

SELEÇÃO SIMULTÂNEA PARA PRODUÇÃO, ADAPTABILIDADE E ESTABILIDADE GENOTÍPICAS EM CLONES DE CAJUEIRO, VIA MODELOS MISTOS¹

Maria Clideana Cabral Maia², Marcos Deon Vilela Resende³,
João Rodrigues de Paiva⁴, José Jaime Vasconcelos Cavalcanti⁴, Levi de Moura Barros⁴

ABSTRACT

SIMULTANEOUS SELECTION FOR GENOTYPIC PRODUCTION, ADAPTABILITY, AND STABILITY IN CASHEW CLONES BY MIXED MODELS

This work aimed to study the interaction between genotypes and environments, using the BLUP/REML procedure for evaluation of precocious cashew clones. The purpose of this work was to identify genotypes that simultaneously aggregate high productivity and genotypic adaptability and stability. The experiments were set up employing a complete block design, with eleven treatments, three repetitions and five plants per plot. The results showed an alteration in the clone order, in the different environments, as reflected from the genotypic correlation of average magnitude (0.58). The heritability of clones presented moderate to high magnitude for the different traits, indicating excellent possibilities for selection, allowing selective accuracy of 83%. The MHVG, PRVG, and MHPRVG methods can be part of selective criteria in the cashew breeding program.

KEY-WORDS: *Anacardium occidentale*; genotype x environment interaction; BLUP/REML.

RESUMO

Este trabalho visou a estudar a interação entre genótipos e ambientes, com auxílio do procedimento BLUP/REML, para avaliação de clones de cajueiro-anão precoce, com a finalidade de identificar genótipos que reúnam, simultaneamente, alta produtividade, adaptabilidades e estabilidades genotípicas. Os experimentos envolveram onze tratamentos e foram conduzidos em delineamento de blocos ao acaso, com três repetições e cinco plantas por parcela. Os resultados mostraram que ocorreu uma alteração no ordenamento dos clones, nos diferentes ambientes, como reflexo da correlação genotípica de média magnitude (0,58). A herdabilidade de clones apresentou magnitude moderada a alta, para os diferentes caracteres, fato que indica excelentes possibilidades para a seleção, permitindo acurácia seletiva da ordem de 83%. Os métodos MHVG, PRVG e MHPRVG podem fazer parte de critérios seletivos no programa de melhoramento do cajueiro.

PALAVRAS-CHAVE: *Anacardium occidentale*; interação genótipo x ambiente; BLUP/REML.

INTRODUÇÃO

Ganhos genéticos, adicionais ao nível de aperfeiçoamento de variedades comerciais, têm se tornado cada vez mais difíceis, no contexto de espécies submetidas a longos processos seletivos. Diante desse quadro, recursos extras, além daqueles pertinentes à escolha de delineamentos genéticos, métodos de seleção e boa experimentação agrícola, fazem parte de uma tendência recente: o uso de procedimentos analíticos mais refinados, como o emprego de modelos lineares mistos, por exemplo, para o estudo mais detalhado dos componentes da média e da variância de um caráter.

Para Resende & Duarte (2007), na abordagem de modelos mistos, existe a flexibilidade de se tratar os efeitos genéticos e ambientais como fixos ou aleatórios, dependendo da situação. De maneira geral, os efeitos de tratamentos genéticos devem ser considerados como aleatórios quando o número de tratamentos for da ordem de 10 ou mais. Tais autores demonstraram, estatisticamente, que essa consideração minimiza o erro quadrático médio, na predição dos verdadeiros valores genéticos.

A manifestação fenotípica dos caracteres métricos resulta do efeito conjunto do genótipo, do ambiente específico e da interação destes fatores. Na prática, os programas de melhoramento genético

1. Trabalho recebido em mar./2007 e aceito para publicação em fev./2009 (nº registro: PAT 741).

2. Embrapa Acre. Rod. BR-364, km 14, Cx. Postal 321, CEP 69.908-970, Rio Branco, AC. E-mail: clideana@cpafac.embrapa.br.

3. Embrapa Florestas. Cx. Postal 319, CEP 83.411-000, Colombo, PR. E-mail: marcos.deon@gmail.com.

4. Embrapa Agroindústria Tropical. Cx. Postal 3761, CEP 60.511-110, Fortaleza, CE. E-mails: paiva@cnpat.embrapa.br, jaime@cnpat.embrapa.br, levi@cnpat.embrapa.br.

envolvem, pelo menos, três etapas: escolha dos parentais que darão origem à população base; seleção das progênies superiores dessa população; e sua avaliação em um grande número de ambientes. Quando se avaliam materiais geneticamente distintos, em uma série de ambientes, o componente interação entre genótipos e ambientes (GxE) aparece, normalmente, afetando o ganho com a seleção (Maia 2004).

