

**UNIVERSIDADE FEDERAL DO RECÔNCAVO DA BAHIA
CENTRO DE CIÊNCIAS AGRÁRIAS, AMBIENTAIS E BIOLÓGICAS
PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM CIÊNCIAS AGRÁRIAS
CURSO DE DOUTORADO**

**INTERAÇÃO GENÓTIPO × AMBIENTE PARA ATRIBUTOS
PRODUTIVOS EM MANDIOCA**

JURACI SOUZA SAMPAIO FILHO

**CRUZ DAS ALMAS - BAHIA
OUTUBRO - 2022**

INTERAÇÃO GENÓTIPO × AMBIENTE PARA ATRIBUTOS PRODUTIVOS EM MANDIOCA

JURACI SOUZA SAMPAIO FILHO
Engenheiro Agrônomo, UFRB, 2016

Tese submetida ao Colegiado do Programa de Pós-Graduação em Ciências Agrárias da Universidade Federal do Recôncavo da Bahia, como requisito parcial para a obtenção do Título de Doutor em Ciências Agrárias Área de Concentração: Fitotecnia.

ORIENTADOR: Prof. Dr. Eder Jorge de Oliveira

**CRUZ DAS ALMAS - BAHIA
OUTUBRO - 2022**

**UNIVERSIDADE FEDERAL DO RECÔNCAVO DA BAHIA
CENTRO DE CIÊNCIAS AGRÁRIAS, AMBIENTAIS E BIOLÓGICAS
PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM CIÊNCIAS AGRÁRIAS
CURSO DE DOUTORADO**

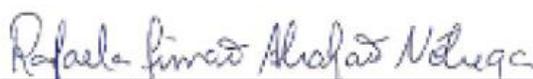
**INTERAÇÃO GENÓTIPO × AMBIENTE PARA ATRIBUTOS PRODUTIVOS EM
MANDIOCA**

**COMISSÃO EXAMINADORA DA DEFESA DE TESE DE
Juraci Souza Sampaio Filho**

Realizada em 27 de Outubro de 2022

Aprovada em: 27 de Outubro de 2022

Eder Jorge de Oliveira
Embrapa Mandioca e Fruticultura
Examinador Interno (Orientador)



Rafaela Simão Abrahão Nóbrega
Universidade Federal do Recôncavo da Bahia
Examinadora Externo



Maria Marta Pastina
Embrapa Milho e Sorgo
Examinadora Externo



Tiago Olivoto
Universidade Federal de Santa Catarina
Examinador Externo



Helcio Duarte Pereira
Embrapa Agricultura Digital (pós-doutorado)
Examinador Externo

FICHA CATALOGRÁFICA

Sampaio Filho, Juraci Souza

Interação genótipo x ambiente para atributos produtivos em mandioca. – Cruz das Almas, BA, 2022.
200f. il.; 30 cm.

Orientador: Dr. Eder Jorge de Oliveira

Tese (Doutorado)- Universidade Federal do Recôncavo da Bahia, Centro de Ciências Agrárias, Ambientais e Biológicas, Doutorado em Ciências Agrárias, 2022.

1. Mandioca. 2. Melhoramento vegetal. I. Oliveira, Eder Jorge de. II. Universidade Federal do Recôncavo da Bahia III. Título.

CDU: 633.682

Ficha catalográfica elaborada por Lucidalva R. G. Pinheiro Perrone- Bibliotecária CRB51161–Embrapa Mandioca e Fruticultura

DEDICATÓRIA

A Deus, fonte de sabedoria e poder, dona da Ciência.

À minha esposa, Ingride Souza Lima Sampaio.

A minha filha, Luanna Souza Lima Sampaio.

Aos meus pais, Juraci Souza Sampaio

e Ana Cristina Dias Silva.

Às minhas irmãs, Elisangela, Cintia, Patrícia e Jucilene.

Aos meus amigos e amigas.

AGRADECIMENTOS

A Deus, por tudo que Ele fez e faz em minha vida, pela proteção e cuidado de sempre em todos os momentos da minha vida, concede-me sabedoria e inteligência para as vitórias até aqui conquistadas e possibilitou-me alcançar mais este importante objetivo.

A nação brasileira, ao Nordeste que com grande esforço e resistência lutam diariamente para sobreviver nesse País tão desigual e injusto, que por meio dos impostos nos mantém na escola pública e gratuita até a universidade.

À Universidade Federal do Recôncavo da Bahia, símbolo de resistência e equidade, lugar de acolhimento e possibilidades nos permitindo sonhar e realizar os objetivos, meu muito obrigado. E ao Programa de Pós-Graduação em Ciências Agrárias e Biológicas, em nome de todos os professores e técnicos administrativos.

A todos os professores que contribuíram para o meu crescimento profissional e humano, desde o ensino fundamental até a Universidade.

A Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado da Bahia (FAPESB), pelo apoio financeiro por meio da concessão da bolsa de doutorado.

À EMBRAPA-CNPMPF, na pessoa do pesquisador Eder Jorge de Oliveira, por toda orientação e disponibilidade de recursos para a realização do trabalho de tese.

A equipe de mandioca no nome de Cinara Fernanda Garcia Morales que possibilitaram um ambiente de cooperação e companheirismo, com profissionais dedicados e competentes, com ensinamentos e incentivos, amizade e confiança.

Obrigado a todos que contribuíram com este sonho!!!

INTERAÇÃO GENÓTIPO × AMBIENTE PARA ATRIBUTOS PRODUTIVOS EM MANDIOCA

RESUMO GERAL

A mandioca (*Manihot esculenta Crantz*) é cultivada em todos os continentes por sua ampla adaptação e importância socioeconômica. Entretanto, a interação genótipo por ambiente (G×E) é um desafio para o cultivo e recomendação generalizada de novos genótipos, principalmente para caracteres complexos como produtividade de raízes fresca (PTR, t ha⁻¹) e teor de matéria seca (DMC, %). Este estudo objetivou explorar a G×E, estabilidade e adaptabilidade, com base em estatísticas univariadas e multivariadas. No capítulo 1 a interação G×E com base nas técnicas *AMMI* (Additive Main effects and Multiplicative Interaction analysis), *WAASB* (média ponderada dos escores absolutos), parâmetros de Eberhart e Russel (S_{di}^2 , R^2 e $RMSE$) e não paramétricos, permitiu a seleção simultânea para alta performance e estabilidade, >32 t ha⁻¹ para PTR (BR11-34-41 e BR11-34-69) e >37% para DMC (BRS Novo Horizonte, BR12-107-002 e BR11-24-156). No capítulo 2 os índices *MPS* (mean performance and stability) e *MTMPS* (multi-trait, mean performance and stability index) foram utilizados para selecionar genótipos estáveis e produtivos para sete características, a exemplo da BR11-34-69 e BRS Novo Horizonte para PTR, com base nos parâmetros S_{di}^2 , R^2 e $RMSE$, enquanto, por exemplo os genótipos BR11-34-64 e BR11-34-69 foram indicados como estáveis ($MTMPS \cong 3.23$) e produtivos pelo *MTMPS*. No capítulo 3, o fator analítico (FA_4) foi o que apresentou o melhor ajuste do modelo para explorar a G×E. Adicionalmente, os gráficos de regressão latente dos genótipos com maior performance e estabilidade indicaram o clone BR11-34-69 e a BRS Novo Horizonte (maior coeficiente angular) para PTR e DMC, respectivamente. Estes resultados representam avanços importantes, na compreensão da G×E, possibilitam maior eficiência na seleção e identificação de genótipos para o programa de melhoramento de mandioca.

Palavras chaves: Modelo misto linear, AMMI, GGE, G×E, adaptabilidade, BLUPs.

INTERACTION GENOTYPE X ENVIRONMENT FOR CASSAVA PRODUCTION ATTRIBUTES

GENERAL ABSTRACT

Cassava (*Manihot esculenta* Crantz) is produced worldwide due to its extensive adaptability and socio-economic importance. However, the interaction between the genotype and the environment (G×E) represents a challenge for cultivation and general recommendations for new genotypes, mainly for complex traits such as fresh root yield (FRY, t ha⁻¹) and dry matter content in the roots (DMC, %). The present work had the objective to exploit the G×E, stability and adaptability, based in univariate and multivariate statistics. In chapter 1, the study of G×E interactions based on AMMI (Additive Main Effects and Multiplicative Interaction Analysis), WAASB (Weighted Average of Absolute Scores), Eberhart and Russel parameters (S_{di}^2 , R^2 and $RMSE$), and non-parametric techniques, allowed the simultaneous selection for high performance and stability genotypes, >32 t ha⁻¹ for FRY (BR11-34-41 and BR11-34-69) and >37% for DMC (BRS Novo Horizonte, BR12-107-002 and BR11-24-156). In chapter 2, Mean Performance and Stability (MPS) and Multi-trait Mean Performance and Stability (MTMPS) indexes were used to select stable and productive genotypes for seven traits, as in example BR11-34-69 and BRS Novo Horizonte for FRY based in parameters S_{di}^2 , R^2 and $RMSE$, while, genotypes such as BR11-34-64 and BR11-34-69 were selected as stable ($MTMPS \cong 3.23$) and productive using MTMPS. In chapter 3, the analytic factor (FA_4) showed the best model fit to exploit G×E. In addition, latent regression graphics from the genotypes with higher performance and stability pointed to clones BR11-34-69 and BRS Novo Horizonte (higher angular coefficient) for FRY and DMC, respectively. These results constitute important progress in the understanding of G×E, providing higher efficiency for selection and identification of genotypes for cassava breeding programs.

Keywords: Mixed linear model, AMMI, GGE, G×E, adaptability, BLUPs.

ÍNDICE

Página

RESUMO

ABSTRACT

REFERENCIAL TEÓRICO.....1

CAPÍTULO 1

**ESTABILIDADE E PARÂMETROS GENÉTICOS PARA ATRIBUTOS
PRODUTIVOS EM MANDIOCA NA REGIÃO TROPICAL ÚMIDA DO NORDESTE
BRASILEIRO.....31**

CAPÍTULO 2

**SELEÇÃO MULTI-TRAIT E MULTI-ENVIRONMENT PARA DESEMPENHO E
ESTABILIDADE EM GENÓTIPOS DE MANDIOCA..... 85**

CAPÍTULO 3

**INTERAÇÃO GENÓTIPO X AMBIENTE EM ENSAIOS MULTI-AMBIENTES DE
MANDIOCA VIA FATOR ANALITICO.....139**

CONSIDERAÇÕES FINAIS.....199

1 REVISÃO DE LITERATURA

1.1 Aspectos gerais da mandioca

A mandioca (*Manihot esculenta* Crantz) é uma cultura de grande importância socioeconômica, sendo o sexto alimento mais produzido no mundo após a cana de açúcar, milho, arroz, soja e batata, milhões de pessoas em todo mundo dependem de suas raízes e derivados que é uma ótima fonte de carboidrato e possuem bom valor nutricional (CEBALLOS et al., 2015; NJOKU et al., 2015). Sendo a quarta maior fonte calórica, desempenha um importante papel na segurança alimentar, sobretudo em países em desenvolvimento (STAPLETON, 2012; FAO, 2020; CEBALLOS et al., 2021).

A mandioca pertence à família Euphorbiaceae e do gênero *Manihot*, compreende mais de 100 espécies (HOWELER et al., 2013). Sendo originária da América Latina, tem o Brasil como provável centro de origem e diversidade da espécie, embora possua adaptação a uma ampla faixa de biomas, devido entre outros fatores ao metabolismo intermediário entre C3 e C4, o que lhe confere resiliência às condições adversas do ambiente (ALLEN, 2002; OLSEN, 2004; EL-SHARKAWY et al., 2007, 2012; CEBALLOS et al., 2020). Esta espécie foi transferida pelos portugueses para o resto do mundo, particularmente para o continente Africano, no século XVIII (AKINPELU et al., 2011). Na África e América Latina, a mandioca foi cultivada durante muito tempo por pequenos agricultores, o que resultou em um grande número de variedades locais com alta diversidade genética (EL-SHARKAWY, 2012). Estudos visando esclarecer a origem desta espécie concluíram que a mandioca foi domesticada a partir de uma subespécie de *Manihot*, *M. esculenta* ssp. *flabellifolia*, possivelmente originária do sul da Amazônia e ancestral da espécie cultivada (ALLEN, 2002; OLSEN, 2004).

Por ser uma espécie amplamente cultivada em praticamente todos os continentes, existem diversos fatores ambientais que influenciam na produtividade e rentabilidade da cultura (Figura 1). Portanto, de modo geral, o sucesso da produção agrícola depende de como se explora de forma favorável o componente genético dos fatores ambientais, alvo do programa de melhoramento genético da cultura. Segundo a FAO (2020), cerca de 100 países, em áreas localizadas nas latitudes de 30°N e 30°S, entre zonas semiáridas a ecológicas úmidas, produzem e comercializam a mandioca, com rendimento acima de 25 t ha⁻¹. No entanto,

70% da produção global de mandioca são cultivadas por pequenos agricultores, cuja produção mundial é de 302,66 milhões de toneladas, com uma área cultivada de 28,24 milhões de hectares. A Nigéria, Tailândia, Indonésia e Brasil são os quatro maiores produtores mundiais de raízes frescas, com produção de 60,00; 28,99; 18,30 e 18,20 milhões de toneladas, respectivamente (EL-SHARKAWY, 2012; OKOGBENIN et al., 2013; FAOSTAT, 2020).

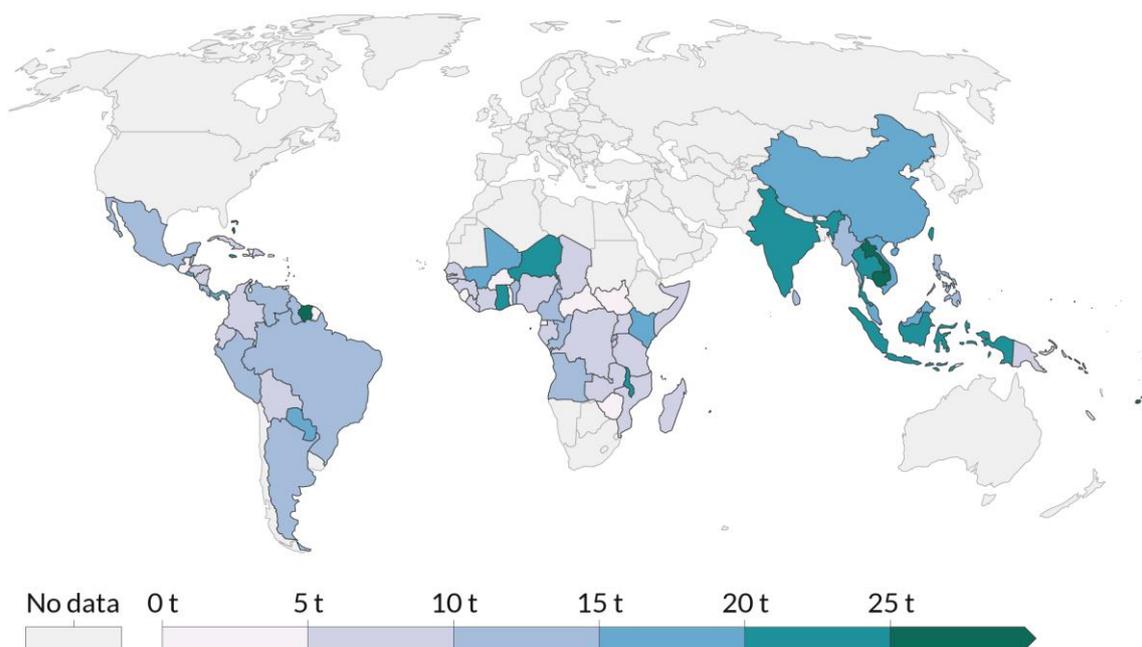


Figura 1. Rendimentos de mandioca em toneladas por hectare, com destaque para os países com maior produção no mundo (Fonte: Fundação das Nações Unidas para Alimentação e Agricultura – FAO, 2022)

No Brasil, o estado do Pará lidera o ranking nacional na produção de raízes com participação de 20,02%, seguido pelo Paraná 17,68%, São Paulo 7,29%, Amazonas 6,48%, Acre 5,23% e Bahia com 4,89%, portanto estes estados somam 61,59% do volume produzido no país. A maior parte da produção brasileira é destinada ao mercado interno, com menos de 0,5% da produção destinada à exportação (IBGE, 2021).

De modo geral, a baixa produtividade nacional deve-se a fatores limitantes como baixa fertilidade dos solos utilizados no plantio da mandioca, material propagativo com baixa qualidade, variedades pouco produtivas e/ou mal adaptadas à região e baixo nível tecnológico dos sistemas produtivos (CARDOSO

et al., 2013). Portanto, o melhoramento genético da espécie leva em consideração todos esses fatores, a fim de recomendar novos genótipos com maior rendimento e que atenda às exigências do sistema produtivo.

A mandioca é uma espécie bastante versátil, cujas raízes servem tanto para o consumo in natura, quanto para o processamento. A mandioca mansa (< 100 ppm de compostos cianogênicos) pode ser consumida por humanos e animais, enquanto que a mandioca brava (> 100 ppm de compostos cianogênicos) é utilizada após processamento industrial, sobretudo na fabricação de farinha e extração de amido. Os principais glicosídeos cianogênicos são a linamarina e lotaustralina (0.85% e 0.15%, respectivamente) são os responsáveis pela toxicidade na planta (CEBALLOS et al., 2004).

As raízes de mandioca possuem em média 33.6% de teor de matéria seca, dos quais 84.5% correspondem ao amido que é o principal produto comercial. A mandioca é a segunda fonte mais importante de amido no mundo, o que lhe confere um grande potencial para o comércio internacional e estímulo ao desenvolvimento agroindustrial dos principais países produtores (STAPLETON et al., 2012; CEBALLOS et al., 2015). A partir da fécula de mandioca nativa ou modificada, inúmeros produtos industriais são produzidos nas indústrias de papel, química, têxtil, alimentícia, farmacêutica, biopolímeros, ração animal, açúcar e biocombustíveis (VILPOUX, 2008).

Atualmente existem boas perspectivas de expansão da cultura da mandioca para atendimento de mercados tradicionais e mesmo mercados atualmente ocupados pelo amido de milho. Entretanto, para isso, será preciso modernizar sua cadeia por meio da adoção de tecnologias que permitam maior mecanização das lavouras e conseqüente redução da mão de obra necessária para os diversos tratamentos culturais, bem como desenvolvimento de cultivares mais modernas, que atendam às exigências de plantios e colheitas mecanizadas, bem como produtividades de raízes e amido, que possam ser competitivas em relação ao milho. Especificamente neste último aspecto, o melhoramento precisará atuar não somente em características primárias como produtividade de raízes e amido, mas também em características, a exemplo do porte da planta, cobertura vegetal e índice de colheita, que, em muitas situações têm sido tratados como secundárias.

1.2 Melhoramento genético para desenvolvimento de novas variedades

A mandioca ($2n = 36$) é uma espécie monóica, que apresenta alogamia, embora a propagação comercial seja feita de forma vegetativa. A espécie possui rara apomixia, com flores femininas abrindo 10 a 14 dias antes das masculinas (dicogamia), características que dificultam a autofecundação (JENNINGS e IGLESIAS 2002; CEBALLOS et al., 2017). Além disso, portanto, como muitas das características sob seleção possuem herança quantitativa, as quais possuem forte influência ambiental, os métodos de seleção levam em consideração a complexidade da herança das características (CEBALLOS et al., 2012; WOLFE et al., 2017), por exemplo, para a produtividade de raízes frescas com predominância de ação genética não aditiva, devendo-se aplicar métodos baseados em seleção fenotípica recorrente ou ainda explorar de forma simultânea os efeitos heteróticos pelo cruzamento entre pools genéticos distintos (TUMUHIMBISE et al., 2014). Por outro lado, para o teor de matéria seca das raízes, com predominância de efeitos aditivos é possível utilizar métodos mais simples de seleção fenotípica, dada sua alta capacidade preditiva e menor influência ambiental (WOLFE et al., 2016; ANDRADE et al., 2019).

A seleção de genótipos de alto desempenho para várias características é um processo oneroso e complexo, o que faz com que os ganhos genéticos para diversas características simultâneas sejam de difícil obtenção. Por outro lado, a seleção truncada para uma única característica agrônômica por etapa, embora mais simples, pode aumentar o tempo de obtenção de variedades melhoradas, além de reduzir outras características desejáveis considerando as possíveis correlações genéticas negativas (VAN EEUWIJK et al., 2016; OLIVOTO et al., 2019a).

A variabilidade genética para as principais características de interesse agrônômico é obtida nos bancos de germoplasma de mandioca (BAG), seja para tolerância ao déficit hídrico, pragas e doenças, propriedade do amido e caracterização morfoagronômicas (Figura 2). Mais recentemente novas abordagens para obtenção de variedades produtivas têm sido propostas e utilizadas na cultura da mandioca, a exemplo da seleção genômica, que tem gerado um impacto positivo para o aumento da produtividade com redução do tempo de seleção, com maiores chances de ganhos genéticos na cultura frente às

demandas do mercado de processamento e de consumo fresco (CEBALLOS et al., 2004, 2020; WOLF et al., 2017; OLIVEIRA et al., 2018; ANDRADE et al., 2019).

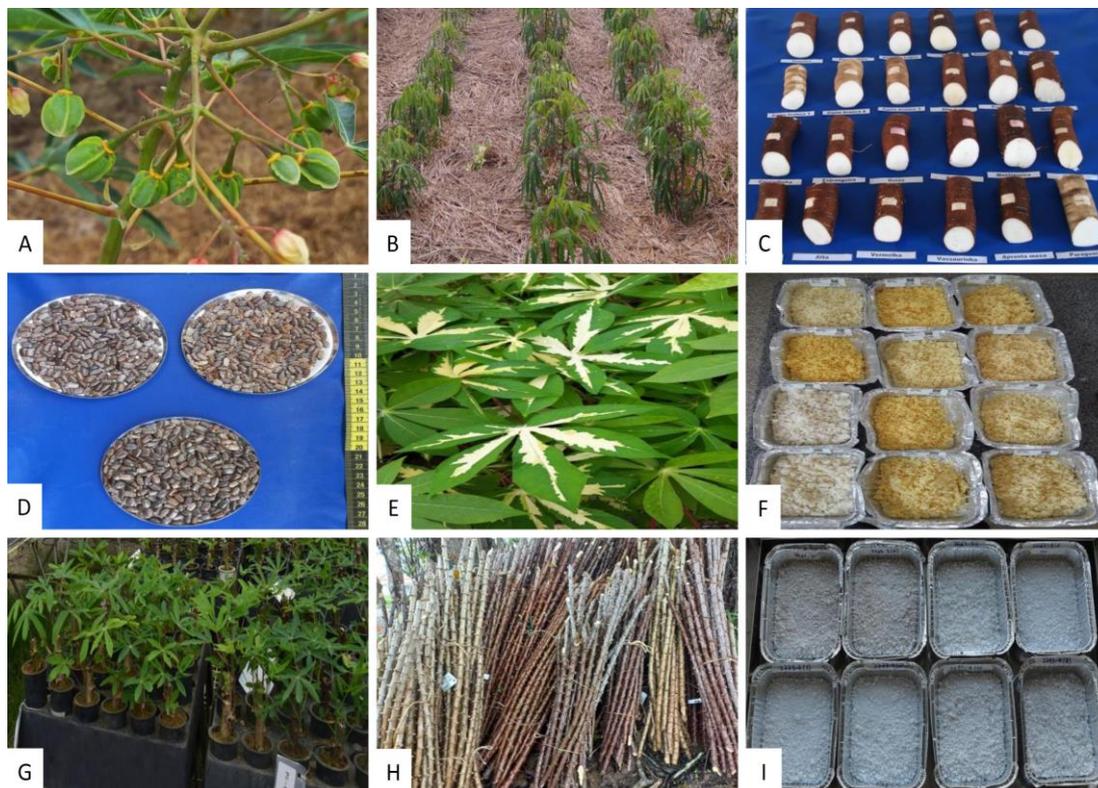


Figura 2. Etapas importantes do programa de melhoramento de mandioca (*Manihot esculenta* Crantz). **A:** fruto do tipo cápsula; **B:** sementes botânicas; **C:** seedlings produzidos em casa de vegetação; **D:** ensaios de avaliação de campo; **E-F:** variabilidade de folhas e manivas, respectivamente; **G:** raízes de diferentes variedades de mandioca; **H-I:** raízes processadas e amido de mandioca, respectivamente. Fonte: Cinara Fernanda Garcia Morales.

De modo geral, são necessários de 8 a 10 anos para a obtenção de uma nova cultivar de mandioca por ciclo de seleção fenotípica recorrente (Figura 3) (OLIVEIRA et al., 2012; WOLFE et al., 2016). As principais etapas do programa de melhoramento genético são: i) cruzamentos para obtenção das progênies; ii) obtenção de seedlings em casa de vegetação e transplântio para campo iii) ensaios de avaliação clonal (CET), primeira etapa de avaliação agrônômica, caracterizado por poucos ambientes e um elevado número de plantas (> 1000 clones); iv) ensaio preliminar de produção (PYT), representado por 2-3 repetições

de campo, número menor de plantas na parcela (1 linha com 6-8 plantas) e 1-2 locais de avaliação; v) ensaios de avançado de produção (AYT), 3 repetições de campo, parcelas maiores (4 linhas 16-24 plantas), 3-5 locais de avaliação; v) ensaios de uniforme de produção (UYT), 3-4 repetições de campo, parcelas maiores (4-6 linhas 40-60 plantas), 8-12 locais de avaliação; e ensaios de valor de cultivo e uso (VCU), são considerados no final do melhoramento, com testes em multi-ambientes e em vários anos para avaliar a $G \times E$, com os clones a serem recomendados para expansão do cultivo, juntamente com as testemunhas locais, geralmente em parceria com agricultores, cooperativas e agroindústrias.

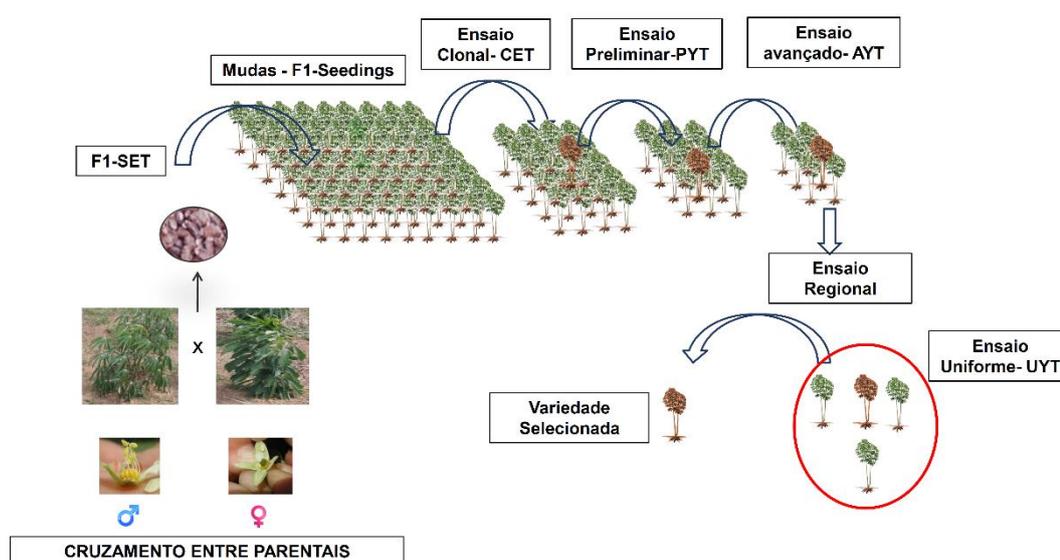


Figura 3. Etapas básicas de um programa de melhoramento genético de mandioca: obtenção de sementes oriundas de cruzamento, seedlings (plantas F_1 oriundas das sementes). A primeira avaliação ocorre nos ensaios CET (ensaio de avaliação clonal), seguido por ensaio preliminar (PYT) e avançado de produção (AYT), ensaios uniformes de produção em multi-ambientes (UYT). Fonte: Juraci Souza Sampaio Filho.

1.3 Interação genótipo x ambiente ($G \times E$) em mandioca

O melhoramento genético é uma das áreas de pesquisa com altas taxa de retorno dos investimentos (OLIVEIRA et al., 2012). Entretanto, existem enormes desafios na identificação e seleção de cultivares melhoradas, em virtude da alta influência ambiental na expressão de caracteres quantitativos, a exemplo da produtividade de raízes e teor de matéria seca. Portanto, embora a mandioca seja bastante resiliente e amplamente cultivada em diversas condições ambientais,

sua adaptabilidade geralmente é restrita em função da interação genótipo x ambiente (GxE), processo de ocorrência natural e que possibilita a adaptação da espécie a ambientes específicos (EGESI et al., 2007).

Desde a década de 20, o interesse no entendimento da interação GxE é crescente. Enquanto melhoristas tentam explorar os efeitos da interação GxE, os geneticistas buscam entender a natureza e as causas relacionadas a este fenômeno, destacando a influência dos genes relacionados para o caractere em estudo. Com o avanço metodológico e computacional uma série de modelos estatísticos foi elaborada para explorar, descrever, compreender e prever o padrão do fenômeno da interação GxE (YAN e KANG, 2003; HONGYU et al., 2014). As causas da interação GxE têm sido atribuídas a fatores fisiológicos e bioquímicos (bióticos), além de fatores abióticos associados a efeitos próprios de cada genótipo cultivado (MALOSETTI et al., 2013). Por outro lado, a sensibilidade do genótipo aos efeitos ambientais está condicionada à estrutura genética da população (naturais e/ou domesticadas), sendo defendido que populações naturais interagem menos com o ambiente e, portanto, são mais estáveis quando comparado as domesticadas resultantes do processo de seleção (ALLARD; BRADSHAW, 1964; TORRES, 1988).

Para GAUCH e ZOBEL (1996) a interação GxE ocorre quando a contribuição dos alelos dos diferentes genes que controlam o caráter ou o nível de expressão dos mesmos não é coincidente entre os ambientes, isso porque a expressão dos genes é influenciada e/ou regulada pelo ambiente. A interação GxE resulta em heterogeneidade de variância genética nos diferentes ambientes, considerando que ambientes com características similares, tendem a induzir respostas correspondentes nos genótipos, resultando em fortes correlações genéticas (MALOSETTI et al., 2013).

Deste modo, na fase final do programa de melhoramento genético (ensaios UYT) os genótipos com características mais próximas para atendimento dos usuários finais, são testados em ensaios METs (teste em multi-ambientes). Os METs possibilitam explorar e quantificar o desempenho dos genótipos considerando a interação GxE, e com isso selecionar o conjunto de genótipos que apresentem maior adaptabilidade e estabilidade de rendimento nos diferentes ambientes de cultivo. Nesse caso, o fenótipo de uma planta é o somatório de uma

cascata de interações genéticas (genótipo, habilidades de captura e conversão de estímulos, determinadas por sua constituição genética) e ambientais que depende das condições climáticas, ano de cultivo, fatores bióticos (fatores imprevisíveis), além da irrigação, adubação, tipos de solo (fatores previsíveis), ou a combinação destes fatores (estímulos ambientais), que refletem no desempenho final dos genótipos (MALOSETTI et al., 2013). Portanto, para quantificar a proporção de cada fator relacionado, deve-se avaliar o genótipo em vários ambientes, obtendo assim a proporção da variação que corresponde a interação G×E, o que permite explorar seus efeitos benéficos.

A interação G×E do tipo *crossover* é a mais crítica para o melhorista, pois sugere a existência de cultivares com adaptações específicas a determinados ambientes, o que limita a recomendação do genótipo para ambientes generalizados (Figura 4E) e minimiza a magnitude da associação entre os valores fenotípicos e genotípicos, dado a mudança na classificação dos genótipos (ALWALA et al., 2010). Por outro lado, a interação pode ser simples *non-crossover*, quando há apenas expansão ou contração da escala, sem mudança de classificação dos genótipos (Figura 4C-D). O genótipo pode apresentar ainda plasticidade, caracterizado pela resposta às mudanças ambientais, adaptando-se para ajustar-se às variações ambientais (Figura 4B-E) e nenhuma interação nem plasticidade (Figura 4A).

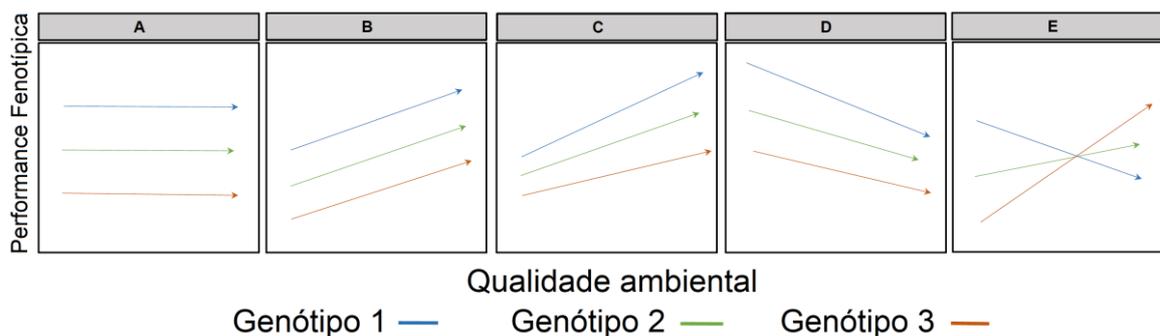


Figura 4. Tipos de reação de três genótipos que ilustram várias formas de plasticidade e interação genótipo x ambiente (G×E). Nenhuma plasticidade em (A) versus plasticidade em (B-E), nenhuma G×E em (A-B) e várias formas de G×E em (C-E). Adaptado de Malosetti et al., (2013).

Para a detecção da interação G×E é necessário que diferentes genótipos (usualmente ≥ 10 genótipos e ≥ 3 ambientes com características distintivas - Ceballos et al., 2012) sejam testados em dois ou mais ambientes contrastantes, para que os parâmetros genéticos sejam compreendidos. Por ser de propagação clonal, pode-se isolar o efeito genético do efeito ambiental em ensaios METs de mandioca. Informações sobre a adaptabilidade e estabilidade dos genótipos podem assim ser obtidas com base nas análises da interação G×E (BOSE et al., 2014).

O termo estabilidade é utilizado para descrever o desempenho constante, com mínima variação, independente das alterações das condições ambientais atuantes, ou que estas alterações tenham efeito mínimo, enquanto que a adaptabilidade compreende a capacidade do genótipo de responder de forma positiva as melhorias no ambiente (FINLAY; WILKINSON, 1963; EBERHART; RUSSEL, 1966; FLORES et al., 1998). Entender a capacidade do genótipo em assimilar vantajosamente os estímulos ambientais (adaptabilidade) e manter o rendimento em ambientes diversos (estabilidade) pode contribuir para uma avaliação mais precisa dos genótipos nos ensaios METs.

A fim de orientar o melhorista na condução de experimentos e na indicação dos genótipos, pode-se classificar a estabilidade, em estática, isto é, os genótipos mantêm um rendimento consistente entre os ambientes havendo pequena variância (também denominada de biológica), que resulta na baixa resposta a estímulos ambientais. Por outro lado, a estabilidade dinâmica, os genótipos respondem às melhorias ambientais, denominado de estabilidade agrônômica, em que os genótipos acompanham a melhoria nas condições ambientais (BECKER, 1988). Atualmente, existem vários métodos para explorar os efeitos positivos da interação G×E e na captura de informações importantes para a seleção de material superior e estável, permitindo assim, a exploração e avaliação da estabilidade e adaptabilidade dos genótipos ao ambiente de cultivo.

1.4 Métodos de análise da interação G×E com base em modelos paramétricos e não paramétricos

Os métodos estatísticos possibilitam a estratificação do efeito genotípico (fator intrínseco), ambiental (fator extrínseco) e da interação G×E, o que permite

identificar o desempenho agronômico do genótipo, bem como sua estabilidade e adaptabilidade de modo a orientar os trabalhos de seleção e melhoramento. A escolha do método de análise dessa interação depende dos dados experimentais (balanceados ou não balanceados) e do objetivo do melhoramento (visando o próximo ciclo reprodutivo ou para selecionar indivíduos superiores para serem utilizados como nova cultivar). Os métodos estatísticos para estudo da interação G×E mais amplamente utilizados são descritos a seguir.

1.4.1 Métodos baseados em regressão linear

Um dos primeiros métodos utilizados no estudo da interação G×E é o proposto por Mooers (1921). Normalmente, este método antecede a análise de variância (ANOVA), e baseia-se na comparação do desempenho do genótipo ao um índice ambiental, estimado a partir da média geral do genótipo em vários ambientes. Posteriormente, Yates & Cochran (1938) introduziram a ideia da regressão linear para avaliar a estabilidade dos genótipos sobre o rendimento médio ambiental. Finlay e Wilkinson (1963) ampliaram a proposta da regressão linear considerando os coeficientes de regressão linear (β_i) como uma medida de estabilidade. Segundo esses autores, genótipos mais estáveis apresentam $\beta_i \cong 1$, enquanto genótipos com $\beta_i > 1$ e $\beta_i < 1$ possuem adaptabilidade para ambientes favoráveis e desfavoráveis, respectivamente.

A popularização do modelo de regressão ocorreu após a proposta de Eberhart e Russell (1966), que enfatizaram a necessidade de considerar o componente linear, dado pelo coeficiente de determinação da regressão (R^2) e os componentes não lineares, como desvio de regressão (S_{di}^2), e raiz quadrada do erro quadrático médio $RMSE$, descritos pelos modelos:

$$S_{di}^2 = \frac{\sum_{ij} Y_{ij} - s\bar{Y}_i + b_i \sum_j \bar{Y}_j}{s-2} - \frac{CME}{r},$$

$$R^2 = \frac{\sum_j (Y_{ij} - \bar{Y}_i)(\bar{Y}_j - \bar{Y}_{..})}{\sum_j (\bar{Y}_j - \bar{Y}_{..})^2} \quad \text{e} \quad RMSE = \sqrt{\frac{\sum_{i=1}^n (0_i - P_i)^2}{n}}.$$

Valores S_{di}^2 e $RMSE$ próximos de zero e R^2 próximo a 1, são típicos de genótipos estáveis, embora um genótipo ideal também precise apresentar alta performance agronômica. Mais tarde, Verma et al. (1978) propuseram a regressão bissegmentada, que prevê a estimativa de duas retas de regressão, uma abrangendo os ambientes desfavoráveis e a outra os ambientes favoráveis. A estabilidade e adaptabilidade média são representadas pelo parâmetro β_{0i} , enquanto a resposta linear aos

ambientes desfavoráveis por β_{1i} , e a resposta linear aos ambientes favoráveis por $\beta_{1i} + \beta_{2i}$. Se β_{1i} for baixo e $\beta_{1i} + \beta_{2i}$ for alto, isso significa que o genótipo não é afetado pela redução da qualidade ambiental, mas responsivo em condições ambientais mais favoráveis.

Apesar do uso generalizado, a regressão linear apresenta algumas limitações, sobretudo pelo fato de haver pontos extremos em razão do processo de estimação, o que geralmente não reflete a verdadeira relação entre a variação ambiental e a resposta genotípica, e ainda superestimar ou subestimar a adaptabilidade, levando a obtenção de estimativas pouco confiáveis.

1.4.2 Métodos baseados na análise de variância

Descrito inicialmente por Plaisted & Peterson (1959), os métodos baseados em ANOVA (análise de variância) consideram estáveis os genótipos que possuem a menor soma de quadrado médio entre ambientes, enquanto que a ANOVA entre os pares de genótipos estimam a contribuição de cada genótipo para a interação G×E. No método de Wricke (1962), o parâmetro denominado ecovalência (Wi) é descrito por $Wi = \sum_{k=1}^k (Y_{ij} - \underline{Y}_i - \underline{Y}_j + \underline{Y}.)^2$, onde: Y_{ij} é a média do genótipo i no ambiente j ; Y_i é a média do genótipo i em todos os ambientes; Y_j é a média do ambiente j para todos os genótipos e Y é a média geral. O índice Wi estima a contribuição de cada genótipo para a interação G×E, por meio da decomposição da soma dos quadrados da interação G×E, sendo que quanto mais próximo de zero, mais estável é a cultivar. A limitação do modelo está na falta de precisão na estimativa da estabilidade, pois a ausência de informações referente aos ambientes de teste e direcionamento da resposta dos cultivares frente à variação ambiental pode ser aplicado para poucos ambientes (CRUZ e REGAZZI, 1997).

Shukla (1972) modificou a ecovalência, a fim de dar uma estimativa imparcial da interação G×E, que ele chamou de "estabilidade de variação", ou seja, a soma da variação dentro (σ_0) e entre ambientes (σ_i) como o componente de variância de cada genótipo nos ambientes testados. O autor recomendou a remoção da heterogeneidade da interação G×E com base na covariância, de modo que a variância da estabilidade residual pode ser determinada para cada genótipo (S_i^2) e testada sua significância. Assim, as menores magnitudes de S_i^2 correspondem às maiores estabilidades.

Annicchiarico (1992) desenvolveu o índice de confiança a um nível α de confiança, de acordo com o desvio padrão entre as médias percentuais dos ambientes para quantificar a estabilidade e adaptabilidade do genótipo com base no modelo: $I_{ig} = \bar{Y}_{ig} - Z_{(1-\alpha)}(\sigma_{ig})$ para ambiente geral; $I_{if} = \bar{Y}_{if} - Z_{(1-\alpha)}(\sigma_{if})$ para ambientes favoráveis; e $I_{if} = \bar{Y}_{if} - Z_{(1-\alpha)}(\sigma_{if})$ para ambientes desfavoráveis.

Os métodos que utilizam a ANOVA têm algumas vantagens, dada a simplicidade da técnica em ajustar o modelo e estimar os efeitos de ambiente dentro de cada genótipo. Geralmente a ANOVA é recomendada quando se dispõe de dados balanceados com homogeneidade de variância. Por outro lado, possui limitações em explorar a interação G×E quando o número de genótipos/ambientes for alto, além de não ser tão informativo quanto às interações específicas com ambientes. Além disso, genótipos identificados pela ANOVA com mínima variação (estável) entre ambientes tendem a ser menos produtivos (CRUZ e REGAZZI, 1997).

1.4.3 Métodos baseados em análise multivariada

Entre as análises paramétricas, as técnicas multivariadas possuem capacidade de captar maior parte da interação G×E, e ainda ser mais flexível ao conjunto de dados e de fácil compreensão. Dentre as abordagens mais conhecidas, a técnica AMMI (*Additive Main Effects and Multiplicative Interaction*) combina as técnicas (ANOVA) e (PCA) (análises de componentes principais) em um único modelo assim como o GGE (*Genotype main effects plus Genotype x environment interaction effects*), que particiona os efeitos da estrutura da interação G×E em eixos de componentes principais interativos (IPCAs), embora este último método utilize o modelo de regressão de local que permite isolar os efeitos ambientais (YAN; HUNT, 2001). Ambos são largamente utilizados, para identificar padrão na análise da interação G×E.

Uma das bases dos métodos multivariados é a PCA que utiliza da técnica DVS (decomposição por valor singular) para reduzir em poucos vetores explicativos a interação multiplicativa da soma dos quadrados da interação G×E de uma matriz ($n \times m$), além de reduzir o resíduo associado a ruídos do modelo ($SQ_{G \times E}$), de forma a aumentar a precisão do modelo (GAUCH; ZOBEL, 1992, 2013; DUARTE; VENCOVSKY, 1999; MALOSETTI et al., 2013). A ideia é

considerar a interação G×E como termo multiplicativo (por ser mais realista com sentido biológico dos ensaios METs) e os outros efeitos aditivos (genótipos e ambientes).

O modelo AMMI é centrado no genótipo: $z_{ij} = \mu + \alpha_i + \tau_j + \sum_{k=1}^p \lambda_k \alpha_{ik} \tau_{jk} + \rho_{ij} \varepsilon_{ij}$; onde: z_{ij} é o rendimento médio do genótipo i (1, 2, ... n) no ambiente j (1,2,...n); μ é a média geral; α_i é o efeito principal de genótipo (linha); τ_j é o efeito principal de ambiente (coluna); λ_k é o valor singular para o eixo do componente principal da interação G×E (IPCA), de modo a explicar a interação dos dados; α_{ik} é o i -ésimo elemento do k -ésimo autovetor; τ_{jk} é o j -ésimo elemento do k -ésimo autovetor; ρ_{ij} resíduo, se nem todos os IPCA forem usados, onde $p \leq \min(g - 1; e - 1)$. ε_{ij} resíduo para o genótipo i no ambiente j que não é explicada pelo modelo. A análise AMMI, é utilizada tanto para a identificação de genótipos que apresentem alta produtividade, desejável nos programas de melhoramento genético, quanto a adaptabilidade e estabilidade do genótipo, importante para a recomendação de novas cultivar para ambientes específicos com base no zoneamento agrônômico.

Diferentemente do AMMI, o método GGE não separa o efeito de genótipo da interação G×E, dado o valor agregado G + G×E, e com isso é possível captar a variação genética total e não parte da interação G×E. Além disso, o GGE permite identificar o desempenho dos melhores genótipos e grupos heteróticos com possibilidade de uso de diferentes tipos de representação gráfica (biplots), a exemplo do Which-won-where, que permite a visualização de mega-ambientes (YAN, 2010). O modelo GGE é centrado no ambiente: $Y_{ij} = \mu + \alpha_i + \beta_j + \phi_{ij} + \varepsilon_{ij}$, onde: ϕ_{ij} é o efeito da interação entre o genótipo i (linha) pelo ambiente j (coluna), obtido por DVS (decomposição por valor singular), para entender o efeito de um fator na presença do outro; e ε_{ij} é o termo de erro do modelo.

O GGE permite avaliar a capacidade de discriminação dos genótipos e ainda representar os ambientes de teste (tendo como referência a coordenada média do ambiente - AEC), ao avaliar o ângulo, sentido e tamanho dos vetores. A distância entre o vetor do genótipo e sua projeção da AEC identifica a magnitude da estabilidade. Vetor longo é típico de genótipos/ambientes mais instáveis, com G×E significativa, enquanto ângulo $<90^\circ$ indica alta correlação entre genótipos/ambientes. A presença de genótipos/ambientes no mesmo setor demonstra interação positiva, o que permite explorar genótipos que possuem

adaptação ampla ou específica a determinados ambientes ou grupos de ambientes. Menor ângulo com a AEC denota ambientes representativos, enquanto ângulos maiores indicam ambientes mais discriminativos (YAN et al., 2016).

Tanto AMMI quanto GGE possuem capacidade de produzir biplots, ferramentas gráficas que permitem a visualização rápida e completa de padrões da interação $G \times E$, e definições de zonas agronômicas, que permitem identificar adaptações específicas entre genótipos e ambientes. Embora somente o GGE apresente capacidade discriminativa e representatividade de genótipos/ambientes, dada a propriedade matemática de produtos entre vetores (GAUCH; ZOBEL, 1992, 2013). No entanto, estes métodos requerem aditividade, homogeneidade de variância e independência de resíduos, para aumentar a precisão do modelo, além de aceitar apenas efeito fixo na estimativa dos componentes de variância, portanto carecem de modelo linear de efeito misto (LMM), importante para estudo da interação $G \times E$.

1.4.4 Métodos baseados em modelos mistos lineares

Para superar os fatores limitantes supracitados e ainda permitir que alguns efeitos do modelo sejam considerados aleatórios (genótipos / ambientes / interação $G \times E$), abordar heterogeneidade de variância, bem como covariância genotípica e residual, além de incorporar informações de parentesco por meio de matrizes de covariância de efeitos genéticos aleatórios foi proposto o modelo linear misto (HENDERSON, 1950; 1976; THOMPSON, 1973). Os modelos mistos permitem considerar erros correlacionados dentro de locais; a estabilidade e a adaptabilidade na seleção dos melhores genótipos; pode ser aplicado a qualquer número de ambientes; e ainda fornecer valores genéticos descontados sua instabilidade.

O modelo permite estimar a performance agronômica da característica em estudo, além da adaptabilidade e estabilidade (de valores genotípicos preditos) a partir de qualquer conjunto de dados. O procedimento *REML* (Restricted maximum likelihood), permite estimar e testar os componentes de variância com baixo viés, além de possibilitar a modelagem da interação $G \times E$ em termos de variância e covariância genética entre ambientes, e obter correlações

heterogêneas entre ambientes, que pode ser desejável ao analisar ambientes que diferem fortemente entre si. Além disso, são estimados os BLUP (*Best Linear Unbiased Prediction*), melhor preditor linear não viesado que estima o valor genotípico dos genótipos (RESENDE, 2007).

Três índices para quantificar a interação GxE desenvolvidos por Resende (2004) têm sido amplamente utilizados para estudo da interação GxE: i) média harmônica dos valores genotípicos (HMGV) descrito como $HMGV = E / \sum_{j=1}^E \frac{1}{Gv_{ij}}$, na qual Gv_{ij} é o valor genotípico (BLUP) para o i -ésimo genótipo no j -ésimo ambiente e E é o número de ambientes de teste. Os valores MHVG referem-se à escala (unidade) da variável analisada e quanto menor o desvio padrão, maior a média harmônica que o genótipo terá entre os ambientes; ii) o desempenho relativo dos valores genotípicos $RPGV = \frac{1}{E} \sum_{j=1}^E Gv_{ij} / \mu_j$, em que μ_j é a média geral para cada local j , que considera o valor da performance da característica no cálculo, e quantifica a adaptabilidade, pois o genótipo selecionado tende a responder às melhorias ambientais; iii) média harmônica do desempenho relativo dos valores genotípicos, para a seleção simultânea é dado por: $MHRPGV = \frac{1}{E} \sum_{j=1}^E \frac{1}{Gv_{ij} / \mu_j}$.

O índice WAASB (Weighted Average of Absolute Scores) proposto por Olivoto et al. (2019a), permite substituir os valores do IPCA1 pelos valores do WAASB e de forma flexível escolher se os efeitos (genótipos/ambientes) são aleatórios ou fixos, o que permite seleção simultânea para a estabilidade e performance. O modelo WAASB é determinado por $WAASB_i = \sum_{k=1}^p \frac{[IPCA_{ik} \times EP_k]}{\sum_{k=1}^p EP_k}$, em que $IPCA_{ik}$ é o escore do i -ésimo genótipo no k -ésimo eixo do componente principal da interação (IPCA); e EP_k é a variância explicada do k -ésimo IPCA para $k = 1, 2, \dots, p$, ao considerar $p = \min(g-1; e-1)$. O WAASB permite utilizar todos os componentes principais (PCs) na quantificação da variância genética dos dados, a fim de explorar a estabilidade e adaptabilidade dos genótipos, além de possibilitar a escolha dos pesos econômicos ao ponderar entre performance e estabilidade de acordo com o interesse do pesquisador. Essa técnica combina as características do modelo AMMI e BLUP, o que sugere maior confiabilidade e

eficiência para explorar a interação G×E, com possibilidade de expressar os resultados via biplot.

1.4.5 Métodos baseados em modelo misto multiplicativo de fator analítico (FAMM)

Modelos de componente de variância simples, muitas das vezes não respondem às complexidades das variações existentes na interação G×E. Por isso, alguns autores têm utilizado abordagens mais flexíveis via modelos mistos, a exemplo do fator analítico multiplicativo misto (FAMM) (PIEPHO, 1997, 1998; KELLY et al., 2007). SMITH et al., (2001b) apresentaram uma classe geral desta abordagem de modelos analíticos multiplicativos (FA) que estima a heterogeneidade da variância da interação G×E.

Algumas vantagens do modelo FA em comparação com outros modelos de análise de estabilidade são: i) permitir de forma parcimoniosa e flexível, estimar as variâncias e covariâncias existentes nos ensaios de G×E, com bom ajuste dos modelo; ii) possibilidade de inserir informações de parentesco por meio de matrizes de covariância de efeitos genéticos aleatórios; iii) estimativa dos coeficientes genotípicos e ambientais (cargas e escores fatoriais, respectivamente); iv) estimar o efeito dos genótipos correlacionados entre os ensaios com base nos BLUPs; v) verificar a presença de heterogeneidade de variância residuais de experimentos não ortogonais; vi) estimar a matriz de VCOV (matriz da variância e covariância genética) do tipo não estruturada, com poucos parâmetros de variância, mesmo para um número elevado de genótipos/ambientes; vii) combinar em um único modelo, regressão múltipla e análise de componentes principais; e viii) permitir alto ajuste da interação G×E mesmo com dados desbalanceados; viii) selecionar clones para ambientes não testados (SMITH et al., 2005; BERNARDO, 2020; OLIVEIRA et al., 2020).

O modelo FA, considera as variâncias e todas as possíveis covariâncias dos efeitos aleatórios entre os pares de ambientes, com base no modelo misto: $y = \mu \mathbf{1}_n + Xr + Z_1 b.r + Z_2 g + \epsilon_{jk}$; em que y é o vetor ($n \times 1$) de valores fenotípicos, n é o número de observações; μ é a média geral; r é o vetor ($j \times 1$) de efeitos fixos de j repetições; g é o vetor ($i \times 1$) dos efeitos aleatórios do i -ésimo genótipos, com $g \sim N(0, \sigma_g^2 I_i)$, em que σ_g^2 , é a variância genética total; $b.r$ é o

vetor ($\mathbf{jk} \times \mathbf{1}$) de efeitos aleatórios de bloco k dentro de j replicações, com $b.r \sim N(\mathbf{0}, \sigma_b^2 \mathbf{I}_{jk})$, em que σ_b^2 , é a variância de blocos; $\boldsymbol{\varepsilon}_{\mathbf{jk}}$ é o vetor de efeitos residuais, com $\boldsymbol{\varepsilon}_{\mathbf{jk}} \sim N(\mathbf{0}, \sigma_e^2 \mathbf{I}_n)$, em que σ_e^2 , é a variância residual; \mathbf{X} , \mathbf{Z}_1 e \mathbf{Z}_2 representam as matrizes de incidência para seus respectivos efeitos de repetições, genótipos e blocos dentro das repetições; $\mathbf{1}_n$ é um vetor de uns, e \mathbf{I}_i , \mathbf{I}_{ij} , \mathbf{I}_n são matrizes identidades com suas ordens correspondentes.

