Resultados similares foram observados por Mattos et al. (2013), que, ao avaliarem a produtividade de colmos de genótipos de cana-de-açúcar via metodologia GGE Biplot, observaram a divisão dos gráficos em seis setores.

O polígono do GGE Biplot (Figura 1a) agrupou os locais A1, A2, A4, A6, A7 e A8 em um mega-ambiente, que são os setores que contêm um ou mais ambientes. A cultivar BRS-Tumucumaque (G17), presente no vértice do mega-ambiente, obteve as maiores médias da produtividade de grãos tanto em ambientes favoráveis, como o A6, quanto em ambientes desfavoráveis, como o A2, o que reflete em sua medida de estabilidade.

Quando genótipos dão origem a vértices do polígono, mas não contêm nenhum ambiente agrupado, são considerados desfavoráveis aos grupos de ambientes testados, tendo baixa produtividade (Karimizadeh et al. 2013). Desse modo, os indivíduos localizados nos setores por eles compreendidos também são desfavoráveis à recomendação. Nesse contexto, excetuando os genótipos MNC03-736F-7 (G10), MNC02-683F-1 (G7), MNC03-737F-11 (G16), MNC02-675F-4-2 (G2), MNC02-675F-9-3 (G4), MNC02-675F-9-3 (G4) e MNC03-737F-5-10 (G14) (localizados no Setor 1 da Figura 1a) e os genótipos MNC02-675F-4-9 (G1), MNC03-736F-7 (G10), MNC03-725F-3 (G9) e MNC03-737F-5-11 (G15) (localizados no Setor 5 da Figura 1a), pode-se inferir que os demais genótipos avaliados possuem alguma adaptação específica e devem ser avaliados atentamente a fim de se obterem melhores recomendações.