Adaptações específicas de genótipos a ambientes, de acordo com Gauch & Zobel (1996), podem fazer a diferença entre uma boa e uma excelente cultivar. Pela mesma razão, sob o ponto de vista de recursos genéticos, a exploração dessa interação, feita através do zoneamento ecológico, é interessante para manter a variabilidade genética da espécie. Contudo, para que seja possível tirar proveito desses efeitos positivos, de acordo com Brasil (1990) e Duarte & Zimmermam (1995), é preciso se dispor de metodologias estatísticas adequadas para se estimar e explorar a interação, permitindo, assim, recomendações regionalizadas.

Resende (2004) salienta que um modelo univariado, considerando-se todos os locais simultaneamente, é adequado para a seleção, tendo como alvo a produtividade média ao longo de todos os ambientes. No entanto, para o mesmo autor, um modelo mais completo pode permitir inferências adicionais, tais como: seleção de genótipos específicos para cada local; seleção de genótipos estáveis através dos locais; seleção de genótipos responsivos (com alta adaptabilidade) à melhoria do ambiente; e seleção pelos três atributos (produtividade, estabilidade e adaptabilidade), simultaneamente. Este tipo de seleção pode ser realizado pelo método da Média Harmônica da Performance Relativa dos Valores Genéticos (MHPRVG), que classifica os efeitos genotípicos como aleatórios e, portanto, fornece estabilidade e adaptabilidade genotípica e não fenotípica. Na literatura, poucos são os relatos sobre a aplicação dos modelos mistos, como a metodologia BLUP/REML, nos programas de melhoramento, especialmente na cultura do caju.

O objetivo deste trabalho foi estudar a aplicabilidade das estatísticas MHVG, PRVG e MHPRVG, com auxílio do procedimento BLUP/REML, na avaliação de clones de cajueiro-anão precoce, através da identificação de genótipos que reúnam, simultaneamente, alta produtividade, adaptabilidade e estabilidade genotípicas.

MATERIAL E MÉTODOS

O experimento foi instalado no Campo Experimental de Curu-Paraipaba, da Embrapa Agroindústria Tropical, localizado no município de Paraipaba, CE, em delineamento de blocos ao acaso, com 11 tratamentos, três repetições e cinco plantas por parcela, no espaçamento de 8 m x 6 m. O local apresenta as seguintes características: latitude 3°29'S; longitude 39°9'W; altitude de 24 m; tipologia climática de semi-árido e sub-úmido seco; solo classificado como Podzólico Vermelho-Amarelo Distrófico, textura arenosa; temperatura média anual de 27° C; e pluviosidade média anual de 998 mm.

Os clones de cajueiro-anão precoce, originados de seleção de plantas com potencial de produção de castanha e pedúnculo, receberam as seguintes denominações: CAPI 7; CAPI 11; CAPI 11V; END 351; H 96/92-2; H 98/92-2; PRO 555/1; PRO 805/2; PRO 843/1; AA 112/3; e CCP 76 (testemunha). Os tratamentos culturais aplicados foram os mesmos utilizados no plantio comercial do cajueiro-anão-precoce, em cultivo irrigado (Oliveira et al. 2005). O controle da produção de castanha (kg/planta/safra) foi realizado por quatro anos, em todas as plantas da parcela, durante todo o período da safra.

Utilizou-se o seguinte modelo estatístico para a avaliação de clones no delineamento de blocos ao acaso, com uma observação por parcela e em vários ambientes ou locais: $y = Xb + Zg + Wc + e$, em que y , b , g , c , e = vetores de dados de efeitos fixos (médias de blocos através dos locais), efeitos genotípicos de clones (aleatório), efeitos da interação genótipo x ambiente (aleatório) e de erros aleatórios, respectivamente; e X , Z e W = matrizes de incidência para b , g e c , respectivamente.

O número de clones avaliados equivaleu a 11. Assim, os efeitos de genótipos foram considerados como aleatórios, conforme Resende & Duarte (2007), que recomendam tratar efeitos genotípicos como aleatórios quando o número de tratamentos for igual ou superior a 10.

Distribuições e estruturas de médias e variâncias:

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

Equações de modelo misto:

$$\begin{bmatrix} X'X & X'Z & X'W \\ Z'X & Z'Z + \lambda_1 & Z'W \\ W'X & W'Z & W'W + \lambda_2 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} \hat{b} \\ \hat{g} \\ \hat{c} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X'y \\ Z'y \\ W'y \end{bmatrix}, \text{ onde:}$$

$$I_1 = \frac{s_e^2}{s_g^2} = \frac{1 - h_g^2 - c^2}{h_g^2}; \quad I_2 = \frac{s_e^2}{s_c^2} = \frac{1 - h_g^2 - c^2}{c^2}$$

em que:

$$h_g^2 = \frac{s_g^2}{s_g^2 + s_c^2 + s_e^2} = \text{herdabilidade individual,}$$

no sentido amplo no bloco;

$$c^2 = \frac{s_c^2}{s_g^2 + s_c^2 + s_e^2} = \text{coeficiente de determina-}$$

ção dos efeitos da interação genótipo x ambiente;

$$s_g^2 = \text{variância genotípica entre clones;}$$

$s_c^2 =$ variância da interação genótipo x ambiente;

$$s_e^2 = \text{variância residual entre parcelas;}$$

$$r_{gloc} = \frac{s_c^2}{s_g^2 + s_c^2} = \frac{h_g^2}{h_g^2 + c^2} = \text{correlação genotípica}$$

dos materiais genéticos, através dos ambientes.

