

**UNIVERSIDADE FEDERAL DA GRANDE DOURADOS**

**ADAPTABILIDADE E ESTABILIDADE DE GENÓTIPOS  
DE FEIJÃO-CAUPI VIA REML/BLUP E GGE-BILOT**

**HADASSA KATHYUCI ANTUNES DE ABREU**

**DOURADOS  
MATO GROSSO DO SUL  
2018**

**ADAPTABILIDADE E ESTABILIDADE DE GENÓTIPOS DE  
FEIJÃO-CAUPI VIA REML/BLUP E GGE-BILOT**

HADASSA KATHYUCI ANTUNES DE ABREU

Engenheira Agrônoma

Orientador: Prof. Dr. GESSÍ CECCON

Dissertação apresentada à Universidade Federal da Grande Dourados, como parte das exigências do Programa de Pós-Graduação em Agronomia – Produção Vegetal, para obtenção do título de Mestre.

Dourados

Mato Grosso do Sul

2018

**Dados Internacionais de Catalogação na Publicação (CIP).**

A162a Abreu, Hadassa Kathyuci Antunes De  
ADAPTABILIDADE E ESTABILIDADE DE GENÓTIPOS DE  
FEIJÃO-CAUPI VIA REML/BLUP E GGE-BILOT / Hadassa Kathyuci  
Antunes De Abreu -- Dourados: UFGD, 2018.  
60f. : il. ; 30 cm.

Orientador: Gessi Ceccon

Dissertação (Mestrado em Agronomia) - Faculdade de Ciências Agrárias,  
Universidade Federal da Grande Dourados.

1. Vigna unguiculata. 2. interação genótipos × ambientes. 3. análise  
multivariada. 4. modelos mistos. I. Título.

Ficha catalográfica elaborada automaticamente de acordo com os dados fornecidos pelo(a) autor(a).

**©Direitos reservados. Permitido a reprodução parcial desde que citada a fonte.**

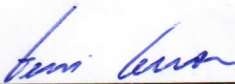
**ADAPTABILIDADE E ESTABILIDADE DE GENÓTIPOS DE FEIJÃO CAUPI  
VIA REML/BLUP E GGE BILOT**

por

**Hadassa Kathyuci Antunes de Abreu**

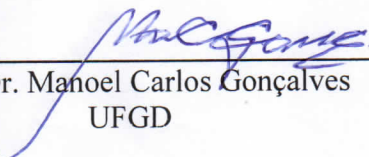
Dissertação apresentada como parte dos requisitos exigidos para a obtenção do título de  
MESTRE EM AGRONOMIA

Aprovada em: 26 / 02 / 2018



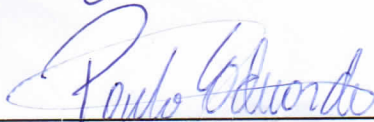
---

Prof. Dr. Gessi Ceccon  
UFGD  
(Orientador)



---

Prof. Dr. Manoel Carlos Gonçalves  
UFGD



---

Prof. Dr. Paulo Eduardo Teodoro  
UFMS

A DEUS

Aos meus pais, José Abreu e Edina Antunes

Aos meus irmãos, Herly e Husley

Ao Anderson Ramires Candido

**DEDICO**

## **AGRADECIMENTO**

Agradeço primeiramente a DEUS, pois ele é responsável por tudo que sou e que tenho.

À Universidade Federal da Grande Dourados pela oportunidade da realização deste curso, a Embrapa Agropecuária Oeste pela infraestrutura cedida para o desenvolvimento dessa pesquisa.

À CAPES (Coordenação de Aperfeiçoamento Pessoal de Nível Superior) pela bolsa concedida.

Ao Prof. Dr. Engº Agrônomo Gessí Ceccon, pela orientação, ensinamentos, paciência e apoio durante o curso e realização deste trabalho, minha eterna gratidão.

Aos membros da banca, Prof. Dr Agenor Martinho Correa, Profª Dra Liliam Silvia Candido. Prof. Dr. Manoel Carlos Gonçalves, Prof. Dr. Paulo Eduardo Teodoro, pelas disposições de fazer parte desta qualificação e defesa.

Agradeço infinitamente a minha mãe Edina Antunes de Abreu, ao meu pai Jose Ferreira de Abreu, aos meus irmãos Herly Augusto Antunes de Abreu e Husley Maiko Antunes de Abreu, ao meu namorado Anderson Ramires Candido, por serem o meu suporte e minha inspiração durante esta caminhada.

Aos meus Familiares, pelo apoio, orações e incentivo de sempre, muito Obrigada.

Aos meus amigos e colaboradores, Renato Albuquerque da Luz, Ricardo Fachinelli, Agilio Antonio da Silva Neto, Luan Marlon Ribeiro, Gabriele Berno Oliveira, Caroline Alves Gabbi, Euriann Lopes Marques Yamamoto, e aos funcionários da Embrapa Agropecuária Oeste pelo auxílio na condução do experimento.

Enfim, a todos que de alguma forma me ajudaram, acompanharam e incentivaram, meus sinceros agradecimentos a vocês.

# SUMÁRIO

	PÁGINA
<b>INTRODUÇÃO</b> .....	11
<b>REVISÃO BIBLIOGRÁFICA</b> .....	13
1. Aspecto gerais sobre o feijão-caupi ( <i>Vigna unguiculata (L.) Walp.</i> ) .....	13
2. Melhoramento do feijão-caupi no Brasil.....	15
3. Interação Genótipos x Ambientes .....	17
4. Adaptabilidade e estabilidade fenotípica.....	19
5. Metodologias para estratificação ambiental e estabilidade fenotípica .....	20
<b>MATERIAL E MÉTODOS</b> .....	24
1. Instalação e condução do experimento .....	24
2. Análise estatística.....	27
2.1 Análise de variância individuais e conjunta .....	28
2.2 Análise de Adaptabilidade e estabilidade via GGE-Biplot .....	29
2.3 Análise de adaptabilidade e estabilidade via REML/BLUP .....	30
<b>RESULTADOS E DISCUSSÃO</b> .....	31
1. Adaptabilidade e estabilidade via GGE-Biplot .....	32
2. Adaptabilidade e estabilidade via REML/BLUP .....	39
<b>CONCLUSÕES</b> .....	45
<b>REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS</b> .....	46

## LISTA DE TABELAS

### PÁGINA

TABELA 1. Genótipos avaliados nos ensaios VCU entre os anos de 2016 e 2017, com seus respectivos números dos tratamentos, cultivar/linhagens e subclasses comerciais.....	25
TABELA 2. Características edafoclimáticas de cada ambiente onde foram avaliados 14 genótipos de feijão-caupi.....	26
TABELA 3. Resultado da análise química da amostra de solo dos diferentes ambientes.....	26
TABELA 4. Resumo da análise de variância individual para produtividade de grãos (kg ha <sup>-1</sup> ) em 14 genótipos de feijão-caupi avaliados em Dourados (2016), Dourados (2017) e Aquidauana (2017).....	31
TABELA 5. Resumo da análise conjunta de variância de produtividade (Kg ha <sup>-1</sup> ) de 14 genótipos de feijão-caupi avaliados em 3 ambientes, nas safras 2016/2017.....	32
TABELA 6. Componentes de variância e coeficiente de determinação referente à análise conjunta envolvendo 14 genótipos de feijão-caupi.....	40



TABELA 7. Média genotípica da produtividade de grãos ( $\text{Kg ha}^{-1}$ ) de genótipos de feijão-caupi para os três ambientes.....42

TABELA 8. Adaptabilidade e estabilidade dos valores genotípicos (MHPRVG) preditos pela análise REML/BLUP para a produtividade de grãos ( $\text{Kg ha}^{-1}$ ) de 14 genótipos de feijão-caupi para cada ambiente testado.....43

**LISTA DE FIGURAS****PÁGINA**

FIGURA 1. Precipitação pluviométrica e temperatura média do período de 2016 a 2017 em Dourados, MS e Aquidauana, MS, no decorrer do desenvolvimento dos experimentos.....	27
FIGURA 2 – Gráfico GGE-Biplot (“Which-won-where”) para a produtividade de genótipos de feijão-caupi, desempenho do melhor genótipo no ambiente (kg/ha <sup>-1</sup> ) .....	34
FIGURA 3 – Gráfico GGE-Biplot (“Média versus Estabilidade”) com eixo do ambiente-média (EAM) para a produtividade de genótipos de feijão-caupi.....	36
FIGURA 4 - Gráfico GGE-Biplot (“ideal genotype”) para a produtividade de genótipos de feijão-caupi.....	37
FIGURA 5 – Gráfico GGE-Biplot (“discriminação e representatividade”) para a produtividade de genótipos de feijão-caupi.....	38

# ADAPTABILIDADE E ESTABILIDADE DE GENÓTIPOS DE FEIJÃO-CAUPI VIA REML/BLUP E GGE-BILOT

## RESUMO

Diversas metodologias têm sido propostas com o intuito de estimar a influência da interação genótipos x ambientes sobre os vários caracteres de interesse. Dentre estes, os modelos mistos via REML/BLUP e GGE-Biplot têm se destacado para identificar genótipos superiores e estratificar ambientes. O uso de informações ambientais pode ser útil para encontrar os fatores que estão na real diferença entre os genótipos. O objetivo deste estudo foi comparar metodologias estatísticas para a análise da adaptabilidade e estabilidade de genótipos de feijão-caupi em ensaios de valor de cultivo e uso. Os experimentos foram realizados de Março a Julho de 2016 e 2017, no município de Dourados, e em 2017 também em Aquidauana. Foi utilizado o delineamento experimental blocos casualizados, com 14 genótipos e quatro repetições, sendo 12 linhagens avançadas e duas cultivares comerciais. Depois de detectar a interação significativa entre genótipos e ambientes, a adaptabilidade e a estabilidade fenotípica dos genótipos de feijão-caupi foram analisadas pelos métodos GGE-Biplot e REML/BLUP. Os dois métodos foram concordantes em 80% na identificação dos melhores genótipos. Os genótipos Pingo-de-ouro 1-5-4, Pingo-de-ouro 1-5-10 e Pingo-de-ouro 1-5-7 foram os genótipos que apresentaram simultaneamente alta produtividade de grãos, adaptabilidade e estabilidade, sendo assim indicados para o cultivo no Mato Grosso do Sul.

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

## ADAPTABILITY AND STABILITY OF COWPEA GENOTYPES VIA REML / BLUP AND GGE BILOT

### ABSTRACT

Several methodologies have been proposed with the purpose of estimating the influence of the interaction genotypes x environments on the various characters of interest. Among these, the mixed models via REML / BLUP and GGE-Biplot have been highlighted to identify superior genotypes and stratify environments. The use of environmental information can be useful to find the factors that are in the real difference between the genotypes. The objective of this study was to compare statistical methodologies for the analysis of the adaptability and stability of cowpea genotypes in cultivation and use value assays. The experiments were carried out from March to July 2016 and 2017, in the municipality of Dourados, and in 2017 also in Aquidauana. A randomized complete block design was used, with 14 genotypes and four replicates, 12 advanced strains and two commercial cultivars. After detecting the significant interaction between genotypes and environments, the adaptability and phenotypic stability of the cowpea genotypes were analyzed by the GGE-Biplot and REML / BLUP methods. The two methods were concordant in 80% in the identification of the best genotypes. The genotypes Goldfinch 1-5-4, Goldfinch 1-5-10 and Goldfinch 1-5-7 were the genotypes that simultaneously presented high grain yield, adaptability and stability. thus indicated for cultivation in Mato Grosso do Sul.

**Key-words:** *Vigna unguiculata*, interaction genotypes × environments, multivariate analysis, mixed models.

## INTRODUÇÃO

O feijão-caupi (*Vigna unguiculata* (L.) Walp.), também conhecido como feijão de macassar e feijão de corda, é importante fonte de proteína para a população brasileira, particularmente para os de baixa renda das regiões norte e nordeste, onde se constitui também importante fator de geração de emprego e renda (CARDOSO et al., 2014; PEREIRA et al., 2014). O feijão-caupi está se expandindo para as regiões Centro-Oeste e Sudeste do Brasil onde vem sendo cultivado em grandes áreas, com uso de tecnologia, e apresentando-se como alternativas para arranjos produtivos especialmente no cultivo de outono-inverno. Esse fato faz com que ocorra interação entre genótipos e ambientes (GxA), ou seja, o melhor genótipo em um local não mantém o seu desempenho em outros ambientes.

O conhecimento da interação GxA é importante para os melhoristas, pois permite recomendar novos genótipos de uma forma mais segura. O estudo da interação GxA necessita que vários genótipos sejam avaliados em diferentes ambientes, tais como locais, épocas e anos. Nos programas de melhoramento de feijão-caupi, um grande número de genótipos é testado anualmente antes de sua recomendação final e multiplicação, procedendo-se ao estudo da interação GxA nas etapas finais do programa (SANTOS et al., 2014). A alternativa para reduzir a influência da interação GxA está na escolha de variedades com ampla adaptação e boa estabilidade (BESPALHOK FILHO, 2017). Nesse contexto, há metodologias recentes que explicam adequadamente os efeitos principais (genótipos e de ambientes) e sua interação, podendo-se destacar as metodologias GGE-Biplot e REML/BLUP (SILVA et al., 2011).

A metodologia GGE-Biplot (Genotype and Genotype by Environments Interaction), procura agrupar o efeito de genótipo, com a interação, efeito multiplicativo e submeter estes efeitos as análises de componentes principais, conhecida como “sites regression” (SREG) como sugerido por Cornelius et al. (1996) e Crossa e Cornelius (1997). A análise GGE-Biplot foi adotada como um gráfico capaz de interpretar a interação GxA no modelo SREG (YAN, et al., 2000). O método considera que o efeito ambiental primário não é relevante para seleção de genótipos (G) e, portanto, o efeito de G é apresentado como um efeito multiplicativo da interação GxA. Essa técnica integra a

análise de variância com componentes principais e expõe eficiência superior por explicar maior proporção da soma de quadrados da interação, quando comparada a análise de variância conjunta.

A metodologia máxima verossimilhança restrita/melhor preditor linear não viesado (REML/BLUP) é fundamentada nas premissas de que, quanto menor for o desvio-padrão do comportamento genotípico através dos locais, maior será a média harmônica de seus valores genotípicos através dos locais. Além disto, gera resultados na própria unidade ou escala do caráter avaliado, que podem ser interpretados diretamente como valores genéticos, o que os outros métodos não proporcionam. Desse modo, a seleção simultânea para produtividade, estabilidade e adaptabilidade, no contexto dos modelos mistos, pode ser aplicada pelo método da média harmônica do desempenho relativo dos valores genéticos (MHPRVG) preditos (SILVA et al., 2011; ROSADO et al. 2012).

Atualmente, os métodos GGE-Biplot e REML/BLUP vêm sendo utilizados separadamente para investigar a interação GxA em diversas culturas envolvendo produção de cenoura, milho e feijão-caupi, reportados nos trabalhos de Silva et al., (2011), Martinelli (2013) e Santos et al (2016) respectivamente, com poucos relatos de sua utilização para o feijão-caupi. Portanto, o objetivo deste trabalho foi verificar a associação entre os métodos GGE-Biplot e REML/BLUP na seleção de genótipos de feijão-caupi que reúnam simultaneamente alta produtividade de grãos, adaptabilidade e estabilidade aos ambientes no Estado do Mato Grosso do Sul.