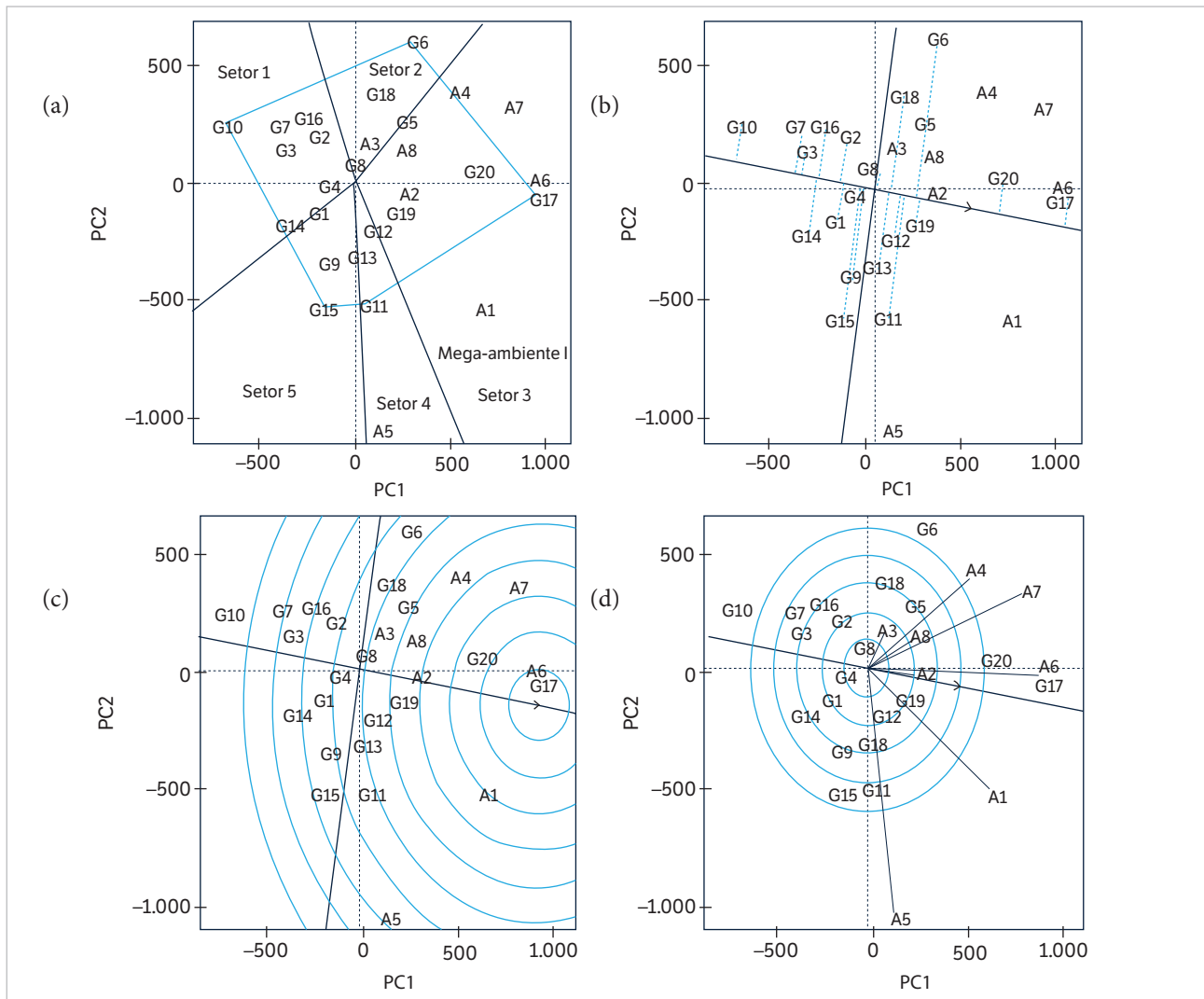


Figura 1. Polígono (a), estabilidade (b), genótipo ideal (c) e ambiente ideal (d) obtidos pelo método GGE Biplot a partir dos dois primeiros componentes principais (PC1 e PC2) para a média da produtividade de grãos de 20 genótipos de feijão-caupi de porte ereto avaliados em oito ambientes, descritos na Tabela 1, em Mato Grosso do Sul.

A produtividade de grãos e a estabilidade dos genótipos foram avaliadas a partir da coordenada do ambiente médio (CAM). A CAM ordenada é representada por duas setas — que apontam em sentido contrário da origem do Biplot e indicam um maior efeito da interação genótipos $\times$ ambientes e menor estabilidade — e ainda separa os genótipos que estão abaixo da média dos genótipos acima da média. Nesse sentido, os genótipos BRS-Tumucumaque (G17) e MNC02-684F-5-6 (G8) foram identificados como sendo os mais estáveis (Figura 1b), considerando-se os genótipos com produtividade acima da média.

O comprimento do vetor sobre o eixo do ambiente ideal, plotado sobre a CAM abscissa, representa uma estimativa da importância do efeito principal dos genótipos (G) *versus*

o efeito principal da interação GE (Yan e Rajcan 2002). Quanto maior o vetor, mais importante é o fator genótipo e mais significativa é a seleção baseada nas performances médias. Observa-se, então, uma resposta significativa para a seleção baseada nas performances médias dos genótipos, sendo que aqueles com produtividade abaixo da média, tais como MNC03-736F-7 (G10), MNC02-683F-1 (G7), MNC02-675F-9-2 (G3), MNC03-737F-5-10 (G14), entre outros, podem ser descartados.

Observa-se ainda que os genótipos MNC03-736F-7 (G10), MNC02-683F-1 (G7), MNC03-737F-11 (G16), MNC02-675F-4-2 (G2), MNC02-675F-9-3 (G4) e MNC03-737F-5-10 (G14), considerados como desfavoráveis à recomendação na Figura 1a, apresentaram, em sua maioria, produtividade

abaixo da média e ainda estão associados à instabilidade, o que justifica a sua não recomendação. Quando se consideram os dois parâmetros ao mesmo tempo, os genótipos recomendados por apresentarem alto valor produtivo e boa adaptabilidade e estabilidade foram, em ordem decrescente, BRS-Tumucumaque (G17) e BRS-Guariba (G20).