As correlações entre os genótipos e ambientes (ρ_{ll}), via modelo (FA) são estimadas utilizando os termos da matriz Z , de acordo com: $\rho_{ll} = COV_{ll} \sqrt{\sigma_{ll}^2 \sigma_{ll}^2}$, onde COV_{ll} é a covariância genética entre os ensaios l e l ; σ_{ll}^2 e σ_{ll}^2 são as variâncias genéticas dos ensaios l e l , respectivamente. Portanto, a utilização do FA para obtenção das matrizes de correlação genética entre os pares de ambientes possibilita explorar a estabilidade e adaptabilidade produtiva dos genótipos, associado a gráficos de regressão latente e mapas de calor para melhor compreender a interação G×E (SMITH et al., 2001b; THOMPSON et al., 2003; KELLY et al., 2007; CULLIS et al., 2010, 2014; SMITH et al., 2015).

Além de todas as vantagens supracitadas, o modelo se destaca ainda por permitir explicar a interação G×E por meio de covariáveis ambientais (condições edafoclimáticas), cujas estimativas podem ser usadas para calcular índices (com independência da variável resposta), que correlacionam aspectos fisiológicos do genótipo com os dados climáticos usados como covariável na análise de ensaios METs, estabelecendo uma associação destes com as cargas ambientais (SAE-LIM et al., 2014). Assim, a precipitação, temperatura, radiação solar, altitude, umidade relativa, dentre outros, podem inferir no desempenho agrônômico do genótipo, e neste caso a correlação entre essas variáveis ambientais e as cargas ambientais, possibilitam dar um sentido biológico as variáveis latentes (que são fenômenos não diretamente observáveis), como as cargas ambientais e escores genotípicos, para explicar e mensurar a variação genética dos ensaios METs (CULLIS et al., 2014; CHEN et al., 2017; OLIVEIRA et al., 2020). Portanto há fortes evidências que o modelo FA nos ensaios METs, possui uma ampla vantagem em relação aos métodos simples de análises de interação G×E e padrões de estabilidade de rendimento (SMITH et al., 2015).

1.4.6 Estatísticas não paramétricas

A escolha de um método de análise da interação G×E depende dos dados experimentais disponíveis e ainda é preciso considerar que algumas metodologias são alternativas enquanto outras são complementares, podendo ser utilizadas conjuntamente. Os modelos não paramétricos possuem algumas vantagens, como em situações com presença de outliers, cuja distribuição dos dados não atenda às pressuposições de normalidade, pelo fato de utilizar a classificação dos genótipos entre os ambientes (HUEHN, 1990). Nassar e Huehn (1987) desenvolveram quatro abordagens não paramétricas de estabilidade fenotípica, sendo: i) $Si^1 = 2 \sum_j^{n-1} \frac{\sum_{j=j+1}^n |rij - rij'|}{[n(n-1)]}$, sendo a média das diferenças absolutas de classificação de um genótipo em n ambientes, enquanto em ii) $Si^2 = \frac{\sum_{j=j+1}^n [rij - rij']^2}{[n(n-1)]}$ a variância entre os ranks dos genótipos nos n ambientes, iii) $Si^3 = \frac{\sum_{j=j+1}^n [rij - rij']^2}{[n_i]}$ descreve à soma dos desvios absolutos, e iv) $Si^6 = \sum_{j=1}^n \left| \frac{rij - ri.}{ri.} \right|$ é a soma dos quadrados dos ranks para cada genótipo em relação à média dos ranks. Por outro lado, Fox et al. (1990) trouxeram a medida de superioridade dos genótipos, que sugere ampla adaptação, por meio de três índices, sendo, TOP, quando o genótipo for classificado no terço superior entre os n ambientes, enquanto o índice MID no terço médio e LOW no terço inferior.

Lin e Binns (1988) descreveram a medida de superioridade do genótipo como uma alternativa entre os métodos onde: $P_i = \sum_{j=1}^n (X_{ij} - Y_j)^2 / (2n)$, em que X_{ij} é a produtividade do i -ésimo genótipo no j -ésimo ambiente, e Y_j é a resposta máxima obtida entre todos os genótipos no j -ésimo ambiente, e n é o número de ambientes. Essa equação pode ser desdobrada em: $P_i = n(\dot{X}_i - \bar{Y})^2 + \sum_{j=1}^n (X_{ij} - \dot{X}_i - Y_j + \bar{Y})^2 / (2n)$; Onde: $\dot{X}_i = \sum_{j=1}^n X_{ij} / n$ e $\bar{Y} = \sum_{j=1}^n Y_j / n$, \dot{X}_i é a média das produtividades dos genótipos nos n ambientes; \bar{Y} é a média das respostas máximas de todos os genótipos em todos os ambientes.

Assim, o primeiro termo do modelo indica a soma dos quadrados (SS) para o efeito genético (G), enquanto, o segundo termo a SS para o efeito da interação G×E entre dois genótipos. Portanto, sendo descrito como o quadrado médio da distância entre a resposta do genótipo (desvio) e a média da resposta máxima (melhor genótipo), calculado para todos os ambientes. Posteriormente, esse

conceito por estendido para ambientes favoráveis e desfavoráveis (CARNEIRO, 1998).

1.4.7 Índices de seleção baseados em seleção simultânea para performance agrônômica e estabilidade

O índice MTMPS baseado no conceito do índice de estabilidade multi-características (MTSI) utiliza métodos de estabilidade convencionais paramétricos e não paramétricos amplamente utilizados na literatura (OLIVOTO et al., 2019b, 2022). Esta abordagem utiliza do conceito genótipo-ideótipo (distância euclidiana), levando-se em consideração a seleção dos genótipos com rendimento máximo para todas as características. Por meio da análise fatorial exploratória em três etapas: i) primeiro obtém-se a matriz de correlação entre as características, ii) em seguida a análise de componentes principais para explicar a variação genética dos dados iii) e por fim utiliza-se da técnica de rotação varimax para obtenção das estimativas das cargas fatoriais usadas para calcular os escores dos genótipos (KAISER, 1958; OLIVOTO et al., 2017; 2021).

De acordo com a intensidade de seleção aplicada, é possível selecionar genótipos que possuam as características de interesse agrônômico (sobretudo produtividade e qualidade de raízes), que apresentem estabilidade de acordo ao método selecionado e o sentido da seleção indicada pelo melhorista. Além disso, o índice MTMPS indica os pontos fortes e fracos de cada genótipo, ou seja, quais características mais contribuíram para que o genótipo fosse selecionado.

Outros índices alternativos para a seleção simultânea foram propostos por Farshadfar et al. (2008) e Tumuhimbise et al. (2014) que são: índice de estabilidade de genótipo (*GSI*), com o modelo: $GSI = RIPC A_i + RY_i$; onde a classificação do genótipo combina o rendimento do *i*-ésimo genótipo com base em todos os locais e a estabilidade do IPCA1 do *i*-ésimo genótipo do AMMI. Enquanto o índice de estabilidade de rendimento (*YSI*) com o modelo: $YSI = RASV + RY$, que classifica o genótipo de acordo com a estabilidade AMMI (isto é, o ASV que tem o modelo: $ASV = \sqrt{\left[\frac{IPCA1}{IPCA2} \times (IPCA1score)\right]^2 + (IPCA2score)^2}$, descrito por Purchase et al., 2000), e o seu rendimento entre os ambientes. Tanto o YSI quanto o GSI são baseados na soma do ranking da performance agrônômica; portanto, são indicados para recomendar genótipos para performance e

estabilidade. Por outro lado, possuem limitações, pois o rendimento é altamente influenciado pelo ambiente, assim o índice pode conter influência ambiental na sua classificação, além de não ter a opção da escolha de pesos econômicos, essencial para atender o sentido de seleção no programa de melhoramento.

Como o índice MTPMS contorna os problemas de multicolinearidade, possui abordagem multivariada, com escolha de pesos econômicos e seleção para multi-características, este índice tem sido uma ótima alternativa para recomendação de genótipos nos programas de melhoramento genético. Diante destas considerações, os objetivos deste trabalho foram: i) compreender o fenômeno da interação G×E no programa de melhoramento de mandioca; ii) selecionar genótipos que apresentem desempenho produtivo desejável, com alto grau de estabilidade e adaptabilidade por meio de ensaios em multi-ambientes; iii) comparação de modelos estatísticos com interpretações analíticas distintas e abrangentes para otimizar e aumentar a eficiência de seleção do programa de melhoramento genético de mandioca na recomendação de variedades melhoradas que atendam as demandas da indústria; iv) aplicar os índices *MPS* e *MTMPS* para identificar um conjunto de genótipos com alta estabilidade e/ou performance agrônômica, assim como genótipos que apresentem multi-características desejáveis associadas com alta estabilidade, simultaneamente; v) explorar a interação G×E em dados históricos do programa de melhoramento, com ênfase em adaptabilidade e estabilidade dos genótipos pelo modelo FA; vi) identificar as covariáveis ambientais que mais explicam a interação G×E.

2.REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

AKINPELU, A.O.; AMAMGBO, L.E.F.; OLOJEDE, A.O.; OYEKALE, A.S. Health implications of cassava production and consumption. **Journal of Agriculture and Social Research**, v.11, n.1, p.118-125, 2011.

ALLARD, R.W.; BRADSHAW, A.D. Implications of genotype x environmental interactions in applied plant breeding. **Crop Science**v.4, n.5, p.503-508, 1964. <https://doi.org/10.2135/cropsci1964.0011183X000400050021x>

ALLEM A.C. The origins and taxonomy of cassava. In: HILLOCKS, R. J.; THRESH, J.M.; BELLOTTI, A. (Eds) Cassava: **Biology, Production and Utilization**. CABI, Wallingford, v.1, p.16, 2002. <http://dx.doi.org/10.1079/9780851995243.0001>

ALWALA, S., KWOLEK, T., MCPHERSON, M., PELLOW, J. AND MEYER, D.A. comprehensive comparison between Eberhart and Russel joint regression and GGE biplot analyses to identify stable and high yielding maize hybrids. **Field Crops Research**, v.119, p225-230. 2010. <https://doi.org/10.1016/j.fcr.2010.07.010>

ANDRADE, L.R.B.; SOUSA, M.B.; OLIVEIRA, E.J.; RESENDE, M.D.V.; AZEVEDO, C.F. Cassava yield traits predicted by genomic selection methods. **Plos One**, v.14, n.11, 2019. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0224920>

ANNICCHIARICO, P. Cultivar adaptation and recommendation from alfalfa trials in Northern Italy. **Journal of Genetics and Plant Breeding**, v.46, p.269-278, 1992.

BECKER, H.C.; LEON, J. Stability analysis in plant breeding. **Plant breeding**, v.101, n.1, p.1-23, 1988. <https://doi.org/10.1111/j.1439-0523.1988.tb00261.x>

BORNHOFEN, E.; BENIN, G.; STORCK, L.; WOYANN, L.G.; DUARTE, T.; STOCO, M.G.; MARCHIORO, S.V. Statistical methods to study adaptability and stability of wheat genotypes. **Bragantia**, v.76, p.1-10, 2017. <http://dx.doi.org/10.1590/1678-4499.557>

BOSE, L.K.; JAMBHULKAR, N.N.; PANDE, K.; SINGH, N.O. Use of AMMI and other stability statistics in the simultaneous selection of rice genotypes for yield and stability under direct-seeded conditions. **Chilean Journal of Agricultural research**, v.74, n.1, p.1-9, 2014. <http://dx.doi.org/10.4067/S0718-58392014000100001>

CARDOSO, A.D.; VIANA, A.E.S.; BARBOSA, R.P.; TEIXEIRA, P.R.G.; CARDOSO JÚNIOR, N.D.S.; FOGAÇA, J.J.N.L. Levantamento fitossociológico de plantas daninhas na cultura da mandioca em Vitória da Conquista, Bahia. **Bioscience Journal**, v.29, n.5, p.1130-1140, 2013.

CARNEIRO, P.C.S. Novas metodologias de análises da adaptabilidade e estabilidade de comportamento. **Universidade Federal de Viçosa**, 1998.

CEBALLOS, H.; HERSHEY, C.; IGLESIAS, C.; ZHANG, X. Fifty years of a public cassava breeding program: evolution of breeding objectives, methods, and decision-making processes. **Theoretical and Applied Genetics**, v.134, p.2335-2353, 2021. <https://doi.org/10.1007/s00122-021-03852-9>

CEBALLOS, H.; IGLESIAS, C.A.; PÉREZ, J.C.; DIXON, A.G.O. Cassava breeding: opportunities and challenges. **Plant Molecular Biology**, v.56, n.4, p.503-516, 2004. <https://doi.org/10.1007/s11103-004-5010-5>

CEBALLOS, H.; IGLESIAS, C.A.; PÉREZ, J.C.; DIXON, A.G.O. Cassava breeding: opportunities and challenges. **Plant Molecular Biology**, v.56, n.4, p.503-516, 2004. <https://doi.org/10.1007/s11103-004-5010-5>

CEBALLOS, H.; KAWUKI, R.S.; GRACEN, V. E.; YENCHO, G.C.; HERSHEY, C. H. Conventional breeding, marker assisted selection, genomic selection and inbreeding in clonally propagated crops: a case study for cassava. **Theoretical Applied Genetics**, v.128, p.1647-1667, 2015. <https://doi.org/10.1007/s00122-015-2555-4>

CEBALLOS, H.; LUNA J, ESCOBAR A. F.; ORTIZ D.; PÉREZ J. C.; SÁNCHEZ T.; PACHÓN H.; DUFOUR D.; Spatial distribution of dry matter in yellow fleshed cassava roots and its influence on carotenoid retention upon boiling. **Food Research International**, v.45, n.1, p.52-59, 2012. <https://doi.org/10.1016/j.foodres.2011.10.001>

CEBALLOS, H.; PÉREZ, J.C.; JOAQUI BARANDICA, O.; LENIS, J.I.; MORANTE, N.; CALLE, F.; HERSHEY, C. H. Cassava breeding I: the value of breeding value. **Frontiers in Plant Science**, v.7, p.1227, 2016. [https://doi:10.3389/fpls.2016.01227](https://doi.org/10.3389/fpls.2016.01227)

CEBALLOS, H.; ROJANARIDPICHED, C.; PHUMICHAJ, C.; BECERRA, L.A.; KITTIPADAKUL, P.; IGLESIAS, C.; GRACEN, V.E. Excellence in cassava

breeding: perspectives for the future. **Crop Breeding, Genetics and Genomics**, v.2, n.2, p.1-31, 2020. <https://doi.org/10.20900/cbgg20200008>

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

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

CULLIS, B.; JEFFERSON, P.; THOMPSON, R.; SMITH, A.B. Factor analytic and reduced animal models for the investigation of additive genotype-by-environment interaction in outcrossing plant species with application to a *Pinus radiata* breeding program. **Theoretical and Applied Genetics**, v.127, p.2193-2210, 2014. <https://doi:10.1007/s00122-014-2373-0>

CULLIS, B.; JEFFERSON, P.; THOMPSON, R.; SMITH, A.B. Factor analytic and reduced animal models for the investigation of additive genotype-by-environment interaction in outcrossing plant species with application to a *Pinus radiata* breeding program. **Theoretical and Applied Genetics**, v.127, p.2193-2210, 2014. <https://doi:10.1007/s00122-014-2373-0>

CULLIS, B.R.; SMITH, A.B.; BEECK, C.P.; COWLING, W.A. Analysis of yield and oil from a series of canola breeding trials. Part II. Exploring variety by environment interaction using factor analysis. **Genome**, v.53, n.11, p.1002-1016, 2010. <https://doi.org/10.1139/G10-080>

CULLIS, B.R.; SMITH, A.B.; BEECK, C.P.; COWLING, W.A. Analysis of yield and oil from a series of canola breeding trials. Part II. Exploring variety by environment interaction using factor analysis. **Genome**, v.53, n.11, p.1002-1016, 2010. <https://doi.org/10.1139/G10-080>

DE FIGUEIREDO, A.G.; VON PINHO, R.G.; SILVA, H.D.; BALESTRE, M. Application of mixed models for evaluating stability and adaptability of maize using unbalanced data. **Euphytica**, v.202, p.393-409, 2015. <https://doi.org/10.1007/s10681-014-1301-3>

DUARTE, J.B.; VENCOVSKY, R. “**Interação genótipos x ambientes: uma introdução à análise AMMI**”. Série Monografias. Sociedade Brasileira de Genética, n.9, p.60, 1999.

EBERHART, S.A.; RUSSELL, W.A. Stability parameters for comparing varieties. **Crop Science**, v.6, p.36-40, 1966. <https://doi.org/10.2135/cropsci1966.0011183X000600010011x>

EGESI, C.N.; ILONA, P.; OGBE, F.O.; AKORODA, M.; DIXON, A. Genetic variation and genotypex environment interaction for yield and other agronomic traits in cassava in Nigeria. **Agronomy Journal**, v.99, n.4, p.1137-1142, 2007. <https://doi.org/10.2134/agronj2006.0291>

EL-SHARKAWY, M.A. Physiological characteristics of cassava tolerance to prolonged drought in the tropics: Implications for breeding cultivars adapted to seasonally dry and semiarid environments. **Brazilian Journal of Plant Physiology**, v.19, n.4, p.257-286, 2007. <https://doi.org/10.1590/S1677-04202007000400003>.

EL-SHARKAWY, M.A. Stress-tolerant cassava: the role of integrative ecophysiology-breeding research in crop improvement. **Open Journal of Soil Science**, v.2, n.2, p.162-186, 2012. <http://dx.doi.org/10.4236/ojss.2012.22022>

FAOSTAT, 2020. Production; Cassava; all Countries. **Food and Agriculture Organization of the United Nations**. Disponível em: http://www.fao.org/faostat/en/#rankings/countries_by_commodity

FARSHADFAR, E. Incorporation of AMMI stability value and grain yield in a single non-parametric index (GSI) in bread wheat. **Pakistan Journal of biological sciences**, v.11, n.14, p.1791, 2008. <https://doi.org/10.3923/pjbs.2008.1791.1796>

FARSHADFAR, E.; FARSHADFAR, M.; SUTKA, J. Combining ability analysis of drought tolerance in wheat over different water regimes. **Acta Agronomica Hungarica**, v.48, n.4, p.353-361, 2001. <http://dx.doi.org/10.1556/AAgr.48.2000.4.5>

FINLAY K.W.; WILKINSON, G.N. The analysis of adaptation in a plant-breeding programme. **Australian journal of agricultural research**, v.14, n.6, p.742-754, 1963. <https://doi.org/10.1071/AR9630742>

FLORES, F.; MORENO, M.T.; CUBERO, J.I.A comparison of univariate and multivariate methods to analyze Gx E interaction. **Field crops research**, v.56, n.3, p.271-286, 1998. [https://doi.org/10.1016/S0378-4290\(97\)00095-6](https://doi.org/10.1016/S0378-4290(97)00095-6)

FOX, P.N.; SKOVMAND, B.; THOMPSON, G.K.; BRAUUN, H.J.; CORMIER, R. Yield and adaptation of hexaploid spring triticale. **Euphytica**, v.47, p.57-64, 1990. <https://doi.org/10.1007/BF00040364>

GAUCH, H.G. Statistical analysis of regional yield trial: AMMI analysis of factorial designs. **Elsevier Science Publishers**, v.51, n.2, p.242-244, 1992.

GAUCH, H.G.; ZOBEL, R.W. AMMI analysis of yield trials. In: KANG, M.S.; GAUCH JÚNIOR, H.G. (Ed.). Genotype-by-environment proved and under what conditions this can be most environment interaction. Boca Raton: **CRC Press**, p.85-122, 1996. <http://dx.doi.org/10.1201/9781420049374.ch4>

GAUCH, H.G.A simple protocol for AMMI analysis of yield trials. **Crop Science**, v.53, n.5, p.1860-1869, 2013. <https://doi.org/10.2135/cropsci2013.04.0241>

HENDERSON, C, R. Estimation of genetic parameters. **Annals Mathematical Statistics**, v.21, p.309-3010, 1950.

HENDERSON, C.R. A simple method for computing the inverse of a numerator relationship matrix used in prediction of breeding values. **Biometrics**, v.32, n.1, p.69-83, 1976. <https://doi.org/10.2307/2529339>

HONGYU, K.; GARCIA-PEÑA, M.; ARAÚJO, L.B.; DIAS, C.T.S. Statistical analysis of yield trials by AMMI analysis of genotype x environment interaction. **Biometrical Letters**, Poznan, v.51, p.89-102, 2014. <http://dx.doi.org/10.2478/bile-2014-0007>

HUEHN M. Non-parametric measures of phenotypic stability: part 1. Theory. **Euphytica**, v.47, p.189-194, 1990. <https://doi.org/10.1007/BF00024241>

[IBGE] **Instituto Brasileiro de Geografia e Estatística**. (2021). Dados de previsão de safra, Levantamento Sistemático da Produção Agrícola: mandioca. Acesso Fevereiro de 2022. <https://sidra.ibge.gov.br/home/pnadcm>

LIN, C.S.; BINNS, M.R. A superiority measure of cultivar performance for cultivar x location data. **Canadian Journal of Plant Science**, v.68, p.193-198, 1988. <https://doi.org/10.4141/cjps88-018>

MALOSETTI, M.; RIBAUT, J.M.; VAN EEUWIJK, F.A. The statistical analysis of multi-environment data: modeling genotype-by-environment interaction and its genetic basis. **Frontiers in Physiology**, v.4, n.44, p.17, 2013. <https://doi.org/10.3389/fphys.2013.00044>

MOOERS, C.A. The agronomic placement of varieties. **Agronomy Journal**, v.13, p.337-352, 1921. <https://doi.org/10.2134/agronj1921.00021962001300090002x>

NASSAR R.; HUEHN, M. Studies on estimation of phenotypic stability: tests of significance for non- parametric measures of phenotypic stability. **Biometrics**, v.43, n.1, p.45–53, 1987. <https://doi.org/10.2307/2531947>

NJOKU, N.D.; GRACEN, E.V.; OFFEI, K.S.; ASANTE, K.I.; EGESI, N.C.; KULAKOW, P.; CABALLOS, H. Parent-offspring regression analysis for total carotenoids and some agronomic traits in cassava. **Euphytica**, v.206, n.3, p.657-666, 2015. <https://doi.org/10.1007/s10681-015-1482-4>

OKOGBENIN, E.; SETTER, T.L.; FERGUSON, M.; MUTEGI, R.; CEBALLOS, H.; OLASANMI, B.; FREGENE, M. Phenotypic approaches to drought in cassava. **Frontiers in physiology**, v.4, n.93, 2013. <https://doi.org/10.3389/fphys.2013.00093>

OLIVEIRA, E.J.; RESENDE, M.D.V.; SANTOS, V.S.; FERREIRA, C.F.; OLIVEIRA, G.A.F.; SILVA, M.S.; OLIVEIRA, L.A.; AGUILAR-VILDOSO, C.I. Genome-wide

selection in cassava. **Euphytica**, v.187, p.263-276, 2012. <https://doi.org/10.1007/s10681-012-0722-0>

OLIVEIRA, I.C.M.; GUILHEN, J.H.S.; RIBEIRO, P.C. DE O.; GEZAN, S.A.; SCHAFFERT, R.E.; SIMEONE, M.L.F.; DAMASCENO, C.M.B.; CARNEIRO, J.E. DE S.; CARNEIRO, P.C.S.; PARRELLA, R.A. DA C.; PASTINA, M.M. Genotype-by-environment interaction and yield stability analysis of biomass sorghum hybrids using factor analytic models and environmental covariates. **Field Crops Research**, v.257, 2020. <https://doi.org/10.1016/j.fcr.2020.107929>

OLIVOTO, T.; LÚCIO, A.D.C., DA SILVA, J.A.G., MARCHIORO, V.S., DE SOUZA, V.Q.; JOST, E. Mean performance and stability in multi-environment trials I: Combining features of AMMI and BLUP techniques. **Agronomy Journal**, v.111, p.2949-2960, 2019a. <https://doi.org/10.2134/agronj2019.03.0220>

OLIVOTO, T.; LÚCIO, A.D.C.; DA SILVA, J.A.G.; SARI, B.G.; DIEHL, M.I. Mean performance and stability in multi-environment trials II: Selection based on multiple traits. **Agronomy Journal**, v.111, p.2961-2969, 2019b. <https://doi.org/10.2134/agronj2019.03.0221>

OLIVOTO, T.; SOUZA, Q.S.; NARDINO, M.; CARVALHO, R.I.; FERRARI, M.; PELEGRIN, DE J.A.; SZARESKEI, J.V.; SCHMIDT, D. Multicollinearity in path analysis: a simple method to reduce its effects. **Agronomy Journal**, v.109, n.1, p.131-142, 2017. <https://doi.org/10.2134/agronj2016.04.0196>

OLSEN, K.M. SNPs, SSRs and inferences on cassava's origin. **Plant Molecular Biology**, v.56, n.4, p.517-526, 2004. <https://doi.org/10.1007/s11103-004-5043-9>

PLAISTED, R.L.; PETERSON, L.C. A technique for evaluating the ability of selections to yield consistently in different locations or seasons. **American Potato Journal**, v.36, n.11, p.381-385, 1959. <https://doi.org/10.1007/BF02852735>

PURCHASE, J.; HATTING, H.; VAN DEVENTER, C. Genotype × environment interaction of winter wheat (*Triticum aestivum* L.) in South Africa: II. Stability analysis of yield performance. **South African Journal of Plant and Soil**, v.17, n.3, p.101-107, 2000. <https://doi.org/10.1080/02571862.2000.10634878>

RESENDE M.D.V Métodos estatísticos ótimos na análise de experimentos de campo no melhoramento de plantas. Colombo: **Embrapa Florestas**, n.100, p.57, 2004.

SAE-LIM, P.; KOMEN, H.; KAUSE, A.; MULDER, H.A. Identifying environmental variables explaining genotype-by-environment interaction for body weight of Rainbow trout (*Onchorynchus mykiss*): reaction norm and factor analytic models. **Genetics Selection Evolution**, v.46, n.16, p.11, 2014. <https://doi.org/10.1186/1297-9686-46-16>

SHUKLA, G.K. Some statistical aspects of partitioning genotype-environmental components of variability. **Heredity**, v.29, n.2, p.237-245, 1972. <https://doi.org/10.1038/hdy.1972.87>

SMITH, A.; CULLIS, B.R.; THOMPSON, R. Analyzing variety by environment data using multiplicative mixed models and adjustment for spatial field trend. **Biometrics**, v.57, n.4, p.1138-1147, 2001b. <https://doi:10.1111/j.0006-341X.2001.01138.x>

SMITH, A.B.; CULLIS, B.R. Plant breeding selection tools built on factor analytic mixed models for multi-environment trial data. **Euphytica**, v.214, n.143, p.10, 2018. <https://doi.org/10.1007/s10681-018-2220-5>

SMITH, A.B.; CULLIS, B.R.; THOMPSON, R. The analysis of crop cultivar breeding and evaluation trials: An overview of current mixed model approaches. **Journal of Agricultural Science**, v.143, n.06, p.449-462, 2005. <https://doi.org/10.1017/S0021859605005587>

SMITH, A.B.; GANESALINGAM, A.; KUCHEL, H.; CULLIS, B.R. Factor analytic mixed models for the provision of grower information from national crop variety testing programs. **Theoretical and Applied Genetics**, v.128, n.1, p.55-72, 2015. <https://doi:10.1007/s00122-014-2412-x>

STAPLETON, G. Global starch market outlook and competing starch raw materials for by product segment and region. Pricing outlook and cassava growth

potential. **Cassava Starch World 2010**. Centre for Management Technology (CMT), Phnom Penh, 2012.

TUMUHIMBISE, R.; MELIS, R.; SHANAHAN, P.; KAWUKI, R. Genotype × environment interaction effects on early fresh storage root yield and related traits in cassava. **The Crop Journal**, v.2, n.5, p.329-337, 2014. <https://doi.org/10.1016/j.cj.2014.04.008>

VAN EEUWIJK, F.A.; BUSTOS-KORTS, D.V.; MALOSETTI, M. What should students in plant breeding know about the statistical aspects of genotype × environment interactions? **Crop Science**, v.56, n.5, p.2119-2140, 2016. <https://doi.org/10.2135/cropsci2015.06.0375>

VERMA, M.M.; CHAHAL, G.S.; MURTY, B.R. Limitations of conventional regression analysis a proposed modification. **Theoretical and Applied Genetics**, v.53, n.2, p.89-91, 1978. <https://doi.org/10.1007/BF00817837>

VILPOUX, F.O. Competitividade da mandioca no Brasil, como matéria-prima para amido. **Informações Econômicas**, v.38, p. 27-38, 2008.

WOLFE M.D.; KULAKOW, P.; RABBI, I.Y.; JANNINK, J.L. Marker-Based Estimates reveal significant non-additive effects in clonally propagated cassava (*Manihot esculenta*) implications for the prediction of total genetic value and the selection of varieties. **G3 (Bethesda)**, v.6, n.11, p.3497-3506, 2016. <https://doi.org/10.1534/g3.116.033332>

WOLFE, M.D.; DEL CARPIO, D.P.; ALABI, O.; EZENWAKA, L.C.; IKEOGU, U.N.; KAYONDO, I.S.; JANNINK, J.L. Prospects for genomic selection in cassava breeding. **The Plant Genome**, v.10, n.3, 2017. <https://doi.org/10.3835/plantgenome2017.03.0015>

WRICKE, G. Über eine Methode zur Erfassung derökologischen Streubreite in Feldversuchen. **Pflanzenzüchtung**, v.47, n.1, p.92-96, 1962.

YAN W. Analysis and handling of G× E in a practical breeding program. **Crop science**, v.56, n.5, p.2106-2118, 2016.
<https://doi.org/10.2135/cropsci2015.06.0336>

YAN, W., KANG, M.S. GGE Biplot Analysis: A graphical tool for breeders, geneticists, and agronomists. **CRC Press**, p.288, 2003.
<https://doi.org/10.1201/9781420040371>

YAN, W.; HOLLAND, J.B. A heritability-adjusted GGE biplot for test environment evaluation. **Euphytica**, v.171, n.3, p.355-369, 2010.
<https://doi.org/10.1007/s10681-009-0030-5>

YAN, W.; HUNT, L.A. Interpretation of genotypex environment interaction for winter wheat yield in Ontario. **Crop Science**, v.41, n.1, p.19–25, 2001.
<https://doi.org/10.2135/cropsci2001.41119x>

YATES, F.; COCHRAN, W.G. The analysis of groups of experiments. **The Journal of Agricultural Science**, v.28, n.4, p.556-580, 1938.
<https://doi.org/10.1017/S0021859600050978>

Capítulo 1

ESTABILIDADE E PARÂMETROS GENÉTICOS PARA ATRIBUTOS PRODUTIVOS EM MANDIOCA NA REGIÃO TROPICAL ÚMIDA DO NORDESTE BRASILEIRO¹

¹Artigo a ser ajustado para posterior submissão ao Comitê Editorial do periódico científico PLOS ONE, em versão na língua inglesa.

ESTABILIDADE E PARÂMETROS GENÉTICOS PARA ATRIBUTOS PRODUTIVOS EM MANDIOCA NA REGIÃO TROPICAL ÚMIDA DO NORDESTE BRASILEIRO

Autor: MSc. Juraci Souza Sampaio Filho

Orientador: Dr. Eder Jorge de Oliveira

Resumo: A ocorrência da interação genótipo por ambiente (G×E) faz com que haja desempenho diferenciado dos genótipos de mandioca e, por conseguinte, resposta à seleção significativamente inferior àquela esperada. Este trabalho objetivou estimar parâmetros genéticos e avaliar diferentes métodos paramétricos e não paramétricos de estabilidade (AMMI, GGE e WAASB) para quantificar a interação G×E em ensaios multi-ambientes. Doze genótipos foram avaliados em 12 ambientes em delineamento em blocos completos ao acaso, com três repetições para as características produtividade de raízes (PTR) e teor de matéria seca (DMC). Os dados foram submetidos à análise de variância conjunta e teste Scott Knott ($p < 0.05$). A soma de quadrados (SQ) dos efeitos de genótipos, ambiente e G×E foram distribuídos de forma equivalente para PTR, enquanto que para DMC estes efeitos foram responsáveis por 64.1, 21.9 e 13.8% da SQ, respectivamente, mostrando menor efeito ambiental para essa característica. Os métodos AMMI, GGE, WAASB permitiram a identificação de genótipos com alta performance agrônômica e estabilidade para PTR (BR11-34-41 e BR11-34-69) ($>32 \text{ t ha}^{-1}$) e DMC (BRS Novo Horizonte, BR12-107-002 e BR11-24-156) ($>37\%$), cuja herdabilidade no sentido amplo (h^2) foi de 0.45 e 0.75, respectivamente. Cerca de 72% dos métodos identificaram a BRS Novo Horizonte como aquele de maior estabilidade e performance para DMC, enquanto 47% os genótipos BR11-34-41 e BR11-34-69 para PTR e teores intermediários de DMC. O genótipo BR11-24-156 apresentou alta estabilidade estática para 50% dos métodos. Correlações altamente significativas entre os métodos de estabilidade e performance agrônômica foram observadas, com a formação de grupos de acordo com o conceito de estabilidade. Também foi possível definir dois mega-ambientes para PTR e um com padrões similares para DMC, o que indica interação G×E nula.

Palavras chave: Análise Multivariada, correlação de postos, multi-ambientes, interação genótipo por ambiente (G×E).

STABILITY OF GENETIC PARAMETERS FOR PRODUCTION ATTRIBUTES IN CASSAVA IN THE TROPICAL HUMID REGION OF THE BRAZILIAN NORTHEAST

Author: MSc. Juraci Souza Sampaio Filho

Advisor: Dr. Eder Jorge de Oliveira

Abstract: The genotype vs. environment interactions (G×E) promote performance differences in cassava genotypes and therefore, responses significantly lower than those expected for selection. This study had the objective to evaluate different parametric and non-parametric statistical methods for stability (AMMI, GGE and WAASB) in order to quantify the G×E interaction in multi-environmental trials. Twelve genotypes were evaluated in 12 environments under completely randomized block design, with three replicates for traits such as fresh root yield (FRY) and dry matter content in the roots (DMC). Data were processed through analysis of variance and Scott Knott test ($p < 0.05$). The sum of squares (SQ) of genotypes, environment and G×E effects, were distributed equally for FRY, while for DMC these effects were responsible for 64.1, 21.9 and 13.8% of the SQ, respectively, showing lower environmental effect for such characteristic. AMMI, GGE and WAASB methods allowed to identify genotypes with high agricultural performance and stability for FRY (BR11-34-41 and BR11-34-69) ($> 32 \text{ t ha}^{-1}$) and DMC (BRS Novo Horizonte, BR12-107-002 and BR11-24-156) ($> 37\%$), whose inheritability in the broad sense (h^2) was of 0.45 and 0.75, respectively. Almost 72% of the methods identified BRS Novo Horizonte as a genotype with higher stability and performance for DMC, while 47% identified genotypes BR11-34-41 and BR11-34-69 for FRY and intermediate DMC. Genotype BR11-24-156 showed high static stability with 50% of the methods. Highly significant correlations were observed between methods for stability and agricultural performance, with the constitution of groups according to the concept of stability. It was also possible to set two mega-environments for FRY and one with similar patterns for DMC, indicating absence of interaction G×E.

Keywords: Multivariate analysis, rank correlation, multi-environments, genotype vs. environment interaction (G×E).

INTRODUÇÃO

A mandioca (*Manihot esculenta Crantz*) é uma importante fonte de carboidrato para milhões de pessoas em diversos países, principalmente os de clima tropical. Todas as partes da planta são exploradas comercialmente, embora o amido concentrado nas raízes tuberosas seja o principal produto explorado comercialmente. Isso faz com que a mandioca se destaque como a segunda fonte mais importante de amido no mundo (STAPLETON, 2012; CEBALLOS et al., 2020), em função do seu uso industrial na alimentação humana, produção de fármacos, biopolímeros, combustível, dentre outros (CEBALLOS et al., 2012).

A produção mundial de mandioca cresceu mais de 27% na última década, devido dentre outros fatores, às melhorias nos sistemas de cultivo e ao uso de variedades melhoradas geneticamente com maior potencial produtivo de raízes e amido (AKINWALE et al., 2010; FAOSTAT, 2018; OLIVEIRA et al., 2020a). A produção mundial é de aproximadamente 302,66 milhões de toneladas, com uma área cultivada de 28,24 milhões de hectares (FAOSTAT, 2020). Nigéria, Tailândia, Indonésia e Brasil são os quatro maiores produtores mundiais de raízes frescas, com produção de 60,00; 28,99; 18,30 e 18,20 milhões de toneladas, respectivamente. No Brasil, o estado do Pará lidera o ranking nacional na produção de raízes com participação de 20,02%, seguido pelo Paraná 17,68%, São Paulo 7,29%, Amazonas 6,48%, Acre 5,23% e Bahia com 4,89% (IBGE, 2021).

O plantio da mandioca ocorre em diversos países, em áreas localizadas entre as latitudes de 30° N e 30° S. As condições edafoclimáticas do cultivo são diversas, com intensas variações climáticas como pluviosidade e temperatura, fatores relacionados aos atributos químicos e físicos do solo, disponibilidade de luz solar, entre outros (EL-SHARKAWY, 2007). Nesse sentido, o componente varietal é um dos mais importantes, pois a variedade é o principal insumo agrícola utilizado nas lavouras e, independentemente do nível tecnológico do agricultor, ela necessita capitalizar de forma positiva esses fatores para que o potencial genético seja expresso, garantindo produções elevadas.

Em média, são necessários entre 8-10 anos para selecionar e recomendar uma nova variedade de mandioca para plantio, além dos altos custos de fenotipagem em vários ambientes para o melhoramento convencional (OLIVEIRA et al., 2014; CEBALLOS et al., 2015; WOLFE et al., 2017; ANDRADE et al.,

2019). Nos primeiros cinco anos, são avaliados um elevado número de genótipos, com poucas repetições e um número reduzido de ambientes. Por outro lado, nos últimos três anos os experimentos, denominados de ensaios de valor de cultivo e uso (VCU), são instalados com poucos genótipos, com três ou quatro repetições, em um amplo número de ambientes. Com isso, pode-se quantificar a interação genótipos x ambientes (GxE), por meio de uma exploração mais detalhada dos parâmetros de adaptabilidade e estabilidade, os quais são levados em conta no momento da recomendação dos melhores clones.

A interação GxE ocorre devido à inconsistência da expressão fenotípica de características quando os genótipos são expostos a diferentes estímulos ambientais. Isso leva à redução da correlação entre os valores fenotípicos e genotípicos dos genótipos avaliados, sendo considerado um importante fator a ser levado em consideração na seleção e recomendação de cultivares com alto potencial genético (YAN; HOLLAND, 2010). A GxE pode ser explorada favoravelmente na identificação de genótipos com maior estabilidade e adaptabilidade em um conjunto de ambientes de interesse (TUMUHIMBISE et al., 2014).

Em geral, a adaptabilidade de um determinado genótipo está relacionada com sua capacidade em responder vantajosamente a um determinado ambiente, enquanto a estabilidade está relacionada à previsibilidade do comportamento agrônômico do genótipo em um conjunto de ambientes (FINLAY e WILKINSON, 1963; EBERHART e RUSSELL, 1966). Segundo estes mesmos autores, o desempenho médio do genótipo acima ou abaixo da média de todos os ensaios, define o que são ambientes favoráveis e desfavoráveis, respectivamente, importante para a indicação regionalizada dos novos clones.

Alguns estudos têm demonstrado a existência da interação GxE em mandioca (MAROYA et al., 2012; AGYEMAN et al., 2015; MTUNGUJA et al., 2016; ADJEBENG-DANQUAH et al., 2017; CHIPETA et al., 2017; NDUWUMUREMYI et al., 2017; FOTSO et al., 2018; MASINDE et al., 2018; JIWUBA et al., 2020) e, portanto, é importante estudos visando identificar clones específicos para cada ambiente ou com adaptabilidade geral.

Vários modelos estatísticos paramétricos e não paramétricos foram desenvolvidos para interpretar e explorar a GxE. Em geral, as metodologias AMMI (*Additive Main Effects and Multiplicative Interaction*) e GGE (*Genotype main*

effects plus Genotype x environment interaction effects) têm sido as mais utilizadas por captarem o maior padrão da soma de quadrados da interação G×E para características agronômicas relacionadas ao desempenho de genótipos elites, resistência a doenças e qualidade das raízes em estádios finais de avaliação (KVITSCHAL et al., 2009; TUMUHIMBISE et al., 2014; ESUMA et al., 2016; AGUSTINA et al., 2020; PEPRAH et al., 2020).

O método AMMI combina a análise de variância (ANOVA) para os efeitos aditivos principais de genótipos e ambientes, e análise de componentes principais (PCA) para avaliar a interação multiplicativa dos efeitos da interação G×E, o que resulta em melhoria da capacidade preditiva do modelo, sendo indicado para identificar adaptações específicas entre genótipos e ambientes, embora não apresente capacidade discriminativa e representatividade de gráficos biplots, dada a ausência da propriedade matemática de produtos entre vetores (GAUCH; ZOBEL, 1992, 2013). Por outro lado, como o método GGE não separa o efeito de genótipo da interação G×E, dado o valor agregado $G + G \times E$, é possível captar a variação genética total e não exclusivamente a parte referente à G×E, além de permitir a identificação do desempenho dos melhores genótipos, mega-ambientes e grupos heteróticos (YAN et al., 2016).

Vários autores utilizam AMMI e/ou GGE para dados de G×E em mandioca, dada as suas particularidades e complementaridades (ALWALA et al., 2010; FRUTOS et al., 2013; NOERWIJATI et al., 2014; NDUWUMUREMYI et al., 2017). Por outro lado, alguns autores sugerem a utilização dos métodos multivariados (AMMI e GGE) em conjunto com outras metodologias complementares como, modelos mistos, abordagens uni paramétricos e não paramétricos, a fim de explorar melhor a soma de quadrados da interação G×E e aumentar a confiabilidade dos resultados, sobretudo em função da não concordância entre diferentes métodos para indicar os genótipos com alta performance agronômica e estáveis ou adaptados a determinados ambientes (MOHAMMADI; AMRI, 2016).

A média harmônica dos valores genotípicos preditos (*HMGV*) e a média ponderada dos escores absolutos (*WAASB*), por exemplo, selecionam os genótipos de forma simultânea para os parâmetros de estabilidade e rendimento (RESENDE, 2007a; OLIVOTO et al., 2019). Mesmo sendo de vital importância na seleção e recomendação de cultivo de novos genótipos, em determinada região

alvo, estudos sobre a complementaridade de métodos de avaliação da interação G×E têm sido pouco explorados na cultura da mandioca.

O presente trabalho teve como objetivos: i) estimar a adaptabilidade e estabilidade de genótipos de mandioca avaliados em ensaios multi-ambientes (MET) para posterior recomendação de plantio; ii) explorar a correlação entre os métodos paramétricos (uni e multivariados), abordagem de modelos mistos e não paramétricos na estimação da interação G×E, e iii) indicar métodos que melhor estimem a estabilidade e adaptabilidade em mandioca com base no conceito dinâmico e estático de estabilidade e na magnitude e significância dos efeitos da G×E.

MATERIAL E MÉTODOS

Ensaio de valor de cultivo e uso (VCU)

Os ensaios de produção VCUs em METs, da Embrapa Mandioca e Fruticultura, foram conduzidos durante três safras nos anos agrícolas de 2017, 2018 e 2019. A cada ano, os experimentos foram instalados em quatro locais diferentes, de modo que a combinação entre ano e local totalizaram 12 ambientes localizados no estado da Bahia, região denominada tropical quente e úmida (Figura 1). O clima predominante da região é Aw e Am, segundo a classificação de Köppen (1940). A distribuição das chuvas é concentrada entre os meses de abril a julho, com média de 1100 mm anuais de forma irregular, com prolongado período seco (5-7 meses).

No período de abrangência dos ensaios entre o plantio e a colheita os dados meteorológicos de temperatura, precipitação e umidade foram coletados por meio de uma interpolação entre as três estações meteorológicas automáticas mais próximas dos ensaios, sendo Amargosa, Cruz das Almas e Valença-Bahia (INMET, 2020) (Figura 2). As descrições dos locais dos ensaios são apresentadas na Tabela 1.

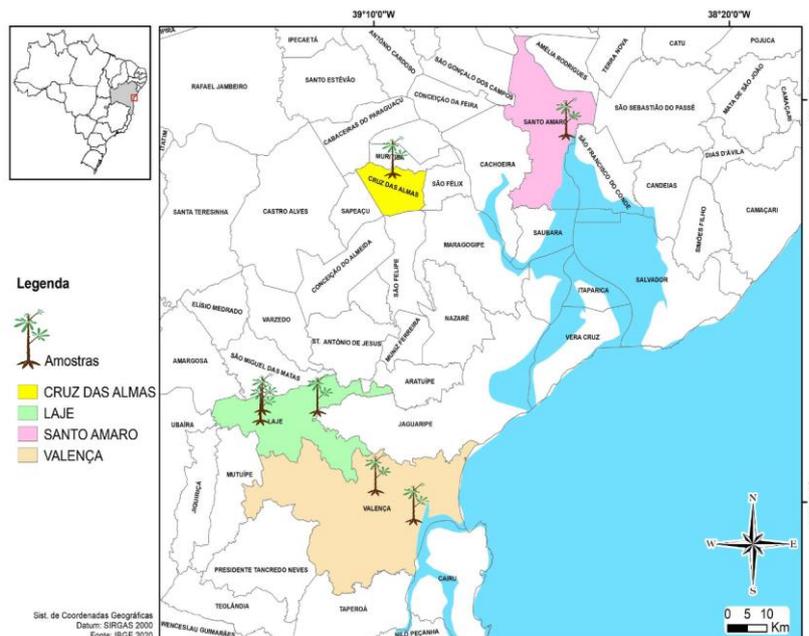


Figura 1. Mapa geográfico com a localização dos ensaios de valor de cultivo de 12 genótipos de mandioca. Locais identificados com cores diferentes se referem a regiões imediatas (microrregiões), que fazem parte da zona tropical úmida do Nordeste brasileiro (IBGE, 2021).

Tabela 1. Localização e descrição dos 12 ambientes de avaliação dos ensaios de valor de cultivo e uso de novos clones de mandioca da Embrapa Mandioca e Fruticultura.

Município	Local	Ano	Coordenadas	Solo	Ambientes
Laje	Novo Horizonte	2017	13°09'52"S, 39°25'59"W	Argissolo Vermelho- Amarelo	NH-2017
Santo Amaro	Santo Amaro	2017	12°34'23"S, 38°42'53"W	Vertissolo Cromado	SA-2017
Laje	Sombra Verde	2017	13°08'36"S, 39°25'46"W	Latossolo Amarelo	SV-2017
Laje	São Jorge	2017	13°09'52"S, 39°25'59"W	Latossolo Vermelho- Amarelo	SJ-2017
Cruz das Almas	UFRB	2018	12°39'11"S, 39°07'19"W	Latossolo Amarelo Distrófico	UFRB- 2018
Laje	Propriedade Particular	2018	13°09'52"S, 39°25'59"W	Latossolo Amarelo	PP-2018
Laje	Rio de Areia 1	2018	13°08'47"S, 39°17'58"W	Latossolo Amarelo de textura arenosa	RA1-2018
Laje	Rio de Areia 2	2018	13°09'52"S, 39°25'59"W	Latossolo Amarelo de textura média	RA2-2018
Cruz das Almas	UFRB	2019	12°39'11"S, 39°07'19"W	Latossolo Amarelo Distrófico	UFRB- 2019
Valença	Novo Rumo	2019	13°22'13"S, 39°04'23"W	Espodossolo Hidromórfico	NR-2019
Laje	Gavião	2019	13°09'52"S, 39°25'59"W	Latossolo Vermelho- Amarelo	GA-2019
Laje	Rio de Areia 2	2019	13°09'52"S, 39°25'59"W	Latossolo Amarelo de textura média	RA2-2019

Os ensaios VCUs foram conduzidos com 12 genótipos do programa de melhoramento genético de mandioca, sendo seis clones em fase final de validação e seis variedades testemunhas (Tabela 2). O preparo do solo para cultivo foi realizado de forma convencional, com uma dessecação prévia das plantas daninhas, seguido de uma aração e duas gradagens, no intuito de incorporar os restos culturais. Em seguida utilizou-se uma plantadeira de mandioca para realizar a abertura dos sulcos de plantio e também a adubação de acordo com a análise de solo. O plantio foi feito manualmente, nos sulcos utilizando manivas padrão entre 18-20 cm obtidas de hastes de 12 meses de idade, livres de pragas e doenças, sendo dispostas no sentido horizontal da linha de plantio.

Os ensaios VCUs foram instalados no delineamento de blocos completos casualizados, com três repetições. As parcelas foram constituídas de quatro linhas com 25 plantas cada, com espaçamento de 0.90 m entre linhas e 0.80 m entre plantas. Os tratos culturais pós-plantio foram os mesmos recomendados para a cultura (SOUZA et al., 2006).

Tabela 2 Descrição dos 12 genótipos avaliados nos ensaios de valor de cultivo e uso.

Genótipos	Ano	Ciclo	**Origem
Novos clones			
BR11-24-156	2020	12 meses	CNPMF-BRA
BR11-34-41	2020	12 meses	CNPMF-BRA
BR12-107-002	2020	12 meses	CNPMF-BRA
BR11-34-64	2020	12 meses	CNPMF-BRA
BR11-34-45	2020	12 meses	CNPMF-BRA
BR11-34-69	2020	12 meses	CNPMF-BRA
Testemunhas			
BRS Novo Horizonte	2018	12 meses	CNPMF-BRA
BRS Formosa	2002	12 meses	CNPMF-BRA
Corrente	-	18 meses	DP-BRA
IAC-90	-	18 meses	IAC-BRA
Cigana Preta	2002	18 meses	CNPMF-BRA
BRS Mulatinha	2005	12 meses	CNPMF-BRA

**CNPMF, Centro Nacional de Mandioca e Fruticultura; IAC, Instituto Agronômico de Campinas, DP, Domínio Público, BRA Brasil.

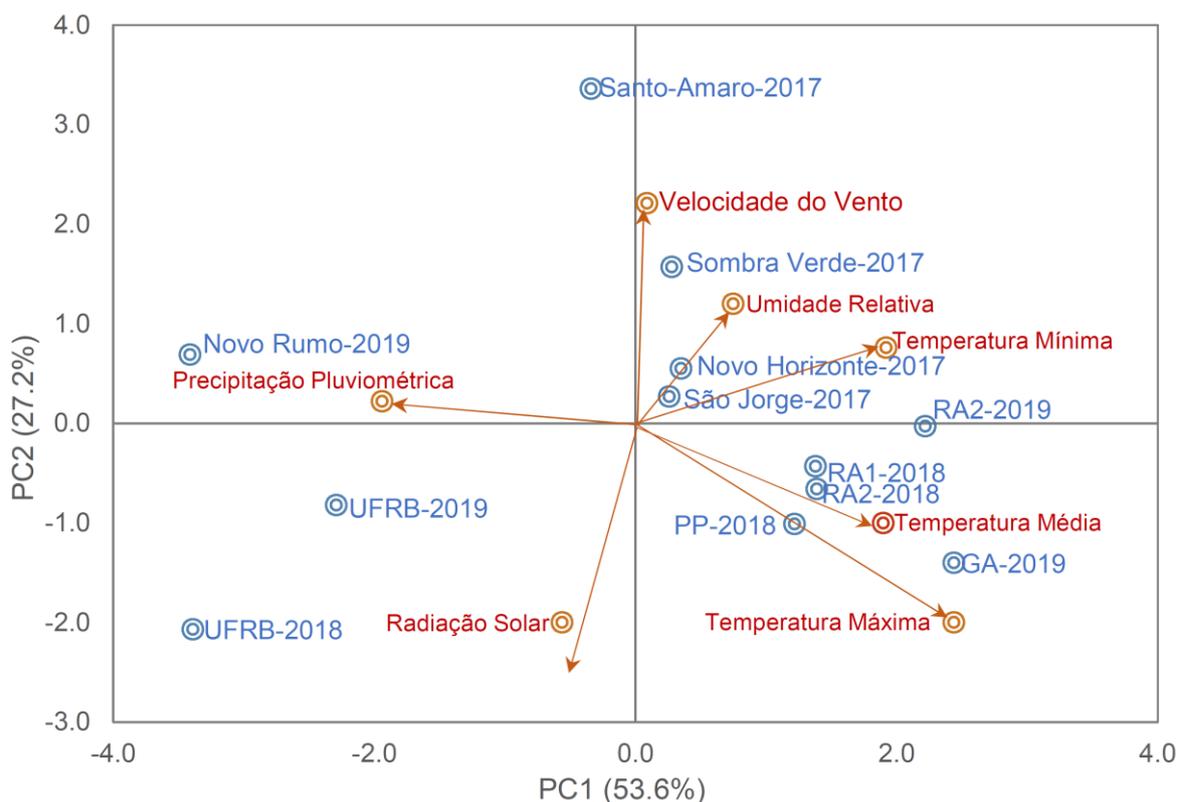


Figura 2. Biplot de dispersão dos dois primeiros componentes principais de sete variáveis ambientais (climáticas) e 12 ambientes utilizados nos ensaios regionais de mandioca sendo: Temperatura máxima, mínima e média ($T_{m\acute{a}x}$, °C, $T_{m\acute{i}n}$, °C e $T_{m\acute{e}d}$, °C, respectivamente), precipitação pluviométrica (PREC, mm dia^{-1}), umidade relativa do ar (UR, %), velocidade do vento (V/VENTO, ms^{-1}) e radiação solar (RAD/SOLAR, $\text{MJ/m}^{-2} \text{dia}^{-1}$).

Características avaliadas

Aos 12 meses após o plantio foram avaliadas as seguintes características: 1) produtividade de raízes (PTR, em t ha^{-1}) considerando o peso de todas as raízes da parcela, e em seguida ajustado para toneladas por hectare; e 2) teor de matéria seca nas raízes (DMC, em %) obtido a partir da metodologia da balança hidrostática (KAWANO et al., 1987).

