

Uso da metodologia REML/BLUP para seleção de genótipos de algodoeiro com maior adaptabilidade e estabilidade produtiva

Use of REML/BLUP methodology for selecting cotton genotypes with higher adaptability and productive stability

Luiz Paulo de Carvalho¹, Francisco José Correia Farias¹, Camilo de Lellis Morello¹, Paulo Eduardo Teodoro^{2*}

1. Embrapa Algodão - Centro Nacional de Pesquisa de Algodão - Campina Grande (PB), Brasil.

2. Universidade Federal de Viçosa - Departamento de Biologia Geral - Viçosa (MG), Brasil.

RESUMO: A metodologia máxima verossimilhança restrita/melhor preditor linear não viesado (REML/BLUP) tem sido utilizada para interpretação da estabilidade genotípica e da adaptabilidade de culturas como feijão, cana-de-açúcar, cajueiro, eucalipto e arroz, porém pesquisas com o algodão ainda são limitadas. O objetivo deste trabalho foi selecionar genótipos de algodoeiro, via modelos mistos, que reúnem simultaneamente adaptabilidade e estabilidade produtiva e verificar se essa metodologia pode ser utilizada nos programas de melhoramento genético do algodoeiro. Foram avaliadas 36 linhagens em três ensaios localizados em Apodi, RN (2013 e 2014), e Santa Helena, GO (2013), em delineamento de blocos casualizados com duas repetições. Os parâmetros genéticos foram estimados pela metodologia REML/BLUP, e a seleção baseou-se no método da média harmônica da performance relativa dos valores genéticos (MHPRVG), com três estratégias: seleção com base no valor genético predito, tendo-se considerado o desempenho médio dos genótipos em todos os ambientes (sem efeito de interação); o desempenho em cada ambiente (com efeito da interação); e seleção simultânea quanto à produtividade de algodão em caroço, adaptabilidade e estabilidade. Os genótipos CNPA 2012-60 e CNPA 2012-65 podem ser cultivados em ambientes similares aos testados, pois reúnem alta adaptabilidade e estabilidade produtiva de algodão em caroço. Houve concordância entre as estatísticas utilizadas na discriminação dos genótipos mais produtivos e com alta adaptabilidade e estabilidade, o que indica que as mesmas podem fazer parte de critérios seletivos na rotina dos programas de melhoramento do algodoeiro.

Palavras-chave: modelos mistos, parâmetros genéticos, *Gossypium hirsutum*, programas Selegen.

ABSTRACT: The restricted maximum likelihood/best linear unbiased predictor methodology (REML/BLUP) has been used for the interpretation of genotypic stability and adaptability of crops such as common bean, sugarcane, cashew, eucalyptus and rice, but researches with cotton are still limited. The aim of this work was to select cotton genotypes, via mixed models, which simultaneously meet adaptability and stability and verify if this methodology can be used in genetic improvement programs in cotton. Thirty-six strains were evaluated in three trials located in Apodi, Rio Grande do Norte (2013 and 2014), and Santa Helena, Goiás (2013), in a randomized block design with two replications. The genetic parameters were estimated by REML/BLUP methodology, and the selection was based on the method of the harmonic mean of the relative performance of the genetic values (MHPRVG), with three strategies: selection based on the predicted genetic value, considering the average performance of genotypes in all environments (without interaction effect); performance in each environment (with interaction effect); and simultaneous selection as to cotton yield, stability and adaptability. The CNPA 2012-60 and CNPA 2012-65 genotypes may be grown in environments similar to those tested, since they present high adaptability and productive stability of cotton. There was agreement among the statistics used in discrimination of the most productive genotypes with high adaptability and stability, indicating that they can be part of selective criteria in the routine of cotton breeding programs.

Key words: mixed models, genetic parameters, *Gossypium hirsutum*, Selegen software.

*Autor correspondente: eduteodoro@hotmail.com

Recebido: 1 Jul. 2015 – Aceito: 15 Dez. 2015

INTRODUÇÃO

O algodoeiro herbáceo (*Gossypium hirsutum* L.r. *latifolium* Hutch.) é uma das principais culturas de importância econômica no Brasil. No País, quinto produtor mundial de algodão em caroço, com de 4,4 milhões de toneladas na safra 2013/2014, a produção concentra-se na Região Centro-Oeste com 66% desse montante, sendo o Estado do Mato Grosso o maior produtor nacional. Na Região Nordeste, destaca-se o Estado da Bahia como o maior produtor dessa malvacea (CONAB 2015).