Um genótipo ideal deve ter produtividade de grãos média invariavelmente elevada em todos os ambientes em questão. Esse genótipo ideal é graficamente definido pelo vetor mais longo em PC1 e PC2 sem projeções, representado pela seta no centro dos círculos concêntricos (Yan e Rajcan 2002) (Figura 1c). Embora esse genótipo seja mais um modelo representativo, é usado como referência para a avaliação dos genótipos. Dessa forma, as cultivares BRS-Tumucumaque (G17) e BRS-Guariba (G20), alocadas no primeiro e terceiro círculo concêntrico, respectivamente, são as mais próximas do ideal em termos de alta produtividade de grãos e estabilidade fenotípica.

A Figura 1d mostra a relação entre a produtividade de grãos e a estabilidade do ponto de vista vetorial dos ambientes, onde os ambientes são ligados por vetores com a origem do Biplot. Em ambientes com pequenos vetores, a estabilidade de produção é alta. Assim, a diferença entre a produtividade média dos genótipos foi menor nos ambientes A3 (Dourados 2010), A2 (Chapadão do Sul 2010) e A8 (Dourados 2012) (Figura 1d e Tabela 2), ou seja, eles contribuíram menos para a interação GE. Por outro lado, o ambiente A5 (Chapadão do Sul 2011) foi o que mais contribuiu para a interação GE.

O valor do cosseno do ângulo entre os vetores de dois ambientes corresponde ao coeficiente de correlação entre os mesmos (Yan e Rajcan 2002). A maioria dos ambientes é correlacionada positivamente, porque é possível verificar na Figura 1d que os ângulos formados por seus vetores são menores que 90° (valores de cosseno positivos). A única exceção foi a correlação entre A3 e A5 (Dourados 2010 × Chapadão do Sul 2011), cujo ângulo entre seus vetores é > 90°, ou seja, seu cosseno é negativo. Correlações



Tabela 2. Média da produtividade de grãos ($\text{kg} \cdot \text{ha}^{-1}$) de 20 genótipos de feijão-caupi de porte ereto para cada ambiente descrito na Tabela 1 e média geral dos ambientes e genótipos.

Identificação	Genótipo	A1	A2	A3	A4	A5	A6	A7	A8	Média
G1	MNC02-675F-4-9	1.139,5	460,5	217,0	535,3	1.585,0	1.068,5	453,8	960,0	802,4
G2	MNC02-675F-4-2	1.015,8	181,3	277,5	753,5	1.330,8	1.173,5	471,0	1079,8	785,4
G3	MNC02-675F-9-2	993,8	210,3	153,8	372,5	1.295,0	948,5	639,3	973,8	698,3
G4	MNC02-675F-9-3	1.223,8	151,3	88,0	769,3	1.541,3	943,5	683,0	856,8	782,1
G5	MNC02-676F-3	1.250,0	404,5	135,0	719,5	1.313,8	1.078,0	1.099,3	1.093,3	886,7
G6	MNC02-682F-2-6	1.111,0	245,3	535,5	805,3	1.095,8	1.167,0	1.157,3	1.212,0	916,1
G7	MNC02-683F-1	1.208,3	335,5	396,0	361,0	1.189,0	528,3	795,5	1.139,3	744,1
G8	MNC02-684F-5-6	1.149,0	507,8	501,3	590,8	1.450,0	1.186,0	556,8	1.225,8	895,9
G9	MNC03-725F-3	1.243,8	500,5	415,5	357,5	1.817,8	1.011,0	556,5	1.092,8	874,4
G10	MNC03-736F-7	738,3	391,5	353,3	387,3	1.328,3	553,0	554,8	1.039,3	668,2
G11	MNC03-737F-5-1	1.484,0	340,0	114,0	416,0	1.909,8	1.098,5	561,5	1.356,8	910,1
G12	MNC03-737F-5-4	1.401,5	223,3	101,0	478,0	1.564,8	1.247,5	640,3	1.216,3	859,1
G13	MNC03-737F-5-9	1.519,8	226,5	148,5	589,3	1.758,5	824,8	757,8	1.162,0	873,4
G14	MNC03-737F-5-10	1.244,3	298,3	83,5	589,3	1.392,3	1.107,0	516,5	932,8	770,5
G15	MNC03-737F-5-11	1.317,3	183,3	636,8	446,0	2.090,0	834,5	596,0	1.079,0	897,8
G16	MNC03-737F-11	1.051,5	185,0	587,8	846,0	1.357,8	916,5	383,0	1.192,5	815,0
G17	BRS-Tumucumaque	1.590,8	821,3	476,3	799,3	1.624,0	1.676,5	1.138,5	1.261,0	1.173,4
G18	BRS-Cauame	1.196,5	317,0	432,8	652,0	1.127,3	1.276,5	633,0	1.534,0	896,1
G19	BRS-Itaim	1.651,0	182,0	527,8	601,8	1.451,5	1.262,5	681,0	713,0	883,8
G20	BRS-Guariba	1.481,8	294,3	274,5	807,3	1.604,3	1.269,0	1.296,0	1.225,3	1.031,5
Média		1.250,6	323,0	322,8	593,8	1.491,3	1.058,5	708,5	1.117,3	858,2