Análise estatística individual e conjunta

Os dados foram submetidos à análise de variância individual, sendo a homogeneidade das variâncias residuais testadas por meio do teste de Bartlett. A análise de variância conjunta foi realizada sem restrições, considerando a razão entre o maior e menor valor do quadrado médio do resíduo inferior a 7 (PIMENTEL-GOMES, 2009). As análises de variância individuais foram realizadas com auxílio das funções *ea1* e *ea2* do pacote *easyanova* (ARNHOLD et al., 2013)

do software R versão 4.2.0 (R CORE TEAM, 2022). O modelo estatístico associado foi determinado pela seguinte equação: $y_{ij} = m + g_i + b_j + e_{ij}$, em que y_{ij} é o vetor de valores fenotípicos da parcela, associado ao genótipo i no bloco j ; m é a média geral; g_i é o efeito do genótipo i ; b_j é o efeito do bloco j ; e_{ij} é o efeito do erro experimental associado a parcela que recebeu o genótipo i no bloco j .

A análise conjunta foi realizada pela função AMMI do pacote *agricolae* (MENDIBURU, 2021). O modelo estatístico: $y_{ijk} = \mu + \alpha_i + \tau_j + \sum_{k=1}^k \lambda_k \alpha_{ik} t_{jk} + \rho_{ij} + \epsilon_{ij}$, em que y_{ijk} é o vetor de valores fenotípicos do genótipo i associado ao bloco j dentro do ambiente k ; μ é a média geral; α_i é o efeito principal de genótipo (linha); τ_j é o efeito principal de ambiente (coluna); λ_k é o valor singular para o eixo do componente principal da interação GxE (IPCA), de modo a explicar a interação dos dados; α_{ik} é o i -ésimo elemento do k -ésimo autovetor; τ_{jk} é o j -ésimo elemento do k -ésimo autovetor; ρ_{ij} resíduo, se nem todos os IPCA forem usados, onde $p \leq \min(g - 1; e - 1)$. ϵ_{ij} é resíduo para o genótipo i no ambiente j que não é explicada pelo modelo.. Em seguida as médias fenotípicas para cada genótipo e ambiente foram agrupadas pelo teste de Scott-Knott implementados no software R versão 4.2.0 (R CORE TEAM, 2022).

A qualidade experimental dos ensaios VCU foi avaliada por meio dos valores da acurácia dos ensaios (\hat{r}_{gg}), por meio da seguinte equação: $\hat{r}_{gg} = \sqrt{1 - \frac{1}{F}}$ sendo F (de Snedecor) proveniente da razão do quadrado médio dos efeitos de genótipos e o quadrado médio do efeito da interação GxE (RESENDE; DUARTE, 2007b).

Componentes de variância e parâmetros genéticos

Os componentes de variância (genotípico, fenotípico, ambiental e da interação GxE) foram estimados pelos respectivos quadrados médios obtidos da análise de variância, assim como a herdabilidade para cada característica. Esses parâmetros foram estimados de acordo com Ntawuruhunga e Dixon (2010) e Padi (2007), utilizando a seguinte equação $h^2 = \frac{\sigma_g^2}{\sigma_p^2}$ e $\sigma_p^2 = (\sigma_g^2) + \left(\frac{\sigma_{gxe}^2}{E}\right) + \left(\frac{\sigma_e^2}{ER}\right)$: sendo σ_g^2 a variância genética; σ_p^2 a variância fenotípica; σ_{gxe}^2 a variância da

interação $G \times E$; σ_e^2 a variância do erro agrupado; E o número de ambientes; e R o número de repetição. Os coeficientes de variação genotípico (CVG), fenotípico (CVP) e residual (CVr) foram estimados de acordo com Singh e Chaudhary

(1979), de acordo com: $CVG \% = \left(\frac{\sqrt{\sigma_g^2}}{X} \right) * 100\%$, $CVP \% = \left(\frac{\sqrt{\sigma_p^2}}{X} \right) * 100\%$ e $CVr \% = \left(\frac{\sqrt{\sigma_e^2}}{X} \right) * 100\%$, na qual X é a média geral.

O ganho genético esperado com a seleção (GA) foi dado por: $GA = (K)\sigma_p h^2$, em que GA é o ganho genético esperado; K é o diferencial de seleção (15% de intensidade de seleção); e σ_p é o desvio padrão fenotípico. O avanço genético como porcentagem da média (GAM) foi estimado pela fórmula $GAM = \frac{GA}{X} * 100$. Foi ainda obtido o $CVratio$ dado pela razão entre o $\frac{CVG}{CVr}$ e o $P - G$, dado pela diferença entre o CVP e o CVG . Todos os procedimentos citados nesta seção foram realizados utilizando o pacote *metan* (OLIVOTO, 2020) do software R versão 4.2.0 (R CORE TEAM, 2022).

Análises de adaptabilidade e estabilidade

Os parâmetros de adaptabilidade e estabilidade foram estimados com base em modelos paramétricos univariados, multivariados, abordagem de modelos mistos e não paramétricos (Tabela 3). Para a análise AMMI e ASV foram utilizadas as funções implementadas no pacote *agricolae* (MENDIBURU, 2021). Enquanto para a análise GGE foi utilizado o pacote *GGEbiplotGUI* (FRUTOS et al., 2013). Para os demais métodos, foi utilizado o pacote *metan* (OLIVOTO, 2020).

As análises paramétricas multivariadas GGE e AMMI (ASV) foram representadas por gráficos bidimensionais, com base nos genótipos e escores ambientais, representados por PC1 (fenótipo da característica em análise) e PC2 (estabilidade). Os biplots GGE foram construídos no método (centralização = 2) (escala = 0) e (PVS = 2), representando o desempenho, estabilidade e adaptabilidade. O valor AMMI (ASV) foi utilizado para quantificar e classificar os genótipos de acordo com a estabilidade do desempenho. O ASV se caracteriza pela distância do ponto de coordenadas até a origem do biplot, ou seja, a relação

entre a soma de quadrados do eixo PC1 pela soma de quadrados do eixo PC2; assim quanto menor essa relação mais estável é o genótipo (PURCHASE et al., 2000).

A seleção simultânea entre performance e estabilidade com base no modelo linear misto (LMM) utilizou dois critérios, a média harmônica dos valores genotípicos preditos (*HMGV*) e a média ponderada dos escores absolutos *WAASB*. Maior *HMGV* é obtido quanto menor o desvio-padrão do comportamento dos genótipos nos diferentes ambientes. Portanto, o genótipo com maior *HMGV* nos ambientes de avaliação recebeu posto 1 até o *g*-ésimo genótipo, sendo considerado o mais estável. No caso do *WAASB*, o genótipo com menor média recebeu posto 1 até o *g*-ésimo genótipo.

Posteriormente, os genótipos foram classificados quanto aos diferentes parâmetros de adaptabilidade e estabilidade, utilizando os valores fenotípicos de cada variável em estudo. Para os métodos fundamentados nas estimativas da variância (DP , S^2d , Di , Wi , S^2x), os menores valores indicam genótipos mais estáveis, enquanto, para o parâmetro R^2 de Eberhart e Russel e Bi de Perkins e Jinks valores próximos de 1 indicam genótipos mais adaptados. Portanto, coeficientes de regressão linear (bi e Bi) igual a 1 e desvio de regressão não linear (S^2d e Di) igual a zero, receberam a classificação de posto 1 como melhor genótipo até o *g*-ésimo genótipo.

O método Annicchiarico foi obtido por meio do índice de confiança para o ambiente geral $li(g)$, com decomposição para ambiente favorável $li(f)$ e desfavorável $li(d)$. Valores positivos do índice remetem a ambientes favoráveis, enquanto que valores negativos são característicos de ambientes desfavoráveis para o cultivo, ou seja, o desempenho médio do genótipo acima ou abaixo da média de todos os ensaios define o que são ambientes favoráveis e desfavoráveis, respectivamente. O genótipo que apresentou maior valor do parâmetro recebeu posto 1 e assim sucessivamente até o *g*-ésimo genótipo.

Tabela 3 Metodologias utilizadas para quantificação da interação genótipo x ambiente e dos parâmetros de adaptabilidade e estabilidade com base em modelos paramétricos, não paramétricos, multivariados e com a abordagem de modelos lineares mistos.

Metodologia	#Abr	*Parâmetros	Referência	Modelos estatísticos
Paramétricos Univariados				
Desvio padrão	DP	E	Karl Pearson (1894)	$DP = \sqrt{\frac{\sum_{i=1}^n (X_i - M_A)^2}{n}}$
Índice confiança – ambiente geral	$li(g)$	A / E	Annicchiarico (1992)**	$lig = \bar{Y}_{ig} - Z_{(1-\alpha)} (\sigma_{ig})$
Índice confiança - ambiente favorável	$li(f)$	A / E	Annicchiarico (1992)**	$lif = \bar{Y}_{if} - Z_{(1-\alpha)} (\sigma_{if})$
Índice confiança - ambiente desfavorável	$li(d)$	A / E	Annicchiarico (1992)**	$lid = \bar{Y}_{id} - Z_{(1-\alpha)} (\sigma_{id})$
Índice de superioridade	Pi	A	Lin e Binns (1988)	$Pi = \sum_{j=1}^n (X_{ij} - M_j)^2 / 2n$
Coefficiente de regressão	R^2	A	Eberhart; Russell (1966)	$R^2 = \sum_j (Y_{ij} - \bar{Y}_i)(\bar{Y}_j - \bar{Y}..) / \sum_j (Y_{ij} - \bar{Y}_i)^2$
Desvio da regressão	S_{di}^2	E	Eberhart; Russell (1966)	$Dji = \frac{\sum_{i,j} Y_{ij} - sy^2_{i.} + bi \sum_j \hat{e}^2_j}{s-2} - \frac{CME}{r}$
Raiz quadrada do erro quadrático médio	RMSE	E	Eberhart; Russell (1966)	$RMSE = \sqrt{\frac{\sum_{i=1}^n (0 - P)^2}{n}}$
Média ponderada de pontuações absolutas	WAASB	A / E	Olivoto et al., 2019	$WAASB = \sum_{k=1}^p \frac{[IPCA_{ik} \times EP_k]}{\sum_{k=1}^p EP_k}$
Coefficiente de regressão	Bi	A	Perkins; Jinks (1968)	$Bi = \frac{\sum_j (Y_{ij} - \bar{Y}_i - \bar{Y}_j + \bar{Y}..)(\bar{Y}_j - \bar{Y}..)}{\sum_j (\bar{Y}_j - \bar{Y}..)^2}$
Variância do desvio de regressão	Di	E	Perkins; Jinks (1968)	$Dji = \frac{\sum_{i,j} Y_{ij} - sy^2_{i.} + bi \sum_j \hat{e}^2_j}{s-2}$
Ecovalência	Wi	A / E	Wricke (1962)	$Wi = (Y_{ij} - \bar{Y}_i - \bar{Y}_j + \bar{Y}..)^2$
Variance of environment	S^2_x	A / E	***Roemer (1917)	$S^2_x = \frac{\sum_j (r_{ij} - \bar{r}l.)^2}{s-1}$
Não paramétricos				
Average absolute rank difference of genotype on the environment	Si^1, Si^6	A / E	Nassar; Huehn (1987)	$Si^1 = 2 \sum_j^{n-1} \frac{\sum_{j+1}^n [r_{ij} - r_{ij}']}{[n(n-1)]} e \quad Si^6 = \sum_{j=1}^n \frac{[r_{ij} - \bar{r}l.]}{\bar{r}l.}$
Paramétricos Multivariados				
ASV valor de estabilidade do AMMI	ASV	A / E	Purchase et al. (2000)	$ASV = \sqrt{\frac{[IPCA1}{IPCA2} - IPCA1]} + IPCA1^2$
Genotype main effect plus genotype by environment interaction	$GGE \text{ biplot}$	A / E	Yan (2002)	$Y_{ij} = \mu + \alpha_i + \beta_j + \phi_{ij} + \epsilon_{ij}$
Modelo misto				
Média harmônica dos valores genéticos	$HMGV$	E	Resende (2007a)	$MHVG = E / \sum_{j=1}^E \frac{1}{Gvij}$

Abr: abreviação; *A – adaptabilidade; E – estabilidade; **modificado por Schmildt e Cruz (2005), ***citado por Becker; Léon (1988).

O método não paramétrico de Nassar e Huehn (1987), leva em consideração a classificação dos genótipos em cada ambiente de avaliação, sendo que um genótipo é estável se sua classificação for relativamente constante nos n ambientes de avaliação, o que permite a quantificação da variação ambiental. O parâmetro Si^1 é obtido por meio da média das diferenças absoluta de classificação dos genótipos nos n ambientes; e o Si^6 obtido pela soma de quadrados das classificações para cada genótipo em relação à média das classificações nos n ambientes. O Si^6 faz seleção simultânea para rendimento e estabilidade. Genótipos com menor Si^1 e Si^6 são considerados estáveis. O ranqueamento dos genótipos foi obtido de acordo com o conceito de cada índice. Por fim, foram calculados os rankings da produtividade de raízes, obtido pelo teste de Scott Knott, em que maior produtividade recebeu posto 1 até o g -ésimo genótipo.

Para evidenciar as correlações existente entre os métodos de estabilidade e adaptabilidade foram estimados os coeficientes de correlações de Spearman (r_s) por meio de uma matriz dos postos de todas as metodologias, para cada característica, a fim de evidenciar quais métodos podem ser agrupados quanto a estabilidade. Os resultados foram representados por meio de um correlograma obtido no pacote *metan* (OLIVOTO, 2020). A análise de componentes principais PCA, foi realizada para explorar as relações entre grupos a partir dos dados da matriz de correlação do ranqueamento, com uso do pacote *Factoextra* todas as análises foram implementadas no software R versão 4.2.0 (R CORE TEAM, 2022).

RESULTADOS

Análise de variância dos dados agronômicos

De acordo com a análise de variância conjunta AMMI, as três fontes de variação, genótipos, ambientes e interação G×E foram significativas ($p < 0,001$) para as duas características (Tabela 4). A expressão fenotípica para peso total de raízes (PTR) e teor de matéria seca nas raízes (DMC) foi diferente entre os genótipos avaliados, o que demonstra que mesmo com um número pequeno de genótipos em fase final de avaliação existe variação passível de seleção. Possivelmente, a alta variação dos fatores climáticos (Figura 2) contribuiu para as diferenças observadas na performance agronômica dos genótipos de mandioca. A significância da interação G×E evidenciou que a resposta aos estímulos ambientais ocorreu de forma diferenciada entre os genótipos, com base no seu comportamento variável nos

diferentes ambientes de avaliação. Portanto, a quantificação e exploração da G×E por meio dos parâmetros de adaptabilidade e estabilidade torna-se necessária para recomendação mais assertiva dos genótipos de maior interesse agrônomo.

Para PTR, a soma de quadrados (SQ) do efeito de ambiente contribuiu com 35.54% da SQ total, seguido pelo efeito de genótipos e da interação G×E, com contribuição de 34.99% e 29.46%, respectivamente (Tabela 4). Os dois primeiros componentes principais (PC1 e PC2) da análise biplot AMMI explicaram 32.83% e 20.70% respectivamente, da SQ da interação G×E. Por outro lado, para DMC a SQ do efeito de genótipos representou 64.18%, já a SQ de ambiente e da interação G×E representaram 21.98% e 13.82%, respectivamente. No caso da DMC, a SQ capturada pelos dois componentes principais foi de 38.33% e 20.88%, respectivamente.

Tabela 4. Análise de variância conjunta pelo método *additive main effects and multiplicative interaction* (AMMI) e soma de quadrados da interação genótipo x ambiente para produtividade de raízes frescas (PTR t ha⁻¹) e teor de matéria seca (DMC, %), avaliados em 12 genótipos de mandioca em 12 ambientes.

Fonte de variação	GL ¹	Soma de quadrados ²	
		PTR	DMC
Genótipos (G)	11	8645.52***	1400.56***
Ambientes (E)	11	8780.89***	479.66***
Blocos/E	24	371.10***	24.45***
G×E	121	7279.50***	301.72***
PC1	21	2390.07***	115.66***
PC2	19	1506.66***	63.00***
Resíduo	264	1726.49	112.63
% SSQ devido ao G	11	34.99	64.19
% SSQ devido ao E	24	35.54	21.98
% SSQ devido ao G×E	121	29.47	13.83
% G×E SSQ devido ao PC1	21	32.83	38.33
% G×E SSQ devido ao PC2	19	20.70	20.88
\hat{r}_{gg}		0.96	0.99
Média geral		26.14	36.22

¹GL: grau de liberdade; *** significativo a p<0.001% de probabilidade, pelo teste F; \hat{r}_{gg} : acurácia seletiva

As estimativas da acurácia seletiva (\hat{r}_{gg}) para as duas características agrônomicas foram superiores a 95% (Tabela 4), o que confere elevada precisão experimental dos ensaios VCU para que se possam fazer inferências sobre o

desempenho médio dos genótipos nos ambientes de avaliação. As estimativas de parâmetros genéticos evidenciaram ampla variação para as duas características em estudo com possibilidade de ganhos genéticos. Para PTR, a variância genética (σ_g^2) contribuiu com 45% da variância fenotípica (σ_p^2), seguida da variância da interação GxE (σ_{gxe}^2) com 40.0% (Tabela 5). Já para DMC, a contribuição da σ_g^2 e σ_{gxe}^2 foi de 76.0% e 15.0% da variância σ_p^2 , respectivamente. As estimativas da herdabilidade no sentido amplo (h^2) foram de baixa magnitude para PTR (0.45) e de elevada magnitude (0.75) para a DMC.

Os altos valores de CV_g , CV_p e do CV_{ratio} para as duas características evidenciaram que uma parte importante da variação observada é devido ao efeito de genótipos, sobretudo para DMC. As estimativas do avanço genético como porcentagem da média (GAM) de 24.40% (PTR) e 8.64% (DMC) indicam a possibilidade de aumentar consideravelmente, principalmente a produtividade de raízes frescas, por meio da seleção dos melhores genótipos.

Tabela 5. Estimativas dos componentes de variância e parâmetros genéticos para a produtividade de raízes frescas (PTR, t ha⁻¹) e teor de matéria seca das raízes (DMC, %), em 12 genótipos de mandioca avaliados em 12 ambientes.

Parâmetros	PTR (t ha ⁻¹)	DMC (%)
σ_g^2	20.16	3.46
σ_{gxe}^2	17.87	0.68
σ_e^2	6.54	0.42
σ_p^2	44.57	4.56
h^2	0.45	0.75
CV_g	17.18	5.14
CV_p	25.53	5.84
CV_r	9.78	1.80
CV_{ratio}	1.75	2.85
$P - G$	8.35	0.70
* GA	6.38	3.13
GAM	24.40	8.64

σ_g^2 - variância genética, σ_{gxe}^2 - variância da interação genótipos x ambientes, σ_p^2 - variância fenotípica, σ_e^2 - variância do resíduo, h^2 - herdabilidade de sentido amplo, CV_g - coeficiente de variação genotípico (%), CV_p - coeficiente de variação fenotípico (%), CV_r - coeficiente de variação residual, CV_{ratio} - Coeficiente de variação relativo, $P - G$ - diferença entre CV_p e CV_g * GA - avanço genético (considerando intensidade de seleção de 15%), GAM - avanço genético como porcentagem da média.

Performance agronômica e comparação entre os métodos de estudo da interação G×E

A amplitude da produção de raízes foi de 17.54 t ha⁻¹, com variação de 16.03 t ha⁻¹ (IAC-90) a 33.57 t ha⁻¹ (BR11-34-41) (Tabela 6). Os genótipos BR11-34-69 e BRS Formosa também se destacaram pela alta produtividade de raízes (31.49 e 29.67 t ha⁻¹, respectivamente). Em geral, a média dos novos clones foi superior em relação à média das variedades testemunhas, a exemplo dos seis novos clones que apresentaram em média 27.89 t ha⁻¹ enquanto as testemunhas 24.38 t ha⁻¹. Por outro lado, dos cinco genótipos que apresentaram elevado DMC, apenas dois novos genótipos estão entre os de maior média (BR11-24-156 com 37.13% e BR12-107-002 com 37.46% de DMC). Em média os seis novos clones apresentaram 35.43%, enquanto as testemunhas 37.01%, embora alguns genótipos tenham apresentado média superior a testemunhas, a exemplo de BR11-24-156 e BR12-107-002. As maiores médias de DMC foram obtidas com o genótipo da BRS Novo Horizonte (39.33%), com seu melhor desempenho nos ambientes NR-2019 e RA2-2019, o que sugere certa adaptabilidade a estes ambientes (Figura suplementar S1).

Houve divergência na classificação dos genótipos com base na seleção simultânea de estabilidade e performance agronômica. O genótipo BR11-34-41 apresentou maior estabilidade para PTR com base em nove métodos, sendo ranqueado na 1^o colocação pelos métodos *HMGV*, *Si6* e os três índices de Annicchiarico, embora tenha apresentado alto desvio com base na classificação dos métodos multivariados (entre 7^a e 12^a posição) *WAASB*, *ASV*, além de *DP*, e *Wi*, e não paramétricos *Si¹ ASV* (Tabela 6). Os genótipos BR11-34-69, BR11-24-156, BR11-34-64 e BRS Novo Horizonte foram os mais estáveis com base na maioria dos métodos utilizados. Por outro lado, os genótipos mais instáveis para PTR, ocupando as últimas colocações no ranking foram IAC-90, BRS Mulatinha e BRS Formosa.

Para DMC a BRS Novo Horizonte foi a mais estável dentre os treze métodos, sendo que em apenas cinco (três paramétricos univariados - *DP*, *Wi* e *Bi* - e um não paramétrico - *Si¹* e um multivariado *GGE*) essa variedade não foi ranqueada na 1^o colocação (Tabela 7). Outros três genótipos (Corrente, BR11-24-156 e BR11-34-69) ocuparam as primeiras posições no ranqueamento da maioria dos modelos de estabilidade, adaptabilidade. Por outro lado, IAC-90, BRS Mulatinha e BR11-34-41 foram os mais instáveis para DMC nos 12 ambientes de avaliação, sendo classificados entre a 9^a e 12^a posição.

Tabela 6. Médias fenotípicas ajustadas e ranqueamento obtido pelo ordenamento dos valores de estabilidade, da produtividade total de raízes (PTR, t ha⁻¹) e teor de matéria seca nas raízes (DMC, %), obtidas da avaliação de 12 genótipos de mandioca, em 12 ambientes.

Genótipos	PTR	DP	R_DP	WAAS B	R_W	ASV	R_AS V	GGE	R_(GG E)	Wi	R_W	Pi	R_Pi	Huehn _S1	S1_R	Huehn _S6	S6_R	HMGV	HMGV _R
BR11-24-156	24.64g	5.41	2	0.50	1	0.89	2	0.32	2	64.67	1	76.62	7	0.06	8	4.12	8	23.4	9
Cigana Preta	22.14h	7.10	10	1.17	11	1.57	4	-0.29	1	235.16	10	111.58	10	0.11	12	6.97	11	20.2	11
Corrente	24.71g	5.51	4	1.08	10	2.01	6	4.46	7	123.01	3	79.97	9	0.06	8	4.28	9	23.6	8
IAC-90	16.03i	6.37	7	0.73	2	2.61	7	-5.76	9	200.80	6	224.17	12	0.03	4	7.27	12	14.0	12
BR11-34-41	33.57a	7.85	12	1.04	8	2.69	8	-2.83	4	205.39	7	11.58	1	0.06	8	1.12	1	32.1	1
BR11-34-45	28.66d	7.63	11	0.75	3	3.65	11	-9.35	11	213.30	8	38.21	4	0.03	4	3.77	6	27.2	4
BR11-34-64	26.53f	6.43	8	1.07	9	1.97	5	-5.10	8	115.14	2	60.88	6	0.03	4	3.08	3	25.1	7
BR11-34-69	31.49b	6.98	9	1.55	12	3.03	9	-3.80	6	227.14	9	19.36	2	0.08	10	2.69	2	30.2	2
BR12-107-002	22.50h	5.13	1	0.86	6	0.76	1	-2.85	5	161.39	5	113.67	11	0.09	11	5.18	10	21.6	10
BRS Formosa	29.67c	5.89	5	0.80	4	3.25	10	6.44	10	280.66	11	31.90	3	0.05	6	3.33	4	28.6	3
BRS Mulatinha	26.33f	5.49	3	0.81	5	5.72	12	17.03	12	450.70	12	77.02	8	0.02	1	3.69	5	25.4	6
BRS Novo Horizonte	27.40e	5.93	6	1.04	7	1.27	3	1.73	3	149.16	4	45.98	5	0.03	4	3.93	7	26.3	5

Genótipos	PTR	E&R_ S2di	R_S2d i	E&R_ RMSE	R_RM SE	E&R- R2	R_R ²	P&J_B i	R_Bi	P&J_D ji	R_Dji	li (g)	R_(g)	li (f)	R_(f)	li (d)	R_(d)	Sxi ²	R_Sxi ²
BR11-24-156	24.64g	4.27	1	2.31	1	0.80	1	0.03	6	6.45	1	86.9	8	89.0	7	85.4	9	6.0	5
Cigana Preta	22.14h	20.76	10	4.37	10	0.59	7	0.15	4	22.94	10	70.9	11	78.9	9	65.3	11	8.11	9
Corrente	24.71g	10.01	3	3.18	3	0.63	5	-0.07	9	12.19	3	85.9	9	84.9	8	86.0	8	5.48	3
IAC-90	16.03i	17.90	8	4.09	8	0.55	9	0.00	7	20.08	8	48.0	12	58.2	12	42.7	12	4.0	2
BR11-34-41	33.57a	12.98	6	3.55	6	0.78	2	0.47	1	15.16	6	118.0	1	124.0	1	114.0	1	1.48	1
BR11-34-45	28.66d	15.72	7	3.86	7	0.72	4	0.38	2	17.9	7	99.0	4	99.7	4	98.0	5	7.75	7
BR11-34-64	26.53f	8.39	2	2.96	2	0.77	3	0.20	3	10.57	2	91.9	6	101.0	3	86.7	7	6.39	6
BR11-34-69	31.49b	20.11	9	4.30	9	0.58	8	0.13	5	22.29	9	109.0	2	105.0	2	110.0	2	8.45	10
BR12-107-002	22.50h	12.57	4	3.50	4	0.49	10	-0.24	10	14.75	4	76.7	10	73.3	11	78.5	10	5.73	4
BRS Formosa	29.67c	23.79	11	4.65	11	0.32	11	-0.29	11	25.97	11	101.0	3	99.1	5	107.0	3	8.09	8
BRS Mulatinha	26.33f	29.35	12	5.12	12	0.05	12	-0.75	12	31.53	12	88.6	7	75.5	10	99.6	4	9.2	12
BRS Novo Horizonte	27.40e	12.73	5	3.52	5	0.61	6	-0.01	8	14.91	5	95.1	5	92.7	6	96.4	6	8.82	11

*Médias seguidas pela mesma letra na coluna pertencem ao mesmo agrupamento pelo teste de Scott-Knott ($p < 0,05$); R = ranqueamento; DP = desvio padrão; WAASB média ponderada de pontuações absolutas; ASV = valor de estabilidade AMMI; GGE = Escores genotípicos do PC2; Wi = Ecovalência de Wricke's 1962; Pi Índice de superioridade em relação a todos os ambientes de Lin e Binns; Si^1 e Si^6 = índices não paramétrico de Nassar & Huehn (1987); HMGV = média harmônica dos valores genéticos; E&R - S^2di = desvio da regressão, E&R - RMSE = erro quadrático médio e E&R - R^2 = o coeficiente de determinação da regressão (Eberhart; Russell, 1966); P&J - Bi = coeficiente de regressão e P&J - Dji = desvio de regressão (Perkins & Jinks, 1968); li(g) índice de confiança genotípica em relação a todos os ambientes, li(f) ambientes favoráveis, li(d) ambientes desfavoráveis (Annicchiarico, 1992); S^2x = variância ambiental.

Tabela 7. Médias fenotípicas ajustadas e ranqueamento obtido pelo ordenamento dos valores de estabilidade para teor de matéria seca nas raízes (DMC, %), obtidas da avaliação de 12 genótipos de mandioca, em 12 ambientes.

Genótipos	DMC	DP	R_DP	WAAB	R_W	ASV	R_AS V	GGE	R_(GG E)	Wi	R_W	Pi	R_Pi	Huehn S1	S1_R	Huehn S6	S6_R	HMGV	HMGV _R
BR11-34-45	36.69c	1.77	11	0.59	11	1.49	7	-1.08	7	14.10	3	3.84	7	0.02	2	2.56	5	36.6	7
Cigana Preta	36.80c	1.77	12	0.56	9	1.96	11	-1.84	12	31.60	10	3.83	6	0.06	7	2.79	6	36.7	6
BR11-34-64	34.14d	1.49	8	0.25	3	0.52	3	-0.98	5	30.35	8	13.93	10	0.05	5	4.35	9	34.1	10
BR12-107-002	37.46b	1.56	10	0.49	7	1.54	8	-1.29	8	15.71	4	2.25	3	0.03	4	1.84	4	37.4	4
Corrente	37.90b	1.43	7	0.36	5	1.17	6	-0.72	4	10.01	2	1.34	2	0.06	7	1.16	2	37.9	2
BRS Novo Horizonte	39.33a	1.25	6	0.18	1	0.27	1	0.67	3	25.26	7	0.01	1	0.09	11	0.28	1	39.3	1
BR11-34-41	33.45e	1.50	9	0.57	10	1.78	10	0.66	2	22.20	6	18.10	12	0.11	12	4.92	12	33.4	12
BR11-34-69	33.68e	1.21	3	0.23	2	0.32	2	-1.06	6	41.27	11	16.55	11	0.02	2	4.89	11	33.6	11
BRS Formosa	36.23c	1.23	5	0.41	6	1.03	4	0.65	1	6.59	1	5.41	8	0.08	9	3.05	7	36.2	8
BR11-24-156	37.13b	1.10	2	0.35	4	1.11	5	1.39	9	30.95	9	2.78	5	0.00	1	1.75	3	37.1	5
BRS Mulatinha	37.46b	1.09	1	0.55	8	1.60	9	1.79	10	18.52	5	2.33	4	0.06	7	3.21	8	37.4	3
IA-C90	34.35d	1.22	4	0.77	12	2.66	12	1.81	11	55.14	12	13.65	9	0.08	9	4.80	10	34.3	9

Genótipos	DMC	E&R S ² di	R_S ² di	E&R RMSE	R_RM SE	E&R- R ²	R_R2	P&J_B i	R_Bi	P&J_D ji	R_Dji	li (g)	R_(g)	li (f)	R_(f)	li (d)	R_(d)	Sxi ²	R_Sxi ²
BR11-34-45	36.69c	0.63	7	0.80	7	0.77	4	0.42	1	0.78	7	96.97	7	99.11	5	96.58	6	3.45	9
Cigana Preta	36.80c	0.66	9	0.82	9	0.76	5	0.41	2	0.81	9	97.12	6	98.31	6	95.38	8	5.27	11
BR11-34-64	34.14d	0.31	4	0.61	4	0.81	2	0.22	3	0.46	4	90.98	9	91.76	9	89.81	10	1.45	4
BR12-107-002	37.46b	0.65	8	0.81	8	0.70	7	0.19	4	0.79	8	99.45	4	101.42	2	97.31	5	3.36	8
Corrente	37.90b	0.45	5	0.70	5	0.73	6	0.11	5	0.60	5	101.28	2	100.83	3	102.24	2	2.27	5
BRS Novo Horizonte	39.33a	0.07	1	0.42	1	0.87	1	0.06	6	0.21	1	106.57	1	107.32	1	105.78	1	0.18	1
BR11-34-41	33.45e	0.91	11	0.93	11	0.57	9	0.03	7	1.05	11	87.85	12	88.27	11	86.83	12	1.45	3
BR11-34-69	33.68e	0.19	2	0.52	2	0.79	3	-0.02	8	0.33	2	90.42	10	91.28	10	89.56	11	1.18	2
BRS Formosa	36.23c	0.56	6	0.76	6	0.57	10	-0.15	9	0.71	6	96.26	8	96.99	8	96.35	7	4.36	10
BR11-24-156	37.13b	0.28	3	0.59	3	0.67	8	-0.17	10	0.43	3	99.47	3	99.36	4	99.33	3	2.55	6
BRS Mulatinha	37.45b	0.86	10	0.91	10	0.22	11	-0.53	11	1.01	10	98.27	5	97.98	7	98.85	4	6.45	12
IA-C90	34.35d	1.25	12	1.08	12	0.14	12	-0.57	12	1.40	12	89.08	11	87.47	12	92.70	9	3.09	7

*Médias seguidas pela mesma letra na coluna pertencem ao mesmo agrupamento pelo teste de Scott-Knott ($p < 0,05$); R = ranqueamento; DP = desvio padrão; WAASB média ponderada de pontuações absolutas; ASV = valor de estabilidade AMMI; GGE = Escores genotípicos do PC2; Wi = Ecovalência de Wricke's 1962; Pi Índice de superioridade em relação a todos os ambientes de Lin e Binns; Si¹ e Si⁶ = índices não paramétrico de Nassar & Huehn (1987); HMGV = média harmônica dos valores genéticos; E&R - S²d = desvio da regressão, E&R - RMSE = erro quadrático médio e E&R - R² = o coeficiente de determinação da regressão (Eberhart; Russell, 1966); P&J - Bi = coeficiente de regressão e P&J - Dji = desvio de regressão (Perkins & Jinks, 1968); li(g) índice de confiança genotípica em relação a todos os ambientes, li(f) ambientes favoráveis, li(d) ambientes desfavoráveis (Annicchiarico, 1992); S²x = variância ambiental.

Correlações e agrupamento dos métodos de estabilidade e adaptabilidade

Cerca de 23% e 24% das correlações de Spearman entre os métodos de adaptabilidade e estabilidade foram significativas (p -values <0.01), positivas diferentes de zero e de alta magnitude para PTR e DMC (Figuras 3A e 4A). A magnitude e o sentido das correlações foram divergentes, sendo observadas associações compreendidas entre -0.83 e 1.0 para PTR a -0.88 e 1.0 para DMC, de modo que a maioria dos métodos foi complementar, mas com alguma discordância na classificação dos genótipos quanto à adaptabilidade e estabilidade fenotípica.

Para a PTR foram identificadas correlações de 0.99, 0.98 e 0.84 entre os parâmetros de Annicchiarico $li(g)$, $li(d)$, $li(f)$ vs média harmônica $HMGV$, respectivamente (Figura 3). Houve ainda alta correlação ($r \geq 0.80$) entre esses três parâmetros e a variância ambiental (Si^6) e máxima correlação entre $RMSE$ versus S^2di e Dji , além de S^2di versus Dji . Os métodos que apresentaram baixa correlação ($-0.40 \geq r \leq 0.40$) corresponderam a cerca de 65.0% para as duas características, indicando a possibilidade de uso como métodos complementares de análise. Por outro lado, apenas 1.5% dos métodos apresentaram correlação negativa e significativa de alta magnitude, dentre os quais Bi vs DP ($rs = -0.83^{***}$), podendo ser usados de forma complementar para selecionar genótipos de baixo rendimento a serem descartados pelo programa de melhoramento.

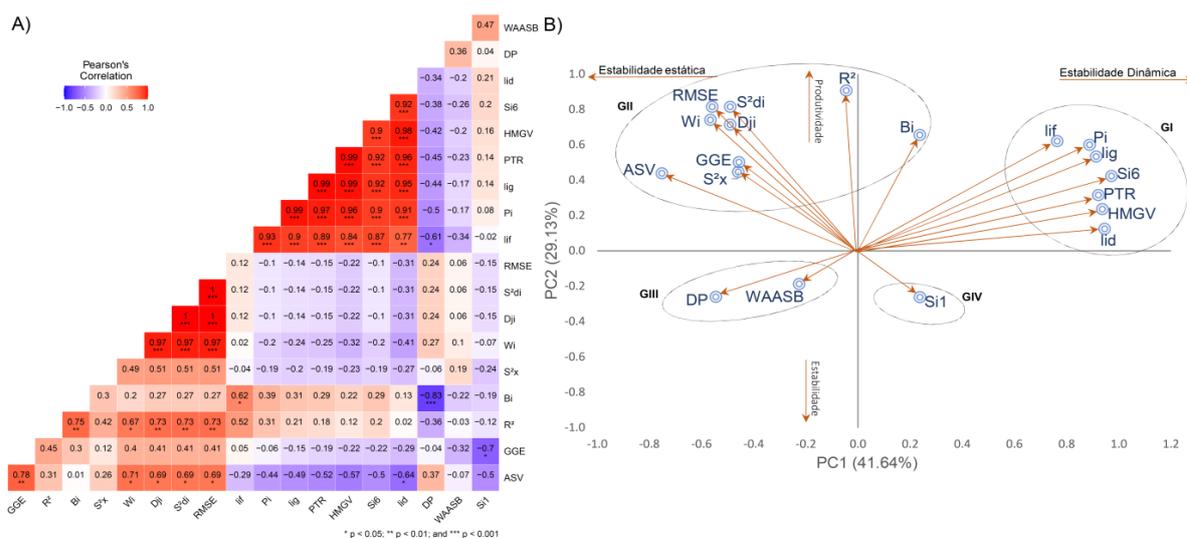


Figura 3. A) Coeficientes de correlação de Spearman e B) gráfico biplot de dispersão dos dois primeiros componentes principais dos parâmetros de adaptabilidade e estabilidade para a produtividade de raízes frescas (PTR, t ha⁻¹) avaliados em 12 genótipos de mandioca em multi-ambientes.

Para DMC as correlações foram diferentes de zero e superiores a 0.90 para os parâmetros de Huehn (Si^6) vs Annicchiarico ($li(g)$, $li(f)$ e $li(d)$) e o ranqueamento baseado na média da característica. Portanto, esses quatro parâmetros estão associados a alta estabilidade e maiores teores de DMC. O método *HMGV* também apresentou associação positiva e diferente de zero com DMC (0.99), indicando forte associação com a performance agrônômica para DMC.

As metodologias baseadas em estatísticas multivariadas (*ASV* e *GGE*) apresentaram associações positivas e diferentes de zero entre si, variando de 0.58* (DMC) a 0.78** (PTR), indicando que estas abordagens possuem a mesma direção da correlação, mas podem variar em função da característica em análise, e, portanto, podem ser utilizadas de forma complementar. Por outro lado, as duas metodologias baseadas na regressão linear (*Dji* e *Bi*) apresentaram baixa associação para PTR e DMC, o que sugere que a variância ambiental, tende a influenciar no padrão de resposta do método, frente às mudanças de performance dos genótipos entre os ambientes.

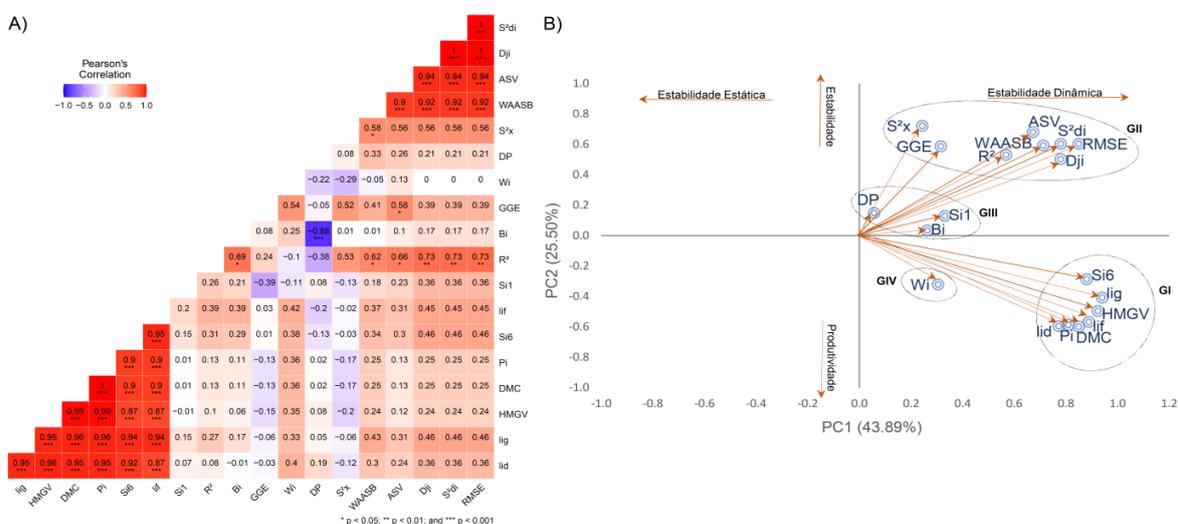


Figura 4. A) Coeficientes de correlação de Spearman e B) gráfico biplot de dispersão dos dois primeiros componentes principais dos parâmetros de adaptabilidade e estabilidade para teor de matéria seca nas raízes (DMC, %) avaliados em 12 genótipos de mandioca em multi-ambientes.

Os dois primeiros PCs explicaram 71.78% da variação fenotípica para PTR e 67.47% para DMC (Figura 3B e 4B). Ambos com quatro agrupamentos, de forma a permitir a alocação dos métodos com maior similaridade de classificação de

acordo com o conceito estático (biológico) e dinâmico (agronômico) de estabilidade.

Para PTR e DMC o grupo I foi formado por seis métodos ($li(g)$, $li(f)$, $li(d)$, Si^6 , Pi e $HMGV$), para os quais 21 correlações foram significativas, positivas e superiores a 0.77** para PTR e 0.87*** para DMC. Os dados fenotípicos de PTR e DMC também foram alocados neste grupo, indicando que estas características apresentam alta associação com os parâmetros de estabilidade deste grupo, e, portanto, com estabilidade dinâmica.

Para PTR, o grupo II foi composto por nove métodos (R^2 , Dji , Bi , S^2di , GGE , ASV , $RMSE Wi$ e S^2x), entre os quais foi observada correlação negativa e significativa com PTR ($r \geq -0.40$). Embora, os métodos R^2 e Bi tenham sido alocados neste grupo, seus valores de PTR são de magnitude intermediária e tendem a caracterizar o grupo por sua maior estabilidade estática, isto é, o desempenho dos genótipos é relativamente constante na maioria dos ambientes, independentemente da magnitude da característica avaliada. O grupo III foi composto apenas pelos métodos DP e $WAASB$, enquanto para o grupo IV, o método Si^1 apresentou baixa correlação com PTR, caracterizando estabilidade estática.

Adicionalmente para DMC, o grupo II pode ser caracterizado pelo conceito dinâmico com os métodos (R^2 , Dji , $WAASB$, S^2di , GGE , ASV , $RMSE$ e S^2x) porque estão associados ao mesmo sentido do vetor da variável resposta. Os grupos III e grupo IV agruparam três e um método de estabilidade, respectivamente. Para ambos os grupos foi observada uma moderada associação com DMC.

Em geral os métodos baseados nas estimativas da variância ($RMSE$, R^2 , S^2di , Dji , S^2x) tendem a classificar os genótipos de forma similar, assim como os parâmetros Si^6 e $HMGV$ que selecionam de forma simultânea para estabilidade e rendimento. Para PTR houve quatro correlações significativas e positivas ($r \geq 0.87^{***}$) entre os métodos paramétricos univariados x não paramétricos (lig/Si^6 , lif/Si^6 , lid/Si^6 e Pi/Si^6); quatro entre paramétricos univariados x multivariado ($r \geq 0.69^*$) (Wi/ASV ; Dji/ASV , S^2di/ASV) e $RMSE/ASV$; quatro entre paramétrico univariados x modelo misto ($r \geq 0.84^{***}$) ($lig/HMGV$; $lif/HMGV$; $lid/HMGV$ e $Pi/HMGV$, um entre modelo misto x não paramétrico ($r \geq 0.90^{***}$) entre ($MHVG/Si^6$).

Dentre as estimativas dos métodos não paramétricos x multivariados apenas Si^1/GGE apresentou correlação significativa e negativa ($r=-0.70^*$).

Os resultados para DMC foram semelhantes, com exceção das quatro correlações entre métodos paramétricos univariados x multivariado ($r \geq 0.66^*$) (R^2/ASV ; Dji/ASV , S^2di/ASV) e $RMSE/ASV$; as correlações entre os métodos não paramétricos x multivariados não foram significativas, evidenciando que as classificações semelhantes de alguns genótipos foram aleatórias. Assim como não houve correlação positiva e significativa entre o modelo misto x multivariado para as duas características.

Os métodos que tiveram as maiores correlação ($r \sim 1.0$), para PTR e DMC foram S^2di/Dji , $RMSE/Dji$ e $RMSE/S^2di$. Portanto, alguns destes métodos podem ser descartados. Contudo, a complementaridade entre alguns métodos pode ajudar na escolha dos melhores genótipos, sobretudo os multivariados e baseados em modelos mistos, que levam em consideração a seleção simultânea para a estabilidade e rendimento.

Análise da estabilidade: AMMI x GGE x WAASB x HMGV

A captação do padrão de resposta do desempenho dos genótipos nos multi-ambientes, com base em modelos multivariados permitem explorar a estrutura da interação $G \times E$ de forma mais eficiente e confiável. A proporção da variância explicada pela metodologia GGE biplot foi maior do que a AMMI para as duas características. Os dois primeiros componentes principais da análise GGE captaram 21.74% a mais da variação $SQ_{G \times E}$ para PTR e 31.45% a mais para DMC, quando comparado à análise AMMI (Figuras 5 e 6). A variação residual do AMMI foi o dobro (42.20%) em relação ao GGE (21.22%), portanto tendo maior influência de fatores sem explicação biológica no modelo. Para PTR, o fator ambiental representou maior proporção da soma de quadrados, enquanto para o DMC o fator genotípico foi mais elevado.

Na metodologia AMMI os genótipos próximos à origem dos eixos são menos sensíveis à interação $G \times E$, enquanto aqueles mais distantes da origem são mais sensíveis e influenciados pelo ambiente. Portanto, três genótipos apresentaram baixa contribuição para a interação $G \times E$ para PTR, sendo dois novos genótipos (BR12-107-002 e BR11-24-156) e uma testemunha (BRS Corrente) (Figura 5). De fato, o genótipo BR11-24-156 foi bem ranqueado por diversos métodos de

estabilidade, inclusive o WAASB, com PTR mediana (Tabela 6). Para DMC os genótipos mais estáveis foram BR11-34-69 e a BRS Novo Horizonte, este último apresentou também ampla adaptação pela proximidade do centro do biplot e com alta PTR, pelos métodos HMGV e WAASB (Figura 6).

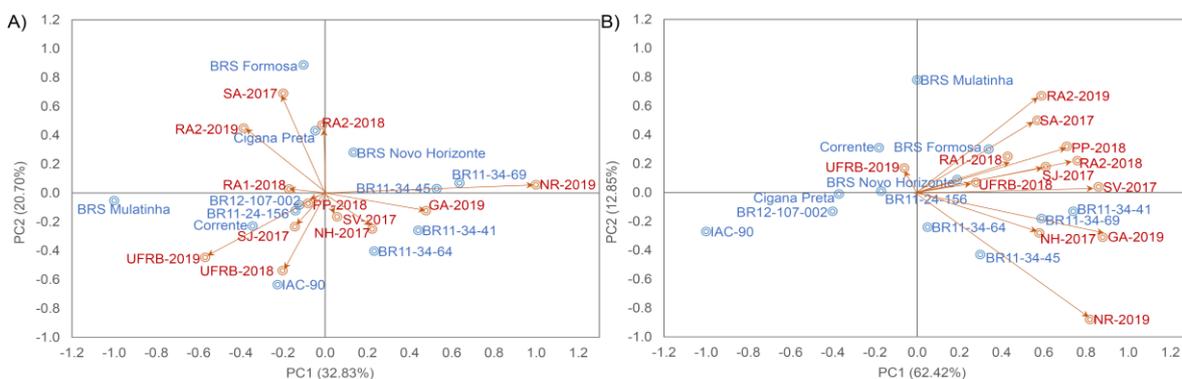


Figura 5. Biplot dos valores da adaptabilidade e estabilidade com base nas metodologias A) AMMI (*Additive Main Effects and Multiplicative Interaction*) e B) GGE (*Genotype main effects plus Genotype x environment interaction effects*) para a produtividade total de raízes de mandioca (PTR, t ha⁻¹), obtidas da avaliação de 12 genótipos em 12 ambientes.

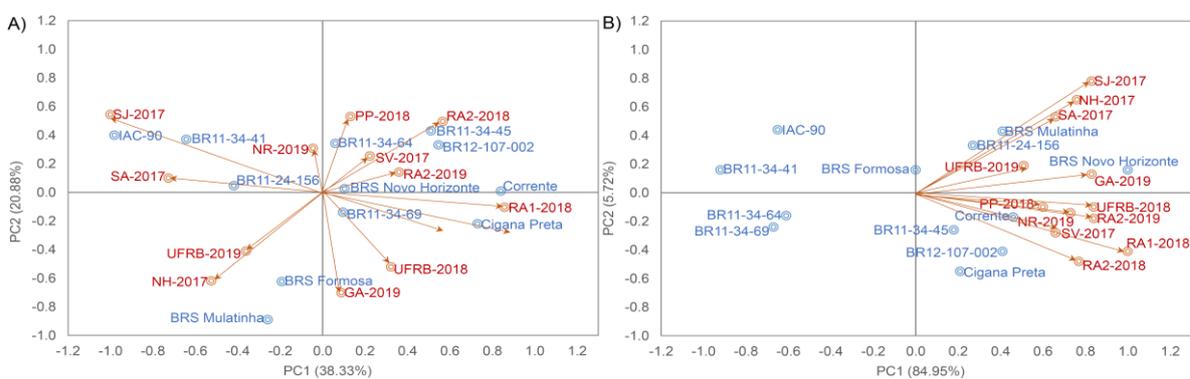


Figura 6. Biplot dos valores da adaptabilidade e estabilidade com base nas metodologias A) AMMI (*Additive Main Effects and Multiplicative Interaction*) e B) GGE (*Genotype main effects plus Genotype x environment interaction effects*) para o teor de matéria seca das raízes (DMC, %) obtidas da avaliação de 12 genótipos em 12 ambientes.

Com base no método GGE, genótipos e ambientes situados à direita do biplot (eixo do PC1), tendem a possuir maiores rendimentos, portanto os genótipos BR11-34-69 e BR11-34-41, apresentaram alta performance com estabilidade, dado pelo baixo ângulo com o PC2 enquanto que BR12-107-002 e BR11-24-156, seguido das testemunhas BRS Novo Horizonte e Cigana Preta apresentaram maior estabilidade geral para PTR (Figura 5), enquanto que para DMC os clones BR11-34-41, BR11-34-69, BR11-34-45 e BR11-34-64,

apresentaram estabilidade, seguido das testemunhas Corrente, por outro lado, a BRS Formosa apresentou estabilidade geral e a BRS Novo Horizonte alta performance e estabilidade (Figura 6).

Levando em consideração a análise ambiental pelo método AMMI, três ambientes (PP-2018, RA1-2018 e NR-2019) apresentaram condições edafoclimáticas que permitiram maior estabilidade para PTR, e outros três para DMC (SA-2017, RA1-2018 e RA2-2019). Apenas o ambiente RA1-2018 foi comum para ambas as características. Por outro lado, a contribuição da interação G×E capitalizada pela metodologia GGE variou bastante em função da característica avaliada. Os ambientes UFRB-2018, UFRB-2019 e SV-2017 permitiram maior estabilidade para PTR, enquanto para DMC outros quatro ambientes (NR-2019, GA-2019, RA2-2019 e PP-2018) tiveram baixa influência na expressão fenotípica dessa característica (Figuras 5 e 6).

Tanto a análise WAASB, quanto a HMGV levam em consideração a performance e a estabilidade. Entretanto, o primeiro método combina a técnica AMMI e BLUPs, além de utilizar todos os eixos dos PCs. Na análise WAASB para PTR dois quadrante são especialmente importantes: i) quadrante superior à direita, por alocar os genótipos BR11-34-41 e BR11-34-69 com alto rendimento, porém com certa instabilidade, além do ambiente NR-2019 com alta capacidade de discriminação dos genótipos e ii) quadrante inferior à direita, tendo alocado os genótipos BR-34-64 e BRS Novo Horizonte, com produtividade acima da média e baixos valores de WAASB, sendo assim amplamente adaptados e estáveis, embora com rendimento moderado (7^o e 5^o para HMGV, respectivamente). A BRS Novo Horizonte no quadrante inferior à direita apresentou elevada performance e estabilidade para DMC (Tabela 6 e Figura suplementar S2). Portanto, a análise conjunta dos métodos GGE e o AMMI podem ajudar a aumentar a confiança do melhorista na recomendação de novos genótipos.

Adaptabilidade específica

Em geral, a análise AMMI evidenciou a baixa correlação entre os ambientes, em função da elevada dispersão dos 12 ambientes nos biplots para as duas características agrônômicas. Por outro lado, essa maior dispersão propicia a identificação de genótipos mais adaptados a condições específicas, para maximizar os ganhos nos diferentes ambientes. Adaptações específicas para PTR

foram observadas para os genótipos IAC-90 (UFRB-2018), Cigana Preta (RA2-2018) e BRS Formosa (SA-2017), seguidos dos genótipos BR11-24-156 e 2012-107-002 nos ambientes (PP-2018, RA1-2018 e SJ-2017) (Figura 5). Para DMC os genótipos BR12-107-002 e BR11-34-45 apresentaram elevada adaptabilidade no ambiente RA2-2018, enquanto BR11-34-41 e IAC-90 no ambiente SJ-2017, BR11-34-64 nos ambientes NR-2019 e PP-2018 e BR11-34-69 no ambiente UFRB-2018 (Figura 6).

Na análise GGE, a angulação entre os autovetores de genótipos e ambientes pode ser explorada favoravelmente para a identificação de adaptabilidades específicas. Segundo Yan (2016), no biplot originado pelo GGE a angulação entre os autovetores dos ambientes e genótipos menor que 90° indica que o desempenho desses genótipos é superior à média com alta correlação positiva, enquanto ângulos acima de 90° remetem a desempenho inferior à média com correlação negativa, e quando o ângulo é próximo de 90° o desempenho do genótipo é semelhante à média. Portanto, para PTR os genótipos 2011-34-41 e 2011-34-69 apresentam adaptação específica para os ambientes NH-2017 e GA-2019, seguido da testemunha BRS Formosa no ambiente RA1-2018. A testemunha BRS Novo Horizonte apresentou angulação inferior a 90° para todos os ambientes para as duas características, o que demonstra seu alto potencial adaptativo, embora tenham seu melhor desempenho produtivo para PTR e DMC nos ambientes UFRB-2018 e GA-2019, respectivamente. Dos seis novos genótipos avaliados com potencial de recomendação de cultivo, três deles (2011-34-41, 2011-34-64 e 2011-34-69), além da testemunha IAC-90 apresentaram valores de DMC abaixo da média para todos os ambientes avaliados (Figura 5 e 6).

