**Universidade de São Paulo
Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”**

**Interpretação da interação genótipos x ambientes em
feijão-caupi usando modelos multivariados, mistos e covariáveis ambientais**

Leonardo Castelo Branco Carvalho

Tese apresentada para obtenção do título de Doutor em
Ciências. Área de concentração: Genética e
Melhoramento de Plantas

**Piracicaba
2015**

Leonardo Castelo Branco Carvalho
Bacharel em Ciências Biológicas

**Interpretação da interação genótipos x ambientes em feijão-caupi usando modelos
multivariados, mistos e covariáveis ambientais**

versão revisada de acordo com a resolução CoPGr 6018 de 2011

Orientador:

Prof.Dr.**GIANCARLO CONDE XAVIER OLIVEIRA**

Tese apresentada para obtenção do título de Doutor em
Ciências. Área de concentração: Genética e
Melhoramento de Plantas

**Piracicaba
2015**

**Dados Internacionais de Catalogação na Publicação
DIVISÃO DE BIBLIOTECA - DIBD/ESALQ/USP**

Carvalho, Leonardo Castelo Branco

Interpretação da interação genótipo x ambiente em feijão-caupi usando modelos multivariados, mistos e covariáveis ambientais / Leonardo Castelo Branco Carvalho. - - versão revisada de acordo com a resolução CoPGr 6018 de 2011. - - Piracicaba, 2015. 115 p. : il.

Tese (Doutorado) - - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz".

1. *Vigna unguiculata* 2. Interação GxE 3. Modelos mistos 4. Fatores ambientais I. Título

CDD 635.652
C331i

"Permitida a cópia total ou parcial deste documento, desde que citada a fonte – O autor"

Aos meus pais, pela entrega, pelo amor:

Dedico.

AGRADECIMENTOS

Primeiramente, agradeço à Universidade de São Paulo e ao Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento de Plantas (PPGGMP) pela oportunidade de vivência e experiência proporcionadas pelos proveitosos quatro anos dentro da Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”(ESALQ/USP).

Ao Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq), pela concessão da bolsa de estudos.

À Embrapa Meio-Norte (CPAMN), nas pessoas dos Pesquisadores Kaesel Jackson Damasceno e Silva, sem o apoio do qual este trabalho não teria se concretizado, e Maurisrael de Moura Rocha, pela atenção dedicada. Não poderia deixar de mencionar todos os demais trabalhadores que constroem com competência o Programa de Melhoramento de Feijão-caupi, dentre eles: Agripino Ferreira, Francisco França, Manoel Gonçalves, Paulo Sérgio e Adão Cabral.

Ao Professor Giancarlo Conde Xavier Oliveira, primeiramente por ter aceito o desafio da orientação, mas principalmente pela inestimável troca de conhecimento, e por mostrar que é possível ver além da instituição através do rompimento das barreiras impostas pelo senso comum.

A Cláudia Barros Monteiro Vitorello pela inspiradora paixão pela ciência, pelo ensino diário da simplicidade, pelo acolhimento durante grande parte do caminho trilhado e por, de forma amiga e cúmplice, ter me ajudado a enfrentar os obstáculos que ultrapassaram as paredes da academia.

Gostaria de externar gratidão também aos demais professores do Departamento de Genética que contribuíram imensamente para a minha formação, seja pela partilha de conhecimento científico, seja pelos valorosos conselhos profissionais, em especial à Prof^a. Aline Aparecida Pizzirani Kleiner (*in memoriam*), Roland Vencovsky, José Baldin Pinheiro, Antônio Augusto Franco Garcia, Maria Carolina Quecine, Roberto Fritsche Neto e Maria Lúcia Carneiro Vieira.

Aos amigos Raimundo Nonato, Regina Lúcia e Hendrie Nunes por ensinarem que só através da incondicional disposição em ajudar, certas conquistas podem ser compartilhadas.

Aos funcionários Cândida Vanderléia de Oliveira, José da Silva, Antonio Gorga, Carmo de Campos, Ana Maria Giacomelli, e Maidia Maria Thomaziello, por conseguirem transformar suas competências em confiança, e a todos os demais que certamente contribuíram de alguma forma para a realização desse trabalho.

Aos amigos de Piracicaba, cujos nomes não merecem só um parágrafo e a gratidão aos quais não cabe em uma só palavra, Suzane Saito, Lucas Taniguti, Filipe Salvetti, Daniel Longatto, Gislaine Reis, Nathalia de Moraes, Alessandro Varani, Delanie Ann Schulte, Guilherme Oliveira, Leila Priscila, Tatiane Shyton, Giselle Carvalho, Patricia Schaker, Juliana Benevenuto e Leandro Fonseca.

A Carol Pezzo, pelo companheirismo, pelos momentos compartilhados, pelos sorrisos, e pela certeza de uma amizade duradoura.

Às companheiras plurais de trabalho diário no Laboratório de Evolução: Glaucia Moreira, Jayça Marim, Débora Andrade, Vivian Milani, Josilane Souza e Valéria Lopes, principais responsáveis pelos momentos de felicidade e descontração no final dessa caminhada.

Aos amigos de república, José Ribamar, Élisson Fabricio e Raquel Valois, que dentre outras coisas, me mostraram os caminhos a serem percorridos quando cheguei em Piracicaba.

Aos de longa data, Fernando Fernandes, Carlos Alexandre, e Rodrigo Carvalho, e às suas capacidades de converter a distância física a uma insignificância.

Aos meus queridos irmãos, Livia Castelo Branco e Gustavo Carvalho, motivos de saúde, mas também de afeto e de força.

"Os operários não têm pátria."

Karl Marx

SUMÁRIO

RESUMO	11
ABSTRACT	13
1 INTRODUÇÃO	15
2 DESENVOLVIMENTO	19
2.1 Referencial Teórico	19
2.1.1 Considerações gerais sobre a interação GxE	19
2.1.2 Evolução da metodologia para o estudo da adaptabilidade e estabilidade	26
2.1.3 Uso de covariáveis ambientais	33
2.2 Material e Métodos	38
2.2.1 Experimentos	38
2.2.2 Variáveis ambientais	41
2.2.3 Estatística	41
2.2.4 Análises em cada local	42
2.2.5 Interação GxE dentro de anos e análise conjunta	45
2.2.6 Adaptabilidade e estabilidade via GGE Biplot	46
2.2.7 Adaptabilidade e estabilidade via MHPRVG	47
2.2.8 Estratificação ambiental	47
2.2.9 Análise com covariáveis ambientais	48
2.3 Resultados e Discussão	51
2.3.1 Análises individuais dos locais	51
2.3.2 Análise conjunta	55
2.3.3 GGE Biplot	58
2.3.4 MHPRVG	68
2.3.5 Estratificação ambiental	72
2.3.6 Covariáveis ambientais	81
3 CONCLUSÕES	93
REFERÊNCIAS	95
ANEXOS	111

RESUMO

Interpretação da interação genótipos x ambientes em feijão-caupi usando modelos multivariados, mistos e covariáveis ambientais

Várias metodologias têm sido propostas com o intuito de medir a influência que a interação GxE exerce sobre os mais diversos caracteres de interesse e, dentre essas, as abordagens via modelos mistos utilizando REML/BLUP têm sido mencionadas como vantajosas. Ainda, o uso de informações ambientais pode ser útil para encontrar os fatores que estão por trás da real diferença entre os genótipos. O objetivo do estudo foi avaliar a resposta da produtividade de grãos em feijão-caupi frente às variações espaciais, e as variáveis ambientais mais relevantes para a interação GxE. Foram avaliados 20 genótipos em 47 locais entre os anos de 2010 a 2012 sob delineamento DBC. Após a análise conjunta, os padrões de adaptabilidade dos genótipos foram testados pelas metodologias GGE Biplot e MHPRVG e a estratificação ambiental foi feita via Análise de Fatores sobre a matriz dos efeitos aleatórios GGE. A importância das variáveis ambientais na produtividade foi verificada pela associação entre os efeitos da matriz GGE e cada variável ambiental. Após decomposição SVD, os componentes principais foram plotados em Covariáveis-Biplots. Os efeitos de genótipos e da interação tripla apresentaram elevada significância ($p \leq 0,01$ e $p \leq 0,001$, respectivamente) indicando forte influência desta última no desempenho dos genótipos avaliados. O modelo fixo GGE Biplot apresentou baixa eficiência, explicando apenas 35% da variação total, sendo os genótipos MNC03-737F-5-1, MNC03-737F-5-4, MNC03-737F-5-9, BRS Tumucumaque, BRS Cauamé e BRS Guariba considerados os mais estáveis, e MNC03-737F-5-9 e BRS Tumucumaque apontados como amplamente adaptados. Já a estatística MHPRVG destacou os genótipos MNC02-676F-3, MNC03-737F-5-1, MNC03-737F-5-9, BRS Tumucumaque e BRS Guariba, com adaptação ampla, e MNC02-675F-4-9, MNC02-676F-3 e MNC03-737F-5-9 como especificamente adaptados a alguns ambientes. O ajuste para o modelo aleatório revelou efeitos de genótipos e interações GxE significativos ($p \leq 0,001$) e foram obtidas correlações significativas ($p \leq 0,01$ e $p \leq 0,001$) entre PROD e as variáveis IT, NDP, Ptotal, Tmax, Tmin, Lat, Lon, e Alt. Os genótipos MNC03-737F-5-1, MNC03-737F-5-9, BRS Tumucumaque e BRS Guariba associaram elevada produtividade de grãos à rusticidade, sendo as variáveis “Temperatura”, “Insolação” e “Precipitação”, bem como “Latitude” e “Altitude”, os mais importantes para a interação GxE. A análise MHPRVG foi adequada para a identificação dos genótipos superiores e o modelo *Biplot-Covariável* mostrou-se como uma ferramenta útil na identificação das variáveis ambientais importantes para a produtividade de grãos em feijão-caupi.

Palavras-chave: *Vigna unguiculata*; Interação GxE; Modelos mistos; Variáveis ambientais

ABSTRACT

Interpreting genotype x environment interaction in cowpea using multivariate, mixed models, and environmental covariates

Several methods have been proposed to measure GxE interaction influence on various traits of interest, and among these, mixed models approaches using REML/BLUP have been mentioned as advantageous. Moreover, the use of environmental information can be useful to find factors that are behind the real difference between genotypes. The aim of this study was to evaluate the response of grain yield in cowpea to spatial variations, and the most important environmental factors for GxE interaction. Twenty genotypes were evaluated at 47 locations between the years 2010 to 2012 under RCB design. After joint analysis, genotypes adaptability patterns were tested by GGE Biplot and MHPRVG methods, and an environmental stratification was performed through factor analysis on the random effects GGE matrix. The impact of environmental factors on yield was verified by the association between the effects of the GGE matrix and environmental variables. After SVD decomposition, the principal components were plotted in Covariables-Biplots. Genotype effects and triple interaction were highly significant ($p \leq 0.01$ and $p \leq 0.001$, respectively) indicating strong GxE influence on genotypes performance. The fixed model GGE Biplot exhibits low efficiency, explaining only 35% of the total variation, and genotypes MNC03-737F-5-1, MNC03-737F-5-4, MNC03-737F-5-9, BRS Tumucumaque, BRS Cauamé, and BRS Guariba were considered the most stable, and MNC03-737F-5-9 and BRS Tumucumaque identified as widely adapted. MHPRVG method highlighted MNC02-676F-3, MNC03-737F-5-1, MNC03-737F-5-9, BRS Tumucumaque, and BRS Guariba as genotypes with broad adaptation and MNC02-675F-4-9, MNC02-676F-3, and MNC03-737F-5-9 as specifically adapted to certain environments. The fitted random effects model revealed significant genotype effects and GxE interactions ($p \leq 0.001$) and significant correlations were obtained ($p \leq 0.01$ and $p \leq 0.001$) between PROD and IT, NDP, Ptotal, Tmax, Tmin, Lat, Lon, and Alt variables. Genotypes MNC03-737F-5-1, MNC03-737F-5-9, BRS Tumucumaque, and BRS Guariba presented high grain yield associated with rusticity, and environmental factors “Temperature”, “Insolation” and “Precipitation”, as well as “Latitude” and “Altitude”, were the most important for GxE interaction. MHPRVG analysis was adequate to identify superior genotypes, and *Covariate-Biplot* model proved to be a useful tool for identifying key environmental factors for grain yield in cowpea.

Keywords: *Vigna unguiculata*; GxE interaction; Mixed models; Environmental factors

1 INTRODUÇÃO

Os estudos sobre a interação genótipo x ambiente (GxE)¹ são de extrema importância para o entendimento sobre os mecanismos que estão guiando a evolução orgânica, seja em espécies selvagens, seja em espécies cultivadas. No contexto do melhoramento genético, informações sobre a capacidade dos genótipos de responderem a estímulos externos bem como sobre a estabilidade fenotípica diante das diversas alterações ambientais são estratégicas, tendo em vista que refletem diretamente na recomendação de novas variedades. Geralmente, dá-se atenção à seleção, seja ela direta ou indireta, de genótipos que apresentem considerável estabilidade em relação a determinado caráter, e paralelamente procura-se identificar variedades com desempenho superior em ambientes específicos.

Para se medir o desempenho relativo entre os genótipos frente a efeitos da interação GxE, várias metodologias são descritas na literatura, sendo todas baseadas em análises de experimentos realizados em múltiplos ambientes. Dentre essas, as mais amplamente utilizadas no melhoramento genético têm sido as baseadas em regressão linear simples (YATES; COCHRAN, 1938; FINLAY; WILKINSON, 1963; EBERHART; RUSSELL, 1966), regressão bissegmentada (SILVA; BARRETO, 1985; CRUZ; TORRES; VENCOSKY, 1989), análises não-paramétricas (NASSAR; HUEHN, 1987; KANG, 1988, KETATA; YAN; NACHIT, 1989; FOX et al., 1990; HUEHN, 1990), análise multivariada (MANTEL, 1971; KEMPTON, 1984; GAUCH, 1988; ZOBEL; WRIGHT; GAUCH, 1988; CROSSA, 1990; YAN et al., 2000), e modelos mistos (PIEPHO, 1997; RESENDE; THOMPSON, 2004).

O comportamento das variedades em resposta a fatores ecológicos pode ser descrito em termos da sua adaptabilidade, sendo esta medida pela expressão de um, ou vários caracteres específicos, e de interesse. Contudo, para a obtenção de variedades agronomicamente superiores e que produzirão um real impacto em termos de segurança alimentar, é importante conhecer melhor os fatores ambientais que afetam o desenvolvimento das espécies cultivadas em cada região. O acesso a informações importantes tais como os fatores climáticos limitantes para a produtividade de grãos, podem auxiliar a definir as prioridades para os programas de melhoramento genético. São esses fatores que influenciam de forma decisiva na magnitude dos ganhos genéticos que serão obtidos para determinado caráter (SHARMA et al., 2007; RODRIGUEZ et al., 2008; CAMPBELL et al., 2012).

¹ A sigla “GxE” (do inglês, Genotype x Environment) é usada em todo o texto como abreviação para o termo “Genótipo x Ambiente”, a fim de evitar o confundimento com a sigla “GxA”, que por sua vez, refere-se à interação “Genótipo x Ano”.

Segundo Lobell et al. (2011), o aumento da temperatura média, as mudanças nos padrões de disponibilidade de água, bem como outras perturbações nos ecossistemas têm profundo impacto na agricultura. Em particular, o aumento da temperatura em regiões de baixa latitude pode afetar de forma significativa a produtividade de culturas que não resistem a climas áridos (FAO, 2013). Essas regiões abrangem áreas plantadas tanto em países que são grandes exportadores de alimentos, como em localidades que ainda sofrem com a insegurança alimentar. Estima-se que reduções na produtividade de grãos das culturas em países subdesenvolvidos podem aumentar de 8% a 10% a porcentagem da população com deficiência nutricional (GORNALL et al., 2010; NELSON et al, 2010; THORNTON; CRAMER, 2012).

Dentre os principais desafios para o melhoramento genético, citados pela Organização das Nações Unidas para a Alimentação e a Agricultura - FAO (2013), está a capacidade de lançar cultivares que apresentem boa produtividade aliada à capacidade de “resiliência”, esta última entendida como dependente do grau de plasticidade fenotípica de determinados genótipos, e da capacidade desses em manter a estabilidade produtiva. De acordo com Fischer et al. (2009), também é importante reduzir o chamado “gap produtivo”, que é a diferença entre a produtividade obtida atualmente nos plantios agrícolas e o real potencial produtivo das espécies. Essa redução só é possível quando são levados em consideração os efeitos da interação GxE.

Espécies vegetais que atualmente são melhor adaptadas a novas condições podem assumir papel crucial nesse contexto, ressaltando-se como fundamental a existência de programas de melhoramento que visem obter maior eficiência na caracterização, seleção e desenvolvimento de novas variedades adaptadas às mais diversas condições (FAO, 2013). Dentre as características citadas como importantes para um incremento na produção de forma sustentável (*sustainable crop production intensification-SCPI*), bem como para a adaptação a novos cenários climáticos, destacam-se a capacidade de tolerância a altas temperaturas e à seca, a eficiência no uso dos recursos e a plasticidade fenotípica.

Diante disso, culturas como o feijão-caupi (*Vigna unguiculata* (L.) Walp.), espécie autógama, que é pouco exigente em termos de fertilidade do solo, tolerante a altas temperaturas (com desenvolvimento ideal variando de 18°C a 34°C) e climas secos, passam a assumir importância estratégica em termos socioeconômicos pela possibilidade de serem cultivadas em uma ampla faixa de ambientes, inclusive em locais onde outras espécies não se desenvolvem de forma satisfatória. Em algumas regiões (principalmente em países pobres), o feijão-caupi é descrito como uma das mais importantes fontes de proteína, minerais e fibras (SINGH, 2000; AREMU;

ARIYO; ADEWALE, 2007; VIJAYKUMAR; SAINI; JAWALI, 2010; SHIRINGANI; SHIMELIS, 2011; FREIRE FILHO et al., 2012).

O Centro-Oeste da África foi centro de origem e domesticação do feijão-caupi, 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).

Várias instituições internacionais conduzem pesquisas com essa espécie, dentre elas o Instituto Internacional de Agricultura Tropical (IITA), a Universidade da Califórnia, e o Departamento de Agricultura dos Estados Unidos (USDA). Programas ativos de melhoramento genético vêm sendo executados em várias instituições, tais como o Instituto de Pesquisa Agrícola Senegalês (ISRA), o Instituto do Ambiente e da Investigação Agrícola (INERA) em Burkina Faso, e o Centro de Pesquisa Agronômica para o Desenvolvimento (IRAD) nos Camarões (FANG et al., 2007; VIJAYKUMAR; SAINI; JAWALI, 2010).

Há relatos de que a espécie foi introduzida no Brasil provavelmente pelo litoral da Bahia durante o período colonial (FREIRE FILHO et al., 2005), sendo ainda bastante cultivada na região Nordeste, e atualmente também nas regiões Norte e Centro-Oeste, o que leva o país ao posto de terceiro maior produtor mundial (OLIVEIRA et al., 2003; FREIRE FILHO et al., 2005; XAVIER et al., 2005). Pesquisas importantes relacionadas ao feijão-caupi no Brasil têm sido desenvolvidas pela Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária - EMBRAPA, que, além de manter o Banco de Germoplasma da espécie no Centro Nacional de Pesquisa de Recursos Genéticos e Biotecnologia - CENARGEN, conduz desde o ano de 1991, um Programa de Melhoramento Genético sob responsabilidade da Embrapa Meio-Norte (FREIRE FILHO et al., 2005).

Dentre os principais desafios para o melhoramento de qualquer espécie, destaca-se a expansão do seu cultivo a outras regiões, levando-se em consideração sua adaptabilidade a condições ambientais, e a manutenção da estabilidade de produção. No entanto, com feijão-caupi, poucos estudos têm utilizado metodologias mais acuradas para a predição dos reais Valores de Cultivo e Uso (VCU) frente a uma avaliação mais criteriosa dos fatores ambientais que influenciam a produtividade.

A grande amplitude continental em que o feijão-caupi é plantado promove oportuni-

des para se avaliar como suas variedades respondem às alterações ambientais, considerando uma grande escala geográfica, fato esse que pode gerar informações fundamentais sobre a previsibilidade e a segurança para o cultivo da espécie. O objetivo desse trabalho foi estimar a plasticidade fenotípica da produtividade de grãos, em termos de estabilidade e adaptabilidade genotípicas, de 20 linhagens de feijão-caupi frente à variação espacial e temporal, bem como identificar as variáveis ambientais relevantes para a interação GxE.

2 DESENVOLVIMENTO

2.1 Referencial Teórico

2.1.1 Considerações gerais sobre a interação GxE

A curiosidade acerca do fato de que um genótipo pode produzir diferentes fenótipos quando exposto a diferentes condições ambientais, hoje sabido como um produto da interação genótipos x ambientes, já se refletia de forma central em discussões entre filósofos tais como Platão e Locke, quando discorriam sobre processos naturais que ocorrem dentro dos indivíduos *versus* a influência externa do meio, que varia em termos de nutrição, fatores edafo-climáticos, ou mesmo fatores bióticos (PIGLIUCCI, 2001).

Charles Darwin (1859, p.167) em “A origem das espécies”, ao explicar sobre as causas de variação geradas por modificações ambientais, ressalta o quão difícil era distinguir quais parcelas das diferenças observadas entre variantes de uma mesma espécie eram causas da ação acumulada da seleção natural e quais eram respostas às condições de vida (leia-se: condições ambientais):

Dessa forma, todos os peleiros sabem que os animais da mesma espécie apresentam peles mais espessas e de melhor qualidade quanto mais rigorosos forem os climas...que parcela caberia ao fato de que os animais mais bem agasalhados pela natureza tenham sido favorecidos e preservados durante muitas gerações, e que parte seria devida à ação direta do clima rigoroso? Parece que o clima possui alguma ação direta quando se refere ao pelo de nossos quadrúpedes domésticos.

Darwin então discorre sobre a capacidade de “aclimação” que, segundo ele, quase todos os animais e algumas espécies de plantas apresentam, apontando como uma das possíveis causas das diferenças observadas a herança genética de antepassados que outrora viveram em condições diferentes daquelas em que os indivíduos da mesma espécie ou de espécies derivadas vivem agora. Tal capacidade inata então estaria presente na constituição de tais indivíduos, preservada via seleção natural, e seria “despertada” somente quando os mesmos fossem submetidos a variações ambientais drásticas. Alguns exemplos são citados, incluindo o das espécies vegetais girassol e feijão.

Já no século XX, e após a redescoberta dos trabalhos de Gregor Mendel, Ronald A. Fisher (1918), ao verificar a aplicabilidade da herança mendeliana às causas das correlações entre parentes, explanou sobre quais efeitos poderiam estar influenciando as diferenças entre

as variâncias observadas e, aliando os possíveis efeitos de dominância e um provável controle multigênico de um caráter quantitativo, fez uma descrição teórica detalhada das causas das diferenças das correlações observadas.

O autor postulou que as variações observadas entre parentes podem ser amplamente influenciadas por efeitos de dominância mendelianos, levando-se em consideração (mesmo que de forma secundária) os efeitos ambientais ¹:

The variance of a sibship, for example, depends, apart from environment, only upon the number of factors in which the parents are heterozygous, and since the proportion of heterozygotes is only diminished by a quantity of the second order, the mean variance of the sibships must be taken for our purposes to have the value appropriate to random mating, $(1/2)\tau^2 + (3/4)\epsilon^2 = \frac{V}{4}[2c_2(1-A) + 3(1-c_2)]$ plus the quantity due to environment (FISHER, 1918, p.422).

Sewall Wright (1930), ao tentar explicar as correlações observadas por Fisher (1918), afirmou que a similaridade entre os efeitos ambientais atuando sobre irmãos é, em geral consideravelmente maior quando comparada a outros parentes, e que isso pode contribuir significativamente nas correlações observadas. Segundo o mesmo autor, o efeito do ambiente (chamado de pressão ambiental), quando atua dentro de um único local, é considerado como um fator de homogeneidade, que age através da eliminação dos genótipos extremos e proporcionando uma redução da variabilidade.

Quando o mesmo conceito é extrapolado para ambientes variados, a pressão de seleção, e portanto o efeito ambiental, passa a favorecer a heterogeneidade, levando-se em consideração sempre o balanço proporcionado pelo efeito da adaptabilidade de cada genótipo submetido a tal pressão ²:

Individual adaptability is, in fact, distinctly a factor of evolutionary poise. It is not only of the greatest significance as a factor of evolution in damping the effects of selection and keeping these down to an order not too great ... but is itself perhaps the chief object of selection (WRIGHT, 1930, p.147).

¹ A variância de irmãos germanos, por exemplo, depende, além do ambiente, apenas do número de fatores para os quais os pais são heterozigotos, e tendo em vista que a proporção de heterozigotos é reduzida apenas por um fator de segunda ordem, deve-se assumir, para nossos propósitos, que a variância média entre irmãos tem o valor apropriado de acasalamentos ao acaso, $(1/2)\tau^2 + (3/4)\epsilon^2 = \frac{V}{4}[2c_2(1-A) + 3(1-c_2)]$ mais a quantidade devida ao ambiente.

² Adaptabilidade individual é, de fato, claramente um fator de equilíbrio evolutivo. Não se trata apenas de um fator de grande importância evolutiva para o amortecimento dos efeitos de seleção mantendo estes a uma magnitude não tão elevada ... mas é, por si só, talvez o principal objeto de seleção.

Diante da confusão relacionada ao conceito de *adaptação* após o uso recorrente do termo “adaptabilidade”, alguns autores, dentre eles Gause (1942) em seu texto “The relation of adaptability of adaptation”, procuraram separar tais terminologias por meio de aspectos puramente biológicos. Segundo Gause, o estudo sobre o mecanismo de adaptação é um problema essencialmente ecológico. Quando uma população qualquer é submetida à variação ambiental, sua adaptação é principalmente influenciada por dois processos. O primeiro deles é a diferença inicial inerente à constituição de cada população³, favorecendo ou não sua adaptação ao novo ambiente, e o segundo é a adaptabilidade diferenciada em cada uma dessas populações.

Fazendo-se a clara distinção entre adaptabilidade (vista aqui como sinônimo de plasticidade), ou seja, a capacidade de reação fisiológica de uma população a determinada condição ambiental com consequente modificação fenotípica, e o potencial de ampla adaptação inerente a cada população, pode-se então ressaltar que a adaptabilidade, embora em grande parte não hereditária, é integrante fundamental no processo de evolução via seleção natural, tendo em vista que confere vantagem de sobrevivência diferenciada a cada população dependendo do ambiente em que as mesmas se encontram (GAUSE, 1942).

Tais observações revelavam que a relação entre adaptação inerente (inicial) e adaptabilidade não era totalmente esclarecida, mas que, no entanto, claramente não se dava de forma simplesmente aditiva. Fisher e Mackenzie (1923, p.318), avaliando as respostas de variedades de batata em relação a diferentes regimes de adubação, concluíram que: “yields of different varieties under different manurial treatments are better fitted by a product formula than by a sum formula”⁴. Além disso, as informações disponíveis na literatura até metade do século XX sugeriam que a adaptabilidade seria inversamente proporcional à capacidade de adaptação, ou seja, aquela dita hereditária e proporcionada pelos fatores inerentes a cada população, o que levou a adaptabilidade a ser considerada como de importância variável para a adaptação.

Seria plausível, até esse momento, afirmar que indivíduos geneticamente semelhantes que são amplamente adaptados a determinado ambiente, possuem fraca plasticidade em termos fenotípicos, e ao contrário, indivíduos mais plásticos (levando-se em conta um determinado conjunto de caracteres), possuem um fraco arcabouço adaptativo inicial. Considerou-se aqui como *arcabouço adaptativo*, a constituição genética (adquirida ao longo de gerações via seleção natural) individual ou de uma população, que interage e contabiliza (em menor ou maior parte)

³O termo “inerente” refere-se em todo o texto como relativo ao (ou derivado do) conjunto alélico mantido ao longo de gerações e fixado em determinada população.

⁴Os rendimentos de diferentes variedades com diferentes tipos de adubação são melhor explicados por um produto que por uma soma.

para a determinação da adaptação a determinado ambiente.

Haldane (1946), em um importante trabalho intitulado “The interaction of nature and nurture”, esboçou um dos primeiros textos que tratavam exclusivamente do estudo da interação Genótipos x Ambientes. Segundo ele, a interação entre *nature* (genótipo) e *nurture* (ambiente) naquela época já havia se tornado uma questão de central importância em genética. O autor então estudou a relação entre genótipo e ambiente usando elementos concretos advindos de resultados acumulados por vários outros autores em uma série de experimentos, tanto com animais como com vegetais.

