

## Método GGE-GIS: adaptação e recomendação de cultivares via mapas e covariáveis ambientais

Germano Martins Ferreira Costa Neto<sup>1</sup>, Adriano Pereira de Castro<sup>2</sup>, Alexandre Bryan Heinemann<sup>3</sup>, João Batista Duarte<sup>4</sup>

A interação genótipo x ambiente (GE) é um fenômeno estatístico-biológico decorrente da interação multifatorial e não-aditiva entre genótipo e o meio no qual se encontra (conjunto de fatores ambientais). O adequado estudo desse fenômeno ainda é um grande desafio biométrico e logístico, impactando diretamente na avaliação do valor de cultivo e uso (VCU) e na recomendação de cultivares. Métodos para estudo da adaptabilidade e estabilidade, que suportam a tomada de decisão nesse processo, possuem baixa capacidade preditiva, baixo ajuste ou difícil interpretação dos conceitos genético-quantitativos. Como consequência dessas limitações, alguns melhoristas optam pela recomendação genotípica baseando-se apenas na média fenotípica do caráter prioritário, dispensando o uso direto de informações adicionais sobre sua adaptação. Diante dessa realidade, foi desenvolvido um método que integra fatores de importância ecofisiológica, tais como temperatura do ar e radiação solar, e modelos biométricos para estudo da adaptação fenotípica, utilizando-se, ainda, uma simples abordagem gráfica. O procedimento consiste na decomposição das matrizes de efeitos genéticos e de interação GE (G + GE) via regressão por quadrados mínimos parciais e covariáveis ambientais, regionalizadas por local de avaliação, no modelo:  $G + GE = VG + VA + \text{resíduo}$ , em que VG é o efeito genético médio e VA o valor adaptativo. Desse modo, espera-se captar padrões de respostas genotípicas que expliquem a variância presente na matriz G + GE. Para a obtenção de dados climáticos, automatizamos o processo usando Sistemas de Informação Geográfica (GIS). O uso de GIS possibilitou a elaboração de três mapas temáticos com alta resolução (8,8 km x 8,8 km), denominados de "adaptação regionalizada", "genótipo vencedor por região" e "superioridade do germoplasma experimental em relação as cultivares comerciais". Por esse motivo, denominamos o método por GGE-GIS. Os dados necessários para a utilização do método GGE-GIS são: (1) matriz de médias genotípicas por local ou ambiente; e (2) arquivo contendo o nome ou as coordenadas dos locais de avaliação na rede experimental. Os resultados podem ser interpretados pelo ordenamento das estimativas de VG, para fins de seleção para adaptação ampla; e visualmente, pelo mosaico de cores ilustrando as classes de adaptação presentes nos mapas temáticos (representação de VG + VA). Esta última permite o diagnóstico de quatro tipos de conceitos de estabilidade (I, II, III e IV), além da adaptabilidade sob condições ambientais específicas. Por fim, o método possibilita avaliar a atuação regional do programa de melhoramento, identificando regiões onde ganhos genéticos são reduzidos, isto é, onde há dificuldade em recomendar novas cultivares. Para o desenvolvimento e a validação do método, foram utilizados dados oriundos de 28 ensaios de VCU do Programa de Melhoramento de Arroz de Terras altas, envolvendo 34 materiais elite em sete Estados brasileiros, no biênio 2012-2013. A capacidade preditiva dos mapas foi avaliada em esquema de validação cruzada, a partir do comparativo entre as predições do modelo completo e do modelo obtido por 1000 arranjos (jackknife) contendo 24 ambientes. Desse modo, foi possível constar alta precisão (erro preditivo = 290 kg ha<sup>-1</sup>.  $r = 0,7$ ) na predição do desempenho genotípico em ambientes não-amostrados. O método GGE-GIS representa uma nova visão para suporte na tomada de decisão do melhorista que lida com a interação GE em programas de melhoramento com extensas e heterogêneas regiões-alvo. A principal restrição do método está na representatividade espacial dos locais de avaliação. Isto decorre da sensibilidade do modelo ao número de locais avaliados e, principalmente, a sua distribuição dentro das condições edafoclimáticas da região-alvo. Ensaios pouco distribuídos ou em menor número, impossibilitam a boa amostragem das condições ambientais da região-alvo, limitando, assim, a qualidade preditiva e a precisão dos modelos.

<sup>1</sup> Engenheiro-agrônomo, mestrando em Genética e Melhoramento de Plantas, Universidade Federal de Goiás, estagiário da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO, germano.cneto@gmail.com

<sup>2</sup> Engenheiro-agrônomo, doutor em Genética e Melhoramento de Plantas, pesquisador da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO, adriano.castro@embrapa.br

<sup>3</sup> Engenheiro-agrônomo, doutor em Irrigação e Drenagem, pesquisador da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO, alexandre.heinemann@embrapa.br

<sup>4</sup> Engenheiro-agrônomo, doutor em Agronomia, professor da Universidade Federal de Goiás, Goiânia, GO, jbduarte@ufg.br