A inter-relação entre ambientes também pode ser explorada por meio do biplot, sendo que para PTR o ambiente NR-2019 apresentou correlação positiva com todos os outros ambientes, exceto UFRB-2019. Para a variável DMC, todos os ambientes apresentaram algum grau de correlação entre eles, com ângulos menores que 90° para todas as análises de ambientes. Em geral, os ambientes apresentaram capacidade semelhante de discriminar os genótipos avaliados. Para o método WAASB o primeiro quadrante exhibe os ambientes com alta capacidade de discriminação, portanto adaptações específicas devem ser exploradas, por exemplo, IAC-90 nos ambientes RA2-2019 e SA-2017 para PTR e

IAC-90 e BR11-34-41 para os ambientes SJ-2017 e NH-2017 para DMC (Figura suplementar S2).

Formação de mega-ambientes

A análise GGE permite explorar o padrão *which-won-where* (“qual ganhou onde”) que é uma ferramenta que permite a formação de um polígono no qual os genótipos localizados no vértice mais distantes da origem do biplot são ligados, com ênfase na correlação entre os ambientes e performance dos genótipos, formando os mega-ambientes.

Os dois primeiros PCs explicaram 62.42% e 12.85% para a variável PTR e 84.95% e 5.72% para DMC respectivamente (Figura 7). Para a característica PTR os raios dividiram o biplot em quatro setores, sendo que apenas dois possuem mega-ambientes, onde o grupo 1 foi representado por nove ambientes, dentre estes o UFRB-2018, PP-2018 e NR-2019, tendo o genótipo BR11-34-41 no seu vértice; portanto o mais produtivo, seguido do genótipos BR11-34-69 e BRS Novo Horizonte, enquanto que o grupo 2 foi formado por dois ambientes, sendo eles UFRB-2019 e RA2-2019, com a BRS Mulatinha no vértice deste setor, seguido da Corrente. Portanto, estes ambientes apresentam características semelhantes que permitiram a formação do agrupamento. Por outro lado, o genótipo IAC-90 apresentou rendimento abaixo da média.

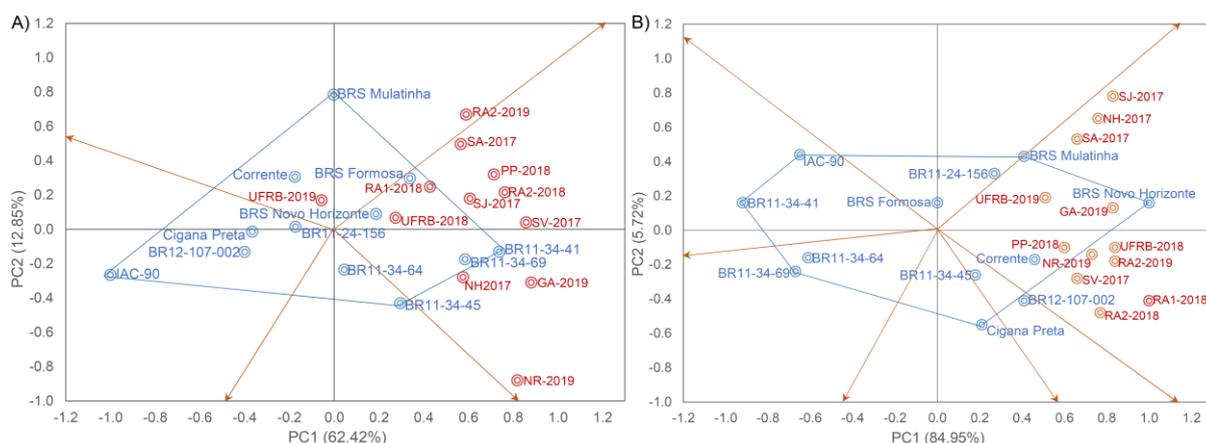


Figura 7. Biplots *which-won-where* (“qual ganhou onde”), GGE (efeitos principais do genótipo mais efeitos da interação do genótipo x ambiente) para: A) produtividade total de raízes de mandioca (PTR, t ha⁻¹) E; B) teor de matéria seca das raízes (DMC, %) B, obtidas da avaliação de 12 genótipos em 12 ambientes.

A linha de igualdade (setas em vermelho) separa o biplot em setores, e também representa os valores de igualdade entre dois genótipos em um dado

ambiente. Por exemplo, os genótipos IAC-90 e a BRS Mulatinha apresentaram valores iguais para PTR, em quaisquer colunas hipotéticas localizadas nesta linha. Para DMC os genótipos que formaram os vértices foram BR11-34-41, BR11-34-69, BR12-107-002, BRS Novo Horizonte, BRS Mulatinha, IAC-90 e Cigana Preta, sendo que o genótipo BRS Novo Horizonte foi o principal representante do vértice; portanto o genótipo com maior DMC em todos os ambientes.

Embora o polígono tenha seis setores, houve apenas a formação de um mega-ambiente, devido à menor influência ambiental para esta variável, além da variação dentro do ambiente ser maior do que entre grupos. A linha de igualdade demonstrou valores iguais entre IAC-90 e o genótipo BR11-34-41, em algum ambiente hipotético, dos ensaios avaliados.

Os ambientes foram separados por grupo de acordo com a projeção e comprimento do vetor no gráfico biplot, resultante dos efeitos de representatividade e do efeito discriminativo. Portanto, o ambiente com a maior capacidade de discriminação foi definido pelo comprimento de seu vetor no biplot, enquanto a representatividade foi medida pelo cosseno do ângulo entre o ambiente de teste e um ambiente ideal (YAN; HOLLAND, 2010).

Os ambientes do grupo 1 tiveram alta capacidade representativa (ambiente com médias consistentes, tendo como referência a coordenada média do ambiente (AEC) com baixo desvio padrão). Por exemplo, os ambientes UFRB-2018 e UFRB-2019 para PTR e ambientes PP-2018 e NR-2019 para DMC, apresentaram vetores curtos, portanto, podem ser classificados como representativos, ou seja, possuem maior estabilidade de performance ao longo dos anos, embora não sejam indicados para discriminar variações fenotípicas entre os genótipos. Por outro lado, os ambientes do grupo 2 (GA-2019 e SV-2017 para PTR e GA-2019 e UFRB-2018 para DMC) possuem vetores longos e apresentam pequeno ângulo com o eixo da AEC, sendo assim mais discriminantes e ideais para selecionar genótipos mais adaptados (alto rendimento). Os ambientes dos grupos 1 e 2 possuem correlações positivas entre si, dado ao ângulo menor que 90° ; portanto nestes ambientes os genótipos possuem respostas semelhantes, com repetibilidade ao longo dos anos e, portanto, o uso alternado destes ambientes possibilita perda mínima de informações.

Os ambientes do grupo 3 possuem vetores longos e ângulos grandes, sendo também bastante discriminantes (ambientes informativos, com capacidade de detectar as diferenças entre os genótipos, dado ao alto desvio padrão) embora sofram forte efeito da interação G×E, não sendo indicados para selecionar genótipos superiores. Entretanto, podem ser úteis para classificar melhor os genótipos quanto à sua instabilidade, ou ainda, selecionar genótipos com adaptação específica a determinados ambientes, a exemplo de NR-2019 e RA2-2019 para PTR e NH-2017, SJ-2017 e RA1-2018 para DMC, estes ambientes não estão correlacionados, pois os ângulos são maiores que 90° (YAN; TINKER, 2006).

DISCUSSÃO

Parâmetros genéticos nos ensaios VCU de mandioca

A mandioca é uma espécie alógama com alta taxa de polinização cruzada, o que confere alto grau de heterozigose no genoma dessa espécie (HALSEY et al., 2008). Como reflexo, observa-se alta variabilidade entre e dentro de progênes, sobretudo nos estádios iniciais e intermediários de seleção (CEBALLOS et al., 2012). Isso ajuda a explicar (adicionalmente ao componente ambiental), a significância e contribuição dos efeitos genotípicos (>35% e 64% para PTR e DMC, respectivamente) e da interação G×E (29% e 13%, para PTR e DMC, respectivamente) na expressão dos fenótipos. Portanto, os ensaios METs são fundamentais para identificar os efeitos da interação G×E, explorar respostas mais previsíveis a diversos ambientes, a estabilidade e adaptabilidade, a fim de obter progresso no melhoramento.

Variações elevadas da interação G×E foram relatadas na literatura para PTR e DMC com variância de 43.80% e 49.08%, respectivamente (ADJEBENG-DANQUAH et al., 2017; JIWUBA et al., 2020). De modo geral, o controle genético destas características ajuda a explicar estes resultados, pois a PTR é controlada por muitos genes (natureza quantitativa e poligênica) com forte influência ambiental (SSEMAKULA et al., 2007; WOLFE et al., 2016), que reflete na moderada herdabilidade no sentido amplo (h^2) (>0.45). Por outro lado, o controle genético da DMC tem sido reportado sob ação de poucos genes, com baixa variação entre genótipos e alta herdabilidade (h^2) (>0.75) (BENESI et al., 2005), como resultado da menor influência ambiental (CEBALLOS et al., 2015).

Em ensaios de VCU, a elevada variância genética é um componente importante para seleção de genótipos com diferentes padrões de resposta nos ambientes de cultivo para posterior recomendação de plantio. A análise de variância conjunta identificou elevada significância ($p < 0,01$) para o efeito de ambientes e da interação $G \times E$, com predominância da variação genética sobre a variação ambiental para DMC e situação inversa para a PTR. Resultados semelhantes foram reportados por Adjebeng-Danquah et al. (2017) ao analisarem a estabilidade e o desempenho de genótipos de mandioca em ensaios multi-ambientes em Gana na África, uma vez que estes autores mencionaram que os componentes genéticos, ambientais e da interação $G \times E$, responderam por aproximadamente 32.77%, 37.55 e 29.68% para PTR, enquanto para DMC foram 54.10%, 9.78% e 36.10%, respectivamente da variação fenotípica.

De acordo com os resultados, diferentes critérios devem ser aplicados para o desenvolvimento de novas variedades. Para PTR existem indícios de uma possível predominância de ação genética não aditiva com baixa h^2 , devendo-se aplicar métodos baseados em seleção fenotípica recorrente ou ainda explorar de forma simultânea os efeitos heteróticos pelo cruzamento entre pools genéticos distintos (TUMUHIMBISE et al., 2014). A maior h^2 para DMC e a possível predominância de efeitos aditivos dos genes possibilitam o uso de métodos simples de seleção fenotípica com maior intensidade de seleção e um número menor de ambientes, dada sua alta capacidade preditiva (WOLFE et al., 2016; ANDRADE et al., 2019). Portanto, as estimativas de herdabilidade auxiliam o melhorista a definir métodos de melhoramento, que sejam mais adequadas para cada característica, assim como estratégias de seleção, além do tipo de arranjo experimental, a fim de minimizar erros experimentais e maximizar os ganhos genéticos para cada ciclo de seleção (OLIVEIRA et al., 2015).

Potencial produtivo dos novos genótipos de mandioca

Apesar de possuírem controles genéticos contrastantes, nossos resultados sugerem que há possibilidade de ganhos para as duas características. O avanço genético como porcentagem da média (GAM) estima o avanço real, e embora PTR tenha demonstrado uma herdabilidade moderada, em função do efeito ambiental adverso quando comparado com DMC, pode-se obter ganhos significativos, devido à alta variação genética presente no germoplasma. Os

ganhos produtivos com a seleção dos melhores genótipos em relação às variedades testemunha, indicaram importantes progressos do melhoramento genético, mesmo diante do efeito significativo da interação G×E. Cinco dos seis novos clones avaliados apresentaram PTR acima de 24.6 t ha⁻¹ (BR11-24-156, BR11-34-41, BR11-34-64, BR11-34-69 e BR11-34-45). Dois clones altamente produtivos (BR11-24-156 e BR11-34-45) além do genótipo BR12-107-002 apresentaram DMC elevada (>36.69%). O genótipo BRS Novo Horizonte foi a testemunha com maior DMC, uma vez que os genótipos BR11-34-41 e BR11-34-69 apresentaram elevada PTR, embora tenham baixo DMC, 33.45% e 33.68%, respectivamente. Portanto, maiores esforços devem ser alocados na introgressão de alelos associados ao DMC nos novos clones de mandioca, visando a obtenção mais equilibrada de diversas características em um único genótipo (Tabela 6).

Na região de abrangência deste estudo, a mandioca possui alta importância econômica e social, considerando uma área de cultivo de cerca de 389 mil hectares, valor bruto de produção em torno de R\$ 1.12 bilhão, sendo a terceira maior região produtora de mandioca do Brasil. Entretanto, com produtividade de raízes muito baixas (9.80 t ha⁻¹) até mesmo quando comparadas com a média brasileira de 14.9 t ha⁻¹ (IBGE, 2021). Por outro lado, considerando os estudos atuais no Nordeste do Brasil, verifica-se a possibilidade de obter avanços genéticos com os novos genótipos de cerca de 14%, o que significa um acréscimo considerável na produtividade de raízes (cerca de 3,49 t ha⁻¹) em relação a média das variedades da região. Considerando o preço de R\$ 567,60 a tonelada (preço médio deflacionado nos últimos 10 anos), obteríamos um valor adicional de cerca de R\$1.980,00 ha⁻¹ com cultivo dos novos genótipos. Por outro lado, embora o *GAM* para DMC tenha sido menor (≈8.6%), poder-se-ia ter uma rentabilidade adicional na produção da fécula de mandioca de R\$2.660,0 ha⁻¹, considerando o preço médio deflacionado da fécula nos últimos 10 anos de R\$3.803,67 t⁻¹ (CEPEA et al., 2022) e uma produtividade de amido de 8,58 e 7,88 t/ha dos clones melhorados e as variedades locais analisadas neste estudo.

A mandioca apresenta ampla variação fenotípica, mesmo via propagação assexuada, devido entre outros fatores a baixa uniformidade do material vegetal e das condições edafoclimáticas [por exemplo, a precipitação neste estudo apresentou uma amplitude de 1198.3mm (UFRB-2018) a 689.43mm (RA2-2019)], o que resulta em elevada interação G×E (Figura 2). A alta variação entre os

ambientes avaliados, mesmo dentro de uma mesma região (estado da Bahia, Brasil), tendem a induzir respostas diferenciadas nos clones para completar seu ciclo fisiológico e produtivo, uma vez que a mandioca requer em torno de 400mm de chuva nos primeiros meses de plantio (1 a 5 MAP) e uma temperatura em torno de 25°C (DARYANTO et al., 2016). No entanto os dados meteorológicos foram bastante variáveis dentro dos anos e nos diferentes anos de avaliação dos ensaios, demonstrando a alta adaptabilidade e resiliência da mandioca frente às variações climáticas (EL-SHARKAWY, 2007, 2012; TIRONI et al., 2019; DWAMENA et al., 2022).

A extensão da influência ambiental pode ser quantificada pela amplitude e a razão entre o coeficiente de variação genotípico *CVG* e o coeficiente de variação fenotípico *CVP*, valores inferiores a 1 é uma situação desfavorável para a seleção (AKINWALE et al., 2011). Como consequência, tanto PTR quanto DMC apresentaram valores mais elevados de *CVP* em relação à *CVG*, sendo este um importante indicativo do efeito ambiental, demonstrando que a variabilidade não é apenas de natureza genética, embora este efeito tenha sido muito mais pronunciado para PTR com *CVG* de 17.18 e *CVP* de 25.53, e menos expressivo para DMC com *CVG* 5.14 e *CVP* de 5.84. Menores valores de *CVG* para DMC também foi relatado por outros autores, a exemplo de Peprah et al. (2020) que reportaram significância para o efeito genotípico para variáveis produtivas de raízes e DMC, com valores de *CVG* e *CVP* de 15.58 e 17.63 para PTR e 8.0 e 8.5 para DMC, respectivamente. Em outro estudo os autores reportaram *CVP* de maior magnitude para PTR e DMC (KUNDY et al., 2015; EWA et al., 2017).

Em suma, situações como essa dificultam a seleção direta dos melhores genótipos, quando se espera obter progressos genéticos nos programas de melhoramento, e, portanto, as estratégias para obtenção de genótipos com alta performance e estabilidade para cada característica devem ser diferentes. Alternativamente é sugerido, selecionar genótipos para ambientes específicos, como forma de obter resultados mais promissores, quanto a performance e a estabilidade, por diferentes métodos, tanto para PTR quanto para DMC.

Comparação entre os métodos de análise da estabilidade e adaptabilidade

Na comparação entre os métodos de estudo da interação G×E, a maior explicação da variância genética sobre o efeito ambiental contribui para que os

métodos de análise da estabilidade fenotípica sejam mais concordantes na classificação dos genótipos de mandioca. Por exemplo, para PTR, 47% dos métodos classificaram o melhor genótipo entre 1º e 2ª colocação, enquanto para DMC este percentual foi mais elevado (72%). Altas estimativas de efeito ambiental podem reduzir a eficiência dos modelos em explicar a interação G×E.

Os métodos de estabilidade visam explicar e explorar as evidências e padrões biológicos presentes nos genótipos e nos ambientes. No agrupamento PCA foi utilizado para explorar a relação existente entre os diferentes métodos e as variáveis em estudo, por exemplo DMC apresentou todos os modelos com cargas positivas ao longo do PC1, enquanto PTR as cargas foram de diferentes sentidos, demonstrando que a ordem de classificação dos genótipos foi mais discrepante. Portanto, combinar diferentes métodos de estabilidade parece ser uma abordagem mais interessante para explorar a interação G×E, embora publicações mais recentes tenham demonstrado que há uma forte tendência do uso de modelos mistos para explorar a interação G×E (VAN EEUWIJK et al., 2016).

Particularmente, no agrupamento PCA houve uma clara distinção do grupo I, onde foram alocados os métodos mais correlacionados com PTR e DMC, que estão associados ao conceito de estabilidade agrônômica (dinâmico), na qual o genótipo é considerado estável se sua resposta é consistente as mudanças no ambiente. Nesse caso, os genótipos do grupo I possuem alta capacidade de reação a estímulos ambientais, sendo recomendados para cultivo em áreas comerciais com elevado nível tecnológico.

No conceito agrônômico de estabilidade, não é necessário que as respostas genotípicas às condições ambientais sejam iguais para todos os genótipos, permitindo a seleção do genótipo de melhor desempenho (BECKER, 1988). Por exemplo, os genótipos BR11-34-41 e o BR11-34-69 se enquadram nesse conceito para PTR, enquanto BRS Novo Horizonte e Corrente se enquadram no conceito agrônômicos de estabilidade para DMC. Portanto, esses genótipos podem ser recomendados para plantio, tanto em ambientes favoráveis, quanto desfavoráveis ou ainda, ambientes imprevisíveis já que respondem às melhorias ambientais, corroborado pelos parâmetros $li(g)$ índice de confiança genotípica em relação a todos os ambientes, $li(f)$ ambientes favoráveis e $li(d)$ ambientes desfavoráveis (Annicchiarico, 1992). Genótipos estáveis e com ampla adaptação

alocados no grupo I apresentam alta performance agrônômica, tanto em ambientes favoráveis quanto em desfavoráveis, enquanto genótipos adaptáveis tenderiam a aumentar seu rendimento somente em ambientes específicos (ADETORO et al., 2021).

Os outros grupos cuja associação com as características analisadas é considerada fraca ou nula, a exemplo dos grupos II e III, foram classificados com estabilidade estática (biológica) para PTR e dinâmica para DMC (embora com fraca associação).

A magnitude da variância dos genótipos apresentou elevada influência nos métodos de estabilidade. Por exemplo, no grupo II foram alocados os métodos ASV (AMMI), GGE e WAASB, indicados para seleção simultânea entre performance agrônômica e estabilidade produtiva. Entretanto, para PTR e DMC que apresentaram maior (29.47%) e menor variância da interação G×E (13.83%), os métodos ASV, GGE e WAASB foram alocados como de estabilidade estática e estabilidade dinâmica, respectivamente. Portanto para PTR a performance foi penalizada em virtude da alta heterogeneidade entre os genótipos (alto efeito ambiental, demonstrado pela alta dispersão dos métodos no biplot, além da razão $CVg/CVr < 1$, desfavorável a seleção), o que não ocorreu para DMC. De fato, a estabilidade dinâmica tem sido relatada em mandioca por outros autores (TUMUHIMBISE et al., 2014; CHIPETA et al., 2017).

Uma segunda hipótese levantada por Flores et al. (1998) é que métodos de seleção simultânea tendem a correlacionar-se no grupo 2, por ser um grupo intermediário, entre G1 (rendimento) e G3 (estabilidade). Outros estudos confirmaram esta hipótese com estabilidade estática em trigo (MOHAMMADI; AMRI, 2007 – ASV = 0.17; VERMA et al., 2020, WAASB = 0.23; BORNHOFEN et al., 2017, GGE = 0.09 e AMMI = 0.12) e em arroz (SHARIFI et al., 2021, ASV = -0.10).

Com base nesses grupos, os genótipos tendem a apresentar uma resposta constante frente à variação ambiental sem responder aos estímulos ambientais. Isso favorece a recomendação para regiões onde as condições de cultivo podem ser mais desfavoráveis ao cultivo da mandioca. A seleção baseada nestes métodos de estabilidade seria menos acurada quando o rendimento é o principal alvo de seleção, por estarem relacionados ao conceito estático (BECKER et al., 1988).

Com base nos métodos alocados nos grupos 2 e 3, os genótipos BR11-24-156 e BR11-34-64 poderiam ser recomendados para plantio em propriedades com baixa utilização de insumos agrícolas e tecnologia, pois embora sejam competitivos nestas condições (24.64 e 26.53 t ha⁻¹ de PTR, respectivamente), eles não respondem às melhorias ambientais, levando-se em consideração os parâmetros $E\&R - S^2d$ = desvio da regressão, $E\&R - RMSE$ = erro quadrático médio e $E\&R - R^2$ = coeficiente de determinação da regressão (EBERHART; RUSSELL, 1966). Por outro lado, todos esses genótipos foram relacionados ao conceito dinâmico para DMC, embora houvesse a formação de grupos distintos.

Tanto o conceito quanto a correlação entre os métodos de estabilidade e adaptabilidade podem variar de acordo a característica avaliada, no entanto, o uso de métodos com abordagens divergentes formando os agrupamentos permite maior segurança na seleção, o qual deve ser realizado de acordo com o objetivo do programa de melhoramento. Vale ressaltar, que os métodos que quantificam estabilidade e rendimento simultaneamente tendem a apresentar melhores resultados em relação aos que fornecem apenas informações sobre sua estabilidade.

Grande parte dos métodos paramétricos requer homogeneidade de variância para análise da interação G×E, enquanto os métodos não paramétricos são livres dessa pressuposição e, portanto, tendem a reduzir o viés causado por outliers presente nos ensaios METs. Assim, a suposição sobre a distribuição dos dados tem pouco ou nenhum efeito nos resultados nos métodos não paramétricos, além de permitir uma fácil interpretação para uso complementar (AGUSTINA et al., 2020). Por outro lado, algumas limitações dos modelos não paramétricos nas análises multivariadas e a dificuldade na implementação de gráficos biplot para melhor visualização da interação G×E tem sido relatado (AGYEMAN et al., 2015).

O uso dos métodos de estabilidade alocados no grupo I a exemplo de *HMGV* e *Si*⁶, podem ajudar os melhoristas de mandioca na seleção dos melhores genótipos nos ensaios VCUs para posterior recomendação de cultivo, já os métodos mais relacionados à estabilidade estática, podem ser utilizados na seleção de genitores para cruzamentos no melhoramento (KADHEM et al., 2010; RAHADI et al., 2013). Tendo em vista a hipótese levantada de que a variância entre os genótipos pode afetar o poder discriminante dos métodos, tanto o *Pi* quanto o *Si*⁶ podem ser utilizados na presença de maior heterogeneidade de

variância em genótipos e ambientes, enquanto que os parâmetros $E\&R$ – S^2di, R^2 e $RMSE$, são os mais indicados quando a variância for de baixa magnitude, pois tendem a separar a estabilidade biológica da agrônômica de forma concisa e confiável.

Seleção via índice multivariado AMMI x GGE x WAASB x HMGV para performance, estabilidade e adaptabilidade

Uma estratégia importante no programa de melhoramento de plantas para contornar as diferenças nas classificações dos genótipos, é explorar a estabilidade e adaptabilidade ampla ou específica dada a natureza significativa da interação $G \times E$, com base em abordagens paramétricas (uni e multivariado) e não paramétricas (NASSAR; HUEHN, 1987). A utilização conjunta destas abordagens tem sido explorada na maioria dos programas de melhoramento, devido às suas particularidades e benefícios, além das ferramentas gráficas que permitam uma visualização eficiente da interação $G \times E$. Contudo, a repetibilidade, similaridade e poder de análise dos métodos, precisam ser mais explorados em diferentes culturas (MOHAMMADI; AMRI, 2016).

Dentre os modelos multivariados, o AMMI é uma das principais ferramentas estatística para entendimento da interação $G \times E$ por separar e explorar os efeitos principais (variância aditiva) da interação (multiplicativa), identificando adaptações específicas por meio da magnitude e sinais dos escores, assim como genótipos e ambientes estáveis, dado pelas pontuações próximos de zero nos eixos IPCA1 e IPCA2 (GAUCH, 1992, 2013; SILVA; BENIN, 2012). Já o método GGE remove o efeito de ambiente e expressa somente a resposta em função do efeito do $G + G \times E$. Essa metodologia permite identificar adaptações ampla e/ou específica por meio da distância do genótipo (ambiente) da origem do biplot, além da existência de megaambientes, que são conjuntos de ambientes que compartilham as mesmas características edafoclimáticas, além do poder de discriminação e representatividade dos ambientes de teste, dado pelo tamanho e ângulo dos vetores (YAN; TINKER, 2006).

Tanto AMMI quanto GGE podem explorar variâncias e correlações genéticas entre pares de genótipos e ambientes, estes têm por finalidade distinguir o padrão da interação $G \times E$ do erro aleatório, e estes mostraram-se eficientes por capturar uma alta proporção da $SQ_{G \times E}$ (>40%), e identificaram genótipos estáveis e

adaptáveis aos diferentes ambientes. Entretanto, no presente estudo, o GGE explicou maior proporção da variância total para PTR (75.27%) e para DMC (90.66%) em comparação com o método AMMI que captou 53.53% e 59.21%, respectivamente. Resultados semelhantes foram reportados por Agyeman et al. (2015) ao avaliarem 10 genótipos de mandioca em 6 ambientes. Estes resultados podem ser devidos a: i) ausência da propriedade do produto interno de vetores no AMMI, ii) ao fato do GGE não explorar diretamente os efeitos principais, o que pode aumentar o efeito do ruído no modelo devido à $G \times E$, resultando em maior proporção dessa soma de quadrados, ou iii) maior precisão do modelo GGE em descobrir padrões da interação $G \times E$ (AGYEMAN et al., 2015; YAN, 2016).

Ensaio multi-ambientes prévios, tanto na fase de seleção clonal de avaliação quanto em ensaios de VCU, também reportaram maior captação da soma de quadrados na metodologia GGE (85%) em relação a AMMI (72%) (ESUMA et al., 2016; RAD et al., 2013). Levando em consideração a seleção simultânea, com interação $G \times E$ tendendo a zero, os métodos AMMI e GGE identificaram os genótipos BR11-34-69 e BRS Novo Horizonte, respectivamente, como os de maior PTR e estabilidade. Por outro lado, o genótipo BRS Novo Horizonte foi o que apresentou maior DMC e estabilidade para os modelos AMMI e GGE (adaptação geral, média maior que a média geral e IPCA próximo a zero), embora a Corrente também tenha apresentado características semelhantes pelo método GGE. Entretanto nem sempre a maior explicação da $SQ_{G \times E}$, confere superioridade ao método GGE, uma vez que a maior captação da variância total não representa maior precisão na seleção de genótipos superiores, em função da manutenção de ruídos no modelo (KVITSCHAL et al., 2009; YAN et al., 2016).

O índice WAASB combina em um único modelo, recursos das técnicas AMMI e BLUP, para selecionar genótipos quanto à sua estabilidade e performance agronômica. Neste estudo foram utilizados pesos iguais para desempenho médio e estabilidade (50%), tanto para PTR quanto DMC. O índice WAASB apresenta algumas vantagens, pelo fato de ser baseado em modelos mistos, ser flexível na escolha dos pesos econômicos de acordo o interesse do melhorista, permitir que os padrões da interação $G \times E$ sejam explorados por mais PCs, além da menor sensibilidade aos outliers que são inerentes aos ensaios METs (OLIVOTO et al., 2019). No biplot os genótipos e ambientes são dispostos em quatro grupos, o primeiro inclui genótipos improdutivos e instáveis, enquanto o

segundo representa os genótipos produtivos e instáveis (ambos apresentam alta interação G×E e ambientes discriminativos), o terceiro inclui baixa produtividade, e o quarto alta produtividade (ambos com menor valor de WAASB, amplamente adaptados e baixa capacidade de discriminação) (OLIVOTO et al., 2019). Com base nesse cenário, a BRS Novo Horizonte se destacou no grupo IV, assim como o ambiente PP-2018 para as duas características.

Por fim, a média harmônica dos valores genotípicos (HMGV) com base nos BLUPs, possui como pontos positivos, a maior flexibilidade para lidar com a heterogeneidade de variâncias e covariâncias entre os ambientes, eliminação do ruído da interação G×E, resultados gerados na escala da própria característica e o fato de levar em consideração a herdabilidade na estimativa do modelo com seleção simultânea para performance e estabilidade genotípica. Portanto, quando o genótipo apresenta um pequeno desvio dentro e entre locais é considerado estável (RESENDE 2007a). Assim, o HMGV destacou o genótipo BR11-34-41 e a BRS Novo Horizonte como os genótipos mais importantes para aumento na PTR e DMC, respectivamente.

Caracterização de ambientes contrastantes e mega-ambientes via GGE

Os ambientes diferem no que diz respeito à qualidade e quantidade dos recursos disponibilizados para a planta, além das condições climáticas, que resultam em expressão fenotípica diferenciada dos genótipos devido a condições imprevisíveis do ambiente (covariáveis ambientais). Quantificar e explorar as variações ambientais são imprescindíveis na determinação do perfil de desempenho do genótipo, tendo em vista que a expressão do potencial produtivo só será alcançada quando as condições edafoclimáticas ideais forem atendidas (MALOSETTI et al., 2013). A identificação e classificação de genótipos e ambientes apropriados para o cultivo é de fundamental importância para o programa de melhoramento de qualquer espécie porque orienta na recomendação regionalizada dos melhores genótipos no conjunto alvo de ambientes para os quais as inferências e previsões sejam válidas e precisas (VAN EEUWIJK et al., 2016).

De modo geral, os ambientes ideais devem discriminar os efeitos genotípicos e ainda serem representativos dos mega-ambientes, que são definidos como uma região de cultivo que possui características razoavelmente

homogêneas, mas não área necessariamente contígua que faz com que genótipos semelhantes tenham o melhor desempenho (YAN; RAJCAN, 2002; YAN et al., 2016). Em cada mega-ambiente, os efeitos da interação G×E são limitados ou não significativos, de tal forma que as condições edafoclimáticas tendem a ser semelhantes, pois promovem respostas fenotípicas equiparáveis em grupos de genótipos com ângulos menores que 90° (dentro do mega-ambientes), enquanto que ângulos maiores que 90° são típicos de ambientes não correlacionados e ângulos maiores que 180° indicam correlação negativa com condições edafoclimáticas distintas, como observado entre UFRB-2019 e NR-2019 para PTR, embora mais de 70% dos ambientes apresentaram alta correlação entre si (YAN et al., 2016).

As condições climáticas tendem a exercer maior influência na expressão fenotípica dos genótipos em comparação com as condições edáficas, como pode ser visto nos ambientes UFRB-2019 e NR-2019 (>precipitação e <temperaturas), que apresentaram com resposta distinta entre as características, ou seja, vetores longos no biplot AMMI para PTR e vetores curtos no biplot GGE para DMC, resultando em alta instabilidade para PTR e alta estabilidade para DMC. Por outro lado, houve alta homogeneidade entre as covariáveis ambientais (temperatura e precipitação) o que pode ter resultado na alta correlação entre os ambientes com padrões de fraca ou nula interação G×E (Figura 2). Em sorgo, Oliveira et al. (2020b) relataram que séries históricas de dados climáticos podem orientar na recomendação e classificação de genótipos e ambientes alvo, sendo que a performance agrônômica foi afetada pela precipitação e temperatura, resultando em mudança na sua classificação.

As linhas perpendiculares nos mega-ambientes são desenhadas a partir da origem do biplot dividindo o polígono em setores. Os genótipos no vértice do polígono podem ser os de maior desempenho, quando apresentarem um ou mais ambientes associados, ou então os de pior desempenho caso não tenham nenhum ambiente neste setor (YAN et al., 2016; VAN EEUWIJK et al., 2016). Quando todos os ambientes avaliados estão no mesmo setor, é indicativo de que um único genótipo apresenta alto rendimento em todos os ambientes, como no caso da BRS Novo Horizonte, que foi alocada no vértice com os maiores valores de DMC em todos os ambientes, e também pode ser utilizada como referência para avaliação genotípica. Achados semelhantes foram relatados por Adetoro et

al. (2021), em que DMC apresentou cinco setores ao todo, e apenas um mega-ambiente foi identificado, demonstrando a estabilidade e alta performance deste genótipo, e indicadores de alta correlação entre os ambientes.

De forma contrária, se os ambientes estão em setores distintos, isso indica que houve mais de um genótipo com alto rendimento em diferentes ambientes, a exemplo do que ocorreu com a característica PTR, na qual houve a formação de dois mega-ambientes tendo o genótipo BR11-34-41 as maiores produtividades de raízes em um total de nove ambientes, a exemplo do NR-2019 e UFRB-2018 que apresentaram vetor longo (alta interação $G \times E$) e vetor curto (baixa interação $G \times E$), demonstrando boa capacidade discriminativa e representativa, respectivamente desses ambientes (YAN, 2016; VAN EEUWIJK et al., 2016).

Por fim, a recomendação de um genótipo que agrega alta performance agrônômica em todas as variáveis e que tenha estabilidade e adaptabilidade é uma tarefa complexa, embora o presente estudo tenha demonstrado que os novos genótipos de mandioca possuem desempenho superior às testemunhas, frente às mudanças ambientais. A repetibilidade, confiabilidade e adequação dos métodos devem ser mais exploradas, a fim de estabelecer métodos alternativos que assegurem ao melhorista a ampla utilização nos ensaios em multi-ambientes.

Perspectivas futuras

Identificar genótipos com alto desempenho associado à maior estabilidade fenotípica é um dos principais objetivos do programa de melhoramento. Entretanto, os ensaios METs têm por característica o número desequilibrado de genótipos ao longo dos diferentes anos de avaliação, em virtude do descarte daqueles de pior desempenho e inclusão de novos clones nos diferentes anos de cultivo. Isso resulta em pouca eficiência dos métodos de efeito fixo, e, portanto a exploração da interação $G \times E$, pode ser mais precisa com base no uso de modelos mistos, incluindo abordagens mais modernas como os índices MPS e MTMPS (OLIVOTO et al., 2019), que considera performance e estabilidade para multi-trait, importante para identificação de genótipos superiores que agregue múltiplas características de interesse agrônômico (inclusive de qualidade nutricional das raízes e doenças), por meio de diferentes índices de estabilidade. Tudo isso, com intuito de aumentar a eficiência na recomendação de novos

genótipos e explorar melhor os efeitos ambientais, sobretudo para características de maior complexidade e influência ambiental como PTR.

CONCLUSÃO

A recomendação de genótipos que agreguem alto rendimento para todas as variáveis e que ao mesmo tempo possua estabilidade e adaptabilidade é uma tarefa complexa, tendo em vista a natureza e significância da interação G×E. Entretanto, mesmo lidando com genótipos em fase final de validação o presente estudo foi capaz de selecionar aqueles de alta performance agronômica, com os parâmetros genéticos evidenciando o potencial de ganho com a seleção dos melhores genótipos (BR11-34-41 e BR11-34-69) ($>32 \text{ t ha}^{-1}$) e aqueles com alto teor de matéria seca nas raízes (BR12-107-002 e BR11-24-156) ($>37 \%$), que juntamente do genótipo BRS Novo Horizonte foram os mais produtivos em comparação com as testemunhas. Com base em diferentes métodos, 72% deles identificaram o genótipo BRS Novo Horizonte como aquele de maior estabilidade e performance (DMC), enquanto que 47% identificaram os genótipos BR11-34-41 e BR11-34-69 apresentam potencial para lançamento comercial com elevada PTR e teores intermediários de DMC. Correlações positivas e altamente significativas entre os métodos paramétricos e não paramétricos foram agrupadas para melhor entender sua capacidade de explorar a interação G×E. Quatro grupos foram formados de acordo ao conceito de estabilidade, sendo que o primeiro deles estava bastante correlacionado com as características em análise (estabilidade agronômica). O genótipo BR11-24-156 apresentou alta estabilidade estática para 50% dos métodos (grupo II, III e IV), embora não possa ser recomendado para ambientes favoráveis devido ao baixo valor de PTR nessas condições, podendo nesse caso, ser usado como parental no programa de melhoramento. A abordagem multivariada (AMMI, GGE e WAASB), foram eficientes e complementares para o estudo da G×E e seleção simultânea, tendo o genótipo BR11-24-156 apresentando estabilidade estática e a BRS Novo Horizonte (dinâmica) para PTR, enquanto que para DMC a BR11-34-69 e BR12-107-002 apresentaram estabilidade estática e a BRS Novo Horizonte estabilidade dinâmica. Portanto estes métodos podem ser utilizados de forma complementar e simultânea para a seleção de genótipos, aumentando a confiabilidade do

melhorista na recomendação de genótipos superiores no melhoramento genético de mandioca.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

ADJEBENG-DANQUAH, J.; MANU-ADUENING, J.; GRACEN, V.E.; ASANTE, I. K.; OFFEI, S.K. AMMI stability analysis and estimation of genetic parameters for growth and yield components in cassava in the forest and Guinea Savannah ecologies of Ghana. **International Journal of Agronomy**, v.2017, p.1-10, 2017. <https://doi:10.1155/2017/8075846>

ADETORO, N.A; OWORU, O.O.; NASSIR, A.L.; BELO, A.; PARKES, E.; OGUNBAYO, S.A.; AKINWALE, M.G.; AINA, O.O.; AFOLABI, A.; ILUEBBEY, P.; SANNI, L.O.; MAZIYA-DIXO, B.; DIXON, A.; KULAKOW, P. Evaluation of improved cassava genotypes for yield and related traits for a better breeding strategy under different agroecologies in Nigeria. **Euphytica**, v.217, n.73, 2021. <https://doi.org/10.1007/s10681-021-02798-9>

AGUSTINA, A.F.; KHUMAIDA, N.; SINTHO WAHYUNING ARDIE, W.S.; MUHAMAD, S. Nonparametric stability analysis of starch content of gamma irradiated cassava at three locations in West Java, Indonesia. **Journal of Tropical Crop Science**, v.7, n.2, p.66-74, 2020. <https://doi.org/10.29244/jtcs.7.02.66-74>

ANDRADE, L.R.B.; SOUSA, M.B.; OLIVEIRA, E.J.; RESENDE, M.D.V.; AZEVEDO, C.F. Cassava yield traits predicted by genomic selection methods. **Plos One**, v.14, n.11, 2019. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0224920>

ARNHOLD, E. Package in the R environment for analysis of variance and complementary analyses. **Brazilian Journal of Veterinary Research and Animal Science**, v.50, n.6, p.488-492, 2013. <https://doi.org/10.11606/issn.1678-4456.v50i6p488-492>

ALWALA, S.; KWOLEK, T.; MCPHERSON, M.; PELLOW, J.; MEYER, D.A. Comprehensive comparison between Eberhart and Russell joint regression and GGE biplot analyses to identify stable and high yielding maize hybrids. **Field**

Crops Research, v.119, p.225-230, 2010.
<http://dx.doi.org/10.1016/j.fcr.2010.07.010>

AGYEMAN, A.; PARKES, E.; PEPRAH, B. AMMI and GGE biplot analyses of root yield performance of cassava genotypes in forest and coastal ecologies. **International Journal of Agricultural Policy**, v.3, p.122-132, 2015.
<https://doi:10.15739/IJAPR.034>

AKINWALE, M.G.; AKINYELE, B.O.; ODIYI, A.C.; DIXON, A.G.O. Genotype x environment interaction and yield performance of 43 improved cassava (*Manihot esculenta* Crantz) genotypes at three agro-climatic Zones in Nigeria. **British Biotechnology Journal**, v.1, n.3, p.68-84, 2011. <https://doi10.9734/BBJ/2011/475>

ANNICCHIARICO, P. Cultivar adaptation and recommendation from alfalfa trials in Northern Italy. **Journal of Genetics and Plant Breeding**, v.46, n.3, p.269-278, 1992.

BENESI, I.; LABUSCHAGNE, M.; DIXON, A.; MAHUNGU, N. Genotype x environment interaction effects on native cassava starch quality and potential for starch use in the commercial sector. **African Crop Science Journal**, v.12, p.205-216, 2005. <https://doi: 10.4314/acsj.v12i3.27880>

BECKER, H. C.; LEON, J. Stability analysis in plant breeding. **Plant breeding**, v.101, n.1, p.1-23, 1988. <https://doi.org/10.1111/j.1439-0523.1988.tb00261.x>

CHIPETA, M.M.; MELIS, R.A.; SHANAHAN, P.E; SIBIYA, J.; BENESI, I.R. Genotype x environment interaction and stability analysis of cassava genotypes at different harvest times. **The Journal of Animal & Plant Sciences**, v.27, n.3, p.901-919, 2017.

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

DARYANTO, S.; WANG, L.; JACINTHE, P.A. Drought effects on root and tuber production: A meta-analysis. **Agricultural Water Management**, v.176, p.122-131, 2016. <https://doi.org/10.1016/j.agwat.2016.05.019>

DIA, M.; WEHNER, T.C.; HASSELL, R.; PRICE, D.S.; BOYHAN, G.E.; OLSON, S.; TOLLA, G.E. Genotype x environment interaction and stability analysis for watermelon fruit yield in the United States. **Crop Science**, v.56, n.4, p.1645-1661, 2016. <https://doi.org/10.2135/cropsci2015.10.0625>

EBERHART, S.A.; RUSSELL, W.A. Stability parameters for comparing varieties. **Crop Science**, v.6, n.1, p.36-40, 1966. <https://doi.org/10.2135/cropsci1966.0011183X000600010011x>

EL-SHARKAWY, M.A. Physiological characteristics of cassava tolerance to prolonged drought in the tropics: Implications for breeding cultivars adapted to seasonally dry and semiarid environments. **Brazilian Journal of Plant Physiology**, v.19, n.4, p.257-286, 2007. <https://doi.org/10.1590/S1677-04202007000400003>

EL-SHARKAWY, M.A. Stress-tolerant cassava: the role of integrative ecophysiology-breeding research in crop improvement. **Open Journal of Soil Science**, v.2, n.2, p.162-186, 2012. <http://dx.doi.org/10.4236/ojss.2012.22022>.

ESUMA, W.; KAWUKI, R.S.; HERSELMAN, L.; LABUSCHAGNE, M.T.; Stability and genotype by environment interaction of provitamin A carotenoid and dry matter content in cassava in Uganda. **Breeding Science**, v.66, n.3, p.434-43, 2016. <https://doi.org/doi:10.1270/jsbbs.16004>.

EWA, F.; NWOPIA, E.; EGESI, C.; OLASANMI, B.; OKOGBENIN, E. Genetic variability, heritability and variance components of some yield and yield related traits in second backcross population (BC2) of cassava. **African Journal of Plant Science**, v.11, n.6, p.185-189, 2017. <https://doi.org/10.5897/AJPS2015.1324>

DWAMENA, H.A.; TAWIAH, K.; KODUA, A.S.A. The effect of rainfall, temperature, and relative humidity on the yield of cassava, yam, and maize in the ashanti region of Ghana. **International Journal of Agronomy**, v.2022, n.1, p.1-12, 2022. <https://doi.org/10.1155/2022/9077383>

FARSHADFAR, E.; SABAGHPOUR, S.H.; ZALI, H. Comparison of parametric and non-parametric stability statistics for selecting stable chickpea (*Cicer arietinum*'L.) genotypes under diverse environments. **Australian Journal of Crop Science**, v.6, n.3, p.514-524, 2012.

FAOSTAT. **Food and Agricultural Organization of the United Nations Online Statistics Database**. 2020. Disponível em: <http://www.fao.org/faostat/en/#data/FBS>, acesso em 10 de Fevereiro de 2022.

FOTSO, A.P.; HANNA, R.; KULAKOW, P.; PARKES, E.; ILUEBBEY, P.O.; NGOME, F.A.; SUH, C.; MASSUSSI, J.; CHOUTNJI, I.; WIRNKAR, V.L. AMMI analysis of cassava response to contrasting environments: case study of genotype by environment effect on pests and diseases, root yield, and carotenoids content in Cameroon. **Euphytica**, v.214, n.9, p.155-167, 2018. <https://doi.org/10.1007/s10681-018-2234-z>

FINLAY, K.W.; WILKINSON, G.N. The analysis of adaptation in a plant-breeding programmer. Australian. **Journal of Agricultural Research**, v.14, n.6, p.742-754, 1963. <http://dx.doi.org/10.1071/AR9630742>

FRUTOS, E.; GALINDO, M.P.; LEIVA, V. An interactive biplot implementation in R for modeling genotype-by-environment interaction. **Stochastic Environmental Research and Risk Assessment**, v.28, n7, p.1629-1641, 2013. <https://doi.org/10.1007/s00477-013-0821-z>

FLORES, F.; MORENO, M.T.; CUBERO, J.I.A comparison of univariate and multivariate methods to analyze G x E interaction. **Field crops research**, v.56, n.3, p.271-286, 1998. [https://doi.org/10.1016/S0378-4290\(97\)00095-6](https://doi.org/10.1016/S0378-4290(97)00095-6)

GAUCH, H.G. Statistical analysis of regional yield trial: AMMI analysis of factorial designs. **Elsevier Science**, v.51, n.2, p.242-244, 1992.

GAUCH, H.G. A simple protocol for AMMI analysis of yield trials. **Crop Science**, v.53, n.5, p.1860-1869, 2013. <https://doi.org/10.2135/cropsci2013.04.0241>

HALSEY, M.E.; OLSEN, K.M.; TAYLOR, N.J.; CHAVARRIAGA-AGUIRRE, P. Reproductive biology of cassava and Isolation of Experimental Field Trials. **Crop Science**, v.48, n.1, p.49–59, 2008. <https://doi.org/10.2135/cropsci2007.05.0279>

HARDWICK, R.C.; WOOK, J.T. Regression methods for studying genotypes environment interactions. **Heredity**, v.28, n.2, p.209-222, 1972. <https://doi.org/10.1038/hdy.1972.26>

[IBGE] **Instituto Brasileiro de Geografia e Estatística**. (2021). Dados de previsão de safra, Levantamento Sistemático da Produção Agrícola: mandioca. Acesso Fevereiro de 2022. <https://sidra.ibge.gov.br/home/pnadcm>

JIWUBA, L.; DANQUAH, A.; ASANTE, I.; BLAY, E.; ONYEKA, J.; DANQUAH, E.; EGESI, C. Genotype by environment interaction on resistance to cassava green mite associated traits and effects on yield performance of cassava genotypes in Nigeria. **Frontiers in Plant Science**, v.11, 2020. <https://doi.org/10.3389/fpls.2020.572200>

KAWANO, K.; FUKUDA, W.M.G.; CENPUKDEE, U. Genetic and environmental effects on dry matter content of cassava root. **Crop Science**, v.27, n.1, p.69-74, 1987. <https://doi.org/10.2135/cropsci1987.0011183X002700010018x>

KVITSCHAL, M.V.; VIDIGAL FILHO, P.S.; SCAPIM, C.A.; GONÇALVES-VIDIGAL, M.C.; SAGRILO, E.; PEQUENO, M.G.; RIMOLDI, F. Comparison of methods for phenotypic stability analysis of cassava (*Manihot esculenta* Crantz) genotypes for yield and storage root dry matter content. **Brazilian Archives of Biology and Technology**, v.52, n.1, p.163-175, 2009. <https://doi.org/10.1590/S1516-89132009000100022>

KUNDY, A.; MKAMILO, G.S.; MISANGU, R.N. Genetic variability among six traits in twelve cassava (*Manihot esculenta* Crantz) genotypes in Southern Tanzania. **Journal of Natural Sciences Research**, v.5, n.12, p.33-38, 2015.

LIN, C.S.; BINNS, M.R. A superiority measure of cultivar performance for cultivar x location data. **Canadian Journal of Plant Science**, v.68, n.1, p.193-198, 1988. <https://doi.org/10.4141/cjps88-018>

MALOSETTI, M.; RIBAUT, J.M.; VAN EEUWIJK, F. A. The statistical analysis of multi-environment data: modeling genotype-by-environment interaction and its genetic basis. **Frontiers in Physiology**, v.4, p.44, 2013. <https://doi.org/10.3389/fphys.2013.00044>

MASINDE, E.A.; MKAMILLO, G.; OGENDO, J.O.; HILLOCKS, R.; MULWA, R.M.S.; KIMATA, B.; MARUTHI, M.N. Genotype by environment interactions in identifying cassava (*Manihot esculenta* Crantz) resistant to cassava brown streak disease. **Field Crops Research**, v.215, p.39-48, 2018. <https://doi:10.1016/j.fcr.2017.10.001>

MAROYA, N.G.; KULAKOW, P.; DIXON, A.G.O.; MAZIYA-DIXON, B.B. Genotype x environment interaction of mosaic disease, root yields and total carotene concentration of yellow-fleshed cassava in Nigeria. **International Journal of Agronomy**, v.2012, p.1-8, 2012. <https://doi.org/10.1155/2012/434675>

MENDIBURU, F. **Statistical Procedures for Agricultural Research**. Package 'Agricolae,' version 1.3.3 Comprehensive R Archive Network, Institute for Statistics and Mathematics, 2021. <http://cran.r-project.org/web/packages/agricolae/agricolae.pdf>.

MOHAMMADI, R.; AMRI, A. Genotype x environment interaction implication: a case study of durum wheat breeding in Iran. In Advances in plant breeding strategies: Agronomic, abiotic and biotic stress traits. **Springer International Publishing**, p.515-558, 2016. https://dx.doi.org/10.1007/978-3-319-22518-0_14

MOHAMMADI, R.; AMRI, A. Genotypex environment interaction and genetic improvement for yield and yield stability of rainfed durum wheat in Iran. **Euphytica**, v,192, n.2, p.227-249, 2013. <https://10.1007/s10681-012-0839-1>

MTUNGUJA, M.; LASWAI, H.; KANJU, E.E.; NDUNGURU, J. Effect of genotype and genotype by environment interaction on total cyanide content, fresh root, and starch yield in farmer-preferred cassava landraces in Tanzania. **Food Science & Nutrition**, v.4, n.6, p.791-801, 2016. <http://dx.doi.org/10.1002/fsn3.345>

NASSAR, R.; HUEHN, M. Studies on estimation of phenotypic stability: tests of significance for non- parametric measures of phenotypic stability. **Biometrics**, v.43, n.1, p.45-53, 1987. <https://doi.org/10.2307/2531947>

NDUWUMUREMYI, A.; MELIS, R.; SHANAHAN, P.; THEODORE, A. Interaction of genotype and environment effects on important traits of cassava (*Manihot esculenta* Crantz). **The Crop Journal**, v.5, n.5, p.373-386, 2017. <https://10.1016/j.cj.2017.02.004>

NOERWIJATI, K.; NASRULLAH, TARYONO, D. PRAJITNO. Fresh tuber yield stability analysis of fifteen cassava genotypes across five environments in East Java (Indonesia) using GGE biplot. **Energy Procedia**, v.47, p.156-165, 2014. <https://doi.org/10.1016/j.egypro.2014.01.209>

OLIVOTO, T.; LÚCIO, A.D.C.; DA SILVA, J.A.G.; MARCHIORO, V.S.; DE SOUZA, V.Q.; JOST, E. Mean performance and stability in multi-environment trials i: Combining features of AMMI and BLUP techniques. **Agronomy Journal**, v.111, n.6, p.2949-2960, 2019. <https://doi.org/10.2134/agronj2019.03.0220>

OLIVOTO, T.; LÚCIO, A.D. Metan: R package for multi-environment trial analysis. **Journal Methods in Ecology and Evolution**, v.11, n.6, p.783-789, 2020. <https://doi.org/10.1111/2041-210X.13384>

OLIVEIRA, E.J.; SANTANA, F.A.; OLIVEIRA, L.A.; SANTOS, V.S. Genetic parameters and prediction of genotypic values for root quality traits in cassava

using REML/BLUP. **Genetics and Molecular Research**, v.13, n.3, p.6683-6700, 2014. <https://dx.doi.org/10.4238/2014>

OLIVEIRA, E.J.; AIDAR, S.T.; MORGANTE, C.V.; CHAVES, A.R.M.; CRUZ, J.L.; COELHO FILHO, M.A. Genetic parameters for drought tolerance in cassava. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.50, n.3, p.233-241, 2015. <https://doi.10.1590/S0100-204X2015000300007>

OLIVEIRA, E.J.; MORGANTE, C.V.; AIDAR, S.T.; CHAVES, A.R.M.; ANTONIO, R.P.; CRUZ, J.L.; FILHO, M.A.C. Evaluation of cassava germplasm for drought tolerance under field conditions. **Euphytica**, v.213, n.188, p.1-20, 2017. <https://doi.org/10.1007/s10681-017-1972-7>

OLIVEIRA, E.J. DE; FUKUDA, W.M.G.; OLIVEIRA, S.A.S. DE; RINGENBERG, R.; SILVA, M.R.; SOUZA, A. DA S.; SILVA, L.L.A.; OLIVEIRA, M.L.F.; SILVA, S.R DE J.; BRS Novo Horizonte - a new cassava variety for industrial use. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**. v.20, n.2. 2020a. <https://doi.org/10.1590/1984-70332020v20n2c24>

OLIVEIRA, I.C.M.; GUILHEN, J.H.S.; RIBEIRO, P.C. DE O.; GEZAN, S.A.; SCHAFFERT, R.E.; SIMEONE, M.L.F.; DAMASCENO, C.M.B.; CARNEIRO, J.E. DE S.; CARNEIRO, P.C.S.; PARRELLA, R.A. DA C.; PASTINA, M.M. Genotype-by-environment interaction and yield stability analysis of biomass sorghum hybrids using factor analytic models and environmental covariates. **Field Crops Research**, v.257, p.107929, 2020b. <https://doi.org/10.1016/j.fcr.2020.107929>

PADI, F.K. Genotype x environment interaction and yield stability in a cowpea-based cropping system. **Euphytica**, v.158, n.1, p.11-25, 2007. <http://dx.doi.org/10.1007/s10681-007-9420-8>

PEPRAH, B.B.; PARKES, E.; MANU-ADUENING, J.; KULAKOW, P.; VAN BILJON, A.; LABUSCHAGNE, M. Genetic variability, stability and heritability for quality and yield characteristics in provitamin A cassava variety. **Euphytica**, v.216, n.31, p.1-13, 2020. <http://dx.doi.org/10.1007/s10681-020-2562-7>

PERKINS, J.M.; JINKS, J. Environmental and genotype-environmental components of variability III. Multiple lines and crosses. **Heredity**, v.23, n.3, p.339-356, 1968. <https://doi.org/10.1038/hdy.1968.48>

PURCHASE, J.; HATTING, H.; VAN DEVENTER, C. Genotype x environment interaction of winter wheat (*Triticum aestivum* L.) in South Africa: II. Stability analysis of yield performance. **South African Journal of Plant and Soil**, v.17, n.3, p.101-107, 2000. <https://doi.org/10.1080/02571862.2000.10634878>

R CORE TEAM. **R: A language and environment for statistical computing**. R Foundation for Statistical Computing, Vienna, 2022. Disponível em: <https://cran.r-project.org/bin/windows/base/>

REA, R.; SOUSA-VIEIRA, O.D.; DÍAZ, A.; RAMÓN, M.; BRICEÑO, R. Genotype by environment interaction and yield stability in sugarcane. **Revista Facultad Nacional de Agronomía Medellín**, v.70, n.2, p.8129-8138, 2017. <https://doi.org/10.15446/rfna.v70n2.61790>

RESENDE, M.D.V. **Matemática e estatística na análise de experimentos e no melhoramento genético**. Colombo: Embrapa Florestas, p.561, 2007a.