## REVISÃO BIBLIOGRÁFICA

### 1. Aspecto gerais sobre o feijão-caupi (*Vigna unguiculata* (L.) Walp. )

O feijão-caupi é uma das mais antigas fontes de alimento humano e cultivado possivelmente desde o Neolítico (SUMMERFIELD et al., 1974). A origem exata do feijão-caupi cultivado não é conhecida (SARIAH, 2010). Entretanto, a Ásia, Índia, Etiópia, Noroeste da Índia, Paquistão, Irã, Etiópia, Oeste e Centro da África, Centro Sul da África e América do Sul foram indicadas como locais de domesticação da cultura. (STEELE; MEHRA, 1980). No entanto, em virtude da maior diversidade genética de cultivares e da presença das formas selvagens desta espécie, que são encontradas somente na África do Sul, este é o centro mais provável de domesticação (FARIS, 1965; PADULOSI 1987; 1993; FREIRE FILHO, 1988).

De acordo com Steele e Mehra (1980) e Ng e Maréchal (1985), o Oeste africano, mais especificamente a Nigéria, deve ser o centro primário de diversidade do feijão-caupi. No entanto, Padulosi e Ng (1997) afirmam que provavelmente a região de Transvaal, na República da África do Sul, é a região de especiação do *Vigna unguiculata* (L.) Walp. (FREIRE FILHO et al., 2005).

O feijão-caupi é classificado botanicamente como pertencente à classe Magnoliopsida, ordem Fabales, família Fabaceae, subfamília Faboideae, tribo Phaseoleae, subtribo Phaseolinae, gênero *Vigna*, espécie *Vigna unguiculata* (L.) Walp. e subespécie unguiculata (VERDCOURT, 1970; MARÉCHAL et al., 1978; SMARTT, 1990; PADULOSI; NG, 1997). O gênero *Vigna*, possui diversas espécies, cujo número preciso varia de acordo com os autores, de 184 (PHILLIPS, 1951), 170 (FARIS, 1965), entre 170 e 150 (SUMMERFIELD; ROBERTS 1985), 150 (VERDCOURT, 1970), 154 (STEELE, 1976), e cerca de 80 (50 aproximadamente são nativas da África) (MARÉCHAL et al., 1978). A subespécie unguiculata é dividida em quatro cultigrupos: Unguiculata, Sesquipedalis, Biflora e Textilis (WESTPHAL 1974; MARÉCHAL et al. 1978; NG; MARECHAL, 1985).

No Brasil são cultivados os cultigrupos Unguiculata, para produção de grãos secos e feijão-verde, e Sesquipedalis, comumente chamado de feijão-de-metro, para

produção de vagem-verde (FREIRE FILHO, 2011). É uma excelente fonte de proteínas e possui todos os aminoácidos essenciais, carboidratos, vitaminas e minerais, além de possuir grande quantidade de fibras dietéticas, baixas quantidades de gordura e não conter colesterol (ANDRADE JÚNIOR et al., 2002). Pode ser consumido na forma de grãos secos e grãos verdes e também na alimentação animal como feno ou ramos verdes.

A ampla faixa ambiental de cultivo do feijão-caupi se estende desde latitude 40° N até 30° S, tanto em terras altas como baixas, tais como: Oeste da África, Ásia, América Latina e América do Norte (RACHIE, 1985). Os genótipos de feijão-caupi, conseguem se adaptar aos diferentes ambientes, devido a grande plasticidade que possuem em sua fenologia e morfologia (SUMMERFIELD et al. 1974; WIEN; SUMMERFIELD 1984a).

Para seu pleno desenvolvimento a cultura exige que sua faixa de temperatura esteja de 18 a 34°C. A temperatura base, abaixo da qual cessa o crescimento das plantas, depende do estágio fenológico em que ela se encontra. Na germinação a temperatura base é de 8 a 11 °C (CRAUFURD et al., 1996a), e durante o estágio de floração inicial, de 8 a 10°C (CRAUFURD et al., 1996b).

As regiões aptas para a implantação do cultivo têm que apresentar precipitações anuais entre 250 e 500 mm. O feijão-caupi exige um mínimo de 300 mm de precipitação para que produza satisfatoriamente, sem a necessidade de irrigação. A limitação em termos hídricos encontra-se mais diretamente condicionada à distribuição do que à quantidade total de chuvas ocorridas no período (EMBRAPA, 2003).

No Brasil a introdução do feijão-caupi ocorreu provavelmente no século XVI (WATT, 1978; FREIRE FILHO et al., 1981), sendo introduzido pelos primeiros colonizadores portugueses e espanhóis (CORRÊA, 1952; NG; MARÉCHAL, 1985; FREIRE FILHO, 1988). A primeira região onde foi introduzido no país foi no Nordeste, mais exatamente no estado da Bahia (ARAÚJO; WATT, 1988). Haja visto que foi à partir da Bahia que o feijão-caupi foi levado pelos colonizadores para outras áreas desta região e para as outras regiões do país (FREIRE FILHO et al., 2011).

A cultura do feijão-caupi no Brasil é de grande importância socioeconômica, pois possui um dos principais componentes da dieta alimentar, geradora de emprego e



renda para os produtores rurais. Quando compara o feijão-caupi com o feijão comum, o feijão-caupi apresenta maior destaque na região nordeste, isso é devido a sua adaptação às adversidades climáticas, edáficas e biológicas da região, que apresenta altas temperaturas e déficit hídrico, pelo fato das suas características de rusticidade e precocidade (MENDES, 2017).

É um cultivo explorado, principalmente, em regiões com influência de clima seco e em sistema de sequeiro por pequenos agricultores que utilizam baixa tecnologia durante todo o processo produtivo da lavoura (TEIXEIRA et al., 2007). Sua produção centraliza-se, principalmente, nas regiões Norte e Nordeste do país. O cultivo do feijão-caupi está se estendendo para a região dos cerrados, das regiões Norte, Nordeste e Centro-Oeste, onde é incorporado aos arranjos produtivos como safrinha após as culturas da soja e do arroz, e, em alguns locais, como cultura principal. Na região dos cerrados, é cultivado principalmente após a soja. O feijão-caupi tem um custo muito competitivo, fator que tem feito aumentar o interesse dos produtores pela cultura (FREIRE FILHO et al., 2011).

No Mato Grosso do Sul, as cultivares e linhagens de feijão-caupi apresentam grandes diferenças entre si quanto ao comportamento fitossanitário, fenológico, potencial produtivo e qualidade comercial. A espécie tem ampla variabilidade genética, o que justifica os ensaios realizados em diferentes condições edafoclimáticas do Estado com o propósito de se poder definir cultivares mais produtivas, precoces, arquitetura moderna com boas adaptações à colheita e aceitação comercial (SAGRILO et al., 2006).

## **2. Melhoramento do feijão-caupi no Brasil**

No Brasil o melhoramento do feijão-caupi foi iniciado na segunda metade do século XVI devido às primeiras introduções de cultivares no país. Nessa ocasião, os agricultores escolheram os que mais lhe agradavam para plantio e consumo. No entanto, as pesquisas com feijão-caupi só começaram em 1903, quando Gustavo R. P. D'Utra, em São Paulo, publicou o primeiro trabalho sobre a cultura, "Os feijões de macassar" Nesta obra descreve-se o cultivo, sua história e distribuição geográfica no Brasil, aspectos econômicos, requerimentos nutricionais, práticas de cultivo, solos mais adequados, cultivares, composição química, valor nutritivo para seres humanos e animais e sobre seu uso como adubo verde (D'UTRA, 1903, apud FREIRE FILHO, 2011).

O melhoramento do feijão-caupi tem como objetivo principal o aumento da produtividade de grãos, resistência a doenças, principalmente às viroses, a qualidade de grão e a arquitetura da planta (EMBRAPA, 2003). De acordo com Carbonell et al. (2003) certos requisitos de mercado têm sido atendidos e, entre eles, tão importantes quanto a produtividade de grãos e a resistência às doenças, está a qualidade tecnológica para cozimento do produto (grãos) comercializado, que chega ao consumidor final.

De acordo com Freire Filho (2011), tem-se a perspectiva de ampliar a rede de melhoramento genético de feijão-caupi para todas as regiões, particularmente a rede de ensaios de Valor de Cultivo e Uso (VCU), de forma que se tenha a expectativa de que os produtores de todas as regiões do país possam ter cultivares de feijão-caupi acessíveis para cultivo.

As contribuições da pesquisa têm aumentado à produtividade de grãos e a rentabilidade da cultura por meio do melhoramento genético de diferentes genótipos, com a finalidade de torná-los mais produtivos, com arquitetura que facilite a colheita mecanizada e estimule assim, a iniciativa empresarial na produção de feijão-caupi em larga escala (FREIRE FILHO et al., 2005).

Há diversas instituições que trabalham com o desenvolvimento de novas cultivares de feijão-caupi. Tendo como líder em pesquisa no mundo o International Institute of Tropical Agriculture (Instituto Internacional de Agricultura Tropical- IITA) (WORLD COWPEA RESEARCH CONFERENCE, 2010). Porém, recentemente os programas de melhoramento de feijão-caupi das Universidades da Califórnia e Riverside, nos Estados Unidos, e da Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária (EMBRAPA) no Brasil vêm sendo consolidados e expandidos. Outras pesquisas significativas sob vários aspectos do melhoramento do feijão-caupi, estão sendo realizadas na Burkina Faso, Índia, Mali, Nigéria e Senegal, dentre outros países (NUNES, 2012).

Menciona-se, que desde a introdução do feijão-caupi no País, na segunda metade do século XVI, até 2010, só foram lançadas 71 cultivares melhoradas. Essa quantidade de cultivares, comparado ao de outros cultivos anuais no País, é considerada pequena. Dessa maneira, com essa pequena oferta de cultivares e considerando que muitas já deixaram de ser cultivadas, as cultivares melhoradas ocupam então uma pequena parte da área plantada com feijão-caupi no Brasil (FREIRE FILHO, 2011).

No Brasil, até o presente momento, existem apenas 35 cultivares de feijão-caupi inscritas no Registro Nacional de Cultivares (RNC) do MAPA (Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento) (ROCHA et al., 2017). Além do esforço dos programas de melhoramento, quando se compara o volume de estudos com feijão-caupi em relação a outras culturas, tais como, o feijão comum (*Phaseolus vulgaris L.*), percebe-se que, para o feijão-caupi o volume de estudos é bem menor, tal como, o número de cultivares recomendadas e/ou lançadas comercialmente.

### **3. Interação Genótipos x Ambientes**

De acordo com Ramalho et. al., (2012), a interação dos genótipos com ambientes é caracterizada quando o comportamento das raças, linhagens ou cultivares não são consistentes, ou seja, a resposta de cada genótipo é específica e diferente de outros genótipos às alterações que ocorrem nos ambientes. A produtividade de grãos é um caráter quantitativo altamente influenciado pelo ambiente em que o genótipo é cultivado. Sendo assim, a interação (GxA) é o principal complicador na seleção e recomendação de cultivares. Desse modo em programa de melhoramento, é importante que as novas cultivares sejam cultivadas em vários locais (BECKER; LÉON, 1988; ACCIARESI; CHIDICHIMO, 1999).

Para detectar a interação GxA o método mais utilizado é a ANOVA (análise de variância), através da análise conjunta dos experimentos. A presença da interação GxA é determinada pelo teste F e sua magnitude estimada pelos quadrados médios. Estatisticamente é detectada como um padrão de resposta diferencial e significativa dos genótipos entre os ambientes (DOS SANTOS, 2014). A ocorrência da interação é de grande importância para seleção específica nos ambientes, principalmente para produtividade de grãos.

São relatados dois tipos de interação (GxA) quanto à sua natureza: simples e complexa (ROBERTSON, 1959). Nas interações simples os genótipos são classificados de acordo com os seus desempenhos nas diversas condições. É ocasionada pela diferença de variabilidade dos genótipos nos ambientes considerados, não representando problemas ao melhoramento, porque não causa mudanças na classificação dos genótipos entre os diferentes ambientes avaliados (CRUZ; CANEIRO, 2003). Vencovsky e Barriga (1992) expõem que não basta apenas detectar a presença de interações, deve-se também considerar a sua natureza. A interação complexa tem grande importância no

melhoramento, influenciando na eficiência da seleção e na precisão das recomendações de cultivo, porque provoca, alterações nas classificações dos genótipos nos diferentes ambientes (BAKER, 1988; CROSSA; CORNELIUS, 1997). Pereira (2009) relata que, a interação GxA pode ser facilmente detectada por intermédio de uma tabela de dupla entrada, na qual pode-se observar três possíveis situações como: ausência de interação, interação simples e interação complexa. Para Chaves (2001), a ausência de interação é demonstrada quando os genótipos apresentam comportamento concordante nos ambientes avaliados, tanto para a adaptabilidade quanto para as médias de produtividade.

No feijão-caupi a interação GxA, para a produtividade de grãos, tem sido estudada envolvendo vários tipos de fatores ambientais como: genótipos x locais (ALI et al., 2004; LOPES, et al., 2006; SINGH et al., 2006), genótipos x épocas de plantio (MORAKINYO; AJIBADE, 1998), genótipos x densidades populacionais (SANTOS; ARAÚJO, 2000), genótipos x sistemas de cultivo solteiro ou consorciado (EGBE et al., 2010) sequeiro ou irrigado (ANDRADE, et al., 2006), genótipos x locais x anos (SHIMELIS; SHIRINGANI, 2010; ISHIYAKU et al., 2010; ASIWE; AJEIGBE, 2010; DOS SANTOS, 2014), genótipos x locais x épocas de plantio (SHIRINGANI, 2007; SHIRINGANI; SHIMELIS, 2011) e genótipos x locais x anos x sistema de cultivos sequeiro e irrigado (SANTOS et al., 2000; 2008) ou solteiro e consorciado (PADI, 2007).

Egbe et al. (2010) avaliaram 14 cultivares de feijão-caupi de ciclos superprecoce e precoce, nas savanas nigerianas, em cultivo solteiro e em consórcio com milho (*Zea mays L.*) e identificaram a interação entre cultivares e sistema de cultivo. Shiringani (2007) estudou o efeito das épocas de semeadura e de locais sobre a fenologia produtiva e componentes de produção em 10 genótipos de feijão-caupi e encontrou interação significativa entre genótipos, épocas de plantio e locais. Segundo Silva e Duarte (2006), vários métodos estatísticos vêm sendo propostos e utilizados com o objetivo de se interpretar melhor a interação GxA.

Assim, estudos dessa natureza são importantes para o melhoramento de plantas, uma vez que fornecem informações sobre o comportamento de cada genótipo face às variações do ambiente. Dos Santos (2014) comparando métodos de Adaptabilidade e estabilidade fenotípica em 20 genótipos de feijão-caupi, observou diferença

significativa para produtividade de grãos entre os genótipos em todos os ambientes. Já Santos e Araújo (2000) não observaram interação significativa genótipo x densidade populacional durante a avaliação de genótipos de feijão-caupi, para produtividade de grãos, tanto nas condições de sequeiro como irrigado em Petrolina, PE.

A identificação de cultivares com estabilidade fenotípica é um dos meios mais utilizados para atenuar os efeitos da interação GxA, razão pela qual a estimação dos parâmetros de adaptabilidade e estabilidade fenotípica é uma prática difundida entre os melhoristas antes da sua recomendação de novos cultivares (MARQUES et al., 2011). A avaliação da adaptabilidade e estabilidade pode selecionar genótipos com adaptação ampla ou específica para uma determinada região.