Analizando, por exemplo, resultados de produção de massa corpórea em animais e experimentos de produtividade em trigo, afirmou que os animais domésticos e plantas foram selecionados para respostas variáveis no ambiente no qual foram criados, e não para uma resposta consistentemente favorável. Em *Drosophila*, verificou que algumas mutações favorecem o desempenho de alguns genótipos em ambientes quentes, outras, em ambientes frios, e que, dependendo da temperatura, certos caracteres, como por exemplo, *tamanho da asa* sofriam um aumento ou diminuição da expressão.

O autor ainda introduziu a ideia de *norma de reação* de forma mais aplicável, através da suposição de duas populações geneticamente diferenciadas em dois ambientes distintos. Mesmo que não graficamente, Haldane afirmou que nessa situação hipotética, pelo menos seis possíveis formas de interação entre genótipos e condições ambientais podem ser delimitadas. Generalizando, pode-se usar a expressão: $(mn)!/n!m!$, para calcular o número de possíveis combinações válidas de interação para m genótipos e n ambientes, e estendê-la para: $(mn)^k/(n!m!k!)$, para o caso de m genótipos, n ambientes e k caracteres.

A observância, no contexto agrônomo, da influência ambiental na adaptação e de sua relação direta com diferentes genótipos passou a ser explícita décadas atrás por autores tais como Robert V. Akeley (1958, p.518), que em um levantamento das principais variedades de batata cultivadas em diversas regiões do Estados Unidos e Canadá, expressa preocupação quando relaciona os diversos fatores que devem ser levados em consideração no desenvolvimento de novas variedades, dentre eles, a interação com o ambiente: “This variety is well adapted to California ... When grown in Maine and other Eastern States, its tubers are shorter, eyes are deeper, and its marketing quality is inferior to many varieties adapted to the East”⁵.

⁵Essa variedade é bem adaptada à Califórnia ... Quando cultivada em Maine e outros estados do leste, seu tubérculo é mais curto, os olhos são mais fundos, e sua qualidade de mercado é inferior à de muitas variedades adaptadas ao leste.

O autor também reforça a ideia da importância da estabilidade frente às diversas condições ambientais para o plantio de uma variedade em determinados locais por um período de tempo mais prolongado: “Green Mountain is susceptible to most potato diseases ... Its high-yielding ability and culinary qualities in the absence of disease are evidently not enough to maintain its long standing as a leader in production, particularly in New York and Maine” ⁶ (AKELEY, 1958, p.521).

O termo *estabilidade* ganhou espaço, na medida de sua importância tanto para a agricultura, quanto para os estudos de plasticidade fenotípica das espécies vegetais (cultivadas ou não). Para o melhoramento, se fazia necessário o desenvolvimento de variedades que conseguiram manter a expressão de certo caráter (geralmente produtividade) de forma constante nos mais variados ambientes, e para os estudos de evolução, a estabilidade era objeto de análise principalmente como sinônimo de homeostase. Portanto, as abordagens entre geneticistas e melhoristas até esse momento eram consideravelmente diferentes no que diz respeito ao tratamento da interação GxE. Enquanto melhoristas procuravam apenas minimizar os efeitos da interação, outros geneticistas buscavam entender a natureza da mesma (FREEMAN, 1973).

Lewis (1954), por exemplo, avaliando uma situação hipotética com dois alelos e efeito de dominância completa (um alelo favorável e outro desfavorável) em dois ambientes distintos, conceituou estabilidade fenotípica como a habilidade de um indivíduo ou população para apresentar uma variação fenotípica estrita quando submetido a diferentes ambientes, e propôs uma medida de estabilidade, chamada *fator de estabilidade* (stability factor, S.F.), que pode ser expresso como: $S.F = \frac{\bar{x}H.E}{\bar{x}L.E}$, sendo *L.E* e *H.E* os efeitos de dois ambientes distintos quaisquer, e $\bar{x}$, a média do caráter sob avaliação. A estabilidade é máxima, de acordo com a expressão dada, quando o parâmetro *S.F* assume o valor 1.

O autor estudou o *número de flores por inflorescência* em tomateiro, comparando famílias derivadas do cruzamento de apenas dois parentais (gerações avançadas até F_3 , em dois ambientes diversos e tendo como principal fator de diferenciação a temperatura). O estudo procurou demonstrar a diferença observada no grau de dominância entre alelos de acordo com a mudança de ambiente e, conseqüentemente, a sua influência no fenótipo. Aparentemente, foi observada uma estabilidade fenotípica mais elevada nos indivíduos heterozigotos em determinadas situações. No entanto, também foi destacada a ideia de que dois alelos podem estar

⁶Green Mountain é susceptível a maioria das doenças de batata ... Sua alta capacidade produtiva e qualidades culinárias na ausência de doenças evidentemente não são suficientes para mantê-la como uma líder em produção, particularmente em Nova York e Maine.

agindo, via rotas metabólicas diferentes e gerando o mesmo fenótipo, o que poderia mascarar a atuação diferenciada dos alelos em relação ao efeito ambiental.

Dobzhansky e Levene (1955), estudando a viabilidade entre indivíduos homozigóticos e heterozigóticos, variantes quanto ao *cromossomo 2* em *Drosophila*, e expostos a 9 diferentes ambientes, concluíram que os indivíduos homozigóticos possuíam um comportamento mais variável, expresso pela variância na taxa de sobrevivência. O comportamento dos indivíduos heterozigóticos era mais “homeostático”, ou seja, mais estável entre os vários ambientes.

Gause (1942) já ressaltava a importância da diversidade genética em termos de plasticidade dos diferentes indivíduos em uma população, quando comparada à magnitude da diversidade nos mesmos indivíduos influenciada apenas pela capacidade inerente de adaptação. Segundo Dobzhansky e Levene (1955), a estabilidade não significa um estado estacionário, mas um processo dinâmico, sendo portanto mensurada pela mudança fisiológica relacionada a um caráter, que possivelmente reflete na resposta da estabilidade de outros.

Areladas ao fato de que indivíduos não podiam mais ser considerados fora do contexto de seu ambiente, evidências relacionadas a diferenças no padrão de estabilidade entre genótipos dentro de uma mesma espécie fizeram com que a estabilidade passasse a ser vista como uma característica determinada geneticamente, sendo a falta de estabilidade um indicativo de falta de adaptação. O valor adaptativo da plasticidade (muitas vezes citada como sinônimo de adaptabilidade ou como o oposto da estabilidade), por sua vez, pode ser considerado positivo apenas em alguns casos, tendo em vista que, quando ela é apresentada por um genótipo, sua expressão pode ser variável de acordo com a magnitude da influência ambiental (WILLIAMS, 1960; SIMMONDS, 1962).

Os mecanismos de interação genótipos x ambientes podem então ser considerados como inteiramente específicos, com relação ao caráter objeto de estudo, tendo em vista que a estabilidade varia de acordo com o caráter dentro de um mesmo genótipo. Caracteres correlacionados, tais como componentes de produtividade, ou partes florais, possuem estabilidade correlacionadas. O contrário também ocorre com caracteres não correlacionados, tais como os foliares e florais (BRADSHAW, 1965).

Ambientes agrícolas podem ser favoráveis à seleção positiva para adaptabilidade, sendo algumas variedades capazes de variar de acordo com as mudanças ambientais e outras não. Além disso, diferentes populações podem apresentar diferentes graus de adaptabilidade, tendo em vista que tem sido observado em várias situações que variedades adaptadas a condições

extremas também podem responder de forma satisfatória quando expostas a condições ótimas de crescimento. Tal comportamento pode ser indicativo de que a adaptabilidade pode estar apenas suplementando um grau de adaptação genética já existente (CLAUSEN; KECK; HIESEY, 1948).

Existem também evidências de relações entre a variação em termos de *fitness* para partes vegetativa e reprodutiva, onde, após a exposição a certas condições ambientais, um crescimento vegetativo maximizado pode refletir em baixo desenvolvimento da parte reprodutiva em algumas espécies anuais. Portanto, a definição de ambientes favoráveis e desfavoráveis se torna relativa, tendo em vista que ambientes que favorecem o desenvolvimento da parte vegetativa podem atrasar ou mesmo limitar o florescimento em certas espécies, sendo o contrário também observado (SØRENSEN, 1954). A variação em termos de adaptabilidade e estabilidade tem sido bastante estudada ao longo do tempo, para as mais diversas espécies vegetais, envolvendo vários caracteres, tais como produção de folhas, dormência e porcentagem de germinação de sementes, duração do ciclo, época de florescimento e produção de grãos. (BRADSHAW, 1965).

Para o melhoramento genético, em alguns casos é desejável que os materiais a serem selecionados possuam considerável estabilidade (que também pode ser compreendida como a capacidade de homeostase de determinados genótipos para determinadas variações ambientais) nas etapas finais de desenvolvimento fenológico, tais como a produtividade de grãos. Essa estabilidade pode se dar devido apenas à influência de genes relacionados ao caráter em questão, ou pode ser devida à influência da presença de estabilidade de caracteres correlacionados, tais como os componentes de produtividade (BRADSHAW, 1965).

Plaisted e Peterson (1959) afirmam que, no desenvolvimento de uma nova variedade, além da importância dedicada aos critérios de seleção exercida em caracteres como produtividade, aparência, resistência a pragas, dentre outros, deve ser dada fundamental atenção para a avaliação dos padrões de adaptabilidade às condições ambientais relacionados a esses caracteres, sendo, então, os ensaios multilocais e em várias épocas, a principal forma de mensurar esses efeitos.

Para os programas de melhoramento, existe a inerente dificuldade em identificar variedades com desempenho superior em vários ambientes pelo fato de que, mesmo quando se isola o fator espacial, ou seja, quando tais genótipos são plantados em locais similares (geralmente decorrentes de uma subclasse de locais obtidos via estratificação), eles possuem acentuada interação tanto com safras diferentes dentro do mesmo ano, como com anos (EBERHART;

RUSSELL, 1966). Sendo assim, no intuito de quantificar os padrões de resposta relativos a cada genótipo, é imperiosa a necessidade do conceito de *ambiente* estar atrelado principalmente à idéia de *fatores ambientais* como um todo e menos a de *fatores meramente espaciais*⁷.

2.1.2 Evolução da metodologia para o estudo da adaptabilidade e estabilidade

A habilidade que certos genótipos possuem para se desenvolver bem em uma ampla faixa de condições ambientais, é de grande importância para a agronomia, principalmente em locais onde tais condições são extremamente variáveis. Até meados da década de 50, os efeitos da interação genótipos x ambientes eram estimados apenas via média geral, de acordo com o desempenho médio das variedades nos vários locais e anos (FINLAY; WILKINSON, 1963).

Sprague e Federer (1951) mostraram como os componentes de variância podem ser usados para separar os efeitos de genótipos, ambientes e da interação entre eles, igualando-se os quadrados médios obtidos via análise de variância (ANAVA) a suas respectivas esperanças matemáticas. Plaisted e Peterson (1959) então, propuseram uma nova metodologia para avaliar a influência dessa interação em variedades de batata, que consiste basicamente na aplicação de uma análise de variância combinada, ou seja, análise considerando todas as variedades em todos os locais em um dado ano, também conhecida como análise de “dois fatores”, em que, posteriormente, são realizadas análises de variância para cada par de variedades, sendo o número de ANAVA's dado por: $n(n - 1)/2$.

Os quadrados médios de cada análise são igualados então à sua esperança matemática, e após resolvidas as equações, tais estimativas são utilizadas no computo de uma média que corresponde, em termos de componentes de variância, à contribuição média de cada variedade para a interação. O método é, portanto, exclusivamente voltado para a avaliação da estabilidade (o termo “dependability” é usado pelos autores) das variedades testadas, sendo as variedades com menos contribuição para o quadrado médio da interação as preferidas para serem lançadas como cultivares.

A variação observada entre variedades é em alguns casos dinâmica (FINLAY; WILKINSON, 1963), e o melhorista se vê diante da escolha entre selecionar variedades adaptadas a uma determinada faixa de ambientes (ou localidades específicas), ou obter variedades com adaptabilidade ampla e que, portanto, apresentam um bom desempenho em uma faixa de ambientes

⁷Como fatores ambientais podem ser citados tanto os efeitos decorrentes do clima, tais como pluviosidade, temperatura e insolação, como os fatores puramente espaciais, portanto, mais generalizados, tais como latitude e longitude.

maior. Variedades com adaptabilidade local podem ser de grande utilidade, principalmente quando se trata de ambientes que apresentem condições incomuns, de difícil cultivo, ou mesmo extremas.

No entanto, variedades que apresentem adaptabilidade ampla são de grande valor, pois, além de possuírem um maior espectro de cultivo, são menos afetadas pelas mudanças que podem ocorrer em um mesmo local, principalmente em diferentes estações ou anos (dentre essas alterações, podem-se incluir tanto fatores bióticos como abióticos). A ampla adaptabilidade, portanto, deve estar inerentemente ligada a uma forte tendência à estabilidade.

Vários autores tais como Salmon (1951), Horner e Frey (1957), e Sandison e Bartlett (1958) discutiram o tema utilizando técnicas que levam em consideração ou a interação genótipos x locais, ou genótipos x anos (ou safra) como medida de adaptabilidade. Tais técnicas se mostram de baixa precisão quando se trata de muitos ambientes ou genótipos a serem avaliados. Paralelamente, e de forma não integrada, experimentos avaliando a natureza da estabilidade fenotípica deram suporte experimental para o entendimento da interação genótipos x ambientes (LEWIS, 1954; DOBZHANSKY; LEVENE, 1955; WILLIAMS, 1960). Griffing e Langridge (1963), por exemplo, realizam um estudo sobre a influência da heterose na plasticidade fenotípica em *Arabidopsis thaliana* e concluíram que os híbridos dessa espécie apresentaram maior estabilidade que os indivíduos homozigóticos.

Finlay e Wilkinson (1963), baseados em Yates e Cochran (1938), propuseram uma metodologia utilizando modelos de regressão linear para comparar o desempenho de um conjunto de variedades avaliadas em vários locais e anos em que, para cada variedade, uma regressão da sua média era obtida em relação à média geral de todas as variedades em cada local, por ano. Além disso, cada ambiente era classificado como favorável ou desfavorável de acordo com a média de todas as variedades naquele ambiente.

Esses autores modelaram os fatores ambientais, simplesmente em termos da resposta de produtividade dos genótipos. Sendo assim, as variedades que possuem coeficientes de regressão iguais ou próximos a 1(um) são consideradas de estabilidade média. Dentre essas, as que estão associadas a uma elevada produtividade possuem adaptação ampla, e as com baixa produtividade, são fracamente adaptadas a todos os ambientes. Variedades com coeficiente significativamente maior que um são consideradas especialmente adaptadas a ambientes favoráveis, mas possuem baixa estabilidade, e as que apresentam coeficiente menor que 1, ou tendendo a 0, são consideradas mais estáveis e com adaptabilidade a ambientes desfavoráveis.

Portanto, a variedade ideal seria a que possuísse bom desempenho em todos os ambientes e com elevada estabilidade (ou seja, coeficiente de regressão próximo a 0). Biologicamente, a interpretação desse fator é que tais variedades são tão estáveis, que são incapazes de responder a qualquer melhoria nas condições ambientais. Segundo Eberhart e Russel (1966), a utilização do coeficiente de regressão e dos desvios da reta como parâmetros de estabilidade veio com o objetivo de auxiliar a resolver esse problema. Sendo o índice ambiental para a regressão de cada

variedade i , em cada ambiente j , definido por: $I_j = \frac{\sum_{i=1}^n Y_{ij}}{v} - \frac{\sum_{j=1}^n \sum_{i=1}^n Y_{ij}}{vn}$, onde Y_{ij} é a média da i -ésima variedade dentro do j -ésimo ambiente, v corresponde ao número de variedades e n ao número de ambientes.

Então, a estimação dos dois parâmetros citados é definida, via de regra, pelo seguinte modelo:

$$Y_{ij} = \mu_i + \beta_i I_j + \delta_{ij}, \quad (1)$$

onde o primeiro parâmetro apresentado, o coeficiente de regressão (β_i), é o mesmo proposto por Finlay e Wilkinson (1963), definido como: $b_i = \sum_j Y_{ij} I_j / \sum_j I_j^2$, e o segundo parâmetro (δ_{ij}), é

estimado via soma de quadrados dos desvios da regressão, como segue: $s_{di}^2 = \frac{\sum_{j=1}^n \hat{\delta}_{ij}^2}{(n-2)} - \frac{s_e^2}{r}$, em que $\frac{s_e^2}{r}$ é a estimativa do erro conjunto. Este procedimento decompõe então a soma de quadrados da interação GxE em duas partes: a variação devida à resposta de cada variedade em relação ao índice ambiental e os desvios da regressão em relação a tal índice. O genótipo ideal então passa a ser aquele que apresenta elevada produtividade, associada a um coeficiente de regressão o mais próximo possível de 1, e desvios de regressão próximos a 0.

Alguns autores afirmam que as abordagens que englobam unicamente técnicas de regressão são úteis apenas como avaliações preliminares, pois apresentam, na maioria das vezes amplos desvios da linearidade, tornando a seleção de genótipos viesada e aplicável exclusivamente ao conjunto de variedades avaliadas, sendo vista apenas como uma simplificação bastante distante da realidade apresentada em experimentos de melhoramento genético (WITCOMBE; WHITTINGTON, 1971). Schlichting (1986) afirma que existem dois problemas importantes nas metodologias que se utilizam da análise de regressão: (1) As médias e os coeficientes atribuídos aos genótipos tendem a ser positivamente correlacionados, ou seja, genótipos estáveis tendem a apresentar baixa expressão do caráter em questão e (2) O pressuposto de linearidade geralmente não é atendido.

Com o advento de recursos computacionais mais sofisticados e computadores com uma maior capacidade de processamento, outras metodologias tais como as baseadas em análise multivariada se tornaram mais acessíveis e passaram a ser preferencialmente utilizadas na medida em que mais pacotes estatísticos foram disponibilizados. Uma das bases para a realização de análises de adaptabilidade e estabilidade via modelos multivariados é a análise de componentes principais (PCA), que possui como essência a aplicação do método *SVD* (*Singular Value Decomposition*), que, por sua vez, realiza a decomposição linear de variáveis contidas em uma matriz de dados de forma iterativa, visando resumir a informação contida em um número menor de vetores explicativos.

Dentre as metodologias mais utilizadas em estudos genéticos de adaptabilidade destacam-se os modelos AMMI (*Additive Main Effect and Multiplicative Interaction*) e GGE Biplot (*Genotype plus Genotype by Environment*) (KEMPTON, 1984; ZOBEL; WRIGHT; GAUCH, 1988; CROSSA, 1990; GAUCH, 1992; YAN et al., 2000). Nos modelos AMMI, desenvolvidos por Mantel (1971) e popularizados por Zobel et al. (1988) e Gauch (1992), estima-se a magnitude da interação GxE de acordo com a resposta de cada variável (aqui consideradas como ambientes) em uma abordagem bastante original, por meio da combinação em um único modelo entre ANOVA e a análise de componentes principais (PCA). A ideia é considerar o efeito da interação GxE como componente multiplicativo (mais realístico em termos biológicos), e os demais efeitos (genótipos e ambientes) como componentes de efeito puramente aditivo (DUARTE; VENCovsky, 1999).

Sendo assim, o modelo estatístico AMMI pode ser expresso como:

$$Y_{ij} = \overbrace{\mu + g_i + a_j}^{\text{Parte aditiva}} + \underbrace{\sum_{k=1}^n \lambda_k \gamma_{ik} \alpha_{jk}}_{\text{Parte multiplicativa}} + \bar{e}_{ij} \quad (2)$$

Em que: Y_{ij} é a resposta média do genótipo i no ambiente j ; μ é a média geral dos ensaios; g_i é o efeito fixo do genótipo i ; a_j é o efeito fixo do ambiente j ; λ_k é o k -ésimo valor singular (escalar) da matriz de interação original; γ_{ik} é o elemento correspondente ao i -ésimo genótipo no k -ésimo vetor singular coluna da matriz de interação; α_{jk} é o elemento correspondente ao j -ésimo ambiente no k -ésimo vetor singular linha da matriz; e $\bar{e}_{ij}$ é o efeito residual.

Sendo assim, a metodologia AMMI utiliza-se da técnica multivariada *SVD* para reduzir a informação contida em uma matriz de dados $n \times m$ (genótipos e ambientes, respectivamente) em vetores que acumulam de forma sistemática (em ordem de importância) a maior parte da

variação contida nos dados e, conseqüentemente, na interação GxE. Desde sua divulgação, essa metodologia vem sendo amplamente utilizada para estudos de adaptabilidade em várias espécies cultivadas importantes tais como trigo (KEMPTON, 1984; CROSSA et al., 1999; PADE-REWSKI et al., 2011), milho (HIROTSU, 1983; NDHLELA et al., 2014), soja (GAUCH, 1988; ZOBEL; WRIGHT; GAUCH, 1988; YOKOMIZO et al., 2013), cana-de-açúcar (SILVEIRA et al., 2013), e arroz (SAMONTE et al., 2005).

Outro método baseado no mesmo princípio que ganhou espaço nos últimos anos é o GGE Biplot, proposto por YAN et al. (2000), que, em linhas gerais se assemelha ao modelo AMMI, com a diferença fundamental de que, no componente multiplicativo, para a decomposição via *SVD*, exclui-se apenas o efeito referente ao ambiente, considerando-se conseqüentemente os efeitos de genótipos e da interação em conjunto. Portanto, modelos que consideram o efeito da interação como multiplicativo, além de capitalizarem de forma mais eficiente a interação GxE (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).

Tanto a metodologia AMMI como GGE Biplot possuem as vantagens adicionais de gerar informações sobre os genótipos com ampla adaptabilidade (combinação de média fenotípica e informação sobre estabilidade no mesmo gráfico), e de auxiliarem na delimitação de zonas agrônomicas via identificação de mega-ambientes (definido como o grupo de ambientes com padrão semelhante de interação GxE, e conseqüentemente com pouca alteração no ordenamento dos genótipos avaliados), o que pode indicar os ambientes mais representativos em cada local e genótipos com adaptação específica a cada região.

O teste de hipótese da usual análise de variância assume independência dos efeitos principais do modelo; quando tal pressuposto é atendido, os efeitos podem ser testados através do quadrado médio do resíduo. Sendo assim, dentro do contexto dos ensaios em múltiplos ambientes, quaisquer diferenças encontradas entre os efeitos de genótipos deveriam, por teoria, ser as mesmas para qualquer ambiente testado. No entanto, se existe uma interação entre os componentes do modelo (no caso específico, entre os efeitos de genótipos e de ambientes), o teste de hipótese é reformulado, partindo-se então para tomadas de decisões sobre a natureza de tais efeitos, ou seja, a definição *a priori* sobre quais efeitos devem ser considerados fixos e quais como aleatórios.

Segundo Freeman (1973), se um mesmo conjunto de genótipos é testado em vários ambientes, o teste de hipótese para a significância do efeitos de genótipos precisa ser feito em relação ao quadrado médio da interação, ao invés do resíduo como previamente citado. Quando, por exemplo, tais ambientes são considerados como uma amostra aleatória de todos os ambientes possíveis, assume-se o uso de um modelo misto, ou mesmo completamente aleatório, o que faz com que, por exemplo, desvios da normalidade devam ser plenamente levados em consideração para se assumir a validade das inferências feitas a partir do modelo⁸.

Ao assumir os efeitos de genótipos como aleatórios, pode-se obter os BLUP's (*Best Linear Unbiased Predictors*), o que não é possível por meio dos métodos de adaptabilidade e estabilidade até agora citados. Os BLUP's dos efeitos de genótipos e da interação GxE eliminam os seus ruídos via ponderação de tais efeitos por um fator regressor, que geralmente é referido pelo nome “repetibilidade” (que em termos práticos geralmente trata-se da herdabilidade do caráter), conduzindo, portanto, a estimativas do tipo *Shrinkage* de tais efeitos e à predição dos valores genéticos (SEARLE; CASELLA; McCULLOCH, 1992; PIEPHO, 1997; RESENDE, 2007).

Sendo assim, a predição dos valores genéticos via BLUP em relação a um determinado caráter, considerando os efeitos de genótipos e da interação GxE como aleatórios, pode ser descrita por:

$$w_{ij} = \bar{y}_{.j} + \frac{\sigma_{gl}^2 + N\sigma_g^2}{\sigma_{gl}^2 + N\sigma_g^2 + \sigma^2}(\bar{y}_{i.} - \bar{y}_{..}) + \frac{\sigma_{gl}^2}{\sigma_{gl}^2 + \sigma^2}(\bar{y}_{ij} - \bar{y}_{i.} - \bar{y}_{.j} + \bar{y}_{..}) \quad (3)$$

Simplificando a equação acima, tem-se: $\omega_{ij} = \bar{y}_{.j} + h_g^2(\bar{y}_{i.} - \bar{y}_{..}) + h_{ge}^2(\bar{y}_{ij} - \bar{y}_{i.} - \bar{y}_{.j} + \bar{y}_{..})$, onde h_g^2 e h_{ge}^2 são os fatores de *repetibilidade* dos efeitos de genótipos e da interação respectivamente (variando dentro do intervalo $1 \geq h_g^2 \geq h_{ge}^2 \geq 0$); $\bar{y}_{i.}$ e $\bar{y}_{.j}$, correspondem aos valores médios observados para genótipos e ambientes, respectivamente, sendo $\bar{y}_{..}$ a média geral. A *repetibilidade* aumenta na medida em que σ_e tende a 0, e por consequência, se $\sigma_e = 0$ (variância residual nula), o BLUP iguala-se ao valor fenotípico médio observado (o que é irreal em situações práticas).

Tal conceito tem sido usado associado ao método *REML* (Máxima Verossimilhança Residual), desenvolvido por Patterson e Thompson (1971) como procedimento ótimo para a estimação dos componentes de variância, onde os mesmos são estimados pela maximização da

⁸Considerando um modelo aleatório, as esperanças dos quadrados médios (E(QM)) dos efeitos são dadas por: Genótipo: $\sigma^2 + n\sigma_{gl}^2 + nl\sigma_g^2$; Interação GxE: $\sigma^2 + n\sigma_{gl}^2$; Resíduo: σ^2 , onde n e l correspondem ao número de indivíduos e de ambientes, respectivamente, e σ^2 , σ_{gl}^2 e σ_g^2 , às variâncias do resíduo, da interação e de genótipos, respectivamente.

função de verossimilhança dos resíduos ($\mathbf{y} - \mathbf{Xb}$), ao invés dos dados observados, sendo $\mathbf{X}$ uma matriz de incidência dos efeitos fixos. Portanto, em ensaios que utilizam a abordagem de modelos mistos, principalmente nos casos de experimentos desbalanceados, a análise REML/BLUP tem sido a mais indicada (RESENDE; THOMPSON, 2004; SCHAEFFER, 2004).

O modelo básico para a aplicação da metodologia de modelos mistos foi inicialmente apresentada por Henderson (1973), sendo que Resende (2007) o define de forma matricial para análise em ensaios multiambientais, como:

$$\mathbf{Y} = \mathbf{Xb} + \mathbf{Zg} + \mathbf{Tga} + \mathbf{e} \quad (4)$$

Em que, de acordo com esse modelo, a relação das matrizes em termos de médias e variâncias se dá por:

$$E \begin{bmatrix} \mathbf{y} \\ \mathbf{g} \\ \mathbf{ga} \\ \mathbf{e} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} \mathbf{Xb} \\ 0 \\ 0 \\ 0 \end{bmatrix}; Var \begin{bmatrix} \mathbf{g} \\ \mathbf{ga} \\ \mathbf{e} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} \mathbf{I}\sigma_g^2 & 0 & 0 \\ 0 & \mathbf{I}\sigma_{ga}^2 & 0 \\ 0 & 0 & \mathbf{I}\sigma_e^2 \end{bmatrix} \quad (5)$$

Em que: $\mathbf{y}$ é o vetor de dados, $\mathbf{b}$ o vetor de efeitos da combinação repetição-local (determinados previamente como fixos), $\mathbf{g}$ o vetor de efeitos genotípicos (aleatórios), $\mathbf{ga}$ o vetor de efeitos da interação dupla GxE (por consequência, aleatórios), e $\mathbf{e}$ o vetor de resíduos (naturalmente aleatórios). $\mathbf{X}$, $\mathbf{Z}$ e $\mathbf{T}$, são as matrizes de incidência dos referidos efeitos, respectivamente.