A interação genótipos *versus* ambientes ($G \times A$) é um dos maiores desafios no melhoramento de plantas, tanto nos procedimentos de seleção quanto na recomendação de cultivares, sendo que os melhoristas normalmente procuram por genótipos estáveis e com melhor desempenho em relação a um determinado caráter (Ramalho et al. 2012; Cruz et al. 2014). Estudos de interação $G \times A$ em algodão são escassos no Brasil (Suinaga et al. 2006; Souza et al. 2006; Silva Filho et al. 2008), porém importantes, pois permitem maximizar o desempenho dos genótipos em diferentes ambientes, explorando a interação $G \times A$ de modo significativo.

Assim, faz-se necessário realizar análises de adaptabilidade e estabilidade produtiva, pelas quais é possível identificar genótipos com comportamento previsível quanto à produção de algodão em caroço e que sejam responsivos às variações ambientais, em condições específicas ou amplas. Dessa forma, métodos de seleção que incorporam a estabilidade e a adaptabilidade em uma única estatística podem ser considerados superiores, em comparação àqueles que usam apenas a produção como critério de seleção (Resende 2007).

A análise máxima verossimilhança restrita/melhor preditor linear não viesado (REML/BLUP) baseia-se nas seguintes premissas: quanto menor for o desvio-padrão do comportamento genotípico entre dois locais, maior será a média harmônica de seus valores genotípicos entre dois locais. Assim, a seleção pelos maiores valores da média harmônica dos valores genotípicos (MHVG) implica simultaneamente seleção para produtividade e estabilidade. Em termos de adaptabilidade, refere-se à performance relativa dos valores genotípicos (PRVG) através dos ambientes. Nesse caso, os valores genotípicos preditos (ou os dados originais) são expressos como proporção da média geral de cada local e, posteriormente, obtém-se o valor médio dessa proporção através dos locais. 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 (Silva et al. 2011; Rosado et al. 2012).

A metodologia REML/BLUP permite selecionar, simultaneamente, pelos três atributos supracitados e apresenta as seguintes vantagens: (a) considera os efeitos genotípicos como aleatórios e, portanto, fornece estimativas de estabilidade e adaptabilidade genotípicas e não fenotípicas; (b) permite lidar com desbalanceamento; (c) permite lidar com delineamentos não ortogonais; (d) permite lidar com heterogeneidade de variâncias; (e) permite considerar erros correlacionados dentro de locais; (f) fornece valores genéticos já descontados (penalizados) do efeito ambiental; (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 como coeficientes de regressão; (j) gera resultados na própria grandeza ou escala do caráter avaliado (Resende 2007).

Essa metodologia tem sido utilizada para interpretação da estabilidade genotípica e da adaptabilidade de culturas como feijão (Carbonell et al. 2007), cana-de-açúcar (Bastos et al. 2007), cajueiro (Maia et al. 2009), eucalipto (Rosado et al. 2012) e arroz (Regitano Neto et al. 2013), porém sua aplicação em algodão ainda é escassa e se restringe ao trabalho de Moiana et al. (2014). Assim, o objetivo deste trabalho foi selecionar simultaneamente genótipos de algodoeiro, via modelos mistos, com maior adaptabilidade e estabilidade produtiva e verificar se essa metodologia pode fazer parte da rotina dos programas de melhoramento genético do algodoeiro.

MATERIAL E MÉTODOS

Foram avaliadas 36 linhagens derivadas do cruzamento entre os materiais Guazuncho2 com Acala SJ4 de fibra longa. As sementes foram aumentadas da geração F_2 até F_4 . O procedimento de seleção genealógica foi adotado a partir da geração F_4 , sendo que, nessa última geração, obtiveram-se 271 plantas F_4 e, destas, foram selecionadas 51 plantas $F_{4,5}$ com comprimento ≥ 31 mm; posteriormente, em casa de vegetação, foram selecionadas, entre estas, 34 linhas F_5 : F_6 com comprimento de fibras > 32 mm que foram avaliadas e analisadas por Carvalho et al. (2015). Das linhagens restantes, selecionaram-se apenas as com comprimento ≥ 32 mm. Essas linhagens foram avaliadas em três ensaios localizados em Apodi, RN, em 2013 e 2014, e Santa Helena, GO, em 2013,

em delineamento de blocos casualizados com duas repetições. Os ensaios de Apodi foram feitos sob regime de irrigação e o de Santa Helena, sob sequeiro.

A parcela constituiu-se de duas linhas de 5 m espaçadas de 0,80 m, deixando-se até 60 plantas por linha. Os tratamentos culturais foram os normais para a cultura do algodão, tendo sido usado herbicida para o controle de plantas daninhas; o combate às pragas foi feito segundo o manejo integrado de pragas preconizado para a cultura na região. Por ocasião da colheita, a produtividade de algodão em caroço (PROD, kg-ha⁻¹) foi avaliada, conforme feito por Carvalho et al. (2015).