Estimadores de componentes de variância por REML, via algoritmo EM:

$$\hat{\sigma}_e^2 = [y'y - \hat{b}' X'y - \hat{g}' Z'y - \hat{c}' W'y] / [N - r(x)]$$

$$\hat{\sigma}_g^2 = [\hat{g}' \hat{g} + \hat{\sigma}_e^2 \text{tr } C^{22}] / q$$

$$\hat{\sigma}_c^2 = [\hat{c}' \hat{c} + \hat{\sigma}_e^2 \text{tr } C^{33}] / s, \text{ em que:}$$

C^{22} e C^{33} advém de:

$$C^{-1} = \begin{bmatrix} C_{11} & C_{12} & C_{13} \\ C_{21} & C_{22} & C_{23} \\ C_{31} & C_{32} & C_{33} \end{bmatrix}^{-1} = \begin{bmatrix} C^{11} & C^{12} & C^{13} \\ C^{21} & C^{22} & C^{23} \\ C^{31} & C^{32} & C^{33} \end{bmatrix}$$

$C =$ matriz dos coeficientes das equações de modelo misto;

$\text{tr} =$ operador traço matricial;

$r(x) =$ posto da matriz X ;

$N, q, s =$ número total de dados, número de clones e número de combinações genótipo x ambiente, respectivamente.

Nesse modelo, os valores genotípicos preditos livres da interação, considerando-se todos os locais, são dados por $u + g$, onde u representa a média de todos os locais. Para cada local j , os valores genotípicos são preditos por $u_j + g + ge$, onde u_j é a média do local j .

A seleção conjunta por produtividade, estabilidade e adaptabilidade dos materiais genéticos baseou-se na estatística denominada Média Harmônica da Performance Relativa dos Valores Genéticos (MHPRVG) preditos, conforme descrito por Resende (2004). A MHPRVG conduz a resultados semelhantes aos obtidos pelos métodos descritos por Lin & Binns (1988) e Annicchiarico (1992). Todas as análises foram realizadas por meio do *software* Selegen-Reml/Blup, empregando-se o modelo 54 (Resende 2002). Esse modelo parcimonioso misto univariado, de efeitos principais (G) e interação (GxE), reproduz, aproximadamente, via $G + GE$, os resultados do modelo BLUP multivariado, conforme Resende (2004). É importante relatar que o BLUP dos efeitos *ge* eliminam os chamados ruídos da interação genótipo x ambiente. Isto pode ser visto, considerando-se a predição BLUP obtida a partir de uma tabela de dupla entrada, com genótipos (g) e ambiente (e) contendo as médias de cada genótipo, em cada ambiente. O modelo associado a esta tabela é o seguinte:

$$Y_{ij} = m + g_i + e_j + g_j + e_j = \bar{Y} + (\bar{Y}_i - \bar{Y}) + (\bar{Y}_j - \bar{Y}) + (\bar{Y}_i - \bar{Y}_i - \bar{Y}_j + \bar{Y}) + e_j,$$

em que e_j é o resíduo associado às médias, em cada ambiente. A predição BLUP da média genotípica, em cada local ($m + g_i + e_j + g_j$), é dada por

$$I = \bar{Y}_j + h_g^2(\bar{Y}_i - \bar{Y}) + h_g^2(\bar{Y}_j - \bar{Y}_i - \bar{Y}_j + \bar{Y}),$$

quando se consideram os efeitos de ambiente como fixos (modelo misto), e por

$$I = \bar{Y}_j + h_g^2(\bar{Y}_i - \bar{Y}) + h_e^2(\bar{Y}_j - \bar{Y}) + h_g^2(\bar{Y}_j - \bar{Y}_i - \bar{Y}_j + \bar{Y}),$$

quando se consideram os efeitos de ambiente como aleatórios (modelo aleatório).

Os ponderadores dos índices são:

$$h_g^2 = \frac{s_g^2 + s_g^2 / L}{s_g^2 + s_g^2 / L + s_e^2 / L} : \text{herdabilidade}$$

dos efeitos de genótipos;

$$h_g^2 = \frac{s_g^2}{s_g^2 + s_e^2} : \text{herdabilidade dos efeitos}$$

da interação $g \times e$;

$$h_e^2 = \frac{s_e^2 + s_g^2 / L}{s_e^2 + s_g^2 / L + s_e^2 / G} : \text{coeficiente}$$

de determinação dos efeitos de ambiente.