De forma geral, no que diz respeito aos estudos em genética vegetal, os trabalhos utilizando modelos mistos eram bastante escassos até o início da última década; no entanto, sua utilização na avaliação das mais diversas culturas vem aumentando, tendo em vista as vantagens que essa abordagem oferece frente às dificuldades (perda de parcelas experimentais, heterogeneidade de variâncias ambientais, etc...) rotineiramente encontradas em experimentos agrônomicos, principalmente em estudos que requerem muitos ensaios, tais como os de interação GxE (BASTOS et al., 2007; CARBONEL et al., 2007; MATHEWS et al., 2007; VERARDI et al., 2009; BORGES et al., 2010; MENDES et al., 2012; SILVA et al., 2012; FARIAS NETO et al., 2013; GOUVÊA et al., 2013; RODRIGUES et al., 2013; GOMEZ et al., 2014; TORRICELLI; CIANCALEONI; NEGRI, 2014).

2.1.3 Uso de covariáveis ambientais

Eberhart e Russel (1966) destacam que, embora seja notória a variabilidade genética em termos de adaptabilidade, é difícil explorá-la em sua plenitude, tanto por causa da dificuldade em se avaliar (ou mesmo conceituar) a adaptabilidade, quanto pelo evidente problema em se quantificar a complexidade dos fatores que influenciam os ambientes naturais.

Os mesmos autores afirmam que o uso da média geral das variedades em cada ambiente revela que as épocas de plantio (que provocam diferenças causadas principalmente por fatores não previsíveis, tais como pluviosidade) são bem mais influentes na resposta das variedades do que as diferenças inerentes aos ambientes tais como tipo de solo. Além disso, os melhoristas são inclinados a desconsiderar a importância dos resultados obtidos em ambientes desfavoráveis, levando portanto a uma perda sucessiva de variedades que possam apresentar ampla adaptabilidade.

Sendo assim, o uso de um índice ambiental atrelado às médias das variedades em cada ambiente, como os utilizados por Finlay e Wilkinson (1963), Eberhart e Russel (1966) e Perkins e Jinks (1968) como único fator de informação ambiental, não é o ideal, e a relação matemática entre outros fatores ambientais tais como pluviosidade, temperatura, tipo de solo e a variável resposta talvez possa gerar índices menos viesados e mais independentes do efeito de variedade dentro da análise. Hardwick e Wood (1972) vão além e afirmam que o fato de os desvios da regressão não serem independentes da média ambiental também invalida a utilização do segundo parâmetro proposto por Eberhart e Russel (1966).

Freeman (1973) afirma que, diante da grande dificuldade em capitalizar a interação GxE de forma eficiente com a finalidade de encontrar quais ambientes podem maximizar genótipos de interesse, o uso de outras variáveis pode ser útil para encontrar os fatores que estão por trás da real diferença entre os genótipos. Freeman e Perkins (1971) reiteram que o uso de um índice de regressão precisaria ser baseado em medidas independentes do ambiente, sejam elas físicas ou de caráter biológico. Fripp (1972), portanto, por meio desse tipo de abordagem, comparou o uso de variáveis físicas e biológicas e encontrou que, quando o número de genótipos avaliados é grande, tal abordagem fornece um valor semelhante ao daquela que utiliza a média ambiental.

No entanto, Perkins (1972) encontrou diferenças em grupos de genótipos via utilização de regressão múltipla com base em fatores climáticos. Shukla (1972) e Wood (1976) utilizaram abordagens semelhantes, em que uma correlação entre uma combinação linear de genótipos e uma combinação linear de fatores ambientais foi realizada. Segundo Wood (1976), tal

abordagem, quando comparada a outras, forneceu uma explicação mais lógica para a variação genotípica nos diferentes ambientes.

De forma geral, informações de medidas ambientais são dificilmente disponíveis, mas, levando-se em consideração que o desempenho de um genótipo pode variar consideravelmente de um ambiente para outro, é de extrema importância que a causa ambiental de tal mudança de comportamento seja mensurada, afim de determinar se tais diferenças podem ser devidas a fatores inerentes ao clima ou ao solo, ou mesmo devidas a estratégias de manejo. No entanto, tem-se observado que, mesmo quando os locais experimentais representativos de cada região são plenamente escolhidos, geralmente os fatores de manejo, características de solo e fatores climáticos não são levados em consideração (SCHLICHTING; LEVIN, 1986).

Alguns estudos, tais como os de Beckett (1982), se preocuparam em quantificar os fatores ambientais responsáveis pela interação. Esse autor realizou uma regressão linear de cada variável ambiental em relação à produtividade, com a finalidade de identificar o fator predominante e possivelmente o mais influente no componente da interação. Contudo, segundo Weisberg (1980), quando existem vários fatores em igual magnitude influenciando a interação ou quando tais fatores apresentam certo grau de correlação entre si, a análise de regressão linear simples pode ser inapropriada.

A partir da década de 80, o uso de variáveis ambientais e a predição de sua influência na produtividade de algumas espécies passaram a ser amplamente aplicados aos trabalhos de estudo da interação GxE, e atualmente vários autores têm inserido informações ambientais, seja como fatores de caracterização e estratificação ambiental, seja como covariáveis nos modelos de análise da interação GxE (HAUN, 1982; DENIS, 1988; VAN EEUWIJK; DENIS; KANG, 1996; VARGAS et al., 1998; CROSSA et al., 1999; VAN EEUWIJK et al., 2005; VOLTAS; LOPEZ-CORCOLES; BORRAS, 2005; THOMASON; PHILLIPS, 2006; VARGAS et al., 2006; BOER et al., 2007; RAMBURAN; ZHOU; LABUSCHAGNE, 2011; HESLOT et al., 2014).

Van Eeuwijk et al. (1996), em um trabalho seminal, resume alguns métodos com base em análise fatorial para a inserção da informação de covariáveis ambientais para a explicação da interação GxE, sendo que, de acordo com o autor, tais modelos são apenas uma extensão do caso mais geral:

$$Y_{ij} = \mu + \alpha_i + \beta_j + \rho_i z_j + \bar{e}_{ij} \quad (6)$$

Em que: ρ_i é um coeficiente que reflete a sensibilidade do genótipo i , e z_j é a medida da variável

ambiental z no ambiente j . De acordo com o exposto, essa estratégia pode ser útil para a inclusão de uma única covariável ambiental, tal como “pluviosidade”.

No entanto, a ideia de regressão fatorial pode ser generalizada para a inclusão de outras covariáveis, como segue: $Y_{ij} = \mu + \alpha_i + \beta_j + \rho_{i1}z_{j1} + \rho_{i2}z_{j2} \dots + \rho_{im}z_{jm} + E_{ij}$, em que: $\rho_{im}z_{jm}$ corresponde ao efeito de uma variável m qualquer no genótipo i dentro do ambiente j . A adição sucessiva de muitas variáveis ambientais pode reduzir a acurácia da predição, tendo em vista que as mesmas podem estar modelando apenas a parte não-aditiva da interação GxE, ou seja, na medida em que mais variáveis são adicionadas, as mesmas podem ser inflacionadas com o resíduo.

Sendo assim, pode-se recorrer ao uso de um índice de redução de covariáveis do modelo por meio da expressão: $\zeta_j = \sum_{h=1}^H \lambda_h z_{jh}$, passando aquele então a incorporar a covariável sintética λ_h , de valor inicialmente desconhecido, que é a combinação linear mais provável (via critério de quadrados mínimos) que pode ser gerada a partir das variáveis disponíveis, obtida portanto, via conjunto de dados. O modelo passa a ser mais parcimonioso (com graus de liberdade reduzidos) e pode ser escrito como:

$$Y_{ij} = \mu + \alpha_i + \beta_j + \rho_i \left(\sum_{h=1}^H \lambda_h z_{jh} \right) + E_{ij} \quad (7)$$

Em que: H corresponde ao número de covariáveis ambientais (VAN EEUWIJK; DENIS; KANG, 1996; VARGAS et al., 1998; CROSSA et al., 1999).

Alguns trabalhos têm-se utilizado de covariáveis explicativas das formas mais variadas possíveis. Voltas et al. (2005), utilizaram as metodologias de Regressão fatorial e GGE Biplot para realizar um zoneamento de cultivo e subsequente seleção de genótipos superiores, aliados à detecção dos principais fatores ambientais que influenciaram a interação GxE em 21 genótipos de trigo avaliados em 8 ambientes. Já Yan e Tinker (2006), em um trabalho avaliando 145 genótipos de cevada em 25 ambientes, utilizam a combinação das duas abordagens citadas, através da integração de ambas em um único modelo matemático. No entanto, esses autores só utilizaram covariáveis genotípicas (21 caracteres componentes de produtividade) para a explicação da interação em relação ao caráter produtividade.

Vargas et al. (2006) usaram modelos mais completos de regressão fatorial descritos por Van Eeuwijk et al. (1996) para decompor o efeito da interação GxE em milho, com auxílio tanto de variáveis genotípicas (QTL 's preditos via marcadores moleculares) como de variáveis

ambientais, estimando o que os autores chamaram de interação *QTL* x ambiente. Ramburan et al. (2011), estudando variedades de cana-de-açúcar, utilizaram 14 covariáveis ambientais (temperatura média por dia, regime diário de chuva, evaporação diária média, umidade do solo, dentre outras) aliadas à análise de componentes principais (PCA) para caracterizar a influência relativa de cada uma das variáveis nos diversos ambientes. Os autores, então, modelaram a interação GxE via modelo AMMI, e verificaram via análise de correlação a relação entre os componentes principais de tal análise e as variáveis ambientais mais significativas.

Segundo Resende (2007), a utilização de métodos de regressão, bem como a sua combinação em modelos multivariados são desvantajosas quando existem evidências de fatores de desbalanceamento experimentais ou heterogeneidade de variâncias entre locais. Tendo em vista que tais estratégias assumem o efeito de genótipos como fixos, a sua utilização torna-se incoerente quando se deseja estimar componentes de variância e demais parâmetros genéticos com base nesses experimentos. Sendo assim, apenas quando uma predição dos valores genotípicos (ao contrário do uso de médias fenotípicas) é feita, podem ser obtidos os reais valores de cultivo e uso de uma variedade.

Uma abordagem vantajosa pode ser a combinação de modelos multiplicativos e modelos mistos. Piepho (1998), Resende e Thompson (2004), e Resende (2007), descrevem com detalhes os métodos denominados como Análise de Fatores sob Modelos Mistos (*FAMM*) e Análise de Componentes Principais sob Modelos Mistos (*PCAM*). Nesta última, ao invés da matriz de dados com valores puramente fenotípicos, são utilizados os valores preditos previamente considerando efeitos aleatórios (tanto de genótipos como de ambientes, ou ambos). Então, para uma análise de PCA sob modelos mistos, podem-se adotar as equações referentes a:

$$Y = Xb + Z(Q \otimes I_g)(Q^{-1} \otimes I_g)a + \varepsilon \quad (8)$$

Em que: $Q = V_m$, é a matriz de autovetores associados a m covariáveis. Assumindo que D_α é a matriz diagonal dos m autovalores (que determinam, portanto, a dimensão da matriz), a matriz de covariância pode ser dada por $\Sigma = \Lambda \Lambda'$, sendo $\Lambda \Lambda' = V D_\alpha$. Sendo assim, a estimação direta da estrutura de covariância permite que a adição de novos caracteres à análise não desestabilize as estimativas e contribua para aumentar a precisão do método.

Mais pesquisas são necessárias antes da utilização plena de variáveis ambientais na avaliação dos padrões de adaptabilidade e estabilidade dos genótipos (tanto em espécies cultivadas como em populações naturais). Não é tão surpreendente que venha sendo onerosa a

obtenção de um conhecimento mais detalhado a respeito da interação GxE, tendo em vista que a questão de como analisar as informações ambientais de forma apropriada ainda não é bem estabelecida. Além disso, no contexto da avaliação de ensaios multiambientes, a maioria dos esforços é geralmente concentrada em medir o desempenho dos genótipos, enquanto que pouca ou nenhuma atenção é dada à avaliação dos ambientes de forma mais precisa (SCHLICHTING, 1986; RAMBURAN; ZHOU; LABUSCHAGNE, 2011).

2.2 Material e Métodos

2.2.1 Experimentos

Os 20 genótipos avaliados nos experimentos, sendo 16 linhagens e 4 cultivares, são oriundos do programa de melhoramento de feijão-caupi da Embrapa Meio-Norte (CPAMN), e fazem parte do grupo de linhagens elite do referido programa. Informações relevantes sobre os genótipos são disponibilizadas na Tabela 1¹.

De acordo com as normas do Serviço Nacional de Proteção de Cultivares (SNPC-MAPA), para a inscrição de novas cultivares no Registro Nacional, é necessária a avaliação dos materiais genéticos em ensaios multiambientais (que são tidos como os ensaios avançados dos programas de melhoramento), onde, paralelamente, são realizadas as avaliações dos padrões de adaptabilidade e estabilidade dos genótipos.

Sendo assim, foram obtidos dados, considerando o caráter “Produtividade de grãos”(kg.ha⁻¹), referentes a experimentos de Valor de Cultivo e Uso (VCU), realizados ao longo de 3 anos (2010 a 2012), em 47 estações experimentais do Brasil (Tabela 2), totalizando 82 combinações *locais x anos*, com uma variação de latitude entre 22° 88' S e 2° 82' N, longitude entre 35° 01' O e 67° 82' O, e altitude variando entre 5 m e 820 m acima do nível do mar, o que abrange pelo menos 4 biomas terrestres da América do Sul (Figuras 1 e 2).

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.

¹Em todo o trabalho, as referências feitas aos genótipos são feitas com base na numeração (coluna ‘Código’) apresentada nessa tabela.

Tabela 1 – Genótipos avaliados nos ensaios VCU entre os anos 2010 e 2012, com seus respectivos códigos de referência, nomes, genealogias e subclasse comercial

Código	Genótipo	Genealogia	Subclasse
1	MNC02-675F-4-9	TE97-309G-24 x TE96-406-2E-28-2	Mulato
2	MNC02-675F-4-2	TE97-309G-24 x TE96-406-2E-28-2	Mulato
3	MNC02-675F-9-2	TE97-309G-24 x TE96-406-2E-28-2	Mulato
4	MNC02-675F-9-3	TE97-309G-24 x TE96-406-2E-28-2	Mulato
5	MNC02-676F-3	TE97-309G-24 x EVX91-2E-2	Mulato
6	MNC02-682F-2-6	TE96-282-226 x MNC00-519-7-1-1	Branco
7	MNC02-683F-1	BR9-Longá x TE96-282-22G	Branco
8	MNC02-684F-5-6	TE96-282-22G x TE96-406-2E-28-2	Branco
9	MNC03-725F-3	MNC01-627D-65-1 x TE99-499-1F-2-1	Branco
10	MNC03-736F-7	(TE97-309G-24 x IT90N-284-2) x TE96-282-22G	Branco
11	MNC03-737F-5-1	TE96-282-22G x IT81D-1332	Branco
12	MNC03-737F-5-4	TE96-282-22G x IT81D-1332	Branco
13	MNC03-737F-5-9	TE96-282-22G x IT81D-1332	Branco
14	MNC03-737F-5-10	TE96-282-22G x IT81D-1332	Branco
15	MNC03-737F-5-11	TE96-282-22G x IT81D-1332	Branco
16	MNC03-737F-11	TE96-282-22G x IT81D-1332	Branco
17	BRS Tumucumaque	TE96-282-22G x IT87D-611-3	Branco
18	BRS Cauamé	TE93-210-13F x TE96-282-22G	Branco
19	BRS Itaim	MNC01-625E-10-1-2-5 x MNC99-544D-10-1-2-2	Fradinho
20	BRS Guariba	IT85-2687 x TE87-98-8G	Branco

Tabela 2 – Localidades e descrições geográficas das estações experimentais utilizadas nos ensaios VCU de feijão-caupi durante o período 2010-2012

(Continua)

Locais	Ano	Código	Altitude (m)	Longitude	Latitude
Aquidauana, MS	2010,2011,2012	AQUI	147	55° 7'87''	-20° 46'70''
Arapiraca, AL	2010	ARA	264	36° 6'63''	-9° 75'55''
Araripina, PE	2010,2011,2012	ARI	622	40° 49'4''	-7° 57'11''
Axixá do Tocantins, TO	2012	AXI	210	47° 77'0''	-5° 61'31''
Balsas, MA	2010,2011,2012	BAL	247	46° 0'37''	-7° 53'25''
Barreira, CE	2010,2011,2012	BAR	100	38° 64'3''	-4° 28'95''
Boa Vista, RR	2010,2012	BOA	85	60° 67'5''	2° 82'35''
Bom Jesus, PI	2010,2011	BJP	277	44° 35'9''	-9° 07'16''
Botucatu, SP	2011,2012	BOT	804	48° 44'4''	-22° 88'41''
Bragança, PA	2011	BRA	19	46° 78'3''	-1° 06'16''
Buriti, MA	2010	BUR	227	42° 91'8''	-3° 94'20''
Campo G. do Piauí, PI	2011	CGP	440	41° 03'1''	-7° 12'86''
Carira, SE	2011,2012	CAR	351	37° 70'2''	-10° 35'61''
Chapadão do Sul, MS	2010,2011	CHA	790	52° 6'19''	-18° 79'43''
Dourados, MS	2010,2011,2012	DOU	430	54° 8'12''	-22° 22'35''
Formoso do Araguaia, TO	2012	FOR	240	49° 51'8''	-11° 81'65''
Frei Paulo, SE	2011,2012	FRP	272	37° 52'8''	-10° 55'17''
Gurupi, TO	2012	GUR	287	49° 06'8''	-11° 72'83''
Irاندوبا(Latossolo), AM	2010,2012	IRL	60	60° 10'0''	-3° 25'00''
Irاندوبا(Terra firme), AM	2010	IRT	60	60° 10'0''	-3° 25'00''
Itapipoca, CE	2010,2011,2012	ITA	108	39° 58'3''	-3° 49'97''
Itapirema, PE	2011,2012	ITAP	13	35° 01'3''	-7° 56'31''
Jaguariúna, SP	2012	JAR	584	46° 98'5''	-22° 70'42''
Janaúba, MG	2011,2012	JAN	533	43° 31'4''	-15° 80'52''
Limoeiro de Anádia, AL	2011,2012	LAN	140	36° 51'2''	-9° 74'00''
Macapá, AP	2011	MACA	16	51° 07'0''	0° 03'55''
Machado, MG	2011	MAC	820	45° 92'2''	-21° 67'82''
Mazagão, AP	2010,2011,2012	MAZ	60	51° 28'6''	-0° 11'58''
Mucajá, RR	2010,2012	MUC	70	60° 91'0''	2° 43'96''
N.S. das Dores, SE	2010	NSD	204	37° 19'6''	-10° 48'57''
Ouro Preto do Oeste, RO	2010	OPO	280	62° 25'7''	-10° 71'71''
Pacajus, CE	2012	PAC	60	38° 46'5''	-4° 17'01''
Paragominas, PA	2012	PAR	90	47° 35'3''	-3° 00'24''
Primavera do Leste, MT	2010,2011,2012	PRI	465	54° 29'5''	-15° 56'05''
Rio Branco, AC	2012	RIO	153	67° 82'4''	-9° 97'53''
Rio Preto da Eva, AM	2012	RPE	47	59° 70'0''	-2° 69'86''
Rorainópolis, RR	2010,2011	ROR	98	60° 43'9''	0° 93'96''
Santana, AP	2011,2012	SAN	15	51° 17'3''	-0° 04'57''

Tabela 2 – Localidades e descrições geográficas das estações experimentais utilizadas nos ensaios VCU durante o período 2010-2012

(Conclusão)					
Locais	Ano	Código	Altitude (m)	Longitude	Latitude
Salvaterra, PA	2012	SAL	5	48° 51'4''	-0° 75'87''
São João do Piauí, PI	2011	SJP	222	42° 25'6''	-8° 35'50''
São R. das Mangabeiras, MA	2010,2011,2012	SRM	225	45° 48'1''	-7° 02'22''
Serra Talhada, PE	2010,2011	STA	429	38° 28'9''	-7° 98'21''
Sousa, PB	2012	SOU	220	38° 23'1''	-6° 75'18''
Teresina, PI	2010,2011,2012	TER	72	42° 80'3''	-5° 09'02''
Tracuateua, PA	2011	TRA	20	46° 90'4''	-1° 07'88''
Umbaúba, SE	2012	UMB	130	37° 66'2''	-11° 38'13''
Uruçuí, PI	2012	URU	167	44° 55'3''	-7° 24'10''

2.2.2 Variáveis ambientais

As informações climáticas foram obtidas através de solicitação ao banco de dados meteorológicos do Instituto Nacional de Meteorologia (INMET), sendo que, ao todo, foram selecionadas 7 variáveis ambientais: *Evaporação Real em mm* (ER), *Insolação Total em h* (IT), *Número de Dias de Precipitação* (NDP), *Precipitação Total em mm* (Ptotal), *Temperatura Máxima Média* (Tmax), *Temperatura Mínima Média* (Tmin), e *Umidade Relativa Média em %* (UR). Além disso, foram recuperadas informações referentes à localização geográfica das estações experimentais, que constituíram então 3 variáveis adicionais: *Latitude* (Lat), *Longitude* (Lon), e *Altitude* (Alt) (Tabelas 2 e 3).

2.2.3 Estatística

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). Além dos módulos básicos já disponíveis no R, foram utilizados os pacotes: *agricolae* (MENDIBURU, 2014), *bpca* (FARIA; DEMÉRITO; ALLAMAN, 2014), *GGEbiplotGUI* (FRUTOS; GALINDO; LEIVA, 2014), *ggmap* (KAHLE; WICKHAM, 2013), *ggplot2* (WICKHAM, 2009), *gridExtra* (AUGUIE, 2012), *Hmisc* (HARRELL; DUPONT, 2014), *lattice* (SARKAR, 2008), *lme4* (BATES et al., 2014), *lmerTest* (KUZNETSOVA; BROCKHOFF; CHRISTENSEN, 2014), *nFactors* (RAICHE, 2010), e *nlme* (PINHEIRO et al., 2014).

Figura 1 – Distribuição geográfica dos 47 locais de instalação dos ensaios de VCU nos anos de 2010, 2011, e 2012

2.2.4 Análises em cada local

Em todo o texto é adotada a codificação numérica para representar cada um dos três anos: “1” (2010), “2” (2011), e “3” (2012). Sendo assim, o código de cada *local* (Tabela 2) quando associado ao número referente a determinado *ano* refere-se ao ensaio conduzido naquele local dentro do respectivo ano². Diante disso, considerou-se inicialmente como “ambiente” cada combinação local x ano, e para cada ambiente foi realizada uma análise de variância (ANAVA) de acordo com o modelo estatístico:

$$y = Xb + Zg + e \quad (9)$$

Em que: **y** é o vetor das observações; **b**, o vetor dos efeitos de blocos somados à média geral (efeitos fixos); **g**, o vetor de efeitos genotípicos (assumidos como aleatórios); e **e** o vetor de erros (aleatórios). **X** e **Z** são as matrizes de incidência para os referidos efeitos, respectivamente.

²Ex: “AQUI2” é referente ao ensaio conduzido na localidade “Aquidauana” no ano de 2011

Figura 2 – Localização das 10 estações experimentais escolhidas para a análise de covariáveis ambientais

A matriz de correlação residual $\mathbf{R}$ foi assumida como independente das médias, e os efeitos aleatórios g_i , normalmente distribuídos com média 0 e matriz de variância-covariância dada por σ^2 . Para a estimação dos parâmetros β , σ^2 , e θ , foi utilizada a implementação numérica PWLS (*Penalized Weighted Least Squares*) descrita por Bates (2012) que, considerando um modelo generalizado, se baseia na densidade da distribuição conjunta de $\mathbf{y}$ e dos efeitos aleatórios $\mathbf{g}$ dada por:

$$h_{conjunta}(\mathbf{y}, \mathbf{g}; \beta, \sigma^2, \theta) \equiv -\frac{n + Nq}{2} \log(\sigma^2) - \frac{1}{2} \log[\det(\mathbf{D})] - \frac{(\mathbf{y} - \mathbf{X}\beta - \mathbf{Z}\mathbf{g})'(\mathbf{y} - \mathbf{X}\beta - \mathbf{Z}\mathbf{g}) + \mathbf{g}'\mathbf{D}^{-1}\mathbf{g}}{2\sigma^2}, \quad (10)$$

Em que: $\mathbf{y}$ é o vetor dos valores observados da variável dependente e $\mathbf{g}$, o vetor de efeitos aleatórios (não observados); $\mathbf{X}$ e $\mathbf{Z}$ são as matrizes de incidência dos efeitos fixos e aleatórios, respectivamente; $\mathbf{D}$ é a matriz de variâncias e covariâncias dos efeitos aleatórios que, visando

reduzir a complexidade numérica, foi obtida pela decomposição de Cholesky, sendo $\mathbf{D} = \mathbf{T}\mathbf{T}'$.

A equação acima pode ser então reescrita como:

$$h_{PnLS}(\mathbf{y}, \mathbf{g}, \boldsymbol{\beta}, \sigma^2, \boldsymbol{\theta}) \equiv -\frac{n + Nq}{2} \log(\sigma^2) - \frac{\tilde{d}(\boldsymbol{\theta})}{2\sigma^2} - \frac{1}{2\sigma^2} \begin{pmatrix} \mathbf{T}_Z(\mathbf{g} - \tilde{\mathbf{g}}) \\ \mathbf{T}_X(\boldsymbol{\beta} - \tilde{\boldsymbol{\beta}}) \end{pmatrix}' \mathbf{T}\mathbf{T}' \begin{pmatrix} \mathbf{T}_Z(\mathbf{g} - \tilde{\mathbf{g}}) \\ \mathbf{T}_X(\boldsymbol{\beta} - \tilde{\boldsymbol{\beta}}) \end{pmatrix}, \quad (11)$$

Em que $\tilde{d}(\boldsymbol{\theta})$ corresponde ao valor mínimo da soma de quadrados penalizada, assumindo-se $\boldsymbol{\theta}$ como conhecido; $\mathbf{T}$ é a matriz triangular inferior da decomposição de Cholesky; e $\boldsymbol{\beta}$ é a soma de quadrados de resíduos de acordo com o modelo linear:

$$E \begin{pmatrix} y \\ 0 \end{pmatrix} = \begin{bmatrix} \mathbf{A}' & \mathbf{X} \\ \mathbf{I}_{Nq} & 0 \end{bmatrix} \begin{pmatrix} g \\ \boldsymbol{\beta} \end{pmatrix} \equiv \mathbf{X}^* \begin{pmatrix} g \\ \boldsymbol{\beta} \end{pmatrix}. \quad (12)$$

O estimador REML de $\boldsymbol{\theta}$ foi obtido pela maximização da função:

$$\ell_{REML}(\boldsymbol{\theta}) \equiv -\frac{1}{2} \log[\det(\mathbf{T}_Z)\det(\mathbf{T}_X)]^2 - \frac{n-p}{2} \log[\tilde{d}(\boldsymbol{\theta})] \quad (13)$$

σ^2 é dado por:

$$\tilde{\sigma}_{REML}^2 \equiv \frac{\tilde{d}(\boldsymbol{\theta})}{n-p} \quad (14)$$

Os BLUE's e BLUP's dos efeitos fixos e aleatórios, respectivamente, foram obtidos de acordo com:

$$\hat{\mathbf{b}}_i = (\mathbf{X}'\mathbf{V}^{-1}\mathbf{X})^{-1}\mathbf{X}'\mathbf{V}^{-1}\mathbf{y} \quad (15)$$

e:

$$\hat{\mathbf{g}}_i = \hat{\mathbf{D}}\mathbf{Z}'_i\hat{\mathbf{V}}_i^{-1}(\mathbf{y}_i^{(obs)} - \mathbf{X}_i\hat{\boldsymbol{\beta}}) \quad (16)$$

O procedimento REML/BLUP foi usado para o cômputo dos componentes de variância e subsequente predição dos efeitos aleatórios, sendo o teste de significância para tais efeitos dado pela razão de verossimilhança (Likelihood Ratio Test ou LRT) considerando a distribuição χ^2 .

A homogeneidade das variâncias foi verificada via gráficos de distribuição *Resíduos x Valores ajustados*, *Resíduos padronizados x Valores ajustados* e *Erros padronizados x Quantis teóricos (Q-Q plot)*. Adicionalmente, foi aplicado o teste de *Levene* centrado na mediana. Para

a correção dos dados, foi aplicada a transformação de *Box-Cox* (BOX; COX, 1964), de acordo com:

$$y' = \frac{y^\lambda - 1}{\lambda} \quad (17)$$

Em que: λ é o valor que maximiza a função de verossimilhança perfilhada, obtida a partir dos dados.

A qualidade experimental de todos os ensaios foi medida pela estatística *Acurácia Seletiva* (RESENDE; DUARTE, 2007), definida como:

$$AS = \left(\frac{1}{1 + (\sigma_e^2/r)/\sigma_g^2} \right)^{0,5} \quad (18)$$

Em que: r é o número de blocos utilizados nos ensaios, σ_e^2 é a variância do resíduo, e σ_g^2 a variância genotípica.