#### **4. Adaptabilidade e estabilidade fenotípica**

De acordo com Vicente et al. (2004), é fundamental o conhecimento sobre a capacidade dos genótipos responderem vantajosamente aos estímulos do ambientais (adaptabilidade), e manter o rendimento em ambientes diversos (estabilidade). Para Hoogerheide et al. (2007) o estudo da adaptabilidade e estabilidade é um modo de avaliar este fenômeno, tanto que, possibilita ao melhorista a identificação de genótipos que se desenvolvem-se bem, não somente, em um ambiente particular, mas também sob diferentes condições ambientais.

Para Ramalho et al. (2012), é mais adequado usar o conceito como mencionado por Mariotti et al. (1976), ou seja, a adaptabilidade expressa a capacidade do genótipo em responder vantajosamente as melhorias do ambiente. Segundo os autores, esse conceito é semelhante à proposta de DARWIN quando defendia a evolução das espécies “É mais adaptado o indivíduo que deixa mais descendentes”, fazendo uma relação à “maior produtividade de grãos”. A estabilidade avalia o comportamento dos genótipos frente às variações ambientais, que podem ser devidas a locais, anos ou outro fator que influencia a produtividade de grãos.

Para Becker e Leon (1988), a estabilidade fenotípica pode ser estática e dinâmica. A estabilidade estática é quando um genótipo apresenta um desempenho independentemente das variações do meio ambiente, é chamada também de estabilidade biológica, com variância em ambiente estatisticamente igual à zero. Já a estabilidade dinâmica, é quando o desempenho do genótipo varia com as mudanças ambientais, porém de uma forma previsível, ou seja, somente os desvios relacionados com a reação

geral do genótipo contribuem para a instabilidade. Este tipo é conhecido como estabilidade de comportamento (BORÉM; MIRANDA, 2005).

Lin et al. (1986) indicaram quatro conceitos de estabilidade: Tipo 1: o genótipo será considerado estável se sua variância entre os ambientes for pequena; Tipo 2: o genótipo será considerado estável se sua resposta ao ambiente for paralela ao desempenho médio de todos os genótipos estudados nos ensaios; Tipo 3: o genótipo é estável se o quadrado médio dos desvios de regressão que avalia a estabilidade for pequeno e Tipo 4: (LIN ; BINNS, 1988), estável se o quadrado médio da interação genótipos x anos, dentro de locais for pequeno.

Há vários conceitos para a adaptabilidade e estabilidade de uma cultivar. Cruz et al. (2004), relatam que a adaptabilidade de um cultivar diz respeito à sua capacidade de aproveitar vantajosamente as variações do ambiente. E a estabilidade de comportamento diz respeito à sua capacidade de apresentar-se altamente previsível mesmo com as variações ambientais. No lançamento de cultivares é fundamental o conhecimento da adaptabilidade e estabilidade dos genótipos, com o intuito de amenizar os efeitos da interação GxA e facilitar a recomendação de cultivares (ROCHA et al., 2007).

## **5. Metodologias para estratificação ambiental e estabilidade fenotípica**

### **5.1. Metodologias tradicionais**

As metodologias tradicionais são desqualificadas em reconhecer o genótipo ideal, por conta de avaliar um único coeficiente de regressão, o qual é estimado em uma única análise em que se consideram todos os ambientes testados (CRUZ; REGAZZI, 2004; CRUZ; CARNEIRO, 2006). Nessas metodologias, o genótipo ideal corre o risco de ser excluído, pois tendo dupla inclinação, seus desvios, que deveriam ser examinados nos diferentes ambientes, conseguiriam ser relativamente altos em relação à reta estimada.

Os métodos fundamentados em modelos de regressão visa simplificar os modelos de resposta, explicando a variação devido à interação em apenas uma dimensão, quando na verdade podendo ser bastante complexa (DUARTE; VENCOSKY, 1999). A não informação sobre a interação específica (positiva ou negativa) de genótipos com ambientes, é outra desvantagem desses métodos, podendo não ser explorados os efeitos benéficos da interação.

Os métodos tradicionais, análise de regressão, não paramétricos e modelos multiplicativos demonstraram limitações para dados desbalanceados, delineamentos experimentais não ortogonais (blocos incompletos) e com a heterogeneidade de variâncias entre os vários locais de experimentação, situações estas frequente na experimentação de campo. Além disso, tais metodologias assumem, em geral, que os efeitos de tratamentos genéticos são fixos, o que é desvantajoso e incoerente com a prática simultânea da estimação de componentes de variância e parâmetros genéticos (herdabilidade) realizada com base nestes experimentos (RESENDE, 2007). Por isso, a metodologia por modelos mistos vem ganhando cada vez mais credibilidade nos estudos de adaptabilidade e estabilidade.

## **5.2. Metodologia GGE-Biplot**

O GGE-Biplot (genótipo + interação genótipo x ambiente) aponta dois conceitos. Em primeiro lugar, ainda a produtividade medida seja o efeito combinado do genótipo (G), ambiente (A), e da interação de ambos (GxA), apenas G e GxA são relevantes, e devem ser considerados simultaneamente, na avaliação de genótipo, por isso o uso do termo GGE (YAN et al. (2000).

Em segundo lugar, Gabriel em 1971 desenvolveu uma técnica Biplot, para representar graficamente os resultados de análise de componentes principais por meio de decomposição em valores singulares, no qual o valor de cada elemento de uma tabela de dupla entrada pode ser visualizado pelo produto de vetores e pelo co-seno do ângulo entre dois vetores (YAN; KANG, 2003), podendo ser empregada para aproximar e exibir o GGE de um ensaio multiambiental, denominado o termo GGE-Biplot. O método proposto por Yan et al. (2000), nomeado GGE-Biplot permite a análise visual da interação genótipo ambiente de dados de ensaios multiambientais.

Na análise GGE-Biplot é produzido um gráfico de dispersão multivariada, no qual é possível visualizar as seguintes informações: a) similaridades e diferenças entre ambientes na discriminação de genótipos; b) as similaridades e diferenças entre genótipos em sua resposta aos ambientes; c) a natureza (positiva vs. negativa) e a magnitude da interação entre cada genótipo e ambiente (YAN et al., 2000).

Essa metodologia denominada GGE biplot busca agrupar o efeito de genótipo aditivo da análise AMMI, com a interação, efeito multiplicativo, e submeter estes

efeitos as análises de componentes principais, chamada de “site regression” ou SREG, como sugerido por Cornelius et al. (1996) e Crossa e Cornelius (1997). Conforme descrito por Yan et al. (2000), o SREG é um modelo multiplicativo de regressão para locais ou sítios e seus Biplot é chamado de GGE-Biplot. Esta técnica integra a análise de variância com a análise de componentes principais e demonstra eficiência superior na explicação da maior proporção da soma de quadrados da interação, quando comparada com a análise de variância e regressão conjunta.

De acordo com Martinelli (2013), no gráfico GGE-Biplot, o genótipo ideal tem que apresentar alto valor no primeiro componente principal (alta produtividade) e próximo de zero para o segundo componente principal (mais estável). O ambiente de teste ideal é aquele com alto valor para o primeiro componente principal (maior poder de discriminação de genótipos) e próximo de zero para o segundo componente principal (mais representativo da média ambiental geral). Portanto, o primeiro componente principal representa a produtividade e, o segundo componente principal, a estabilidade.

### **5.3. Metodologia REML/BLUP**

A melhor predição linear não viesada (BLUP), é um procedimento por meio dos modelos mistos que permite comparações entre genótipos provenientes de diferentes populações em diferentes ensaios. Esse procedimento ajusta os dados para os efeitos ambientais identificáveis (tais como os efeitos de bloco, ano de medição, local de plantio, dentre outros) e simultaneamente prediz os valores genéticos dos indivíduos (RESENDE, 2002). Esta predição tem a vantagem de ser pouco limitante para análises de experimentos desbalanceados com delineamento experimental não ortogonal e com heterogeneidade de variância (RESENDE, 2007).

O método da máxima verossimilhança restrita (REML) foi elaborado por Petterson e Thompson (1971) corrigindo o vício da perda de graus de liberdade do método da máxima verossimilhança. O método da máxima verossimilhança foi desenvolvido por Fisher (1922), e fundamenta-se na obtenção do ponto de máximo de uma função de verossimilhança (função densidade de probabilidade conjunta dos pontos amostrais). Em situações de dados desbalanceados, os estimadores de máxima verossimilhança demonstraram as seguintes propriedades desejáveis: suficiência, consistência, eficiência e invariância à translação e estimativas não negativas dos



componentes de variância. Assim, o REML é o procedimento ideal de estimação de componentes de variância com dados desbalanceados (RESENDE, 2002).

A análise REML/BLUP para interação GxA baseia-se nas estimativas de quanto menor for o desvio padrão do comportamento genotípico nos ambientes, maior será a média harmônica de seus valores genotípicos. Assim, a seleção pelos maiores valores da média harmônica dos valores genotípicos (MHVG) implica simultaneamente em seleção para produtividade e estabilidade. A estimativa da adaptabilidade, refere-se ao desempenho relativo dos valores genotípicos (PRVG) nos ambientes, os valores genotípicos preditos (ou os dados originais) são expressos como proporção da média geral de cada ambiente. Então, a seleção simultânea para produtividade, estabilidade e adaptabilidade, no contexto dos modelos misto, pode ser realizado pelo método da média harmônica do desempenho relativo dos valores genéticos (MHPRVG) preditos (RESENDE, 2002).

O método MHPRVG, apresenta as seguintes vantagens tais como (a) considera os efeitos genotípicos como aleatórios e, portanto fornece estabilidades e adaptabilidades genotípicas e não fenotípicas; (b) permite lidar com desbalanceamento e com delineamentos não ortogonais; (c) permite lidar com heterogeneidade de variâncias; (e) permite considerar erros correlacionados dentro de locais; (f) fornece valores genotípicos já descontados (penalizados) da instabilidade; (g) pode ser aplicado com qualquer número de ambientes; (h) permite considerar a estabilidade e adaptabilidade na seleção de indivíduos dentro de progênie; (i) não depende da estimação de outros parâmetros tais quais coeficientes de regressão; (j) gera resultados na própria escala do caráter avaliado (RESENDE, 2002).

## MATERIAL E MÉTODOS

### 1. Instalação e condução do experimento

Os experimentos foram realizados no período de Março a Agosto de 2016 e de 2017, nos municípios de Dourados e Aquidauana, no Estado de Mato Grosso do Sul. Os experimentos em Dourados foram realizados nos anos de 2016 e 2017 e em Aquidauana apenas no ano de 2017, totalizando três ambientes, cujas características edafoclimáticas estão expressas na Tabela 2. O clima das duas localidades é classificado como Am e Aw segundo Köppen. As características químicas do solo de cada local em cada safra, realizadas à uma profundidade de 0 a 20 cm, encontram-se na Tabela 3. A temperatura média e a precipitação acumulada durante o desenvolvimento do cultivo é exposta na Figura 1.

Foram avaliados 14 genótipos de feijão-caupi de porte ereto e semiereto em três experimentos, constituindo-se de 12 linhagens e dois cultivares, oriundos do programa de melhoramento de feijão-caupi da Embrapa Meio-Norte (CPAMN). As informações relevantes sobre os mesmos estão disponibilizadas na Tabela 1. As duas cultivares comerciais utilizadas como testemunhas foram selecionadas por apresentarem características favoráveis. A cultivar BRS-Tumucumaque (13) possui arquitetura que possibilita a colheita mecanizada, grãos brancos de tamanho médio e de grande aceitação comercial além de alta produtividade de grãos e ciclo precoce. A cultivar BRS Imponente (14) possui grãos extragrandes e brancos, porte semiereto, boa resistência ao acamamento, alta produtividade de grãos e é recomendada ao cultivo sequeiro.

Utilizou-se o delineamento experimental blocos casualizados, com 14 tratamentos e quatro repetições. A parcela experimental foi constituída de quatro linhas com 5 m de comprimento, espaçadas a 0,50 m entre si, considerando-se como área útil as duas linhas centrais. A implantação dos experimentos foi realizada em Março e Abril, enquanto que a colheita foi realizada em Julho e Agosto, respectivamente, em Dourados e em Aquidauana. Em Dourados adotou-se o sistema de plantio direto, enquanto em Aquidauana o sistema convencional com o preparo mecanizado do solo, constando de gradagens e abertura dos sulcos para semeadura manual. Esse escalonamento na

semeadura teve como objetivo homogeneizar as condições climáticas, considerando-se as particularidades de cada município. Uma semana após a emergência das plântulas, foi realizado o desbaste manual deixando-se oito plântulas por metro. Em todos os anos e locais, não foram realizadas adubações de semeadura e cobertura. O controle das pragas foi realizado com aplicação de inseticida Clorpirifós (480 g/L), na dose de 0,6 L/ha do produto comercial. Em ambos os anos e locais não foram feitas aplicações de fungicidas, via foliar ou nas sementes. A colheita das vagens foi realizada manualmente em todos os anos e locais, em Dourados no mês de julho de 2016 e 2017 e em Aquidauana em agosto 2017.

TABELA 1. Genótipos avaliados nos ensaios VCU entre os anos de 2016 e 2017, com seus respectivos números dos tratamentos, cultivar/linhagens e subclasses comerciais.

IG	Genótipo	Cultivar/Linhagem	Subclasse comercial <sup>(1)</sup>
01	Bico-de-ouro 1-5-11	Linhagem	SV
02	Bico-de-ouro 1-5-15	Linhagem	SV
03	Bico-de-ouro 1-5-19	Linhagem	SV
04	Bico-de-ouro 1-5-24	Linhagem	ML
05	Pingo-de-ouro 1-5-26	Linhagem	ML
06	Pingo-de-ouro 1-5-4	Linhagem	ML
07	Pingo-de-ouro 1-5-5	Linhagem	ML
08	Pingo-de-ouro 1-5-7	Linhagem	ML
09	Pingo-de-ouro 1-5-8	Linhagem	ML
10	Pingo-de-ouro 1-5-10	Linhagem	ML
11	Pingo-de-ouro 1-5-11	Linhagem	ML
12	Pingo-de-ouro 1-5-14	Linhagem	ML
13	BRS Tumucumaque	Cultivar	BR
14	BRS Imponente	Cultivar	BC

IG: identificação dos genótipos. <sup>(1)</sup> BR – Branco; BC – Brancão; ML – Mulato; SV – Sempre-verde

TABELA 2. Características edafoclimáticas de cada ambiente onde foram avaliados 14 genótipos de feijão-caupi .

Ambiente	Ano	Local	Latitude	Longitude	Altitude (m)	Bioma	Solo	Clima*
E1	2016	Dourados	20°03'S	55°05'W	407	Mata Atlântica	Latossolo Vermelho Distroférico	Am
E2	2017	Dourados	20°03'S	55°05'W	407	Mata Atlântica	Latossolo Vermelho Distroférico	Am
E3	2017	Aquidauana	22°01'S	54°05'W	174	Pantanal	Argissolo Vermelho-Amarelo Distrófico	Aw

E1: Dourados 2016, E2: dourados 2017 e E3 Aquidauana 2017\*De acordo com Köppen-Geiger

TABELA 3. Resultado da análise química da amostra de solo dos diferentes ambientes.

Local/Ano	pH	P	K	Ca	Mg	Al	H+Al	SB	CTC	V%
	CaCl	mg dm <sup>-3</sup>		cmol dm <sup>-3</sup> de	solo				pH 7,0	
Dourados/ 2016	5,4	42	0,6	5,4	1,8	0,0	4,3	8	12	64
Aquidauana/2017	5,1	32,1	0,7	3,5	0,7	0,0	3,1	4,9	8,1	60,9

pH: Potencial de Hidrogênio; P: Fósforo; K: Potássio; Ca: Cálcio; Mg: Magnésio; Al: Alumínio; H: Hidrogênio; SB: Soma de bases; CTC: Capacidade de troca de cátions; V%:Saturação de bases.