G e L referem-se aos números de locais e de genótipos, respectivamente, e s_e^2 é a variância residual associada às médias Y_{ij} .

Verifica-se, por estes índices, que o BLUP de *ge* considera a herdabilidade dos efeitos da interação *g x e*, ou seja, elimina os ruídos ou efeitos residuais, por ocasião do processo de predição de *ge*.

RESULTADOS E DISCUSSÃO

A estrutura genética de uma população de plantas pode ser bem particionada, através de predições de componentes de médias e estimativas de componentes da variância (Tabela 1). Tais informações são importantes no direcionamento dos programas de melhoramento genético e funcionam como facilitadoras do processo seletivo, servindo, em última análise, como referencial teórico que dá suporte às recomendações dos materiais comerciais.

Por se tratar de produtividade, caráter bastante influenciado pelo ambiente, admitindo-se, ainda, que essa quantidade refere-se a parcelas individuais, o resultado da estatística $CV_g\% = 34,62\%$ fornece segurança de coerência com o esperado, para dados dessa natureza. Contrariamente, altos valores de $CV_g\%$ são indicativo de que fração considerável de QMgenótipos foi extraída do QMtotal. A avaliação conjunta de CV_g e CV_c é refletida na estatística acurácia (Resende & Duarte 2007). A acurácia obtida, da ordem de 82,5%, revela uma ótima qualidade experimental e, portanto, segurança na seleção.

A herdabilidade da média de clones (\hat{h}_{mc}^2) é estimada quando se usam médias como unidade de avaliação/seleção. Neste particular, atingimos um nível significativo de precisão, devido à diminuição dos erros experimentais prevaletentes, com o incremento proporcional do número de repetições. Consequentemente, é o quociente que interessa para projetarmos o sucesso do melhoramento, uma vez que selecionamos clones, considerando-se seus valores genotípicos preditos, com base em médias de várias repetições. Ficam patentes as boas expectativas de seleção, em que temos $\hat{h}_{mc}^2 = 0,68$. O número de repetições é determinante para se reduzir a variância fenotípica entre as médias dos clones. A raiz quadrada da herdabilidade, ao nível de médias, resulta em acurácia seletiva de 0,825, atestando boa precisão e controle das causas de variação ambiental de ordem aleatória.

Ao se estimar a herdabilidade individual, no sentido amplo ($\hat{h}_g^2 = 0,194 \pm 0,108$), considera-se a dispersão genética total, o que é pertinente,

Tabela 1. Estimativas dos Componentes de Média (BLUP Individual) e de Variância (REML Individual), para o caráter produção de castanhas, em clones de cajueiro-anão precoce.

Clones	Componentes de Média (BLUP Individual)*				
	g	u + g	Ganho (kg)	Nova Média	u+g+gem
CCP 76	0,1660	0,8762	0,1660	0,8762	0,9064
PRO 843/11	0,0844	0,7945	0,1252	0,8354	0,8098
CAPI 11	0,0594	0,7696	0,1033	0,8134	0,7804
PRO 555/1	0,0566	0,7667	0,0916	0,8018	0,7770
CAPI 7	0,0539	0,7641	0,0841	0,7942	0,7739
AA 112/3	0,0418	0,7520	0,0770	0,7872	0,7595
H 96/92-2	0,0342	0,7444	0,0709	0,7811	0,7506
CAPI 11V	-0,0353	0,6749	0,0576	0,7678	0,6685
H 98/92-2	-0,1400	0,5702	0,0357	0,7458	0,5447
END 351	-0,1539	0,5563	0,0167	0,7269	0,5283
PRO 805/2	-0,1671	0,5431	0,0000	0,7102	0,5128
Componentes de Variância (REML Individual)					
$(\hat{\sigma}_g^2)$	0,0176		(\hat{r}_{gg})	0,8252	
$(\hat{\sigma}_c^2)$	0,0127		(c_g^2)	0,1407	
$(\hat{\sigma}_e^2)$	0,0604		(\hat{r}_{gloc})	0,5791	
$(\hat{\sigma}_f^2)$	0,0908		$(CV_g\%)$	18,6666	
(\hat{h}_g^2)	0,1935		$(CV_c\%)$	34,6207	
(\hat{h}_{mc}^2)	0,68106		MG	0,7102	

* (u + g) - valores genotípicos livres da interação; (u+g+gem) - valores genotípicos para a média dos anos; (\hat{h}_g^2) - coeficientes de herdabilidade individual no sentido amplo; (\hat{h}_{mc}^2) - herdabilidade da média de clone; ($\hat{\sigma}_g^2$) - variância genotípica; ($\hat{\sigma}_c^2$) - variância da interação genótipo x ambiente; ($\hat{\sigma}_e^2$) - variância residual entre parcelas; ($\hat{\sigma}_f^2$) - variância fenotípica individual; (c_g^2) - coeficiente de determinação dos efeitos da interação genótipo x ambiente; (\hat{r}_{gloc}) - correlação genotípica através dos locais; (\hat{r}_{gg}) - acurácia na seleção de clones; MG - média geral; ($CV_g\%$) - coeficiente de variação genética; e ($CV_c\%$) - coeficiente de variação experimental.

neste caso, pois tratamos de seleção clonal, onde exploramos toda a variância genética. Com respeito ao desvio apresentado (0,108), sua magnitude não leva aquela estimativa a assumir o valor zero, o que é favorável e esperado, para o caráter em questão.