Para avaliar o efeito da interação G × A, foi utilizado o modelo estatístico 54 (Modelo = genótipos elites de algodoeiro, vários locais, uma observação por parcela) do software Selegen-REML/BLUP (Resende 2007). Esse modelo corresponde a $y = Xb + Zg + Wc + e$, em que y , b , g , c e e correspondem, respectivamente, aos vetores de valores observados, efeitos de blocos dentro de diferentes ambientes (fixo), efeitos dos genótipos (aleatório), efeitos da interação genótipos *versus* ambientes (aleatório) e de erros aleatórios; X , Z e W correspondem a matrizes de incidência para b , g e c , respectivamente. As distribuições e estruturas de médias (E) e variâncias (Var) assumidas foram:

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

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

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

em que $\lambda_1 = \sigma_c^2 / \sigma_g^2 = (1 - h_g^2 - c^2) / h_g^2$; $\lambda_2 = \sigma_c^2 / \sigma_e^2 = (1 - h_g^2 - c^2) / c_g^2$ em que: $h_g^2 = \sigma_g^2 / (\sigma_g^2 + \sigma_c^2 + \sigma_e^2)$ corresponde à herdabilidade individual, no sentido amplo no bloco; $c^2 = \sigma_c^2 / (\sigma_g^2 + \sigma_c^2 + \sigma_e^2)$ corresponde ao coeficiente de determinação dos efeitos da interação genótipos *versus* ambientes; σ_g^2 é a variância genotípica; σ_c^2 é a variância da interação genótipos *versus* ambientes; σ_e^2 é a variância residual entre parcelas; c_g^2 é o coeficiente de determinação dos efeitos genotípicos; $r_{gloc} = \sigma_c^2 / (\sigma_g^2 + \sigma_e^2) = h_g^2 / (h_g^2 + c^2)$ corresponde à correlação

genotípica dos genótipos, através dos ambientes; $h_{mg}^2 = \sigma_g^2 / (\sigma_g^2 + \sigma_c^2 / J)$ corresponde à herdabilidade da média dos genótipos; $\hat{r}_{gg} = \sqrt{h_{mg}^2}$ corresponde à acurácia na seleção de genótipos.

Por meio do modelo utilizado, foram obtidos os preditores BLUP empíricos (eBLUP ou REML/BLUP) dos valores genotípicos livres da interação, dados por $\hat{\mu} + \hat{g}_i$, em que $\hat{\mu}$ é a média de todos os ambientes e \hat{g}_i é o efeito genotípico livre da interação genótipo *versus* ambiente. Para cada ambiente j , os valores genotípicos (Vg) são preditos por $\hat{\mu}_j + \hat{g}_i + (\hat{g}e)_{ij}$, em que $\hat{\mu}_j$ é a média do ambiente j , \hat{g}_i é o efeito genotípico do genótipo i , no ambiente j , e $(\hat{g}e)_{ij}$ é o efeito da interação G × A relativo ao genótipo i .

A predição dos valores genotípicos capitalizando-se a interação média nos diferentes ambientes é dada por $\hat{\mu} + \hat{g}_i + \hat{g}e_m$, sendo calculada por: $\hat{\mu} + (\hat{\sigma}_g^2 + \hat{\sigma}_c^2/n) / \hat{\sigma}_g^2 \times \hat{g}_i$, em que $\hat{\mu}$ é a média geral de todos os ambientes, n é o número de ambientes e \hat{g}_i é o efeito genotípico do genótipo i (Resende 2007).

Os valores da MHVG para a avaliação da estabilidade foram obtidos pela equação: $MHVG_i = n / \sum_{j=1}^n (1/Vg_{ij})$, em que n é o número de ambientes ($n = 3$) onde se avaliou o genótipo i e Vg_{ij} é o valor genotípico do genótipo i no ambiente j , expresso como proporção da média desse ambiente (Resende 2007). Os valores da PRVG para a adaptabilidade foram obtidos segundo a expressão: $PRVG_i = 1/n \times (\sum_{j=1}^n Vg_{ij}) / M_j$, onde M_j é a média da produtividade de algodão em caroço no ambiente j . A seleção conjunta, considerando-se, simultaneamente, a produtividade de algodão em caroço, a estabilidade e a adaptabilidade, é dada pela estatística MHPRVG: $MHPRVG_i = n / (\sum_{j=1}^n 1) / Vg_{ij}$.