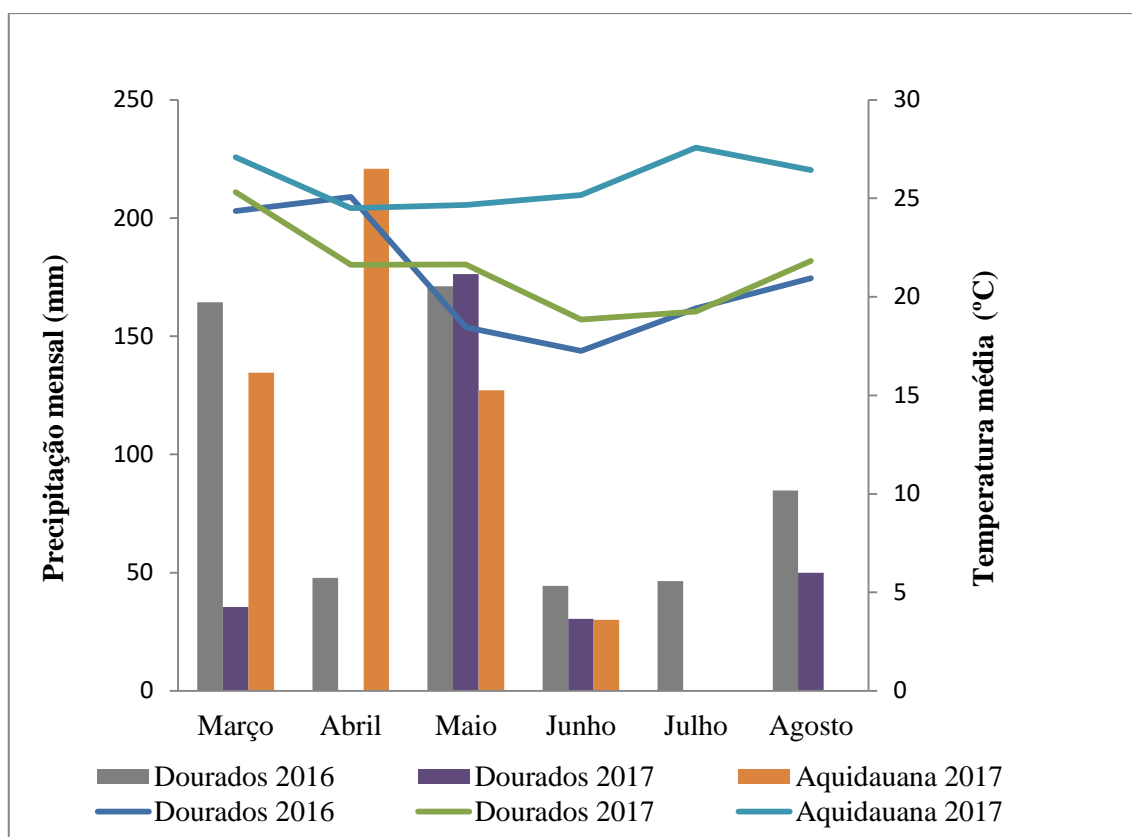


FIGURA 1. Precipitação pluviométrica (nas colunas) e temperatura média (nas linhas) no período de 2016 a 2017 em Dourados, MS e Aquidauana, MS, no decorrer do desenvolvimento dos experimentos.

Fonte: CEMTEC (Centro de Monitoramento de tempo, do Clima e dos Recursos hídricos de Mato Grosso do Sul), 2017.

## 2. Análise estatística

Os procedimentos estatísticos constituíram-se de análise de variância para cada ambiente, seguida de uma análise de variância conjunta de experimentos nos ambientes, segundo modelo proposto por Cruz et al. (2006) para avaliar a significância da interação genótipos x ambientes. Os parâmetros de adaptabilidade e estabilidade dos genótipos de feijão-caupi foram estimados pelo método GGE-Biplot e REML/BLUP. Utilizando o software R (R Development Core Team 2014) e Selegen respectivamente (Resende 2007).

## 2.1 Análise de variância individuais e conjunta

Para efeitos de cumprir com os pressupostos dos modelos estatísticos, os dados foram avaliados para homogeneidade de variâncias. A transformação utilizada para os dados com heterogeneidade de variância, foi de Box e Cox (1964), sendo que os parâmetro de transformação  $\lambda$ , tal que  $y' = \frac{y^\lambda - 1}{\lambda}$  onde  $\lambda \neq 0$ , ou  $y \lambda = \log y$  onde  $\lambda = 0$ . Também, foram feitas avaliações para normalidade teste de Shapiro-Wilk e o teste de Bartlett para esses dados.

Os dados de produtividade de grãos foram submetidos às análises de variância individual e conjunta. O modelo matemático adotado para a análise de variância individual está representado na equação seguinte:

$$Y_{ij} = \mu + g_i + \beta_j + \varepsilon_{ij}$$

$Y_{ij}$  : valor observado do genótipo “i” no bloco “j”

$\mu$ : média geral

$g_i$ : efeito do genótipo “i”

$\beta_j$ : efeito do bloco “j”

$\varepsilon_{ij}$ : erro aleatório (causa de variação desconhecida e não controlada) associado ao tratamento “i” no bloco “j”.

Realizou-se uma análise conjunta de variância para os genótipos reunindo os três ambientes, dentro de cada ano, tendo como principal objetivo determinar possíveis interações de genótipos com ambientes, de acordo com o seguinte modelo estatístico:

$$Y_{ijk} = \mu + G_i + B/A_{jk} + A_j + GA_{ij} + \varepsilon_{ijk}$$

Onde:  $Y_{ijk}$ : observação do i-ésimo genótipo no j-ésimo ano no k-ésimo bloco;

$\mu$ : média geral;

$G_i$ : efeito fixo do i-ésimo genótipo;

$B/A_{jk}$ : efeito do k-ésimo bloco dentro do ambiente j;

$A_j$ : efeito do j-ésimo ambiente;

$GA_{ij}$ : efeito da interação entre o  $i$ -ésimo genótipo com o  $j$ -ésimo ambiente;

$\varepsilon_{ijk}$ : erro aleatório experimental médio associado à observação  $Y_{ijk}$

## 2.2 Análise de Adaptabilidade e estabilidade via GGE-Biplot

O gráfico GGE-Biplot foi construído a partir dos dados da decomposição das médias empíricas, expondo graficamente qual é o genótipo com melhor desempenho (YAN et al., 2000). O modelo GGE-Biplot utilizado foi o seguinte:

$$Y_{ij} - \mu_j = \lambda_1 \gamma_{i1} \alpha_{j1} + \lambda_2 \gamma_{i2} \alpha_{j2} + \varepsilon_{ij}$$

onde:

$Y_{ij}$ : representa a produtividade média de grãos do genótipo “ $i$ ” no ambiente “ $j$ ”;

$\mu_j$ : é a produtividade média geral dos genótipos no ambiente  $j$ ;

$\lambda_1 \gamma_{i1} \alpha_{j1}$  : é o primeiro componente principal (PC1), do efeito de genótipos + interação genótipos x ambientes;

$\lambda_2 \gamma_{i2} \alpha_{j2}$ : é o segundo componente principal (PC2), do efeito de genótipos + interação genótipos x ambientes;

$\lambda_1$  e  $\lambda_2$  : são os autovalores associados a PC1 e PC2, respectivamente;

$\gamma_{i1}$  e  $\gamma_{i2}$ : são os escores do primeiro e segundo componente principal, respectivamente, para o  $i$ -ésimo genótipo;

$\alpha_{j1}$  e  $\alpha_{j2}$ : são os escores do primeiro e segundo componente principal, respectivamente para o  $j$ -ésimo ambiente;

$\varepsilon_{ij}$ : é o erro associado com o modelo do  $i$ -ésimo genótipo e  $j$ -ésimo ambiente.

Essa análise foi realizada com auxílio do pacote GGEBiplotGui implementado no software R (R Development Core Team 2014).

### 2.3 Análise de adaptabilidade e estabilidade via REML/BLUP

Para avaliar o efeito da interação GxA via REML/BLUP, foi utilizado o modelo estatístico 54 do software Selegen-REML/ BLUP, correspondente a avaliação genética, pelos maiores valores da média harmônica, dos valores genotípicos MHPRVG proposto por (RESENDE, 2006), considerando que:

$$y = Xb + Zg + Wc + e$$

Em que  $y$ ,  $b$ ,  $g$ ,  $c$  e  $e$  correspondem, respectivamente, aos vetores de dados de efeitos fixos (médias de blocos através dos ambientes), efeitos dos genótipos (aleatório), efeitos da interação genótipos  $\times$  ambientes (aleatório) e de erros aleatórios;  $X$ ,  $Z$  e  $W$  representam matrizes de incidência para  $b$ ,  $g$  e  $c$ , respectivamente.

As equações do modelo misto disponibilizaram os valores genéticos:

$$\begin{bmatrix} X'X & X'Z & X'W \\ Z'X & Z'Z + I \frac{\sigma_e^2}{\sigma_g^2} & Z'W \\ W'X & W'Z & W'W + I \frac{\sigma_e^2}{\sigma_{ga}^2} \end{bmatrix} \begin{bmatrix} \hat{b} \\ \hat{g} \\ \hat{c} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X'y \\ Z'y \\ W'y \end{bmatrix}$$

A partir dos valores genéticos preditos ( $\hat{g}$ ), as porcentagens relativas dos valores genéticos (PRVG) foram estimadas para cada linhagem, nos diferentes ambientes, pela expressão:  $PRVG_{ij} = VG_{ij}/VG_j$ , onde  $VG_{ij}$  é o valor genético do genótipo “i” no ambiente “j” e  $VG_j$  corresponde a média genotípica no ambiente “j”. Sucessivamente, a média harmônica da performance relativa dos valores genotípicos foram estimadas para cada genótipo por:  $MHPRVG_i = n / \sum_{j=1}^k \frac{1}{PRVG_{ij}}$ , em que “n” é o numero de ambientes.

Para facilitar a interpretação dos resultados, os valores MHPRVG foram multiplicados pela média geral de todos os ambientes (GM), proporcionando resultados na mesma magnitude de característica estudada. Essa análise foi realizada com o software Selegen (RESENDE, 2016).



## RESULTADOS E DISCUSSÃO

Os resultados das análises de variância individual para os três ambientes são apresentados na Tabela 4. Foi verificada a variabilidade genética entre os genótipos e a homogeneidade das variâncias, para os ambientes E1 (Dourados, 2016) e E3 (Aquidauana, 2017). A heteroscedasticidade das variâncias, bem como a correlação residual exposta pelos dados, é esperada quando se tem um conjunto de ambientes avaliados variando tanto no aspecto espacial como também temporal. Nesse caso, antes de prosseguir com a análise conjunta, foi aplicada a transformação Box-Cox aos valores de produtividade de grãos, com o objetivo de reduzir a heteroscedasticidade.

TABELA 4. Resumo da análise de variância individual para produtividade de grãos (kg ha<sup>-1</sup>) em 14 genótipos de feijão-caupi avaliados em E1 (Dourados, 2016), E2 (Dourados, 2017) e E3 (Aquidauana, 2017).

Fato de variação	G.L	Quadrados Médios		
		E1	E2	E3
Bloco	3	324983***	110483 <sup>NS</sup>	754 <sup>NS</sup>
Tratamento	13	123672**	134036 <sup>NS</sup>	33865***
Resíduo	39	37496	114276	9151
Média		483,88	974,02	601,69
C.V. (%)		40,01	34,70	15,89

F.V.: Fontes de variação; G.L.: Graus de liberdade; C.V.: Coeficiente de variação; NS: Não significativo; \*\* e \*\*\*: significativo a 1 e 0,1% de probabilidade pelo teste F, respectivamente..

Foi aplicada a análise conjunta de variância para os genótipos (Tabela 5), reunindo então os dois locais e os anos. Após observar significância na interação GA significativa, os parâmetros de a adaptabilidade e a estabilidade fenotípica dos genótipos foram estimados pelas metodologias GGE-Biplot e REML/BLUP.

TABELA 5. Resumo da análise conjunta de variância de produtividade (kg ha<sup>-1</sup>) de 14 genótipos de feijão-caupi avaliados em 3 ambientes, nas safras 2016/2017.

F.V.	G.L	QM	F	Pr>F
Tratamento	13	3,55	3,880	0,0000**
Local	2	68,11	74,55	0,0000**
Repetição/local	9	3,89	4,26	0,0000***
Trat/local	26	1,76	1,92	0.0099*
Resíduo	117	0,91		
C.V.(%)		11,14		

F.V.: Fontes de variação; G.L.: Graus de liberdade; C.V.: Coeficiente de variação; \* , \*\* e \*\*\*: significativo a 5 ,1 e 0,1% de probabilidade pelo teste F, respectivamente.

Percebe-se uma oscilação dos coeficientes de variação individual de 15,89% a 40,01%, mostrando a influência de causas não controláveis sobre a produtividade de grãos, possivelmente em função desse caráter não apresentar herança simples sendo, portanto, bastante influenciado pelo ambiente.

O coeficiente de variação da análise conjunta foi de 11,14%, demonstrando assim boa precisão experimental do conjunto de ensaios. Resultados semelhantes foram reportados por Silva et al., (2011) e Martinelli (2013), em trabalhos envolvendo produção de cenoura e milho respectivamente.

### 1. Adaptabilidade e estabilidade via GGE-Biplot

Na metodologia GGE-Biplot, foi verificada que os dois primeiros componentes principais (PCA1 e PCA2), expressaram os respectivos valores de 64,63% e 24,79%, derivados da decomposição dos valores singulares dos efeitos de genótipo (G) + interação (GxA). O primeiro componente principal (PCA1) indica a adaptabilidade dos genótipos, que é altamente correlacionada com a produtividade, o segundo componente principal (PC2) indica a estabilidade, ou seja, os genótipos mais próximos de zero são os mais estáveis (YAN et al. 2000).

Na origem do centro do Biplot há uma linha reta para a colocação de um ambiente ou genótipo onde então é chamada de “vetor de ambiente” ou “vetor de genótipo”, de modo que a partir desses vetores, as interações específicas entre genótipo e um ambiente podem ser visualizadas. Os vetores provenientes do centro Biplot (0; 0) dividiram o gráfico em sete setores. Santos et al (2016), avaliando a produtividade de genótipos de feijão-caupi via GGE-Biplot, observaram a divisão dos gráficos em cinco setores, resultado próximo ao obtido neste trabalho.

O modelo de gráfico GGE-Biplot apresentado na Figura 2, é conhecido como “quem venceu onde”. Apresenta a formação de um polígono para determinação dos melhores genótipos em cada ambiente, isso ocorre devido a interligação dos genótipos que estão nos pontos extremos do gráfico e suas respectivas linhas perpendiculares (YAN ; KANG, 2003; YAN ; TINKER, 2006). Observa-se que os vértices do polígono foram formados pelos genótipos: 12 (Pingo-de-ouro 1-5-14), 6 (Pingo-de-ouro 1-5-4), 10 (Pingo-de-ouro 1-5-10), 9 (Pingo-de-ouro 1-5-8) e 14 (BRS Imponente). O polígono apresenta a melhor cultivar para cada ambiente e divide os ambientes e grupos (ALWALA et al., 2010).