Uma seleção de clones pressupõe a existência de dispersão genética entre eles. A variância dos efeitos genotípicos ($\sigma_g^2 = 0,02$) envolve as variâncias aditivas, de dominância e epistáticas. A variação genotípica observada nesse estudo foi expressiva, equivalendo a 18% (CV genotípico), em relação à média geral, e a 19% (herdabilidade de parcelas individuais) da variabilidade fenotípica total.

Em função do maior ou menor grau de adaptabilidade/estabilidade genética dos indivíduos, a variância da interação genótipo x ambiente (σ_e^2) pode inflacionar a expressão fenotípica de um caráter. Esta medida estima o quanto da variação

total está representada pela variação da interação GxE. Pequenas magnitudes de σ_c^2 indicariam que a interação pouco influenciou o valor fenotípico e, neste contexto, um genótipo com boa performance, em um ambiente, tenderia a se manter assim em ambientes diversos, uma vez que o genótipo responderia favoravelmente às influências ambientais (elevada correlação entre valores genotípicos, através dos locais), mantendo, também, constância de comportamento ou previsibilidade frente às variações ambientais. A variância σ_c^2 informa, ainda, sobre a necessidade de se discriminar esta variância no estudo da interação. A interação GxE contém uma parte que é função da diferença entre a variância genética do caráter nos dois ambientes e outra parte que decorre da falta de correlação genética entre os tratamentos genéticos, de um ambiente para outro. A primeira parcela é denominada interação simples e não acarreta maiores problemas para a seleção. Já a segunda parcela é denominada complexa ou cruzada e, pela falta de correlação, representa dificuldade na seleção de genótipos de adaptação mais ampla. A magnitude σ_c^2 , no presente trabalho, foi considerável, equivalendo a 14% da variabilidade fenotípica total. Esse valor, comparativamente à herdabilidade individual (19%), é bastante alto, equivalendo a cerca de 74%. Tal proporção conduziu a uma correlação genotípica de 58%, através dos ambientes, o qual não é um valor alto. Isto reflete a importância de se estudar a adaptabilidade e estabilidade dos clones.

A variância residual entre parcelas ($\sigma_e^2=0,060$) implicou em erros de grande monta, equivalendo a 67% da variabilidade fenotípica total. São resíduos de natureza aleatória (não sistemática), que ocorrem na experimentação agrícola e podem comprometer os dados tomados para avaliações.

A medida de um caráter gerado nos ensaios de campo diz respeito ao seu valor fenotípico, constituído do efeito genético, efeito do ambiente e da interação desse genótipo num ambiente específico. Nesse particular, o somatório das variâncias genotípica, residual entre parcelas e da interação resulta na variância fenotípica individual ($\sigma_f^2=0,091$). Apesar de a dispersão residual entre parcelas representar 66,58% desse valor, progressos genéticos consideráveis foram conseguidos (Tabela 2).

A correlação genotípica da performance dos materiais genéticos, através dos anos,

Tabela 2. Seleção de genótipos por ambientes, predições de efeitos (g+ge) e valores genéticos (u+g+ge) e ganhos genéticos para os 11 clones de cajueiro-anão precoce, em quatro ambientes.