2.2.5 Interação GxE dentro de anos e análise conjunta

Inicialmente, foram realizados ajustes para cada ano, considerando os efeitos de genótipos como aleatórios e os efeitos de locais como fixos, de acordo com o seguinte modelo:

$$\mathbf{y} = \mathbf{Xb} + \mathbf{Zg} + \mathbf{Ti} + \mathbf{e} \quad (19)$$

Em que: $\mathbf{y}$ é o vetor das observações; $\mathbf{b}$, o vetor dos efeitos das combinações *blocos x locais* somados à média geral (efeitos fixos); $\mathbf{g}$, o vetor de efeitos genotípicos (assumidos como aleatórios); $\mathbf{i}$, o vetor dos efeitos das interações de *genótipos x locais* (aleatórios); e $\mathbf{e}$ o vetor de erros (aleatórios). $\mathbf{X}$, $\mathbf{Z}$ e $\mathbf{T}$ são as matrizes de incidência para os efeitos modelados, respectivamente. Foram assumidos $\mathbf{g} \sim N(0, I\sigma_g^2)$, e $\mathbf{e} \sim N(0, I\sigma_e^2)$.

Em seguida, a análise conjunta foi realizada considerando todo o conjunto de dados, onde os efeitos de genótipos, anos, e das interações foram considerados como aleatórios, gerando o modelo misto que em forma matricial é dado por:

$$\mathbf{y} = \mathbf{Xb} + \mathbf{Zg} + \mathbf{Qm} + \mathbf{Ti} + \mathbf{Uq} + \mathbf{e} \quad (20)$$

Em que: $\mathbf{y}$ é o vetor das observações; $\mathbf{b}$, o vetor dos efeitos das combinações *blocos x locais x anos* somados à média geral (efeitos fixos); $\mathbf{g}$, o vetor de efeitos genotípicos (assumidos como aleatórios); $\mathbf{m}$, o vetor dos efeitos da interação de *genótipos x anos* (aleatórios); $\mathbf{i}$, o vetor dos

efeitos das interações de *genótipos x locais* (aleatórios); $\mathbf{q}$, o vetor dos efeitos da interação tripla *genótipos x locais x anos* (aleatórios); $\mathbf{e}$, finalmente, é o vetor de erros (aleatórios). $\mathbf{X}$, $\mathbf{Z}$, $\mathbf{Q}$, $\mathbf{T}$ e $\mathbf{U}$ representam as matrizes de incidência para os referidos efeitos, respectivamente. Foram assumidos $\mathbf{g} \sim N(0, I\sigma_g^2)$ e $\mathbf{e} \sim N(0, I\sigma_e^2)$.

O componente da interação GxE foi decomposto segundo expressão apresentada por Ramalho et al.(2012) que, aplicada aos ambientes par a par é dada por:

$$\sigma_{g*l}^2 = \overbrace{\frac{1}{n(n-1)} \sum_{x < y} (\sigma_{gx} - \sigma_{gy})^2}^{\text{parte simples}} + \underbrace{2(1 - r_{gxgy})\sigma_{gx}\sigma_{gy}}_{\text{parte complexa}} \quad (21)$$

Em que: n , é o número de ambientes; σ_{gx} e σ_{gy} , correspondem aos desvios padrões genéticos nos ambientes x e y , respectivamente; e r_{gxgy} é a correlação entre o desempenho dos genótipos nos ambientes.

2.2.6 Adaptabilidade e estabilidade via GGE Biplot

Considerando a natureza multiplicativa da interação GxE, inicialmente 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).

Na avaliação dos genótipos foi usada a decomposição com $SVP = 1$ para a visualização do gráfico “Mean versus stability”, e para os ambientes foi usada a decomposição singular por ambiente ($SVP = 2$) aplicada ao gráfico “Relation among testers” (YAN et al., 2000; YAN; TINKER, 2006). O módulo *Which-won-where* foi usado para identificar os genótipos que apresentaram o melhor desempenho médio em cada mega-ambiente.

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:

$$\mathbf{GGE} = \sum_{k=1}^n \lambda_k \gamma_{ik} \alpha_{jk} + \rho_{ij} \quad (22)$$

$\mathbf{GGE}$ 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.

2.2.7 Adaptabilidade e estabilidade via MHPRVG

De posse dos efeitos obtidos via análise conjunta (item 2.2.5), os valores genotípicos preditos foram obtidos por $\mu + g_i$, em que μ é a média de todos os locais e g_i é o efeito genotípico livre da interação genótipo x ambiente. O critério para a seleção conjunta dos genótipos considerando simultaneamente a produtividade, a estabilidade e a adaptabilidade foi dado pela estatística *Média Harmônica da Performance Relativa dos Valores Genotípicos* (Resende, 2007):

$$MHPRVG_i = \frac{n}{\sum_{j=1}^n \frac{1}{Vg_{ij}}} \quad (23)$$

Em que: n é o número de locais e Vg_{ij} é o valor genotípico referente ao genótipo i expresso como proporção da média do local j .

2.2.8 Estratificação ambiental

A estratificação ambiental foi feita com base na Análise de Fatores, onde cada ambiente é considerado como uma variável, e cada grupo de ambientes correlacionados entre si corresponde então a um fator (nesse caso, representado por um mega-ambiente). Um modelo ilustrativo pode ser escrito como:

$$\mathbf{y}_i - \mu_i = \lambda_{i1}f_j + \lambda_{i2}f_2 + \dots + \lambda_{im}f_m + \delta_i \quad (24)$$

em que μ_i é a média da i -ésima variável y_i ; f_j , o j -ésimo fator comum a todas as variáveis; e λ_{ij} o peso ou carregamento do j -ésimo fator f_j na i -ésima variável y_i . Sendo $E(f) = 0$, $E(\delta) = 0$ e a $COV(f, \delta) = 0$, o vetor $(\mathbf{y}_i - \mu_i)$ é expresso em termos de m fatores comuns e p fatores específicos. A covariância entre a i -ésima variável y_i com o fator comum f_j é igual a $COV(y_i, f_j) = \lambda_{ij}$. Sendo assim, a porção da variância da i -ésima variável y_i distribuída pelos m fatores comuns é definida como a *comunalidade* (c_i^2), que pode ser expressa como uma soma de quadrados: $c_i^2 = \lambda_{i1}^2 + \lambda_{i2}^2 + \dots + \lambda_{im}^2$. A variância específica, ou seja, a parte da variância que não é relacionada aos fatores comuns, é dada por ψ_i . Em suma, a variância total de $y_i = \text{comunalidade} + \psi_i$.

Para formar a matriz de dados, foram somados os BLUP's dos efeitos de genótipos com

os dos efeitos da interação GxE em cada local (G + GE) e esses então foram submetidos à análise de correlação, sendo a matriz resultante (matriz de correlação entre os BLUP's **GGE**) utilizada para a análise. A seleção inicial para o número de fatores utilizados como eixos se deu pelo critério de Kaiser (1968), que é definido como o número de autovalores maiores ou iguais a 1: $N_{Kaiser} = \sum_i (\lambda_i \geq \bar{\lambda})$. Onde $\bar{\lambda} = 1$ para o presente caso, pois a análise é realizada sob a matriz de correlação com valores da diagonal iguais a 1.

Na análise, foi considerado o método da fatoração por *componentes principais* para a obtenção dos fatores provisórios, e a rotação ortogonal dos fatores foi realizada via *varimax* (Kaiser, 1958). Os locais foram agrupados levando-se em consideração os respectivos carregamentos fatoriais obtidos, e os carregamentos rotacionados do primeiro e do segundo fator referentes a cada local foram plotados em um gráfico bidimensional para a verificação dos agrupamentos entre os mesmos. Foi obtido um novo ordenamento, por MHPRVG, para os 20 genótipos dentro de cada grupo formado e a significância da interação GxE dentro de cada grupo foi testada via LRT.

2.2.9 Análise com covariáveis ambientais

O conjunto para essa análise consistiu de dados de produtividade referentes a uma amostra de 10 locais (em 3 anos) retirados dos 47 locais iniciais, o que totalizou 17 combinações de ambientes amostrados (Figura 2), sendo que o critério de escolha dos locais se deu pela disponibilidade de informações ambientais das estações. As variáveis ambientais obtidas foram divididas conceitualmente em dois grupos: o primeiro contendo apenas as 8 variáveis climáticas já citadas anteriormente (aqui chamadas de variáveis sazonais); e o segundo, contendo os 3 fatores invariáveis com o tempo e inerentes a cada localização (variáveis estáveis: *latitude, longitude e altitude*). Os valores para as covariáveis sazonais utilizados foram os correspondentes às médias totais extraídas das medições diárias realizadas desde a data de plantio até a colheita nos referidos experimentos (Tabela 3).

Para a obtenção das variâncias e covariâncias, foi adotado um modelo estatístico com todos os efeitos de ambientes (anos e locais) e genótipos considerados como aleatórios, dado por:

$$\mathbf{y} = \mathbf{Xb} + \mathbf{Zg} + \mathbf{Kl} + \mathbf{Va} + \mathbf{Qm} + \mathbf{Ti} + \mathbf{Uq} + \mathbf{e} \quad (25)$$

Em que: $\mathbf{y}$ é o vetor das observações; $\mathbf{b}$, o vetor dos efeitos das combinações *blocos* somados à média geral (efeitos fixos); $\mathbf{g}$, o vetor de efeitos genotípicos (assumidos como aleatórios); $\mathbf{l}$ e $\mathbf{a}$,

os vetores referentes aos efeitos de localidades e anos (aleatórios), respectivamente; **m**, o vetor dos efeitos da interação de *genótipos x anos* (aleatórios); **i**, o vetor dos efeitos das interações de *genótipos x locais* (aleatórios); **q**, o vetor dos efeitos da interação tripla *genótipos x locais x anos* (aleatórios); **e**, finalmente é o vetor de erros (aleatórios). **X, Z, K, V, Q, T** e **U** representam as matrizes de incidência para os referidos efeitos, respectivamente. As respectivas variâncias e preditores lineares foram obtidos via REML/BLUP.

De posse das predições dos efeitos aleatórios, recorreu-se à montagem de uma tabela $C \times GGE$ contendo as correlações entre o valor mensurado de cada variável em determinado ambiente (o valor da variável j no local l dentro do ano a) e a soma dos BLUP's referentes ao efeito de genótipo (G) e da interação tripla G x L x A (GE) no mesmo ambiente. Os coeficientes de correlação foram então usados para explicar o efeito das covariáveis na interação. Para isso, foi realizada uma decomposição via SVD e aplicada a análise de componentes principais (PCA), de acordo com o modelo:

$$r_{ij} = \lambda_1 \xi_{i1} \eta_{1j} + \lambda_2 \xi_{i2} \eta_{2j} + \varepsilon_{ij} \quad (26)$$

Em que:: r_{ij} é o coeficiente de correlação entre o $GGE - BLUP_{ij}$ e a covariável i no ambiente j ; λ_1 e λ_2 são os valores singulares de PC1 e PC2, respectivamente; ξ_{i1} e ξ_{i2} são os autovetores das covariáveis referentes a PC1 e PC2, respectivamente; η_{1j} e η_{2j} são os autovetores do ambiente j para PC1 e PC2; e ε_{ij} é o resíduo associado à covariável i no ambiente j .

Para auxiliar na visualização da influência das variáveis nos efeitos GGE referentes a cada genótipo, os primeiros componentes principais foram usados para a construção de *Biplots*, de acordo com a simplificação do modelo acima, dada por: $r_{ij} = m_{i1}e_{1j} + m_{i2}e_{2j} + \varepsilon_{ij}$, em que m_{i1} e m_{i2} referem-se aos escores usados para definir a posição de cada variável i no gráfico.

Tabela 3 – Caracterização das 10 estações experimentais utilizadas para as análises de covariáveis ambientais¹

Local (Ano)	PROD (kg.ha ⁻¹)	ER (mm)	IT (h)	NDP	Ptotal (mm)	Tmáx(°C)	Tmín(°C)	UR (%)	Alt (m)	Lon (°)	Lat (°)
Teresina, PI (2010)	488,09	13,85	308,06	1,33	1,26	35,98	21,32	59,52	72	-42,80	-5,09
Teresina, PI (2012)	731,25	17,29	300,60	2,33	8,46	35,39	20,84	61,07	–	–	–
Bom Jesus, PI (2010)	784,05	123,72	189,70	10,66	123,70	34,13	19,19	50,71	277	-44,35	-9,07
Bom Jesus, PI (2011)	840,93	173,02	193,60	9,66	123,93	33,38	19,69	55,90	–	–	–
São J.do Piauí, PI (2011)	824,42	123,78	196,06	13,66	172,20	31,77	21,23	77,83	222	-42,25	-8,35
Balsas, MA (2010)	2002,52	96,61	223,30	10,66	66,56	33,40	22,15	72,83	247	-46,03	-7,53
Balsas, MA (2011)	1671,71	120,54	198,36	13,00	122,23	32,29	22,54	74,92	–	–	–
Balsas, MA (2012)	1611,75	134,08	161,60	15,33	207,23	32,19	23,03	78,52	–	–	–
Tracuateua, PA (2011)	1198,61	122,97	173,13	22,00	272,43	31,74	19,70	87,09	20	-46,90	-1,08
Macapá, AP (2011)	898,55	153,31	195,00	21,00	324,26	32,47	23,74	83,62	16	-51,07	0,03
Boa Vista, RR (2010)	1093,87	35,88	198,35	14,75	173,00	32,88	23,95	77,79	85	-60,67	2,82
Boa Vista, RR (2011)	1330,01	133,01	223,30	16,66	238,10	34,37	24,24	78,80	–	–	–
Boa Vista, RR (2012)	859,13	111,83	222,90	13,00	134,70	34,97	24,59	73,66	–	–	–
Rio Branco, AC (2012)	1433,87	118,75	173,70	16,33	202,16	31,23	21,68	86,57	153	-67,82	-9,97
Janaúba, MG (2011)	1893,13	9,96	258,93	1,00	0,43	30,57	16,84	55,08	533	-43,31	-15,80
Janaúba, MG (2012)	1650,42	13,94	264,16	1,33	13,70	31,03	17,79	54,34	–	–	–
Machado, MG (2011)	179,86	52,98	179,43	5,66	50,73	25,44	11,77	79,70	820	-45,92	-21,67

¹ PROD = Produtividade de grãos, ER = Evaporação Real, IT = Insolação Total, NDP = Número de dias de precipitação, Ptotal = Precipitação Total, Tmax = Temperatura Máxima Média, Tmin = Temperatura Mínima Média, UR = Umidade Relativa Média, Lat = Latitude, Lon = Longitude, e Alt = Altitude.

2.3 Resultados e Discussão

2.3.1 Análises individuais dos locais

As Figuras 3 e 4 mostram a distribuição dos valores de produtividade de acordo com cada genótipo por região e sua relação com a produtividade média em cada ambiente¹. A região Centro-Oeste apresentou produtividades bastante elevadas (média de 1.657 kg.ha⁻¹) com alguns valores excedendo 4.000 kg.ha⁻¹, seguida pelas regiões Norte (produtividade média de 1.235 kg.ha⁻¹ e máxima de 3.397 kg.ha⁻¹), Nordeste (1.216 kg.ha⁻¹ e máxima 3.803 kg.ha⁻¹), e Sudeste (1.184 kg.ha⁻¹, máxima de 3.314 kg.ha⁻¹), sendo que nas regiões norte e sudeste poucos genótipos produziram mais que 3.000 kg.ha⁻¹.

A produtividade média dos genótipos entre todos os ambientes foi de 1.279 kg.ha⁻¹ e foi possível observar a ocorrência de grande variação para esse caráter (Figura 4), sendo que o local com maior valor médio foi Chapadão do Sul (MS), no ano de 2011 (2.958 kg.ha⁻¹), e o menos produtivo foi Machado, no mesmo ano (180 kg.ha⁻¹). Na Figura 4 não é constatada nenhuma tendência dos valores de produtividade média ao longo dos anos e a diferença entre as médias do ano mais produtivo (2011) e menos produtivo (2010) foi de apenas 80 kg.ha⁻¹.

Shiringani e Shimelis (2011) obtiveram produtividades em feijão-caupi que variaram entre 2.583 kg.ha⁻¹ e 3.997 kg.ha⁻¹, e Nunes et al. (2014), avaliando ensaios VCU, relataram valores de produtividade que oscilaram entre 1.171 kg.ha⁻¹ e 2.103 kg.ha⁻¹. Já Almeida et al. (2012), avaliando as respostas de adaptabilidade em feijão-caupi, obtiveram produtividades bastante variáveis, com a média fenotípica entre todos os ambientes próxima a 790 kg.ha⁻¹.

No ANEXO A são apresentados os ordenamentos dos 20 genótipos em cada ambiente em relação à produtividade de grãos média, onde é observada uma grande alteração no posicionamento dos genótipos nos vários ambientes, com uma correlação média dos ordenamentos dos genótipos de aproximadamente 0,08. A soma dos valores das posições obtidas para cada genótipo em cada ambiente (soma de cada coluna da tabela do ANEXO A) fornece uma medida sobre o desempenho geral dos mesmos, onde pontuações menores indicam genótipos que obtiveram, com mais frequência, melhores posições nos ambientes.

¹ Em todo o texto o termo “ambiente” refere-se à combinação Local x Ano.

Figura 3 – Distribuição da produtividade de grãos por genótipo dentro de regiões. Cada ponto no gráfico representa o valor da produtividade obtida pelo referido genótipo (*eixo x*) em um determinado ambiente

Figura 4 – Distribuição da produtividade de grãos por local dentro de cada ano de avaliação. Os locais estão dispostos em ordem crescente de produtividade média

Destacaram-se os genótipos 20, 13 e 11 como os que obtiveram boas classificações para a produtividade de grãos na maioria dos ambientes. No entanto, o genótipo que apresentou a maior produtividade média de grãos considerando todos os ambientes de avaliação foi a linhagem 17 (aproximadamente 1.391 kg.ha^{-1}); contudo, essa foi a segunda linhagem com desempenho mais variável entre os ambientes (desvio padrão = 6,08), o que pode ser um indicativo de que no caso do presente estudo, a relação entre a estabilidade dos genótipos e suas produtividades médias não apresentaram a mesma direção.

A variação de ordenamento dos genótipos também pode ser observada na forma de suas normas de reação (ANEXO B), onde é possível verificar a grande alteração na classificação dos genótipos (linhas no gráfico) ao longo dos locais. Além disso, pode-se observar uma tendência de diferenciação no comportamento dos genótipos na medida em que os ambientes se tornam favoráveis, tendo em vista que, de acordo com o gráfico, os ambientes com produtividades médias elevadas amplificaram as diferenças entre os genótipos e, em contrapartida, ambientes desfavoráveis mostraram menor amplitude de variação no comportamento dos genótipos.

Segundo Shiringani e Shimelis (2011), diferenças marcantes na classificação dos genótipos em vários ambientes sugerem a presença de padrões de adaptação específica, o que indica a necessidade de recomendações específicas para alguns locais. Ramalho et al. (2012) afirmam que, no caso onde há inversão frequente no comportamento dos genótipos nos vários ambientes, a interação do tipo complexa assume grande importância, o que pode indicar que além da existência de genótipos especificamente adaptados a determinados locais, podem existir também outros com adaptação ampla.

Falconer e Mackay (1996) vão além e afirmam que, em caracteres que estão sob o controle de um elevado número de genes, como é o caso da produtividade de grãos, o efeito diferencial observado no comportamento entre os genótipos pode estar relacionado à expressão relativa de cada gene ou de um conjunto deles, ou seja, a manifestação desses genes varia de acordo com o ambiente, ocasionando as respostas fenotípicas variáveis, o que remete à importância de avaliações precisas para a quantificação da interação GxE.

Após a realização das análises de variância em cada local, os gráficos de distribuição dos resíduos e QQ-plot (Figura 5) apontaram a presença de heterogeneidade de variâncias, bem como uma acentuada fuga da normalidade dos dados, com o teste de Levene rejeitando a homogeneidade das variâncias com significância de 1% ($F = 19,536$). Já a precisão experimental medida pela acurácia apresentou valores que variaram de 0,24 (Serra Talhada, no ano de 2011)

até 0,98 (em Campo Grande do Piauí, em 2011), sendo que a média geral pra essa estatística foi de 0,79.

Figura 5 – Distribuição diagnóstica dos *Resíduos x Valores ajustados*, e *Erros padronizados x Quantis teóricos (Q-Q plot)* em relação à distribuição *Normal*

Segundo Resende e Duarte (2007), valores para acurácia abaixo de 0,5 são considerados baixos, no intervalo $0,5 < AS < 0,7$ são médios, entre 0,7 e 0,9 são altos, e valores acima de 0,9 são considerados como muito altos. Sendo assim, 42% dos experimentos apresentaram alta precisão experimental e 38% apresentaram acurácias classificadas como muito altas. A heteroscedasticidade das variâncias, bem como a correlação residual apresentada pelos dados, são esperadas quando se tem um elevado conjunto de ambientes avaliados variando tanto no aspecto espacial como temporal. Diante disso, antes de prosseguir com as análises conjuntas, foi aplicada a transformação *Box-Cox* aos valores de produtividade de grãos, com o intuito de reduzir a heteroscedasticidade.

2.3.2 Análise conjunta

A Tabela 4 apresenta os componentes de variância dos efeitos aleatórios e os quadrados médios (QM) dos efeitos fixos obtidos pela análise via modelos mistos realizada dentro de cada ano. De acordo com essa tabela, todas as fontes de variação apresentaram efeitos altamente significativos dentro dos 3 anos de avaliação, com exceção do efeito de genótipos dentro do ano 2011. Os quadrados médios para efeito de genótipos, portanto, foram os mais variáveis entre os anos, sendo que, em 2010, a variação entre genótipos foi aproximadamente 15 vezes

maior que a variação no ano seguinte. Contudo, os ambientes foram mais variáveis entre si no ano de 2011.

Apesar de os efeitos de genótipos não terem apresentado significância no ano de 2011, ressalta-se o fato de que a interação G x L apresentou-se altamente significativa dentro desse ano, o que fornece evidência de que os três anos devem ser levados em conta como fontes de variação dentro da análise conjunta geral. De acordo com Silva et al. (2012), a ausência de efeitos de genótipos significativos é esperada em se tratando de ensaios com ambientes muito contrastantes.

Tabela 4 – Análise de variância nos diferentes anos para o caráter produtividade de grãos de 20 genótipos de feijão-caupi avaliados em 47 locais

Componentes de variância dos efeitos aleatórios ¹ :									
Ano:	2010		2011		2012				
FV	Var	χ^2 (LRT)	Var	χ^2 (LRT)	Var	χ^2 (LRT)			
Genótipo(G)	3,94	15,3***	0,25	0,3 ^{ns}	2,51	17,2***			
G x L	33,49	290,1***	27,47	328,4***	24,33	293,6***			
resíduo	56,48		50,77		50,48				
Quadrados médios dos efeitos fixos ¹ :									
Ano:	2010			2011			2012		
FV	gl	QM	F	gl	QM	F	gl	QM	F
Locais(L)	22	5673,3	100,4***	28	6141,6	120,9***	29	2363,5	46,8***

¹ Códigos de Significância: ^{ns} = não significativo, *** = Valores significativos a 0,1% de probabilidade.

A tabela 5 apresenta o resultado da análise conjunta geral, que considerou os efeitos de genótipos como aleatórios e de locais e anos como fixos. Os efeitos de genótipos apresentaram significância a 1% de probabilidade e as interações G x L e G x A não foram significativas; no entanto, a interação tripla foi altamente significativa ($p \leq 0,001$), o que confirma a forte influência da interação GxE no desempenho das linhagens avaliadas. O valor da acurácia foi maior que 90%, indicando que para a análise conjunta, a precisão experimental foi satisfatória. A decomposição do componente da interação indicou que pelo menos 70% da mesma, para o presente estudo, foi do tipo cruzada ou complexa.

Estes resultados indicam que as diferenças observadas entre a classificação dos genótipos nos diversos ambientes tiveram como causa principal a interação G x L x A em detrimento dos demais efeitos de interação e dos efeitos principais de genótipos, ou seja, a interação GxE foi a principal responsável pelo padrão de produtividade apresentado pelos genótipos de feijão-

caupi nas diversas condições ambientais às quais estes foram expostos, o que reforça a necessidade do estudo das causas de tal interação frente às respostas adaptativas dos mesmos. Resende (2007) afirma que a falta de correlação entre os tratamentos genéticos de um ambiente para outro é reflexo da interação do tipo complexa, o que dificulta a seleção e reforça a necessidade de avaliações em termos de adaptabilidade e estabilidade.

Tabela 5 – Análise conjunta via modelo misto para o caráter produtividade de grãos de 20 genótipos avaliados em 47 ambientes e 3 anos, 2010-2012

Componentes de variância dos efeitos aleatórios ¹ :			
FV	<i>gl</i> (χ^2)	Variância	χ^2 (LRT) ²
Genótipos(G)	1	1,62	9,55**
Genótipos x Locais	1	< 1	5,82 x 10 ⁻¹¹ ns
Genótipos x Anos	1	< 1	0 ^{ns}
G x L x A	1	80,4	2,32 x 10 ³ ***
Parte simples		(24,1)	
Parte complexa		(56,3)	
Resíduo		62,19	
Acurácia: 0,91			
Quadrados médios dos efeitos fixos ¹ :			
FV	<i>gl</i>	QM	Teste F
Anos(A)	2	1642,25	26,408***
Locais(L)	46	2837,08	46,118***
Blocos (local)	3(141)	269,09	4,327**

¹ Códigos de Significância: ns = não significativo, ** = $p \leq 0,01$, e *** = $p \leq 0,001$.

² Qui-quadrado do teste de razão de verossimilhança (LRT).

Yan e Hunt (2002) afirmam que, nos casos em que a proporção da variação explicada pelo componente da interação é maior que a explicada pelas diferenças entre genótipos, é plausível afirmar que os locais estão agrupados dentro de mega-ambientes, informação essa que é imprescindível para a recomendação de cultivares e para os estudos dos fatores ambientais que influenciam a produtividade dos genótipos. Vale ressaltar que os efeitos de *anos* e *locais* apresentaram elevada significância, ou seja, contribuíram de forma significativa para a interação tripla.

Silveira et al. (2013), avaliando cana-de-açúcar em 9 ambientes, obtiveram valores próximos a 70% e 10% de variação explicada pelos efeitos de ambientes e genótipos, respectivamente, e 14% para os efeitos da interação GxE. Rakshit et al. (2012), estudando a adaptabilidade

em 10 genótipos de *Sorghum bicolor* (L.) também obtiveram valores de variância ambiental próximos dos 80%, com os efeitos de genótipos e interação explicando quase 8% e 16% do total da variância, respectivamente. Ndhlela et al. (2014) obtiveram percentagens de variação semelhantes aos demais no que diz respeito aos efeitos principais de ambientes; no entanto, para as interações G x L, e G x L x A os autores reportaram valores de 2% e 6%, respectivamente.

Em feijão-caupi, estudos de interação GxE utilizando efeitos fixos e modelos puramente aditivos ainda são os mais frequentemente encontrados na literatura. Patel et al. (2011), ao investigar os componentes de produtividade mensurados a partir de 11 genótipos de caupi em quatro ambientes obtiveram efeitos de genótipos, ambientes (locais x anos) e interação genótipos x ambientes significativos para a maioria dos caracteres avaliados. Shiringani e Shimelis no mesmo ano, avaliaram o desempenho de 10 genótipos de feijão-caupi em relação à produtividade de grãos em 3 locais e 3 épocas de plantio diferentes, e obtiveram efeitos significativos para todos os componentes do modelo, incluindo a interação tripla genótipos x locais x épocas de plantio.

Adeigbe et al. (2011), em um estudo de interação genótipos x ambientes composto por 10 linhagens de feijão-caupi em três épocas de plantio, avaliaram 8 caracteres relacionados à produtividade e obtiveram efeitos altamente significativos ($p \leq 0,001$) para o quadrado médio da interação de alguns desses caracteres. Almeida et al. (2012) também obtiveram efeitos significativos da interação ao avaliar 22 genótipos de feijão-caupi em quatro locais dentro do mesmo ano. Já Nunes et al. (2014), quando consideraram 20 genótipos para comparar 4 metodologias utilizadas para a avaliação da adaptabilidade e estabilidade na mesma cultura, também obtiveram significância para todos os efeitos do modelo.