RESENDE, M.D.V.; DUARTE, J. B. Precisão e controle de qualidade em experimentos de avaliação de cultivares. **Pesquisa Agropecuária Tropical**, v.37, n. 3, p.182-194, 2007b. <https://www.revistas.ufg.br/pat/article/view/1867>

STAPLETON, G. Global starch market outlook and competing starch raw materials for by product segment and region. Pricing Outlook and Cassava Growth Potential. **Cassava Starch World 2010**. Centre for Management Technology (CMT), Phnom Penh, 2012.

SINGH, R.K.; CHAUDHARY, B.D. Biometrical Methods in Quantitative Genetic Analysis, Kalyani publishers/Lyall Bk Depot, p.304,1979.

SHARIFI, P.; EBADI, A.A.; HALLAJIAN, M.T. Stability of Rice Mutant Lines By Linear Mixed Model And Suggestion A New Index Based For Yield Performance And Stability. **Research Square**, v.1, 2021. <https://doi.org/10.21203/rs.3.rs-895572/v1>

SILVA, R.R.; BENIN, G. Biplot analysis: concepts, interpretations and uses. **Ciência Rural**, v.42, n.8, p.1404-1412, 2012. <https://doi.org/10.1590/S0103-84782012000800012>

SOUZA, L.D.; SOUZA, L.S.; GOMES, J. DE C. Exigências edáficas da cultura da mandioca. In: SOUZA, L.S.; FARIAS, A.R.N.; MATTOS, P.L.P.; FUKUDA, W.M.G. (Eds). **Aspectos socioeconômicos e agrônômicos da mandioca**. Cruz das Almas: Embrapa Mandioca e Fruticultura Tropical, p.170-214, 2006.

TIRONI, L.F.; ALVES, A.F.; ZANON, A.J.; FREITAS, C.P.O.; SANTOS, A.T.L.; CARDOSO P.; TONEL, G.P.; RODRIGUES, L.B.; TAGLIAPIETRA, B.L.; SILVA, M.N.; STRECK, N.A. **Ecofisiologia da mandioca visando altas produtividades**, Editora GR, Santa Maria, s. n.2019, p.136, 2019.

TUMUHIMBISE, R.; MELIS, R.; SHANAHAN, P.; KAWUKI, R. Genotype × environment interaction effects on early fresh storage root yield and related traits in cassava. **The Crop Journal**, v.2, n.5, p.329-337, 2014. <https://doi.org/10.1016/j.cj.2014.04.008>

VAN EEUWIJK, F.A.; BUSTOS-KORTS, D.V.; MALOSETTI, M. What should students in plant breeding know about the statistical aspects of genotype × environment interactions? **Crop Science**, v.56, n.5, p.2119-2140, 2016. <https://doi:10.2135/cropsci2015.06.0375>

VERMA, A.; SINGH, G.P. Stability Index Based on Weighted Average of Absolute Scores of AMMI and Yield of Wheat Genotypes Evaluated Under Restricted Irrigated Conditions for Peninsular Zone. **International Journal of Agriculture, Environment and Biotechnology**, v.13, n.4, p.371-381, 2020. <https://10.30954/0974-1712.04.2020.1>

WOLFE M.D.; KULAKOW, P.; RABBI, I.Y.; JANNINK, J.L. Marker-Based Estimates reveal significant non-additive effects in clonally propagated cassava (*Manihot esculenta*) implications for the prediction of total genetic value and the selection of varieties. **G3 (Bethesda)**, v.6, n.11, p.3497-3506, 2016. <https://doi.org/10.1534/g3.116.033332>

WOLFE, M.D.; DEL CARPIO, D.P.; ALABI, O.; EZENWAKA, L.C.; IKEOGU, U.N.; KAYONDO, I.S.; JANNINK, J.L. Prospects for genomic selection in cassava breeding. **The Plant Genome**, v.10, n.3, 2017. <https://doi.org/10.3835%2Fplantgenome2017.03.0015>

WRICKE G. Übereine Methode zür Erfassung der Okologischen Streubreite em Feldresuchen. **Z. Pflanzenzuchtg**, v.47, p.92-96, 1962.

YAN, W.; HUNT, L.; SHENG, Q.; SZLAVNICS, Z. Cultivar evaluation and mega-environment investigation based on the GGE biplot. **Crop science**, v.40, n.3, p.597-605, 2000. <https://doi.org/10.2135/cropsci2000.403597x>

YAN, W.K.; RAJCAN, I. Biplot analysis of test Sites and trait relations of soybean in Ontario. **Crop Science**, v.42, n.1, p.11-20, 2002. <https://doi.10.2135/CROPSCI2002.1100>

YAN, W.; TINKER, A. Biplot analysis of multi environment trial data: principles and applications. **Canadian Journal of Plant Science**, v.86, n.3, p.623-645, 2006. <https://doi.org/10.4141/P05-169>

YAN, W.; HOLLAND, J.B. A heritability-adjusted GGE biplot for test environment evaluation. **Euphytica**, v.171, n.3, p.355-369, 2010. <https://doi.org/10.1007/s10681-009-0030-5>

YAN W. Analysis and handling of G×E in a practical breeding program. **Crop science**, v.56, n.5, p.2106-2118, 2016. <https://doi.org/10.2135/cropsci2015.06.0336>

Figuras suplementares

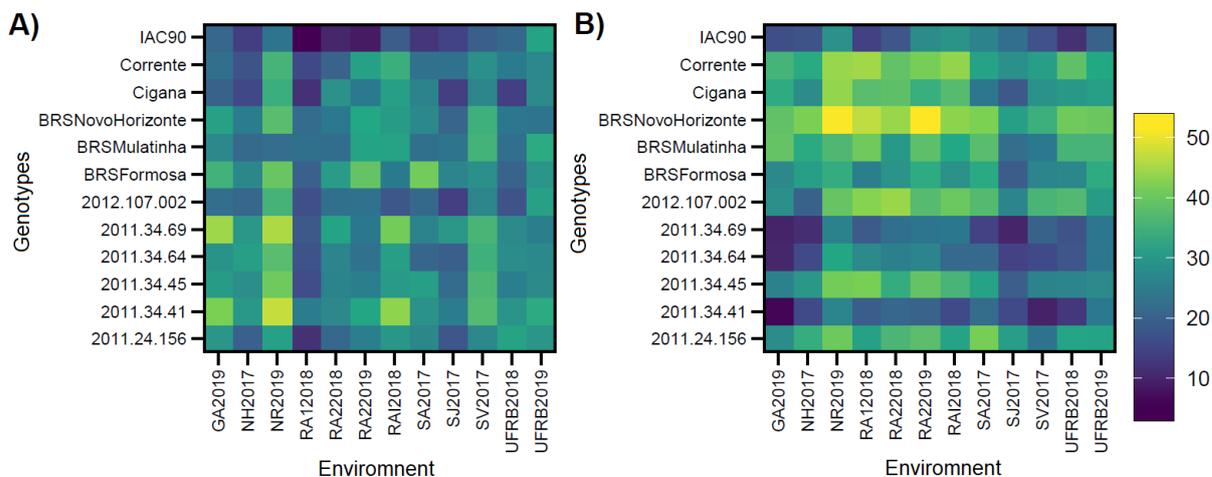


Figura suplementar S1. Resumo das médias fenotípicas para (A) produtividade de raízes frescas ($t\ ha^{-1}$) e B) teor de matéria seca nas raízes (%) de 12 genótipos de mandioca em 12 diferentes ambientes.

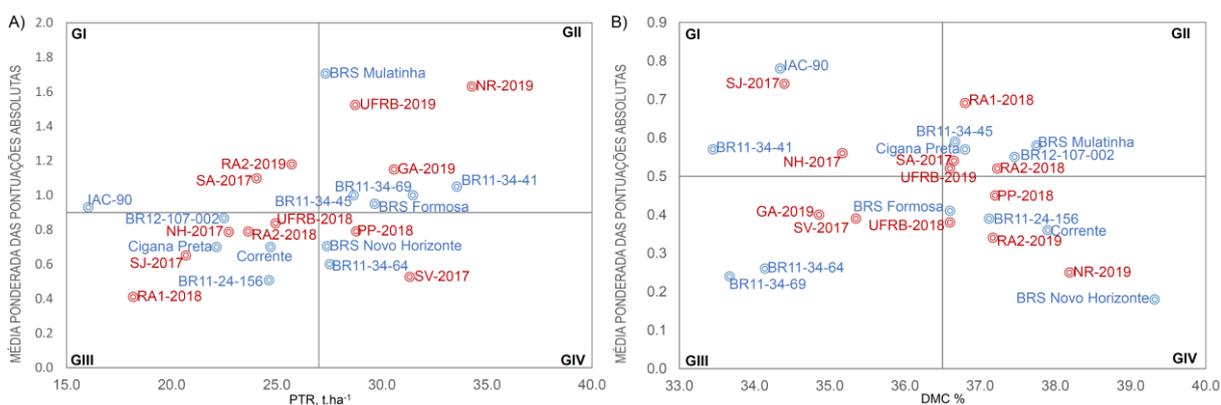


Figura suplementar S2. Biplots para: A) **produtividade total de raízes de mandioca** (PTR, $t\ ha^{-1}$) e B) **teor de matéria seca** (DMC, %), versus média ponderada dos escores absolutos para as melhores predições lineares imparciais da interação genótipo versus ambiente (WAASB), obtidas da avaliação de 12 genótipos de mandioca em 12 ambientes.

Capítulo 2

SELEÇÃO MULTI-CARACTERÍSTICAS EM MULTI-AMBIENTES PARA DESEMPENHO E ESTABILIDADE EM GENÓTIPOS DE MANDIOCA¹

¹Artigo a ser ajustado para posterior submissão ao Comitê Editorial do periódico científico *Frontiers in Plant Science*, em versão na língua inglesa.

SELEÇÃO MULTI-CARACTERÍSTICAS EM MULTI-AMBIENTES PARA DESEMPENHO E ESTABILIDADE EM GENÓTIPOS DE MANDIOCA

Autor: Msc. Juraci Souza Sampaio Filho

Orientador: Dr. Eder Jorge de Oliveira

Resumo: A interação genótipo por ambiente (G×E) limita a eficiência da seleção de genótipos superiores, ocasionado em muitos casos por viés nas estimativas genéticas. Aliado a necessidade de ganhos genéticos para diversas características simultaneamente, métodos têm sido propostos, considerando alta performance e estabilidade de rendimento, como o *MPS* (mean performance and stability) e *MTMPS* (multi-características, mean performance and stability index), utilizando modelo linear misto. O objetivo deste estudo foi examinar a variação genética e os efeitos da interação G×E para o rendimento de raízes frescas, (PTR, t ha⁻¹) e mais três características primárias e três secundárias. Assim, 22 genótipos foram avaliados em delineamento de blocos completos ao acaso (DBC), com três repetições em 47 ambientes (ano x local) no Brasil. As estimativas de H^2 foram em média 0.37 para as características primárias e 0.44 para as secundárias, com $h_{mg}^2 > 0.90$ para todas as características, enquanto a magnitude da G×E (σ_{gxe}^2) variou de 0.02 para altura das plantas a 23.36 para índice de colheita), com 20.55 para PTR. O fator analítico (FA_3) foi acima de 85% e a comunalidade (f_j) acima de 87% para todas as características, com alta explicação da variância genética. No Grupo 1 composto por genótipos altamente produtivos e estáveis para características primárias, os genótipos BRS Novo Horizonte e a BR11-34-69 foram os mais indicados para PTR, enquanto BRS Novo Horizonte e BR12-107-002 para DMC. Adicionalmente, o *MTMPS* com intensidade de seleção de 30% identificou sete genótipos com maior estabilidade, dos quais quatro são novos genótipos, selecionados com base no S_{di}^2 , R^2 e *RMSE* para multi-características. Portanto, o uso de métodos que levem em consideração a estabilidade e performance produtiva pode ajudar a aumentar a confiabilidade na recomendação de novas cultivares de mandioca.

Palavras chave: *Manihot esculenta* Crantz, mapa de calor, *MPS* e *MTMPS*, interação genótipo por ambiente (G×E).

MULTI-TRAIT SELECTION IN MULTI-ENVIRONMENT FOR PERFORMANCE AND STABILITY OF CASSAVA GENOTYPES

Author: Msc. Juraci Souza Sampaio Filho

Advisor: Dr. Eder Jorge de Oliveira

Abstract: The genotype vs. environment interaction (G×E) restricts the efficiency for the selection of superior genotypes, caused in many cases by genetic estimative bias. Diverse methods have been proposed due to the necessity for genetic gains for diverse traits simultaneously, considering performance and yield stability, such as mean performance and stability (MPS) and multi-trait mean performance and stability index (MTMPS), using a linear mixed model. The objective of this work was to assess the genetic variation and the G×E effects for fresh root yield (FRY, t ha⁻¹) and three other primary and three secondary traits. Thus, 22 genotypes were evaluated under completely randomized block design (DBC), with three replicates in 47 environments (year x location) in Brazil. Estimates for H^2 were in average of 0.37 for the primary traits and of 0.44 for the secondary ones, with $h_{mg}^2 > 0.90$ for all traits, while the magnitude of G×E (σ_{gxe}^2) varied from 0.22 for plant height to 23.36 for harvest index, with 20.55 for FRY. The analytic factor (FA_3) was above 85% and communality ($\hat{\eta}$) >87% for all traits, with high explanation for genetic variance. In Cluster 1, constituted of highly productive and stable genotypes for primary traits, genotypes BRS Novo Horizonte and BR11-34-69 were the most recommended for FRY, while BRS Novo Horizonte and BR12-107-002 for DMC. In addition, MTMPS with selection intensity of 30% identified seven genotypes with higher stability, of which for are new genotypes, selected based on S_{di}^2 , R^2 and $RMSE$ for multi-traits. Therefore, the use of methods which consider stability and productive performance may enhance the reliability in the recommendation of new cassava cultivars.

Keywords: *Manihot esculenta* Crantz, heat map, MPS and MTMPS, genotype vs. environment interaction (G×E).

INTRODUÇÃO

A mandioca (*Manihot esculenta* Crantz) pertencente à família Euphorbiaceae tem alto potencial de uso industrial, sobretudo pelo potencial de exploração do amido das raízes que é considerado o principal produto da espécie, embora todas as partes da planta podem ser exploradas comercialmente (CEBALLOS et al., 2012). Com uma produção global de 302.6 milhões de toneladas, em uma área de 28.2 milhões de hectare, e uma produtividade média de 10.7 t ha⁻¹, é cultivada em mais de 90 países, sendo a quarta maior fonte calórica e a segunda fonte de amido mais importante do mundo, e, portanto, com consequente importância para a segurança alimentar (STAPLETON, 2012; FAO, 2020; CEBALLOS et al., 2021). Por ser uma espécie amplamente cultivada em praticamente todos os continentes, existem diversos fatores ambientais que influenciam na produtividade e rentabilidade da cultura. Portanto, de modo geral, o sucesso da produção depende de como exploramos de forma favorável o componente genético nos diversos ambientes alvos.

Durante o processo seletivo nos programas de melhoramento genético são conduzidos diversos ensaios nos polos de produção alvo para recomendação das novas variedades em diferentes anos de cultivo, de forma a melhorar a compreensão dos fatores que influenciam a expressão do fenótipo e permitir a indicação dos genótipos com maior desempenho e estabilidade produtiva para evitar frustrações de safra e consequente baixa adoção das novas variedades. Portanto, nas etapas finais dos programas de melhoramento genético são conduzidos diversos ensaios METs (ensaios de teste em multi-ambientes), chamados ensaios uniformes de produção (UYT) por pelo menos dois anos consecutivos nas principais regiões alvo da recomendação (OLIVEIRA et al., 2014; FREITAS et al., 2018; ANDRADE et al., 2019; CEBALLOS, 2020).

Os ensaios MET são realizados anualmente para identificar a estrutura da interação genótipo × ambientes (G×E), um fenômeno natural onde o efeito de genótipos e ambientes é somado a um terceiro fator (G×E), que é resultante da não consistência no ranqueamento dos genótipos para determinadas características, sendo necessário avaliar a importância dos parâmetros genéticos e ambientais durante o processo seletivo (MALLOSETE et al., 2013; BORÉM et al., 2017; OLIVOTO et al., 2019a). De modo geral, a modelagem da interação

G×E, a obtenção de genótipos estáveis e adaptados e a seleção de ambientes alvos são realizados por meio de vários métodos estatísticos desenvolvidos nas últimas décadas, que mensuram a separação espacial (local), temporal (ano) e genético entre os fatores. Esses métodos abordam desde procedimentos simples de análise de variância não paramétrica com efeito fixo e/ou linear-bilinear, como os propostos por Huehn (1979), Nassar e Huehn (1987), Kang (1988) e Fox et al. (1990), até os métodos paramétricos univariado e multivariado mais robustos (YATES; COCHRAN, 1938; FINLAY; WILKINSON, 1963; EBERHART; RUSSELL, 1966, GAUCH; ZOBEL, 1988; YAN et al., 2000). Mais recentemente métodos baseados em modelos lineares de efeitos mistos (LMM) têm sido amplamente utilizados para estimar os melhores preditores lineares não viesados (BLUPs) e ainda obter estimativas de componentes de variância e valores genéticos mais confiáveis, além de modelar a heterogeneidade de variâncias genéticas e correlações entre pares de ambientes com condições contrastantes e dados desbalanceados (SMITH et al., 2005; VAN EEUWIJK et al., 2016).

Um outro aspecto bastante relevante nas etapas finais dos programas de melhoramento genético é o desbalanceamento dos ensaios em função da remoção dos clones de pior desempenho e substituição por outros clones para testes nos anos seguintes, ou seja, nem todos os genótipos são testados todos os anos e nos mesmos locais. Com isso, os dados fenotípicos dos diferentes genótipos, locais e anos são altamente desbalanceados. Em abordagens tradicionais para o estudo da interação G×E a existência de dados desbalanceados resulta em variâncias e covariâncias heterogêneas das médias ajustadas dos valores fenotípicos que são utilizados pelos melhoristas na escolha dos genótipos a seguirem para as próximas etapas de avaliação ou mesmo serem recomendados como variedades. Portanto, alguns parâmetros de seleção não podem ser obtidos para dados não balanceados nem para estruturas heterogêneas de variância-covariância complexas. Por outro lado, a análise de modelos mistos pode ser uma alternativa para lidar com esse tipo de dado, pois as estimativas BLUPs tendem a ser bastante robustas na predição do valor genotípico e redução dos ruídos (HU, 2015). Além disso, novas abordagens baseadas em modelos mistos, como o fator analítico, possibilitam a incorporação

de parentesco, por meio de matrizes de covariância de efeitos genéticos aleatórios (BERNARDO, 2020).

Além do alto potencial agronômico nos ambientes alvos, de acordo com seu destino final (indústria ou consumo fresco), as novas variedades de mandioca precisam apresentar elevada estabilidade fenotípica para uso e recomendação em maior abrangência geográfica. No entanto, selecionar genótipos de alto desempenho para várias características simultaneamente é um processo complexo uma vez que a obtenção de ganhos genéticos simultâneos para diversas características é dificultada pela existência de correlações muitas vezes indesejáveis, devido ao relacionamento complexo e arquitetura genética entre as características (EGESI et al., 2007; VAN EEUWIJK et al., 2016; OLIVOTO et al., 2019a). Por outro lado, embora a seleção truncada seja simples, por não enfrentar o problema da multicolinearidade entre características, esse processo de seleção pode ser ineficaz quando as populações não possuem suficiente variação para todas as características sob seleção, pela necessidade de populações de maior tamanho, e quando existem correlações negativas entre características chaves. Em função da necessidade de ganhos genéticos simultâneos para diversas características, com progresso rápido e maior confiabilidade na recomendação, diversos métodos têm sido propostos a exemplo de, FAI BLUP (índice multi-características baseado em análise fatorial e distância genótipo-ideótipo), MTSI (índice de estabilidade multi-características), GYT (genótipo por rendimento x características) e *MGIDI* (índice de distância genótipo-ideótipo multi-características). Por outro lado, poucos são os relatos que associam o estudo da interação $G \times E$, performance, adaptabilidade e estabilidade genotípica, para multi-características com dados desbalanceados em ensaios de mandioca.

A entrega de variedades que atendam as expectativas dos consumidores finais e com isso possam ter alta adoção pelo setor produtivo deve levar em consideração não apenas atributos produtivos, mas também características associadas ao porte da planta, capacidade multiplicativa, maior cobertura de solo para minimização das intervenções no controle de plantas daninhas, além de atributos relacionados à qualidade das raízes, para maior aceitação comercial, sobretudo quando o destino final é o consumo fresco ou agroindústrias de

processamento que demandam alta qualidade do amido. Portanto, a seleção com base em multi-características e multi-ambientes em mandioca já é uma realidade (AINA et al., 2009; ADJEBENG-DANQUAH et al., 2017; NDUWUMUREMYI et al., 2017; OKEKE et al., 2017; LEÓN et al., 2021), embora ainda careça de abordagens alternativas e robustas para seleção simultânea para performance agrônômica e estabilidade produtiva.

Olivoto et al. (2019b, 2022) desenvolveram dois métodos de ponderação entre o desempenho médio e a estabilidade genotípica, que podem ser utilizados para diferentes métodos paramétricos e não paramétricos. O MPS (mean performance and stability) é baseado na média ponderada dos scores absolutos da decomposição do valor singular (DVS) da matriz de BLUPs para o efeito da GxE, enquanto que o índice de estabilidade multi-características - MTMPS (multi-características, mean performance and stability index) criado no conceito do índice de estabilidade multi-característica (MTSI), é baseado na distância genótipo-ideótipo (euclidiana) usando os scores obtidos por meio de uma análise fatorial exploratória, em que o genótipo com menor MTMPS está mais próximo do ideótipo e, portanto, apresenta um MPS alto para todas as características analisadas.

Os objetivos deste estudo foram: i) avaliar a interação GxE em genótipos de mandioca para multi-características; ii) estimar os parâmetros genéticos para sete características agrônômicas de interesse econômico; iii) identificar grupos de genótipos com maior desempenho produtivo, e maior adaptabilidade e estabilidade genotípica por meio do índice MPS; e iv) selecionar genótipos que possuam alta performance e estabilidade genotípica para multi-características pelo índice MTMPS.

MATERIAL E MÉTODOS

Ensaio de produção

Os ensaios METs do programa de melhoramento genético de mandioca da Embrapa Mandioca e Fruticultura, localizado em Cruz das Almas, Bahia, Brasil (12°40'19"S, 39°06'22" W, 226 m de altitude), foram compostos por onze ensaios avançados de produtividade (AYT) e 36 ensaios uniformes de produtividade (UYT), os quais envolvem ambientes de baixo e alto potencial agrícola (Tabela 1).

Os experimentos foram instalados e avaliados em 16 locais experimentais, de modo que a combinação ano e local foi denominada de ambiente (47 ambientes no total). Com padrão pluviométrico bimodal, os experimentos foram implantados no início da estação chuvosa e em seguida mantidos em condições de sequeiro, nos anos agrícolas de 2016 a 2021, a exemplo do que é feito convencionalmente no sistema de produção local (Figura 1). A maior parte dos ambientes são de clima tropical quente e úmido (Savana Úmida Tropical (Aw) a Monção Tropical (Am) (KÖPPEN, 1940), com precipitação média anual de 1000 mm entre os meses de abril a agosto e com temperatura média anual de $25,5^{\circ}\text{C} \pm 4,5^{\circ}\text{C}$ (INMET).

Tabela 1. Localização e descrição dos ambientes de avaliação dos genótipos de mandioca durante os anos agrícolas de 2016 a 2021.

Local	Ambientes	Ano	V/vento (ms^{-1})	Rad/solar ($\text{MJ/m}^2\text{dia}^{-1}$)	Altitude (m)	Latitude	Longitude	Tipo solo
Laje SJ-BA	Laje_16	2016	1,89	18,51	190	13°08'36"	39°25'46"	LVAAd
Santo Amaro-BA	SA_16	2016	2,38	19,12	42	12°32'48"	38°42'43"	V
Laje SV-BA	Laje_17	2017	1,99	18,67	190	13°08'36"	39°25'46"	LVAAd
Santo Amaro-BA	SA_17	2017	2,43	19,26	42	12°32'48"	38°42'43"	V
Cruz das Almas-BA	CRUZ_18	2018	2,72	18,38	220	12°39'11"	39°07'19"	LVAAd
Laje RA1-BA	Laje_18	2018	187	17,98	190	13°08'47"	39°17'58"	LVAAd
Cruz das Almas-BA	CRUZ_19	2019	2,71	18,98	220	12°39'11"	39°07'19"	LVAAd
Laje RA2-BA	Laje_19	2019	1,89	19,38	190	13°09'52"	39°25'59"	LVAAd
Valença NR-BA	VAL_19	2019	1,89	19,38	39	13°22'26"	39°04'30"	LAd
Cruz das Almas-BA	CRUZ_20	2020	2,61	17,32	220	12°39'11"	39°07'19"	LVAAd
Laje Capela-BA	Laje_20	2020	1,87	17,62	190	13°39'52"	39°25'59"	LVAAd
G, Mangabeira-BA	MANG	2020	2,61	17,32	200	12°34'23"	38°42'53"	LVAAd
Florestal-MG	FLOR_20	2020	2,42	20,60	815	19°53'12"	44°25'56"	PVAAd
Itamarajú-BA	IT_21	2021	1,00	18,13	112	17°02'21"	39°31'52"	LVAAd
Cruz das Almas-BA	CRUZ_21	2021	2,29	15,82	220	12°39'11"	39°07'19"	LVAAd
Alagoinhas-BA	ALA_21	2021	2,29	18,93	230	12° 07' 13"	38°24'35"	PV
Alcobaça-BA	ALC_21	2021	4,63	16,95	16	17°31'21"	39°11'53"	PAQd
Laje NH-BA	Laje_21	2021	2,18	17,17	190	13°09'52"	39°25'59"	LVAAd
Entre Rios-BA	ER_21	2021	1,10	16,66	162	11°56'31"	38°05'04"	PV
Dourados-MS	DOU_21	2021	0,24	18,17	469	22°11'16"	54°54'20"	LVdf

Tipo de solo: LVAAd - Latossolo Vermelho Amarelo Distrófico; LAd - Latossolo Distrófico + PE - Podzólico Vermelho Amarelo Distrófico; V - Vertissolo + PV - Podzólico Vermelho Amarelo; PV - Podzólico Vermelho Amarelo + LVA - Latossolo Vermelho Amarelo; PAQd – Podzol + Areias Quartzosas Distróficas; PVAAd – Argissolo Vermelho Amarelo Distrófico; LVdf - Latossolo Vermelho + Latossolo Vermelho Distroférico

Vinte e dois genótipos oriundos do programa de melhoramento genético de mandioca foram avaliados, sendo seis clones em fase final de validação, BR11-24-156, BR11-34-41, BR11-34-45, BR11-34-64, BR11-34-69 e BR12-107-002, 10 variedades melhoradas (BRS Caipira, BRS Dourada, BRS Formosa, BRS Gema de Ovo, BRS Kiriris, BRS Mulatinha, BRS Novo Horizonte, BRS Poti Branca, BRS Tapioqueira e BRS Verdinha) e seis variedades locais (Cigana Preta, Correntão, Corrente, Eucalipto, IAC-90 e Vassoura Preta).

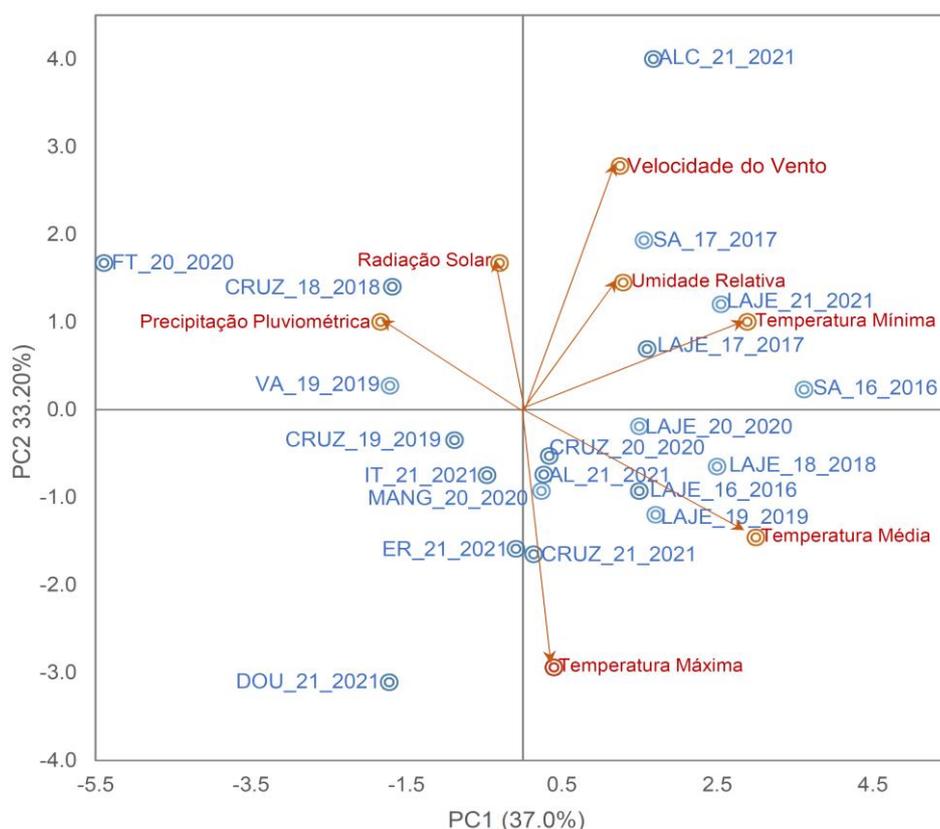


Figura 1. Biplot de dispersão dos dois primeiros componentes principais de sete variáveis ambientais (climáticas) e os 20 ambientes dos ensaios regionais de mandioca sendo: Temperatura máxima, mínima e média ($T_{m\acute{a}x}$, °C, $T_{m\acute{i}n}$, °C e $T_{m\acute{e}d}$, °C, respectivamente), precipitação pluviométrica (PREC, mm dia^{-1}), umidade relativa do ar (UR, %), velocidade do vento ($V/VENTO$, ms^{-1}) e radiação solar (RAD/SOLAR, $\text{MJ/m}^{-2} \text{dia}^{-1}$).

O preparo do solo para cultivo foi realizado no sistema de cultivo convencional, com uma dessecação prévia das plantas espontâneas, seguido de uma aração e duas gradagens, no intuito de incorporar os restos culturais. Em seguida utilizou-se uma plantadeira de mandioca para realizar a abertura dos sulcos de plantio e também a adubação de acordo com a análise de solo. O plantio foi feito manualmente, nos sulcos utilizando manivas padrão entre 15-18

cm obtidas de hastes de 12 meses de idade, livres de pragas e doenças, sendo dispostas no sentido horizontal da linha de plantio.

Os ensaios foram implantados no delineamento de blocos completos casualizados, com três repetições. As parcelas foram constituídas de quatro linhas com 25 plantas cada, com espaçamento de 0.90 m entre linhas e 0.80 m entre plantas. As recomendações técnicas de adubação e os tratos culturais pós-plantio foram os mesmos recomendados para a cultura (SOUZA et al., 2006).

Características avaliadas

Aos 12 meses após o plantio, sete características agronômicas foram mensuradas por parcela e extrapoladas para produtividade por hectare: 1) produtividade de raízes frescas (PTR, em $t\ ha^{-1}$) mensurada pesando todas as raízes da parcela; 2) produtividade da parte aérea (PPA, em $t\ ha^{-1}$) obtida pela pesagem da parte aérea de todas as plantas da parcela, incluindo hastes, folhas e pecíolos; 3) teor de matéria seca nas raízes (DMC, em %) obtido pelo método da balança hidrostática (KAWANO et al., 1987); 4) produtividade de raízes secas (PRS, $t\ ha^{-1}$) obtida por meio da multiplicação da PTR x DMC; 5) índice de colheita (IC, %), que a razão entre o peso fresco das raízes e a biomassa total; 6) porte da planta (PP) avaliado por meio de uma escala de notas (1-5), sendo 1 = porte excelente (sem ramificações ou com ramificações acima de 2.0 m), 2 = porte bom (ramificações acima de 1.60 m ou ramificação baixa, mas com pelo menos 1.6 m de hastes eretas), 3 = porte mediano (ramificações acima de 1.20 m ou ramificação baixa, mas com pelo menos 1.2 m de hastes eretas), 4 = porte ruim (ramificações acima de 0.80 m ou ramificação baixa, mas com pelo menos 0.80 m de hastes eretas), e 5 = porte muito ruim (clones muito ramificados com menos de 0.80 m de hastes eretas) e 7) altura da planta (ALT, m), avaliado por meio de uma escala graduada do solo até o meristema da planta.

Análise estatística individual e conjunta

Os dados de todas as características foram previamente submetidos à análise de variância individual, sendo a homogeneidade das variâncias residuais testadas pelo teste de Shapiro-Wilk. Razão menor que sete entre o maior e menor valor do quadrado médio do resíduo foi adotada como critério para prosseguir

com a análise de variância conjunta (PIMENTEL-GOMES, 2009). Em seguida, foram estimadas as médias fenotípicas para cada genótipo e local, as quais foram utilizadas nas análises posteriores. O método REML (máxima verossimilhança restrita) foi utilizado para obtenção dos componentes de variância, enquanto a significância dos efeitos aleatórios foi avaliada pelo LRT (teste da razão de verossimilhança).

Para quantificar a estabilidade genotípica, foi realizada a decomposição de valor singular (DVS) da matriz de BLUPs para os efeitos da interação G×E, gerados pelo método de modelo linear misto (LMM). O seguinte modelo linear misto foi utilizado: $Y_{ij} = \mu + \alpha_i + \tau_j + (\alpha\tau)_{ij} + y_{jk} + \epsilon_{ijk}$, em que Y_{ij} é a variável resposta; μ é a média do experimento; α_i é o efeito principal do i -ésimo genótipo; τ_j efeito principal do j -ésimo ambiente; $(\alpha\tau)_{ij}$ efeito da interação do i -ésimo genótipo com o j -ésimo ambiente; y_{jk} o efeito de k -ésimo bloco dentro do ambiente j ; k -ésimo bloco do i -ésimo genótipo no j -ésimo ambiente ($i = 1, 2, \dots, g$; $j = 1, 2, \dots, e$; $k = 1, 2, \dots, b$); ϵ_{ijk} o erro aleatório associado ao modelo, com $\sim N(0, \sigma^2)$. Os efeitos de genótipos com $g \sim N(0, \sigma_g^2 I_i)$, em que σ_g^2 é variância genética total foram considerados aleatórios, enquanto o efeito de ambiente e blocos foram considerados de efeito fixo. Foram obtidas quatro estimativas de herdabilidade, sendo: i) herdabilidade no sentido amplo (H^2), de acordo com a equação $H^2 = \frac{\sigma_g^2}{\sigma_g^2 + \sigma_i^2 + \sigma_e^2}$, em que σ_g^2 é a variância genotípica; σ_i^2 variância da interação G×E, e σ_e^2 variância residual; ii) herdabilidade na média da parcela (h_{gm}^2), de acordo com a equação: $h_{gm}^2 = \sigma_g^2 / [\sigma_g^2 + \sigma_i^2/e + \sigma_e^2/(eb)]$, em que: σ_g^2 , σ_i^2 e σ_e^2 são as variâncias genotípicas, da interação G×E e residuais, respectivamente, em que e e b são os números de ambientes e blocos, respectivamente; iii) herdabilidade de Cullis et al. (2006) (H_{cullis}^2), de acordo com a equação: $H_{cullis}^2 = 1 - \frac{\Delta BLUP}{2\sigma_g^2}$, em que $\Delta BLUP$ é o erro padrão médio dos BLUPs genotípicos; e iv) herdabilidade de Piepho et al. (2008) (H_{Piepho}^2), de acordo com a equação: $H_{Piepho}^2 = \frac{\sigma_g^2}{\sigma_g^2 + \Delta BLUP}$.

Análises de adaptabilidade e estabilidade genotípica

Os genótipos foram ranqueados com base no método MPS utilizando o modelo paramétrico de Eberhart e Russell (1966). Os genótipos com desvio de

regressão não linear (S_{di}^2 e $RMSE$) igual a zero receberam a classificação de posto 1 como genótipo mais estáveis até o g -ésimo genótipo, enquanto os genótipos com coeficiente de determinação da regressão (R^2) próximos de 1 foram considerados os mais responsivos e adaptados até o g -ésimo genótipo. O seguinte modelo foi utilizado para a obtenção dos parâmetros de adaptabilidade e estabilidade e posterior ranqueamento dos genótipos: $y_{ij} = \beta_{oi} + \beta_{1i} I_j + \delta_{di}^2 + \epsilon_{ij}$ em que; y_{ij} , é a média do genótipo i , no ambiente j ; β_{oi} é a constante da regressão e representa a média geral do genótipo i ; β_{1i} o coeficiente da regressão linear, que mede a resposta do i -ésimo genótipo à variação do j -ésimo ambiente; I_j índice ambiental codificado; δ_{di}^2 variância dos desvios da regressão; ϵ_{ij} erro experimental médio.

O índice MPS foi obtido pelo redimensionamento da matriz de performance agrônômica e estabilidade conforme o modelo: $r_{Gi} = \frac{100 - 0}{G_{max} - G_{min}} x (Gi - G_{max}) + 100$, assim como: $r_{wi} = \frac{0 - 100}{W_{max} - W_{min}} x (Wi - W_{max}) + 0$, em que r_{Gi} e r_{wi} são os valores máximos e mínimos redimensionados para a performance e a estabilidade genotípica para o i -ésimo genótipo, respectivamente; Gi e Wi são a resposta da variável (GY) e os valores do índice MPS do i -ésimo genótipo, respectivamente. Estes valores foram selecionados de acordo a variável resposta, tendo em vista que em seis delas, os maiores valores são desejados (exceto porte das plantas), assim $G_{max} = 100$ e $G_{min} = 0$, e $W_{max} = 100$ e $W_{min} = 0$, exceto para o porte da planta onde valores menores são desejados, assim $G_{max} = 0$ e $G_{min} = 100$, e $W_{max} = 0$ e $W_{min} = 100$. Isto é, após o redimensionamento o genótipo com melhor performance obteve nota 100 e o de pior performance recebeu nota 0. Por outro lado, o genótipo com melhor estabilidade recebeu o valor 100, enquanto genótipo com pior valor de estabilidade recebeu o valor 0, tendo-se por fim uma matriz bidirecional, em que G e W são os valores originais para a variável resposta e para os valores do índice MPS do i -ésimo genótipo. Em seguida, o índice MPS foi calculado de acordo com a equação: $MPS = \frac{(rG_{ix} \theta_Y) + (rW_{ix} \theta_S)}{\theta_Y - \theta_S}$, em que MPS é o índice que pondera entre a performance e a estabilidade para o i -ésimo genótipo; $\theta_Y - \theta_S$ são os pesos para a variável resposta (performance) e estabilidade

assumida como 65 e 35% neste estudo, para todas as variáveis, respectivamente, priorizando o desempenho médio em relação a estabilidade.

A variação nos pesos de performance e estabilidade com $\theta_p - \theta_s$ variando de 0/100, 5/95, 10/90...100/0, respectivamente foram analisados. Nesse caso, a classificação é alterada dependendo do peso atribuído a variável resposta e à estabilidade, sendo que as classificações mais à esquerda foram obtidas considerando apenas a estabilidade, enquanto as mais à direita apenas a performance. Entre os extremos, foram obtidas diferentes classificações de acordo com os pesos atribuídos para a performance.

Em seguida, foi obtido o índice MTMPS que considera o método de estabilidade do MPS, baseado na distância do genótipo-ideótipo (euclidiana) por meio da análise fatorial (Olivoto et al., 2019b), de acordo com o seguinte modelo:

$MTMPS_i = \left[\sum_{j=1}^f (F_{ij} - F_j)^2 \right]^{0.5}$, em que $MTMPS_i$ o índice de estabilidade multi-características para o i -ésimo genótipo; F_{ij} o j -ésimo score do i -ésimo genótipo; F_j é o j -ésimo score do ideótipo. Assim o genótipo com a melhor classificação de MTMPS é considerado o próximo do ideótipo e, portanto, apresenta um MPS alto para todas as variáveis analisadas de performance e estabilidade. Também foi obtido o diferencial de seleção para os genótipos selecionados, com uma intensidade de seleção de 30%, para cálculo do ganho de seleção para estabilidade e performance. As análises foram realizadas com auxílio do pacote “*metan*”, utilizando as funções *gamem_met()*, *mps()* e *mtmps()* (OLIVOTO et al., 2020), enquanto que para a obtenção da herdabilidade foi utilizada a função *H2cal()* do pacote “*int*”. Todos implementados no software R versão 4.2.0 (R CORE TEAM, 2022).

Análise fatorial exploratória

A análise fatorial exploratória foi utilizada para agrupar as características correlacionadas por meio da técnica de análise de componentes principais. Os fatores e as cargas fatoriais da matriz de correlação genética foram obtidos e o critério varimax foi utilizado para a rotação analítica dos fatores (KAISER, 1958), de acordo com: $X = \mu + Lf + \epsilon$ em que, $X = px1$ é o vetor de observações; $\mu = px1$ é o vetor de médias padronizadas; $L = pxf$ é o vetor da matriz de cargas

fatoriais; $f = px1$ é o vetor fator comum; $\epsilon = px1$ é o vetor de resíduos. p e f são os números de características e fatores comuns retidos, respectivamente. Para o cálculo dos escores fatoriais foi utilizado o método dos quadrados mínimos ponderados (BARTLETT, 1938). Por fim foi realizada uma rede network para avaliar as correlações entre as características, estimado pelo teste de Pearson's, com uso da função *correlate* do pacote *corr* (KUHNS et al., 2020), no software R versão 4.2.0 (R CORE TEAM, 2022).

RESULTADOS

Análise de variância dos dados agronômicos

Houve efeitos significativos ($p < 0,001$) para genótipos, ambientes e interação GxE pelo teste LRT, demonstrando haver variabilidade genética, o que resulta na mudança de classificação dos genótipos quanto aos diversos atributos agronômicos em análise, e que ainda é necessário avaliar a performance dos genótipos considerando a variação ambiental (Tabela 2). A interação GxE do tipo crossover foi identificada nas características avaliadas, e esse tipo de interação leva a um viés na previsão do avanço genético e diminui o ganho com a seleção (Figura suplementar S1).

Tabela 2. Resumo do teste da razão de máxima verossimilhança conjunta para a produtividade de raízes frescas (PTR), produtividade da parte aérea (PPA), produtividade de raízes secas (PRS), teor de matéria seca (DMC), porte da planta (PP), índice de colheita (IC) e altura da planta (ALT) referente à avaliação de 22 genótipos de mandioca em 47 ambientes.

Fonte de variação ¹	Características						
	PTR	PPA	PRS	DMC	PP	IC	ALT
Genótipos (G)	193.90***	255.51***	192.40***	483.48***	200.11***	332.18***	362.77***
Ambientes (E)	176.85***	209.64***	195.92***	190.93***	79.70***	259.0***	245.60***
Rep:Env	53.46***	57.97***	44.08***	47.43***	9.19**	7.62**	22.46***
GxE	444.27***	384.56***	412.43***	306.93***	240.94***	444.70***	291.96***
$\hat{r} = \hat{g}\hat{g}$	0.99	0.99	0.99	0.99	0.99	0.98	0.99
Média geral	24.22	20.94	7.64	35.58	2.44	54.04	2.24

¹Variância devido ao genótipo, ambiente e GxE, *** significativo a $p < 0,001\%$ de probabilidade, pelo teste F; $\hat{r}_{\hat{g}\hat{g}}$: acurácia seletiva.

Para a característica PTR os genótipos BR11-34-69 e BR11-34-41 foram os mais produtivos ($>31.05 \text{ t ha}^{-1}$) o que representa 30% de superioridade em relação à média dos genótipos avaliados (23.80 t ha^{-1}). Por outro lado, os genótipos BR11-34-69, BRS Formosa e Vassoura preta foram os que apresentaram maior IC ($>60.0\%$) em comparação com a média geral de 54.33% (Tabela suplementar S1). De modo geral, houve uma resposta diferenciada para cada variável analisada entre os ambientes, por exemplo, para PTR e IC os ambientes mais produtivos ou que permitiram maior IC foram 2020.ERU.UFV (média de 38.78 t ha^{-1}) e 2019.ERU.GA (média de 72.01%), respectivamente. (Figura 2).

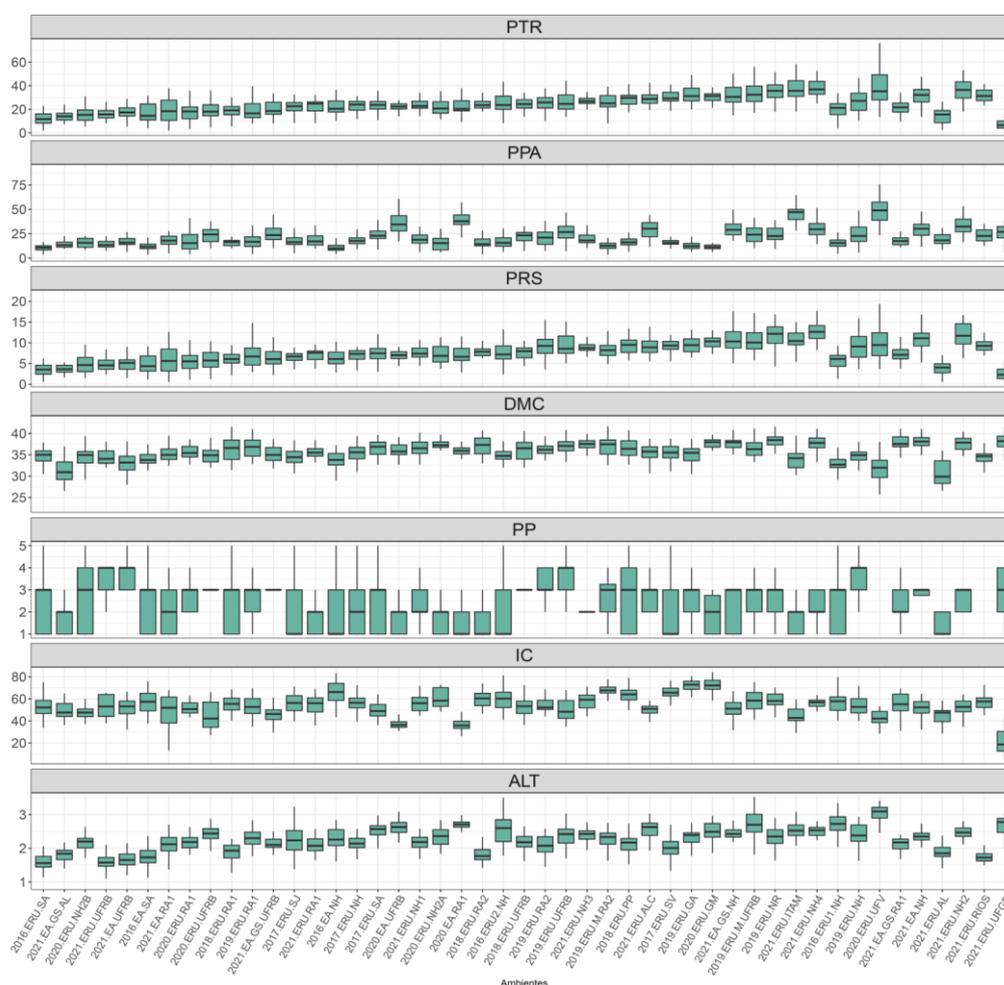


Figura 2. Média e variação fenotípica dos ambientes individuais para produtividade de raízes fresca (PTR, t ha^{-1}), produtividade de parte aérea (PPA, t ha^{-1}), produtividade de raízes secas (PRS, t ha^{-1}), teor de matéria seca nas raízes (DMC, %), porte da planta (PP, escala 1 a 5), índice de colheita (IC, %) e altura da planta (ALT, m) em 22 genótipos de mandioca avaliados em 47 ambientes.

PPA acima de 23.0 t ha^{-1} (>21% da média geral dos clones avaliados) foram identificadas nos genótipos BRS Novo Horizonte, BR11.34.64, BR11.34.45, BRS Mulatinha e Correntão. Para essa característica, também houve elevada influência ambiental (10.39 t ha^{-1} no ambiente 2016.ERU.SA a 50.28 t ha^{-1} no 2020.ERU.UFV). Altos teores de DMC foram identificados nos genótipos BRS Novo Horizonte, BRS Mulatinha e BR12-107-002 (>37%), embora a variação ambiental para essa característica tenha apresentado menor amplitude (30.79% para o ambiente 2021.ERU.AL a 38,26% para o ambiente 2019.ERU.NR). O ranqueamento dos genótipos com base na característica PRS, apontou os genótipos BRS Novo Horizonte e BR11-34-69 como os mais produtivos ($>9.0 \text{ t ha}^{-1}$), sendo que nesse caso, apenas a BRS Novo Horizonte com alto DMC fez parte dessa lista. A amplitude da PRS foi de 2.55 t ha^{-1} para o ambiente 2021.ERU.UFGD a $12,56 \text{ t ha}^{-1}$ para o ambiente 2021.ERU.NH4, enquanto na média dos ambientes a amplitude dos genótipos para essa característica foi de $4,39$ a $9,36 \text{ t ha}^{-1}$.

Para PP os genótipos IAC-90, BR11-34-64, BR11-34-69 e BR12-107-002 apresentaram escores abaixo de 2, o que indica um bom porte com maior adequação à mecanização do plantio e colheita. De modo geral, houve elevada variação dessa característica, desde 4.70 (genótipo BRS Verdinha) a 1.29 (genótipo BR12-107-002). Em relação à característica ALT, os genótipos BRS Tapioqueira, BR11-34-64, BR11-34-69 e BRS Poti Branca foram os mais altos (>2.4m), o que representa 11% de superioridade em relação à média dos genótipos testados. Para essa última característica, a variação na média dos ambientes foi de 1.57m (ambiente 2021.ERU.UFRB) a 3.03m (ambiente 2020.ERU.UFV).

Embora a mandioca seja majoritariamente de propagação vegetativa a interação G×E exerce uma alta influência na expressão dos fenótipos. Isso pode ser observado na distribuição das médias das características avaliadas, com alta variação entre e dentro de ambientes, atribuído à maior dispersão dos dados, a exemplo, das variáveis PTR, com variação de 1.34 t ha^{-1} (Corrente no ambiente 2021.ERU.UFGD) a 76.15 t ha^{-1} (BRS Dourada no ambiente 2020.ERU.UFV), PPA variando de 1.18 t ha^{-1} (IAC-90 em 2018.ERU.RA2) a 91.67 t ha^{-1} (BRS Novo Horizonte em 2020.ERU.UFV), e IC variando de 4.95% (Corrente no ambiente

2021.ERU.UFG) a 84.89% (IAC-90 no ambiente 2018.ERU.RA2), respectivamente. Por outro lado, a característica DMC apresentou menor dispersão e maior consistência entre os diferentes ambientes, com amplitude de 22.46% (BRS Dourada em 2020.ERU.UFV) a 43.13% (BRS Mulatinha em 2021.ERU.UFGD), assim como ALT cuja variação foi de 0.90 (IAC.90 em 2016.ERU.SA) a 3.52m (BRS11.34.41 em 2019.ERU.M.UFRB).