Ambientes	Clones	g+ge	u+g+ge	Ganho (kg)	Nova média
1	CCP 76	0,2157	0,8009	0,2157	0,8009
	PRO 843/1	0,1904	0,7755	0,2030	0,7882
	CAPI 7	0,1359	0,7211	0,1807	0,7658
	H 96/92-2	0,0659	0,6511	0,1520	0,7372
	CAPI 11	0,0653	0,6505	0,1346	0,7198
	AA 112/3	0,0570	0,6422	0,1217	0,7069
	PRO 555/1	-0,0555	0,5297	0,0964	0,6816
	CAPI 11V	-0,0702	0,5150	0,0756	0,6607
	PRO 805/2	-0,2002	0,3850	0,0449	0,6301
	END 351	-0,2010	0,3842	0,0203	0,6055
	H 98/92-2	-0,2034	0,3818	0,0000	0,5852
2	CCP 76	0,2272	1,1769	0,2272	1,1769
	PRO 555/1	0,1822	1,1319	0,2047	1,1544
	PRO 843/1	0,1125	1,0622	0,1740	1,1237
	AA 112/3	0,1072	1,0569	0,1573	1,1070
	CAPI 7	0,0861	1,0358	0,1430	1,0927
	CAPI 11	0,0559	1,0056	0,1285	1,0782
	CAPI 11V	-0,0474	0,9023	0,1034	1,0531
	H 96/92-2	-0,0617	0,8880	0,0827	1,0324
	H 98/92-2	-0,1722	0,7775	0,0544	1,0041
	PRO 805/2	-0,2302	0,7195	0,0260	0,9757
	END 351	-0,2596	0,6901	0,0000	0,9497
3	PRO 843/1	0,1555	0,4444	0,1555	0,4444
	CCP 76	0,1137	0,4025	0,1346	0,4234
	PRO 555/1	0,0868	0,3756	0,1187	0,4075
	CAPI 11	0,0756	0,3644	0,1079	0,3967
	AA 112/3	0,0622	0,3511	0,0988	0,3876
	CAPI 11V	-0,0147	0,2741	0,0799	0,3687
	CAPI 7	-0,0157	0,2731	0,0662	0,3550
	H 96/92-2	-0,0186	0,2702	0,0556	0,3444
	END 351	-0,1429	0,1459	0,0336	0,3224
	H 98/92-2	-0,1473	0,1415	0,0155	0,3043
	PRO 805/2	-0,1548	0,1340	0,0000	0,2888
4	CCP 76	0,2282	1,2452	0,2282	1,2452
	H 96/92-2	0,1760	1,1930	0,2021	1,2191
	CAPI 11	0,0841	1,1011	0,1628	1,1797
	PRO 555/1	0,0539	1,0709	0,1356	1,1525
	CAPI 7	0,0484	1,0654	0,1181	1,1351
	AA 112/3	-0,0289	0,9881	0,0936	1,1106
	CAPI 11V	-0,0347	0,9823	0,0753	1,0923
	PRO 843/1	-0,0597	0,9573	0,0584	1,0754
	END 351	-0,1241	0,8929	0,0381	1,0551
	H 98/92-2	-0,1388	0,8781	0,0205	1,0374
	PRO 805/2	-0,2045	0,8124	0,0000	1,0170

fornece a confiabilidade de quão constante será o “ranqueamento” dos clones, ao longo dos ambientes testados. Como mostrado nas Tabelas 2 e 3, houve uma alteração na ordem dos clones, em consequência dessa correlação média ($\hat{r}_{gloc}=0,579$), devido à presença da interação complexa.

Na seleção dos clones com melhores valores genotípicos, livres da interação (u + g), para média de todos os ambientes, obteve-se uma classificação, em função dos componentes das médias. Entre estes, destacaram-se os seguintes genótipos: CCP 76; PRO 843/1; CAPI 11; PRO 555/1; CAPI 7; e AA 112/3 (Tabela 1). Os ganhos genéticos obtidos com a

Tabela 3. Estabilidade de valores genéticos (MHVG), adaptabilidade de valores genéticos (PRVG) e PRVG*MG¹; estabilidade e adaptabilidade de valores genéticos (MHPRVG) e MHPRVG*MG preditos pela análise BLUP.

Clones	MHVG	Clones	PRVG	PRVG*MG	Clones	MHPRVG	MHPRVG*MG
CCP 76	0.7427	CCP 76	1.3065	0.9278	CCP 76	1.3022	0.9247
PRO 843/1	0.7239	PRO 843/1	1.2309	0.8741	PRO 843/1	1.1901	0.8452
CAPI 11	0.6468	CAPI 11	1.1287	0.8016	CAPI 11	1.1236	0.7979
AA 112/3	0.6285	PRO 555/1	1.1126	0.7902	AA 112/3	1.0924	0.7758
PRO 555/1	0.6282	AA 112/3	1.0993	0.7807	PRO 555/1	1.0922	0.7756
CAPI 7	0.5754	CAPI 7	1.0791	0.7663	CAPI 7	1.0694	0.7595
H 96/92-2	0.5555	H 96/92-2	1.0391	0.7379	H 96/92-2	1.0284	0.7303
CAPI 11V	0.5184	CAPI 11V	0.9363	0.6650	CAPI 11V	0.9351	0.6641
END 351	0.3327	H 98/92-2	0.7061	0.5015	H 98/92-2	0.6719	0.4772
H 98/92-2	0.3303	END 351	0.6916	0.4912	END 351	0.6648	0.4721
PRO 805/2	0.3155	PRO 805/2	0.6696	0.4755	PRO 805/2	0.6403	0.4547

¹MG: refere-se à média geral, em todos os ambientes.

seleção dos referidos clones foram, respectivamente: 23,37%; 17,63%; 14,55%; 12,90%; 11,84%; e 10,84%. Tais valores mostraram-se significativos, visto que os materiais sob análise já estavam na fase final de avaliação. Esses valores genotípicos podem, também, ser considerados para recomendações desses materiais, selecionados em outros ambientes com padrão de interação GxE diferente daquele da rede experimental, ou com alta heterogeneidade ambiental dentro de ano. Devido ao caráter conservador do método, que penaliza os valores genotípicos preditos, o mesmo comportamento das médias genéticas ($u + g$) do caráter é esperado, quando os clones eleitos forem submetidos a ambientes diversos.