Os três ambientes foram cortados em 3 grupos pelas linhas que saíram do centro de origem do Biplot. Os genótipos que estão localizados dentro de um mesmo setor são os mais adaptado aquele ambiente do setor. O grupo 1 foram alocados os genótipos 13 (BRS Tumucumaque) e 12 (Pingo-de-ouro 1-5-14). No grupo 2 os genótipos 2 (Bico-de-ouro 1-5-15), 8 (Pingo-de-ouro 1-5-7) e 6 (Pingo-de-ouro 1-5-4). No 3 grupo foi alocado apenas o genótipo 10 (Pingo-de-ouro 1-5-10). Assim os genótipos vencedores foram 12, 6 e 10, sendo que estes são os vértices dos setores onde estão os ambientes E3 (Aquidauana, 2017), E1 (Dourados, 2016) e E2 (Dourados, 2017) respectivamente, assim considerado estes foram os genótipos mais adaptado para esses ambientes.

E nos setores que estão os genótipos 1 (Bico-de-ouro 1-5-11), 3 (Bico-de-ouro 1-5-19), 4 (Bico-de-ouro 1-5-24), 5 (Pingo-de-ouro 1-5-26), 7 (Pingo-de-ouro 1-5-5), 9 (Pingo-de-ouro 1-5-8), 11 (Pingo-de-ouro 1-5-11) e 14 (BRS Imponente) não contêm ambientes. Isso significa que esses genótipos não são produtivos em nenhum ambiente, ou seja, esses genótipos são os piores em relação à produtividade em alguns ou em todos os ambientes. Portanto os demais genótipos 2 (Bico-de-ouro 1-5-15), 6 (Pingo-de-ouro 1-5-4), 8 (Pingo-de-ouro 1-5-7), 10 (Pingo-de-ouro 1-5-10), 12 (Pingo-de-ouro 1-

5-14) e 13 (BRS Tumucumaque) possuem alguma adaptação específica devendo ser avaliado atentamente a fim de adquirir melhores recomendações. Quando genótipos dão origem a vértices do polígono, mas não contêm nenhum ambiente agrupado, são considerados desfavoráveis aos grupos de ambientes testados, tendo baixa produtividade (KARIMIZADEH et al. 2013).

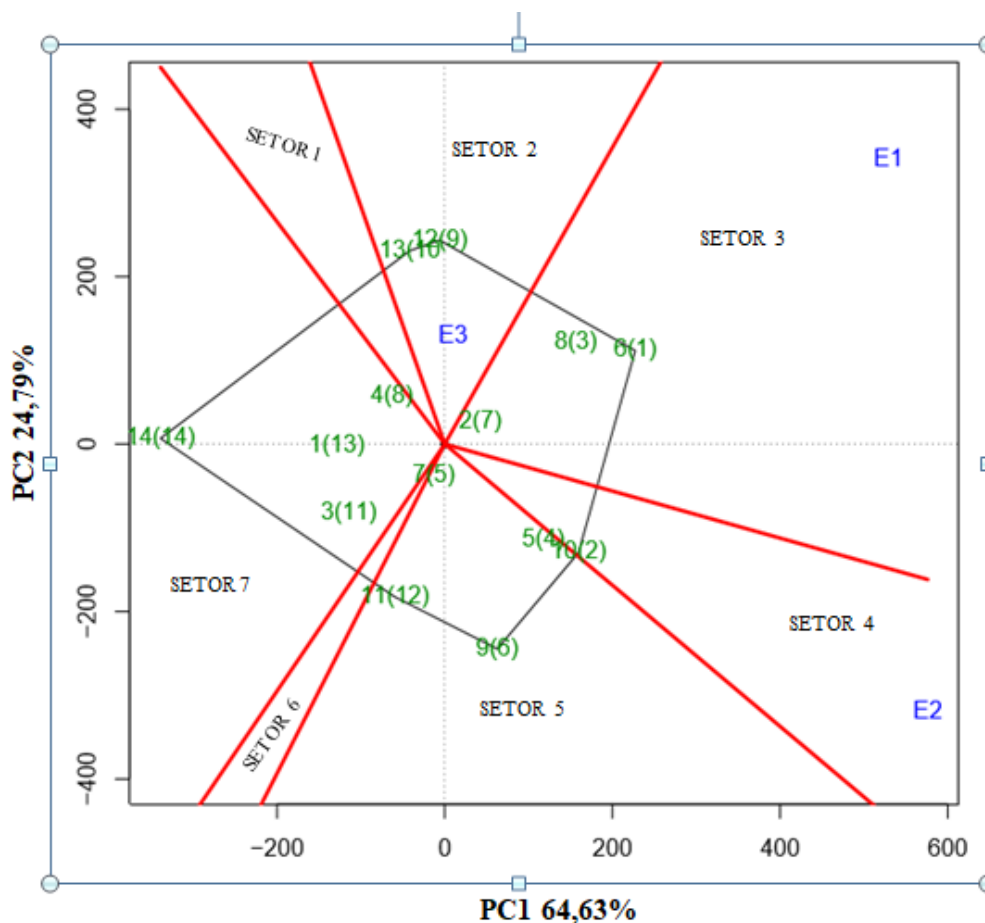


FIGURA 2 – Gráfico GGE-Biplot (“Which-won-where”) para a produtividade de genótipos de feijão-caupi, desempenho do melhor genótipo no ambiente ( $\text{kg/ha}^{-1}$ ).

O número entre parênteses é referente ao ranqueamento dos genótipos quanto a sua produtividade de grãos. PC1 e PC2 = primeiro e segundo componentes principais, respectivamente.

Analisando-se a Figura 3, onde o PC1 foi de 64,63% e PC2 24,79%, explicando 89,42% da dispersão dos dados, atendendo, portanto o limite de 80% preconizado por Cruz e Regazzi (1997), é possível prever quais os genótipos mais estáveis, em razão dos valores de PC1 e PC2.

A visualização do GGE-Biplot “Média versus Estabilidade” (Figura 3), é uma ferramenta eficaz para a avaliação de genótipos em ambos os aspectos produtividade e estabilidade (YAN et al., 2007; YAN, 2011). O gráfico contém uma reta EAM de cor verde, com uma seta no eixo x, sendo que mais distante do centro (0) do Biplot maior será o rendimento e ao contrário menor será o rendimento, e outra reta com a mesma cor, no eixo y, sem seta, indica que quanto mais distante do centro (0) do Biplot em ambos sentidos menor será a estabilidade e maior será contribuição do genótipo para a interação GxA (GABRIEL, 1971; YAN; KANG, 2003).

O segundo componente principal (PC2) indica a estabilidade, o genótipo mais próximos de zero é o mais estável (YAN et al. 2000). Neste contexto pode-se observar que o genótipo 2 (Bico-de-ouro 1-5-15) é altamente estável e tem seu desempenho acima da média. Porém o conceito proposto por Yan (2011) e Yan e Tinker (2006), relata que a “estabilidade elevada” onde o genótipo estável, é desejado apenas quando apresenta alta performance média. Em seguida o melhor desempenho acima da média de produtividade é mais estável foi para o genótipo 6 (Pingo-de-ouro 1-5-4), com produtividade superior ao genótipo 2 (Bico-de-ouro 1-5-15), porém mostrando-se menos estável que aquele. Apesar dos genótipos 1 (Bico-de-ouro 1-5-11) e 7 (Pingo-de-ouro 1-5-5) serem considerados estáveis, os mesmos apresentaram produtividade abaixo da média, não se enquadrando como genótipos ideais.

Assim, pode-se visualizar como mais instáveis os genótipos 9 (Pingo-de-ouro 1-5-8) e 12 (Pingo-de-ouro 1-5-14), que apresentaram uma produtividade acima da média. Segundo suas produtividades, os genótipos foram classificados na seguinte ordem: 6 (Pingo-de-ouro 1-5-4) > 10 (Pingo-de-ouro 1-5-10) > 8 (Pingo-de-ouro 1-5-7) > 5 (Pingo-de-ouro 1-5-26) > 7 (Pingo-de-ouro 1-5-5) > 9 (Pingo-de-ouro 1-5-8) > 2 (Bico-de-ouro 1-5-15) > 4 (Bico-de-ouro 1-5-24) > 12 (Pingo-de-ouro 1-5-14) > 13 (BRS Tumucumaque) > 3 (Bico-de-ouro 1-5-19) > 11 (Pingo-de-ouro 1-5-11) > 1 (Bico-de-ouro 1-5-11) > 14 (BRS Imponente). Sendo que os genótipos 13 (BRS Tumucumaque) e 11 (Pingo-de-ouro 1-5-11), além da produtividade a baixo da média foram altamente instáveis devendo ser descartados do ponto de vista de indicação de produtividade de grãos.

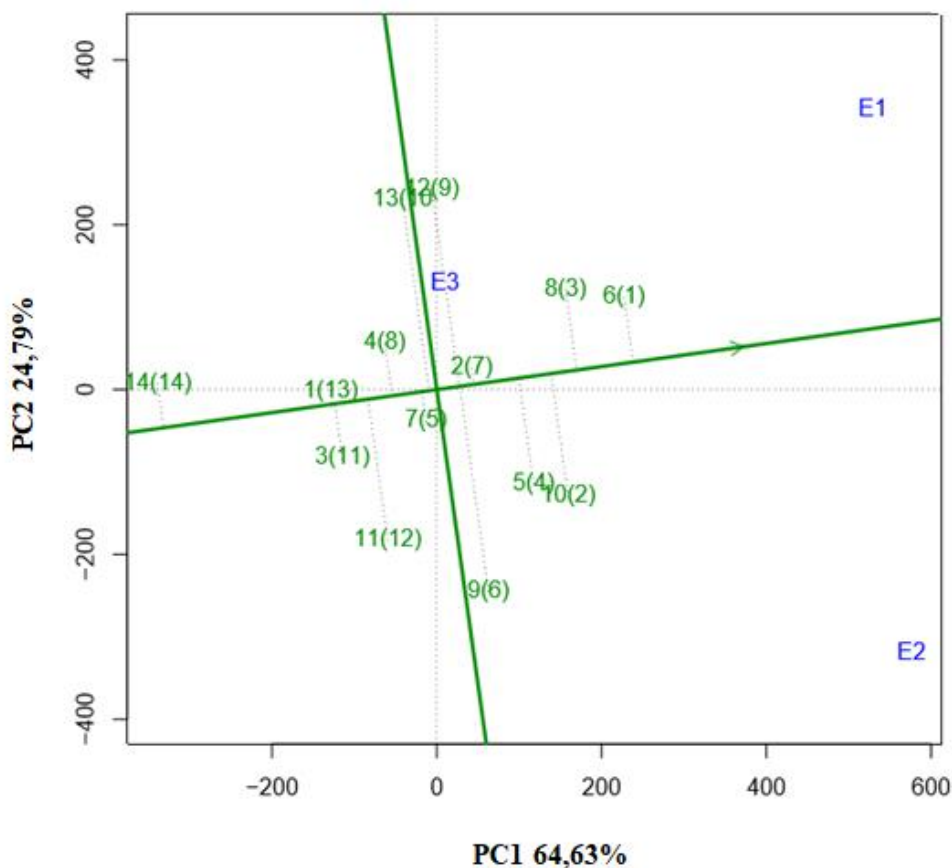


FIGURA 3 – Gráfico GGE-Biplot (“Média versus Estabilidade”) com eixo do ambiente-média (EAM) para a produtividade de genótipos de feijão-caupi.

O número entre parênteses é referente ao ranqueamento dos genótipos quanto a sua produtividade de grãos. PC1 e PC2 = primeiro e segundo componentes principais, respectivamente.

Na Figura 4, está o gráfico GGE-Biplot “ideal genotype”, como definido por Yan e Kang (2003), que permite fazer inferências quanto ao genótipo ideal. Dos quatorze genótipos avaliados, o genótipo 6 (Pingo-de-ouro 1-5-4) é o que está mais próximo do ideal, seguido do genótipo 8 (Pingo-de-ouro 1-5-7). Os genótipos 2 (Bico-de-ouro 1-5-15), 5 (Pingo-de-ouro 1-5-26) e 10 (Pingo-de-ouro 1-5-10) apresentaram produtividade de grãos acima das médias e se comportaram exceto o genótipo 10 (Pingo-de-ouro 1-5-10) como estáveis. Observa-se na referida Figura 4, que o genótipo 14 (BRS Imponente) manteve-se com o pior desempenho e se coloca como o mais distante do genótipo ideal.

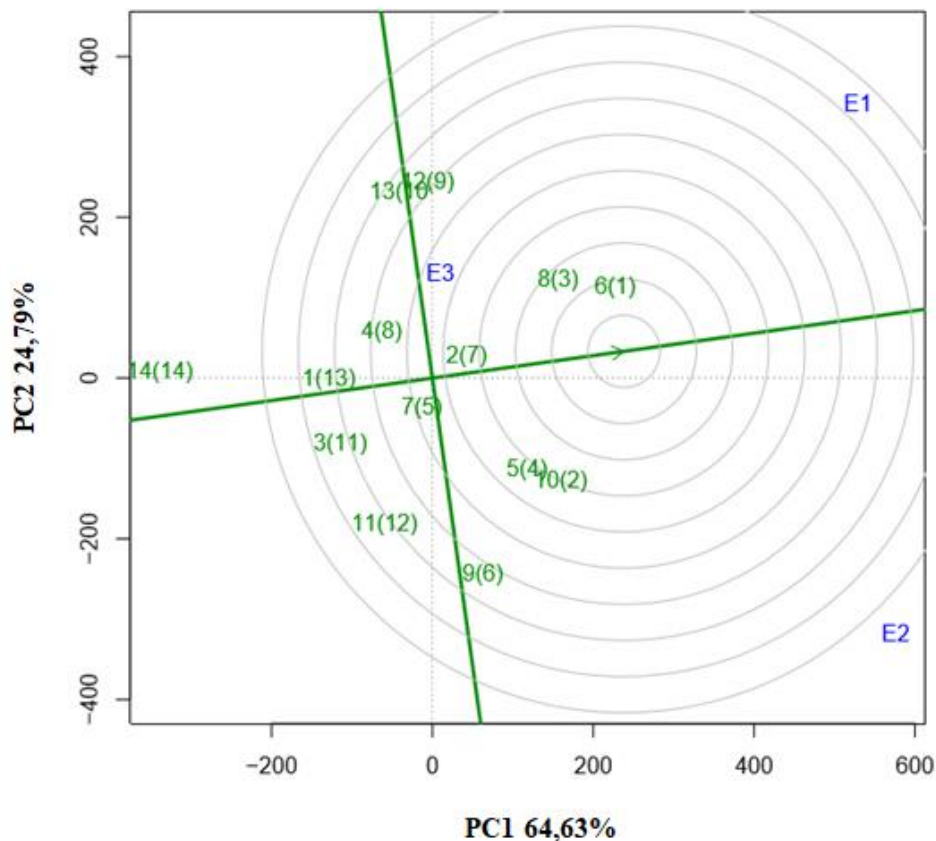


FIGURA 4 - Gráfico GGE-Biplot (“ideal genotype”) para a produtividade de genótipos de feijão-caupi.

O número entre parênteses é referente ao ranqueamento dos genótipos quanto a sua produtividade de grãos. PC1 e PC2 = primeiro e segundo componentes principais, respectivamente.

Para Yan e Rajcan (2002), um genótipo ideal deve ter produtividade de grãos média constantemente elevada em todos os ambientes em questão, sendo graficamente definido pelo vetor mais longo em PC1 e PC2 sem projeções, demonstrado pela seta no centro dos círculos concêntricos. Conforme Mattos (2012), um genótipo é considerado ideal se possuir uma alta produtividade média e manter essa produtividade em todos os ambientes em avaliado. Dessa forma, mesmo que este genótipo seja apenas uma estimativa, ele é utilizado como referência para a avaliação de genótipos de forma que os mais promissores estarão localizados o mais próximo possível dele.