A1 = Aquidauana (2010); A2 = Chapadão do Sul (2010); A3 = Dourados (2010); A4 = Aquidauana (2011); A5 = Chapadão do Sul (2011); A6 = Dourados (2011); A7 = Aquidauana (2012); A8 = Dourados (2012).

positivas e negativas entre ambientes de teste também foram detectadas por Kaya e Akçura (2006) e Mattos et al. (2013), que utilizaram a abordagem GGE Biplot para avaliar a interação entre genótipos de trigo e cana-de-açúcar e seus ambientes de produção, respectivamente.

Para Yan e Rajcan (2002), um ambiente ideal deve ter um elevado valor de coordenada para PC1 (maior poder de discriminação de genótipos em termos de efeitos principais de genótipos) e pontuação zero para PC2 (maior representatividade de todos os outros ambientes). Dessa forma, ainda na Figura 1d, esse ambiente é representado no eixo da CAM abscissa por uma seta dentro de um dos círculos concêntricos. Da mesma forma que o genótipo ideal, o ambiente ideal é apenas uma estimativa e serve como referência para a escolha de locais para ensaios multiambiente.

Desse modo, segundo o método GGE Biplot, os ambientes A2 (Chapadão do Sul 2010) e A6 (Dourados 2011) foram os que possuíram maior capacidade de discriminar

genótipos. Assim, em condições edafoclimáticas similares às desses ambientes, os municípios de Chapadão do Sul e Dourados são indicados para a seleção de genótipos de feijão-caupi.

Contudo, é preciso considerar que o método GGE Biplot capta apenas uma pequena porcentagem da variabilidade total, o que pode comprometer a análise, pois se obtêm padrões com menor precisão, sendo necessária a utilização de modelos mistos (Yang et al. 2009). O método REML/BLUP, sendo utilizado na abordagem de modelos mistos, fornece resultados que são interpretados diretamente como valores genotípicos, já penalizados ou capitalizados pelas estimativas de estabilidade e adaptabilidade (Silva et al. 2011).

As cultivares BRS-Tumucumaque e BRS-Guariba obtiveram os melhores valores genotípicos ao longo dos ambientes e para o ambiente médio, de acordo com a análise REML/BLUP (Tabela 3). Essas cultivares também são as melhores de

Tabela 3. Valores genotípicos, bem como adaptabilidade e estabilidade dos valores genotípicos (MHPRVG) preditos pela análise REML/BLUP para a produtividade de grãos ($\text{kg} \cdot \text{ha}^{-1}$) de 20 genótipos de feijão-caupi de porte ereto para cada ambiente testado e média geral dos ambientes.