O valor genotípico ($u + g + gem$) para a média dos anos, aproveitando o efeito médio da interação, gera resultados similares aos métodos em que se capitaliza a adaptabilidade (PRVG) e a adaptabilidade e estabilidade (MHPRVG), simultaneamente (Tabela 3). Nessa capitalização da interação, está intrínseca a escolha dos genótipos mais estáveis e mais adaptados à gama de ambientes ensaiados. Aqui, também, se repetem os seis clones escolhidos pelo critério de médias genéticas livres da interação ($u + g$): CCP 76; PRO 843/11; CAPI 11; PRO 555/1; CAPI 7; e AA 112/3 (Tabela 1). Estes clones, também, podem ter sua recomendação extrapolada para plantio em vários ambientes, se respeitado o padrão da interação da rede experimental.

Os valores negativos de $g + ge$ indicam que o genótipo está abaixo da média geral (0,710165). Em uma seleção, em que se considera apenas a característica produtividade, estes genótipos seriam

descartados. Neste particular, os clones CAPI 11V; END 351; H 98/92-2; e PRO 805/2, como mostra a Tabela 3, foram, em todos os ambientes, os que apresentaram pior desempenho. Fica patente que estes materiais genéticos não carregam em seus genomas complementos gênicos desejáveis para os componentes primários e secundários da produtividade. Este comportamento pode ser inferido em função da sua constância, quando submetido a ambientes diversos, mostrando postos inferiores na classificação para produtividade. Por outro lado, os clones CCP 76 e CAPI 11 mantiveram-se entre os mais produtivos, em todos os ambientes. Pode-se inferir que estes materiais não interagiram de forma significativa com o ambiente, o que pode ser revelado pela constância que os mesmos apresentaram na ordem de classificação, nos quatro ambientes.

No que concerne à estatística ($u+g+ge$), relacionada à média genética por ambientes, os cinco materiais melhores classificados foram CCP 76; PRO 843/1; CAPI 7; H 96/92-2; e CAPI 11, no primeiro ambiente. CCP 76; PRO 555/1; PRO 843/1; AA 112/3; e CAPI 7 apareceram nos primeiros lugares, no ordenamento do ambiente seguinte. Dentre esses clones, quatro apresentaram-se bem postados na safra seguinte. Finalmente, na safra 2003/2004, considerada o quarto ambiente, os clones, também nessa ordem, foram CCP 76; H 96/92-2; CAPI 11; PRO 555/1; e CAPI 7, os quais se mostraram superiores. Entre os métodos contemplados neste estudo, essa média genética é a que menos penaliza os valores genotípicos preditos, pois capitaliza os efeitos ge de cada ambiente.

O estudo da interação pode ser pautado na estimação da adaptabilidade e da estabilidade fenotípica, quando se avaliam, respectivamente, o nível de resposta ao estímulo ambiental e a previsibilidade, isto é, a manutenção da produtividade frente a ambientes diversos.

Como já relatado, os clones que aparecem classificados em todos os ambientes como os mais produtivos não sofrem influência significativa do ambiente e, conseqüentemente, apresentam pequena variação na interação genótipo x ambiente. A estabilidade de valores genéticos pode ser avaliada via Média Harmônica de Valores Genéticos (MHVG). Esta medida indica a previsibilidade, isto é, a manutenção da produtividade, frente a ambientes diversos. De acordo com a Tabela 3, os clones mais estáveis, ao longo dos ambientes, são, na ordem que se segue, CCP 76; PRO 843/1; CAPI 11; AA 112/3; PRO 555/1; e CAPI 7. Vencovsky & Torres (1988) enfatizaram que, para o produtor rural, é mais importante que uma cultivar seja estável ao longo dos anos.

A adaptabilidade de valores genéticos pode ser predita por meio do método Performance Relativa dos Valores Genéticos (PRVG), através dos ambientes, em relação à média de cada ano. A adaptabilidade avalia o nível de resposta ao estímulo ambiental. Assim, os materiais genéticos que apresentaram maior sinergismo adaptativo, através dos quatro ambientes analisados, correspondendo à avaliação dos quatro anos de produção, foram, em ordem decrescente de classificação, os seguintes: CCP 76; PRO 843/1; CAPI 11; PRO 555/1; AA 112/3; e CAPI 7.