Na Figura 5 cada linha que conecta um ambiente à origem do Biplot é denominada de vetor de ambiente. O ambiente E3 (Aquidauana, 2017) e E1 (Dourados, 2016) são positivamente correlacionados (ângulo agudo), E3 (Aquidauana, 2017) e

E2(Dourados, 2017) são levemente correlacionados negativamente (um ângulo obtuso) e E1 (Dourados, 2016) e E2 (Dourados, 2017) são não correlacionados (um ângulo reto). A presença de ângulos obtusos é um indicativo de forte interação GxA cruzada. Na análise visual do GGE-Biplot, os ângulos formados entre os vetores de cada ambiente estão relacionados com a correlação entre os ambientes (Yan e Tinker, 2006).

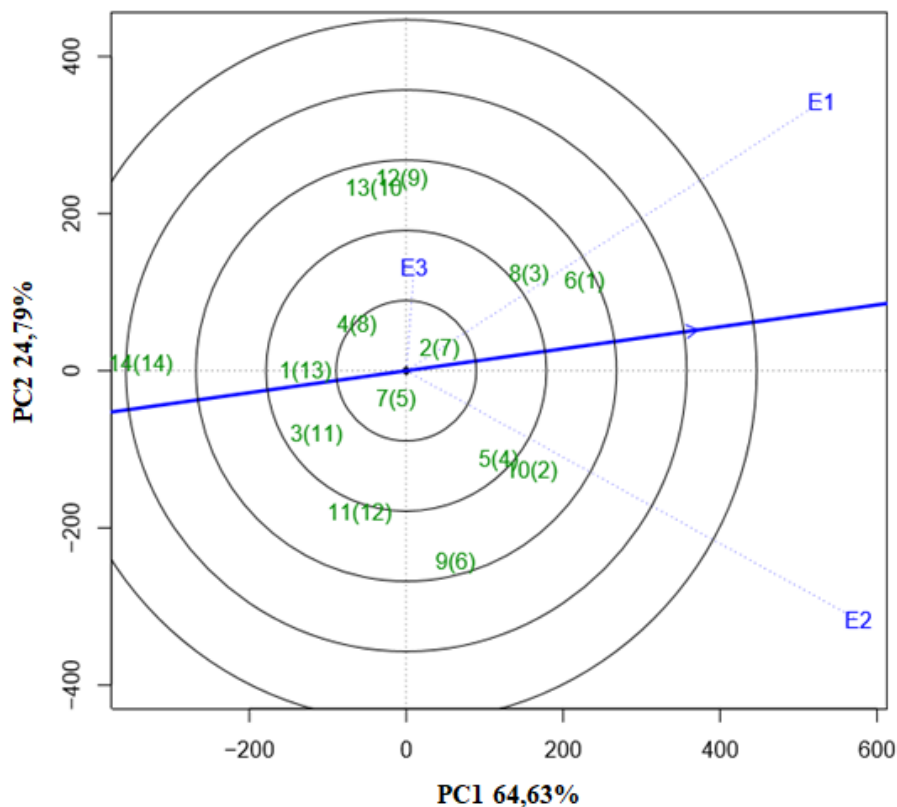


FIGURA 5 - Gráfico GGE-Biplot (“discriminação e representatividade”) para a produtividade de genótipos de feijão-caupi.

O número entre parênteses é referente ao ranqueamento dos genótipos quanto a sua produtividade de grãos. PC1 e PC2 = primeiro e segundo componentes principais, respectivamente.

Os círculos concêntricos no Biplot ajudam a visualizar o comprimento dos vetores de ambiente, que é proporcional ao desvio-padrão dentro dos respectivos ambientes e é uma medida da capacidade de discriminar os ambientes. Portanto, entre os três ambientes, E1 (Dourados, 2016) e E2 (Dourados, 2017) foram mais discriminantes (mais informativos) e o E3 (Aquidauana, 2017) o menos discriminante. Ambientes não discriminantes oferecem pouca informação e, portanto, não devem ser usados como ambiente teste. Portanto o ambiente E1 (Dourados, 2016) se destacou nos



dois modos de interpretação, sendo assim o ambiente de teste “ideal” tanto de discriminação dos genótipos como na representação do ambiente.

A avaliação do ambiente teste tem como identificar ambientes que podem ser utilizado para selecionar genótipos superiores de forma eficaz para um mega ambiente. A seleção de um ambiente de teste deve apresentar maior discriminação dos genótipos e representatividade.

## **2. Adaptabilidade e estabilidade via REML/BLUP**

Os pressupostos dos efeitos das contribuições dos componentes de variância afirmam que 83,11% foi atribuída ao ambiente, 8,79% à interação GxA e 8,1% aos genótipos avaliados (Tabela 6).

A dispersão residual entre parcelas ( $V_e$ ) representar 83,11% desse valor. Resultados em magnitudes semelhantes foram observados por Maia et al. (2009), Rosado et al. (2012), Torres et al. (2015) e Carvalho et al. (2016), que ao avaliarem os efeitos da interação  $G \times A$  sobre genótipos de cajueiro, eucalipto, feijão-caupi e algodão, respectivamente, via modelos mistos, constataram que a variância residual entre parcelas representou valores acima de 60% da variância fenotípica individual. O valor fenotípico é relacionado com a medida de um caráter gerado nos ensaios de campo, contendo os efeitos do ambiente e da interação desse genótipo no ambiente. Então, o somatório das variâncias genotípica, residual entre parcela e a interação resulta na variância fenotípica individual ( $V_f$ ).

A análise estatística de modelos mistos via REML/BLUP, fornece resultados que são interpretados diretamente como valores genotípicos, já então penalizados ou capitalizados pelas estimativas de estabilidade e adaptabilidade (CARBONELL et al., 2007; VERARDI et al., 2009; SILVA et al. 2011).

TABELA 6. Componentes de variância e coeficiente de determinação referente á análise conjunta envolvendo 14 genótipos de feijão-caupi.

<b>REML/BLUP</b>	
Componentes de variâncias	Coeficiente de determinação
Vg = 5226.33	$h^2g = 0,08 \pm 0,06$
Vint = 5670.00	$h^2mg = 0,45$
Ve = 53633.69	Acgen = 0,67
Vf = 64530.03	$c^2int = 0,08$
	rgloc = 0,47
	CVgi% = 10,53
	CVe% = 33,73

Vg= variância genotípica; Ve= variância ambiental; Vint= variância da interação genótipos x ambientes; Vf = variância fenotípica;  $h^2g$ = herdabilidade de parcelas individuais no sentido amplo;  $h^2mg$ = herdabilidade da média de genótipos; Acgen= acurácia da seleção de genótipos;  $c^2int$  = coeficiente de determinação dos efeitos da interação genótipos x ambientes; rgloc: correlação genotípica entre o desempenho nos vários ambientes; CVg= coeficiente de variação genético; CVe= coeficiente de variação residual.

O coeficiente de variação experimental (CVe) foi de 33,73% (Tabela 6), sendo esse valor semelhante aos observados nos trabalhos conduzidos com a cultura do feijão-caupi (ALMEIDA et al., 2012; SANTOS et al., 2014; TORRES et al., 2015). Quando se trata da produtividade de grãos, este valor é esperado, visto que este caráter é significativamente influenciado pelas características edafoclimáticas de cada ambiente. O valor obtido para o coeficiente de variação genética (CVg ; 10,53) mostra que a fração mediana da variância genética foi extraída da variação fenotípica total, ou seja, o Cvg quantifica a magnitude da variação genética disponível para seleção e, portanto, altos valores são desejáveis. A avaliação conjunta de CVg e CVe é refletida na estatística  $gg^r$  (RESENDE; DUARTE 2007). A acurácia adquirida (67%) indica uma boa qualidade experimental e, portanto, segurança na seleção de genótipos superiores quanto ao caráter produtividade de grãos em feijão-caupi.

A herdabilidade da média dos genótipos ( $h^2mg$ ) é obtida quando se utilizam médias dos blocos como parâmetro de avaliação e/ou seleção (RESENDE, 2007). As estimativas obtidas para este parâmetro (0,45) permite inferir que, com base nos valores genotípicos preditos, há segurança na seleção dos genótipos apesar de onerosa. Quando se estima a herdabilidade individual num modo amplo ( $h^2g$ ), considera-se a dispersão

genética total, isto é, toda a variância genética entre os genótipos. A variância dos efeitos genotípicos ( $V_g$ ) demonstra uma magnitude inferior à variância dos efeitos da interação  $G \times A$  ( $V_{int}$ ), constituindo 8,79% da variabilidade fenotípica total, representada pela herdabilidade de parcelas individuais ( $h^2_g$ ). Resultados em magnitudes semelhantes foram observados por Maia et al. (2009), Rosado et al. (2012), Laviola et al. (2012), Torres et al. (2015) e Carvalho et al. (2016), ao estimarem parâmetros genéticos via REML/BLUP em clones de caju, eucalipto, pinhão -manso, feijão-caupi e algodão, respectivamente.

As estimativas de magnitude de  $V_{int}$  são consideradas baixas, equivalendo de 8,79% da variabilidade fenotípica total, assim favorecendo a obtenção da correlação fenotípica moderada ( $rg_{loc} = 0,47$ ) entre os ambientes. Demonstrando a importância de realizar avaliações sobre adaptabilidade e estabilidade de genótipos de feijão-caupi, tendo em vista a recomendação acurada para os produtores do estado do Mato Grosso do Sul. Em relação ao maior ou menor grau de adaptabilidade/estabilidade genética dos indivíduos, a variância da interação  $G \times A$  ( $V_{int}$ ) pode agravar a expressão fenotípica de um caráter (Bastos et al., 2007). Esta medida dimensiona o quanto da variação total está representado pela variação da interação  $G \times A$ . As magnitudes pequenas de ( $V_{int}$ ) indica que a interação genótipos versus ambientes pouco influencia no valor fenotípico (Maia et al., 2009). Dessa forma, um genótipo com alta produtividade em um ambiente tende a manter o mesmo nível de produtividade em outros ambientes diversos, uma vez que esse genótipo responde positivamente às influências ambientais (correlação entre valores genotípicos, através dos locais), além de possuir previsibilidade considerável frente às variações ambientais.

A correlação genotípica média do desempenho dos genótipos através dos ambientes ( $rg_{loc}$ ) proporciona a confiabilidade do ordenamento dos melhores genótipos de feijão-caupi nos diversos ambientes testados. Portanto, foram observadas alterações significativas no ordenamento dos genótipos em virtude da magnitude mediana da  $rg_{loc}$  (0,47) e da  $Ac_{gen}$  (0,67). Isso indica a ocorrência da fração complexa da interação  $G \times A$ , acarretando certa dificuldade na seleção de genótipos de adaptação mais específica.

Os genótipos 6 (Pingo-de-ouro 1-5-4), 10 (Pingo-de-ouro 1-5-10) e 8 (Pingo-de-ouro 1-5-7), apresentaram os melhores valores genotípicos para média de todos os ambientes (Tabela 7). Em que os ganhos genéticos obtidos com a seleção dos referidos

genótipos foram, respectivamente: 12,45%; 10,31% e 9,10%. Haja visto que, esses valores podendo ser usado como indicativo de recomendação desses genótipos, selecionados em outros ambientes com padrão de interação GxA semelhante à verificada neste experimento. Nos três ambientes, os genótipos apresentaram o seguinte valor genotípico médio,  $\mu = 686,54$  nos três ambientes (Tabela 7). Em que o valor genotípico médio para os ambientes E1 (Dourados, 2016), E2 (Dourados, 2017) e E3 (Aquidauana, 2017) foram  $\mu_1 = 483,88$ ,  $\mu_2 = 974,03$  e  $\mu_3 = 601,70$ , respectivamente.

TABELA 7. Média genotípica da produtividade de grãos ( $\text{kg ha}^{-1}$ ) de genótipos de feijão-caupi para os três ambientes. Em Dourados e Aquidauana

Identificação	Genótipo	E1	E2	E3	Média ( $\text{kg ha}^{-1}$ )
1	Bico-de-ouro 1-5-11	353.96	832.43	593.75	593.38
2	Bico-de-ouro 1-5-15	564.48	987.74	511.25	687.83
3	Bico-de-ouro 1-5-19	296.10	913.45	661.25	623.60
4	Bico-de-ouro 1-5-24	432.33	891.34	<b>728.75</b>	684.14
5	Pingo-de-ouro 1-5-26	555.40	<b>1149.09</b>	445.00	716.50
6	Pingo-de-ouro 1-5-4	<b>756.68</b>	1181.01	<b>771.25</b>	<b>902.98</b>
7	Pingo-de-ouro 1-5- 5	426.85	998.69	<b>678.75</b>	701.43
9	Pingo-de-ouro 1-5-8	393.39	<b>1185.69</b>	513.75	697.61
10	Pingo-de-ouro 1-5-10	545.08	<b>1240.31</b>	642.50	<b>809.29</b>
11	Pingo-de-ouro 1-5-11	318.75	1006.90	488.75	604.80
12	Pingo-de-ouro 1-5-14	<b>652.06</b>	807.21	590.00	683.09
13	BRS Tumucumaque	602.12	781.10	615.00	666.07
14	BRS Imponente	145.09	598.48	602.50	448.69
<b>Média</b>		483.88	974.03	601.70	686.54

E1 = Dourados (2016); E2 = Dourados (2017); E3 = Aquidauana (2017).

Os genótipos 6 (Pingo-de-ouro 1-5-4), 10 (Pingo-de-ouro 1-5-10) e 8 (Pingo-de-ouro 1-5-7), adquiriram os melhores valores genotípicos ao longo dos ambientes e para o ambiente médio, de acordo com a análise REML/BLUP (Tabela 8). De acordo com o método da média harmônica do desempenho relativo dos ganhos genéticos (MHPRVG),

esses mesmos genótipos obtiveram também os melhores valores, método esse que seleciona simultaneamente genótipos com alta produtividade de grãos, adaptabilidade e estabilidade, apesar de não informar sobre os locais mais similares.

TABELA 8. Adaptabilidade e estabilidade dos valores genotípicos (MHPRVG) preditos pela análise REML/BLUP para a produtividade de grãos de 14 genótipos de feijão-caupi de para cada ambiente testado.

<b>Identificação</b>	<b>Genótipo</b>	<b>E1</b>	<b>E2</b>	<b>E3</b>	<b>Ambiente médio</b>	<b>MHPRVG</b>
<b>1</b>	Bico-de-ouro 1-5-11	415.73	902.41	569.80	644.51	624.26
<b>2</b>	Bico-de-ouro 1-5-15	508.25	978.51	575.22	687.11	688.02
<b>3</b>	Bico-de-ouro 1-5-19	408.12	936.07	599.44	658.14	637.66
<b>4</b>	Bico-de-ouro 1-5-24	467.80	948.69	638.70	685.45	685.81
<b>5</b>	Pingo-de-ouro 1-5-26	514.64	1035.55	564.62	700.05	699.00
<b>6</b>	Pingo-de-ouro 1-5-4	633.58	1104.16	720.70	<b>784.17</b>	<b>830.23</b>
<b>7</b>	Pingo-de-ouro 1-5- 5	471.65	986.07	629.31	693.25	693.51
<b>8</b>	Pingo-de-ouro 1-5-7	591.12	1033.91	629.08	<b>734.15</b>	<b>758.00</b>
<b>9</b>	Pingo-de-ouro 1-5-8	460.49	1040.44	579.06	691.53	680.63
<b>10</b>	Pingo-de-ouro 1-5-10	540.98	1092.08	652.73	<b>741.91</b>	<b>760.52</b>
<b>11</b>	Pingo-de-ouro 1-5-11	408.89	957.88	542.21	649.66	622.24
<b>12</b>	Pingo-de-ouro 1-5-14	532.77	923.35	597.12	684.98	693.29
<b>13</b>	BRS Tumucumaque	512.53	910.19	599.16	677.30	682.33
<b>14</b>	BRS Imponente	307.79	787.00	526.53	579.24	521.09
<b>Média</b>		483.88	974.02	601.69	686.53	----

MHPRVG= média harmônica da performance relativa dos valores genéticos

Neste contexto, é importante enfatizar que houve concordância de 80% entre os métodos GGE-Biplot e REML/ BLUP para a discriminação dos melhores genótipos, fato também observado por Silva et al. (2011) e Santos et Al. (2016). Os valores apresentados para MHPRVG foram computados, já penalizando os genótipos pela instabilidade através dos locais e, ao mesmo tempo, capitalizando a capacidade de resposta (adaptabilidade) à melhoria do ambiente (RESENDE, 2007; MAIA, 2009).