RESULTADOS E DISCUSSÃO

O coeficiente de variação experimental (CV_e) foi de 21,97% (Tabela 1), sendo esse valor inferior ao de outros trabalhos conduzidos com a cultura do algodoeiro (Souza et al. 2006; Suinaga et al. 2006; Hoogerheide et al. 2007; Silva Filho et al. 2008; Moiana et al. 2014). Por se tratar da produtividade de grãos, tal valor é esperado, visto que esse caráter é significativamente influenciado pelas características edafoclimáticas de cada ambiente. Em outra interpretação, o valor obtido para coeficiente de variação genético (CV_g; 7,70%) indica que a fração mediana das variâncias genéticas foi extraída da variação fenotípica total. Sob outra interpretação, o CV_g quantifica a magnitude da variação genética disponível para seleção e, portanto,

Tabela 1. Estimativas dos componentes da variância (REML individual) para produtividade de algodão em caroço em 36 genótipos de algodoeiro, avaliados em três ambientes.

Componentes da variância (REML individual)			
$\hat{\sigma}_g^2$	136.618,97	\hat{r}_{gg}	0,62
$\hat{\sigma}_c^2$	96.881,47	c^2	0,07
$\hat{\sigma}_e^2$	1.111.139,68	\hat{r}_{gloc}	0,59
$\hat{\sigma}_f^2$	1.344.640,12	CV_g (%)	7,70
\hat{h}_g^2	0,10 ± 0,06	CV_e (%)	21,97
\hat{h}_{mg}^2	0,39	μ (kg·ha ⁻¹)	4.798,41

Estimativas da variância genotípica ($\hat{\sigma}_g^2$); da variância da interação genótipo *versus* ambiente ($\hat{\sigma}_c^2$); da variância residual entre parcelas ($\hat{\sigma}_e^2$); da variância fenotípica individual ($\hat{\sigma}_f^2$); do coeficiente de herdabilidade individual no sentido amplo (\hat{h}_g^2); do coeficiente de herdabilidade da média do genótipo (\hat{h}_{mg}^2); da acurácia na seleção dos genótipos (\hat{r}_{gg}); do coeficiente de determinação dos efeitos da interação genótipo *versus* ambiente (c^2); da correlação genotípica através dos ambientes (\hat{r}_{gloc}); do coeficiente de variação genética (CV_g); do coeficiente de variação experimental (CV_e); da média geral (μ).

altos valores são desejáveis. A avaliação conjunta de CV_g e CV_e é refletida na estatística \hat{r}_{gg} (Resende e Duarte 2007). A acurácia obtida (62%) revela boa qualidade experimental e, portanto, segurança na seleção de genótipos superiores quanto ao caráter produtividade de algodão em caroço.

A herdabilidade da média dos genótipos (\hat{h}_{mg}^2) é estimada quando se utilizam médias dos blocos como critério de avaliação e/ou seleção (Resende 2007). Dessa forma, em face dos valores obtidos (0,39), a seleção de genótipos elites de algodoeiro com base nos valores genotípicos preditos é possível, porém onerosa. Ao se estimar a herdabilidade individual no sentido amplo (\hat{h}_g^2), considera-se a dispersão genética total e permite explorar toda a variância genética entre os genótipos de algodão. A variância dos efeitos genotípicos ($\hat{\sigma}_g^2$) apresentou magnitude extremamente superior à variância dos efeitos da interação $G \times A$ ($\hat{\sigma}_c^2$), constituindo 10,16% da variabilidade fenotípica total, representada pela herdabilidade de parcelas individuais (\hat{h}_g^2). Resultados em magnitudes semelhantes foram observados por Maia et al. (2009), Rosado et al. (2012) e Laviola et al. (2012) ao estimarem parâmetros genéticos via REML/BLUP clones de caju, eucalipto e pinhão-manso, respectivamente.

Em função do maior ou menor grau de adaptabilidade/estabilidade genética dos indivíduos, a variância da interação genótipos *versus* ambientes ($\hat{\sigma}_c^2$) pode inflacionar a expressão fenotípica de um caráter (Bastos et al. 2007). Essa medida quantifica a fração da variação total devido à interação $G \times A$. Estimativas de pequena magnitude de $\hat{\sigma}_c^2$ indicam que a interação $G \times A$ pouco influencia no valor fenotípico (Maia et al. 2009). Nesse contexto, um genótipo com maior

produtividade em um ambiente tende a manter patamares similares em ambientes diversos, uma vez que esse genótipo responde favoravelmente às influências ambientais (correlação entre valores genotípicos, através dos locais), além de possuir previsibilidade considerável frente às variações ambientais. As estimativas de $\hat{\sigma}_c^2$ podem ser consideradas baixas, correspondendo a 7,21% da variabilidade fenotípica total, o que favorece a obtenção da correlação fenotípica moderada ($\hat{r}_{gloc} = 0,59$) entre os ambientes.