Para Resende (2004), a seleção simultânea por produtividade, estabilidade e adaptabilidade, no contexto dos modelos mistos, pode ser realizada pelo método da Média Harmônica da Performance Relativa dos Valores Genéticos (MHPRVG) preditos. Este método permite selecionar, simultaneamente, através dos três atributos mencionados e apresenta as seguintes vantagens: (i) considera os efeitos genotípicos como aleatórios e, portanto, fornece estabilidade e adaptabilidade genotípica e não fenotípica; (ii) permite lidar com desbalanceamento; (iii) permite lidar com delineamentos não ortogonais; (iv) permite lidar com heterogeneidade de variâncias; (v) permite considerar erros correlacionados dentro de locais; (vi) fornece valores genéticos já descontados (penalizados) da instabilidade; (vii) pode ser aplicado

com qualquer número de ambientes; (viii) permite considerar a estabilidade e adaptabilidade na seleção de indivíduos dentro de progênie; (ix) não depende da estimação de outros parâmetros, tais como coeficientes de regressão; (x) gera resultados na própria grandeza ou escala do caráter avaliado; (xi) permite computar o ganho genético com a seleção pelos três atributos, simultaneamente. Estes últimos dois fatores são bastante importantes.

A seleção simultânea, considerando-se a variável produtividade e os parâmetros de estabilidade e adaptabilidades genéticas, destaca os clones CCP 76; PRO 843/1; CAPI 11; AA 112/3; PRO 555/1; e CAPI 7 (Tabela 3), com as melhores performances para esses parâmetros. Fica evidenciada uma certa manutenção do ordenamento destes materiais, pelos três métodos apresentados. Isto deve-se à correlação positiva e à média magnitude envolvendo o comportamento genotípico, ao longo dos ambientes, indicando que os métodos MHVG, PRVG e MHPRVG apresentam um certo grau de concordância no ordenamento dos materiais, como pode ser evidenciado na Tabela 3. Portanto, os clones destacados pela análise MHPRVG (CCP 76; PRO 843/1; CAPI 11; AA 112/3; e PRO 555/1) podem ser usados em plantios em vários ambientes, com diferentes padrões de interação GxE, particularizada neste estudo.

CONCLUSÕES

1. Houve uma alteração no ordenamento dos clones, para a produção ao longo dos ambientes, como reflexo da correlação genotípica de média magnitude (0,58), através dos ambientes.
2. A herdabilidade da média de clones apresentou magnitude variando de moderada a alta, fato que indica excelentes possibilidades para a seleção, permitindo acurácia seletiva da ordem de 83%.
3. As estatísticas MHVG, PRVG e MHPRVG podem fazer parte, entre outras, de critérios seletivos na rotina dos programas de melhoramento do caju.

REFERÊNCIAS

BRASIL, E. M. *Comparação de métodos no estudo da interação de genótipos com ambientes em milho (Zea mays L.)*. 1990. 181 f. Dissertação (Mestrado em Agronomia)-Escola de Agronomia e Engenharia de Alimentos, Universidade Federal de Goiás, Goiânia, 1990.

- DUARTE, J. B.; ZIMMERMANN, M. J. O. Correlation among yield stability parameters in common bean. *Crop Science*, Madison, v. 35, n. 3, p. 905-912, 1995.
- GAUCH, H. G.; ZOBEL, R. W. Predictive and postdictive success of statistical analysis of yield trials. *Theoretical and Applied Genetics*, Berlin, v. 76, n. 1, p. 1-10, 1988.
- MAIA, M. C. C. *Adaptabilidade e estabilidade de linhagens experimentais de soja selecionadas para caracteres agronômicos e tolerância a insetos, através de método uni-multivariado com reamostragem*. 2004. 124 f. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas)-Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz", Universidade de São Paulo, Piracicaba, 2004.
- OLIVEIRA, R. A. et al. Genotypic evaluation and selection of sugarcane clones in three environments in the state of Paraná. *Crop Breeding and Applied Biotechnology*, Viçosa, v. 5, n. 4, p. 426-434, 2005.
- RESENDE, M. D. V. de. *Métodos estatísticos ótimos na análise de experimentos de campo*. Colombo: Embrapa Florestas, 2004. (Documentos, 100).
- RESENDE, M. D. V. *Selegen-Reml/Blup*. Colombo: Embrapa Florestas, 2002. (Documentos, 77).
- RESENDE, M. D. V. de; DUARTE, J. B. Precisão e controle de qualidade em experimentos de avaliação de cultivares. *Pesquisa Agropecuária Tropical*, Goiânia, v. 37, n. 3, p. 182-194, 2007.
- VENCOVSKY, R.; TORRES, R. A. A. Estabilidade geográfica e temporal de algumas cultivares de milho. In: CONGRESSO NACIONAL DE MILHO E SORGO, 16., 1986, Belo Horizonte. *Resumos...* Sete Lagoas: Embrapa-CNPMS, 1988. p. 294-299.