2.3.3 GGE Biplot

Ramalho et al. (2012) afirmam que nem sempre a ocorrência de efeitos significativos em modelos aditivos indica diferença na adaptabilidade dos genótipos, como por exemplo nos casos em que o efeito da interação seja um resultado da ação multiplicada entre efeitos ambientais e os efeitos de genótipos. Os modelos multiplicativos, por sua vez, permitem combinar a análise de variância a métodos multivariados, tais como a análise de componentes principais, em que geralmente apenas os efeitos principais (genótipos e ambientes) são ajustados à parte aditiva do modelo (ZOBEL; WRIGHT; GAUCH, 1988). A análise GGE Biplot (YAN et al., 2000), diferente da AMMI, agrupa o efeito aditivo de genótipo ao efeito multiplicativo da interação

GxE, e então os submete conjuntamente à decomposição em componentes principais.

A decomposição SVD dos efeitos da matriz GGE apresentou baixa eficiência, tendo em vista que os dois primeiros componentes principais explicaram apenas 35% da variação total para a produtividade de grãos (Tabela 6), e para a explicação de pelo menos 80% da variação total foram necessários no mínimo 9 componentes. Yang et al. (2009) afirmam que, apesar de não existir consenso na literatura a respeito de quais critérios devem ser levados em consideração para a decisão sobre a validade da análise Biplot, quando os dois primeiros componentes principais capturam apenas uma pequena porcentagem da variância total, os padrões identificados podem apresentar baixa confiabilidade.

No entanto, de acordo com Gauch (1988), os primeiros eixos singulares da decomposição capturam a maior porcentagem de “padrão” da variação e com a sucessiva acumulação das dimensões dos eixos, há uma diminuição na porcentagem de “padrão” e um incremento de “ruídos”. É plausível afirmar então que os 65% da variação GxE não explicada pelos dois componentes iniciais sejam compostos, em sua maior parte, por ruído.

Com isso, apesar da pequena porcentagem da SQ explicada pelos primeiros eixos, espera-se que o uso apenas dos primeiros componentes seja vantajoso mesmo quando os demais tenham sido estatisticamente significantes (PIEPHO, 1997). De acordo com Oliveira et al. (2006), baixas proporções da SQ da interação explicadas sugerem contaminação da matriz de interações originais por fatores imprevisíveis, o que reitera o quão inviável é o uso de metodologias tradicionais, tais como as baseadas unicamente em modelos de regressão, para a avaliação da adaptabilidade e estabilidade em casos como este.

Crossa (1990) e Castillo et al. (2012), por meio da metodologia AMMI, 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. Pereira e Costa (1998) obtiveram 44,6% de variância acumulada pelos dois primeiros eixos e consideraram que, mesmo explicando uma porcentagem baixa da variação total, o uso de modelos aditivo-multiplicativos ainda é vantajoso frente a análises que utilizaram modelos com efeitos apenas aditivos.

Em feijão-caupi, Akande (2007) utilizou o modelo multiplicativo AMMI para avaliar as diferenças na produtividade de grãos e reação a doenças, e utilizou apenas o primeiro componente principal para explicar toda a variação presente na interação GxE. No entanto, no

estudo em questão, a interação foi mensurada por ensaios conduzidos em apenas dois ambientes distintos.

Barros et al. (2013), também utilizando a metodologia AMMI, consideraram a combinação entre 6 locais e 2 anos (locais x anos) como fator ambiental para avaliar a adaptabilidade e estabilidade da produtividade em 20 genótipos de feijão-caupi. Esses autores obtiveram valores significativos para os efeitos de genótipos, ambientes e interação genótipos x ambientes, e o primeiro componente principal reuniu aproximadamente 41% da variação presente na interação GxE.

Tabela 6 – Importância dos componentes principais para análise de 20 genótipos de feijão-caupi em 82 ambientes pela metodologia GGE Biplot

	V.explicada-%-V.acum ¹		<i>gl</i>	SQ	QM ²	<i>teste F</i>
PC1	21,4	21,4	99	77515,39	782,983	10,48***
PC2	13,1	34,5	97	47404,50	488,706	6,54***
PC3	11,4	45,9	95	41332,48	435,078	5,82***
PC4	8,8	54,7	93	31845,35	342,423	4,58***
PC5	7,3	62,0	91	26343,73	289,491	3,87***
PC6	6,1	68,1	89	22115,38	248,487	3,32***
PC7	5,0	73,1	87	18218,14	209,403	2,80***
PC8	3,9	77,0	85	14202,91	167,093	2,24***
PC9	3,4	80,4	83	12484,32	150,413	2,01***
PC10	3,2	83,6	81	11630,62	143,587	1,92***
PC11	3,0	86,6	79	10747,09	136,039	1,82***
PC12	2,6	89,2	77	9330,27	121,172	1,62***
PC13	2,3	91,5	75	8466,76	112,890	1,51***
PC14	2,2	93,7	73	7799,96	106,848	1,43**

¹ Variâncias explicada por cada um dos componentes principais e acumulada, respectivamente.

² Códigos de Significância: ** = $p \leq 0,01$, e *** = $p \leq 0,001$.

O desempenho das 20 linhagens de feijão-caupi, bem como as avaliações dos ambientes com base nessa metodologia, são mostrados nas Figuras 6, 7, 8, 9, 10, 11, 12 e 13. Os três primeiros componentes principais foram utilizados para formar os Biplots relacionados aos desempenhos dos genótipos (Figuras 6, 7, 8, 9, 12 e 13), tendo em vista que o segundo (PC2) e o terceiro (PC3) componentes principais explicaram porcentagens da variação em proporções bastante semelhantes (13,1% e 11,4%, respectivamente). Sendo assim, os termos GGE2 e GGE3 utilizados aqui, referem-se respectivamente aos Biplots que utilizaram os componentes

PC1 x PC2 e PC1 x PC3 como eixos, como sugerido por Yang et al. (2009).

Figura 6 – ‘Média x Estabilidade’ da análise conjunta via GGE2 Biplot para a produtividade de grãos

De acordo com os gráficos “Média x Estabilidade” (Figuras 6 e 7), quanto maior é a projeção de um genótipo (linha verde pontilhada) em relação ao eixo 1 (linha verde contínua) menor é a sua estabilidade, e os genótipos são tão mais produtivos quanto maior for a distância em relação ao eixo 2, perpendicular ao primeiro (segunda linha verde contínua). Sendo assim, levando-se em consideração o modelo GGE2, o genótipo 17 destacou-se bastante dos demais, apresentando elevada produtividade, seguido por 13, 20, 18 e 11. No modelo GGE3, o genótipo 17 ainda aparece com elevada produtividade, mas associado a grande instabilidade, e a rotação do eixo proporcionada por esse modelo favoreceu os genótipos 11, 12, 13 e 18.

Os genótipos 8 e 10 destacaram-se como os mais estáveis para o modelo GGE2 (com projeção mínima do eixo 1), mas o primeiro apresentou a menor produtividade de grãos dentre todos os 20 avaliados. De acordo com GGE3, apenas o genótipo 8 apresentou estabilidade máxima. Destacaram-se também como estáveis, levando em consideração ambos os modelos, os genótipos: 2, 6, 9, 12, 16 e 18. Sendo assim, os genótipos 11, 12, 13, 17, 18 e 20 podem ser citados como os mais estáveis e com boa produtividade de acordo com ambos os modelos. Os genótipos que apresentaram comportamento mais variável entre os ambientes de acordo com

Figura 7 – ‘Média x Estabilidade’ da análise conjunta via GGE3 Biplot para a produtividade de grãos

GGE2 foram 5, 13 e 14 e segundo GGE3 foram 14, 17 e 20.

É possível inferir sobre os padrões de adaptabilidade específica de cada genótipo medindo a sua proximidade no gráfico em relação a todos os ambientes. O genótipo 17 apresentou boa relação com os ambientes FOR (Formoso do Araguaia) e DOU (Dourados), e baixo desempenho em PAR (Paragominas). Já os genótipos 18 e 20 apresentaram desempenhos semelhantes e 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 quando cultivado no ambiente PAR (Paragominas).

Nas Figuras 8 e 9, são apresentadas as performances relativas dos 20 genótipos em relação ao que seria a performance de um genótipo hipotético ideal (ou seja, o genótipo que apresenta o máximo de produtividade aliada à boa estabilidade), representado pela área correspondente ao círculo menor nos gráficos. As linhagens que se destacaram de acordo com GGE2 e GGE3 foram: 11, 12, 13, 17, 18 e 20. É importante ressaltar que o genótipo 17 apresentou desempenho bastante superior aos demais e bem próximo do que seria o ideal segundo o modelo GGE2 e, no Biplot GGE3, destacou-se o genótipo 11.

Figura 8 – Desempenho dos 20 genótipos em relação a um hipotético genótipo “ideal” de acordo com o modelo GGE2

No que refere à relação entre os 82 ambientes, esta pode ser visualizada de acordo com o ângulo entre seus vetores (Figura 10). Quanto mais agudos os ângulos, maior é o indicativo de ambientes com boa correlação entre si (YAN; TINKER, 2006). Ambientes como DOU1 (Dourados, 2010) e STA2 (Serra Talhada, 2011) apresentaram ângulo próximo a 90° e não são correlacionados, ou apresentam correlação próxima a 0. Foi observada correlação negativa (ângulo obtuso) entre vários ambientes; dentre eles, Dourados em 2010 e o mesmo local em 2011 e 2012, o que indica que 2010 pode ter sido um ano atípico para esse local e que a produtividade dos genótipos nessa estação experimental sofreu uma forte influência do fator *ano*, fato esse refletido diretamente na interação GxE.

Já a correlação entre STA1 e STA2 foi positiva, o que evidencia pouca diferença entre os anos de avaliação, e baixa influência desse fator na interação GxE dentro desse local. A Figura 11 mostra, sob outro ângulo, uma visão ampliada da relação entre os ambientes, por meio da qual observa-se forte correlação entre um grupo grande de ambientes: CAR2, CAR3, BRA2, SAN3, LAN2, MUC2, SJP2, CHA2, IRL1, URU3, dentre outros.

Os ambientes que apresentaram maior poder de discriminar os genótipos são represen-

Figura 9 – Desempenho dos 20 genótipos em relação a um hipotético genótipo “ideal” de acordo com o modelo GGE3

tados por vetores com grande comprimento, sendo assim, de acordo com a Figura 10, podem ser citados dentre os mais discriminantes os ambientes: FOR3, PAR3, STA2, AQU12, AQU13, DOU2, STA1, CHA1, PAC2, MAZ1 e AQU11. Esses locais, de acordo com a metodologia GGE2 Biplot, são portanto os ideais para a condução de ensaios de avaliação da interação GxE em feijão-caupi em comparação com os demais locais utilizados no presente estudo.

Os gráficos “Quem vence onde” apresentados nas Figuras 12 e 13 foram obtidos por meio da junção entre os genótipos com desempenho destacado para formação dos vértices dos polígonos, sendo as linhas laterais dos mesmos obtidas por meio de retas perpendiculares (linhas vermelhas) traçadas até a origem dos Biplots. Sendo assim, cada setor dos polígonos engloba um conjunto de ambientes correlacionados positivamente, o que pode ser considerado por definição, como um mega-ambiente (YAN et al., 2000). De acordo com os gráficos, os polígonos eficientes ao formar pelo menos 5 mega-ambientes em GGE2 e GGE3, mas é observável uma certa desproporcionalidade entre o comprimento das laterais de ambos, o que segundo Rakshit et al. (2012) revela que a distinção dos mega-ambientes a partir do gráfico em questão não foi a ideal.

Figura 12 – Gráfico GGE2 ‘Quem vence onde’ identificando os genótipos mais recomendados dentro dos respectivos mega ambientes

modelo GGE2, destacando-se 13 e 17 como as linhagens mais indicadas para a maioria dos ambientes. O genótipo 19 também foi responsável pela formação de um dos vértices do polígono, mas o setor formado por ele englobou apenas os ambientes BAR2 e PAR3, o que é consequência da grande divergência apresentada por esses dois ambientes em relação aos demais, sendo os genótipos 19 e 16 especificamente adaptados a esses ambientes, respectivamente. Vale ressaltar que os dois últimos genótipos citados apresentaram boa estabilidade geral mas produziram abaixo da média quando foram avaliados em outros ambientes (Figura 6).

O polígono formado de acordo com os componentes principais 1 e 3 (Figura 13) apresentou eixos ambíguos para alguns dos mega ambientes, o que gera uma avaliação menos precisa e menos generalizada (RAKSHIT et al., 2012), já que torna a necessidade da indicação de mais de um genótipo em alguns casos. Destacaram-se os genótipos 3 e 4, que formaram o vértice de um mega ambiente, os genótipos 11 e 14, que formaram outro vértice, e os genótipos 10, 17, e 19, que formaram sozinhos os outros 3 vértices segundo o modelo GGE3.

Yang et al. (2009) afirmam que existem pelo menos dois efeitos importantes decorrentes

Figura 13 – Gráfico GGE3 ‘Quem vence onde’ identificando os genótipos mais recomendados dentro dos respectivos mega ambientes

do uso de três (ou mais) componentes principais para a identificação de mega-ambientes: (1) A inclusão de mais que dois eixos explicativos pode aumentar a quantidade de mega-ambientes identificada, o que levanta o questionamento a respeito de quantos mega-ambientes realmente podem ser identificados com segurança pela análise; (2) São poucos os relatos na literatura incluindo mais que dois componentes com essa finalidade, o que pode comprometer a aplicação prática dos resultados.

São escassos na literatura os relatos de estudos que utilizaram essa metodologia em feijão-caupi. 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, obteve aproximadamente 85% da variação da porção G + GE capturada pelos dois primeiros componentes principais. Esse autor concluiu que essa metodologia também obteve sucesso para identificar, em um único gráfico, genótipos superiores com boa estabilidade, bem como no auxílio à recomendação de linhagens especificamente adaptadas a alguns ambientes.

Recentemente, Olayiwola et al. (2015) também usaram essa abordagem em caupi e

avaliaram, ao longo de 4 anos consecutivos, a resposta na produtividade de grãos em 7 linhagens melhoradas dentro de uma mesma localidade na região sudoeste da Nigéria. Os autores relataram efeitos da interação genótipos x anos significativos e concluíram que a análise GGE Biplot foi eficiente para identificar os genótipos mais produtivos e com boa estabilidade para aquela região.

O presente estudo utilizou uma quantidade de ambientes efetivamente maior que os citados acima, o que, como já mencionado anteriormente, deve ter tido influência decisiva na baixa porcentagem da variação explicada pelos dois primeiros componentes principais. Contudo, Olayiwola e Ariyo (2013) 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, o que reforça a importância da abordagem utilizada aqui para contribuir na precisão da seleção e indicação de cultivares de feijão-caupi.

2.3.4 MHPRVG

Resende (2007) afirma que metodologias tais como as baseadas em regressão ou modelos multiplicativos AMMI e GGE Biplot apresentam limitações para lidar com dados desbalanceados bem como com a heterogeneidade de variâncias entre os ambientes analisados, além do fato de que tais métodos assumem os efeitos de genótipos como fixos, o que, segundo o autor, é incoerente quando se deseja estimar componentes de variância e parâmetros genéticos tais como a herdabilidade do caráter. Segundo o mesmo autor, a metodologia de modelos mistos é mais adequada quando os efeitos de genótipos são considerados como aleatórios, o que possibilita a obtenção dos BLUP's para esses efeitos.

De acordo com Stefanova e Buirchell (2010), quando se considera que o objetivo da análise é a seleção dos genótipos com melhores desempenhos baseada na classificação desses, assumir os efeitos de genótipos como aleatórios e o consequente uso dos BLUP's é justificado, pois esses maximizam a correlação entre as estimativas obtidas para os valores dos efeitos aleatórios e os verdadeiros valores de cultivo e uso das linhagens testadas. Além disso, segundo Resende (2007), assumir o valor da herdabilidade do caráter como sendo igual a 1 (suposição implícita quando se considera os efeitos de genótipos como fixos e sem efeitos ponderados por fatores redutores) é irreal dentro do melhoramento genético, principalmente para caracteres tais como a produtividade de grãos.

Não foram encontrados na literatura muitos estudos que utilizaram modelos mistos para

avaliar a adaptabilidade e estabilidade em feijão-caupi, no entanto, diante das suas vantagens, além de seu uso em diversas espécies alógamas, essa metodologia vem sendo bastante utilizada em outras culturas autógamas tais como feijão comum (CARBONELL et al., 2007), arroz (BORGES et al., 2010), soja (PINHEIRO et al., 2013), e sorgo (ALMEIDA FILHO et al., 2014). Diante do mencionado aqui, reitera-se a relevância da utilização a esse tipo de abordagem em feijão-caupi

A significância dos efeitos de “locais” e “anos” na análise conjunta mostrada na Tabela 5 fornece argumentos para que esses fatores (anos e locais) sejam levados em consideração com igual importância na estimação da interação GxE em feijão-caupi. Portanto, sabendo-se que grande parte dessa interação é provocada por fatores de natureza imprevisível (tais como precipitação, umidade, etc...), deve-se priorizar o uso de modelos mistos para o estudo da adaptabilidade e estabilidade nesse caso, tendo em vista que a modelagem pode ser ineficiente quando são usados apenas efeitos fixos ou modelos puramente aditivos (BERNARDO, 2010).

Diante disso, a estatística média harmônica da performance relativa dos valores genotípicos preditos (MHPRVG) preconiza a abordagem com modelos mistos e, de acordo com Resende e Thompson (2004), possibilita a seleção simultânea para produtividade, adaptabilidade e estabilidade. Segundo os mesmos autores, esse método tende a ser vantajoso, pois permite, dentre outras coisas, considerar os efeitos genotípicos como aleatórios (ou seja, fornece estabilidade e adaptabilidade de valores genotípicos preditos por BLUP e não de valores fenotípicos), lida com desbalanceamento, delineamentos não-ortogonais, e heterogeneidade de variâncias, considera os erros correlacionados dentro de locais, fornece valores genéticos já penalizados pela instabilidade, fornece os resultados na própria grandeza do caráter avaliado, e pode ser aplicado a qualquer número de ambientes.

Na Tabela 7 pode ser observada a comparação entre os ordenamentos obtidos pela média fenotípica do caráter para cada genótipo (transformada por Box-Cox), os valores genotípicos livres da interação (obtidos pela soma dos BLUP's de cada genótipo com a média geral), e pela estatística MHPRVG. Percebe-se que não houve diferença entre as classificações obtidas pelas médias fenotípicas e pelos valores genotípicos; e que de acordo com ambos, os cinco melhores genótipos são: 17, 20, 13, 11 e 18, nessa ordem. Quando o desempenho genotípico foi penalizado pela instabilidade e capitalizado pela estabilidade e adaptabilidade (MHPRVG), foi demonstrado que o genótipo 20 é aquele com melhor desempenho, seguido por 17, 13, 11 e 5.

A coincidência entre as classificações foi de quase 90%, mas a resposta do genótipo com melhor desempenho, de acordo com a MHPRVG, foi cerca de 1,09 vezes maior que a média geral dos ambientes, ou seja, esse genótipo apresentou superioridade de aproximadamente 9% em relação à média geral dos 47 locais. Carbonell et al. (2007) avaliando adaptabilidade e estabilidade via modelos mistos em feijão-comum (*Phaseolus vulgaris* L.) obtiveram coincidência de 80% entre os ordenamentos obtidos via medidas de MHPRVG e produtividade média dos genótipos e relataram valores de MHPRVG iguais a 1,11 vezes a média geral quando considerado o genótipo de feijoeiro com melhor desempenho.

Tabela 7 – Resposta para o caráter produtividade de grãos de 20 genótipos de feijão-caupi, avaliados em 47 locais e 3 anos, de acordo com a média geral, valores genotípicos livres da interação ($\hat{\mu} + \hat{g}_i$), e média harmônica da performance relativa dos valores genotípicos (MHPRVG)

Genótipo	Média Geral ¹	$\hat{\mu} + \hat{g}_i$ ¹	I.C (95%) ²	MHPRVG ¹
1	59,946	60,062	59,07 - 61,04	63,374
2	59,162	59,606	58,62 - 60,59	61,768
3	58,082	58,979	57,99 - 59,96	61,011
4	59,635	59,881	58,89 - 60,86	62,730
5	60,870	60,599	59,61 - 61,58	64,949
6	57,677	58,743	57,75 - 59,73	60,966
7	61,102	60,734	59,74 - 61,72	64,198
8	60,929	60,633	59,64 - 61,62	64,425
9	60,074	60,136	59,15 - 61,12	63,570
10	57,216	58,475	57,48 - 59,46	60,110
11	61,946	61,224	60,23 - 62,21	65,164
12	61,065	60,712	59,72 - 61,69	61,718
13	62,112	61,321	60,33 - 62,30	65,169
14	60,488	60,377	59,39 - 61,36	63,220
15	60,725	60,515	59,52 - 61,50	62,047
16	59,941	60,059	59,07 - 61,04	62,176
17	62,779	61,708	60,72 - 62,69	65,686
18	61,305	60,851	59,86 - 61,83	63,686
19	57,074	58,393	57,40 - 59,38	59,286
20	62,328	61,446	60,46 - 62,43	65,730
Média:	60,223			63,135

¹ Os efeitos foram obtidos via modelagem dos dados transformados (Box-Cox).

² Intervalos de confiança obtidos para os valores genotípicos preditos (t = 1,96).

Esses autores atribuíram essa diferença a um refinamento na seleção que ocorre devido ao uso da estatística MHPRVG, Borges et al. (2010) obtiveram respostas que variaram de 1,06 a 1,08 vezes a média geral para os genótipos de arroz com melhor desempenho em ensaios

conduzidos em 11 locais e 11 anos. Bastos et al. (2007), ao avaliarem a adaptabilidade e estabilidade em cana-de-açúcar obtiveram valores para MHPRVG dos dois clones selecionados com melhor desempenho, da ordem de 1,21 e 1,17 vezes a média geral, respectivamente.

É válido destacar que esse resultado corrobora em parte os resultados obtidos pela metodologia GGE Biplot considerando GGE2 e GGE3 em conjunto. Contudo, a presença do genótipo 5 entre os indicados pela MHPRVG, e a alteração na classificação do desempenho dos demais genótipos, reafirmam a diferença entre as duas metodologias. Além disso, o genótipo 12, que havia apresentado bom desempenho de acordo com o GGE Biplot não está entre os indicados pela MHPRVG.

Embora a metodologia GGE Biplot utilize como atrativo um forte aparato gráfico, proporcionando quase sempre facilidade de interpretação, bem como fornecendo diversas informações auxiliares sobre a relação entre os ambientes, vale ressaltar que, no presente estudo, só foi possível uma interpretação plausível dos resultados dessa metodologia (embora ainda englobando pouco da variação da interação que foi significativa pelo *teste F*) quando se recorreu a três componentes principais, o que tornou a análise gráfica ambígua e desvantajosa frente à simplicidade da abordagem MHPRVG. Quando se utiliza, por exemplo, apenas o modelo GGE2 (Figura 6) para classificar os genótipos, as diferenças entre as classificações das duas metodologias é ainda mais acentuada.

Yang et al. (2009) reiteram que, quando metodologias tais como GGE Biplot recuperam apenas uma pequena porcentagem da variabilidade total, a análise GGE Biplot pode apresentar baixa eficiência, pois se obtêm padrões imprecisos, e afirmam que nesses casos há a necessidade da utilização de estimativas mais apuradas, destacando-se dentre elas as metodologias que usam modelos mistos.

As duas metodologias citadas são baseadas em princípios bastante distintos, e Venkovsky e Barriga (1992) afirmam que é esperado que a utilização de diferentes métodos de estudo de adaptabilidade e estabilidade altere a classificação dos genótipos. O modelo GGE Biplot considera como fixos os efeitos tanto de genótipos como das interações e decompõe a interação utilizando a análise de componentes principais. A MHPRVG utiliza-se da abordagem de modelos mistos e estima componentes de variância dos efeitos e genótipos e interações (considerados de natureza aleatória no presente estudo) com base na máxima verossimilhança residual (GAUCH, 1988; YAN et al., 2000; RESENDE, 2007).

De acordo com Gomez et al. (2014), a performance genotípica baseada em MHPRVG,

mesmo levando em consideração a estabilidade dos genótipos, sempre prioriza genótipos com elevada produtividade, em detrimento dos mais estáveis e menos produtivos. Esses autores avaliaram vários caracteres em 45 linhagens de soja em 3 ambientes e encontraram diferenças marcantes entre a metodologia MHPRVG e outras, tais como AMMI e GGE Biplot.

A alta relação entre o ordenamento obtido via MHPRVG e aquele obtido pela produtividade média dos genótipos apresentada (Tabela 7) demonstra que o menor peso dado à estabilidade genotípica pela MHPRVG e a “preferência” dessa metodologia por genótipos mais produtivos pode explicar a inclusão do genótipo 5 entre os melhores e a exclusão do genótipo 12 dessa classificação (apontados como muito instável e com boa estabilidade, respectivamente, pela metodologia GGE Biplot).

Silva et al. (2012), avaliando a adaptabilidade e estabilidade em sete populações de cenoura, compararam os resultados obtidos pelas metodologias AMMI, GGE Biplot e MHPRVG e concluíram que os 2 métodos baseados em análise multivariada sob modelos fixos apresentaram como vantagem a possibilidade de agrupamento dos ambientes, mas, a MHPRVG foi preferida por apresentar os resultados de forma simplificada e em função dos valores genotípicos.

A seleção dos cinco melhores genótipos com base na MHPRVG resulta em uma nova média de 65,4 (que corresponde a aproximadamente 1.402 kg.ha^{-1}), que é superior à média obtida pela seleção com base apenas no valor genotípico predito médio para todos os ambientes (1.230 kg.ha^{-1}), o que reforça a vantagem do uso do método MHPRVG na recomendação das variedades, bem como na formação de populações para programas de melhoramento. Sendo assim, as linhagens 5, 11, 13, 17 e 20 tendem a apresentar melhor desempenho que as demais, em média, podendo ser amplamente recomendadas para plantio em conjuntos de ambientes que apresentem padrões de interação GxE semelhante ao observado no presente estudo (ROSADO et al., 2012).

2.3.5 Estratificação ambiental

De acordo com Falconer e Mackay (1996), a falta de correlação entre o desempenho dos genótipos entre os ambientes deve ser levada em consideração a fim de se obter uma abordagem mais condizente com o arcabouço teórico da genética quantitativa. Para tal, o padrão de correlação entre os ambientes é obtido quando os mesmos são considerados como diferentes caracteres que refletem na performance relativa dos genótipos avaliados. Nesse contexto, o uso de modelagem mista também pode ser feito com vantagem na modelagem da estrutura de

variância-covariância entre os ambientes (PIEPHO, 1998; BURGUEÑO et al., 2008).

Uma estratégia considerada vantajosa é identificar padrões semelhantes de interação GxE dentro do conjunto de ambientes disponíveis e dividir, ou estratificar, tais ambientes em mega-ambientes. Essa abordagem tem como objetivo minimizar a influência da interação GxE dentro de cada mega-ambiente, tornando a recomendação das variedades mais segura pelo incremento da herdabilidade de caráter alvo de seleção (COOPER; DELACY, 1994; GAUCH, 2006; WINDHAUSEN et al. 2012). Sendo assim, a estratificação obtida pela combinação entre a estimação dos efeitos por modelos mistos e métodos multivariados, como a análise de fatores, pode ser uma alternativa útil. A Tabela 8 mostra o resultado dessa abordagem quando aplicada a uma matriz de correlação obtida pela soma dos BLUP's dos efeitos G + GE em feijão-caupi.

De acordo com o critério de Kaiser (1958), quando se utiliza uma matriz de correlação (ou seja, com elementos da diagonal iguais a 1) o número de fatores a serem incluídos na análise corresponde ao número de autovalores maiores que 1. Sendo assim, após a obtenção dos autovalores da matriz de correlação **BLUP's GGE**, foram realizadas 1000 repetições, considerando quantis de 5% e, obedecendo a esse critério, foi sugerida a utilização de 8 fatores para a realização da estratificação dos 47 ambientes avaliados, que, acumulados, explicaram quase 90% da variância total presente no conjunto de dados.

Outros autores relatam que um número de fatores que explica pelo menos 80% da variação é suficiente para proceder a esse tipo de análise (GARBUGLIO et al., 2007; FRITSCHÉ NETO et al., 2010) o que levaria a utilizar apenas 4 eixos para a análise nesse caso. Contudo, de acordo com a análise realizada aqui, a partir do quarto fator, a porcentagem de variação explicada a ser adicionada se reduz a menos de 5% (sendo a diferença entre a proporção explicada pelo oitavo fator e o terceiro de apenas 4%). Em casos como esse, a adição de muitos fatores ao modelo poderia causar uma fragmentação dos possíveis mega-ambientes, o que resultaria em pouca vantagem na utilização da análise de fatores (BRIAN, 2005; RIBEIRO; ALMEIRA, 2011).