O valor fenotípico corresponde aos valores obtidos nas avaliações de campo, que são influenciadas pelo efeito genotípico, efeito do ambiente e da interação entre genótipos e ambientes. Nesse último, o somatório da variância genotípica, da variância residual entre parcelas e da variância da interação $G \times A$ resulta na variância fenotípica individual ($\hat{\sigma}_f^2$). Apesar de a dispersão residual entre parcelas ($\hat{\sigma}_e^2$) representar 82,63% desse valor, progressos genéticos significativos foram obtidos. Resultados em magnitudes semelhantes foram observados por Maia et al. (2009), Rosado et al. (2012) e Torres et al. (2015), que, ao avaliarem os efeitos da interação $G \times A$ sobre genótipos de cajueiro, eucalipto e feijão-caupi, respectivamente, via modelos mistos, constataram que a variância residual entre parcelas representou valores acima de 60% da variância fenotípica individual.

A correlação genotípica média do desempenho dos materiais genéticos através dos ambientes (\hat{r}_{gloc}) indica a confiabilidade do ordenamento dos melhores genótipos nos ambientes testados. De maneira geral, foram observadas alterações significativas no ordenamento dos genótipos, em virtude da magnitude alta da \hat{r}_{gloc} (0,59) e em função da elevada \hat{r}_{gg} (0,62). Isso indica a ocorrência da fração complexa da interação $G \times A$, favorecendo a seleção de genótipos de adaptação mais específica.

Os genótipos CNPA 2012-60 e CNPA 2012-65 apresentaram as melhores estimativas de ganho com a seleção em todos os ambientes (Tabela 2). Os ganhos genéticos obtidos com a seleção dos referidos genótipos foram, respectivamente, 7,35 e 9,15%. Esses valores genotípicos podem, também, ser considerados para a recomendação desses genótipos, selecionados em outros ambientes com padrão de interação $G \times A$ similar ao padrão desta pesquisa. Segundo Maia et al. (2009), isso ocorre porque o método de modelos mistos penaliza os valores genotípicos preditos. Assim, o mesmo comportamento das médias genéticas ($\hat{\mu} + \hat{g}$) da produtividade em caroço é esperado, quando os genótipos supracitados forem utilizados em ambientes com características

similares às deste estudo. Em face contrária, o genótipo CNPA 2012-88 possui alta responsividade a ambientes específicos, com características similares às de Apodi (2014).

É possível verificar na Tabela 2 que o valor genotípico para a média dos ambientes ($\hat{\mu} + \hat{g}$) gerou resultados similares aos dos métodos em que se capitaliza a adaptabilidade (PRVG) e

Tabela 2. Estimativas dos valores genotípicos da produtividade de algodão em caroço ($\text{kg}\cdot\text{ha}^{-1}$) de 36 genótipos de algodoeiro avaliados em três ambientes e para a média dos ambientes.