Componentes de variância e parâmetros genéticos

Durante o melhoramento genético, a obtenção de parâmetros genéticos ajuda a orientar a seleção dos genótipos para que seja possível ter maior confiabilidade nesse processo. Para todas as características, verificou-se alta contribuição da variância genética e da interação G×E para a variação fenotípica total, o que indica comportamento variável dos genótipos em função do ambiente e a consequente necessidade de considerar parâmetros de estabilidade e a adaptabilidade produtiva na seleção dos genótipos (Figura 3). O efeito do componente interação G×E variou de 20.67% para DMC a 38.54% para PTR, embora de modo geral a σ_{gxe}^2 tenha sido mais importante para as características PTR, PPA, PRS e IC (efeito > 30%). Com exceção de DMC, uma alta proporção da variância fenotípica está relacionada à variância residual (σ_e^2) para as demais características (entre 26.43% para IC e 31.44% para PRS). Além disso, a variabilidade genética também contribuiu bastante para a variação fenotípica total, sobretudo para DMC e ALT cuja σ_g^2 foi de 55.87% e 48.75%, respectivamente.

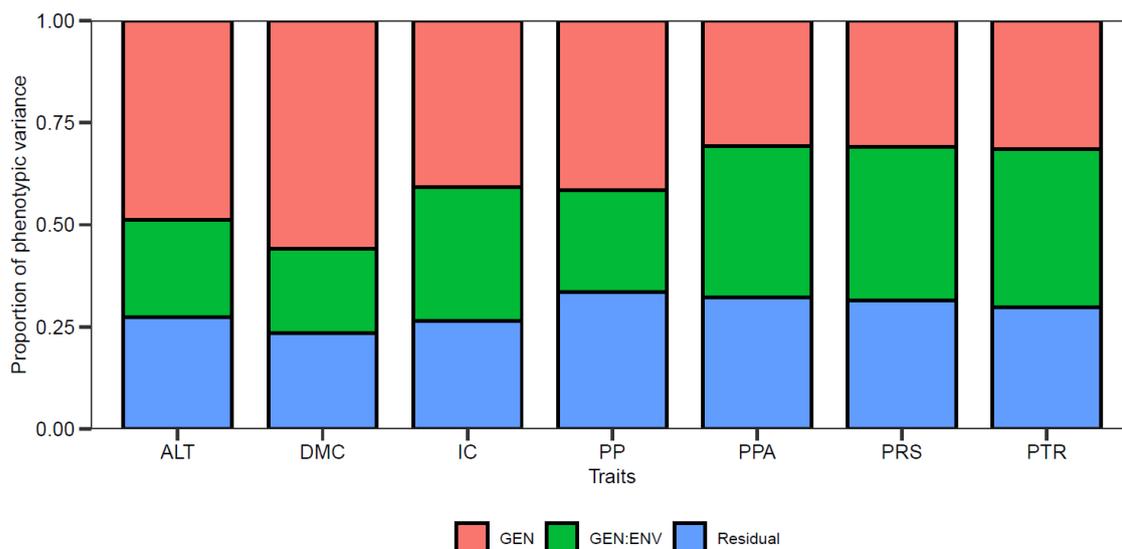


Figura 3. Proporção da variância fenotípica para as variáveis, produtividade de raízes fresca (PTR, t ha⁻¹), produtividade de raízes secas (PRS, t ha⁻¹), produtividade de parte aérea (PPA, t ha⁻¹), porte da planta (PP, escala 1 a 5), índice de colheita (IC, %), teor de matéria seca nas raízes (DMC, %) e altura da planta (ALT, m), com 22 genótipos de mandioca avaliados em 47 ambientes.

Os valores de herdabilidade no sentido amplo (H^2) variaram de baixo para as características PTR, PPA, IC e PRS (entre 0.30 e 0.40) a moderados para PP, ALT e DMC (entre 0.41 a 0.57) (Tabela 3). Por outro lado, a H^2_{cullis} foi alta para todas as características, com variação entre 0.83 (PPA) a 0.93 para (DMC). O mesmo foi observado para h^2_{mg} e H^2_{Piepho} foram bastante elevadas para todas as características (>0.90). O coeficiente de variação genotípico CVg apresentou variação de 4,28% (DMC) a 31.40% (PP), demonstrando uma alta variabilidade genética entre os genótipos, enquanto o coeficiente de variação residual CVr variou entre 2,77% (DMC) a 28.20% (PP). Os coeficientes de determinação dos efeitos de interação (GEIr2) variaram entre 0.20 (DMC) a 0.38 (PTR), enquanto a razão entre o coeficiente de variação genotípica e residual ($CV\ ratio$), apresentou valores superiores a 1 (exceto PPA e PRS). O r_{ge} referente a correlação dos efeitos da interação G×E foi de magnitude mediana com variação entre 0.42 a 0.56.

Tabela 3: Estimativas de componentes de variância, herdabilidade para sete características em 22 genótipos de mandioca avaliados em 47 ambientes.

Parâmetros	PTR	PPA	DMC	PRS	ALT	IC	PP
σ_p^2	54.8	49.20	4.15	5.50	0.09	73.10	1.41
H^2	0.32	0.30	0.57	0.31	0.50	0.40	0.42
h_{mg}^2	0.94	0.94	0.98	0.94	0.97	0.96	0.97
H_{Cullis}^2	0.87	0.83	0.93	0.86	0.90	0.91	0.88
H_{Piepho}^2	0.92	0.91	0.97	0.90	0.95	0.94	0.90
GEIr2	0.38	0.37	0.20	0.37	0.23	0.32	0.24
r_{ge}	0.56	0.53	0.46	0.54	0.46	0.55	0.42
σ_{gxe}^2	20.55	17.91	0.86	2.08	0.02	23.36	0.35
CVg	17.20	18.60	4.28	17.10	9.37	10.10	31.40
CVr	16.70	19.0	2.77	17.20	7.02	8.13	28.20
$CV\ ratio$	1.03	0.97	1.54	0.99	1.34	1.24	1.11

σ_p^2 = variância fenotípica, H^2 = herdabilidade no sentido amplo, h_{mg}^2 = herdabilidade da média fenotípica, H_{Cullis}^2 e H_{Piepho}^2 = herdabilidade de Cullis e Piepho respectivamente, GEIr2 = coeficiente de determinação dos efeitos de interação G×E, r_{ge} =, correlação da interação G×E, σ_{gxe}^2 = variância da G×E, CVg = coeficiente de variação genotípica (%), CVr = coeficiente de variação residual (%) e $CV\ ratio$ = razão entre o coeficiente de variação genotípica e residual (%), produtividade de raízes fresca (PTR, t ha⁻¹), produtividade de parte aérea (PPA, t ha⁻¹), teor de matéria seca nas raízes (DMC, %), produtividade de raízes secas (PRS, t ha⁻¹), altura da planta (ALT, m), índice de colheita (IC, %) e porte da planta (PP, escala 1 a 5).

Análise fatorial exploratória

Três componentes principais foram retidos na análise fatorial para explicar a variação genética dos dados (Tabela 4). A variação explicada acumulada para o conjunto dos dados foi de 92.20% para S_{di}^2 , 86.60% para o R^2 e 85.50% para o $RMSE$. De acordo com a rotação varimax, a comunalidade média (\bar{h}) (variância explicada pelos fatores, isto é, a proporção de variância compartilhada entre os fatores) foi de 0.92 para S_{di}^2 , 0.86 para R^2 e 0.85 para $RMSE$. Para o parâmetro S_{di}^2 a variação da comunalidade foi de $0.76 \leq \bar{h} \leq 0.98$, enquanto para o R^2 variou de $0.75 \leq \bar{h} \leq 0.97$, e $RMSE$ foi de $0.68 \leq \bar{h} \leq 0.95$ para as características DMC e PRS

Tabela 4. Cargas fatoriais, communalidade, autovalores e variância explicada após rotação varimax, obtidas na análise fatorial para os parâmetros S_{di}^2 , (desvios da regressão), R^2 (coeficiente de determinação da regressão) e $RMSE$ (raiz quadrada do erro quadrático médio da regressão) com peso de 65% para performance e 35% para estabilidade respectivamente.

Característica	Parâmetros											
	S_{di}^2				R^2				$RMSE$			
	FA1	FA2	FA3	Com	FA1	FA2	FA3	Com	FA1	FA2	FA3	Com
PTR	-0.70	-0.65	0.03	0.92	-0.96	0.12	0.15	0.96	-0.95	-0.10	0.01	0.93
PPA	-0.96	0.01	-0.20	0.95	-0.37	0.81	-0.24	0.86	-0.21	-0.72	-0.5	0.83
IC	0.10	-0.97	0.11	0.96	-0.45	-0.77	0.29	0.89	-0.61	0.68	0.15	0.87
ALT	-0.90	0.12	0.34	0.96	-0.32	0.84	0.12	0.84	-0.23	-0.86	0.36	0.94
DMC	-0.64	-0.15	-0.57	0.76	-0.14	0.24	-0.83	0.75	-0.33	-0.15	-0.74	0.68
PRS	-0.78	-0.59	-0.17	0.98	-0.94	0.18	-0.05	0.97	-0.96	-0.12	-0.09	0.95
PP	-0.05	-0.12	0.95	0.92	-0.23	0.04	0.83	0.76	-0.29	-0.16	0.81	0.78
Eigenvalues	3.64	1.55	1.27	-	2.85	2.13	1.08	-	2.62	1.84	1.55	-
Variance	52.0	22.10	18.10	-	40.70	30.40	15.50	-	37.40	26.30	22.10	-
Accumulated %	52.0	74.10	92.20	-	40.70	71.10	86.60	-	37.40	63.70	85.80	-

FA, fator retido, os valores em negrito indicam as variáveis agrupadas dentro de cada fator, *Com-Communality.

As características agronômicas foram agrupadas de acordo com os parâmetros de estabilidade (S_{di}^2 , R^2 e $RMSE$). Por exemplo, para S_{di}^2 o primeiro fator com as maiores cargas agrupou as características PPA (-0.96) e ALT (-0.90) que estão relacionadas à densidade de plantio, bem como cargas moderadas para as características PRS (-0.78), DMC (-0.64) e PTR (-0.70) relacionadas a atributos produtivos, enquanto o segundo fator identificou carga elevadas para IC (-0.97) e moderadas para PTR (-0.65) e PRS (-0.59). O terceiro fator agrupou apenas duas características PP (0.95) e DMC (-0.57) com cargas sem sentidos opostos.

Para os parâmetros R^2 e $RMSE$ o primeiro fator agrupou as características PTR (-0.96 e -0.95) e PRS (-0.94 e -0.96) com cargas altas e com mesmo sentido, além de IC (-0.45 e -0.61) com cargas de magnitude mediana, respectivamente. O segundo fator agrupou a característica ALT com cargas elevadas e opostas (0.84 e -0.86), além de PPA (0.81 e -0.72) e IC (-0.77 e 0.68) com cargas opostas e

com magnitude mediana. Por fim, o terceiro fator agrupou as variáveis PP com cargas altas e mesmo sentido (0.83 e 0.81) e DMC (-0.83 e 0.74) com cargas de sentido diferentes.

Performance e estabilidade das características primárias de seleção (PTR, PPA, DMC e PRS) via MPS para os parâmetros S_{di}^2 , R^2 e RMSE

Os parâmetros S_{di}^2 , R^2 e $RMSE$ foram utilizados devido a sua capacidade de discriminar os efeitos de heterogeneidade entre os genótipos/ambientes, e com isso analisar a diferença na classificação dos genótipos para cada característica agrônômica em função da performance agrônômica. Os plots da extrema esquerda representam a classificação dos genótipos apenas com base na sua estabilidade, enquanto que na extrema direita apenas performance agrônômica. Os pesos econômicos entre a estabilidade e performance agrônômica variaram em intervalos a cada 5%. Quatro grupos principais de genótipos foram formados com base na similaridade da estabilidade e performance agrônômica, conforme: Grupo 1 - genótipos altamente produtivos e estáveis (genótipos em vermelho); Grupo 2 - genótipos estáveis, mas pouco produtivos (genótipos em verde); Grupo 3 - genótipos produtivos, mas instáveis (genótipos em preto); Grupo 4 - Genótipos pouco produtivos e instáveis (genótipos em azul) (Figura 4).

Os genótipos BRS Poti Branca e a BRS Novo Horizonte foram alocados no Grupo1 por apresentarem alta estabilidade para PTR e PPA com base no parâmetro S_{di}^2 . Por outro lado, os parâmetros R^2 e $RMSE$ apontaram apenas o genótipo BR11-34-69 como mais estável para PTR, e os genótipos BRS Poti Branca, BRS Novo Horizonte, BRS Mulatinha, BRS Dourada, BRS Caipira, BR11-34-45, BR11-34-64 e BR11-24-156 como estáveis e de alta performance para PPA, com tendência similar de classificação entre os diferentes ambientes (Figura 4).

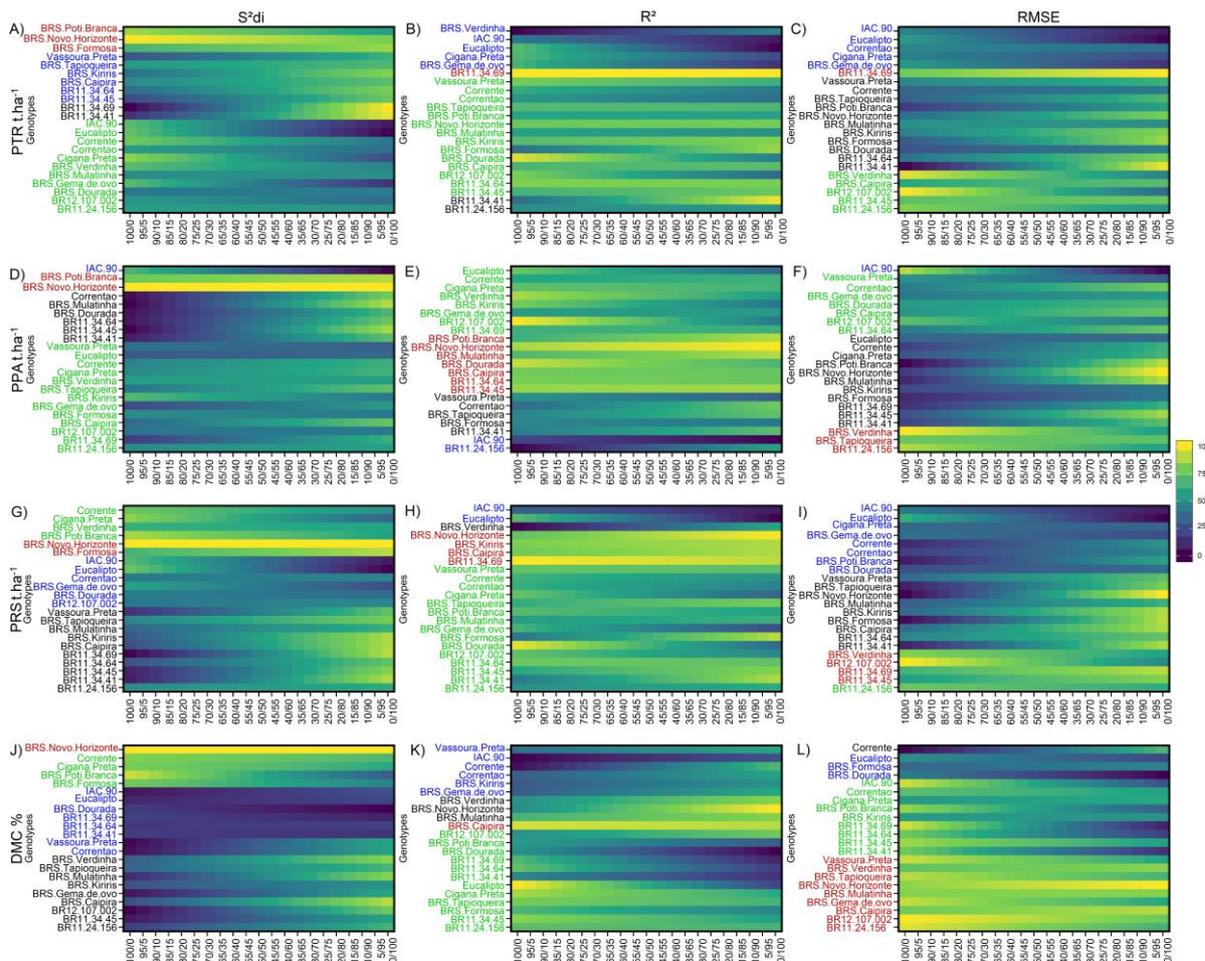


Figura 4. Classificação dos genótipos de mandioca considerando o índice MPS (Mean Performance and Stability) com variação de pesos econômicos de 0 a 100% para os parâmetros S_{di}^2 (desvios da regressão), R^2 (coeficiente de determinação) e $RMSE$ (raiz quadrada do erro quadrático médio da regressão) do modelo de estabilidade de Eberhart e Russel (1966). A variação de 0 a 100 entre azul escuro e amarelo indica a variação de improdutivo para produtivo respectivamente, para as características primárias: A), B) e C) produtividade de raízes fresca (PTR, $t\ ha^{-1}$), D), E) e F) produtividade de parte aérea (PPA, $t\ ha^{-1}$), G), H) e I) produtividade de raízes secas (PRS, $t\ ha^{-1}$) e J), K) e L) teor de matéria seca nas raízes (DMC, %) respectivamente. As classificações mais à esquerda consideram genótipos estáveis e mais à direita os de maior performance agrônômica, entre os extremos variação de 5% nos cenários de classificação.

No caso do Grupo2, a característica mais marcante foi a inclusão da maior parte dos genótipos para os parâmetros S_{di}^2 ($\cong 13$ genótipos) e R^2 ($\cong 8$ genótipos), demonstrando a dificuldade de seleção dos genótipos estáveis e com alta performance, além da presença de alta dispersão dentro do grupo. Um grupo menor de genótipos ($\cong 5$) foi agrupado com base no parâmetro $RMSE$, sendo o

genótipo BR12-107-002 comuns aos três parâmetros, BR11-24-156 comum para o parâmetro (S_{di}^2), Corrente para (R^2) e BRS caipira para ($RMSE$), nas duas características (PPA e PTR). Do Grupo3 apenas o genótipo BR11-34-41 foi agrupado com base nos três parâmetros para PTR e PPA. Para estas duas características, o parâmetro $RMSE$ foi o que agrupou o maior número de genótipos no Grupo3 (11 clones). No Grupo4, o genótipo IAC-90 foi agrupado com base nos três parâmetros, com exceção apenas do S_{di}^2 para PTR que agrupou a Vassoura Preta como genótipos pouco produtivos e instáveis para essas regiões de avaliação.

Para as características PRS e DMC o Grupo1 agrupou o menor número de genótipos, dada a dificuldade da seleção simultânea entre performance e estabilidade. Considerando apenas os genótipos comuns aos diferentes parâmetros de estabilidade, verificou-se que o genótipo BRS Novo Horizonte foi alocado no Grupo1 para PRS e DMC com base no parâmetro S_{di}^2 , o genótipo BRS Caipira para R^2 , e BR12-107-002 e BRS Verdinha para o parâmetro $RMSE$ (> PRS e DMC).

Ainda para PRS, o maior número de genótipos foi alocado no Grupo2, sobretudo para o parâmetro S_{di}^2 , enquanto o parâmetro $RMSE$ agrupou apenas o genótipo BR11-24-156, também agrupado pelo parâmetro anterior. Por outro lado, para a característica DMC, maior número de genótipos foram agrupados no Grupo2, sendo os genótipos BRS Poti Branca, Cigana Preta, BR11-34-41, BR11-34-45, BR11-34-64 e BR11-34-69 comuns aos parâmetros R^2 e $RMSE$. Além disso, o parâmetro S_{di}^2 inclui três genótipos comuns (Corrente, Cigana Preta e BRS Poti Branca) às características PRS e DMC no Grupo2.

No Grupo 3 foram agrupados nove genótipos com base no parâmetro S_{di}^2 , BR11-34-45 e BR11-24-156 comuns para PRS e DMC. Diferentes genótipos foram agrupados pelos parâmetros R^2 e $RMSE$ para estas duas características. No caso do Grupo4 os genótipos IAC-90 e Eucalipto foram agrupados pelos três parâmetros, enquanto a BRS Dourada apenas por dois deles (S_{di}^2 e $RMSE$) para a característica PRS. Para DMC os genótipos IAC-90, Vassoura Preta e Correntão foram comumente agrupados com base em S_{di}^2 e R^2 , enquanto Eucalipto e BRS Dourada foram comumente agrupadas pelos parâmetros S_{di}^2 e $RMSE$.

Performance e estabilidade das características de seleção secundárias (IC, ALT e PP) via MPS para os parâmetros S_{di}^2 , R^2 e RMSE

Com base nos parâmetros S_{di}^2 , R^2 e *RMSE* também foi possível identificar quatro grupos discrepantes e não correlacionados quanto à estabilidade e performance agrônômica entre as três características secundárias (Figura 5). Para IC a BRS Formosa foi bastante estável com manutenção da performance agrônômica nos três parâmetros de estabilidade (Grupo1). Além disso, Vassoura Preta e IAC-90 também foram agrupadas no Grupo1 com base nos parâmetros R^2 e *RMSE*. O agrupamento de genótipos estáveis e pouco produtivos (Grupo2) para IC incluiu quatro testemunhas (Corrente, Cigana Preta, BRS Poti Branca e BRS Novo Horizonte) para o parâmetro S_{di}^2 , enquanto os parâmetros R^2 e *RMSE* agruparam dois genótipos (BR11-34-45 e BR11-24-156) e outras testemunhas (BRS Verdinha e a BRS Tapioqueira). Quanto ao Grupo3, os parâmetros S_{di}^2 e *RMSE* agruparam a BRS Kiriris, enquanto o R^2 quatro novos genótipos (BR12-107-002, BR11-34-69, BR11-34-64 e BR11-34-41), como produtivos, porém instáveis. Por outro lado, o Grupo4 compreendeu um grupo maior número de genótipos com alta variação dentro do grupo, tanto para S_{di}^2 (12 novos genótipos), quanto para *RMSE* (9 testemunhas), exceto R^2 que agrupou apenas a BRS Caipira.

Para a característica ALT, os parâmetros *RMSE* agruparam doze clones no Grupo1 incluindo BR11-34-64, BR11-34-69, BR11-34-45, BR11-24-156 e BR12-107-002, além da BRS Novo Horizonte também agrupadas pelos parâmetros S_{di}^2 e R^2 . Outro agrupamento que alocou grande parte dos genótipos foi o Grupo3 sendo 13 e 12 clones para os parâmetros S_{di}^2 e R^2 , respectivamente, tendo os genótipos BR11-34-64, BR11-34-69, BR11-34-41, BR11-24-156 e BR12-107-002 comuns entre eles. Em contrapartida o Grupo4, agrupou o menor número de genótipos, tendo o IAC-90 em todos os parâmetros.

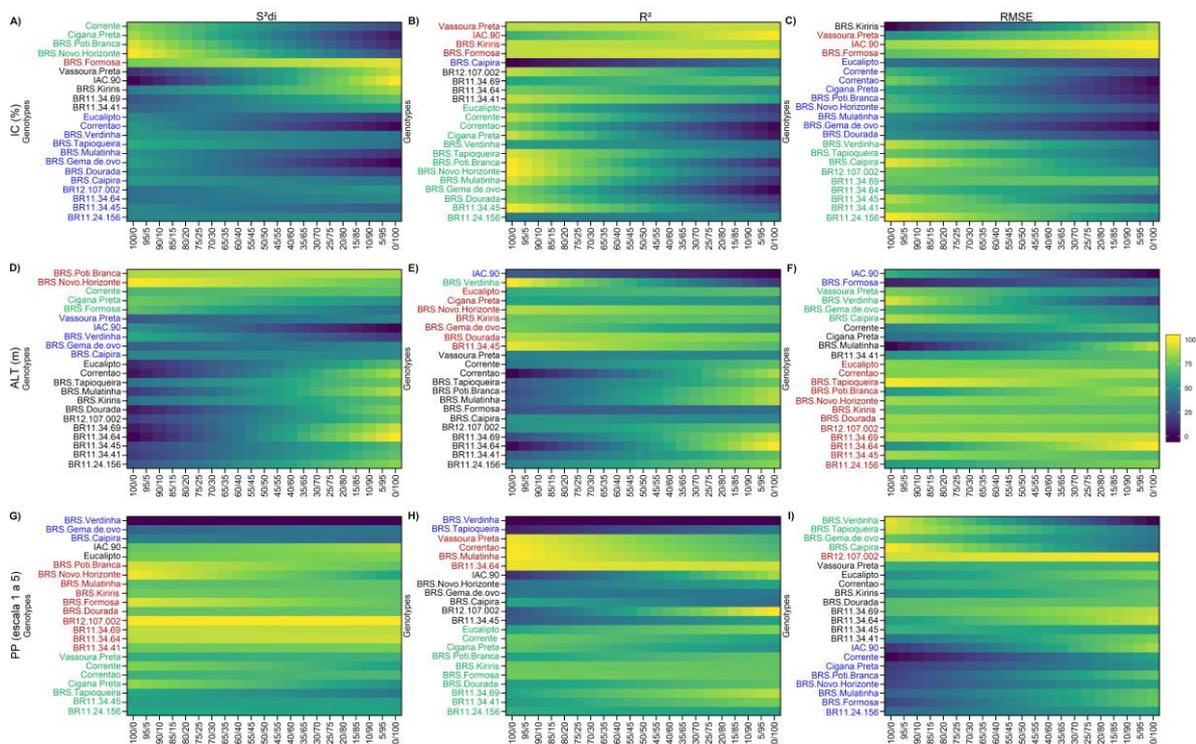


Figura 5. Classificação dos genótipos de mandioca considerando o índice MPS (Mean Performance and Stability) com variação de pesos econômicos de 0 a 100% para os parâmetros S_{di}^2 (desvios da regressão), R^2 (coeficiente de determinação) e $RMSE$ (raiz quadrada do erro quadrático médio da regressão) do modelo de estabilidade de Eberhart e Russel (1966). A variação de 0 a 100 entre azul escuro e amarelo indica variação de improdutivo para produtivo respectivamente, para as características primárias, para as características secundárias: A), B) e C) Índice de colheita (IC, %), D), E) e F) Altura da planta (ALT, m), G), H) e I) porte da planta (PP, escala 1 a 5) respectivamente. As classificações mais à esquerda consideram genótipos estáveis e mais à direita os de maior performance agrônômica, entre os extremos variação de 5% nos cenários de classificação.

Para a característica PP, o genótipo BR12-107-002 foi alocado no Grupo1 com base nos parâmetros S_{di}^2 e $RMSE$, e o genótipo BR11-34-64 com base nos parâmetros S_{di}^2 e R^2 conjuntamente. Além de fornecerem alta performance também apresentaram alta estabilidade para PP (sem ramificações ou com ramificações acima de 2.0 m de altura), independentemente da razão entre estabilidade e performance (0/100), a ordem de classificação não alterou seu ranqueamento. Por outro lado, o parâmetro S_{di}^2 agrupou 45% dos genótipos no Grupo1, incluindo quatro novos genótipos (BR12-107-022, BR11-34-69, BR11-34-64 e BR11-34-41). No Grupo 4 a BRS Verdinha foi agrupada com baixa performance e instabilidade para PP, com base nos parâmetros S_{di}^2 e R^2 . Para o Grupo4 não houve outros clones selecionados para os mesmos parâmetros de

estabilidade quanto à PP. Além disso, não houve grandes diferenças na classificação dos genótipos do Grupo4 em relação às diferentes proporções de peso entre estabilidade e performance agronômica, principalmente para o parâmetro S_{di}^2 .

Seleção truncada dos genótipos de mandioca com base no índice MPS

O diferencial de seleção do índice MPS para o parâmetro S_{di}^2 variou de -4.06% (DMC) a 29.8% (PTR), embora similar para a maioria das características (21.3 a 29.8%), com exceção de PPA e ALT (18.1 e 15.6% respectivamente - Tabela 5).

Os ganhos do índice MPS para o parâmetro R^2 foram mais variáveis, tendo amplitude de -3.08% (DMC) a 33.0% (PTR) tendo, portanto, ganhos acima de 25% apenas para as características PRS e PTR. O mesmo aconteceu com os ganhos do MPS para o parâmetro $RMSE$, cuja variação foi de 12.3 (DMC) a 29.1% (PRS). Portanto, o diferencial de seleção para o índice MPS, utilizando os parâmetros S_{di}^2 , R^2 e $RMSE$, resultou em ganhos positivos para todas as variáveis demonstrando a eficiência do modelo em capturar os ganhos para a performance e estabilidade. Exceção ocorreu apenas para a característica DMC, para o parâmetro S_{di}^2 e R^2 , em que houve redução no índice MPS em 4.0 e 3.0%, respectivamente.

Tabela 5. Diferencial de seleção para o índice de estabilidade MPS (Mean Performance and Stability) das variáveis em mandioca utilizando os parâmetros S_{ai}^2 (desvios da regressão) R^2 (coeficiente de determinação da regressão) e $RMSE$ (raiz quadrada do erro quadrático médio da regressão) do modelo de Eberhart e Russell, 1966, com peso econômico de 65% para performance e 35% estabilidade respectivamente.

Caracteres	Fator	S_{ai}^2/FA				Fator	R^2FA				Fator	$RMSE/FA$			
		X_o	X_s	SD	$SD\%$		X_o	X_s	SD	$SD\%$		X_o	X_s	SD	$SD\%$
PTR	FA1	54.3	70.4	16.2	29.8	FA1	57.3	76.2	18.9	33.0	FA1	52.7	67.5	14.8	28.2
PPA	FA1	52.3	60.5	8.17	15.6	FA2	61.6	73.6	11.9	19.3	FA2	54.0	61.7	7.65	14.2
ALT	FA1	55.4	65.4	10.0	18.1	FA2	59.3	69.3	10.0	16.9	FA2	65.4	77.0	11.6	17.7
DMC	FA1	44.3	42.3	-2.02	-4.6	FA3	52.9	51.3	-1.62	-3.6	FA3	58.9	66.1	7.22	12.3
PRS	FA1	55.6	69.7	14,1	25.4	FA1	61.3	78.2	16.9	27.6	FA1	52.1	67.2	15.2	29.1
IC	FA2	44.9	57.5	12.5	27.9	FA2	54.1	61.4	7.30	13.5	FA2	50.2	58.6	8.47	16.9
PP	FA3	66.7	81.0	14.2	21.3	FA3	61.9	70.9	9.05	14.6	FA3	59.9	69.1	9.12	15.2

X_o = média original, X_s = média dos genótipos selecionados, SD = diferencial de seleção e $SD\%$ = diferencial de seleção em porcentagem, produtividade de raízes fresca (PTR, t ha⁻¹), produtividade de parte aérea (PPA, t ha⁻¹), altura da planta (ALT, m), teor de matéria seca nas raízes (DMC, %), produtividade de raízes secas (PRS, t ha⁻¹), índice de colheita (IC, %) e porte da planta (PP, escala 1 a 5).

Correlações entre as características

A relação entre os índices MPS com base nos parâmetros de estabilidade S_{di}^2 , R^2 e $RMSE$ foi representada pela rede de network (e correlação de pearson's) (Figura 6 e Figura suplementar S2). De modo geral, as estimativas da relação entre as características agronômicas foram bastante variáveis em sentido e magnitude. Além disso, os três parâmetros de estabilidade diferiram quanto ao número de correlações identificadas, sendo que os parâmetros S_{di}^2 , R^2 e $RMSE$ identificaram 47.61%, 33.30% e 28.57% das correlações como sendo significativas e de alta magnitude. Entretanto, a correlação do índice MPS para os parâmetros S_{di}^2 , R^2 e $RMSE$ foi bastante similar para alguns pares de características como PTR x PRS ($>0.95^{***}$) e PPA x ALT ($>0.46^*$). Por outro lado, as correlações negativas observadas entre PPA x IC para os três parâmetros foram significativas apenas para o parâmetro R^2 (-0.50^*), embora de magnitude moderada. Também foram observadas baixas correlações negativas entre DMC x PP nos três parâmetros (variação de -0.26 a -0.43^*), no entanto, apenas significativo para o parâmetro R^2 .

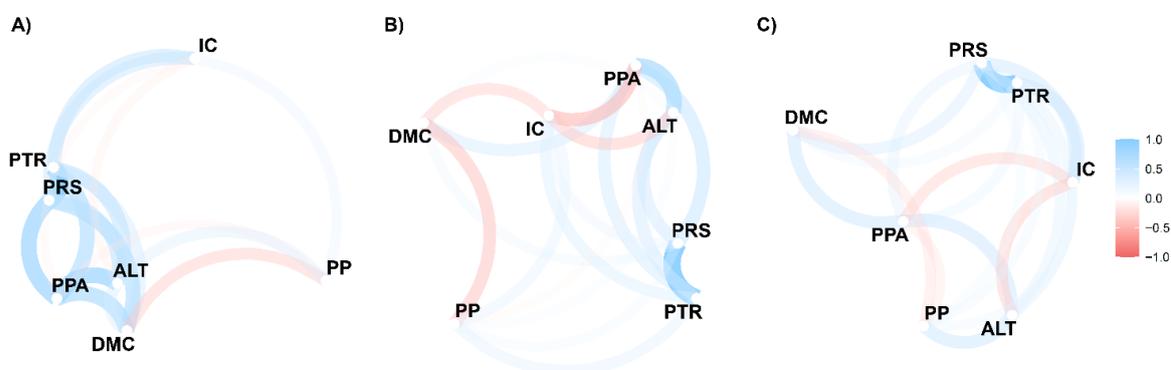


Figura 6. Rede network de correlações de Pearson's entre as variáveis agronômicas para o índice MPS (Mean Performance and Stability) nos parâmetros A) S_{di}^2 (desvios da regressão), B) R^2 (coeficiente de determinação da regressão) e C) $RMSE$ (raiz quadrada do erro quadrático médio da regressão) do modelo de Eberhart e Russell, 1966, com peso econômico de 65% para performance agronômica e 35% estabilidade respectivamente. A espessura das linhas representa a magnitude das correlações, enquanto que as cores azul e vermelha representam correlações positivas e negativas, respectivamente.

A rede network agrupou as características agronômicas primárias (PTR, PPA e PRS) e secundárias (ALT e PP), em muitos casos com correlações negativas (DMC x PP e IC x PPA), o que traz dificuldades na seleção simultânea

dos melhores genótipos com base em índices multi-características. No entanto, a análise de trilha mostrou que uma grande parte da variação em PTR foi explicada pelo efeito direto de duas características primárias que são PRS (0.97) e PPA (0.50) com $R^2 > 0.98$ e baixa correlação residual (0.16) e com valores de $VIF < 10$ (fator de inflação da variância). Portanto, essas características são úteis na seleção indireta e na utilização de índices multi-características, (com baixa multicolinearidade, a exemplo do MTMPS) que mais contribuem para a característica principal como produtividade de raízes frescas (Tabela suplementar S3).

Seleção multi-características para performance e estabilidade com base no índice MTMPS

O índice MTMPS permite explorar as estimativas do diferencial de seleção, ganho de seleção e herdabilidade dos genótipos selecionados para multi-características de maior interesse agrônômico (Tabela 6). De modo geral, houve uma resposta similar nos ganhos do índice MTMPS dos parâmetros R^2 e $RMSE$. Ao considerar o parâmetro R^2 houve ganho para a maioria das características que variou de 2.62 (IC) a 18.90% (PTR), exceto PP na qual houve redução do porte em 14.60% (o que é desejado, nesse caso). No caso do parâmetro $RMSE$, o sentido de seleção, foi desejável para todas as características, os ganhos variaram de 0.19 (PP) a 11.20% (PTR), enquanto a redução do PP foi de 4.39%.

Por outro lado, o índice MTMPS demonstrou potencial para aumentar os ganhos de seleção para o parâmetro S_{di}^2 em seis características, com variação de 3.44 (ATL) a 19.40% (PTR). Entretanto, nesse caso o índice MTMPS não resultou em aumento no teor de matéria seca (-1.98%) e, portanto, a seleção dos genótipos não resultou em ganhos desejados para todas as características, no entanto, para o porte a redução foi de -17.60%, contudo desejável para o plantio mecanizado.

Considerando uma intensidade de seleção de 30%, o índice MTMPS permitiu a seleção de sete genótipos, por meio dos parâmetros S_{di}^2 , R^2 e $RMSE$ (Figura 7). Quanto maior a contribuição do fator, mais ele contribuiu para a distância do ideótipo.

Tabela 6. Diferencial de seleção para a média das variáveis, dos genótipos selecionados, para os parâmetros S_{di}^2 (desvios da regressão) R^2 (coeficiente de determinação da regressão) e $RMSE$ (raiz quadrada do erro quadrático médio da regressão) do modelo de Eberhart e Russell, 1966, com peso econômico de 65% para performance e 35% de estabilidade respectivamente.

VARIÁVEIS	S_{di}^2/FA	X_o	X_s	GS	$SG\%$	Sentido	Meta
PTR	FA1	23.80	28.60	4.62	19.40	aumentar	Sim
PRS	FA1	7.49	8.71	1.18	15.80	aumentar	Sim
PPA	FA1	20.20	22.10	1.82	8.99	aumentar	Sim
IC	FA2	54.30	57.00	2.65	4.87	aumentar	Sim
ALT	FA1	2.24	2.32	0.07	3.44	aumentar	Sim
DMC	FA1	35.50	34.80	-0.70	-1.98	aumentar	Não
PP	FA3	2.55	2.10	-0.45	-17.60	diminuir	Sim
VARIÁVEIS	R^2FA	X_o	X_s	GS	$SG\%$	Sentido	Meta
PTR	FA1	23.80	28.40	4.51	18.90	aumentar	Sim
PRS	FA1	7.49	8.75	1.22	16.20	aumentar	Sim
PPA	FA2	20.20	23.10	2.78	13.80	aumentar	Sim
IC	FA2	54.30	55.80	1.42	2.62	aumentar	Sim
ALT	FA2	2.24	2.36	0.12	5.19	aumentar	Sim
DMC	FA3	35.50	35.30	-0.22	-0.62	aumentar	Não
PP	FA3	2.55	2.17	-0.37	-14.60	diminuir	Sim
VARIÁVEIS	$RMSE/FA$	X_o	X_s	GS	$SG\%$	Sentido	Meta
PTR	FA1	23.80	26.50	2.66	11.20	aumentar	Sim
PRS	FA1	7.49	8.30	0.78	10.40	aumentar	Sim
PPA	FA2	20.20	20.30	0.04	0.19	aumentar	Sim
IC	FA2	54.30	56.90	2.51	4.62	aumentar	Sim
ALT	FA2	2.24	2.36	0.11	5.15	aumentar	Sim
DMC	FA3	35.50	35.70	0.16	0.46	aumentar	Sim
PP	FA3	2.55	2.44	-0.11	-4.39	diminuir	Sim

X_o = desempenho geral (melhor previsão linear imparcial); X_s = média dos selecionados; GS = ganho de seleção; $SG\%$ = ganho de seleção em porcentagem considerando a seleção multi-características, produtividade de raízes fresca (PTR, t ha⁻¹), produtividade de raízes secas (PRS, t ha⁻¹), produtividade de parte aérea (PPA, t ha⁻¹), índice de colheita (IC, %), altura da planta (ALT, m), teor de matéria seca nas raízes (DMC, %) e porte da planta (PP, escala 1 a 5).

Com base no parâmetro S_{di}^2 , os genótipos selecionados foram BRS Novo Horizonte (2.29), BRS Kiriris (3.14), BRS Formosa (3.14), BRS Poti Branca (3.25), BR11-34-69 (3.52), BR11-34-41 (3.61) e BR11-34-64 (3.67), com os menores

valores de MTMPS. A contribuição de cada fator para o índice MTMPS indicou que 55.46% da distância do genótipo BRS Novo Horizonte para o ideótipo está associado ao FA2 (mais relacionado com IC), e em relação ao FA3 (40.78%), mais relacionado com PP (Tabela suplementar S2), e portanto, a BRS Novo Horizonte apresentou valores de MTMPS menores para as características IC e PP. Por outro lado, os genótipos BRS Formosa, BRS Kiriris, BR11-34-41 e BR11-34-69 tiveram maior contribuição da distância do ideótipo no FA1 (mais associado com as características PTR, PRS, PPA, ALT e, DMC) com contribuição do FA1 para cada genótipo supracitado de 76.28%, 60.34%, e 58.26% e 54.97% respectivamente. Em contraposição, a contribuição do FA2 sozinho explicou 73.06% do ideótipo do genótipo BRS Poti Branca, enquanto que o genótipo BR11-34-64 houve uma contribuição homogênea entre o FA1 e FA2 (46.76% e 45.31%).

Para o parâmetro R^2 os genótipos selecionados foram BR11-34-69 (1.83), BRS Novo Horizonte (1.85), BRS Kiriris (2.15), BR11-34-45 (2.19), BR11-34-64 (2.45), BR11-34-41 (2.66) e BRS Mulatinha (2.85). Portanto, o parâmetro R^2 indicou a seleção de quatro genótipos em fase final de validação com uma ampla contribuição do FA1 (54.93%), cujas características mais importantes foram PTR e PRS. Apenas no caso do genótipo BRS Novo Horizonte houve um maior equilíbrio na importância do FA1 e FA3 (mais relacionado com as características DMC e PP).

No caso do parâmetro $RMSE$ os genótipos com menor MTMPS selecionados foram BR12-107-002 (2.88), BR11-24-156 (3.15), BR11-34-45 (2.71), BR11-34-69 (2.73), BRS Tapioqueira (3.26), BRS Caipira (3.09) e BR11-34-64 (3.10). Nesse caso, houve maior contribuição do FA1 (54.52%) para os genótipos selecionados (associado aos atributos produtivos PTR e PRS) com variação de 34.61% para BR11-34-69 a 72.37% para BRS Tapioqueira. O FA2 (associados às características PPA, IC e ALT) contribuiu de maneira equilibrada (25.48%), em todos os genótipos selecionados pelo parâmetro $RMSE$. Portanto, o índice MTMPS foi bastante útil para selecionar e classificar corretamente os genótipos de mandioca com base na estabilidade e a performance para várias características agrônômicas de forma simultânea, além de identificar os pontos fortes e fracos dos genótipos selecionados, por meio da contribuição de cada fator.

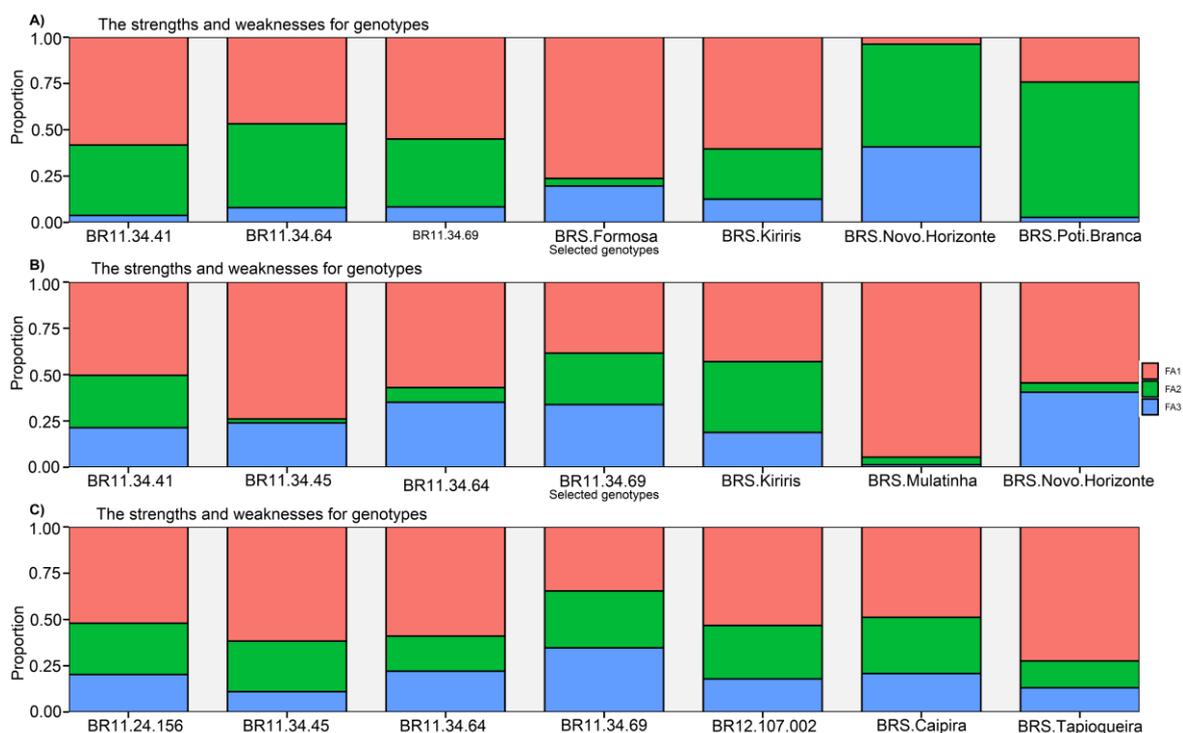


Figura 7. Genótipos de mandioca selecionados pelo índice multi-características (MTMPS), por meio dos parâmetros (A) S_{di}^2 (desvios da regressão), (B) R^2 (coeficiente de determinação da regressão) e (C) para $RMSE$ (raiz quadrada do erro quadrático médio da regressão) do modelo de Eberhart e Russell, 1966, com peso econômico de 65% para performance e 35% de estabilidade respectivamente, considerando uma intensidade de seleção de 30%, bem como os pontos fortes e fracos dos genótipos levando-se em consideração a proporção da contribuição de cada fator.

DISCUSSÃO

Interação G×E e parâmetros genéticos para características agronômicas

Nos últimos anos, importantes avanços foram obtidos no programa de melhoramento genético de mandioca com uso de métodos convencionais e biotecnológicos avançados (CEBALLOS et al., 2012). Em muitos desses casos, o desenvolvimento de novas variedades tem buscado aumentar os ganhos genéticos, associado à alta performance, estabilidade fenotípica e adaptabilidade dos novos genótipos em relação a cultivares tradicionais nas diferentes regiões alvo da recomendação. É sabido que a alta influência da interação G×E limita a eficiência da seleção, tendo em vista que a classificação dos genótipos muda entre os diferentes ambientes, principalmente para características complexas. Além de levar a um viés na previsão do avanço genético e diminuir o ganho com a seleção (FARSHADFAR et al., 2013). Portanto, a condução de ensaios multi-

ambientes é fundamental para entender e superar as flutuações associadas a fatores intrínsecos (interação gênica entre os alelos) e a fatores extrínsecos (fatores edafoclimáticos), de forma a permitir maior confiabilidade na seleção dos melhores genótipos a serem recomendados como nova variedade melhorada, dada a natureza complexa da performance e estabilidade.

Os resultados identificaram efeitos altamente significativos ($p < 0,001$) da interação G×E do tipo crossover pelo teste LRT para as multi-características avaliadas, o que dificulta a seleção de genótipos superiores, que tenham de forma simultânea, estabilidade produtiva e alta performance. Entretanto, novas abordagens para o estudo da interação G×E, juntamente com o entendimento dos parâmetros genéticos das populações de melhoramento podem ajudar a identificar clones que sofrem menor influência ambiental ao longo dos diferentes locais de avaliação. No nosso estudo, o coeficiente de variação genotípica (CVg) foi maior do que o coeficiente de variação residual (CVr) para as características secundárias e atributos agrônômicos como PTR e DMC. Como resultado, tem-se razão CVg/CVr maior ou próximo de 1, que são favoráveis para o processo de seleção dos genótipos nas diferentes fases do programa de melhoramento. Estas estimativas são semelhantes aos reportados por Oliveira et al. (2015), para PTR e DMC tanto na ausência, quanto na presença de condições de déficit hídrico ao avaliarem 47 genótipos de mandioca em Petrolina, PE-Brasil. Para características primárias como PPA e PRS o CVg foi ligeiramente menor do que o CVr com maior influência ambiental. Outros autores como Adjebeng-Danquah et al. (2017) também reportaram razão CVg/CVr menor do que 1 para características secundárias como ALT e IC (0.94 e 0.90 respectivamente), assim como das características primárias PTR e DMC (0.83 e 0.87), ao avaliarem 20 genótipos de mandioca em quatro ambientes na Nigéria.

Compreender as partes herdáveis e não herdáveis da variação fenotípica é fundamental para definir o progresso e as melhores estratégias de seleção. Cerca de 50% da variância fenotípica observada entre as seis características são provenientes do efeito ambiental e da interação G×E, que reduzem a herdabilidade dessas características. De modo geral, as maiores herdabilidades no sentido amplo foram observadas para as características secundárias e DMC (>0.40). De acordo com Wolfe et al. (2016) a característica DMC em mandioca está principalmente sob controle genético com predominância de efeitos aditivos,

enquanto que as características PPA e PRS sob predominância de efeitos genéticos não aditivos. Entretanto, ganhos genéticos podem ser alcançados por essas características por meio da seleção indireta ou ainda uso de estratégias de seleção recorrente e exploração de efeitos heteróticos (CEBALLOS et al., 2013).

As correlações r_{ge} foram similares para PTR, PPA, PRS e IC (≈ 0.54) e menores para DMC, ALT e PP (≈ 0.44), enquanto baixas estimativas de H^2 no sentido amplo foram identificadas para a maioria das características, com variação de 0.30 (PPA) a 0.42 (PP). Apenas DMC (0.57) e ALT (0.50) apresentaram maiores H^2 . De fato, estudos prévios reportaram elevado efeito ambiental na expressão de parâmetros genéticos associados a características produtivas em mandioca, com baixas H^2 para PTR (0.21), IC (0.32) e PRS (0.22) (CARVALHO et al., 2021). Ao avaliarem 814 acessos de mandioca em 21 experimentos conduzidos de 2011 a 2015 de genótipos do banco de germoplasma de mandioca da Embrapa Mandioca e Fruticultura, Diniz et al. (2019) relataram H^2 de 0.15, 0.11, 0.16 e 0.23 para PTR, PPA, PRS e DMC, respectivamente, e h^2 de 0.42, 0.33, 0.43 e 0.50 para as mesmas características anteriores. Por outro lado, elevadas estimativas de herdabilidade de Cullis e Piepho (>0.88) e na média das parcelas (>0.90) foram identificadas para todas as características. Ao estudar vinte genótipos de mandioca em quatro zonas agroecológicas, em duas safras na Nigéria, alguns autores reportaram H^2 elevadas para algumas características secundárias como IC (>0.57) e ALT (>0.73) (EWA et al., 2017; AINA et al., 2007). No geral, houve uma maior herdabilidade para as características secundárias quando comparada às primárias, o que indica a possibilidade de uso dessas características para seleção indireta daquelas de maior importância agronômica.

Seleção de genótipos via índice MPS

Na fase final de validação dos genótipos, informações isoladas de performance ou estabilidade produtiva não são suficientes para uma recomendação eficiente dos genótipos, uma vez que em muitas situações é possível identificar genótipos com baixa performance agronômica e alta estabilidade entre os ambientes (YAN et al., 2006; JIWUBA et al., 2020). Por exemplo, para as características PPA e PRS, em média, dose genótipos foram

alocados no Grupo2 para S_{di}^2 e R^2 , incluindo os genótipos BR11-24-156 e BRS Dourada que apresentaram rendimento abaixo de 20.0 t ha⁻¹ de PTR e 6.79 t ha⁻¹ de PPA, embora tenham apresentado alta estabilidade para os parâmetros supracitados. Por outro lado, a seleção de genótipos com alta performance, pode não indicar alta estabilidade. Dentre os 22 genótipos avaliados, mais de 50% foram alocados no Grupo3 (isto é, genótipos produtivos, mas instáveis) com base nos parâmetros S_{di}^2 , e $RMSE$ para as características primárias, a exemplo da BR11-34-41 (>31.0 t ha⁻¹ PTR) e BR11-34-45 (>35.0% de DMC), o que sugere que estes clones podem ser indicados para ambientes previsíveis.

A dificuldade na seleção simultânea entre performance agrônômica e estabilidade produtiva foi relatado por outros autores em várias culturas com base no modelo WAASB - média ponderada dos escores absolutos (OLIVOTO et al., 2019b; NATARAJ et al., 2021; SHARIFI et al., 2021). Especificamente em mandioca, Koundinya et al. (2021), identificaram alta proporção de genótipos presentes no Grupo2 e Grupo3, demonstrando a dificuldade da seleção simultânea ao utilizaram índice multi-características em 25 genótipos de mandioca em quatro condições de cultivo na Índia, para seleção quanto à performance e estabilidade.

Além disso, observou-se um alto efeito da interação G×E, nos novos genótipos para as quatro características primárias, em relação às variedades (testemunha e local), para o parâmetro S_{di}^2 , ou seja, maior proporção de testemunhas presentes no Grupo1. Por outro lado, os parâmetros de estabilidade R^2 e $RMSE$ agruparam os novos genótipos para as quatro características, no Grupo1 como tendo maior performance e estabilidade. Portanto, é importante que os ensaios de VCU levem em consideração uma ponderação para estes dois parâmetros de forma a orientar melhor a recomendação dos novos genótipos. Quanto às características secundárias, exceto índice de colheita (com > proporção de testemunhas), houve um maior agrupamento dos novos genótipos no Grupo1 para ALT e PP.

De forma alternativa diversos autores utilizaram outros métodos que consideram performance e estabilidade de forma simultânea (FARSHADFAR, 2008; BARAKI et al., 2014; TUMUHIMBISE et al., 2014). Embora o índice de estabilidade de rendimento (YSI) e o índice de estabilidade de genótipo (GSI),

tenham sido propostos para selecionar os genótipos quando ao desempenho e estabilidade produtiva, estes métodos utilizam apenas o parâmetro *ASV* como base para a seleção. Isso faz com que haja alto ruído nos dois primeiros PCs e baixa captura do padrão da interação G×E, gerando resultados viesados, além de não permitir variar os pesos econômicos sem a possibilidade de avaliação dos diferentes cenários de classificação (entre 0 e 100). Em um estudo comparativo Olivoto et al. (2019) descreveram o GSI como ambíguo pelo fato deste índice não identificar a parte referente à performance e estabilidade, o que pode levar a recomendações equivocadas. Por outro lado, o índice de seleção MPS explora as relações existentes entre a performance agrônômica e a estabilidade produtiva para identificar grupos, por meio de métodos de análise convencionais de estabilidade amplamente utilizados na literatura. Portanto o índice MPS é destinado a agrupar genótipos homogêneos, pois possibilita identificar genótipos com comportamentos fenotípicos similares para performance e estabilidade. Portanto, por meio da regressão de Eberhart e Russel (1966), cujo modelo é composto de três parâmetros (S_{di}^2 , R^2 e $RMSE$) e com pesos econômicos variando de 0 a 100, identificou-se quatro clusters, onde a interação G×E entre os genótipos são semelhantes dentro do grupo para o conjunto de ambientes avaliados tanto para as características primárias quanto secundárias de seleção.