Os dois primeiros fatores obtidos aqui explicam juntos aproximadamente 64% da variação total (Tabela 8); sendo assim, visando a facilidade de interpretação dos resultados bem como maior objetividade, apenas esses foram utilizados para a realização da estratificação ambiental. Resende (2007) afirma que a escolha do número de fatores pode ter seus critérios relaxados, dependendo dos interesses e objetivos da análise. Autores como Garbuglio et al. (2007) e Ribeiro e Almeida (2011) obtiveram porcentagens semelhantes ao utilizarem apenas os dois

primeiros fatores (aproximadamente 66% e 65%, respectivamente).

Tendo em vista que a comunalidade (c_i^2) de cada ambiente é a parte da variância que é relacionada aos fatores comuns e que a relação entre as mesmas se dá de acordo com: $c_i^2 = \lambda_{i1}^2 + \lambda_{i2}^2 + \dots + \lambda_{im}^2$, a correlação entre dois ambientes quaisquer obedece à equação: $r_{ij} = \lambda_{i1}\lambda_{j1} + \lambda_{i2}\lambda_{j2}$, com λ dentro do intervalo $-1 \leq \lambda \leq +1$. Sendo assim, dois ambientes são bem correlacionados apenas quando possuem altas cargas nos mesmos fatores.

Cruz e Carneiro (2003) afirmam que elevadas cargas fatoriais associadas a valores de comunalidade próximos de 65% representam uma correlação de aproximadamente 80% entre a variável e a respectiva variância comum aos fatores. Contudo, diante do grande número de ambientes avaliados e o reduzido número de fatores utilizados no presente estudo, foram consideradas como relevantes todas as comunalidades que ultrapassaram o valor de 50%.

De acordo com Manly (2008), após a rotação, é esperado que as cargas fatoriais apresentem valores absolutos próximos de 0 ou de 1, tendo em vista que a rotação varimax pressupõe que a interpretabilidade de cada fator pode ser medida pela variância dos quadrados de suas cargas, e, assim, maximiza a soma dessa variância para cada fator. Sendo assim, de acordo com a Tabela 8, ambientes que apresentam valores de λ_i próximos de 1 para determinado fator são fortemente determinados por esse, sendo a recíproca também verdadeira.

A Figura 14 mostra o gráfico de dispersão dos ambientes de acordo com as cargas fatoriais dos dois fatores, onde ambientes próximos e com coloração mais clara apresentam elevada carga para o primeiro fator (Fator 1). De acordo com o gráfico, o Fator 1 agrupou a maior parte dos ambientes, sendo que outra grande parte dos ambientes apresentou-se de forma mais dispersa no plano. Esses ambientes obtiveram cargas fatoriais semelhantes para os dois fatores usados na análise, não sendo possível sua alocação dentro de nenhum dos dois grupos principais. O Fator 2 agrupou de forma clara apenas quatro dos 47 ambientes.

Sendo assim, de acordo com a Tabela 8 e Figura 14, os dois fatores foram responsáveis pela formação de dois grupos claramente distintos. Os ambientes agrupados pelo Fator 1 e que portanto formaram o “Grupo 1”, foram: CHA, ARA, BAR, BUR, CAR, FRP, ITA, LAN, PAC, SJP, SOU, TER, URU, BOA, BRA, IRL, MACA, MAZ, MUC, OPO, RIO, ROR, RPE, SAL, SAN e MAC. O segundo fator agrupou os ambientes GUR, NSD, ARI e BOT, sendo esses quatro ambientes bastante distanciados dos demais (“Grupo 2”).

Tabela 8 – Cargas fatoriais e as respectivas variâncias após rotação dos dois primeiros fatores obtidos via análise da matriz de correlação da soma dos BLUP's de genótipos e dos BLUP's da interação GxE (G + GE), de 20 genótipos de feijão-caupi em 47 locais

(Continua)

Ambiente	Fator 1	Fator 2	Comunalidade (c_i^2)	ψ_i
AQUI	0,1630	0,4233	0,2057	0,7942
CHA	0,7084	0,2075	0,5450	0,4549
DOU	0,2549	0,3158	0,1647	0,8352
PRI	0,6432	0,5472	0,7132	0,2867
ARA	0,9432	0,0190	0,8900	0,1099
ARI	0,2359	0,5623	0,3718	0,6281
BAL	0,5211	0,7495	0,8334	0,1665
BAR	0,7745	0,1101	0,6121	0,3878
BJP	0,5036	0,4033	0,4162	0,5837
BUR	0,9683	0,1412	0,9576	0,0423
CAR	0,9106	0,0588	0,8326	0,1673
CGP	0,8039	0,5361	0,9337	0,0662
FRP	0,9449	0,1714	0,9222	0,0777
ITA	0,9206	0,0741	0,8531	0,1468
ITAP	0,7463	0,2948	0,6439	0,3560
LAN	0,9239	0,1082	0,8653	0,1346
NSD	0,1755	0,3934	0,1856	0,8143
PAC	0,9423	0,1613	0,9140	0,0859
SJP	0,9584	0,1617	0,9447	0,0552
SOU	0,7552	0,0920	0,5788	0,4211
SRM	0,3595	0,5348	0,4153	0,5846
STA	0,6938	0,6694	0,9296	0,0703
TER	0,9178	0,2212	0,8912	0,1087
UMB	0,0415	0,8089	0,6560	0,3439
URU	0,8611	0,0944	0,7505	0,2494
AXI	0,7016	0,3246	0,5976	0,4023
BOA	0,9519	0,0775	0,9122	0,0877
BRA	0,9335	0,1150	0,8846	0,1153
FOR	0,5477	0,5936	0,6524	0,3475
GUR	0,0488	0,7120	0,5094	0,4905
IRL	0,8369	0,1253	0,7161	0,2838
IRT	0,5212	0,8035	0,9173	0,0826
MACA	0,8736	0,3440	0,8816	0,1183

Tabela 8 – Cargas fatoriais e as respectivas variâncias após rotação dos dois primeiros fatores obtidos via análise da matriz de correlação da soma dos BLUP's de genótipos e dos BLUP's da interação GxE (G + GE), de 20 genótipos de feijão-caupi em 47 locais

Ambiente	Fator 1	Fator 2	(Conclusão)	
			Comunalidade (c_i^2)	ψ_i
MAZ	0,9769	0,1211	0,9690	0,0309
MUC	0,9298	0,2429	0,9236	0,0763
OPO	0,7699	0,3701	0,7298	0,2701
PAR	0,2906	0,4329	0,2719	0,7280
RIO	0,9448	0,1148	0,9058	0,0941
ROR	0,9350	0,0186	0,8746	0,1253
RPE	0,9310	0,0336	0,8679	0,1320
SAL	0,9262	0,2180	0,9055	0,0944
SAN	0,9082	0,0359	0,8262	0,1737
TRA	0,1957	0,5209	0,3096	0,6903
BOT	0,1846	0,4304	0,2194	0,7805
JAN	0,1106	0,2116	0,0570	0,9429
JAR	0,3274	0,6102	0,4796	0,5203
MAC	0,8458	0,0406	0,8804	0,1195
Variância Explicada		Variância Acumulada		
Fator 1	0,517	–		
Fator 2	0,120	0,638		

Quando levamos em consideração o valor das comunalidades de cada ambiente, percebem-se valores elevados associados a vários desses que não foram agrupados de forma clara por nenhum dos fatores. Isso indica que, embora esses ambientes não façam parte de nenhum dos dois grupos, grande parte da variação ainda é explicada por esses dois eixos, o que conduz a alocação desses ambientes em um terceiro grupo hipotético. Sendo assim, os ambientes PRI, STA, BAL, IRT, BJP, AXI, ITAP e CGP formaram o “Grupo 3”, que apresentou valores de comunalidades elevados mas não foram agrupados dentro dos dois primeiros grupos.

Os demais ambientes: UMB, DOU, AQUI, PAR, SRM, TRA, JAR, FOR e JAN (comunalidades e escores baixos para ambos os fatores) não podem ser agrupados com base em nenhum critério aparente, sendo referidos aqui como “Grupo 4”. Após a definição dos grupos, dentro de cada um deles o ordenamento dos 20 genótipos foi novamente obtido com base na estatística MHPRVG.

A significância da interação GxE dentro de cada grupo foi testada e obtiveram-se efeitos

não significativos dentro do Grupo 1 dentro do Grupo 2 (Tabela 9). Para os grupos 3 e 4 (que não foram agrupados com base nos fatores) a interação foi significativa (0,1% e 5%, respectivamente). Esses resultados evidenciam que, mesmo relaxando-se o critério para a escolha dos eixos de agrupamento, a análise foi eficiente para o agrupamento dos mega-ambientes segundo os dois fatores utilizados. Já a significância da interação dentro dos dois últimos grupos (3 e 4) indicou que a ampliação do critério para o agrupamento, ao basear o agrupamento apenas nos valores de comunalidade, foi desvantajosa para os objetivos da estratificação ambiental.

A Tabela 10 mostra o novo ordenamento obtido pelos genótipos dentro de cada grupo de ambientes de acordo com as estatística MHPRVG. De acordo com ela, dentro do grupo 1, destacaram-se os genótipos 11, 12, 13, 14 e 17. Para o segundo grupo, os genótipos que melhor conciliaram produtividade e estabilidade genotípica foram 1, 3, 5, 10 e 15. As linhagens 1, 5, 17, 18 e 20 obtiveram os melhores desempenhos para o terceiro grupo e as linhagens 17, 20, 5, 8 e 9 foram as melhores para o quarto grupo.

Percebe-se que 3 dos genótipos recomendados para o primeiro grupo (11, 13 e 17) coincidiram com os que foram indicados como amplamente adaptados pela MHPRVG quando foram considerados todos os ambientes (Tabela 7). Tendo em vista que esse mega-ambiente contém 26 dos 47 ambientes avaliados no presente estudo, é esperado que genótipos com adaptabilidade ampla obtenham destaque também dentro desse grupo. Os genótipos 14 e 12, por sua vez, apresentaram adaptação específica a esse conjunto de ambientes, sendo também recomendados para plantio nesses locais.

Figura 14 – Distribuição de 47 ambientes após estratificação via Análise de Fatores

Tabela 9 – Significância para os efeitos de genótipos e da interação em cada um dos mega-ambientes indicados pela análise de fatores

FV ^{1,2}	Grupo 1		Grupo 2		Grupo 3		Grupo 4	
	σ^2	valor p	σ^2	valor p	σ^2	valor p	σ^2	valor p
Genótipo	7,36	***	6,81	*	6,33	***	4,93	*
G x L	≈ 0	ns	5,64	ns	8,03	***	7,25	*
Resíduo	125,86		99,46		87,56		211,02	

¹ σ^2 : variâncias genotípicas e das interações G x L, respectivamente.

² Códigos de Significância: ns = não significativo, ** = $p \leq 0,01$, e *** = $p \leq 0,001$.

No que diz respeito ao segundo grupo, apenas o genótipo 5 está entre os recomendados como amplamente adaptados a todos os 47 ambientes. Contudo, é importante destacar que esse grupo englobou apenas 4 locais (GUR, NSD, ARI e BOT), o que indica que esses genótipos possuem adaptação específica a apenas esses locais em particular, sendo portanto os mais recomendados para plantio nos mesmos, por apresentarem em média, desempenho superior aos demais.

Dos genótipos recomendados pelo método MHPRVG para os Grupos 3 e 4, 3 deles coincidem entre si (5, 17 e 20), além de serem também genótipos de ampla adaptabilidade e de recomendação generalizada. É esperado que materiais com ampla adaptação também se destaquem em grupos que apresentam grande variação ambiental (elevada variância específica segundo a análise de fatores). Destaca-se o fato de o genótipo 1 não ter apresentado ampla adaptação aos 47 locais (Tabela 7) mas ter tido o melhor desempenho dentro do Grupo 3 (Tabela 10), o que indica que esse genótipo apresenta vantagens para cultivo na maioria dos locais que formam esse grupo.

A Análise de Fatores realizada sob os BLUP's GGE apresentou a vantagem de combinar a estimação de efeitos via modelos mistos com a utilização de um método multivariado, e a partir da mesma foi possível obter uma seleção direta pelo método MHPRVG para identificar tanto linhagens amplamente adaptadas aos diversos ambientes quanto linhagens que apresentaram desempenho superior em locais específicos, sendo essa combinação de critérios uma boa estratégia de seleção e que pode permitir inferências seguras para a predição dos valores de cultivo e uso dos genótipos avaliados (RESENDE, 2007; MENDES et al., 2012).

Tabela 10 – Desempenho de 20 genótipos de feijão-caupi de acordo com a estatística MHPRVG, dentro de 4 mega-ambientes determinados após análise de estratificação ambiental

Posição	Grupo 1		Grupo 2		Grupo 3		Grupo 4	
	MHPRVG	Genótipo	MHPRVG	Genótipo	MHPRVG	Genótipo	MHPRVG	Genótipo
13	57,62789	13	74,25145	5	78,52678	1	63,16929	17
11	56,85368	11	74,06797	15	78,47322	20	62,79594	20
14	56,53868	14	73,82120	1	78,35914	18	62,65983	5
12	55,41200	12	73,79239	3	77,91047	5	62,49474	8
17	54,74628	17	73,68266	10	77,45405	17	62,36852	9
7	54,25134	7	73,53341	20	75,37887	3	62,35239	7
20	53,85884	20	73,01139	2	74,78894	4	62,33756	4
15	53,81482	15	73,00870	17	73,68255	2	62,28284	18
16	53,60660	16	72,58942	9	72,14765	12	62,06248	6
8	53,33652	8	72,45353	4	71,96765	16	61,95955	15
18	53,11540	18	72,42229	6	71,86403	10	61,95727	2
9	52,37864	9	72,42105	8	71,68655	8	61,75180	1
5	51,61579	5	72,10475	19	71,58563	11	61,66703	13
1	50,96816	1	71,93338	7	71,05279	15	61,21117	3
4	50,77956	4	71,92756	11	70,89714	9	61,14099	19
10	50,36749	10	71,72261	18	70,69432	7	60,80710	12
2	50,36622	2	70,86227	14	69,23194	6	60,61591	11
19	49,40889	19	70,42472	12	68,31344	14	60,45308	16
3	48,89023	3	69,78027	16	67,17574	13	59,50519	14
6	48,66822	6	69,60659	13	65,53851	19	58,51020	10

2.3.6 Covariáveis ambientais

Os métodos para avaliação da interação GxE em ensaios multiambientais, de forma geral, são baseados nos valores observados *a posteriori* da covariância entre os ambientes utilizados, ou seja, são modelos exploratórios ao invés de preditivos no sentido de que não permitem a predição para novos cenários climáticos, tais como os relacionados a outros ambientes de cultivo que apresentem novos fatores limitantes de produtividade, ou mesmo a alterações bruscas que podem ocorrer dentro de um mesmo ambiente (HESLOT et al., 2014).

O comportamento das espécies cultivadas em relação aos fatores climáticos pode ser descrito em termos da interação GxE, que por sua vez está intrinsecamente relacionada à resposta adaptativa dos genótipos aos mais variados ambientes (RODRIGUEZ et al., 2008; CAMPBELL et al., 2012; LIU et al., 2013). Além disso, a incorporação desse tipo de informação para auxiliar no entendimento dos efeitos da interação GxE e avaliação dos genótipos em ensaios multiambientais é considerada por muitos autores como de grande importância para o melhoramento de espécies vegetais (CROSSA et al., 1999; VOLTAS; LOPEZ-CORCOLES; BORRAS, 2005). Yang et al. (2009) afirmam que informações sobre a interação GxE, tais como as obtidas via GGE Biplot, possuem valor limitado caso análises adicionais não forem realizadas para determinar quais fatores biológicos ou ambientais estão por trás dos efeitos da interação.

Yan e Tinker (2005) defendem o uso de uma abordagem (denominada por esses autores de *covariate-effect biplot*) utilizando covariáveis genotípicas com o intuito de determinar se a interação GxE relacionada à produtividade pode ser explorada por seleção indireta em componentes de produtividade. Contudo, Yang et al. (2009) afirmam que essa abordagem foca apenas na inclusão de covariáveis genéticas baseada em valores fenotípicos e ignora a presença de interação GxE nos efeitos das próprias variáveis explanatórias.

É sabido que os BLUP's dos efeitos GxE eliminam os ruídos da interação, o que pode ser verificado diante dos referidos preditores obtidos a partir de uma tabela de dupla entrada contendo as médias de cada genótipo, em cada ambiente. O modelo associado a esta Tabela pode ser expresso como:

$$Y_{ij} = \mu + g_i + e_j + ge_{ij} + e_{ij} \quad (27)$$

Em que e_{ij} é o resíduo associado às médias, em cada ambiente. A predição BLUP da média genotípica em cada local é dada nesse caso por: $I = \bar{Y}_{..} + h_g^2(\bar{Y}_i - \bar{Y}_{..}) + h_e^2(\bar{Y}_{ij} - \bar{Y}_i - \bar{Y}_j + \bar{Y}_{..})$,

com efeitos de genótipos e ambientes considerados como aleatórios, sendo os ponderadores h_g^2 e h_e^2 a herdabilidade genotípica e o coeficiente de determinação ambiental, respectivamente.

Alguns autores afirmam que as predições dos efeitos genotípicos juntamente com os efeitos da interação GxE (G + GE) devem ser preferencialmente consideradas para análises exploratórias da influência dos fatores ambientais no desempenho dos genótipos avaliados, o que pode fornecer importantes indicadores sobre quais desses fatores devem ser levados em consideração no planejamento das atividades futuras dentro dos programas de melhoramento genético (CAMPBELL et al., 2012). Sendo assim, a abordagem apresentada no presente estudo, priorizou a utilização da relação entre os efeitos GGE (G + GE) preditos via modelos mistos para cada genótipo aos valores das variáveis ambientais mensurados nos ambientes, com o intuito da obtenção de informações relevantes para a seleção de linhagens com maior estabilidade ou que são mais responsivas às determinadas condições ambientais.

Os valores médios de produtividade, e das variáveis ambientais mensuradas nos 17 ambientes amostrados no presente estudo podem ser observados na Tabela 3, e de acordo com essa, a produtividade média dos locais selecionados variou entre 179,8 kg.ha⁻¹ e 2002,5 kg.ha⁻¹. As variáveis sazonais apresentaram-se dentro das faixas: Evaporação Real média (ER) entre 9,96 mm e 172,02 mm, Insolação Total (IT) entre 161,6 h e 308,06 h, Número de Dias de Precipitação (NDP) entre 1 e 22, Precipitação Total média (Ptotal) entre 0,43 mm e 324,2 mm, Temperaturas máximas entre 25,4°C e 35,9°C, Temperaturas mínimas entre 11,7°C e 24,5°C, e Umidade Relativa média (UR) variando entre 50,7% a 87%. Os locais escolhidos estão situados a latitudes entre 0°03'N e 21°67'S, com longitudes variando entre 67°82'O e 42°25'O, e Altitude entre 16 m e 820 m acima do nível do mar.

De acordo com Mendes et al. (2012) a deficiência hídrica, condição comum no Nordeste do Brasil e em muitos países da África, é um dos fatores que geralmente reduzem a produtividade em feijão-caupi. Sendo assim, pode-se afirmar que ambientes com elevados e bem distribuídos índices de precipitação favorecem a produtividade dessa espécie, bem como ambientes que apresentam temperaturas médias diárias acima dos 25° C, e com grande incidência de luz. Tais locais, de forma geral, estão associados a longitudes elevadas e a valores de latitudes de médios a baixos (variando entre 7° a 10°), considerando-se a amplitude dos locais avaliados aqui.

Locais como Balsas, Janaúba, e Rio Branco são favoráveis à produtividade de feijão-caupi por reunirem a maioria dessas características. Percebe-se uma tendência de aumento de

produtividade em relação a Altitude, mas essa tendência é relativa, tendo em vista que há um decréscimo de temperatura em proporção inversa, ou seja, locais situados em regiões muito altas geralmente apresentam temperaturas mais baixas, o que pode prejudicar o desempenho geral dos genótipos. Ressalta-se que grandes altitudes também podem estar associadas a baixos índices de pluviosidade.

Contudo, foi observado que, dentre os fatores que mais influenciaram a produtividade de grãos em feijão-caupi, a temperatura (tanto máxima quanto mínima) pode ser considerada como o principal limitante. A localidade de Janaúba, embora esteja localizada em região alta (533 metros acima do nível do mar) e de baixa pluviosidade (Precipitação Total média = 7), apresentou temperatura média de aproximadamente 24°C e foi o local que apresentou a maior produtividade média (1.771,78 kg.ha⁻¹).

Já Machado, situada a 820 m de altitude e com precipitação total média de 50,73 mm, apresentou a menor produtividade média dentre todos os locais avaliados (179,86 kg.ha⁻¹). A temperatura média diária registrada para essa localidade foi de 18°C, sendo a mínima de 11°C. Ressalta-se também o fato de que a Insolação total em Janaúba foi quase que o dobro da apresentada em Machado, o que também pode ter favorecido a diferença de produtividade entre esses dois locais.

As 20 linhagens de feijão-caupi, quando cultivadas em localidades como Boa Vista e Tracuateua, com valores medianos para Temperatura Máxima e Mínima (entre 19°C e 35°C) e precipitação elevada e bem distribuída (NDP entre 14 e 22 dias, e Ptotal média entre 135 e 272), apresentaram produtividade de grãos com valores dentro da média (1.094,34 e 1.198,61 kg.ha⁻¹, respectivamente), diferentemente da produtividade em Teresina (com intensidade solar elevada, mas com precipitação total de aproximadamente 5 mm, distribuída em apenas 1,5 dias em média) que apresentou média baixa (609,67 kg.ha⁻¹).

Sendo assim, é plausível afirmar que, em locais como Teresina, Boa Vista e Tracuateua, situados a baixas latitudes (e relativamente baixa altitude), os fatores mais importantes para a produtividade de grãos em feijão-caupi são os relacionados à pluviosidade, tais como Número de Dias de Precipitação e Precipitação Total. Já em locais de elevada latitude e considerável altitude, tais como Janaúba e Machado, os fatores limitantes da produtividade são os relacionados à Temperatura Média e à quantidade de Insolação diária.

O ajuste para o modelo aleatório revelou efeitos de genótipos, das interações Locais x Anos e Genótipos x Locais x Anos altamente significativos ($p \leq 0,001$), o que indica a

presença de diferença na resposta dos 20 genótipos às alterações ambientais e que essa diferença é bastante influenciada pela interação GxE. Diante disso, a matriz das correlações entre os BLUP's das interações e os valores das covariáveis ambientais em cada um dos 17 ambientes após ter sido submetida à decomposição em componentes principais, teve uma porcentagem de variância acumulada pelos 3 primeiros eixos maior que 90% (Tabela 11).

Tabela 11 – Componentes principais obtidos mediante resposta da produtividade de grãos à influência de 10 variáveis ambientais nos efeitos de genótipos e da interação GxE em feijão-caupi

Variáveis ¹	CP 1	CP 2	CP 3
ER	-0,0992	-0,4222	-0,6249
IT	-0,0198	0,5406	0,1620
NDP	-0,3957	-0,2326	0,0900
Ptotal	-0,3581	-0,3109	0,0477
Tmax	-0,1596	0,3535	-0,6959
Tmin	-0,3907	0,2018	-0,0900
UR	-0,3922	-0,2011	0,1978
Alt	0,3531	-0,2801	-0,0257
Lat	0,3454	-0,2991	0,0182
Lon	-0,3590	-0,0669	0,2003
<u>Importância dos componentes:</u>			
	CP 1	CP 2	CP 3
Desvio Padrão	2,2572	1,7681	0,96375
Var.Explicada	0,5095	0,3126	0,0928
Var.Acumulada	0,5095	0,8221	0,9150

¹ Produtividade de grãos (PROD), Evaporação Real (ER), Insolação Total(IT), Número de Dias de Precipitação (NDP), Precipitação Total (Ptotal), Temperatura Máxima Média (Tmax), Temperatura Mínima Média (Tmin), Umidade Relativa Média (UR), Latitude (Lat), Longitude (Lon), e Altitude (Alt).

Sendo assim, foram utilizados, com segurança, os três primeiros componentes principais como eixos explicativos para a interação GxE, como mostra a Figura 15. Os comprimentos das barras no gráfico representam as porcentagens de influência de cada variável após cada uma ter sido padronizada para média 0 e desvio-padrão 1. Diante disso, o primeiro componente principal (PC1) pode ser visto como um contraste entre Altitude e Latitude de um lado e NDP, Ptotal, Tmin, UR e Lon do outro. Já o segundo componente (PC2) se constitui, principalmente, de um contraste entre ER e Insolação Total. As variáveis ER e Tmax, por sua vez, dominaram o terceiro componente.

Os dois primeiros componentes (que explicaram aproximadamente 82% da variância) foram selecionados como eixos explicativos para a plotagem dos gráficos Biplots da Figura

Figura 15 – Autovetores dos três primeiros componentes principais referentes à importância relativa de cada variável ambiental para a interação GGE em feijão-caupi

16, que informam, tanto a correlação entre as variáveis e entre cada variável, como também os valores preditos para a interação GxE de acordo com cada genótipo. As linhas conectando cada variável ao centro do Biplot são os vetores que medem a importância delas (levando-se em consideração os dois primeiros eixos), ou seja, o comprimento dos vetores mede a magnitude do efeito (positivo ou negativo) da variável na interação GxE de forma geral.

Pode ser observada influência consistente de todas as variáveis sobre os efeitos GGE dos genótipos, bem como uma influência diversa em relação ao desempenho dos mesmos. As variáveis Alt, Lat, IT, Tmin, Ptotal, NDP e UR apresentaram os maiores comprimentos, o que sugere que essas possuem grande efeito sobre o componente GGE de pelo menos um dos genótipos. Em contrapartida, as variáveis Lon, Tmax e ER apresentaram menor influência na maioria dos casos. De fato, com base na Figura 15, as variáveis Tmax e ER só passam a assumir importância maior a partir do segundo componente principal, sendo dominantes no terceiro componente (que explica apenas 9% da variância total).

O cosseno do ângulo entre os vetores de duas variáveis quaisquer mede a similaridade entre elas de acordo com sua influência nos efeitos da interação GxE, e a relação entre cada variável e os efeitos GGE de cada genótipo é mensurada pela proximidade angular entre ambos. IT, Tmax e Tmin possuem ângulos agudos entre si, e portanto correlação positiva em relação às suas influências na interação GxE, e possuem efeitos opostos em relação a Lat e Alt. As

variáveis Lon, UR, NDP, Ptotal e ER apresentaram influências semelhantes na interação GxE, e opostas à variável IT. Lat e Alt, por sua vez, mostraram influências opostas a quase todas as variáveis, com exceção de ER, com a qual formam um ângulo quase reto (o que indica independência entre essas variáveis).

De acordo com o segundo gráfico da Figura 16, é possível observar um padrão de agrupamento dos genótipos (e seu padrão G + GE) em relação à distribuição e influência das variáveis ambientais. Os efeitos GGE relativos aos genótipos 6, 9, 10, 12, 14 e 15 formaram um primeiro grupo que sofreu influência principal da variável IT, e baixa influência dos efeitos de Lat, Alt e ER. Um segundo grupo foi formado pelos genótipos 10, 11 e 17, que também tiveram como principal determinante a variável IT, seguida, em menor magnitude, pela Tmax. Já o grupo formado pelos genótipos 7, 13, 16, 18 e 20 foi influenciado principalmente pelas variáveis Tmin, Ptotal, NDP e UR, e o último grupo, formado pelos genótipos 1, 2, 3, 4, 5, 8 e 19 teve seus componentes genotípicos (G) e de interação (GE) mais influenciados pelas variáveis Lat e Alt, seguidas pela ER, com baixa influência de IT, Tmax e Tmin.

Os genótipos 1, 2, 6, 9, 10, 15, 16 e 18 formaram os vértices do polígono, e podem ser vistos como os que apresentaram um maior valor do componente GGE em relação aos grupos das variáveis que formaram ângulos agudos com os mesmos, sendo que 16 e 18 sofreram mais influência das variáveis NDP, PTotal e Tmin, enquanto que 1 e 2 sofreram mais influência da Latitude e Altitude. Já os genótipos 9, 10 e 15 foram bastante influenciados pelas variáveis Tmax e IT. O genótipo 6 apresentou ângulos obtusos com praticamente todas as variáveis, o que indica que esse genótipo reagiu de forma diversa aos demais, com exceção da sua resposta à Lat e Alt.

Como exposto pela Figura 16, os genótipos 2, 6, 9, 10, 15, 16 e 18 ocuparam regiões periféricas nos gráficos, e quando se observa o ordenamento geral dos mesmos obtido com base na estatística MHPRVG (Tabela 7), percebe-se que esses apresentaram, em média, os piores desempenhos, e assumiram as últimas posições, bem como as posições medianas, na classificação geral, com destaque para os genótipos 6 e 10, que ocuparam as posições 18^a e 19^a, respectivamente.