Genótipo	Apodi (2013)	Apodi (2014)	Santa Helena (2013)	Média dos ambientes
	$\hat{\mu}_1 + \hat{g} + \hat{g}\epsilon$	$\hat{\mu}_2 + \hat{g} + \hat{g}\epsilon$	$\hat{\mu}_3 + \hat{g} + \hat{g}\epsilon$	$\hat{\mu} + \hat{g}$
CNPA 2012-55	4.548,17	5.928,55	4.554,85	4.807,83
CNPA 2012-56	4.576,02	6.061,72	4.766,33	5.059,93
CNPA 2012-57	4.295,90	5.795,37	4.509,40	4.388,86
CNPA 2012-58	4.640,83	6.076,03	4.778,26	5.065,75
CNPA 2012-59	4.447,83	5.808,80	4.400,95	4.446,82
CNPA 2012-60	4.708,89	6.072,38	4.802,82	5.151,12
CNPA 2012-61	4.490,58	6.085,88	4.591,35	4.889,08
CNPA 2012-62	4.332,08	5.822,58	4.452,36	4.404,68
CNPA 2012-63	4.368,44	5.963,49	4.602,82	4.715,21
CNPA 2012-64	4.313,83	5.758,60	4.418,70	4.188,04
CNPA 2012-65	4.745,11	6.184,02	4.793,05	5.237,46
CNPA 2012-66	4.350,73	5.736,74	4.435,77	4.226,04
CNPA 2012-67	4.460,27	5.939,94	4.494,42	4.666,00
CNPA 2012-68	4.509,25	5.896,86	4.652,10	4.818,17
CNPA 2012-69	4.412,55	5.907,52	4.480,19	4.619,65
CNPA 2012-70	4.480,90	6.099,92	4.742,21	4.980,75
CNPA 2012-71	4.525,67	6.041,38	4.716,06	4.983,53
CNPA 2012-72	4.391,53	5.846,94	4.524,02	4.620,69
CNPA 2012-73	4.500,42	5.859,88	4.579,57	4.737,55
CNPA 2012-74	4.588,46	6.051,84	4.758,60	5.051,26
CNPA 2012-75	4.274,65	5.781,00	4.383,83	4.207,49
CNPA 2012-76	4.668,45	6.024,10	4.696,98	5.043,72
CNPA 2012-77	4.565,41	6.114,38	4.788,45	5.091,97
CNPA 2012-78	4.619,59	5.988,21	4.665,64	4.957,85
CNPA 2012-79	4.517,77	5.952,24	4.639,75	4.857,28
CNPA 2012-80	4.540,76	5.884,49	4.686,51	4.860,14
CNPA 2012-82	4.470,78	6.005,29	4.615,31	4.840,75
CNPA 2012-83	4.435,38	5.871,77	4.533,66	4.651,69
CNPA 2012-84	4.423,59	5.834,73	4.466,29	4.552,87
CNPA 2012-85	4.379,66	5.975,45	4.566,67	4.692,32
CNPA 2012-86	4.602,19	6.015,09	4.627,51	4.932,57
CNPA 2012-87	4.652,69	5.996,71	4.727,97	5.023,92
CNPA 2012-88	4.533,71	6.148,97	4.771,72	5.091,81
CNPA 2012-89	4.401,79	5.918,03	4.543,91	4.693,11
CNPA 2012-90	4.556,26	6.133,62	4.675,39	5.024,63
CNPA 2012-91	4.690,28	6.032,22	4.705,67	5.062,08
Média	4.548,17	5.964,30	4.615,25	4.798,41

Os valores em destaque (azul) correspondem aos dois melhores genótipos em cada ambiente. $\hat{g}\epsilon$ = Estimativa do erro ambiental.

a adaptabilidade e estabilidade (MHPRVG), simultaneamente (Tabela 3). De acordo com Maia et al. (2009), a capitalização da interação $G \times A$ depende da seleção dos genótipos de

maior adaptabilidade e estabilidade aos ambientes avaliados. De acordo com esse critério, repetem-se os genótipos CNPA 2012-60 e CNPA 2012-65, escolhidos pelas médias genéticas

Tabela 3. Estabilidade de valores genéticos (MHVG), adaptabilidade de valores genéticos (PRVG e PRVG μ), estabilidade e adaptabilidade de valores genéticos (MHPRVG e MHPRVG μ) quanto à produtividade de algodão em caroço (kg·ha⁻¹) de 36 genótipos de algodoeiro preditos pela análise BLUP.

Genótipo	MHVG	PRVG	PRVG μ	MHPRVG	MHPRVG μ
CNPA 2012-55	4.732,51	1,00	4.814,43	1,00	4.810,87
CNPA 2012-56	4.980,62	1,06	5.065,82	1,06	5.064,37
CNPA 2012-57	4.281,54	0,91	4.376,56	0,91	4.369,87
CNPA 2012-58	5.075,95	1,08	5.166,24	1,08	5.166,15
CNPA 2012-59	4.351,25	0,93	4.443,07	0,92	4.432,53
CNPA 2012-60	5.089,02	1,08	5.167,44	1,08	5.164,68
CNPA 2012-61	4.775,27	1,02	4.875,14	1,02	4.872,90
CNPA 2012-62	4.287,84	0,91	4.386,37	0,91	4.381,05
CNPA 2012-63	4.607,88	0,98	4.704,09	0,98	4.700,62
CNPA 2012-64	4.115,66	0,87	4.188,69	0,87	4.188,56
CNPA 2012-65	5.158,96	1,09	5.244,89	1,09	5.244,13
CNPA 2012-66	4.165,08	0,88	4.233,34	0,88	4.232,67
CNPA 2012-67	4.562,85	0,97	4.656,73	0,97	4.652,50
CNPA 2012-68	4.753,13	1,01	4.829,12	1,01	4.827,80
CNPA 2012-69	4.513,09	0,96	4.607,47	0,96	4.604,40
CNPA 2012-70	4.876,00	1,04	4.973,08	1,04	4.970,43
CNPA 2012-71	4.898,52	1,04	4.985,05	1,04	4.984,68
CNPA 2012-72	4.545,49	0,96	4.623,99	0,96	4.623,67
CNPA 2012-73	4.675,04	0,99	4.749,43	0,99	4.747,40
CNPA 2012-74	4.973,49	1,05	5.057,62	1,05	5.056,58
CNPA 2012-75	4.076,82	0,87	4.181,66	0,87	4.172,60
CNPA 2012-76	4.972,65	1,05	5.053,64	1,05	5.052,17
CNPA 2012-77	5.007,31	1,06	5.095,59	1,06	5.093,74
CNPA 2012-78	4.883,80	1,03	4.965,02	1,03	4.964,29
CNPA 2012-79	4.783,90	1,01	4.863,79	1,01	4.863,22
CNPA 2012-80	4.810,58	1,02	4.881,47	1,02	4.876,48
CNPA 2012-82	4.741,31	1,01	4.833,30	1,01	4.832,68
CNPA 2012-83	4.573,14	0,97	4.653,36	0,97	4.653,27
CNPA 2012-84	4.466,79	0,95	4.550,33	0,95	4.548,69
CNPA 2012-85	4.580,57	0,97	4.678,18	0,97	4.675,24
CNPA 2012-86	4.846,36	1,03	4.933,31	1,03	4.932,06
CNPA 2012-87	4.958,48	1,05	5.036,89	1,05	5.034,90
CNPA 2012-88	4.997,73	1,06	5.090,25	1,06	5.088,71
CNPA 2012-89	4.596,63	0,98	4.685,94	0,98	4.685,23
CNPA 2012-90	4.922,71	1,05	5.017,53	1,05	5.016,92
CNPA 2012-91	4.993,23	1,06	5.073,79	1,06	5.071,43