Identificação	Genótipo	A1	A2	A3	A4	A5	A6	A7	A8	Ambiente médio	MHPRVG
G1	MNC02-675F-4-9	1.307,2	517,9	414,5	668,1	1.695,3	1.174,1	720,5	1.162,6	815,8	796,2
G2	MNC02-675F-4-2	1.283,3	370,5	425,7	741,3	1.560,2	1.222,8	731,4	1.184,0	798,1	757,7
G3	MNC02-675F-9-2	1.270,8	377,6	352,1	593,8	1.533,7	1.124,4	804,3	1.152,3	724,6	670,3
G4	MNC02-675F-9-3	1.349,7	362,2	344,0	752,5	1.657,6	1.149,0	881,7	1.131,3	797,9	706,8
G5	MNC02-676F-3	1.409,7	484,9	390,2	733,0	1.574,0	1.196,0	1.048,6	1.208,7	886,7	854,0
G6	MNC02-682F-2-6	1.316,7	411,2	506,0	766,7	1.491,3	1.237,5	1.072,9	1.264,5	909,8	914,0
G7	MNC02-683F-1	1.338,0	456,4	464,5	603,4	1.518,7	1.058,5	947,2	1.219,0	764,7	755,5
G8	MNC02-684F-5-6	1.327,4	571,2	487,9	697,2	1.638,8	1.253,5	777,9	1.279,1	892,1	911,0
G9	MNC03-725F-3	1.392,0	543,2	493,3	625,6	1.801,1	1.163,1	766,8	1.200,1	884,2	871,3
G10	MNC03-736F-7	1.250,6	469,1	438,6	613,9	1.546,6	1.078,5	754,2	1.173,4	695,5	692,6
G11	MNC03-737F-5-1	1.473,3	623,7	402,0	637,2	1.844,3	1.209,3	790,6	1.348,6	934,6	863,5
G12	MNC03-737F-5-4	1.453,3	420,2	369,8	657,3	1.676,2	1.274,1	857,6	1.253,2	873,5	800,2
G13	MNC03-737F-5-9	1.485,8	436,7	379,4	687,9	1.769,5	1.100,7	988,0	1.231,3	883,3	815,5
G14	MNC03-737F-5-10	1.375,9	446,1	360,6	678,5	1.605,6	1.185,1	743,0	1.142,6	798,7	752,8
G15	MNC03-737F-5-11	1.431,8	393,9	547,7	647,0	1.900,3	1.112,1	820,3	1.192,3	896,5	844,9
G16	MNC03-737F-11	1.295,4	385,5	522,8	773,7	1.589,1	1.135,9	708,5	1.241,3	824,0	798,2
G17	BRS-Tumucumaque	1.541,7	733,1	513,7	794,6	1.744,2	1.536,1	1.099,4	1.324,6	1.135,1	1.176,5
G18	BRS-Cauame	1.361,7	428,5	478,1	721,3	1.504,8	1.327,6	838,3	1.403,1	892,3	888,9
G19	BRS-Itaim	1.533,0	402,4	499,3	708,2	1.623,4	1.295,8	911,2	1.117,2	887,0	859,8
G20	BRS-Guariba	1.502,6	499,8	451,4	783,8	1.720,7	1.386,0	1.138,8	1.299,9	1.020,1	1.007,8
Média geral dos ambientes		1.385,0	466,7	442,1	694,3	1.649,8	1.211,0	870,1	1.226,5	865,7	---

A1 = Aquidauana (2010); A2 = Chapadão do Sul (2010); A3 = Dourados (2010); A4 = Aquidauana (2011); A5 = Chapadão do Sul (2011); A6 = Dourados (2011); A7 = Aquidauana (2012); A8 = Dourados (2012).

acordo com o método da média harmônica do desempenho relativo dos valores genéticos (MHPRVG), que seleciona simultaneamente genótipos com alta produtividade de grãos, adaptabilidade e estabilidade, apesar de não informar sobre os locais mais semelhantes. Assim, é importante salientar que houve concordância entre os métodos GGE Biplot e REML/BLUP para a discriminação dos melhores genótipos, fato também observado por Silva et al. (2011).

Diante do exposto, fica evidente que a utilização de diferentes métodos para descrição da adaptabilidade e estabilidade produtiva permite ao melhorista realizar, com maior confiabilidade, a seleção e a recomendação de

cultivares mais produtivas, estáveis e responsivas, tanto para a adaptação ampla quanto para a específica.

CONCLUSÃO

Houve concordância entre os métodos GGE Biplot e REML/BLUP na identificação dos melhores genótipos de feijão-caupi para o Estado de Mato Grosso do Sul.

Segundo esses métodos, as cultivares BRS-Tumucumaque e BRS-Guariba podem ser cultivadas no Estado, pois reúnem alta produtividade de grãos, adaptabilidade e estabilidade.