Isso pode ser explicado pela forte influência dos fatores ambientais na interação GxE, que refletiu diretamente no desempenho desses genótipos. Em contrapartida, genótipos que se apresentaram ao centro do Biplot (7, 11, 13, 17 e 20 - mas não 12 nem 14) obtiveram as melhores posições na classificação geral, o que indica que a menor sensibilidade desses

genótipos à influência do ambiente foi decisiva para o bom desempenho geral dos mesmos.

Ahmed e Hall (1993) afirmam que tanto o florescimento como o desenvolvimento de vagens e sementes em feijão-caupi apresentam sensibilidade a temperaturas mínimas elevadas. Dentre os 5 genótipos que apresentaram maior adaptabilidade e estabilidade (Tabela 7), apenas o genótipo 5 deixou de mostrar forte correlação com as variáveis Tmax e Tmin. Essas duas variáveis, como já mencionado, podem ser incluídas entre as mais relevantes no que diz respeito à produtividade de grãos (Figura 15). Sendo assim, pode ser dito que genótipos tais como 13, 17 e 20 reagem bem a altas temperaturas médias e, por isso, apresentaram desempenho superior em relação aos demais quando esse fator climático se apresentou como limitante.

Quando comparamos o desempenho dos genótipos 8 e 14 em locais contrastantes em relação à temperatura média, tais como Teresina (28°C) e Machado (18°C), percebe-se que no primeiro local o genótipo 8 obteve a 12ª posição e o genótipo 14, a 3ª. Em Machado, os resultados se inverteram, com o genótipo 8 apresentando o segundo melhor desempenho e o genótipo 14, a 11ª posição. Isso evidencia que a diferença de temperatura média é um fator importante na ocorrência da interação do tipo complexa para a produtividade de grãos em feijão-caupi (FALCONER; MACKAY, 1996; RAMALHO et al., 2012; HESLOT et al., 2014).

Já genótipos como 18 e 16 não reagiram bem a locais com pouca precipitação e baixa umidade relativa (Figura 16). Isso pode ser verificado quando é comparado o desempenho desses genótipos em locais com elevados NDP e Ptotal, como Balsas, e com precipitação mínima, como Teresina. No primeiro, os dois genótipos assumem as posições 5ª e 6ª, respectivamente. Já em Teresina, o desempenho cai para as posições 11ª e 14ª, respectivamente.

Também é observada a inversão no ordenamento dos genótipos sob influência das variáveis NDP, Ptotal e UR. O genótipo 9 mostrou correlação negativa com esses fatores. Quando plantado em Balsas (elevada pluviosidade e UR), apresentou-se na 14ª posição, mas em Teresina (pluviosidade média próxima a 0) esse genótipo foi o quinto mais produtivo. Em contrapartida, o genótipo 16, com forte correlação com NDP, Ptotal e UR, foi o sexto mais vantajoso em Balsas e apenas o 14ª em Teresina.

Figura 16 – Covariáveis-Biplots de acordo com os dois primeiros eixos gerados pela Análise de Componentes Principais entre 10 variáveis ambientais e os efeitos da interação GGE. O efeito GGE referente a cada genótipo é identificado por: “(Código do genótipo):E”

O genótipo 5 apresentou-se na 5ª posição geral segundo a estatística MHPRVG, e de acordo com a Figura 16, foi fortemente influenciado pela latitude e pela altitude. Comparando o desempenho desse genótipo entre Janaúba (533 m de altitude, e latitude 16°) e Macapá (16 m de altitude, e latitude 0°), ele apresentou-se na 1ª e na 17ª posição, respectivamente, levando-se em consideração que esses dois locais possuem temperaturas médias não tão contrastantes (diferença de 4°C).

De forma geral os genótipos 11, 13, 17 e 20 podem ser considerados vantajosos, pois associaram grande rusticidade à boa estabilidade produtiva, diferentemente dos genótipos 7, 16 e 18 que não produzem bem em ambientes mais secos e com temperatura média alta. Os genótipos 1, 2, 3, 4, 5, 6, 8 e 19 associaram melhor produtividade a latitudes e altitudes elevadas; contudo, com base na Tabela 7, a maioria desses genótipos (excetuando-se 5 e 8) apresentou desempenho inferior à média dos demais na maioria dos ambientes.

Quando se compara o desempenho dos genótipos com os padrões de genealogia dispostos na Tabela 1, pode-se observar que existe concordância entre o bom desempenho em termos de adaptabilidade, estabilidade e produtividade e o grau de parentesco apresentado entre as linhagens selecionadas aqui como vantajosas (11, 13, 17 e 20). Já genótipos como 1, 2, 3 e 4, que apresentaram baixa posição na classificação (segundo a MHPRVG), bem como comportamento semelhante em relação aos fatores ambientais (Figura 16), são todos oriundos do mesmo cruzamento (TE97-309G-24 x TE96-406-2E-28-2).

Os genótipos 11, 13 e 17 possuem pelo menos um parental em comum, a linhagem TE96-282-22G. Além disso, destaca-se que os genótipos 11 e 13 são descendentes do mesmo cruzamento (e da mesma linha, selecionada na geração F_7)², realizado entre as linhagens IT81D-1332 e TE96-282-22G. Ressalta-se que os quatro genótipos selecionados descendem diretamente de linhagens oriundas do Programa de Melhoramento de feijão-caupi do Instituto Internacional de Agricultura Tropical (IITA), em Ibadan, na Nigéria (marcadas pela inicial “IT”). A linhagem IT87D-611-3, recomendada para regiões do Leste e Sudeste da África, foi um dos parentais do genótipo 17, e o genótipo 20 teve como parental africano a linhagem IT85-2687.

Considera-se o feijão-caupi como uma espécie com grande potencial para ser cultivada em regiões onde fatores como a elevada intensidade solar, elevada temperatura média, e baixa pluviosidade são predominantes (SINGH, 2000). Essa tolerância é atribuída a várias caracterís-

²Para informações sobre a simbologia e registro de cruzamentos e linhagens em feijão-caupi, ver Freire Filho et al. (2005, capítulo 1)

ticas inerentes à cultura, tais como presença de raízes profundas, bom ajuste osmótico, e grande sensibilidade dos estômatos (SINGH, 2000; CHIULELE et al, 2011).

A baixa disponibilidade de água diminui a condutância estomática e aumenta a resistência ao vapor de água mediante fechamento dos estômatos, reduzindo a transpiração e o suprimento de CO₂ para a fotossíntese (OLIVEIRA et al., 2003). Bezerra et al. (2003) e Barrera-Figueroa et al. (2011) confirmam a variação na resposta fisiológica de diferentes cultivares de feijão-caupi quando submetidos a fatores de estresse como o *deficit* hídrico. Chiulele et al. (2011) usaram a abordagem com modelos mistos e modelos multivariados para avaliar a tolerância à seca de variedades de feijão-caupi cultivadas em Moçambique. Esses autores relataram a ocorrência de perdas significativas na produtividade de grãos da cultura, contudo, também foram capazes de identificar reações diferenciadas entre os genótipos avaliados.

Já Bastos et al. (2011), estudaram a resposta de 20 genótipos de feijão-caupi ao *deficit* hídrico no Nordeste do Brasil e observaram a ocorrência de uma redução de 60% na produtividade da cultura, mas classificaram algumas variedades como tolerantes a esse tipo de estresse ambiental. Diversos outros estudos têm focado a identificação de genótipos para resistência à seca (NASCIMENTO; PEDROSA; TAVARES SOBRINHO, 2004; SEKIYA; YANO, 2008; OLIVEIRA et al., 2011; FREITAS et al., 2013; ERKUT; AYSUN; GULUMSER, 2014), no entanto, estudos que demonstrem a influência direta do clima na produtividade em feijão-caupi, bem como de fatores geográficos ainda são escassos.

Também existe concordância com o presente estudo quando são observados os fatores climáticos que afetam outras espécies cultivadas. Liu et al. (2013), avaliando a variação no rendimento de um genótipo elite de milho quando cultivado em 34 locais, relataram que temperatura, pluviosidade e intensidade solar influenciaram consideravelmente o seu desempenho. Roma et al. (2012), avaliaram 18 genótipos de sorgo com auxílio de modelos de regressão fatorial, e obtiveram elevadas sensibilidades dos genótipos aos efeitos das variáveis temperatura mínima média e temperatura máxima média.

Em meloeiro, de acordo com Nunes et al. (2011), fatores climáticos como temperatura máxima, mínima e temperatura média foram as variáveis que mais influenciaram a interação GxE para o caráter produtividade. Já em cana-de-açúcar, Ramburan et al. (2011) identificaram que, dentre as variáveis sazonais, a temperatura e o *deficit* hídrico foram as mais importantes para o rendimento da cultura.

Além dos citados, diversos outros estudos utilizando modelos baseados em regressão

avaliaram a influência de variáveis ambientais na interação GxE de espécies cultivadas tais como milho (RAMASANT et al., 1996), trigo (BRANCOURT-HULMEL; LECOMTE, 2003; VOLTAS; LOPEZ-CORCOLES; BORRAS, 2005) e soja (OLIVEIRA et al., 2006). Contudo, esses estudos usaram apenas os coeficientes de regressão como medida da sensibilidade dos genótipos aos efeitos ambientais, o que pode ser desvantajoso dentro do contexto dos ensaios multiambientais (RESENDE, 2007; STEFANOVA; BUIRCHELL, 2010; HESLOT et al., 2014), sendo ainda escassa a utilização da predição (ao invés da estimação) dos efeitos genotípicos e ambientais, aliados a métodos multivariados, para a obtenção das respostas relativas dos genótipos a fatores climáticos.

A predição da resposta adaptativa de cada genótipo (BLUP de G), juntamente com a dos efeitos da interação GxE, quando correlacionados aos efeitos de variáveis ambientais, possibilitou o agrupamento dos genótipos e auxiliou no entendimento das causas das alterações nas respostas dos genótipos de feijão-caupi aos ambientes. Tal medida, quando aliada à identificação eficiente dos genótipos com melhor desempenho (tais como a obtida pela estatística MHPRVG), pode ser útil na recomendação das variedades, e também como uma ferramenta de auxílio no planejamento de programas de melhoramento que visam à resistência a certos fatores limitantes de produtividade, tais como o *deficit* hídrico.

3 CONCLUSÕES

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.

Já a estatística MHPRVG apontou os genótipos 5 (MNC02-676F-3), 11 (MNC03-737F-5-1), 13 (MNC03-737F-5-9), 17 (BRS Tumucumaque) e 20 (BRS Guariba) como de adaptação ampla e 1 (MNC02-675F-4-9) e 5 (MNC02-676F-3) como especificamente adaptados a alguns ambientes.

A análise MHPRVG foi mais adequada que a GGE Biplot, levando-se em consideração a natureza dos dados, por apresentar uma interpretação mais objetiva e simplificada.

A estratificação ambiental obtida pela Análise Fatorial foi considerada satisfatória, pois os dois primeiros eixos foram capazes de agrupar a maior parte dos ambientes de forma eficiente.

As variáveis sazonais “Temperatura Média”, “Umidade Relativa”, “Insolação Total”, “Numero de Dias de Precipitação” e “Precipitação Total” foram as que mais influenciaram o desempenho dos genótipos de feijão-caupi. A diferença no comportamento dos genótipos pode ser atribuída a fatores geográficos mais gerais como “Latitude” e “Altitude”.

O feijão-caupi sofre forte influência genética e variação nos padrões de adaptabilidade e estabilidade frente às variáveis ambientais estudadas aqui. Destacaram-se os genótipos 11 (MNC03-737F-5-1), 13 (MNC03-737F-5-9), 17 (BRS Tumucumaque) e 20 (BRS Guariba) como os que associaram maior produtividade de grãos a um comportamento estável quando submetidos a ambientes extremos.

O modelo Covariável-Biplot mostrou-se como uma ferramenta útil para relacionar os fatores ambientais importantes, bem como indicar a influência relativa desses fatores na produtividade dos genótipos de feijão-caupi.

REFERÊNCIAS

- ADEIGBE, O.O.; ADEWALE, B.D.; FAWOLE, I.O. Genetic variability, stability and relationship among some Cowpea, *Vigna unguiculata* (L.) Walp breeding lines. **Journal of Plant Breeding and Crop Science**, Lagos, v. 3, p. 203-208, 2011.
- AHMED, F.E.; HALL, A.E. Heat Injury during Early Floral Bud Development in Cowpea. **Crop Science**, Madison, v. 33, n. 4, p. 764-767, 1993.
- 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.
- AKELEY, R.V. Evaluation of potato varieties. **American Potato Journal**. Eeltsville, v. 35, p. 517-528, 1958.
- ALMEIDA FILHO, J.E.; TARDIN, F.D.; RESENDE, M.D.V.; SILVA, F.F.; GRANATO, I.S.C.; MENEZES, C.B. Genetic evaluation of grain sorghum hybrids in Brazilian environments using the REML/BLUP procedure. **Scientia Agricola**, Piracicaba, v. 71, n. 2, p. 146-150, 2014.
- ALMEIDA, W.S.; FERNANDES, F.R.B.; TEÓFILO, E.M.; BERTIN, C.H.C. Adaptability and stability of grain yield in cowpea under different biometries. **Revista Brasileira de Agrociência**, Pelotas, v. 18, p. 221-228, 2012.
- AREMU, C.O.; ARIYO, O.J.; ADEWALE, B.D. Assessment of selection techniques in genotype x environment interaction in cowpea *Vigna unguiculata* (L.) Walp. **African Journal of Agricultural Research**, Lagos, v. 2, p. 352-355, 2007.
- AUGUIE, B. **gridExtra**: functions in Grid graphics. R package version 0.9.1, 2012. Disponível em: <<http://CRAN.R-project.org/package=gridExtra>>. Acesso em: 10 dez. 2014.
- BARRERA-FIGUEROA, B.E.; GAO, L.; DIOP, N.N.; WU, Z.; EHLERS, J.D.; ROBERTS, P.A.; CLOSE, T.JR.; ZHU, J.K.; LIU, R. Identification and comparative analysis of drought-associated microRNAs in two cowpea genotypes. **BMC Plant Biology**, London, v. 127, p. 11, 2011.
- BARROS, M.A.; ROCHA, M.M.; GOMES, R.L.F.; DAMASCENO-SILVA, K.J.; NEVES, A.C. Adaptabilidade e estabilidade produtiva de feijão-caupi de porte semiprostrado. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 48, p. 4030-410, 2013.
- BASTOS, I.T.; BARBOSA, M.H.P.; RESENDE, M.D.V.; PETERNELLI, L.A.; SILVEIRA, L.C.I.; DONDA, L.R.; FORTUNATO, A.A.; COSTA, P.M.A.; FIGUEIREDO, I.C.R. Avaliação da interação genótipo x ambiente em cana-de-açúcar via modelos mistos. **Pesquisa Agropecuária Tropical**, Goiânia, v. 37, p. 195-203, 2007.

BASTOS, E.A.; NASCIMENTO, S.P.D.; SILVA, E.M.D.; FREIRE FILHO, F.R.; GOMIDE, R.L. Identification of cowpea genotypes for drought tolerance. **Revista Ciência Agronômica**, Fortaleza, v. 42, n. 1, p. 100-107, 2011.

BATES, D. **Computational Methods for Mixed Models**. R Foundation for Statistical Computing, 2012.

BATES, D.; MAECHLER, M.; BOLKER, B.; WALKER, S. **lme4**: Linear mixed-effects models using Eigen and S4. R package version 1.1-7, 2014. Disponível em: <<http://CRAN.R-project.org/package=lme4>>. Acesso em: 22 ago. 2014.

BECKETT, J.L. Variety x environment interactions in sugar beet variety trials. **Journal of Agricultural Science**, Cambridge, v. 98, p. 425-435, 1982.

BERNARDO, R. **Breeding for quantitative traits in plants**. 2nd. ed. Minnesota: Stemma Press, 2010. 400 p.

BEZERRA, F.M.L.; ARARIPE, M.A.E.; TEÓFILO, E.M.; CORDEIRO, L.G.; SANTOS, J.J.A.. Feijão caupi e déficit hídrico em suas fases fenológicas. **Revista Ciência Agronômica**, Fortaleza, v. 34, n. 01, p. 5-10, 2003.

BOER, M.P.; , WRIGHT, D.; FENG, L.; PODLICH, D.W.; LUO, L.; COOPER, M.; EEUWIJK, F.A. van. A Mixed-Model Quantitative Trait Loci (QTL) Analysis for Multiple-Environment Trial Data Using Environmental Covariables for QTL-by-Environment Interactions, With an Example in Maize. **Genetics**, Austin, v. 177, p. 1801-1813, 2007.

BORGES, V.; SOARES, A.A.; REIS, M.S.; RESENDE, M.D.; CORNÉLIO, V.M.O.; LEITE, N.A.; VIEIRA, A.R. Desempenho genotípico de linhagens de arroz de terras altas utilizando metodologia de modelos mistos. **Bragantia**, Campinas, v. 69, n. 4, p. 833-841, 2010.

BOX, G.E.P.; COX, D.R. An analysis of transformations. **Journal of the Royal Statistical Society**, London, v. 26, p. 211-252, 1964.

BRADSHAW, A.D. Evolutionary significance of phenotypic plasticity in plants. **Advances in Genetics**, New York, v. 13, p. 115-155, 1965.

BRANCOURT-HULMEL, M.; LECOMTE, C. Effect of environmental varieties of genotype x environment interaction of winter wheat: A comparison of biadditive factorial regression to AMMI. **Crop Science**, Madison, v. 43, p. 608-617, 2003.

BRIAN, S.E. **An R and S-PLUS® companion to multivariate analysis**. London: Springer-Verlag, 2005. 221 p.

BURGUEÑO, J.; CROSSA, J.; CORNELUIS, P.L.; YANG, R.C. Using factor analytic models for joining environments and genotypes without crossover genotype x environment interaction. **Crop Science**, Madison, v. 48, p. 1291-1305, 2008.

CAMPBELL, B.T.; CHEE, P.W.; LUBBERS, E.; BOWMAN, D.T.; MEREDITH, W.R.; JOHNSON, J.; JONES, D.C. Dissecting Genotype x Environment Interactions and Trait Correlations Present in the Pee Dee Cotton Germplasm Collection following Seventy Years of Plant Breeding. **Crop Science**, Madison, v. 52, p. 690-699, 2012.

CARBONELL, S.A.M.; CHIORATO, A.F.; RESENDE, M.D.; DIAS, L.D.S.; BERALDO, A.L.A.; PERINA, E.F. Estabilidade de cultivares e linhagens de feijoeiro em diferentes ambientes no estado de São Paulo. **Bragantia**, Campinas, v. 66, n. 2, p. 193-201, 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.

CLAUSEN, J.; KECK, D.D.; HIESEY, W.M. Experimental studies on the nature of species. III. In: **Environmental responses of climatic races of *Achillea***. Washington: Carnegie Inst.. Publ. 1948. 581 p.

COOPER, M.; DELACY, I.H. Relationships among analytical methods used to study genotypic variation and genotype-by-environment interaction in plant breeding multi-environment experiments. **Theoretical and Applied Genetics**. Berlin, v. 88, p. 561-72, 1994.

CROSSA, J. Statistical analyses of multilocation trials. **Advances in Agronomy**, New York, v. 44, p. 55-85, 1990.

CROSSA, J.; VARGAS, M.; VAN EEUWIJK, F.A.; JIANG, C.; EDMÉADES, G.O.; HOISINGTON, D. Interpreting genotype x environment interaction in tropical maize using linked molecular markers and environmental covariables. **Theoretical and Applied Genetics**. Berlin, v. 99, p. 611-625, 1999.

CRUZ, C.D.; CARNEIRO, P.C.S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. Viçosa: UFV, 2003. v. 2. 585 p.

CRUZ, C.D.; TORRES, R.A.; VENCOSKY, R. An alternative approach to the stability analysis proposed by Silva and Barreto. **Revista Brasileira de Genética**, Ribeirão Preto, v. 12, p. 567-80, 1989.

DARWIN, C. **The origin of species**. New Jersey: Castle Books, 1859. 447 p.

DENIS, J.B. Two-way analysis using covariates. **Statistics**, New York, v. 19, p. 123-132, 1988.

DOBZHANSKY, T.; LEVENE, H. Genetics of natural populations. Xxiv. Developmental homeostasis in natural populations of *Drosophila pseudoobscura*. **Heredity**, New York, v. 1151, p. 30-1, 1955.

DUARTE, J.B.; VENCOSKY, R. **Interação genótipos x ambientes: uma introdução à análise AMMI**. Ribeirão Preto: Sociedade Brasileira de Genética, 1999. 60 p.

EBERHART, S.A.; RUSSELL, W.A. Stability parameters for comparing varieties. **Crop Science**, Madison, v. 6, p. 36-40, 1966.

EEUWIJK, F.A. VAN.; DENIS, J.B.; KANG, M.S. Incorporating additional information on genotypes and environments in models for two-way genotype by environment tables. In: M.S.Kang and H.G. Gauch. **Genotype-by-environment interaction**. Boca Raton: CRC Press, 1996. p. 15-49.

EEUWIJK, F.A. VAN.; MALOSETTI, M.; YIN, X.; STRUIK, P.C.; STAM, P. Statistical models for genotype by environment data: from conventional ANOVA models to eco-physiological QTL models. **Australian Journal of Agricultural Research**, Collingwood, v. 56, p. 883-894, 2005.

ERKUT, P.; AYSUN, P.; GULUMSER, A. Leaf and stomata characteristics and tolerance of cowpea cultivars to drought stress based on drought tolerance indices under rainfed and irrigated conditions. **International Journal of Current Microbiology and Applied Sciences**, Tamilnadu, v. 3, p. 626-634, 2014.

FALCONER, D. S.; MACKAY, T. F. C. **Introduction to Quantitative Genetics**. 4 th . ed. Essex: Benjamin Cummings, 1996. 480 p.

FANG, J.; CHAO, C.C.T.; ROBERTS, P.A.; EHLERS, J.D. Genetic diversity of cowpea [*Vigna unguiculata* (L.) Walp.] in four West African and USA breeding programs as determined by AFLP analysis. **Genetic Resources and Crop Evolution**, Berlin, v. 54, p. 1197-1209, 2007.

FAO. **Climate-smart agriculture: Sourcebook**. Roma, 2013. 570 p.

FARIA, J.C.; DEMÉRITO, C.G.B. **bpca: Biplot of Multivariate Data Based on Principal Components Analysis**. R package version 1.2-2, 2014. Disponível em: <<http://CRAN.R-project.org/package=bpca>>. Acesso em: 10 dez. 2014.

FARIAS NETO, J.T.D.; MOURA, E.F.; RESENDE, M.D.V.D.; CELESTINO FILHO, P.; AUGUSTO, S.G. Genetic parameters and simultaneous selection for root yield, adaptability and stability of cassava genotypes. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 48, n. 12, p. 1562-1568, 2013.

FISCHER, R.A.; BYERLEE, D.; EDMEADES, G.O. **Can technology deliver on the yield challenge to 2050? Back- ground paper to the Expert Meeting on How to feed the World in 2050**. Rome: FAO, 2009.

- FINLAY, K. W.; WILKINSON, G.N. The analysis of adaptation in a plant-breeding programme. **Australian Journal of Agricultural Research**, Collingwood, v. 14, p. 742-754, 1963.
- FISHER, R.A. The correlation between relatives on the supposition of Mendelian inheritance. **Transactions of the Royal Society of Edinburgh**, Edinburgh, v. 52, p. 399-433, 1918.
- FISHER, R.A.; MACKENZIE, W.A. Studies in crop variation. II. The manurial response of different potato varieties. **The Journal of Agricultural Science**, London, v. 13, p. 311-320, 1923.
- FOX, P.N.; SKOVMAND, B.; THOMPSON, B.K.; BRAUN, H.J.; CORMIER, R. Yield and adaptation of hexaploid spring *triticale*. **Euphytica**, Wageningen, v. 47, p. 57-64, 1990.
- FREEMAN, G.H. Statistical methods for the analysis of genotype-environment interactions. **Heredity**, New York, v. 31, p. 339-354, 1973.
- FREEMAN, G.H.; PERKINS, J.M. Environment and genotype and environment components of variability. VII. Relation between genotype grown in different environments and measures of these environments. **Heredity**, New York, v. 27, p. 5-24, 1971.
- FREIRE FILHO, F.R.; LIMA, J.A.A.; VIANA, F.M.P.; RIBEIRO, V.Q. (Ed). **Feijão caupi: Avanços tecnológicos**. Brasília: Embrapa Informação Tecnológica, 2005. 519 p.
- 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.
- FREITAS, R.M.O. DE.; TORRES, S.B.; NOGUEIRA, N.W.; LEAL, C.C.P.; FARIAS, R.M. de. Produção e qualidade de sementes de feijão-caupi em função de sistemas de plantio e estresse hídrico. **Pesquisa Agropecuária Tropical**, Goiânia, v. 43, n. 4, p. 370-376, 2013.
- FRIPP, Y. Genotype-environmental interactions in *Schizophyllum commune*. II. Assessing the environment. **Heredity**, New York, v. 28, p. 223-238, 1972.
- FRITSCH NETO, R.; MIRANDA, G.V.; DELIMA, R.O.; SOUZA, H.N.D. Factor analysis and SREG GGE biplot for the genotype x environment interaction stratification in maize. **Ciência Rural**, Santa Maria, v. 40, n. 5, p. 1043-1048, 2010.
- FRUTOS, E.; GALINDO, M.P.; LEIVA, V. An interactive biplot implementation in R for modeling genotype-by-environment interaction. **Stochastic Environmental Research and Risk Assessment**, Berlin, v. 28, p. 1629-1641, 2014.
- GABRIEL, K.R. The biplot graphic display of matrices with application to principal component analysis. **Biometrics**, Washington, v. 58, p. 453-467, 1971.

GARBUGLIO, D.D.; GERAGE, A.C.; ARAÚJO, P.D.; FONSECA JUNIOR, N.D.S.; SHIOGA, P.S. Análise de fatores e regressão bissegmentada em estudos de estratificação ambiental e adaptabilidade em milho. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 42, p. 183-191, 2007.

GAUCH, H.G.Jr. Model selection and validation for yield trials with interaction. **Biometrics**. Washington, v. 44, p. 705-715, 1988.

____. **Statistical analysis of regional yield trials: AMMI Analysis of factorial design**. Amsterdam: Elsevier, 1992. 278 p.

____. Statistical analysis of yield trials by AMMI and GGE. **Crop Science**, Madison, v. 46, p. 1488-1500, 2006.

GAUSE, G.F. The Relation of Adaptability to Adaptation. **The Quarterly Review of Biology**. Moscow, v. 17, n. 2, p. 99-114, 1942.

GOMEZ, G.M.; UNEDA-TREVISOLI, S.H.; PINHEIRO, J.B.; DI MAURO, A.O. Adaptive and agronomic performances of soybean genotypes derived from different genealogies through the use of several analytical strategies. **African Journal of Agricultural Research**, Lagos, v. 9, p. 2146-2157, 2014.

GORNALL, J.; BETTS, R.; BURKE, E.; CLARK, R.; CAMP, J.; WILLETT, K.; WILTSHIRE, A. Implications of climate change for agricultural productivity in the early twenty-first century. **Philosophical Transactions of the Royal Society B-Biological Sciences**, London, v. 365, p. 2973-2989, 2010.

GOUVÊA, L.R.L.; SILVA, G.A.P.; VERARDI, C.K.; OLIVEIRA, A.L.B.; GONÇALVES, E.C.P.; SCALOPPI-JUNIOR, E.J.; SOUZA GONÇALVES, P. Rubber tree early selection for yield stability in time and among locations. **Euphytica**, Wageningen, v. 191, p. 365-373, 2013.

GRIFFING, B.; LANDRIGE, J. Phenotypic stability of growth in self fertilised species *Arabidopsis thaliana*. **Statistical Genetics and Plant Breeding**, Washington, v. 982, p. 369-394, 1963.

HALDANE, J.B.S. The interaction of nature and nurture. **Annals of Eugenics**, London, v. 13, p. 197-205, 1946.

HARDWICK, R.C.; WOOD, J.T. Regression methods of studying genotype-environment interactions. **Heredity**, New York, v. 28, p. 209-222, 1972.

HARRELL, F.E.JR.; DUPONT, C. **Hmisc: Harrell Miscellaneous**. R package version 3.14-4, 2014. Disponível em: <<http://CRAN.R-project.org/package=Hmisc>>. Acesso em: 10 dez. 2014.

HAUN, J.R. Early prediction of corn yields from daily weather data and single predetermined seasonal constants. **Agricultural Meteorology**, Amsterdam, v. 27, p. 191-207, 1982.