O parâmetro S_{di}^2 corresponde ao desvio de regressão, onde $S_{di}^2 = 0$ é indicativo de genótipos com alta previsibilidade (estáveis), ou seja, possuem classificação constante com interação G×E nula, enquanto que o parâmetro R^2 é o coeficiente da regressão onde $R^2 = 1$ é indicativo de genótipos com maior adaptabilidade, enquanto o terceiro parâmetro $RMSE$ é a raiz do quadrado médio do erro da regressão, em que genótipos mais estáveis possuem menor RSME. Esses parâmetros da regressão mostraram-se eficientes em discriminar as diferenças de classificação, com base nos diferentes grupos formados e da variação entre grupos, para a seleção dos genótipos com menor S_{di}^2 e $RMSE$ ou/e maior R^2 com alta produtividade, assim como aqueles mais instáveis e de baixa produtividade, caracterizado pela distância do ideótipo nos parâmetros de regressão. No entanto, para aumentar a eficiência interpretativa, com significância biológica e explorar a interação G×E e obter o genótipo ideal, sobretudo os parâmetros S_{di}^2 e R^2 podem ser analisados de forma conjunta.

Com base nas características primárias no Grupo1, independentemente do peso econômico, com $S_{di}^2 = 0$, $R^2 = 1$ e $RMSE = 0$, o genótipo BRS Novo Horizonte foi selecionado por apresentar alta performance agrônômica e estabilidade, pois frente às variações edafoclimáticas este produziu em média 27.69 t ha^{-1} , que é 80% maior do que a produtividade do estado da Bahia 15.0 t ha^{-1} (CONAB, 2020), com $DMC > 38\%$ e $ALT > 2\text{m}$. Também houve alta estabilidade produtiva para os genótipos BR11-34-69 e BR11-34-41 para os parâmetros R^2 e $RMSE$, além de apresentarem $PTR > 30 \text{ t ha}^{-1}$ e $PRS > 9 \text{ t ha}^{-1}$, além do genótipo BR11-24-156 com alta previsibilidade com base nos três parâmetros de estabilidade, embora com valores moderados de performance agrônômica. Ainda no Grupo1 a testemunha BRS Formosa apresentou alta estabilidade para IC ($>62\%$) e o genótipo BR12-107-002 para PP (<2) para os três parâmetros de estabilidade.

Os genótipos do Grupo4 foram caracterizados pela imprevisibilidade e baixa performance agrônômica, sugerindo efeitos da interação $G \times E$, a exemplo do IAC-90 para as características $PTR (<16.0 \text{ t ha}^{-1})$, $PPA (9.0 \text{ t ha}^{-1})$ e $DMC (33\%)$, assim como a BRS Verdinha com porte mais ramificado > 4 , o que dificulta o plantio mecanizado, além do $IC < 51\%$, e valores médios de rendimento. Portanto, o índice MPS representa um importante avanço sobre os métodos existentes de seleção, evidenciando relações genéticas úteis para os melhoristas, além de ser ter base metodológica robusta, de fácil manipulação e interpretação para seleção multi-características com menor sensibilidade a outliers (OLIVOTO et al., 2017).

Seleção de genótipos via índice multi-características MTMPS

A seleção truncada baseada nas informações coletadas em poucos ambientes foi muito utilizada no programa de melhoramento de mandioca (CEBALLOS et al., 2012). Entretanto, essa estratégia traz algumas desvantagens para o processo seletivo a exemplo da possível perda de alelos importantes para outras características desejáveis (CAIRNS et al., 2013; MOHAMMADI et al., 2018). Nos últimos anos, com os avanços no programa de melhoramento, a crescente modernização do sistema de produção e as novas exigências da indústria de mandioca aumentaram-se a demanda para melhoria de várias características simultaneamente, por meio de abordagens multivariadas.

Considerar as recomendações baseadas em análise de multi-características é mais importante e confiável do que a análise de uma única característica,

principalmente quando as características avaliadas são altamente correlacionadas. Por exemplo, alta correlação foi observada entre PTR e PRS ($>0.90^{***}$) para os três parâmetros de estabilidade, que estão em acordo com outros relatos da literatura ($r= 0.97$ - DINIZ et al., 2019). Também houve correlação significativa entre PTR e PPA para os parâmetros de estabilidade S_{di}^2 e R^2 com $r= 0.70^{***}$ e $r=0.52^*$ respectivamente, corroborando os relatos de Ntawuruhunga e Dixon (2010) que reportaram correlação PTR \times PPA de 0.75. Oliveira et al. (2017), ao avaliarem índice de estabilidade de rendimento (YSI) para dados de estresse hídrico em 49 genótipos de mandioca, dentre os quais alguns utilizados neste estudo, reportaram correlação positiva e significativa entre ALT e YSI foi de $r= 0.70$ e para IC e YSI $r=0.71$. Por outro lado, correlação negativa entre PTR e YSI ($r=-0.07$) e entre PPA e YSI ($r=-0.23$) também foram relatadas por esses autores.

Os componentes do rendimento (PTR, PPA, PRS e DMC) possuem alta correlação genética e são altamente afetados pela variação do ambiente (NTAWURUHUNGA et al., 2010), assim a seleção direta para essas características pode não ser vantajosa em função da baixa herdabilidade (média de 0.36 para as variáveis primárias), o que afeta o ganho genético geral. Por outro lado, em casos de alta magnitude das correlações e da herdabilidade (média 0.43 das variáveis secundárias), há possibilidade da mensuração e seleção indireta, até mesmo com base em características iniciais de crescimento e desenvolvimento da planta pode ser eficiente na identificação de genótipos desejáveis, reduzindo assim o ciclo de seleção.

Problemas de multicolinearidade podem causar um viés nas estimativas dos parâmetros genéticos sob seleção, o que dificulta o uso de índices convencionais como de Smith (1936). Assim, a extensão dos métodos de seleção convencional para multi-características, é fundamental para aumentar os ganhos genéticos levando-se em consideração a natureza genética correlacionada de muitas características, além da presença de pleiotropia e ligação genética (MALOSETTI et al., 2008). Adicionalmente, não existem métodos muito claros para ponderar os pesos econômicos para características de importância agrônômica, o que em muitos casos não potencializa os ganhos por geração (CERÓN-ROJAS et al., 2006; OLIVOTO et al., 2017). Portanto, correlacionar a estabilidade e

performance agronômica para características primárias pode ser um grande desafio no melhoramento de mandioca.

Os índices de seleção base e multiplicativo para multi-características, têm sido utilizado com certa limitação, considerando que o primeiro não utiliza as matrizes de variância e covariância genotípica e fenotípica na seleção, não incorporando com isso a interação $G \times E$, enquanto que o segundo índice não utiliza pesos econômicos, além disso, os índices de seleção base e multiplicativo não incorporam informações de estabilidade produtiva (NTIVUGURUZZA et al., 2020). Por outro lado, o índice MTMPS é uma abordagem multivariada, que utiliza a análise fatorial exploratória para selecionar genótipos com base no agrupamento de multi-características correlacionadas sem sofrer problemas clássicos de multicolinearidade, utilizando modelo LMM, que é mais eficiente na previsão de respostas genotípicas, a exemplo dos parâmetros genéticos, que ajuda a dar mais confiabilidade no agrupamento dos clones com base no índice (VAN EEUWIJK et al., 2016).

O índice MTMPS permite a seleção com base no genótipo-ideótipo (distância euclidiana), em multi-características por meio da análise fatorial exploratória da seguinte forma: i) uso da matriz de correlação entre as características para identificar autovalores (variância dos componentes principais) e autovetores dos genótipos (pesos das características para explicar a variância determinada pelo autovalor associado), ii) análise de componentes principais das características com o objetivo de reduzir a dimensão original dos dados em poucos fatores para explicar a variação genética dos dados agronômicos e com isso explorar em quantos fatores as características estão agrupadas, e iii) rotação varimax para as estimativas das cargas fatoriais, considerando autovalores >1 , como forma de entender o agrupamento das variáveis e lidar com a multicolinearidade (OLIVOTO et al., 2017, 2019b). Adicionalmente a comunalidade (variância comum explicada pelos fatores) foram obtidas, com valores entre 68.0 a 98.0%, nos três parâmetros, indicando que os fatores foram suficientes para representar em média acima de 88% de toda a variação dos dados.

O conceito de ideótipo é importante nas estratégias do melhoramento, pois além de focar em multi-características simultaneamente, visa obter genótipos com alto desempenho e alta estabilidade para uma série de características de

interesse para determinado ambiente alvo (YAN, 2011). Em mandioca o ideótipo consiste em um rendimento máximo para todas as características primárias e secundárias com exceção do porte da planta, onde o menor valor é desejado, de forma a atender ao sistema de cultivo complexo de rendimento na mandioca, que é em função de vários componentes, dado aos objetivos deste estudo e a fase do melhoramento exploramos o peso econômico que representa a performance de 65% com 35% de estabilidade, (para compor o índice MTMPS) por meio do modelo de regressão de Eberhart e Russel (1966).

Com base em uma intensidade de seleção de 30% o índice MTMPS selecionou sete clones, dos quais a maior parte foi composta por novos genótipos em fase final de validação, com menor MTMPS (considerados mais próximos do ideótipo). Os genótipos BR11-34-69 e BR11-34-64 foram selecionados com base nos três parâmetros de estabilidade, sendo indicados para cultivo em diversos ambientes. Enquanto os genótipos BRS Novo Horizonte, BRS Kiriris e BR11-34-41 foram selecionados tanto pelos parâmetros S_{di}^2 e R^2 , respectivamente, pois mesmo frente às variações ambientais apresentaram baixa ou nula interação G×E.

Na análise dos pontos fortes e fracos, observou-se maior contribuição dos componentes de rendimentos e em segundo as variáveis secundárias na explicação e contribuição na seleção dos genótipos selecionados. Além disso, os componentes de rendimentos PRS (0.96), PPA (0.48) e HI (0.38) foram características que facilmente explicaram a maior PTR ($R^2 > 0.97$). As características PTR e PRS foram as que contribuíram para o FA1 do índice MTMPS nos três parâmetros de estabilidade (>56% de contribuição). Nesse caso, os genótipos selecionados com base em multi-características, independentemente do parâmetro de estabilidade utilizado, apresentaram forte contribuição do FA1 e em segundo as variáveis secundárias FA2. Portanto, nesse caso, a seleção priorizou genótipos de mandioca com maior potencial de aceitação nas agroindústrias de processamento de amido e farinha (cuja maior PTR e PRS é desejada), dado a maior contribuição dessas características, a exemplo dos genótipos melhorados BRS Novo Horizonte e BRS Tapioqueira, e dois genótipos em fase final de validação BR11-34-69 e BR11-34-64.

Por fim, as duas técnicas MPS e MTMPS demonstraram ser eficientes para explorar a interação G×E em mandioca, evidenciado pelos ganhos de

performance e estabilidade produtiva em todas as características primárias e secundárias e para a seleção de multi-características avaliadas.

Perspectivas futuras

Os índices MPS e MTMPS geram informações importantes sobre o potencial de otimização do programa de melhoramento genético de mandioca na identificação e seleção de genótipos em diferentes etapas do programa. Os próximos passos visam incluir novos ensaios realizados em diferentes regiões de cultivo, para observar o grau de precisão dos índices MPS e MTMPS frente à uma maior interação G×E. Além disso, pretende-se explorar diferentes modelos de estabilidade, levando-se em consideração cenários distintos de pesos econômicos para identificar no conjunto de genótipos avaliados (em fases intermediárias e finais de seleção, além de variedades melhoradas e não melhoradas) aqueles com potencial para ganhos genéticos simultâneos para características quantitativas (germinação, vigor das plantas, cobertura de solo, maior tolerância a efeitos adversos de herbicidas, produtividade de raízes, amido e parte aérea) e qualitativas (teor de carotenoides, matéria seca nas raízes, capacidade de cozimento) de interesse agrônômico para indústria e consumo in natura. O uso conjunto destas abordagens pode reduzir o tempo de recomendação de novos genótipos e ainda gerar informações úteis sobre progenitores contrastantes, estáveis para atributos produtivos e ainda com maior chance de expressar heterose nas progênies.

CONCLUSÃO

A seleção multivariada foi bastante útil para estimar os parâmetros genéticos (H^2 em média 0.39) e a magnitude da G×E (σ_{gxe}^2 variando de 0.02 para ALT a 23.36 para IC). Além disso, o índice MPS com pesos diferentes atribuídos (0 a 100) ao modelo de regressão de Eberhart e Russel (1966) permitiu explorar a interação G×E em dados METs de forma bastante eficiente e robusta, especialmente na formação de grupos de genótipos com maior similaridade em relação aos parâmetros de performance e estabilidade produtiva. O Grupo 1 foi composto por genótipos altamente produtivos e estáveis para características primárias como PTR, a exemplo de BRS Novo Horizonte e BR11-34-69, assim como para DMC no caso dos genótipos BRS Novo Horizonte e BR12-107-002.

Para algumas características secundárias como IC e PP, os genótipos BRS Formosa e BR12-107-002, foram os mais estáveis e de melhor performance agrônômica. Portanto, o uso de métodos que levem em consideração a estabilidade e performance produtiva pode ajudar a aumentar a confiabilidade na recomendação de novas cultivares de mandioca. Adicionalmente, o índice MTMPS com intensidade de seleção de 30% identificou sete genótipos com maior estabilidade com base nos parâmetros de Eberhart e Russel (1966), dos quais quatro são novos genótipos, selecionados com base no R^2 e $RMSE$ para multi-características.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

AINA, O.O.; DIXON, A.G.O.; AKINRINDE, E. A Genetic variability in cassava as it influences storage root yield in Nigeria. **Journal of Biological Sciences**, v.7, n.5, p.765-770, 2007. <https://doi.10.3923/jbs.2007.765.770>

AINA, O.O.; DIXON, A.G.O.; ILONA, P.; AKINRINDE, E. G × E interaction effects on yield and yield components in the Savanna region of Nigeria. **African Journal of Biotechnology**, v.8, n.19, p.4933-4945, 2009.

AKINWALE, M.G.; AKINYELE, B.O.; ODIYI, A.C.; DIXON, A.G.O. Genotype x environment interaction and yield performance of 43 improved cassava (*Manihot esculenta* Crantz) genotypes at three agro-climatic Zones in Nigeria. **British Biotechnology Journal**, v.1, n.3, p.68-84, 2011. <https://doi10.9734/BBJ/2011/475>

ADJEBENG-DANQUAH, J.; MANU-ADUENING, J.; GRACEN, V.E.; ASANTE, I.K.; OFFEI, S.K. AMMI stability analysis and estimation of genetic parameters for growth and yield components in cassava in the forest and Guinea Savannah ecologies of Ghana. **International Journal of Agronomy**, v.2017, p.1-10, 2017. <https://doi:10.1155/2017/8075846>

BARAKI, F.; TSEHAYE, Y.; ABAY, F. AMMI analysis of genotype × environment interaction and stability of sesame genotypes in Northern Ethiopia. **Asian Journal of Plant Sciences**, v.13, n.4, p.178-183, 2014. <https://doi10.3923/ajps.2014.178.183>

BERNARDO, R. Reinventing quantitative genetics for plant breeding: something old, something new, something borrowed, something BLUE. **Heredity**, v.125, p.375-385, 2020. <https://doi.org/10.1038/s41437-020-0312-1>

BENESI, I.; LABUSCHAGNE, M.; DIXON, A.; MAHUNGU, N. Genotype × environment interaction effects on native cassava starch quality and potential for starch use in the commercial sector. **African Crop Science Journal**, v.12, n.3, p.205-216, 2005. <https://doi.org/10.4314/acsj.v12i3.27880>

CARVALHO, B.R.R.; BANDEIRA E SOUSA, M.; DE OLIVEIRA, L.A.; OLIVEIRA, E.J. Phenotypic diversity and selection in biofortified cassava germplasm for yield and quality root traits. **Euphytica**, v.1, 2021. <https://doi.org/10.21203/rs.3.rs-981368/v1>

CAIRNS, J.E.; HELLIN, J.; SONDER, K.; ARAUS, J.L.; MACROBERT, J.F.; THIERFELDER, C.; PRASANNA, B.M. Adapting maize production to climate change in sub-Saharan Africa. **Food Security**, v.5, n.3, p.345-360, 2013. <https://doi:10.1007/s12571-013-0256-x>

CEBALLOS H.; RAMIREZ J.; BELLOTTI A.C.; JARVIS A.; ALVAREZ E. Adaptation of cassava to changing climates. **Crop Adaptation to Climate Change**, Wiley-Blackwell, Hoboken, v.411, p.425, 2011. <https://doi.org/10.1002/9780470960929.ch28>

CEBALLOS, H.; KULAKOW, P.; HERSHEY, C. Cassava breeding: current status, bottlenecks and the potential of biotechnology tools. **Tropical Plant Biology**, v.5, p.73-87, 2012. <https://doi.org/10.1007/s12042-012-9094-9>

CEBALLOS, H.; MORANTE, N.; SÁNCHEZ, T.; ORTIZ, D.; ARAGÓN, L.; CHÁVEZ, A.L.; PIZARRO, M.; CALLE, F.; DUFOUR, D. Rapid cycling recurrent selection for increased carotenoids content in cassava roots. **Crop Science**, v.53, n.6, p.2342-2351, 2013. <https://doi.org/10.2135/cropsci2013.02.0123>

CEBALLOS, H.; LÓPEZ-LAVALLE, L.B.; CALLE, F.; MORANTE, N.; OVALLE, T.; HERSHEY, C. Genetic distance and specific combining ability in cassava. **Euphytica**, v.210, p.79-92, 2016a. <https://doi.org/10.1007/s10681-016-1701-7>

CEBALLOS H.; ROJANARIDPICHD, C.; PHUMICHA, C.; BECERRA, L.A.; KITTIPADAKUL, P.; IGLESIAS, C.; GRACEN, E. V. Excellence in cassava breeding: perspectives for the future. **Crop Breeding Genetics and Genomic**, v.2, n.2, 2020. <https://doi.org/10.20900/cbgg20200008>

CEBALLOS, H.; HERSHEY, C.; IGLESIAS, C.; ZHANG, X. Fifty years of a public cassava breeding program: evolution of breeding objectives, methods, and decision-making processes. **Theoretical and Applied Genetics**, v.134, p.2335-2353, 2021. <https://doi.org/10.1007/s00122-021-03852-9>

CERÓN-ROJAS, J.J.; CROSSA, J.; SAHAGÚN-CASTELLANOS, J.; CASTILLO-GONZÁLEZ, F.; SANTACRUZ-VARELA, A. selection index method based on eigen analysis. **Crop Science**, v.46, n.4, p.1711-1721, 2006. <https://doi.org/10.2135/cropsci2005.11-0420>

CONAB, Companhia Nacional de Abastecimento. **Mandioca: Análise mensal**. Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento. Brasília, 2020. Acesso em 12 Janeiro 2021. Disponível em: <https://www.conab.gov.br>

DINIZ, R.P.; OLIVEIRA, E.J. Genetic parameters, path analysis and indirect selection of agronomic traits of cassava germplasm. **Anais da Academia Brasileira de Ciência**, v.91, n.3, 2019. <https://doi.org/10.1590/0001-3765201920180387>

EBERHART, S.A.; RUSSELL, W.A. Stability parameters for comparing Varieties. **Crop Science**, v.6, n.1, p.36-40. 1966. <https://doi10.2135/cropsci1966.0011183X000600010011x>

EGESI, C.N.; ILONA, P.; OGBE, F.O.; AKORODA, M.; DIXON, A. Genetic variation and genotypex environment interaction for yield and other agronomic

traits in cassava in Nigeria. **Agronomy Journal**, v.99, n.4, p.1137-1142, 2007.
<https://doi.org/10.2134/agronj2006.0291>

FAOSTAT. **Food and Agricultural Organization of the United Nations Online Statistics Database**. 2020. Disponível em:
<http://www.fao.org/faostat/en/#data/FBS>, acesso em 10 de Fevereiro de 2022.

FARSHADFAR, E. Incorporation of AMMI stability value and grain yield in a single non parametric index (GSI) in bread wheat. **Pakistan Journal of Biological Sciences**, v.11, n.14, p.1791-1796, 2008.
<https://doi.org/10.3923/pjbs.2008.1791.1796>

FARSHADFAR, E.; MOHAMMADI, R.; FARSHADFAR, M.; DABIRI, S. Relationships and repeatability of drought tolerance indices in wheat-rye disomic addition lines. **Australian Journal of Crop Science**, v.7, n.1, p.130-138, 2013.

FARSHADFAR, E.; RAHMANI, S.; JOWKAR, M.M.; SHABANI, A. Estimation of genetic parameters and chromosomal localization of QTLs controlling agro-physiological indicators of drought tolerance in agropyron using wheat-agropyron disomic addition lines. **Australian Journal of Crop Science**, v.8, p.133-139, 2014.

GAUCH, H.G.; ZOBEL, R.W. Predictive and postdictive success of statistical analyses of yield trial. *Theoretical and Applied Genetics, International*, **Journal of Plant Breeding Research**, v.76, p.1-10, 1988.
<https://doi.org/10.1007/BF00288824>

HU, X.A comprehensive comparison between ANOVA and BLUP to valuate location specific genotype effects for rape cultivar trials with random locations. **Field Crops. Research**, v.179, p.144-149, 2015.
<http://dx.doi.org/10.1016/j.fcr.2015.04.023>

KAWANO, K.; FUKUDA W.M.G.; CENPUKDEE, U. Genetic and environmental effects on dry matter content of cassava root. **Crop Science**, v.27, n.1, p.69-74, 1987. <https://doi.org/10.2135/cropsci1987.0011183X002700010018x>

KOUNDINYA, A.V.V.; AJEESH, B.R.; HEGDE, V.; SHEELA, M.N.; MOHAN, C.; ASHA, K.I. Genetic parameters, stability and selection of cassava genotypes between rainy and water stress conditions using AMMI, WAAS, BLUP and MTSI. **Scientia horticulturae**, v.281, p.109949, 2021. <https://doi.org/10.1016/j.scienta.2021.109949>

KUHN, M.; JACKSON S.; CIMENTADA, J. **corr: Correlations in R**. R package version 0.4.3, 2020. Disponível em: <https://CRAN.R-project.org/package=corr>

LEÓN, R.; ROSERO, A.; GARCÍA, J.L.; MORELO, J.; OROZCO, A.; SILVA, G.; DE LA OSSA, V.; CORREA, E.; CORDERO, C.; VILLALBA, L.; BELALCAZAR, J.; CEBALLOS, H. Multi-trait selection indices for identifying new cassava varieties adapted to the Caribbean Region of Colombia. **Agronomy**, v.11, n.9, p.1694, 2021. <https://doi.org/10.3390/agronomy11091694>

MALOSETTI, M.; RIBAUT, J.M.; VARGAS, M.; CROSSA, J.; VAN EEUWIJK, F.A. A multi-characterísticas multi-environment QTL mixed model with an application to drought and nitrogen stress trials in maize (*Zea mays* L.). **Euphytica**, v.161, p.241-257, 2008. <https://doi.org/10.1007/s10681-007-9594-0>

MALOSETTI, M.; RIBAUT, J.M.; VAN EEUWIJK, F.A. The statistical analysis of multi-environment data: modeling genotype-by-environment interaction and its genetic basis. **Frontiers in Physiology**, v.4, p.44, 2013. <https://doi.org/10.3389/fphys.2013.00044>

MOHAMMADI, R.; ARMION, M.; ZADHASAN, E.; AHMADI, M.; AMRI, A. The use of AMMI model for interpreting genotype × environment interaction in durum wheat. **Experimental Agriculture**, v.54, n.5, p.670-683, 2018. <https://doi.org/10.1017/S0014479717000308>

NATARAJ, V.; SHIVAKUMAR, M.; GIRIRAJ, K.; SUBHASH, C.; KUMAR, S.G.; RAJKUMAR, R.; VANGALA, R.; MILIND, R.; NITA, K.; WAASB based stability analysis and simultaneous selection for grain yield and early maturity in soybean. **Agronomy Journal**, v.113, n.4, p.3089-3099, 2021. <https://doi.org/10.1002/agj2.20750>

NDUWUMUREMYI, A.; MELIS, R.; SHANAHAN, P.; THEODORE, A. Interaction of genotype and environment effects on important traits of cassava (*Manihot esculenta* Crantz). **The Crop Journal**, v.5, n.5, p.373-386, 2017. <https://doi.org/10.1016/j.cj.2017.02.004>

NTAWURUHUNGA, P.; DIXON, A.G.O. Quantitative variation and interrelationship between factors influencing cassava yield. **Journal of Applied Biosciences**, v.26, p.1594-1602, 2010.

NTIVUGURUZWA, S.; EDEMA, R.; GIBSON, P.; ALLADASSI, M.E.; NDUWUMUREMYI, A.; ABINCHA, W.; KAWUKI, R. Comparing the efficiency of base and multiplicative selection indices for yield and quality traits in cassava. **Journal of Experimental Sciences**, v.11, p.35-40, 2020. <http://dx.doi.org/10.25081/jes.2020.v11.6256>

PIEPHO, H.P. Best linear unbiased prediction (BLUP) for regional yield trials: a comparison to additive main effects and multiplicative interaction (AMMI) analysis. **Theoretical Applied of Genetics**. v.89, n.5, p.647-654, 1994. <https://doi.org/10.1007/BF00222462>

OLIVOTO, T.; SOUZA, Q.S.; NARDINO, M.; CARVALHO, R.I.; FERRARI, M.; PELEGRIN, DE J.A.; SZARESKI, J.V.; SCHMIDT, D. Multicollinearity in path analysis: a simple method to reduce its effects. **Agronomy Journal**, v.109, n.1, p.131-142, 2017. <https://doi.org/10.2134/agronj2016.04.0196>

OLIVOTO, T.; LÚCIO, A.D.C., DA SILVA, J.A.G., MARCHIORO, V.S., DE SOUZA, V.Q.; JOST, E. Mean performance and stability in multi-environment trials I:

Combining features of AMMI and BLUP techniques. **Agronomy Journal**, v.111, p.2949-2960, 2019a. <https://doi.org/10.2134/agronj2019.03.0220>

OLIVOTO, T.; LÚCIO, A.D.C.; DA SILVA, J.A.G.; SARI, B.G.; DIEL, M.I. Mean performance and stability in multi-environment trials II: Selection based on multiple traits. **Agronomy Journal**, v.111, p.2961-2969, 2019b. <https://doi.org/10.2134/agronj2019.03.0221>

OLIVOTO, T.; LÚCIO, A.D. Metan: an R package for multi-environment trial analysis. **Methods in Ecology and Evolution**, v.11, n.6, p.783-789, 2020. <https://doi.org/10.1111/2041-210X.13384>

OLIVOTO, T.; NARDINO, M.; MEIRA, D.; MEIER, C.; FOLLMANN, D.N.; SOUZA, V.Q.; KONFLANZ, V.A.; BARETTA, D. Multi-trait selection for mean performance and stability in maize. **Agronomy Journal**, v.113, n.5, p. 1-16, 2021. <https://doi.org/10.1002/agj2.20741>

OLIVEIRA, E.J.; SANTANA, F.A.; OLIVEIRA, L.A.; SANTOS, V.S. Genetic parameters and prediction of genotypic values for root quality traits in cassava using REML/BLUP. **Genetics and Molecular Research**, v.13, n.3, p.6683-700, 2014. <https://doi.org/10.4238/2014.august.28.13>

OLIVEIRA, E. J. D.; AIDAR, S.D.T.; MORGANTE, C.V.; CHAVES, A.R.D.M.; CRUZ, J.L.; COELHO FILHO, M.A. Genetic parameters for drought-tolerance in cassava. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.50, n.3, p.233-241, 2015. <https://doi.org/10.1590/S0100-204X2015000300007>

OLIVEIRA, E.J.; SANTOS, P.E.F.; PIRES, A.J.V.; TOLENTINO, D.C.; SANTOS, V.S. Selection of cassava varieties for biomass and protein production in semiarid areas from Bahia. **Bioscience Journal**, v.32, n.3, p.661-669, 2016. <https://doi.org/10.14393/BJ-v32n3a2016-32957>

OLIVEIRA, E.J.; MORGANTE, C.V.; AIDAR, S.T.; CHAVES, A.R.M.; ANTONIO, R.P.; CRUZ, J.L.; FILHO, M.A.C. Evaluation of cassava germplasm for drought

tolerance under field conditions. **Euphytica**, v.213, n.188, p.1-20, 2017. <https://doi.org/10.1007/s10681-017-1972-7>

OLIVEIRA, E.J. DE; FUKUDA, W.M.G.; OLIVEIRA, S.A.S. DE; RINGENBERG, R.; SILVA, M.R.; SOUZA, A. DA S.; SILVA. L.L.A.; OLIVEIRA, M.L.F F.; SILVA, S.R DE J.; BRS Novo Horizonte - a new cassava variety for industrial use. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v.20, n.2. 2020. <https://doi.org/10.1590/1984-70332020v20n2c24>

OKEKE, U.G.; AKDEMIR, D.; RABBI, I.; KULAKOW, P. Accuracies of univariate and multivariate genomic prediction models in African cassava. **Genetics Selection Evolution**, v.49, n.88, 2017. <https://doi.org/10.1186/s12711-017-0361-y>
OKOGBENIN, E.; SETTER, T.L.; FERGUSON, M.; MUTEGI, R.; CEBALLOS, H.; OLASANMI, B.; FREGENE, M. Phenotypic approaches to drought in cassava: review. **Frontiers in physiology**, v.4, n.93, 2013. <https://doi.org/10.3389/fphys.2013.00093>

R CORE TEAM R: A language and environment for statistical computing. **R Foundation for Statistical Computing**, Vienna. 2022. Disponível em: <https://cran.r-project.org/bin/windows/base>

SHARIFI, P.; EBADI, A.A.; HALLAJIAN, M.T. Stability of rice mutant lines by linear mixed model and suggestion a new index based for yield performance and stability. **Research Square**, 2021. <https://doi.org/10.21203/rs.3.rs-895572/v1>

SOUZA, L.D.; SOUZA, L.S.; GOMES, J.C. Exigências edáficas da cultura da mandioca. In: Souza LS; FARIAS A. R. N.; MATTOS, P. L. P.; FUKUDA, W. M. G. (Eds.) **Aspectos Socioeconômicos e Agronômicos da Mandioca Cruz das Almas, Bahia**, 21. ed. Cruz das Almas: EMBRAPA, p.70-214, 2006.

STAPLETON, G. Global starch market outlook and competing starch raw materials for by product segment and region. Pricing Outlook and Cassava Growth Potential. **Cassava Starch World 2010**, Centre for Management Technology (CMT), Phnom Penh, 2012.

SMITH, H.F. A discriminant function for plant selection. **Annals of Eugenics**, v.7, p.240-250, 1936. <https://doi.org/10.1111/j.1469-1809.1936.tb02143.x>

SMITH, A.B.; CULLIS, B.R.; THOMPSON R. The analysis of crop cultivar breeding and evaluation trials: An overview of current mixed model approaches. **The Journal of Agricultural Science**. v.143, n.6, p449-462, 2005. <https://doi.org/10.1017/S0021859605005587>

TUMUHIMBISE, R.; MELIS, R.; SHANAHAN, P.; KAWUKI, R. Genotype \times environment interaction effects on early fresh storage root yield and related traits in cassava. **The Crop Journal**, v.2, n.5, p.329-337, 2014. <https://doi.org/10.1016/j.cj.2014.04.008>

VAN EEUWIJK, F.A.; BUSTOS-KORTS, D.V.; MALOSETTI, M. What should students in plant breeding know about the statistical aspects of genotype \times environment interactions? **Crop Science**, v.56, n.5, p.2119-2140, 2016. <https://doi.org/10.2135/cropsci2015.06.0375>

YAN W.; HUNT, L.A.; SHENG, Q.; SZLAVNICS, Z. Cultivar evaluation and mega environment investigation based on the GGE Biplot. **Crop Science**, v.40, n.3, p.597-605, 2000. <https://doi.org/10.2135/cropsci2000.403597x>

YAN, W.; TINKER, N.A. Biplot analysis of multi-environment trial data: Principles and applications. **Canadian Journal of Plant Science**, v.86, n.3, p.623-645, 2006. <https://doi.org/10.4141/P05-169>

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

VENNAMPALLY, N.; SHIVAKUMAR, M.; KUMAWAT, G.; SUBHASH, C.; SATPUTE, G.K.; RAMTEKE, R.; RAJESH, V.; RATNAPARKHE, M. KHANDEKAR, N. WAASB based stability analysis and simultaneous selection for grain yield and early maturity in soybean. **Agronomy Journal**, v.5, 2021. <http://dx.doi.org/10.1002/agj2.20750>

Arquivos suplementares

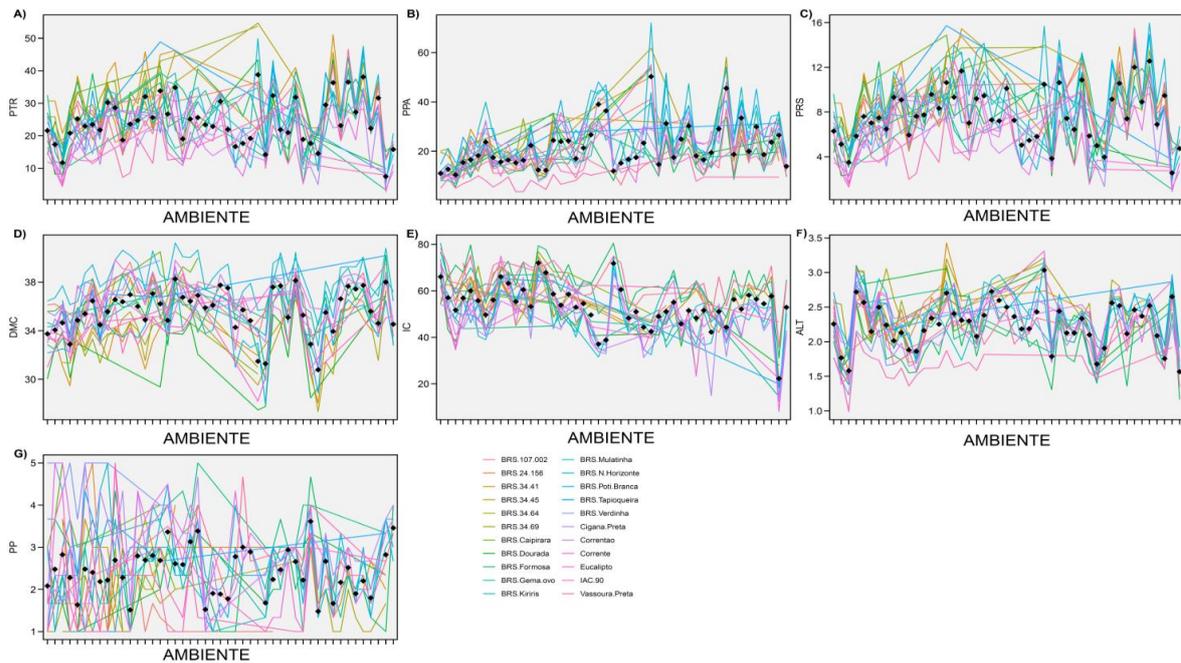


Figura Suplementar S1. Análise da interação genótipo \times ambiente (G \times E) para: A) produtividade de raízes fresca (PTR, t ha⁻¹), B) produtividade de parte aérea (PPA, t ha⁻¹), C) produtividade de raízes secas (PRS, t ha⁻¹), D) teor de matéria seca nas raízes (DMC, %), E) Índice de colheita (IC, %), F) Altura da planta (ALT, m), G) porte da planta (PP, escala 1 a 5), e de mandioca avaliada com 22 genótipos em 47 ambientes

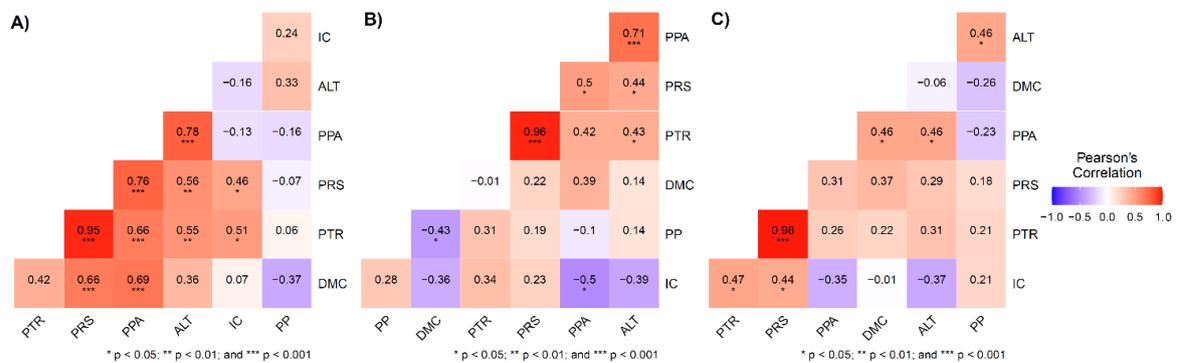


Tabela suplementar S1: Resumo das médias fenotípicas e BLUPs para os 22 genótipos de mandioca avaliados para sete características de mandioca em 47 ambientes.

Genótipos	PTR	BLUP _g	PPA	BLUP _g	PRS	BLUP _g	DMC	BLUP _g	PP	BLUP _g	IC	BLUP _g	ALT	BLUP _g
BR11-34-69	32.37	6.48	19.44	0.38	9.25	1.31	33.20	-2.33	1.67	-0.84	63.22	5.33	2.48	0.22
BR11-34-41	31.05	6.01	22.56	1.52	8.95	1.22	33.45	-2.05	2.01	-0.47	57.75	3.22	2.27	0.06
BRS Formosa	28.36	4.26	16.43	-3.40	8.92	1.28	35.41	-0.34	2.25	-0.32	64.14	9.30	1.97	-0.23
BRS Kiriris	28.25	3.77	19.45	-3.30	8.91	1.21	35.38	-0.04	2.22	-0.28	59.78	7.62	2.28	0.04
BR11-34-64	28.44	3.52	23.22	2.12	8.25	0.54	33.75	-1.78	1.55	-0.92	55.40	0.97	2.52	0.29
BRS Novo Horizonte	27.39	3.42	27.69	6.32	9.36	1.80	38.22	2.62	2.74	0.20	50.67	-2.70	2.31	0.08
BR11-34-45	28.41	2.86	23.40	3.99	8.84	0.94	35.93	0.32	2.82	0.25	55.30	-2.12	2.28	0.02
BRS Caipira	25.77	2.26	20.68	2.11	8.94	1.23	37.28	1.99	3.71	1.00	55.78	-0.42	2.15	-0.15
BRS Tapioqueira	23.71	1.86	20.77	1.79	7.70	0.80	36.15	0.76	3.30	0.80	51.69	-0.75	2.43	0.08
Vassoura Preta	25.12	1.34	15.95	-4.98	8.05	0.49	36.02	0.40	2.54	0.10	61.41	8.39	2.11	-0.15
BRS Poti Branca	24.00	0.29	25.70	4.49	7.33	-0.12	34.38	-1.18	2.24	-0.28	48.19	-5.09	2.40	0.19
BR11-24-156	22.87	-0.31	16.77	-0.60	7.24	0.04	36.37	0.76	2.72	0.26	57.46	0.68	2.34	0.14
BRS Mulatinha	23.10	-0.65	25.67	4.37	7.65	0.16	37.26	1.62	2.21	-0.26	48.32	-4.66	2.37	0.19
BRS Verdinha	21.13	-1.28	15.72	-0.73	6.78	-0.06	36.59	1.64	4.70	2.16	57.24	-0.15	1.82	-0.41
BRS Dourada	21.31	-1.69	22.67	0.91	6.17	-1.10	32.43	-2.81	2.38	-0.25	47.63	-4.05	2.39	0.12
Corrente	21.93	-2.01	21.28	0.48	7.20	-0.40	36.71	0.86	2.77	0.23	50.78	-3.19	2.28	0.05
Correntão	20.29	-2.54	23.44	2.47	6.63	-0.68	35.73	0.33	2.40	-0.09	46.39	-6.75	2.43	0.18
BR12-107-002	24.13	-2.80	17.43	-3.31	7.86	-0.59	37.24	1.32	1.29	-1.19	59.33	1.87	2.31	0.06
Cigana Preta	19.02	-4.34	21.12	0.69	6.18	-1.24	36.13	0.49	2.95	0.44	47.55	-6.13	2.09	-0.12
BRS Gema de ovo	16.86	-5.74	20.02	-1.11	5.60	-1.65	36.14	0.43	3.66	0.83	44.69	-6.97	2.11	-0.15
IAC-90	15.23	-6.93	7.95	-9.89	4.65	-2.45	34.35	-1.41	1.91	-0.71	65.32	9.98	1.64	-0.54
Eucalipto	14.78	-7.77	17.15	-4.32	4.39	-2.72	33.71	-1.63	2.09	-0.55	47.16	-4.38	2.32	0.04

PTR: produtividade de raízes fresca ($t\ ha^{-1}$), PPA: produtividade de parte aérea ($t\ ha^{-1}$), PRS: produtividade de raízes secas ($t\ ha^{-1}$), DMC: teor de matéria seca nas raízes (%), E IC: índice de colheita (%), ALT: altura da planta (m), PP: porte da planta (escala 1 a 5).

Tabela suplementar S2: Escores para os 22 genótipos e para o ideótipo (ID) e a contribuição relativa do índice MTMPS para os genótipos para os três fatores, os genótipos selecionados estão em negritos.

GENÓTIPOS	Escores fator S_{di}^2			Contribuição fator			Índice MTMPS	Escores fator R^2			Contribuição fator			Índice MTMPS	Escores fator $RMSE$			Contribuição fator			Índice MTMPS
	FA1	FA2	FA3	FA1	FA2	FA3		FA1	FA2	FA3	FA1	FA2	FA3		FA1	FA2	FA3	FA1	FA2	FA3	
BR11-34-69	-3.45	-3.01	3.76	54.97	36.69	8.33	3.52	-5.42	1.61	1.64	38.41	27.76	33.82	1.83	-5.72	-3.05	2.43	34.61	30.72	34.67	2.73
BRS Novo Horizonte	-6.23	-3.11	1.97	3.77	55.46	40.78	2.29	-5.15	2.62	-0.53	54.48	4.98	40.54	1.85	-4.52	-3.78	-0.76	55.42	14.19	30.39	3.31
BRS Kiriris	-3.53	-3.68	2.74	60.34	27.12	12.54	3.14	-5.10	1.13	1.24	42.96	38.24	18.80	2.15	-4.63	-2.40	1.43	49.86	38.40	11.75	3.49
BR11-34-45	-3.55	-2.05	1.99	39.88	41.20	18.92	4.24	-4.54	2.43	-0.11	73.95	2.11	23.94	2.19	-4.91	-3.42	0.36	61.67	27.31	11.02	2.71
BR11-34-64	-3.74	-2.41	3.77	46.76	45.31	7.93	3.67	-4.55	2.20	1.85	57.00	7.94	35.06	2.45	-4.58	-3.61	1.83	58.96	18.95	22.09	3.10
BR11-34-41	-3.33	-2.98	3.13	58.26	38.00	3.73	3.61	-4.46	1.27	1.49	50.38	28.25	21.37	2.66	-4.43	-2.52	1.37	53.33	36.11	10.56	3.58
BRS Mulatinha	-4.03	-1.44	2.43	34.48	52.25	13.27	4.30	-3.78	2.61	0.53	94.58	4.13	1.29	2.85	-3.72	-3.29	-0.19	62.36	20.83	16.81	3.96
BRS Tapioqueira	-4.04	-2.54	1.68	36.27	37.89	25.84	3.72	-4.43	1.28	-0.89	45.21	24.90	29.89	2.90	-4.21	-3.87	0.22	72.37	14.49	13.14	3.26
BRS Caipira	-3.70	-2.70	0.88	36.06	30.67	33.27	4.25	-4.42	1.93	-1.28	47.73	12.17	40.09	2.93	-4.89	-2.97	-0.26	48.85	30.35	20.81	3.09
BR12-107-002	-3.13	-2.22	3.34	54.05	45.65	0.31	4.22	-3.82	1.65	0.60	76.31	22.77	0.92	2.93	-4.93	-3.18	1.61	53.22	28.88	17.89	2.88
BRS Poti Branca	-5.33	-1.86	3.21	24.24	73.06	2.70	3.25	-3.65	2.50	1.14	83.59	0.46	15.95	3.03	-3.17	-3.54	0.77	80.93	18.61	0.46	4.30
Vassoura Preta	-2.46	-3.32	2.15	58.14	24.28	17.59	4.38	-4.68	0.13	0.84	42.51	51.58	5.91	3.07	-4.58	-1.78	0.85	50.10	48.95	0.95	3.89
BR11-24-156	-3.73	-2.27	2.14	40.35	41.35	18.30	3.93	-3.48	1.65	0.27	73.43	19.61	6.95	3.28	-4.72	-3.10	-0.23	52.02	27.70	20.28	3.15
Corrente	-4.21	-2.09	2.16	34.75	46.43	18.82	3.75	-3.36	1.96	0.88	79.64	12.89	7.46	3.32	-2.88	-2.64	0.30	65.53	27.25	7.22	4.87
BRS Formosa	-3.32	-5.11	2.54	76.28	4.09	19.63	3.14	-4.73	-0.24	0.59	40.90	58.75	0.35	3.33	-4.50	-0.43	0.93	40.50	57.58	1.93	4.97
BRS Dourada	-2.97	-1.32	3.14	46.99	50.47	2.53	4.96	-3.45	2.99	1.95	62.91	9.87	27.22	3.50	-2.80	-3.92	2.10	70.73	9.03	20.24	4.77
Cigana Preta	-3.88	-1.55	1.92	34.04	46.70	19.27	4.43	-3.03	2.05	0.00	78.02	9.57	12.41	3.68	-2.57	-2.59	-0.27	61.70	24.55	13.76	5.26
Correntão	-3.56	-1.00	2.47	36.83	51.96	11.21	4.91	-2.91	2.36	1.16	83.85	2.80	13.36	3.77	-3.21	-4.09	0.85	89.88	8.81	1.31	4.16
BRS Gema de ovo	-2.74	-0.99	1.22	37.36	40.91	21.72	5.76	-2.41	2.02	0.17	83.00	9.13	7.87	4.27	-2.49	-3.01	0.05	68.53	20.95	10.53	5.14
Eucalipto	-2.47	-0.95	3.17	48.34	49.75	1.90	5.58	-2.04	2.33	1.33	83.33	2.93	13.74	4.65	-2.15	-3.09	2.14	65.32	17.76	16.92	5.56
BRS Verdinha	-2.97	-2.67	-0.59	35.31	23.85	40.84	5.65	-2.79	1.20	-1.74	51.57	17.35	31.08	4.66	-4.50	-2.44	-1.33	40.52	29.28	30.20	4.11
IAC-90	-1.18	-3.02	2.63	66.37	24.76	8.87	5.56	-2.06	-1.11	1.28	51.50	40.54	7.96	5.86	-2.91	-0.21	0.94	50.05	48.36	1.60	6.18
ID	-6.35	-4.95	3.32					-6.63	2.49	0.57	-	-	-	-	-7.36	-4.50	0.79				

Tabela suplementar S3. Tabela de correlação de Pearson's entre as variáveis agrônômicas para o índice MPS nos parâmetros A) S_{di}^2 (desvios da regressão), B) R^2 (coeficiente de determinação da regressão) e C) $RMSE$ (raiz quadrada do erro quadrático médio da regressão) do modelo de Eberhart e Russell, 1966, com peso econômico de 65% para performance e 35% estabilidade respectivamente, e análise de caminho, destacados em negritos os valores com significância.

A) S_{di}^2	PR	PPA	IC	ALT	DMC	PRS		
PPA	0.66***							
IC	0.51*	-0.13						
ALT	0.55**	0.78***	-0.16					
DMC	0.42	0.69***	0.07	0.36				
PRS	0.95***	0.76***	0.46*	0.56**	0.66***			
PP	0.06	-0.16	0.24	0.33	-0.37	-0.07		
B) R^2	PR	PPA	IC	ALT	DMC	PRS		
PPA	0.42							
IC	0.34	-0.50*						
ALT	0.43*	0.71***	-0.39					
DMC	0.01	0.39	-0.36	0.14				
PRS	0.96***	0.50*	0.26	0.44*	0.22			
PP	0.31	-0.01	0.28	0.28	-0.43*	0.19		
C) $RMSE$	PR	PPA	IC	ALT	DMC	PRS		
PPA	0.26							
IC	0.47*	-0.35						
ALT	0.31	0.46*	-0.37					
DMC	0.22	0.46	-0.01	-0.06				
PRS	0.98***	0.31	0.44*	0.29	0.37			
PP	0.21	-0.23	0.21	0.46*	-0.26	0.18		
Análise de Trilha								
	PPA	IC	ALT	DMC	PRS	PP	linear	VIF
PPA	0.1450	-0.0766	0.0091	-0.0203	0.4405	-0.0004	0.5073	7.31
IC	-0.0760	0.1462	-0.0043	0.0059	0.3340	0.0021	0.4078	6.65
ALT	0.0804	-0.0383	0.0163	-0.0118	0.2962	0.0030	0.3459	1.58
DMC	0.0168	-0.0049	0.0011	-0.1750	0.2816	-0.0022	0.1174	1.40
PRS	0.0715	0.0547	0.0054	-0.0552	0.8928	0.0003	0.9695	6.91
PP	0.0039	-0.0205	-0.0034	-0.0265	-0.0183	-0.0147	-0.0795	1.15

* $p < 0.05$, ** $p < 0.01$ e *** $p < 0.001$

Capítulo 3

INTERAÇÃO GENÓTIPO X AMBIENTE EM ENSAIOS MULTI-AMBIENTES DE MANDIOCA VIA FATOR ANALÍTICO¹

¹Artigo a ser ajustado para posterior submissão ao Comitê Editorial do periódico científico *Frontiers in Plant Science*, em versão na língua inglesa.

INTERAÇÃO GENÓTIPO × AMBIENTE EM ENSAIOS MULTI-AMBIENTES DE MANDIOCA VIA FATOR ANALÍTICO

Autor: Msc. Juraci Souza Sampaio Filho

Orientador: Dr. Eder Jorge de Oliveira

Resumo: A heterogeneidade de variância e covariância genética inerente da interação genótipo por ambiente (G×E) pode influenciar no processo de seleção, enviesando as estimativas dos parâmetros genéticos, em ensaios multi-ambientes (METs). Portanto o uso de modelo misto multiplicativo como fator analítico, permite ajustar o modelo com maior explicação biológica e parcimoniosa. Associado às covariáveis ambientais, permite expandir o conhecimento sobre G×E, dada a natureza complexa da performance e estabilidade, objetivos do melhoramento. Portanto, avaliou-se 22 genótipos em ~55 ambientes, em delineamento de blocos completos ao acaso, para quatro variáveis quantitativas, produtividade de raízes frescas (PTR, t ha⁻¹), secas (PRS, t ha⁻¹) e parte aérea (PPA, t ha⁻¹) e teor de matéria seca nas raízes (DMC, %) em diferentes regiões do Brasil. Foi utilizado o fator analítico (FA) para obtenção dos valores genéticos preditos e cargas ambientais. Os ensaios individuais apresentaram alta variância genética (σ_g^2) a exemplo de PTR (0.16 a 0.92), com herdabilidade $h^2 \geq 0.70$ para os ensaios avançados (AYT) e de rendimento uniformes (UYT), favorável para a seleção. Na análise conjunta a variação genética explicada pelo fator analítico (FA_4) foi > 88% nas quatro características, mesmo com alta G×E e dados desbalanceados. A correlação entre os ambientes foi de alta magnitude, tanto no sentido positivo (0.99 e 1.0) em PPA e PRS, quanto negativo (-0.82 e -0.95) em PTR e DMC. Gráficos de regressão latente sugeriram para PTR e PPA um conjunto de clones, BR11-34-41, Cigana Preta e Corrente, enquanto os mais estáveis BR11-34-69, BR11-34-45 e BR11-34-64, para as quatro características. As covariáveis ambientais precipitação, altitude e a radiação solar apresentaram maior efeito sobre o conjunto de ambientes do FA1 para PTR. O modelo *FA* demonstrou ser uma ferramenta estatística útil e eficiente para explorar a magnitude da G×E, integrado as covariáveis ambientais, permite uma interpretação prática (biológica) do fator latente em mandioca.

Palavras-chave: Estabilidade, G×E, melhoramento, covariáveis ambientais.

INTERACTION GENOTYPE X ENVIRONMENT IN CASSAVA MULTI-ENVIRONMENT ASSAYS VIA ANALYTIC FACTOR

Author: Msc. Juraci Souza Sampaio Filho

Advisor: Dr. Eder Jorge de Oliveira

Abstract: Heterogeneity of genetic variance and covariance innate from genotype vs. environment interaction (G×E), may influence the selection process biasing the estimates of genetic parameters in multi-environment trials (METs). Thus, the use of multiplicative mixed model as analytic factor, allows adjusting the model with higher parsimony and biological explanation. In association to environmental covariables it allows to expand the understanding of G×E, due to the complex nature of the performance and stability which are objectives of plant breeding. Therefore, we evaluated 22 genotypes in ~55 environments under a completely randomized block design, for 4 quantitative traits: fresh root yield (FRY, t ha⁻¹), dry root yield (DRY, t ha⁻¹), shoot yield (SHY, t ha⁻¹), and dry matter content in roots (DMC, %) in different regions from Brazil. The analytical factor (FA) was used to obtain the predicted genetic values and environmental loads. Individual trials showed high genetic variance (σ_g^2) as for FRY (0.16 to 0.92), with inheritability $h^2 \geq 0.70$ for advanced (AYT) and uniform yield trials (UYT), favorable for selection. In the joint analysis the genetic variation explained by the analytical factor (FA_4) was > 88% in all four traits, even with the high G×E and imbalanced data. Correlation between environments was of high magnitude, in the positive sense (0.99 and 1.0) in SHY and DRY, respectively, as in the negative (-0.82 and -0.95) in FRY and DMC, respectively. Graphics of latent regression suggested, for FRY and SHY, a set of clones: BR11-34-41, Cigana Preta and Corrente, while the most stable BR11-34-69, BR11-34-45 and BR11-34-64 for all four traits. Environmental covariables rain precipitation, altitude and solar radiation, showed higher effect on the set of environments of FA1 for FRY. The FA model showed to be a useful and efficient statistical tool to explore the magnitude of G×E, integrated to environmental covariables, allowing a practical (biological) interpretation of the latent factor in cassava.