MHVG = média harmônica dos valores genotípicos; PRVG = performance relativa dos valores genotípicos; PRVG μ = performance relativa dos valores genotípicos para a produtividade de algodão em caroço; MHPRVG = média harmônica da performance relativa dos valores genéticos; MHPRVG μ = média harmônica da performance relativa dos valores genéticos para a produtividade de algodão em caroço.

livres da interação ($\hat{\mu} + \hat{g}$). Isso indica que esses genótipos apresentaram adaptabilidade e estabilidade fenotípica em meio aos três ambientes analisados, além de possuírem alta produtividade de algodão em caroço, isto é, a manutenção dessa característica frente a ambientes diversos. Esses resultados corroboram os de Maia et al. (2009), Regitano Neto et al. (2013) e Moiana et al. (2014), que verificaram manutenção no ordenamento de genótipos de cajueiro, arroz e algodão, respectivamente, pelas metodologias do valor genotípico para a média dos anos ($\hat{\mu} + \hat{g}$), MHVG, PRVG e MHPRVG, atribuindo tais resultados à correlação genotípica através dos locais (\hat{r}_{gloc}), que foi positiva e de magnitude similar à desta pesquisa.

CONCLUSÃO

Os genótipos CNPA 2012-60 e CNPA 2012-65 podem ser cultivados em ambientes similares aos testados, pois reúnem alta adaptabilidade e estabilidade produtiva de algodão em caroço.

Houve concordância entre as estatísticas ($\hat{\mu} + \hat{g}$), MHVG, PRVG e MHPRVG na discriminação dos genótipos mais produtivos e com alta adaptabilidade e estabilidade, o que indica que as mesmas podem fazer parte de critérios seletivos na rotina dos programas de melhoramento do algodoeiro.