HENDERSON, C.R. Sire evaluation and genetics trends. In: ANIMAL BREEDING AND GENETICS SYMPOSIUM IN HONOUR OF J.LUSH, 1973, Champaign. **Proceedings...** Champaign: American society of animal science, 1973. p. 10-41.

HESLOT, N.; AKDEMIR, D.; SORRELLS, M.E.; JANNINK, J.L. Integrating environmental covariates and crop modeling into the genomic selection framework to predict genotype by environment interactions. **Theoretical and Applied Genetics**, Berlin, v. 127, p. 463-480, 2014.

HIROTSU, C. Defining the Pattern of Association in Two-way Contingency Tables. **Biometrika**, Cambridge, v. 70, p. 579-589, 1983.

HORNER, T.W.; FREY, K.J. Methods for determining natural areas for oat varietal recommendation. **Agronomy Journal**, Madison, v. 49, p. 313-315, 1957.

HUEHN, M. Non-parametric measures of phenotypic stability. Part 1: Theory. **Euphytica**, Wageningen, v. 47, p. 189-194, 1990.

INSTITUTO NACIONAL DE METEOROLOGIA. Estações e Dados. **BDMEP**: dados históricos. Disponível em: <<http://www.inmet.gov.br/portal/index.php?r=bdmep/bdmep>>. Acesso em: 12 dez. 2014.

KAHLE, D; WICKHAM, H. **ggmap**: A package for spatial visualization with Google Maps and OpenStreetMap. R package version 2.3, 2013. Disponível em: <<http://CRAN.R-project.org/package=ggmap>>. Acesso em: 13 set. 2014.

KAISER, H.F. The varimax criterion for analytic rotation in factor analysis. **Psychometrika**, Baltimore, v. 23, p. 187-201, 1958.

KANG, M.S. A rank-sum method for selecting high-yielding, stable corn genotypes. **Cereal Research Communications**, Szeged, v. 16, p. 113-115, 1988.

KEMPTON, R.A. The use of biplot in interpreting variety by environment interactions. **Journal of Agricultural Science**, London, v. 103, p. 123-135, 1984.

KETATA, H.; YAN, S.K.; NACHIT, M. Relative consistency performance across environments. In: INTERNATIONAL SYMPOSIUM ON PHYSIOLOGY AND BREEDING OF WINTER CEREALS FOR STRESSED MEDITERRANEAN ENVIRONMENTS. Montpellier, 1989. p. 3-6.

KUZNETSOVA, A.; BROCKHOFF, P.B.; CHRISTENSEN, R.H.B. **lmerTest**: Tests for random and fixed effects for linear mixed effect models (lmer objects of lme4 package). R package version 2.0-11, 2014. Disponível em: <<http://CRAN.R-project.org/package=lmerTest>>. Acesso em: 25 ago. 2014.

- LEWIS, D. Gene-environment interaction: A relationship between dominance, heterosis, phenotypic stability and variability. **Heredity**, New York, v. 8, p. 333-356, 1954.
- LIU, Y.; HOU, P.; XIE, R.; LI, S.; ZHANG, H.; MING, B.; LIANG, S. Spatial Adaptabilities of Spring Maize to Variation of Climatic Conditions. **Crop Science**, Madison, v. 53, p. 1693-1703, 2013.
- LOBELL, D.; SCHELENKER, W.; COSTA-ROBERTS, J. Climate trends and global crop production since 1980. **Science**, New York, v. 333, p. 616-620, 2011.
- MANDEL, J. Non-additivity in two-way analysis of variance. **Journal of the American Statistical Association**, Washington, v. 56, p. 878-888, 1961.
- MANLY, B.F.J. **Métodos Estatísticos Multivariados - Uma Introdução**. Tradução de: S. I.C. Carmona. 3 ed. Porto alegre: ARTMED, 2008. 229 p.
- MANTEL, J. A new analysis of variance model for non-additive data. **Technometrics**, Alexandria, v. 13, p. 1-18, 1971.
- MATHEWS, K.Y.L.; CHAPMAN, S.C.; TRETHOWAN, R.; PFEIFFER, W.; VAN GINKEL, M.; CROSSA, J.; COOPER, M. Global adaptation patterns of Australian and CIMMYT spring bread wheat. **Theoretical and Applied Genetics**, Berlin, v. 115, p. 819-835, 2007.
- MENDES, F.F.; GUIMARÃES, L.J.M.; SOUZA, J.C.; GUIMARÃES, P.E.O.; PACHECO, C.A.P.; MACHADO, J.R.D.A.; PARENTONI, S. N. Adaptability and stability of maize varieties using mixed model methodology. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, Viçosa, v. 12, p. 111-117, 2012.
- MENDIBURU, F. de. **agricolae**: Statistical Procedures for Agricultural Research. R package version 1.2-0, 2014. Disponível em: <<http://CRAN.R-project.org/package=agricolae>>. Acesso em: 5 jul. 2014.
- NASCIMENTO, J.T.; PEDROSA, M.B.; TAVARES SOBRINHO, J. Efeito da variação de níveis de água disponível no solo sobre o crescimento e produção de feijão caupi, vagens e grãos verdes. **Horticultura Brasileira**, Brasília, v. 22, n. 2, p. 174-177, 2004.
- NASSAR, R.; HUEHN, M. Studies on estimation of phenotypic stability: Test of significance for nonparametric measures of phenotypic stability. **Biometrics**, Washington, v. 43, p. 45-53, 1987.
- NDHLELA, T.; HERSELMAN, L.; MAGOROKOSHO, C.; SETIMELA, P.; MUTIMAAMBA, C.; LABUSCHAGNE, M. Genotype x Environment Interaction of Maize Grain Yield Using AMMI Biplots. **Crop Science**, Madison, v. 54, p. 1992-1999, 2014.
- NELSON, G.C.; ROSEGRANT, M.W.; PALAZZO, A.; GRAY, I.; INGERSOLL, C.; ROBERTSON, R.; YOU, L. **Food security, farming, and climate change to 2050: scenarios, results, policy options**. Washington: International Food Policy Research Institute, 2010. 155 p.

- NUNES, G.H.S.; ANDRADE NETO, R.C.; COSTA FILHO, J.H.; MELO, S.B. Influência de variáveis ambientais sobre a interação genótipos x ambientes em meloeiro. **Revista Brasileira de Fruticultura**, Jaboticabal, v. 33, n. 4, p. 1194-1199, 2011.
- NUNES, H.F.; FREIRE FILHO, F.R.; RIBEIRO, V.Q.; GOMES, R.L.F. Grain yield adaptability and stability of blackeyed cowpea genotypes under rainfed agriculture in Brazil. **African Journal of Agricultural Research**, Lagos, v. 9, p. 255-261, 2014.
- OLAYIWOLA, M.O.; ARIYO, O.J. Relative discriminatory ability of GGE biplot and YSi in the analysis of genotype x environment interaction in Okra (*Abelmoschus esculentus*). **International Journal of Plant Breeding and Genetics**, New York, v. 7, p. 146-158, 2013.
- 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.
- OLIVEIRA, G.A.; ARAÚJO, W.F.; CRUZ, P.L.S.; SILVA, W.L.M.D. FERREIRA, G.B. Response of cowpea to water levels and phosphate fertilizer on the savanna of Roraima. **Revista Ciência Agronômica**, Fortaleza, v. 42, n. 4, p. 872-882, 2011.
- PADEREWSKI, J.; GAUCH, H.G.; MAŁDY, W.; DRZAZGA, T.; RODRIGUES, P.C. Yield response of winter wheat to agro-ecological conditions using additive main effects and multiplicative interaction and cluster analysis. **Crop Science**, Madison, v. 51, p. 969-980, 2011.
- PATEL, H.D.; PATEL, H.C.; SITAPARA, H.H.; NAYEE, D.D. Influence of plant growth regulators on growth and green pop yield of cowpea [*Vigna unguiculata* (L.) Walp]. **Asian Journal of Horticulture**, Muzaffarnagar, v. 6, p. 491-495, 2011.
- PATTERSON, H.D.; THOMPSON, R. Recovery of Inter-Block Information when Block Sizes are Unequal. **Biometrika**, Cambridge, v. 58, n. 3, p. 545-554, 1971.
- PEREIRA, A.S.; COSTA, D.M. da. Análise de estabilidade de produção de genótipos de batata no Rio Grande do Sul. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 33, n. 4, p. 405-409, 1998.
- PERKINS, J.M. The principal component analysis of genotype-environmental. **Heredity**, New York, v. 29, p. 51-70, 1972.

PERKINS, J.M; JINKS, J.L. Environmental and genotype-environmental components of variability. Multiples lines and crosses. **Heredity**, New York, v. 23, p. 239-256, 1968.

PIEPHO, H.P. Analyzing genotype-environment data by mixed models with multiplicative effects. **Biometrics**, Washington, v. 53, p. 761-766, 1997.

____. Empirical best linear unbiased prediction in cultivar trials using factor-analytic variance-covariance structures. **Theoretical and Applied Genetics**, Berlin, v. 97, p. 195-201, 1998.

PIGLIUCCI, M. **Phenotypic plasticity: beyond nature and nurture**. Baltimore: Johns Hopkins University. Press, 2001. 344 p.

PINHEIRO, J.; BATES, D.; DEBROY, S.; SARKAR, D.; R CORE TEAM. **nlme: Linear and Nonlinear Mixed Effects Models**. R package version 3.1-117, 2014. Disponível em: <URL: <http://CRAN.R-project.org/package=nlme>>. Acesso em: 12 dez. 2014.

PINHEIRO, L.C.M.; VIEIRA, P.I.; FARIA, V.R.; OLIVEIRA, A.G; HASUI, A.A.; PINTO, E.H.G.; ARRUDA, K.M.A.; PIOVESAN, N.D.; MOREIRA, M.A. Parentesco na seleção para produtividade e teores de óleo e proteína em soja via modelos mistos. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v.48, n.9, p.1246-1253, 2013.

PLAISTED, R.L.; PETERSON, L.C. A technique for evaluating the ability of selections to yield consistently in different locations or seasons. **American Potato Journal**, Washington, v. 36, n. 6, p. 381-385, 1959.

R Development Core Team. **R: A Language and Environment for Statistical Computing**. R Foundation for Statistical Computing, 2014. Disponível em: <<http://www.R-project.org>>. Acesso em: 5 jan. 2014.

RAICHE, G. **nFactors: an R package for parallel analysis and non graphical solutions to the Cattell scree test**. R package version 2.3.3, 2010. Disponível em: <<http://CRAN.R-project.org/package=nFactors>>. Acesso em: 2 jan. 2015.

RAKSHIT, S.; GANAPATHY, K.N.; GOMASHE, S.S.; RATHORE, A.; GHORADE, R.B.; KUMAR, M.N.; PATIL, J.V. GGE biplot analysis to evaluate genotype, environment and their interactions in sorghum multi-location data. **Euphytica**, Wageningen, v. 185, p. 465-479, 2012.

RAMALHO, M. A. P.; ABREU, A. de F. B.; SANTOS, J. B. dos; NUNES, J. A. R. **Aplicações da Genética Quantitativa no Melhoramento de Plantas Autógamas**. Lavras: UFLA, 2012. 522 p.

RAMASAMT, P.; SUBBARAMAN, N.; VENKATACHALAM, R.; SOUNDRAPANDIAN, G. Contribution of weather variables to G x E interaction in finger millet genotypes. **International Sorghum and Millets Newsletter**, Texas, v. 37, p. 79-81, 1996

RAMBURAN, S.A.; ZHOU, M.A.; LABUSCHAGNE, M. Interpretation of genotype x environment interactions of sugarcane: Identifying significant environmental factors. **Field Crops Research**, Elektronisk udgave, v. 124, p. 392-399, 2011.

RESENDE, M.D.V. **Matemática e estatística na análise de experimentos e no melhoramento genético**. Colombo: Embrapa Florestas, 2007. 435 p.

RESENDE, M.D.V.; DUARTE, J.B. Precisão e controle de qualidade em experimentos de avaliação de cultivares. **Pesquisa Agropecuária Tropical**, Goiania, v. 37, p. 182-194, 2007.

RESENDE, M.D.V.; THOMPSON, R. Factor analytic multiplicative mixed models in the analysis of multiple experiments. **Revista de Matemática e Estatística**, Jaboticabal, v. 22, p. 1-22, 2004.

RIBEIRO, J.Z.; ALMEIDA, M.I.M. Estratificação ambiental pela análise da interação genótipo x ambiente em milho. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 46, n. 8, p. 875-883, 2011.

RODRIGUES, W.P.; VIEIRA, H.D.; BARBOSA, D.H.; SOUZA FILHO, G.R.; CANDIDO, L.S. Adaptability and genotypic stability of Coffea arabica genotypes based on REML/BLUP analysis in Rio de Janeiro State, Brazil. **Genetics and Molecular Research**, Ribeirão Preto, v. 12, p. 2391-2399, 2013.

RODRIGUEZ, M.; RAU, D.; PAPA, R.; ATTENE G. Genotype by environment interactions in barley (*Hordeum vulgare* L.): Different responses of landraces, recombinant inbred lines and varieties to Mediterranean environment. **Euphytica**, Wageningen, v. 163, p. 231-247, 2008.

ROMA, R. DAS.; ANIL KUMAR, V.; RAKSHIT, S.; MARABOINA, R.; PANWAR, S.; SAVADIA, S.; RATHORE, A. Interpreting Genotype by Environment Interaction Using Weather Covariates. **Journal of Statistics and Applications**, New Delhi, v. 10, p. 45-62. 2012.

ROSADO, A.M.; ROSADO, T.B.; ALVES, A.A.; LAVIOLA, B.G.; BHERING, L.L. Seleção simultânea de clones de eucalipto de acordo com produtividade, estabilidade e adaptabilidade. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 47, n. 7, p. 964-971, 2012.

SALMON, S.C. Analysis of variance and long time variety tests of wheat. **Agronomy Journal**, Madison, v. 43, p. 562-70, 1951.

SAMONTE, S.O.P.B.; WILSON, L.T.; MCCLUNG, A.M.; MEDLEY, J.C. Targeting Cultivars onto Rice Growing Environments Using AMMI and SREG GGE Biplot Analyses. **Crop Science**, Madison, v. 45, p. 2414-2424, 2005.

SANDISON, A.; BARTLETT, B.O. Comparison of varieties for yield. **Journal of the National Institute of Agricultural Botany**, Cambridge, v. 8, p. 351-357, 1958.

SARKAR, D. **Lattice: Multivariate Data Visualization with R**. New York: Springer, 2008.

- SCHAEFFER, L.R. Application for random models in animal breeding. **Livestock production science**, Amsterdam, v. 86, p. 35-45, 2004.
- SCHLICHTING, C.D. The Evolution of Phenotypic Plasticity in Plants. **Annual Review of Ecology and Systematics**, Palo Alto, v. 17, p. 667-693, 1986.
- SCHLICHTING, C.D.; LEVIN, D.A. Effects of inbreeding on phenotypic plasticity in cultivated Phlox. **Theoretical and Applied Genetics**, Berlin, v. 72, p. 114-119, 1986.
- SEARLE, S.R.; CASELLA, G.; McCULLOCH, C.E. **Variance Components**. New York: John Wiley & Sons, 1992. 501 p.
- SEKIYA, N.; YANO, K. Stomatal density of cowpea correlates with carbon isotope discrimination in different phosphorus, water and CO₂ environments. **New Phytologist**, Oxford, v. 179, p. 799-807. 2008.
- SHARMA, R.C.; ORTIZ-FERREIRA, G.; CROSSA, J.; BHATTA, M.R.; SUFIAN, M.A.; SHORAN, J.; ORTIZ, R. Wheat grain yield and stability assessed through regional trials in the eastern Gangetic Plains of South Asia. **Euphytica**, Wageningen, v. 157, p. 457-464, 2007.
- SHIRINGANI, R.P.; SHIMELIS, H.A. Yield response and stability among cowpea genotypes at three planting dates and test environment. **African Journal of Agricultural Research**, Lagos, v. 6, p. 3259-3263, 2011.
- SHUKLA, G.K. Some statistical aspects of partitioning genotype-environmental components of variability. **Heredity**, New York, v. 29, p. 237-245, 1972.
- SILVA, J.G.C.; BARRETO, J.N. Aplicação da regressão linear segmentada em estudos da interação genótipo x ambiente. In: SIMPÓSIO DE EXPERIMENTAÇÃO AGRÍCOLA, 1985, Piracicaba. **Anais...** Piracicaba: ESALQ/USP, 1985. p. 49-50.
- SILVA, G.O.; CARVALHO, A.D.F. DE.; VIEIRA, J.V.; FRITSCHÉ-NETO, R. Adaptabilidade e estabilidade de populações de cenoura. **Horticultura Brasileira**, Brasília, v. 30, n. 1, p. 80-83, 2012.
- SILVEIRA, L.C.I.; KIST, V.; PAULA, T.O.M.D.; BARBOSA, M.H.P.; PETERNELLI, L.A.; DAROS, E. AMMI analysis to evaluate the adaptability and phenotypic stability of sugarcane genotypes. **Scientia Agricola**, Piracicaba, v. 70, n. 1, p. 27-32, 2013.
- SIMMONDS, N.W. Variability in crop plants, its use and conservation. **Biological Reviews of the Cambridge Philosophical Society**, Cambridge, v. 37, p. 422-465, 1962.
- 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.

- SINGH, A.; KAKANI, V.G.; SURABHI, G.K.; REDDY, K.R. Cowpea (*Vigna unguiculata* [L.] Walp.) genotypes response to multiple abiotic stresses. **Journal of Photochemistry and Photobiology B: Biology**, Elektronisk udgave, v. 100, p. 135-146, 2010.
- SØRENSEN, T. Adaptation of small plants to deficient nutrition and a short growing season. Illustrated by cultivation experiments with *Capsella bursa-pastoris* (L.). **Botanisk Tidsskr**, Kbh, v. 51, p. 339-361, 1954.
- SPRAGUE, G.F.; FEDERER, W.T. A comparison of variance components in corn yield trials. II. Error, year x variety, location x variety and variety components. **Agronomy journal**, Madison, v. 43, p. 535-541, 1951.
- STEFANOVA, K.; BUIRCHELL, B. Multiplicative Mixed Models for Genetic Gain Assessment in Lupin Breeding. **Crop Science**, Madison, v. 50, p. 880-891, 2010.
- THOMASON, W.E.; PHILLIPS, S.B. Methods to evaluate wheat cultivar testing environments and improve cultivar selection protocols. **Field Crops Research**, Elektronisk udgave, v. 99, p. 87-95, 2006.
- THORNTON, P.; CRAMER, L. (Ed.). **Impacts of climate change on the agricultural and aquatic systems and natural resources within the CGIAR's mandate. CCAFS Working Paper 23**. Copenhagen: CCAFS, 2012. 201 p.
- TORRICELLI, R.; CIANCALEONI, S.; NEGRI, V. Performance and stability of homogeneous and heterogeneous broccoli (*Brassica oleracea* L. var. *italica* Plenck) varieties in organic and low-input conditions. **Euphytica**, Wageningen, v. 199, p. 385-395, 2014.
- VARGAS, M.; VARGAS, M.; CROSSA, J.; SAYRE, K.; REYNOLDS, M.; RAMÍREZ, M.E.; TALBOT, M. Interpreting genotype x environment interaction in wheat by partial least squares regression. **Crop Science**, Madison, v. 38, p. 679-689, 1998.
- VARGAS, M.; VAN EEUWIJK, F.A.; CROSSA, J.; RIBAUT, J.M. Mapping QTLs and QTL x environment interaction for CIMMYT maize drought stress program using factorial regression and partial least squares methods. **Theoretical and Applied Genetics**, Berlin, v. 112, p. 1009-1023, 2006.
- VENCOVSKY, R.; BARRIGA, P. **Genética biométrica no fitomelhoramento**. Ribeirão Preto: Sociedade Brasileira de Genética, 1992. 486 p.
- VERARDI, C.K.; RESENDE, M.D.; COSTA, R.D.; GONÇALVES, P.D.S. Adaptabilidade e estabilidade da produção de borracha e seleção em progênies de seringueira. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 44, n. 10, p. 1277-1282, 2009.
- VIJAYKUMAR, A.; SAINI, A.; JAWALI, N. Phylogenetic Analysis of Subgenus *Vigna* Species Using Nuclear Ribosomal RNA ITS: Evidence of Hybridization among *Vigna unguiculata* Subspecies. **Journal of Heredity**, Oxford, v. 101, n. 2, p. 177-188, 2010.

- VOLTAS, J.; LOPEZ-CORCOLES, H.; BORRAS, G. Use of biplot analysis and factorial regression for the investigation of superior genotypes in multi-environment trials. **European Journal of Agronomy**, Elektronisk udgave, v. 22, p. 309-324, 2005.
- WEISBERG, S. **Applied Linear Regression**. New York: Wiley, 1980. p. 283
- WICKHAM, H. **ggplot2: elegant graphics for data analysis**. New York: Springer, p. 2197-5736, 2009.
- WILLIAMS, W. Relative variability of inbred lines and F1 hybrids in *Lycopersicum esculentum*. **Genetics**, New York, v. 45, p. 1457-1465, 1960.
- WINDHAUSEN, V.S.; WAGENER, S.; MAGOROKOSHO, C.; MAKUMBI, D.; VIVEK, B.; PIEPHO, H.P.; ATLIN, G.N. Strategies to subdivide a target population of environments: results from the CIMMYT led maize hybrid testing programs in Africa. **Crop Science**, Madison, v. 52, p. 2143-2152, 2012.
- WITCOMBE, Jr.; WHITTINGTON, W.J. A study of the genotype seeds of *Brassica napus*. **Heredity**, New York, v. 26, p. 397-411, 1971.
- WOOD, J.T. The use of environmental variables in the interpretation of genotype-environment interaction. **Heredity**, New York, v. 37, p. 1-7, 1976.
- WRIGHT, S. **Evolution in mendelian populations**. Chicago: University of Chicago, 1930. 20 p.
- YAN, W.; HUNT, L.A. Biplot analysis of diallel data. **Crop Science**, Madison, v. 42, p. 21-30, 2002.
- 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.
- YAN, W.; HUNT, L.A.; SHENG, Q.; SZLAVNICS, Z. Cultivar evaluation and mega-environment investigation based on the GGE biplot. **Crop Science**, Madison, v. 40, p. 597-605, 2000.
- YANG, R.C.; CROSSA, J.; CORNELIUS, P.L.; BURGUEÑO, J. Biplot analysis of genotype x environment interaction: proceed with caution. **Crop Science**, Madison, v. 49, p. 1564-1576, 2009.
- YATES, F.; COCHRAN, W.G. The analysis of group of experiments. **Journal of Agricultural Science**, Cambridge, v. 28, p. 556-580, 1938.
- YOKOMIZO, G.K.; DUARTE, J.B.; VELLO, N.A.; UNFRIED, J.R. Análise AMMI da produtividade de grãos em linhagens de soja selecionadas para resistência à ferrugem asiática. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 48, n. 10, 2013.

ZOBEL, R.W.; WRIGHT, M.J.; GAUCH, H.G. Statistical analysis of a yield trial. **Agronomy Journal**, Madison, v. 80, p. 388-393, 1988.

ANEXOS

ANEXO A - Rankings de 20 genótipos de feijão-caupi avaliados em 82 ambientes (Locais x Anos) para o caráter produtividade de grãos

(Continua)																					
Genótipos																					
	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17	18	19	20	
PR11	4	8	12	7	6	18	14	13	2	17	11	1	16	19	20	10	15	5	9	3	
AQU1	16	18	19	13	8	15	12	14	9	20	5	6	3	11	7	17	2	10	1	4	
CHAI	4	17	13	20	5	11	6	3	2	7	9	15	14	12	18	16	1	8	19	10	
DOU1	12	13	14	16	17	1	10	5	6	8	18	19	15	20	2	4	9	7	3	11	
AQU2	12	6	17	5	7	3	19	10	18	16	15	13	11	20	14	1	4	8	9	2	
CHAI2	7	16	17	9	15	20	18	10	3	14	1	8	4	12	2	13	5	19	11	6	
DOU2	11	7	14	15	10	8	20	6	13	19	12	5	18	9	17	16	1	2	4	3	
AQU3	19	18	11	7	4	2	5	13	14	15	16	9	6	17	12	20	3	10	8	1	
DOU3	17	14	16	19	11	7	10	5	12	15	2	6	9	18	13	8	3	1	20	4	
PR12	3	2	5	1	7	19	10	4	17	9	8	13	20	16	11	12	15	6	18	14	
PR13	2	7	1	3	14	10	6	8	9	13	11	15	19	20	5	12	16	18	17	4	
ARA1	17	16	18	20	13	15	12	9	6	14	7	3	2	4	11	1	10	5	19	8	
ARI1	14	11	3	1	2	9	4	13	10	6	8	7	19	18	12	15	16	17	20	5	
ARI2	14	11	13	12	18	19	7	3	16	20	4	2	1	6	5	9	17	8	15	10	
BAL1	18	17	11	15	4	10	6	12	9	14	20	5	13	19	1	2	3	7	16	8	
BAL2	7	10	12	19	3	6	15	11	16	2	8	20	18	13	14	17	1	5	9	4	
BAL3	1	3	2	10	6	20	9	7	11	15	14	12	16	19	13	5	18	8	17	4	
BAR1	6	11	20	15	18	13	1	9	16	19	17	5	4	14	3	12	2	7	10	8	
BAR2	19	20	11	10	14	18	2	3	13	1	6	9	7	5	12	15	4	8	16	17	
BAR3	20	9	16	5	18	19	8	3	7	10	1	6	12	2	15	4	13	17	14	11	
BIP1	3	4	1	7	8	10	5	12	18	15	19	13	14	17	6	16	2	11	20	9	
BIP2	13	8	17	6	18	14	4	5	9	19	12	10	1	7	16	11	3	15	2	20	
BUR1	8	12	16	15	17	19	7	9	13	20	18	2	1	3	6	5	11	14	10	4	
CGP2	8	2	5	1	17	12	13	11	16	15	6	9	19	18	7	3	4	10	20	14	
CAR2	12	2	3	13	8	17	15	10	19	16	6	5	4	1	7	11	14	9	18	20	
CAR3	19	12	18	16	8	11	15	9	13	20	3	1	5	7	4	6	14	10	17	2	
FRP2	14	7	5	15	8	17	16	10	19	12	9	6	2	1	3	4	13	11	20	18	
FRP3	17	13	19	18	14	16	12	6	10	20	4	2	11	15	7	9	3	5	8	1	
ITP1	12	18	19	17	16	20	13	3	5	9	2	6	1	4	11	10	7	8	14	15	
ITP2	17	2	6	1	14	8	9	3	12	18	7	19	16	15	5	4	13	20	11	10	
ITP3	9	14	15	8	11	20	6	7	1	17	16	13	4	5	3	12	18	10	19	2	
ITA1	10	18	13	11	19	17	8	5	9	20	4	12	2	14	15	1	3	6	16	7	
ITA2	3	17	1	2	6	12	8	15	13	19	14	4	16	9	7	11	20	5	18	10	
ITA3	7	13	19	20	10	16	17	14	11	12	1	4	9	3	8	2	15	5	18	6	
LAN2	15	7	18	20	14	17	9	16	10	4	13	6	5	3	8	2	12	1	19	11	
LAN3	19	20	16	18	17	14	12	3	9	4	1	15	2	7	11	10	13	5	6	8	
NSDI	10	2	4	1	8	15	3	5	9	14	16	11	4	5	1	3	9	7	8	10	
PAC2	15	17	20	18	13	19	2	14	12	16	11	4	5	1	3	9	7	8	10	6	
SJP2	16	10	12	14	13	18	19	17	8	11	5	6	2	1	20	7	15	3	9	4	
SRM1	14	18	17	15	10	11	4	3	20	19	9	5	6	7	16	8	1	12	13	2	
SRM2	10	14	4	5	1	13	6	8	7	12	19	16	11	20	17	18	15	3	2	9	
SRM3	9	13	10	12	17	18	2	7	15	19	5	8	4	3	16	20	1	6	11	14	
STA1	3	4	5	1	2	14	13	12	9	6	17	18	20	16	15	7	11	8	19	10	
STA2	2	4	6	7	1	12	11	14	10	13	9	15	17	16	19	18	5	8	20	3	
SOU3	3	11	16	9	5	15	1	20	13	10	2	4	6	7	8	17	18	14	19	12	
TER3	13	6	14	9	19	17	18	15	2	5	16	10	8	12	3	11	1	7	20	4	
UMB3	2	11	10	16	1	13	17	12	15	4	14	8	20	19	7	3	5	18	9	6	
URU3	20	17	14	18	13	7	4	10	15	11	9	16	3	12	1	5	6	2	19	8	

ANEXO B - *Interaction-plot* demonstrando a inversão do ordenamento entre 20 genótipos de feijão-caupi em 47 locais para o caráter produtividade de grãos