Contudo a identificação de genótipos superiores estáveis e altamente produtivos entre os diversos ambientes, ainda é um desafio para os melhoristas, ficando evidente que a utilização de diferentes métodos para especificação da estabilidade e adaptabilidade irá fornecer recomendações confiáveis quanto a recomendação de genótipos superiores.

## CONCLUSÕES

Os métodos GGE-Biplot e REML/BLUP são concordantes para a identificação de genótipos superiores de feijão-caupi para o Estado do Mato Grosso do Sul.

Os genótipos 6 (Pingo-de-ouro 1-5-4), 10 (Pingo-de-ouro 1-5-10) e 8 (Pingo-de-ouro 1-5-7), são os mais indicados para ser cultivados no Estado, pois reuniram alta produtividade de grãos, adaptabilidade e estabilidade.

## REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

ACCIARESI, H. A.; CHIDICHIMO, H. O. Genotype environment interaction in Avena sativa L.: employing AMMI and factorial correspondence models. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 34, n.10, p. 1823-1830, 1999.

ALI, Y.; ASLAM, Z.; HUSSAIN, F.; SHAKUR, A. Genotype and environmental interaction in cowpea (*Vigna Unguiculata* L.) for yield and disease resistance. **International Journal of Environmental Science & Technology**, Faisalabad, v. 1, n.2 p.119- 123, 2004.

ALMEIDA, W. S.; Fernandes, F. R. B.; Teófilo, E. M.; Bertini, C. H. C. M. . Adaptability and stability of grain yield in cowpea under different biometrics. **Revista Brasileira de Agrocência**, Pelotas, v.18, p. 221-228, 2012.

ALWALA, S. et al. A comprehensive comparison between Eberhart and Russell joint regression and GGE Biplot analyses to identify stable and high yielding maize hybrids. **Field Crops Research**, Amsterdam, v. 119, n. 2/3, p. 225-230, Nov. 2010.

ANDRADE JÚNIOR, A. S.; SANTOS, A. A.; SOBRINHO, C. A.; BASTOS, E. A.; MELO, F. B.; VIANA, F. M. P.; FREIRE FILHO, F. R.; CARNEIRO, J. S.; ROCHA, M. M.; CARDOSO, M. J.; SILVA, P. H. S.; RIBEIRO, V. Q. Cultivo do feijão-caupi (*vigna unguiculata* (L.) Walp). **Embrapa Meio Norte. Sistema de Produção 2**. Teresina. p.110, 2002

ANDRADE, F. N.; ROCHA, M. de M.; GOMES, R. L. F.; FREIRE FILHO, F. R.; V. Q. RIBEIRO; RAMOS, S. R. R. **Avaliação de genótipos de feijão-caupi de vagem roxa e grãos brancos para feijão-verde**. In: CONAC - CONGRESSO NACIONAL DE FEIJÃO-CAUPI, 1 e REUNIÃO NACIONAL DE FEIJÃO-CAUPI 4. Teresina, 2006 CD-ROM.

ARAÚJO, J. P. P. de; WATT, E. E. **O caupi no Brasil**.: EMBRAPACNPAP/Ibadan: ITTA, Goiânia ., p. 722, 1988.

ASIWE, J. A. N.; AJEIGBE, H. Field evaluation of IITA improved cowpea (*Vigna unguiculata* L.) lines for yield potential and stability in different environments and locations. In: **World cowpea research conference**, 5, Senegal, p.67-68, 2010  
Disponível em: <



[http://cowpea2010.iita.org/c/document\\_library/get\\_file?uuid=a93584d3-2226-4ff6-8e4b-920309df0b77&groupId=19070](http://cowpea2010.iita.org/c/document_library/get_file?uuid=a93584d3-2226-4ff6-8e4b-920309df0b77&groupId=19070) > Acesso em 21/10/2017.

BAKER, R.J. Tests for crossover genotype-environmental interactions. **Canadian Journal Plant Science**, Ottawa, v. 48, p. 405-410, 1988.

BASTOS, I. T., Barbosa, M. H. P., Resende, M. D. V., Peternelii, L. A., Silveira, L. C. I., Donda, L. R., Fortunato, A. A., Costa, P. M. A. e Figueiredo, I. C. R. Avaliação da interação genótipo × ambiente em cana-de-açúcar via modelos mistos. **Pesquisa Agropecuária Tropical**, Goiânia, v.37, p.195-203, 2007.

BECKER, H. C.; LEON, J. Stability analysis in plant breeding. **Plant Breeding**, Berlin, v. 101, p. 1-23, 1988.

BESPALHOK FILHO, J. C. INTERAÇÃO GENÓTIPO AMBIENTE. AF306 - Melhoramento de Plantas. **Departamento de Fitotecnia e Fitossanitarismo**. Curitiba, p. 3-4, 2017. Disponível em: <<http://www.bespa.agrarias.ufpr.br/paginas/livro/Capitulo%2017.pdf>>. Acesso em 05 de novembro de 2017.

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

CARBONELL, S. A. M.; LIMONTA, C.; PEREIRA, V. R. Qualidade tecnológica de grãos de genótipos de feijoeiro cultivados em diferentes ambientes. **Bragantia**, Campinas, v. 62, n. 3, p. 369-379, 2003.

CARBONELL, S.A.M.; CHIORATO, A.F.; RESENDE, M.D.V.; DIAS, L.A.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

CARDOSO, P.C; BRONDANI, C; MENEZES, I.P; VALDISSER, P.A. Discrimination of common bean cultivars using multiplexed microsatellite markers. **Genet. Mol. Res.** 13. Ribeirão Preto, p.1964-1978, 2014. Disponível em: <<http://dx.doi.org/10.4238/2014.March.24.1>>. Acesso em: 10 de outubro de 2017.

CARVALHO, L.P.; FARIAS, F.J.C.; MORELLO, C.L.; TEODORO, P.E. Uso da metodologia REML/BLUP para seleção de genótipos de algodoeiro com maior adaptabilidade e estabilidade produtiva. **Bragantia**, Campinas, 2016. Disponível em: <<http://dx.doi.org/10.1590/1678-4499.275>>. Acesso em: 02 de outubro de 2017.

CEMTEC. **Centro de Monitoramento de tempo, do Clima e dos Recursos hídricos de Mato Grosso do Sul**. Disponível em: <[http://www.cemtec.ms.gov.br/?page\\_id=15](http://www.cemtec.ms.gov.br/?page_id=15)>. Acesso em 10 de dezembro de 2017.

CHAVES, L. J. Interação de genótipos com ambientes. In: NASS, L. L.; VALOIS, A. C. C.; MELO, I. S.; VALADARES-INGLIS, M. C. (ed.) **Recursos genéticos e melhoramento: plantas**. Fundação MT, Rondonópolis, p.1183, 2001.

CORNELIUS, P.L.; CROSSA, J.; SEYEDSADER, M.S. Statistical test and estimators of multiplicative models for genotype-by-environment interaction. In: KANG, M.S.; GAUCH, H.G. (Ed). **Genotype-by-environment interaction**. Boca Raton: CRC Press, p. 199-234, 1996.

CORRÊA, M. P. **Dicionário das plantas úteis do Brasil e das exóticas cultivadas**. Rio de Janeiro: Serviço de Informação Agrícola . Rio de Janeiro, v. 3, p. 646 , 1952.

CRAUFURD, P. Q. et al. Development in cowpea (*Vigna unguiculata*) I. The influence of temperature on seed germination and seedling emergence. **Experimental Agriculture**, Cambridge, v.32, n. 1, p. 1-12, 1996a.

CRAUFURD, P. Q. et al. Development in cowpea (*Vigna unguiculata*) II. Effect of temperature and saturation deficit on time to flowering in photoperiod insensate genotypes. **Experimental Agriculture**, Cambridge, v. 32, n. 1, p. 13-28, 1996b.

CROSSA, J.; CORNELIUS, P. L. Sites regression and shifted multiplicative model clustering of cultivar trial sites under heterogeneity of error variances. **Crop Science**, Madison, v. 37, p. 405-415, 1997.

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

CRUZ, C. D.; CARNEIRO, P.C.S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. 2ed. Viçosa: Ed. UFV, 2006. v.2. 585p.

CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. Cap. 3 e 4 . 3 ed., v.1. Viçosa, MG: UFV, 2004, 480 p.

CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J.; CARNEIRO. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. 4. ed. Viçosa: UFV, 2006. 390 p.

CRUZ, C.D.; REGAZZI, A.J. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. 2. ed. Viçosa: UFV, 1997. 390p.

DOS SANTOS, A. **Comparison of methods for describing Adaptability and phenotypic stability of genotypes of cowpea**. 2014. 73f. Dissertação (Mestrado em Agronomia) – Universidade Federal da Grande Dourados, Dourados – MS.

DUARTE, J. B.; VENCOVSKY, R. Interação genótipo x ambientes: uma introdução a análise AMMI. Ribeirão Preto: **Sociedade Brasileira de Genética**, 1999. (Série Monografias, 9).

EGBE, O. M.; ALIBO, S. E.; NWUEZE, I. Evaluation of some extra-early and earlymaturing cowpea varieties for intercropping with maize in southern Guinea Savanna of Nigeria. **Agriculture and Biology Journal of North America**. v.1, p. 845-858, 2010.

EMBRAPA. CPAMN Sistemas de Produção 2 - **Cultivo do Feijão-caupi**. Teresina, 2003. Versão eletrônica disponível em: <http://www.cpamn.embrapa.br>. Acesso em: 20 de outubro de 2017.

FARIS, D. G. The origin and evolution of the cultivated forms of *Vigna sinensis*. **Canadian Journal of Genetics and Cytology**, Ottawa, v. 7, n. 6, p. 433-452, 1965.

FREIRE FILHO, F. R. et al. **Características botânicas e agronômicas de feijão mácassar (*Vigna unguicalata* (L.) Walp)**. Teresina: Embrapa – UEPAE, p. 45, 1981.

FREIRE FILHO, F. R. et al. **Feijão-Caupi no Brasil: Produção, Melhoramento Genético, Avanços e Desafios**. 1. ed. Teresina: Embrapa Meio-Norte, p. 84, 2011.

FREIRE FILHO, F. R. **Origem, evolução e domesticação do caupi (*Vigna unguiculata* (L.) Walp.)** In: ARAÚJO, J. P. P. de; WATT, E. E. (Org). O Caupi no Brasil. Goiânia: EMBRAPA-CNPAF/Ibadan: IITA, p. 25-46, 1988.

FREIRE FILHO, F. R.; LIMA, J. A. A.; RIBEIRO, V. Q. **Feijão-caupi: avanços tecnológicos**. Brasília, DF: Embrapa Informação Tecnológica, p. 519, 2005.

GABRIEL, K. R. The Biplot graphic display of matrices with application to principal component analysis. **Biometrika**, London, v. 58, n. 3, p. 453-467, 1971.

HOOGERHEIDE, E. S. S.; FARIAS, F. J.; VENCOVSKY, R.; FREIRE, E. C. Estabilidade fenotípica de genótipos de algodoeiro no Estado do Mato Grosso. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 42, n. 5, p. 695-698, 2007.

ISHIYAKU, M. F.; ALIYU, H.; ZARIA, A. A. Multi-environment evaluation of some elite lines of cowpea (*Vigna unguiculata* L.) in North West Nigeria. In: **World cowpea research conference**, 5, Senegal: Resumo... Senegal, p. 30, 2010. Disponível em: <[http://cowpea2010.iita.org/c/document\\_library/get\\_file?uuid=a93584d3-2226-4ff6-8e4b-920309df0b77&groupId=19070](http://cowpea2010.iita.org/c/document_library/get_file?uuid=a93584d3-2226-4ff6-8e4b-920309df0b77&groupId=19070)> Acesso em 15/10/2017.

KARIMIZADEH, R.; MOHAMMADI, M.; SABAGHNI, N., MAHMOODI, A. A.; ROUSTAMI, B.; SEYYEDI, F.; AKBARI, F.. GGE Biplot analysis of yield stability in multi-environment trials of lentil genotypes under rainfed condition. **Notulae Scientiae Biologicae**, 6, Akbari, p. 256-262, 2013.

LAVIOLA, B. G., Alves, A. A., Gurgel, F. D., Rosado, T. B., Rocha, R. B. e Albrecht, J. C. Estimates of genetic parameters for physic nut traits based in the germplasm two years evaluation. **Ciência Rural**, Santa Maria, v.42, p. 429-435, 2012. Disponível em: <http://dx.doi.org/10.1590/S0103-84782012000300008>. Acesso em 04 de outubro de 2017.

LIN, C. S; BINNS, M. R.; LEFKOVITCH, L. P. Stability analysis. Where do we stand? **Crop Science**, Madison, v. 26, p. 894-899, 1986.

LIN, C.S.; BINNS, M.R. A superiority measure of cultivar performance for cultivar x location data. **Canadian Journal of Plant Science**. Ottawa, v.68, n.1, p.193-198, 1988.

LOPES, A. M.; CRAVO, M. S.; SAMPAIO, L. S. **Efeito da interação genótipo x ambiente no rendimento de grãos de feijão-caupi de porte ereto no estado do Pará**. In: CONAC - CONGRESSO NACIONAL DE FEIJÃO-CAUPI, 1 e REUNIÃO NACIONAL DE FEIJÃO-CAUPI, 4, Embrapa Meio-Norte, Teresina, 2006, CD-ROM.

MAIA, M. C. C.; RESENDE, M. D. V.; PAIVA, J. R.; CAVALCANTI, J. J. V.; BARROS, L. M. Seleção simultânea para produção, adaptabilidade e estabilidade genotípicas em clones de cajueiro, via modelos misto. **Pesquisa Agropecuária Tropical**, Goiânia, v. 39, p. 43-50, 2009.

MARÉCHAL, R.; MASCHERPA, J. M; STAINIER, F. Étude taxonomique d'un groupe complexe d'espèces de genres *Phaseolus* et *Vigna* (Papilionaceae) sur la base de données morphologiques et polliniques, traitées par l'analyse informatique. **Boissiera**, Chambésy Genève, n. 28, p. 1-273, 1978.

MARIOTTI, J. A. et al. Análisis de estabilidad y adaptabilidad de genotipos de caña de azúcar: I., interacciones dentro de una localidad experimental. **Revista Agronómica del Nordeste Argentino**, San Miguel de Tucumán, v. 13, n. 14, p. 105-127, 1976.