REFERÊNCIAS

- 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. (2007). Avaliação da interação genótipo \times ambiente em cana-de-açúcar via modelos mistos. *Pesquisa Agropecuária Tropical*, 37, 195-203.
- Carbonell, S. A. M., Chioratto, A. F., Resende, M. D. V., Dias, L. A. S., Beraldo, A. L. A. e Perina, E. F. (2007). Estabilidade de cultivares e linhagens de feijoeiro em diferentes ambientes no Estado de São Paulo. *Bragantia*, 66, 193-201. <http://dx.doi.org/10.1590/S0006-87052007000200003>.
- Carvalho, L. P., Farias, F. J. C., Morello, C. L., Rodrigues, J. I. S., Teodoro, P. E. (2015). Agronomic and technical fibers traits in elite genotypes of cotton herbaceous. *African Journal of Agricultural Research*, 10, 4882-4887. <http://dx.doi.org/10.5897/AJAR2015.10515>.
- Companhia Nacional de Abastecimento. Acompanhamento de safra brasileira: grãos, safra 2013/2014, 12º levantamento, setembro/2014 [acessado 19 abr 2015]. http://www.conab.gov.br/OlalaCMS/uploads/arquivos/14_09_10_14_35_09_boletim_graos_setembro_2014.pdf
- Cruz, C. D., Carneiro, P. C. S. e Regazzi, A. J. (2014). Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético. 3. ed. Viçosa: Editora UFV.
- Hoogerheide, E. S. S., Vencovsky, R., Farias, F. J. C., Freire, E. C. e Arantes, E. M. (2007). Correlações e análise de trilha de caracteres tecnológicos e a produtividade de fibra de algodão. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, 42, 1401-1405. <http://dx.doi.org/10.1590/S0100-204X2007001000005>.
- Laviola, B. G., Alves, A. A., Gurgel, F. D., Rosado, T. B., Rocha, R. B. e Albrecht, J. C. (2012). Estimates of genetic parameters for physic nut traits based in the germplasm two years evaluation. *Ciência Rural*, 42, 429-435. <http://dx.doi.org/10.1590/S0103-84782012000300008>.
- Maia, M. C. C., Resende, M. D. V., Paiva, J. R., Cavalcanti, J. J. V. e Barros, L. M. (2009). Seleção simultânea para produção, adaptabilidade e estabilidade genotípicas em clones de cajueiro, via modelos misto. *Pesquisa Agropecuária Tropical*, 39, 43-50.
- Moiana, L. D., Vidigal Filho, P. S., Gonçalves-Vidigal, M. C., Maleia, M. P. e Mindo, N. (2014). Application of mixed models for the assessment genotype and environment interactions in cotton (*Gossypium hirsutum*) cultivars in Mozambique. *African Journal of Biotechnology*, 13, 1985-1991. <http://dx.doi.org/10.5897/AJB2013.12926>.
- Ramalho, M. A. P., Abreu, A. F. B., Santos, J. B. e Nunes, J. A. R. (2012). Aplicações da genética quantitativa no melhoramento de plantas autógamas. Lavras: UFLA.
- Regitano Neto, A., Ramos Júnior, E. A., Gallo, P. B., Freitas, J. G. e Azzini, L. E. (2013). Comportamento de genótipos de arroz de terras altas no estado de São Paulo. *Revista Ciência Agronômica*, 44, 512-519. <http://dx.doi.org/10.1590/S1806-66902013000300013>.
- Resende, M. D. V. (2007). SELEGEN-REML/BLUP: sistema estatístico e seleção genética computadorizada via modelos lineares mistos. Colombo: Embrapa Florestas.
- Resende, M. D. V. e Duarte, J. B. (2007). Precisão e controle de qualidade em experimentos de avaliação de cultivares. *Pesquisa Agropecuária Tropical*, 37, 182-194.

- Rosado, A. M., Rosado, T. B., Alves, A. A., Laviola, B. G. e Bhering, L. L. (2012). Seleção simultânea de clones de eucalipto de acordo com produtividade, estabilidade e adaptabilidade. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, 47, 964-971. <http://dx.doi.org/10.1590/S0100-204X2012000700013>.
- Silva, G. O., Carvalho, A. D. F., Veira, J. V. e Benin, G. (2011). Verificação da adaptabilidade e estabilidade de populações de cenoura pelos métodos AMMI, GGE biplot e REML/BLUP. *Bragantia*, 70, 494-501. <http://dx.doi.org/10.1590/S0006-87052011005000003>.
- Silva Filho, J. L., Morello, C. L., Farias, F. J. C., Lamas, F. M., Pedrosa, M. B. e Ribeiro, J. L. (2008). Comparação de métodos para avaliar a adaptabilidade e estabilidade produtiva em algodoeiro. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, 43, 349-355. <http://dx.doi.org/10.1590/S0100-204X2008000300009>.
- Souza, A. A., Freire, E. C., Bruno, R. L. A., Carvalho, L. P., Silva Filho, L. P. e Pereira, W. E. (2006). Estabilidade e adaptabilidade do algodoeiro herbáceo no Cerrado do Mato Grosso e Mato Grosso do Sul. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, 41, 1125-1131. <http://dx.doi.org/10.1590/S0100-204X2006000700008>.
- Suinaga, F. A., Bastos, C. S. e Rangel, L. E. P. (2006). Phenotypic adaptability and stability of cotton cultivars in Mato Grosso State, Brazil. *Pesquisa Agropecuária Tropical*, 36, 145-150.
- Torres, F. E., Teodoro, P. E., Sagrilo, E., Correa, A. M. e Ceccon G. (2015). Interação genótipo × ambiente em genótipos de feijão-caupi semiprostrado via modelos mistos. *Bragantia*, 74, 255-260. <http://dx.doi.org/10.1590/1678-4499.0099>.