REFERÊNCIAS

- Cruz, C. D., Carneiro, P. C. S. e Regazzi, A. J. (2014). Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético. 3. ed. Viçosa: Editora da UFV.
- Karimizadeh, R., Mohammadi, M., Sabaghni, N., Mahmoodi, A. A., Roustami, B., Seyyedi, F. e Akbari, F. (2013). GGE Biplot analysis of yield stability in multi-environment trials of lentil genotypes under rainfed condition. *Notulae Scientia Biologicae*, 6, 256-262.
- Kaya, Y. M. e Akçura, T. S. (2006). GGE-Biplot analysis of multi-environment yield trials in bread wheat. *Turkish Journal of Agriculture and Forestry*, 30, 325-337.
- Mattos, P. H. C., Oliveira, R. A., Bessalho Filho, C., Daros, E. e Veríssimo, M. A. A. (2013). Evaluation of sugarcane genotypes and production environments in Paraná by GGE Biplot and AMMI analysis. *Crop Breeding and Applied Biotechnology*, 13, 83-90. <http://dx.doi.org/10.1590/S1984-70332013000100010>.
- Miranda, G. V., Souza, L. V., Guimarães, L. J. M., Namorato, H., Oliveira, L. R. e Soares, M. O. (2009). Multivariate analyses of genotype × environment interaction of popcorn. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, 44, 45-50. <http://dx.doi.org/10.1590/S0100-204X2009000100007>.
- Nascimento, S. P., Bastos, E. A., Araújo, E. C. E., Freire Filho, F. R. e Silva, E. M. (2011). Tolerância ao déficit hídrico em genótipos de feijão-caupi. *Revista Brasileira de Engenharia Agrícola e Ambiental*, 15, 853-860. <http://dx.doi.org/10.1590/S1415-43662011000800013>.
- R Development Core Team (2014). R: a language and environment for statistical computing; [acessado 23 Maio 2016]. <http://www.R-project.org>
- Resende, M. D. V. (2007). SelegenREML/BLUP: sistema estatístico e seleção genética computadorizada via modelos lineares mistos. Colombo: Embrapa Florestas.
- Rosado, A. M., Rosado, T. B., Alves, A. A., Laviola, B. G. e Bhering, L. L. (2012). Seleção simultânea de clones de eucalipto de acordo com produtividade, estabilidade e adaptabilidade. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, 47, 964-971. <http://dx.doi.org/10.1590/S0100-204X2012000700013>.
- Santos, J. A. S., Soares, C. M. G., Corrêa, A. M., Teodoro, P. E., Ribeiro, L. P. e Abreu, H. K. A. (2014). Agronomic performance and genetic dissimilarity among cowpea (*Vigna unguiculata* (L.) Walp.) genotypes. *Global Advanced Research Journal of Agricultural Science*, 3, 271-277.
- Silva, G. O., Carvalho, A. D. F., Veira, J. V. e Benin, G. (2011). Verificação da adaptabilidade e estabilidade de populações de cenoura pelos métodos AMMI, GGE Biplot e REML/BLUP. *Bragantia*, 70, 494-501. <http://dx.doi.org/10.1590/S0006-87052011005000003>.
- Yan, W., Hunt, L. A., Sheng, Q. L. e Szlavnics, Z. (2000). Cultivar evaluation and mega-environment investigation based on the GGE Biplot. *Crop Science*, 40, 597-605. <http://dx.doi.org/10.2135/cropsci2000.403597x>.
- Yan, W. e Rajcan, I. (2002). Biplot evaluation of test sites and trait relations of soybean in Ontario. *Crop Science*, 42, 11-20. <http://dx.doi.org/10.2135/cropsci2002.0011>.
- Yang, R. C., Crossa, J., Cornelius, P. L. e Burgueño, J. (2009). Biplot analysis of genotype × environment interaction: proceed with caution. *Crop Science*, 49, 1564-1576. <http://dx.doi.org/10.2135/cropsci2008.11.0665>.
- Yates, F. e Cochran, W. G. (1938). The analysis of groups of experiments. *The Journal of Agriculture Science*, 28, 556-580. <http://dx.doi.org/10.1017/S0021859600050978>.