MARQUES, M. C.; HAMAWAKI, O. T.; SEDIYAMA, T.; BUENO, M. R.; REIS, M. S.; CRUZ, C. D.; NOGUEIRA, A. P. O. Adaptabilidade e estabilidade de genótipos de soja em diferentes épocas de semeadura. **Bioscience Journal**, Uberlândia, v.27, n.1, p.5969, 2011

MARTINELLI, A.P. **Métodos AMM, GGE biblot, REML/BLUP e Análise de Fatores na estabilidade e estratificação de ambientes de safrinha para seleção de híbrido de milho**. 2013. 61p. Dissertação (Mestrado) – Universidade Federal de Uberlândia, Uberlândia, Minas Gerais, Brasil. Disponível em: <<https://repositorio.ufu.br/bitstream/123456789/12183/1/Andre%20Paulo.pdf>>. Acesso em 15 de outubro de 2017.

MATTOS, P. H. C. de. **Adaptabilidade e estabilidade de genótipos precoces de cana-de-açúcar no Estado do Paraná pelos métodos AMMI e GGE Biplot adaptabilidade e estabilidade de genótipos precoces de cana-de-açúcar no Estado do Paraná**. 2012. 42 p. Dissertação (Mestrado em Produção Vegetal) - Universidade Federal do Paraná, Curitiba, 2012.

MENDES, B.C. **Desempenho da cultura do feijão caupi em função da adubação com silicato de potássio via foliar.** 2017. 16f. Monografia – Universidade Federal do Maranhão, Chapadinha – MA. Disponível em: <https://monografias.ufma.br/jspui/bitstream/123456789/1388/1/BiancaMendes.pdf>. Acesso em 12 abril de 2018.

MORAKINYO, J. A.; AJIBADE, S. R. Effect of seasons and genotype x season interaction of vegetative and yield parameters of cowpea (*Vigna unguiculata* L. Walp). **Nigerian Journal of Science**, v.32, p.21-25, 1998.

NG, N. Q.; MARÉCHAL, R. Cowpea taxonomy, origin germ plasm. In: SINCH, S. R; RACHIE, K. O., eds. Cowpea research, production end utilization. **Cheichecter: John Wiley**, p.11-21, 1985.

NUNES, H. F. **Adaptabilidade e estabilidade da produtividade de grãos de genótipos de feijão-caupi do tipo fradinho em cultivos de sequeiro e irrigado.** Universidade Federal do Piauí. Dissertação de Mestre. Teresina 2012. Disponível em : <http://www.leg.ufpi.br/subsiteFiles/ppgm/arquivos/files/Dissertacao%20Final%20Hendrie%20Nunes.pdf>. Acesso em 14 de outubro de 2017.

PADI, F. K. Genotype x environment interaction and yield stability in a cowpea-based cropping system. **Euphytica**, v. 158, p. 11–25, 2007.

PADULOSI, S. Plant exproation and germplasm collection in Zimbabwe. Ibadan: **International Institute of Tropical Agriculture**. Nigeria, p. 32, 1987.

PADULOSI, S.; NG, N. Q. Origin taxonomy, and morphology of *Vigna unguiculata* (L.) Walp. In: SINGH, B. B.; MOHAN RAJ, D. R.; DASHIELL, K. E.; JACKAI, L. E. N. (Ed.). *Advances in cowpea research*. Ibadan: International Institute of Tropical Agriculture; Tsukuba: **Japan International Research Center for Agricultural Sciences**, Nigeria, p.1-12, 1997.

PEREIRA, E. R. M. S. **Comparação de métodos no estudo da estabilidade fenotípica.** 2009. 69f. Dissertação (Mestrado em Estatística e Experimentação Agrônômica) – Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Universidade de São Paulo, Piracicaba.

PEREIRA, H.S; DEL PELOSO, M.J; BASSINELLO, P.Z; GUIMARÃES, C.M. 2014. Genetic variability for iron and zinc content in common bean lines and interaction with water availability. **Genet. Mol. Res.** 13: 6773-6785. Disponível em: <<http://dx.doi.org/10.4238/2014>>. Acesso em: 05 de outubro de 2017.

PHILLIPS, E. P. **The genera of South African flowering plants**. Pretoria: Government Printer, p,702, 1951.

R DEVELOPMENT CORE TEAM (2014). **R: A language and environment for statistical computing**. Disponível em: <<http://www.R-project.org> >. Acessado em 23 outubro de 2017.

RACHIE, K. O. Introduction. In: SINGH, S. H.; RACHE, K. O. Cowpea, research, production and utilization. Chichester: John Wiley. 1985. p. 21-28. RAMALHO, M. A. P. et al. **Genética na agropecuária**. 5. ed. Lavras: UFLA, p. 566, 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, p. 522, 2012.

RESENDE, M. D. V. **O Software Selegen-Reml/Blup**. Documento. Embrapa. Campo Grande, p.305, 2006.

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

RESENDE, M.D.V. **SELEGEN-REML/BLUP**: sistema estatístico e seleção genética computadorizada via modelos lineares mistos. Embrapa Florestas, Colombo, p.359, 2007.

RESENDE, M.D.V. **Software Selegen-REML/BLUP: a useful tool for plant breeding**. Crop Breeding and Applied Biotechnology (CBAC). vol.16. n.4 Viçosa. 2016. Disponível em: <[http://www.scielo.br/scielo.php?pid=S1984-70332016000400330&script=sci\\_arttext](http://www.scielo.br/scielo.php?pid=S1984-70332016000400330&script=sci_arttext)>. Acesso em 06 de março de 2018.

RESENDE, M.D.V.; **Genética biométrica e estatística no melhoramento de plantas perenes**. Embrapa Informação Tecnológica, Brasília, p. 971, 2002.

ROBERTSON, A. The sampling variance of the genetic correlation coefficient. **Biometrics**, Arlington, v. 15, n. 3, p. 469-485, Sept. 1959.

ROCHA, M. de M.; FREIRE FILHO, F. R.; RIBEIRO, V. Q.; CARVALHO, H. W. L., FILHO, J. B., RAPOSA, J. A. A., ALCÂNTARA, J. DOS P. RAMOS, S. R. R., MACHADO, C. F. **Adaptabilidade e estabilidade produtiva de genótipos de feijão-caupi de porte semiereto na Região Nordeste do Brasil**. Pesquisa Agropecuária Brasileira, Brasília, v.42, n.9, p.1283-1289, set. 2007.

ROCHA, M.M; DAMASCENO, K.J.; FREIRE FILHO, S.F.R.; MENEZES JUNIOR, J.A.N. **Cultivo de Feijão-Caupi. Sistema de produção Embrapa**. Versão Eletrônica 2ª edição. Março.2017. Disponível em: < <https://www.infoteca.cnptia.embrapa.br/infoteca/bitstream/doc/1071691/1/SistemaProducaoCaupiCapituloCultivares.pdf>> . Acesso em 10 de outubro de 2017.

ROSADO, A. M., ROSADO, T. B., ALVES, A. A., LAVIOLA, B. G. e BHERING, L. L. **Seleção simultânea de clones de eucalipto de acordo com produtividade, estabilidade e adaptabilidade**. Pesquisa Agropecuária Brasileira, Brasília, v. 47, p. 964-971, 2012. Disponível em: < <http://dx.doi.org/10.1590/S0100-204X2012000700013>>. Acesso em 05 de outubro de 2017.

SAGRILO, E.; QUEIRÓS, L.S.; SANTIN, T. **Embrapa Agropecuária Oeste pesquisa a cultura do feijão-caupi**. Dourados. 2006. Disponível em [http://www.cpao.embrapa.br/Noticias/artigos/artigo\\_15.html](http://www.cpao.embrapa.br/Noticias/artigos/artigo_15.html). Acesso em: 10/10/2017.

SANTOS, A.; CECCON, G.; TEODORO, P. E.; CORREA, A.M.; ALVAREZ, R.C.F.; SILVA, J.F.; ALVES, V.B. Adaptabilidade e estabilidade de genótipos de feijão caupi ereto via REML/BLUP e GGE Biplot. **Bragantia**, Campinas, 2016. Disponível em: < <http://dx.doi.org/10.1590/1678-4499.280>>. Acesso em 10 de outubro de 2017.

SANTOS, C. A. F.; ARAÚJO, F. P. Produtividade e morfologia de genótipos de caupi em diferentes densidades populacionais nos sistema irrigado e de sequeiro. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 35, n. 10, p. 1977- 1984, out. 2000.

SANTOS, J. A. S.; SOARES, C. M. G.; CORRÊA, A. M.; TEODORO, P. E.; RIBEIRO, L. P.; ABREU, H. K. A. Agronomic performance and genetic dissimilarity among cowpea (*Vigna unguiculata* (L.) Walp.) genotypes. **Global Advanced Research Journal of Agricultural Science**, v.3, p. 271-277, 2014.



SANTOS, J. W. dos; ALMEIDA, F. de A. C.; BELTRÃO, N. E. de M.; CAVALCANTE, F. B. **Estatística experimental aplicada**. Cap. 5, 2 ed. Campina Grande/PB: Embrapa Algodão, p.461, 2008b.

SARIAH, J. E. **Enhancing cowpea (*Vigna unguiculata* L.) production through insect pest resistant line in East Africa**. 2010. 84 f. PhD thesis - Faculty of Life Sciences, University of Copenhagen, Frederiksberg, 2010.

SHIMELIS, H.; SHIRINGANI, R. P. Variance components and heritabilities of yield agronomic traits among cowpea genotypes. **Euphytica**, 176, p.383-389, 2010.

SHIRINGANI, R. P. **Effects of planting date and location on phenology, yield and yield components among selected cowpea varieties**. 2007. 73 f. Dissertation (Msc/Agriculture) - Faculty of Science and Agriculture University of Limpopo, School of agricultural and environmental Sciences, South Africa.

SHIRINGANI, R. P.; SHIMELIS, H. Yield response and stability among cowpea genotypes at three planting dates and test environments. **African Journal of Agricultural Research**, v.6, p.3259-3263, 2011.

SILVA, G. O.; CARVALHO, A. D. F.; VEIRA, J. V.; BENIN, G. Verificação da adaptabilidade e estabilidade de populações de cenoura pelos métodos AMMI, GGE Biplot e REML/BLUP. **Bragantia**, Campinas, v. 70, p. 494- 501, 2011. Disponível em: < <http://dx.doi.org/10.1590/S0006-87052011005000003>>. Acesso em: 15 de outubro de 2017.

SILVA, W. C. J. e; DUARTE, J. B. Métodos estatísticos para estudo de adaptabilidade fenotípica em soja. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v.41, n.1, p.23-30, 2006.

SINGH, I.; BADAYA S. N.; TIKKA, S. B. S. Combining ability for yield over environments in cowpea (*Vigna unguiculata* L. Walp). **Indian Journal Crop Science**, Gujrat, v.1, p.205-206, 2006.

SMARTT, J. Grain legumes: evolution and genetic resources. **Cambridge**: Cambridge University Press, p.333, 1990.

STEELE, W. M. Cowpeas: *Vigna unguiculata* Leguminosae-Papilionatae. In SIMONDS, N. W. Ed. **Evolution of crop Plant**. London: Longmans, p. 183-185, 1976.

STEELE, W. M.; MEHRA, K. L. Structure, evolution and adaptation to farming system and environment in *Vigna*. In: SUMMERFIELD, D. R.; BUNTING, A. H. (Ed.) *Advances in legume science*. **England: Royal Botanic Gardens**, p.459-468, 1980.

SUMMERFIELD, R. J.; HUXLEY, P. A.; STEEL, W. Cowpea (*Vigna unguiculata* (L.) Walp.). **Field Crop Abstracts**, Wallingford, v. 27, p. 301-312, 1974.

SUMMERFIELD, R. J.; ROBERTS, E. H. *Vicia Faba*. In: *Handbook of flowering*. Boca Raton: A.H. Halvey, **CRC Press**, London, v. 1, p. 171-184, 1985.

TEIXEIRA, N. J. P. et al. Produção, componentes de produção e suas inter-relações em genótipos de feijão-caupi [*Vigna unguiculata* (L.) Walp.] de porte ereto. **Revista Ceres**, Viçosa, v. 54, n. 314, p. 375-383, 2007.

TORRES, F. E.; TEODORO, P. E.; SAGRILO, E.; CORREA, A. M.; CECCON G.. Interação genótipo × ambiente em genótipos de feijão caupi semi prostrado via modelos mistos. **Bragantia**, Campinas, v. 74, p. 255-260, 2015. <http://dx.doi.org/10.1590/1678-4499.0099>.

VENCOVSKY, R.; BARRIGA, P. *Genética biométrica no fitomelhoramento*. Ribeirão Preto: **Sociedade Brasileira de Genética**, p. 496, 1992.

VERARDI, C.K.; RESENDE, M.D.V.; COSTA, R.B.; GONÇALVES, P.S. Adaptabilidade e estabilidade da produção de borracha e seleção em progênes de seringueira. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v.44, p.1277-1282, 2009.

VERDCOURT, B. Studies in the Leguminosae-Papilionoidea for the flora of tropical East Africa IV. **Kew Bulletin**, Kew, v. 24, n. 3, p. 569-597, 1970.

VICENTE, D.; PINTO, R. J. B.; SCAPIM, C. A. Análise da adaptabilidade e estabilidade de linhagens elite de soja. **Acta Scientiarum**. Agronomy, Maringá, v. 26, n. 3, p. 301-307, 2004.

WATT, E. E. First annual report on the EMBRAPA/IITA - **Cowpea Program in Brasil**. Goiania: EMBRAPA-CNPAP, p.55, 1978.

WESTPHAL, E. Pulses in Ethiopia, their taxonomy and agricultural significance. Wageningen: **Centre for Agricultural Publishing and Documentation**, p.263, 1974.

WIEN, H. C.; SUMMERFIELD, R. J. Cowpea (*Vigna unguiculata* (L.) Walp.) In: GOLDSWORTHY, P. R.; FISCHER, N. M. (Eds). **The physiology of tropical field crops**. Chichester: John e Willey & Sons, p. 353-383, 1984a.

WORLD COWPEA RESEARCH CONFERENCE, 5, 27 set./01 out. 2010. Senegal. Anais...Disponível:[http://cowpea2010.iita.org/c/document\\_library/get\\_file?uuid=a93584d3-2226-4ff6-8e4b-920309df0b77&groupId=19070](http://cowpea2010.iita.org/c/document_library/get_file?uuid=a93584d3-2226-4ff6-8e4b-920309df0b77&groupId=19070). Acesso: 13 de outubro de 2017

YAN, W. ; RAJCAN, I. Biplot evaluation of test sites and trait relations of soybean in Ontario. **Crop Science**, Guelph v. 42, p.11-20, 2002. Disponível em: <http://dx.doi.org/10.2135/cropsci2002.0011>. Acesso em 17 de outubro de 2017.

YAN, W. GGE Biplot vs. AMMI graphs for genotype-by-environment data analysis. **Journal of the Indian Society of Agricultural Statistics**, New Delhi, v. 65, n. 2, p. 181-193, 2011.

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, n. 3, p. 597-605, 2000.

YAN, W.; KANG, M.S. **GGE Biplot analysis: a graphical toll for breeders, geneticists, and agronomists**. 1.ed. Boca Raton: CRC Press LLC, Florida, p. 288, 2003.

YAN, W.; KANG, M.S.; MA, B.; WOODS, S.; CORNELIUS, P.L. GGE Biplot vs. AMMI Analysis of Genotype-by-Environment Data. **Crop Science**, Madison, v.47, p.643-653, 2007.

YAN, W.; TINKER, N. A. Biplot analysis of multi-environment trial data: principles and applications. **Canadian Journal of Plant Science**, Ontario, v. 86, n. 3, p. 623-645, July 2006.