Keywords: Stability, G×E, plant breeding, environmental covariables.

INTRODUÇÃO

A mandioca (*Manihot esculenta Crantz*) é cultivada em todo mundo, sendo responsável pela segurança alimentar global. Inúmeros produtos industrializados são produzidos com suas raízes, o que favorece seu papel vital na economia de diversos países (CEBALLOS et al., 2012; FAO, 2018). Atualmente o Brasil cultiva 1.19 milhão de hectares de mandioca distribuídos de Norte a Sul do país, o que corresponde a cerca de 10.0% da produção mundial. Essa ampla distribuição em diferentes biomas, com condições adversas e contrastantes, resulta em forte influência ambiental (HALSEY et al., 2008; FAO, 2019). Como as plantas respondem a uma série de sinais ambientais (bióticos e abióticos), um genótipo pode ter um bom desempenho em um determinado ambiente, mas ruim em outros, o que ocasiona o fenômeno da interação genótipo por ambiente (G×E), como resultado das respostas genotípicas diferenciais nos ambientes de teste, um complicador no processo de seleção (MALOSETTI et al., 2013; OLIVOTO et al., 2019).

No Brasil, a última etapa do processo seletivo dos programas de melhoramento de mandioca (ensaios uniformes de produção – UYT) é utilizada para iniciar a coleta de dados agronômicos para recomendação de novas variedades de mandioca, tendo em vista o maior tamanho das parcelas (40 a 60 plantas), maior número de repetições e locais de cultivo. Normalmente, os testes comparativos regionais entre variedades comerciais e novos clones de mandioca, que estão muito próximas do lançamento comercial, são avaliados em diversos anos de cultivo em ensaios múltiplos ambientes (METs). Geralmente os METs têm por características o grande número de ambientes e o desequilíbrio dos ensaios dentro e entre locais, uma vez que clones improdutivos são normalmente descartados, ou substituídos por clones promissores ao longo do processo seletivo, além da ocorrência normal de perdas de parcelas experimentais, processo que dificulta a análise conjunta. Por outro lado, os METs permitem observar e quantificar os níveis de expressão fenotípica em função da variação ambiental (ano e local de cultivo), tendo-se a possibilidade de avaliar a adaptabilidade dos genótipos a ambientes gerais ou específicos e a estabilidade de rendimento aos diferentes ambientes alvos, parâmetros importantes para a recomendação de novos clones.

A heterogeneidade da variância e covariância genética nos diferentes ambientes também são fatores importantes no estudo da interação $G \times E$, considerando que, ambientes com características similares, tendem a induzir respostas correspondentes nos genótipos, resultando em fortes correlações genéticas (MALOSETTI et al., 2013; YAN, 2016; VAN EEUWIJK et al., 2016). Isso dificulta o ajuste dos modelos que exploram os efeitos da interação $G \times E$ e o número de parâmetros estimados (DAWSON et al., 2013). Por outro lado, o uso dos modelos mistos é uma abordagem alternativa para análise dos ensaios METs, por ser mais informativo e flexível na obtenção dos componentes de variância e identificação dos parâmetros genéticos e ambientais que estão mais relacionados com o desempenho dos genótipos, auxiliando o melhorista na tomada de decisão quanto à recomendação das novas variedades (RESENDE; THOMPSON, 2004; SMITH et al., 2005; KELLY et al., 2007).

Na abordagem de modelos mistos tem-se o ajuste da matriz da variância e covariância genética (VCOV), para modelar as correlações genéticas e residuais entre ambientes. A matriz não estruturada é a estrutura VCOV mais complexa, pois considera a heterogeneidade das variações entre ambientes e todas as possíveis covariâncias específicas entre pares de ambientes (OLIVEIRA et al., 2020). Contudo, geralmente devido ao alto número de ambientes e genótipos testados, a convergência do modelo é difícil, dado o alto número de parâmetros estimados, sendo necessário um modelo flexível que reduza o número de parâmetros estimados (SMITH et al., 2005).

O uso de modelos de componente de variância simples tem se mostrado inadequados em termos de modelagem da interação $G \times E$, pois não lidam com covariâncias de efeitos genéticos e não genéticos entre ambientes, por isso muitos programas de melhoramento genético têm utilizado a abordagem de modelos mistos multiplicativos, mais precisamente o fator analítico (FA) (PIEPHO, 1997, 1998; SMITH et al., 2001b; KELLY et al., 2007). Em contraste o modelo misto multiplicativo fator-analítico (FA), que combina regressão múltiplas e PCA (análises de componentes principais), oferecem diversas vantagens como: i) permite uso de modelos não estruturados, além de estimar as variâncias e covariâncias existentes nos ensaios de interação $G \times E$ de forma parcimoniosa; ii) permite estimar os coeficientes genotípicos e ambientais (cargas e escores fatoriais, respectivamente); iii) por meio dos BLUPs (Best Linear Unbiased

Predictors) permite estimar o efeito dos genótipos correlacionados entre os ensaios; iv) identifica a presença de heterogeneidade de variância residuais de experimentos não ortogonais (matriz de VCOV do tipo não estruturada), para o efeito de genótipos dentro de ambientes com poucos parâmetros de variância, mesmo para um número elevado de genótipos/ambientes; e ainda vi) combina em um único modelo, regressão múltipla e análise de componentes principais com dados desbalanceados e seleção para ambientes não testado (PIEPHO, 1997, 1998; SMITH et al., 2001b, 2005; KELLY et al., 2007). Além disso, permite a representação gráfica do modelo FA (via regressão latente múltipla) e visualização das correlações genéticas entre os pares de ambientes por mapa de calor (THOMPSON et al., 2003; CULLIS et al., 2014; SMITH et al., 2015).

Embora diversos estudos tenham demonstrado a importância e as vantagens de explorar a interação G×E por modelo FA (CULLIS et al., 2014; SMITH et al., 2015; DIAS et al., 2018; KRAUSE et al., 2020), esta abordagem não tem sido explorada nos programas de melhoramento de mandioca. Portanto, os objetivos deste estudo foram: 1) explorar a interação G×E em dados históricos do programa de melhoramento de mandioca da Embrapa, com ênfase em adaptabilidade e estabilidade dos genótipos pelo modelo FA; 2) selecionar genótipos estáveis e adaptados com ganhos genéticos para quatro variáveis de interesse agrônomo, produtividade de raízes frescas (PTR) e secas (PRS), produtividade da parte aérea (PPA) e teor de matéria seca nas raízes (DMC), para os ambientes alvos; 3) prever o desempenho dos genótipos em ambientes na qual eles não foram avaliados nos ensaios METs e 4) identificar as covariáveis ambientais que mais explicam a interação G×E, e a correlação genética entre os ambientes nos ensaios do programa de melhoramento de mandioca da Embrapa.

2. MATERIAL E MÉTODOS

2.1. Material genético e design experimental

O banco de dados foi constituído pelo conjunto de ensaios METs do programa de melhoramento genético de mandioca da Embrapa Mandioca e Fruticultura. Vinte e dois genótipos de mandioca foram avaliados, sendo seis em fase de validação e 16 variedades comerciais (variedades melhoradas e variedades locais), utilizadas como testemunhas (Tabela 2). Os experimentos foram instalados em 17 locais, nos anos agrícolas de 2013 a 2021, de modo que,

a combinação ano \times local foi denominada de ambiente. Os genótipos foram avaliados no estado da Bahia (BA), Minas Gerais (MG) e Mato Grosso do Sul (MS), regiões classificadas como tropical quente e úmido. A distribuição das chuvas na Bahia e Minas Gerais é concentrada entre os meses de abril a julho, com média acima de 1100mm anuais de forma irregular, já em Dourados (MS) o período chuvoso se estende de outubro a março, com prolongado período seco (5-7 meses) nestas três regiões. Informações adicionais de tipo de solo e coordenadas geográficas, assim como variáveis climáticas durante o período de abrangência dos ensaios entre o plantio e a colheita são apresentadas na Tabela 1.

O preparo do solo seguiu o padrão convencional nas regiões (uma aração, duas gradagens e abertura de sulco de plantio com cerca de 20 cm de profundidade). Em seguida o plantio foi realizado manualmente, utilizando manivas padrão entre 16-18 cm obtidas de hastes com 10-12 meses de idade, livres de pragas e doenças, sendo dispostas no sentido horizontal da linha de plantio. A adubação e demais tratamentos culturais foram realizados de acordo com as recomendações da cultura (SOUZA et al., 2006). Todos os ensaios foram instalados utilizando o delineamento de blocos completos casualizados, com três repetições. As parcelas foram constituídas de 4-6 linhas com 20-25 plantas cada, com espaçamento de 0,90 m entre linhas e 0,80 m entre plantas.

Aos 12 meses após o plantio, foram avaliadas as seguintes características: 1) produtividade total de raízes (PTR, em $t\ ha^{-1}$) considerando a produtividade de raízes frescas da parcela, e em seguida ajustado para toneladas por hectare; 2) produtividade da parte aérea (PPA, em $t\ ha^{-1}$) de todas as plantas da parcela após o destaque das raízes; 3) teor de matéria seca nas raízes (DMC, em %) obtido pelo método da balança hidrostática descrita por Kawano et al. (1987); 4) produtividade de raízes secas (PRS, $t\ ha^{-1}$) obtida pelo produto de PTR e DMC.

Tabela 1. Localização e descrição dos ambientes de avaliação dos genótipos de mandioca durante os anos de 2013 a 2021.

Ambientes	Ano	Tmáx	Tmin	Tméd	Precipitação anual	UR%	V/vento	Rad solar	Altitude	Latitude	Longitude	Tipo solo
Laje – BA (PP)	2013	29.96	22.32	25.46	1300.09	75.55	1.89	17.09	190	13°09'52"	39°25'59"	LVAd
Laje – BA (NH)	2015	30.46	22.40	25.78	980.08	73.87	1.84	17.83	190	13°09'52"	39°25'59"	LVAd
Laje – BA (SJ)	2016	30.94	22.54	26.02	924.66	72.11	1.89	18.51	190	13°08'36"	39°25'46"	LVAd
Laje – BA (SV)	2017	30.07	22.12	25.39	948.66	72.87	1.99	18.67	190	13°08'36"	39°25'46"	LVAd
Laje – BA (RA1)	2018	30.72	22.36	25.82	835.62	71.91	1.87	17.98	190	13°08'47"	39°17'58"	LVAd
Laje – BA (RA2)	2019	31.16	22.76	26.25	834.08	71.56	1.89	19.38	190	13°09'52"	39°25'59"	LVAd
Laje – BA (Capela)	2020	30.46	22.69	25.89	1022.68	75.02	1.87	17.62	190	13°39'52"	39°25'59"	LVAd
Laje – BA (NH)	2021	29.56	23.54	26.02	908.40	76.23	2.18	17.17	190	13°09'52"	39°25'59"	LVAd
Cruz das Almas – BA	2014	32.09	20.05	25.06	736.79	68.81	2.78	18.73	220	12°39'11"	39°07'19"	LVAd
Cruz das Almas – BA	2018	32.58	20.24	25.39	684.71	67.29	2.72	18.38	220	12°39'11"	39°07'19"	LVAd
Cruz das Almas – BA	2019	32.92	20.54	25.73	801.18	67.78	2.71	18.98	220	12°39'11"	39°07'19"	LVAd
Cruz das Almas – BA	2020	31.70	20.52	25.18	1019.36	73.03	2.61	17.32	220	12°39'11"	39°07'19"	LVAd
Cruz das Almas – BA	2021	31.85	20.28	25.07	857.04	74.61	2.29	15.82	220	12°39'11"	39°07'19"	LVAd
Santo Amaro – BA	2016	30.32	23.22	26.06	779.09	73.23	2.38	19.12	42	12°32'48"	38°42'43"	V
Santo Amaro – BA	2017	29.43	22.81	25.42	1117.68	75.28	2.43	19.26	42	12°32'48"	38°42'43"	V
Valença – BA (NR)	2014	28.64	19.68	23.24	2130.00	74.89	1.92	18.17	39	13°22'26"	39°04'30"	LAd
Valença – BA (NR)	2015	29.22	19.90	23.86	1622.00	73.86	1.84	17.85	39	13°22'26"	39°04'30"	Lad
Valença – BA (NR)	2019	29.55	20.36	24.24	1512.00	71.56	1.89	19.38	39	13°22'26"	39°04'30"	Lad
Governador Mangabeira – BA	2020	25.18	20.52	22.85	1019.36	73.03	2.61	17.32	200	12°34'23"	38°42'53"	LVAd
Florestal – MG	2020	28.64	17.30	22.97	1849.80	74.44	2.42	20.60	815	19°53'12"	44°25'56"	PVAd
Alcobaça – BA	2021	25.96	25.05	25.47	726.34	78.84	4.63	16.95	16	17°31'21"	39°11'53"	PAQd
Alagoinhas – BA	2021	31.86	20.27	25.07	857.04	74.57	2.29	18.93	230	12°07'13"	38°24'35"	PV
Entre Rios – BA	2021	31.18	21.00	25.04	1104.77	77.78	1.10	16.66	162	11°56'31"	38°05'04"	PV
Dourados – MS	2021	32.43	17.66	24.05	707.10	64.85	0.24	18.17	469	22°11'16"	54°54'20"	LVdf
Itamarajú – BA	2021	30.25	20.58	24.47	1136.0	77.69	1.00	18.13	112	17°02'21"	39°31'52"	LVAd

Classe de solo: **LVAd** – Latossolo Vermelho Amarelo Distrófico; **Lad** – Latossolo Distrófico + PE – Podzólico Vermelho Amarelo Distrófico; **V** – Vertissolo + **PV** – Podzólico Vermelho Amarelo; **PV** – Podzólico Vermelho Amarelo + **LVA** – Latossolo Vermelho Amarelo; **PAQd** – Podzol + Areias Quartzosas Distróficas; **PVAd** – Argissolo Vermelho Amarelo Distrófico; **LVdf** – Latossolo Vermelho + Latossolo Vermelho Distroférrico

Tabela 2 Descrição agrônômica dos 22 genótipos avaliados nos ensaios regionais.

Genótipos	*Origem	Tipo (HCN)	Cor da casca	Cor da polpa	Cor entre casca	Consumo
Novos clones						
BR11-24-156	CNPMF	Brava	Marrom escuro	Branca	Creme	Processamento
BR11-34-41	CNPMF	Brava	Marrom claro	Branca	Creme	Processamento
BR11-34-45	CNPMF	Brava	Marrom claro	Branca	Creme	Processamento
BR11-34-64	CNPMF	Brava	Marrom escuro	Branca	Creme	Processamento
BR11-34-69	CNPMF	Brava	Marrom claro	Branca	Creme	Processamento
BR12-107-002	CNPMF	Brava	Marrom claro	Branca	Creme	Processamento
Testemunhas						
BRS Caipira	CNPMF	Brava	Marrom escuro	Branca	Branca	Processamento
BRS Dourada	CNPMF	Mansa	Marrom escuro	Creme	Rosada	<i>In natura</i>
BRS Formosa	CNPMF	Brava	Marrom escuro	Branca	Branco	Processamento
BRS Gema de Ovo	CNPMF	Mansa	Marrom escuro	Creme	Branco	<i>In natura</i>
BRS Kiriris	CNPMF	Brava	Marrom escuro	Branca	Branco	Dupla finalidade
BRS Mulatinha	CNPMF	Brava	Marrom escuro	Branca	Branca	Processamento
BRS Novo Horizonte	CNPMF	Brava	Branca	Branca	Branco	Processamento
BRS Poti Branca	CNPMF	Brava	Branca	Branca	Branco	Processamento
BRS Tapioqueira	CNPMF	Brava	Marrom escuro	Branca	Roxo	Processamento
BRS Verdinha	CNPMF	Brava	Branca	Branca	Branco	Processamento
Cigana Preta	DP	Brava	Marrom escuro	Branca	Branco	Processamento
Correntão	DP	Brava	Marrom escuro	Branca	Branco	Processamento
Corrente	DP	Brava	Marrom escuro	Branca	Branco	Processamento
Eucalipto	DP	Mansa	Marrom escuro	Creme	Branca	In natura (aipim)
IAC-90	IAC	Brava	Branca	Branca	Branco	Processamento
Vassoura Preta	DP	Mansa	Marrom escuro	Branca	Creme	Processamento

*CNPMF, Centro Nacional de mandioca e fruticultura; IAC, Instituto agrônômico de Campinas, DP, Domínio Público

Análise estatística individual e conjunta dos dados fenotípicos

Na primeira etapa os ensaios individuais foram analisados, para avaliar a qualidade fenotípica dos dados, por meio da acurácia, precisão experimental, coeficientes de variação e herdabilidade no sentido amplo, utilizando o seguinte modelo linear misto: $y = \mu \mathbf{1}_n + Xr + Z_1 b.r + Z_2 g + \epsilon_{jk}$, em que y é o vetor ($n \times 1$) de valores fenotípicos, em que n é o número de observações; μ é a média geral; r é o vetor ($j \times 1$) de efeitos fixos de j repetições; g é o vetor ($i \times 1$) dos efeitos aleatórios do i -ésimo genótipos, com $g \sim N(0, \sigma_g^2 I_i)$, em que σ_g^2 , é a variância genética total; $b.r$ é o vetor ($jk \times 1$) de efeitos aleatórios de bloco k dentro de j replicações, com $b.r \sim N(0, \sigma_b^2 I_{jk})$, em que σ_b^2 , é a variância de blocos; ϵ_{jk} é o vetor de efeitos residuais, com $\epsilon_{jk} \sim N(0, \sigma_e^2 I_n)$, em que σ_e^2 , é a

variância residual; X , Z_1 e Z_2 representam as matrizes de incidência para seus respectivos efeitos de repetições, genótipos e blocos dentro das repetições; 1_n é um vetor de uns, e I_i , I_{ij} , I_n são matrizes identidades com suas ordens correspondentes.

Gráficos de diagnóstico para cada um dos ensaios individuais foram obtidos para detectar a presença de outliers e homogeneidade dos resíduos, para posterior análise conjunta dos ensaios. Também foram obtidos os parâmetros genéticos e verificado o desbalanceamento entre os ensaios (foram mantidos apenas genótipos que estavam presentes em pelo menos 50% dos ensaios). Os ensaios que tiveram menor número de parcelas perdidas e menor coeficiente de variação para as características avaliadas foram mantidos para a análise conjunta. Portanto, distintos ambientes foram selecionados para cada variável, de acordo com os critérios mencionados acima, além do melhor ajuste do modelo sendo 57, 56, 53 e 59 ambientes selecionados para as características PTR, PPA, PRS e DMC, respectivamente, conforme, demonstrado pelo valor da porcentagem de variância genética explicada pelos k fatores (R^2 , acima de 87%), assim a seleção dos ambientes foi realizada usando uma combinação de ferramentas.

A herdabilidade no sentido amplo ($H^2 = 1 + [P\bar{E}V / (2 \times \hat{\sigma}_g^2)]$) foi calculada de acordo com Cullis et al. (2006); a acurácia experimental ($Ac = \sqrt{1 - (P\bar{E}V / \hat{\sigma}_g^2)}$) de acordo com Mrode, (2014). Além disso, também foi calculado o coeficiente de variação, de acordo com $CV\% = (\hat{\sigma}_e / \hat{\mu}) \times 100$, em que $P\bar{E}V$ é a média da variância do erro de predição; $\hat{\sigma}_g^2$ estimativa da variância genética; $\hat{\sigma}_e$ é a estimativa do desvio padrão residual; $\hat{\mu}$ é a média geral de cada tentativa.

A análise conjunta foi realizada com as médias ajustadas dos ensaios individuais, considerando os genótipos com efeito fixo e corrigido para os demais efeitos relacionados ao design experimental. Na segunda etapa, utilizou-se a média fenotípica ajustada e pesos econômicos associados aos genótipos como efeito aleatório, com o seguinte modelo: $y_{adj} = \mu 1_n + X_S + Z_g \cdot s + \epsilon_{jk}$, em que y_{adj} é o vetor ($il \times 1$) de médias ajustadas do primeiro estágio, do i -ésimo genótipos para cada ambiente l ; μ é a média geral; S é o vetor ($l \times 1$) de efeitos fixos de ambientes; $g \cdot s$ é o vetor ($il \times 1$) de efeitos genéticos aleatórios do genótipo i dentro do ambiente l . As estruturas de VCOV para efeitos aleatórios de

genótipos e resíduos dentro de ambientes tem distribuição $\mathbf{g}, \mathbf{s} \sim N(0, \mathbf{G} \otimes \mathbf{\Sigma})$, sem informação de pedigree. \mathbf{e}_{jk} é o vetor (1×1) de efeitos residuais, com $\mathbf{e}_{jk} \sim N(0, \mathbf{\Sigma})$, onde $\mathbf{\Sigma}$ é uma matriz identidade (1×1) , dado pelas médias ajustadas dos genótipos em cada ambiente, com ambientes independentes com variância $\mathbf{G} = \mathbf{I}$ (SMITH et al., 2001a).

A modelagem das matrizes \mathbf{G}, \mathbf{X} e \mathbf{Z} foi realizada considerando uma estrutura de fator analítico de ordem k (FA_k), em que k é o número de componentes multiplicativos do modelo; \mathbf{G}, \mathbf{X} e \mathbf{Z} são as matrizes de incidência para seus respectivos efeitos; $\mathbf{1}_n$ é um vetor de uns; \mathbf{I}_{il} é matrizes identidade com suas correspondentes ordens.

Para calcular a porcentagem geral da variação genética (\bar{v}) explicada pelo fator analítico (FA_k), de acordo com as combinações lineares dos fatores comuns foi utilizado o seguinte modelo: $\bar{v} = 100 \times \text{tr}(\mathbf{\Lambda}\mathbf{\Lambda}^T) / (\mathbf{\Lambda}\mathbf{\Lambda}^T + \psi)$, onde $\mathbf{\Lambda}$ é a matriz $(1 \times k)$ das cargas fatoriais, em que λ_{lk} , é o k carga fatorial ($k = 1, 2 \dots k$) para o ambiente 1; ψ é uma matriz diagonal (1×1) com as variâncias específicas para cada ambiente l ; tr é o traço da matriz. A determinação do modelo mais parcimonioso foi feita com base no critério de informação AIC (Akaike Information Criterion) (BOZDOGAN, 1987), onde modelos de ordem um (FA_1) até a sexta ordem (FA_6) foram comparados, sendo selecionado aquele com menor AIC. Todas as variáveis analisadas neste estudo tiveram o fator analítico quatro (FA_4) com o menor valor de AIC, definido pelo seguinte modelo: $\mathbf{G} = (\mathbf{\Lambda}\mathbf{\Lambda}^T + \psi) \otimes \mathbf{I}$, em que $\mathbf{\Lambda}$ é a matriz $(1 \times k)$ das cargas fatoriais (λ_{lk}), em que λ_{lk} , é o k -ésimo carga fatorial ($k = 1, 2 \dots k$) para o ambiente 1; ψ é uma matriz diagonal (1×1) com as variâncias específicas para cada ambiente l ; \mathbf{I} é uma matriz identidade (1×1) .

Foi realizada a correlação genética entre os ambientes (ρ_{il}), via modelo (FA) utilizando os termos da matriz \mathbf{Z} acima, de acordo com: $\rho_{il} = \text{COV}_{il} / \sqrt{\sigma_{il}^2 \sigma_{il}^2}$, onde COV_{il} é a covariância genética entre os ensaios l e l' ; σ_{il}^2 e σ_{il}^2 são a variância genética para os ensaios l e l' respectivamente. As cargas fatoriais para os genótipos \tilde{f} e as cargas fatoriais para os ambientes $\tilde{\delta}$ foram calculadas, segundo Resende e Thompson (2004).

Por fim foram construídos gráficos de regressão latente para oito genótipos, sendo quatro clones em fase final de validação, duas variedades locais e duas

variedades testemunhas, com alta performance para cada característica avaliada, para avaliar a adaptabilidade e estabilidade dos genótipos nos diferentes ambientes e regredidas das cargas fatoriais (CULLIS et al., 2014; SMITH; CULLIS, 2018). Os valores genéticos preditos (efeitos genéticos aditivos aleatórios) em ambientes avaliados e não avaliados foram somados a média do BLUPs do respectivo genótipo, para ajustar os valores em $t\ ha^{-1}$ para PTR, PPA e PRS, e em % para DMC.

Os valores genéticos preditos expressam a performance do genótipo a uma carga fatorial de um determinado ambiente (OLIVEIRA et al., 2020). Portanto, para maximizar a proporção da covariância genética e entender a significância biológica das cargas fatoriais dos ambientes, utilizou-se a análise de componentes principais, rotacionando os fatores por meio da técnica varimax (KAISER, 1958). As estimativas das cargas fatoriais são rotacionadas para a solução de componentes principais, sendo que o primeiro fator é responsável pela maior parte da proporção da covariância genética entre os ambientes, o segundo fator é ortogonal (não existe correlação entre os fatores) ao primeiro e responde pela próxima maior variação genética entre os ambientes e assim por diante (CULLIS et al., 2010).

Foi realizado a correlação de Pearson entre as principais covariáveis ambientais que influenciam o ciclo produtivo da mandioca, temperatura máxima, mínima e média ($T_{m\acute{a}x}$, °c, $T_{m\acute{i}n}$, °c e $T_{m\acute{e}d}$, °c, respectivamente), precipitação pluviométrica (PREC, $mm\ dia^{-1}$), umidade relativa do ar (UR, %), velocidade do vento (V/VENTO, ms^{-1}), radiação solar (RAD/SOLAR, $MJ/m^{-2}\ dia^{-1}$) e altitude (m), obtidos da estação meteorológica da Embrapa Mandioca e Fruticultura, e da estação automática do Inmet (Instituto Nacional de Meteorologia), com as cargas ambientais dos quatro fatores FA_4 , da estrutura do modelo analítico, conforme proposto por Sae-Lim et al. (2014) e descrito em Oliveira et al. (2020). Os procedimentos estatísticos foram realizados utilizando o pacote ASReml-R v.3 (BUTLER et al., 2009), com o uso do software R4.2.0 (R CORE TEAM, 2022).

RESULTADOS

Análise individual e conjunta dos ensaios agronômicos

Os parâmetros genéticos estimados variaram consideravelmente nos ensaios individuais, apresentados na Tabela 3. De modo geral, a variância

genética (σ_g^2) foi de alta magnitude para todas as características agrônômicas avaliadas com ($p < 0,05$), com isso a herdabilidade no sentido amplo (h^2) variou de 0.16 a 0.92 para PTR, 0.15 a 0.93 para PPA, 0.28 a 0.92 para PRS e 0.01 a 0.96 para DMC. Porém, em 70% dos ensaios a h^2 foi acima de 0.60, 0.61, 0.61 e 0.63 para PTR, PPA, PRS e DMC, respectivamente.

Em relação à precisão experimental, o coeficiente de variação ($cv\%$) variou de baixo a mediano para PTR (6.60% a 39.01% nos ensaios regionais uniformes 2017.ERU.NH e 2020.ERU.NH2B, respectivamente (códigos dos ambientes descritos na Tabela suplementar S2), PPA (7.84% a 40.25% nos ensaios 2017.ERU.SA e 2013.EC.NH, respectivamente), PRS (6.92% a 41.78% nos ensaios 2017.ERU.SV e 2020.ERU.NH2B, respectivamente). Por outro lado, houve pequena variação do $cv\%$ para DMC (1.34% a 8.41% nos ensaios 2016.ERU.SA e 2020.ERU.UFV, respectivamente). Apenas os ensaios 2015.EC.NR para PTR, PPA e PRS e 2020.ERU.NH2B para DMC apresentaram baixa precisão experimental e consequente baixa h^2 .

Os ensaios clonais apresentaram menor estimativa de herdabilidade para PTR em média (h^2) de 0.50, mesma tendência para PRS e PPA com h^2 de 0.51 e 0.54, respectivamente. Em contrapartida, para a variável DMC o ensaio preliminar (2020.EP.GS.RA1) apresentou a menor h^2 (0.01), no entanto, os ensaios avançados e uniformes apresentaram em geral $h^2 \geq 0.70$.

De acordo com os critérios para avaliação do número adequado de fatores analíticos dos modelos de variância e covariância, o modelo FA_4 apresentou o menor AIC para todas as características analisadas, sendo considerado o modelo mais parcimonioso para descrever a estrutura de (VCOV) com o melhor ajuste, tendo em vista o menor número de parâmetros estimados (componentes de variância-covariância estimados para explicar a variação genética dos dados) (Tabela 4). Além disso, de modo geral, a relação entre o último logREML (REML log-likelihood) com o modelo escolhido (FA_4) foi acima de 90% para todas as variáveis analisadas que demonstra bom ajuste do modelo.

Tabela 3. Cont...

Ambientes	(PTR t ha ⁻¹)				(PPA t ha ⁻¹)				(PRS t ha ⁻¹)				(DMC %)			
	σ_a^2	σ_r^2	h^2	cv%	σ_a^2	σ_r^2	h^2	cv%	σ_a^2	σ_r^2	h^2	cv%	σ_a^2	σ_r^2	h^2	cv%
2020.EP.NH	-	-	-	-	12.48	32.30	0.28	34.60	-	-	-	-	-	-	-	-
2020.EP.UFRB	-	-	-	-	82.72	30.15	0.73	22.63	-	-	-	-	-	-	-	-
2020.EP.GS.RA1	25.59	13.73	0.65	12.93	-	-	-	-	3.03	1.47	0.67	17.84	0.02	2.36	0.01	4.16
2020.EP.GS.UFRB	-	-	-	-	8.04	47.35	0.15	22.82	-	-	-	-	-	-	-	-
2020.EP.GS.RA1	-	-	-	-	17.95	16.15	0.53	16.76	-	-	-	-	-	-	-	-
2020.ERU.UFV	99.59	120.82	0.45	28.34	-	-	-	-	-	-	-	-	4.71	7.01	0.40	8.41
2020.ERU.GM	15.65	10.57	0.60	10.63	7.50	3.09	0.71	14.69	1.86	0.91	0.67	9.44	0.69	0.56	0.55	1.98
2020.ERU.NH2A	33.61	17.46	0.66	19.02	-	-	-	-	4.52	1.89	0.71	18.92	0.97	0.29	0.77	1.44
2020.ERU.NH2B	44.16	42.26	0.51	39.01	-	-	-	-	4.16	4.45	0.48	41.78	2.48	5.43	0.31	6.80
2020.ERU.UFRB	56.48	20.39	0.73	23.52	32.44	41.45	0.44	27.60	-	-	-	-	2.76	1.18	0.70	3.12
2020.ERU.RA1	42.54	19.49	0.69	25.01	-	-	-	-	-	-	-	-	1.36	2.51	0.35	4.44
2021.EC.UFRB	11.01	57.22	0.16	33.22	40.35	24.86	0.62	28.47	2.66	6.33	0.30	34.49	4.48	3.47	0.56	5.07
2021.EA.UFRB	13.77	16.49	0.46	23.32	16.64	9.39	0.64	18.73	1.14	1.53	0.43	24.73	5.47	0.51	0.91	2.18
2021.EA.NH	27.62	34.63	0.44	18.49	56.35	27.50	0.67	17.35	2.09	4.49	0.32	19.50	0.79	1.68	0.32	3.40
2021.EA.RA1	84.78	17.80	0.83	22.33	14.26	11.79	0.55	18.96	8.78	1.98	0.82	24.00	2.06	0.79	0.72	2.52
2021.EA.GS.AL	8.96	7.92	0.53	19.81	-	-	-	-	1.32	0.70	0.65	21.74	7.98	0.97	0.89	3.14
2021.EA.GS.NH	54.46	24.87	0.69	15.42	-	-	-	-	5.49	2.87	0.66	15.93	1.40	1.05	0.57	2.73
2021.EA.GS.UFRB	41.58	21.46	0.66	22.07	50.70	37.85	0.57	24.71	4.47	2.31	0.66	23.56	2.52	2.29	0.52	4.31
2021.EA.GS.RA1	21.84	17.47	0.56	19.12	9.52	7.95	0.54	16.11	2.30	1.37	0.63	15.77	2.74	0.86	0.76	2.46
2021.EP.WX.UFRB	10.82	7.51	0.59	19.87	31.76	9.05	0.78	20.34	0.87	0.70	0.55	18.94	4.11	1.40	0.75	3.19
2021.EP.WX.RA1	27.74	6.18	0.82	8.35	38.31	11.12	0.78	15.27	3.63	0.54	0.87	7.84	5.30	0.63	0.89	2.19
2021.ERU.UFRB	9.98	16.67	0.37	25.85	12.15	6.15	0.66	17.86	1.10	1.59	0.41	26.58	2.51	0.44	0.85	1.91
2021.ERU.RA1	17.51	21.62	0.45	20.88	29.96	11.51	0.72	18.22	1.70	2.05	0.45	20.77	1.09	0.41	0.73	1.80
2021.ERU.NH1	-	-	-	-	29.85	13.23	0.69	19.43	-	-	-	-	-	-	-	-
2021.ERU.NH2	-	-	-	-	47.31	31.83	0.60	16.85	-	-	-	-	-	-	-	-
2021.ERU.NH3	18.75	10.32	0.64	11.79	-	-	-	-	1.66	1.06	0.61	11.53	1.05	0.60	0.64	2.06
2021.ERU.NH4	36.49	34.06	0.52	15.33	57.20	27.47	0.68	17.51	3.51	3.71	0.49	15.35	2.49	0.55	0.82	1.97
2021.ERU.AL	34.15	7.94	0.81	19.66	26.18	9.35	0.74	15.86	1.81	0.54	0.77	18.58	5.53	3.38	0.62	5.97
2021.ERU.RIOS	17.22	14.61	0.54	12.09	34.47	18.10	0.66	18.00	1.80	1.31	0.58	12.10	2.66	0.64	0.81	2.30
2021.ERU.ALC	27.78	12.46	0.69	11.97	74.76	9.75	0.88	10.74	3.82	1.39	0.73	12.87	3.33	0.88	0.79	2.64
2021.ERU.ITAM	71.31	18.71	0.79	11.91	45.05	69.71	0.39	18.34	4.10	2.09	0.66	13.68	3.78	2.31	0.62	4.47
2021.ERU.NH1	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	3.06	1.12	0.73	2.89
2021.ERU.NH2	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	1.33	0.62	0.68	2.09
2021.ERU.UFGD	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	2.16	1.56	0.58	3.29
2021.EC.GS.UFRB	10.21	20.83	0.33	36.40	28.80	36.20	0.44	23.02	1.15	3.01	0.28	39.12	-	-	-	-

Para uma seleção eficiente, deve-se estimar os componentes de variância, de forma a explicar a variação genética e ambiental na expressão das características. Verificou-se alta variância ambiental para produtividade da parte aérea e uma maior variação genética para o teor de matéria seca, além de valores significativos da interação G×E para todas as características avaliadas (Figura suplementar S1).

De acordo com o teste da razão da máxima verossimilhança (LTR) o efeito de genótipos, ambientes e da interação G×E foram altamente significativos ($p < 0,001$) para todas as características (Tabela suplementar S1).

Tabela 4. Número total de parâmetros (componentes de variância-covariância) (NP), Critério de Informação Akaike (AIC) e REML log-verossimilhança (logREML) dos modelos de variância e covariância (VCOV) com base na matriz G estimada na análise conjunta de ambientes.

Produtividade raízes frescas (PTR t ha ⁻¹)				Produtividade de parte aérea (PPA t ha ⁻¹)			
Model	NP	AIC	logREML	Model	NP	AIC	logREML
FA1	114	2969.65	-1370.83	FA1	112	2897.23	-1336.61
FA2	160	2973.85	-1326.93	FA2	155	2847.66	-1268.83
FA3	201	2939.60	-1268.80	FA3	200	2813.94	-1206.97
FA4	247	2894.00	-1200.00	FA4	242	2782.27	-1149.14
FA5	332	2986.08	-1161.04	FA5	326	2855.00	-1101.50
OneStage	60	12389.10	-6134.54	OneStage	59	11900.12	-5891.06
<i>rFA_{4M}</i>			0.96	<i>rFA_{4M}</i>			0.97
Produtividade de raízes seca (PRS t ha ⁻¹)				Teor de matéria seca (DMC %)			
Model	NP	AIC	logREML	Model	NP	AIC	logREML
FA1	106	1403.20	-595.60	FA1	118	1027.04	-395.52
FA2	147	1385.43	-545.71	FA2	159	997.40	-339.70
FA3	192	1367.67	-491.84	FA3	207	1000.80	-293.40
FA4	233	1361.68	-447.84	FA4	253	985.22	-239.61
FA5	308	1422.78	-403.39	FA5	344	1074.14	-193.07
FA6	356	1393.97	-340.99	OneStage	62	4138.70	-2007.35
<i>rFA_{4M}</i>			0.97	<i>rFA_{4M}</i>			0.91

FA(k): fator analítico para o modelo de ordem k.

Os ambientes utilizados nos ensaios de mandioca apresentam algumas particularidades quanto às características edafoclimáticas, que permitem respostas distintas ou similares entre os genótipos, portanto o modelo de fator analítico permite identificar as cargas ambientais, ou seja, quais ambientes explica a maior proporção da variância genética e, portanto, induzem uma resposta produtiva melhor nos genótipos (marcado em negrito na Tabela 5).

Os quatro fatores (FA_4), com variância genética observada conjunta > 87%, identificaram em torno de 25 ambientes com cargas elevadas, entre os fatores nas quatro características. Por exemplo, para PTR o primeiro fator apresentou cargas com amplitude entre -1.74 (2021.EC.GS.UFRB) a 16.53 (2020.ERU.UFV), no entanto, considerando cargas > 5.0 representaram doze ambientes (três ensaios clonais 2013.EC.NH, 2016.EC.NH e 2019.EC.GS.UFRB, dois preliminares 2014.EP.NH e 2017.EP.NH, apenas um avançado 2020.EA.RA1, e seis uniformes 2020.ERU.UFRB, 2020.ERU.NH2A, 2020.ERU.UFV, 2020.ERU.RA1, 2021.ERU.AL e 2021.ERU.NH4). Por outro lado, para o segundo fator apenas dois ambientes com cargas >5.0 (ambientes que não estão presentes no fator 1), sendo eles 2018.ERU.RA1 e 2021.ERU.ALC, para o terceiro fator cinco ambientes 2019.EP.NH, 2019.ERU.NH, 2020.ERU.NH2B, 2021.EA.GS.NH e 2021.EA.RA1, e no quarto fator seis ambientes todos com cargas negativas 2016.EA.SA, 2016.ERU2.NH, 2019.ERU.GA, 2019.ERU.NR, 2021.EC.GS.UFRB e 2021.ERU.ITAM. Tendência semelhantes foi observada para PPA, com ~ 5 ambientes em cada fator, e amplitude de -1.58 (2021.EP.WX.RA1) a 13.25 (2013.EC.NH).

Tabela 5. Cargas ambientais após rotação Varimax, para o modelo analítico de fator quatro (FA_4), para: produtividade de raízes frescas (PTR t ha⁻¹), produtividade da parte aérea (PPA t ha⁻¹), produtividade de raízes secas (PRS t ha⁻¹) e teor de matéria seca (DMC %) respectivamente.

Ambientes	(PTR t ha ⁻¹)				(PPA t ha ⁻¹)				(PRS t ha ⁻¹)				(DMC %)			
	FA1	FA2	FA3	FA4	FA1	FA2	FA3	FA4	FA1	FA2	FA3	FA4	FA1	FA2	FA3	FA4
2013.EC.NH	8.60	2.63	0.47	-0.88	13.25	9.28	5.98	-6.43	-	-	-	-	1.05	0.54	0.45	-0.26
2014.EP.NH	6.67	3.98	1.55	-1.49	1.12	2.38	1.01	0.89	2.02	0.43	0.43	0.15	1.18	0.76	-0.50	0.38
2015.EA.NH	-	-	-	-	2.40	0.99	6.31	3.90	-	-	-	-	-	-	-	-
2015.EC.NR	3.84	0.63	1.97	-1.61	2.70	0.74	3.29	1.02	1.20	0.97	0.38	0.38	1.16	0.90	1.27	-0.75
2016.EA.NH	3.36	0.26	3.03	-2.14	-0.02	1.39	3.40	0.53	1.20	1.23	-0.32	0.39	0.38	0.19	1.64	-0.24
2016.EA.SA	0.94	1.14	-0.40	-5.07	-0.05	1.77	2.21	1.44	1.26	0.57	0.61	0.24	0.42	-0.37	1.38	-0.32
2016.EC.NH	6.17	-2.30	3.03	-4.20	3.19	2.38	10.43	-0.73	1.26	1.64	0.67	0.36	0.33	0.33	0.71	-0.53
2016.ERU1.NH	3.45	0.81	1.57	-3.65	3.05	0.43	0.42	1.33	1.27	0.52	0.38	0.25	1.05	0.14	0.69	-0.33
2016.ERU2.NH	1.73	-0.24	-2.25	-6.59	1.19	2.37	0.96	0.75	0.83	0.70	0.97	0.37	0.45	0.89	0.44	-0.48
2016.ERU.SA	1.40	3.25	0.56	-2.34	1.49	1.95	0.70	0.75	1.17	-0.24	0.28	0.35	1.22	0.86	-0.68	0.38
2017.EP.NH	7.71	1.37	4.45	0.18	7.57	1.08	2.27	-1.92	1.41	0.05	-0.34	0.85	1.07	0.20	1.23	-0.51
2017.ERU.NH	0.91	1.27	1.45	-4.42	0.05	2.07	1.21	2.89	0.81	0.14	0.31	0.81	1.28	0.91	1.01	0.10
2017.ERU.SA	2.53	0.72	-0.16	-3.07	1.29	1.79	3.15	3.36	0.86	0.27	1.79	0.26	0.95	0.72	1.20	0.41
2017.ERU.SJ	0.93	2.02	2.64	-2.86	-0.10	3.74	1.74	3.28	0.95	-0.15	0.18	0.63	0.57	0.72	1.28	0.38
2017.ERU.SV	1.20	1.63	1.86	-4.24	1.20	1.44	1.57	1.43	0.80	0.23	0.82	1.10	1.59	-0.19	0.31	-0.42
2018.ERU.RA1	0.11	5.28	0.78	-1.79	1.39	1.78	1.62	2.40	0.91	-0.71	1.05	0.69	1.68	0.40	1.03	-1.50
2018.ERU.RA2	2.82	2.52	1.59	-0.64	2.10	0.70	3.88	-1.31	0.54	0.36	1.84	0.15	1.36	-0.12	0.83	-1.29
2018.ERU.PP	-1.03	3.30	3.76	-3.92	1.46	0.58	2.09	0.48	0.35	-0.05	1.52	0.99	1.41	-0.10	0.70	-0.80
2018.ERU.UFRB	-0.82	0.32	2.78	-4.07	0.50	0.51	4.37	3.79	0.35	0.42	0.33	0.94	1.60	0.52	0.61	-1.21
2019.EC.GA	2.18	4.12	2.42	-4.93	0.63	5.03	2.80	2.09	1.70	-0.09	1.11	0.59	1.44	0.58	0.70	-0.13
2019.EC.GS.UFRB	6.24	3.95	6.92	-1.20	7.48	1.21	3.40	1.20	2.46	0.68	-0.23	1.34	1.31	0.87	0.16	-0.67
2019.EP.NH	4.87	0.25	9.71	1.87	-	-	-	-	1.45	1.86	0.05	1.36	1.56	1.13	0.87	-0.37
2019.ERU.GA	2.05	4.82	2.33	-5.85	1.99	2.30	0.04	1.44	1.81	-0.02	0.55	0.84	1.75	0.78	0.52	-0.50
2019.ERU.NH	2.11	2.09	7.11	-4.93	-0.79	3.18	4.07	8.22	1.87	1.04	0.09	2.11	0.77	-0.57	1.47	-0.11
2019.ERU.NR	3.27	-3.09	1.34	-5.23	4.35	0.91	2.52	2.27	1.12	2.01	0.23	1.09	0.88	0.21	0.82	-0.49
2019.ERU.RA1	4.26	0.34	2.39	-2.45	4.77	3.35	0.46	-0.12	0.96	-0.24	0.22	1.21	1.83	0.86	1.40	0.25
2019.ERU.RA2	1.21	1.25	4.15	-3.60	2.46	0.24	0.02	5.56	0.98	0.11	0.36	1.77	1.34	1.25	1.25	0.38
2019.ERU.M.RA2	0.76	3.63	1.90	-1.55	2.13	1.10	0.56	1.93	0.27	-1.00	1.95	1.26	1.54	0.21	1.01	-0.24
2019.ERU.UFRB	4.65	2.70	2.11	-4.02	9.03	3.53	0.05	1.17	1.98	0.31	0.73	0.96	0.85	0.22	1.86	-0.39
2019.ERU.M.UFRB	3.83	1.17	0.12	-2.14	0.79	9.33	1.41	3.93	2.67	0.34	0.83	-1.83	1.28	2.43	0.85	-0.40
2020.EA.UFRB	3.47	1.31	1.11	-2.54	4.59	3.10	10.34	4.24	2.14	1.38	1.83	0.62	0.70	0.50	1.33	-0.46
2020.EA.RA1	5.02	-0.39	2.14	-1.34	1.93	3.33	7.21	1.40	1.38	0.91	-0.20	0.34	0.79	0.59	0.93	-0.55

Tabela 5. Cont...

Ambientes	(PTR t ha ⁻¹)				(PPA t ha ⁻¹)				(PRS t ha ⁻¹)				(DMC %)			
	FA1	FA2	FA3	FA4	FA1	FA2	FA3	FA4	FA1	FA2	FA3	FA4	FA1	FA2	FA3	FA4
2020.EP.GS.NH	-	-	-	-	1.77	5.86	3.04	-0.13	-	-	-	-	-	-	-	-
2020.EP.NH	-	-	-	-	3.64	0.87	0.80	1.32	-	-	-	-	-	-	-	-
2020.EP.UFRB	-	-	-	-	3.17	5.59	6.99	-1.39	-	-	-	-	-	-	-	-
2020.EP.GS.RA1	0.49	3.83	1.91	-1.24	1.90	0.61	4.84	0.40	1.03	0.35	-1.22	0.20	-0.16	-0.47	0.14	0.38
2020.EP.GS.UFRB	-	-	-	-	3.17	1.03	3.28	-0.45	-	-	-	-	-	-	-	-
2020.ERU.UFV	16.53	-1.65	-0.22	0.29	-	-	-	-	-	-	-	-	0.95	2.22	1.08	-0.70
2020.ERU.GM	1.04	2.63	1.83	-4.98	-0.91	-0.50	0.80	3.43	1.67	0.75	0.18	0.65	0.56	-1.73	0.13	0.34
2020.ERU.NH2A	7.23	-2.87	1.87	3.42	-	-	-	-	0.15	-2.07	3.65	0.62	1.49	-0.24	0.60	0.26
2020.ERU.NH2B	1.67	-4.59	-5.73	-0.11	-	-	-	-	0.36	0.27	2.94	-0.68	-0.15	-4.30	0.14	0.56
2020.ERU.UFRB	7.69	-6.14	2.25	-2.16	2.89	-2.19	1.71	2.71	-	-	-	-	2.00	0.40	1.19	-0.20
2020.ERU.RA1	5.28	-2.52	-2.48	4.50	-	-	-	-	-	-	-	-	0.62	0.56	1.00	-0.43
2021.EC.UFRB	1.01	1.97	3.35	-0.32	2.27	0.67	-0.73	5.81	0.44	-0.57	0.02	1.57	1.82	0.62	0.74	-0.86
2021.EA.UFRB	1.62	0.32	2.68	-0.83	0.55	1.56	-0.09	3.29	0.27	0.38	0.11	0.67	1.30	0.98	1.54	-0.56
2021.EA.NH	1.28	0.39	2.38	-3.88	2.44	2.38	2.27	3.71	1.23	0.71	0.20	0.48	0.53	0.35	0.59	0.38
2021.EA.RA1	3.60	-1.90	6.26	-6.30	1.35	0.75	0.78	2.53	1.53	1.80	-0.68	1.94	0.33	0.35	1.34	-0.36
2021.EA.GS.AL	1.06	1.13	1.67	-1.92	-	-	-	-	-0.05	0.38	0.16	1.22	2.81	0.61	1.09	-1.30
2021.EA.GS.NH	4.32	2.88	7.26	-2.70	-	-	-	-	1.56	0.27	-0.36	1.63	1.49	0.62	0.22	-0.33
2021.EA.GS.UFRB	1.83	3.37	3.75	-3.90	4.68	2.14	1.48	3.85	1.55	0.47	0.21	0.85	0.68	0.46	1.45	0.38
2021.EA.GS.RA1	1.22	-3.83	2.55	-2.34	0.13	2.40	0.86	1.53	0.19	1.45	-0.27	0.79	0.85	0.76	1.13	-0.12
2021.EP.WX.UFRB	-0.92	1.18	0.48	-0.32	2.86	1.37	-2.72	3.98	-0.07	-0.42	-0.02	0.50	0.45	0.58	0.23	-1.55
2021.EP.WX.RA1	-0.01	-0.49	2.53	-3.56	-1.58	1.83	3.95	4.85	0.59	0.49	-0.20	0.52	1.03	1.40	1.63	0.19
2021.ERU.UFRB	1.82	1.85	2.20	-4.07	1.57	1.43	0.84	2.32	1.38	0.44	0.65	0.82	1.39	0.91	1.25	-0.51
2021.ERU.RA1	2.81	0.80	4.55	-2.46	1.02	1.52	-0.26	5.33	0.84	0.29	-0.02	1.37	0.56	0.65	0.62	-0.21
2021.ERU.NH1	-	-	-	-	3.28	1.51	2.26	2.93	-	-	-	-	0.52	0.77	1.00	-1.12
2021.ERU.NH2	-	-	-	-	-0.16	2.24	-0.81	6.32	-	-	-	-	0.86	0.48	0.62	-0.18
2021.ERU.NH3	1.76	-0.30	-4.30	1.08	-	-	-	-	0.35	-0.20	0.59	-0.61	0.56	0.15	0.92	-0.42
2021.ERU.NH4	5.02	4.50	7.44	0.12	2.88	4.45	-0.62	2.58	0.93	-1.00	-1.56	0.86	0.94	0.68	1.11	-0.25
2021.ERU.AL	6.26	0.83	-0.95	-3.59	3.68	-0.64	3.48	-2.01	0.48	0.49	0.10	1.45	0.92	1.14	2.49	-0.43
2021.ERU.RIOS	1.37	1.20	2.87	-2.82	5.95	-1.04	2.68	2.00	0.88	0.13	0.40	1.14	0.80	0.79	0.97	-0.21
2021.ERU.ALC	1.32	5.28	1.22	1.90	4.99	4.11	3.06	2.61	0.23	-2.08	0.15	0.50	1.11	0.95	0.28	0.38
2021.ERU.ITAM	1.26	-0.45	-0.12	-8.98	3.00	-0.59	7.09	3.41	1.99	1.79	1.35	0.78	0.56	1.19	0.89	-0.90
2021.ERU.UFGD	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	0.18	0.57	0.07	0.38
2021.EC.GS.UFRB	-1.74	-1.43	1.10	-5.81	-0.54	1.50	7.59	-0.14	1.25	0.86	0.43	-0.22	-	-	-	-

Estimativas dos componentes de variação

Os parâmetros genéticos estimados nos ensaios conjuntos demonstraram que a maioria das características apresentou alto coeficiente de variância residual (CV_r), quando comparado ao CV_g , indicando que o componente ambiental exerce forte influência na expressão das características de rendimento, com exceção do DMC onde variações de menores magnitudes foram encontradas, com razão CV_g/CV_r de 1.33 (Tabela suplementar S2).

Os valores do coeficiente de variação residual variaram de 23.84% para a produtividade de parte aérea a 3.14% para o teor de matéria seca, enquanto o coeficiente de variância genotípico (CV_g) variou de 19.14% para a produtividade de raízes a 4.20% para o teor de matéria seca. A herdabilidade no sentido amplo variou de h^2 0.15 para PPA a 0.31 para DMC, indicando alto efeito ambiental para as características produtivas e de qualidade de raízes analisadas.

De forma exploratória verificou-se que a variação da característica PTR foi de 11.71 t ha⁻¹ (2016.ERU.SA) a 38.78 t ha⁻¹ (2020.ERU.UFV) com média de 24.14 t ha⁻¹, tendo o genótipo BR11-34-69 a maior média geral para essa característica (33.65 t ha⁻¹) que está bem acima da média nacional (15.0 t ha⁻¹ - CONAB, 2020). Para PPA, a variação foi de 10.39 t ha⁻¹ (2016.ERU.SA) a 45.53 t ha⁻¹ (2021.ERU.ITAM) com média de 21,40 t ha⁻¹, tendo o genótipo BRS Poti Branca com a maior média geral (22.86 t ha⁻¹), enquanto que para PRS a variação foi de 3.50 t ha⁻¹ (2016.ERU.SA) a 12.56 t ha⁻¹ (2021.ERU.NH4) com média de 7.61 t ha⁻¹ e a BR11-34-41 com a maior média geral (9.36 t ha⁻¹). A característica DMC apresentou a menor variação, de 30,79% (2021.ERU.AL) a 38.26% (2019.ERU.NR) com média de 35.63% entre os ensaios, com destaque para a BRS Novo Horizonte com média geral de 38.0% (Figura suplementar S2).

Correlações entre os ensaios agronômicos

Para melhor compreensão da interação G×E, as correlações foram avaliadas por meio da estrutura de fator analítico FA_k , com base na matriz VCOV genética entre os pares de ambientes. As correlações apresentaram elevada variação em termos de magnitude e sentido das associações para todas as características (Figuras 1 a 4). Também se observou alta relação entre os ensaios, mesmo nas avaliações em diferentes anos agrícolas (2013 a 2021),

destacando a importância da escolha do modelo FA para este tipo de conjunto de dados.

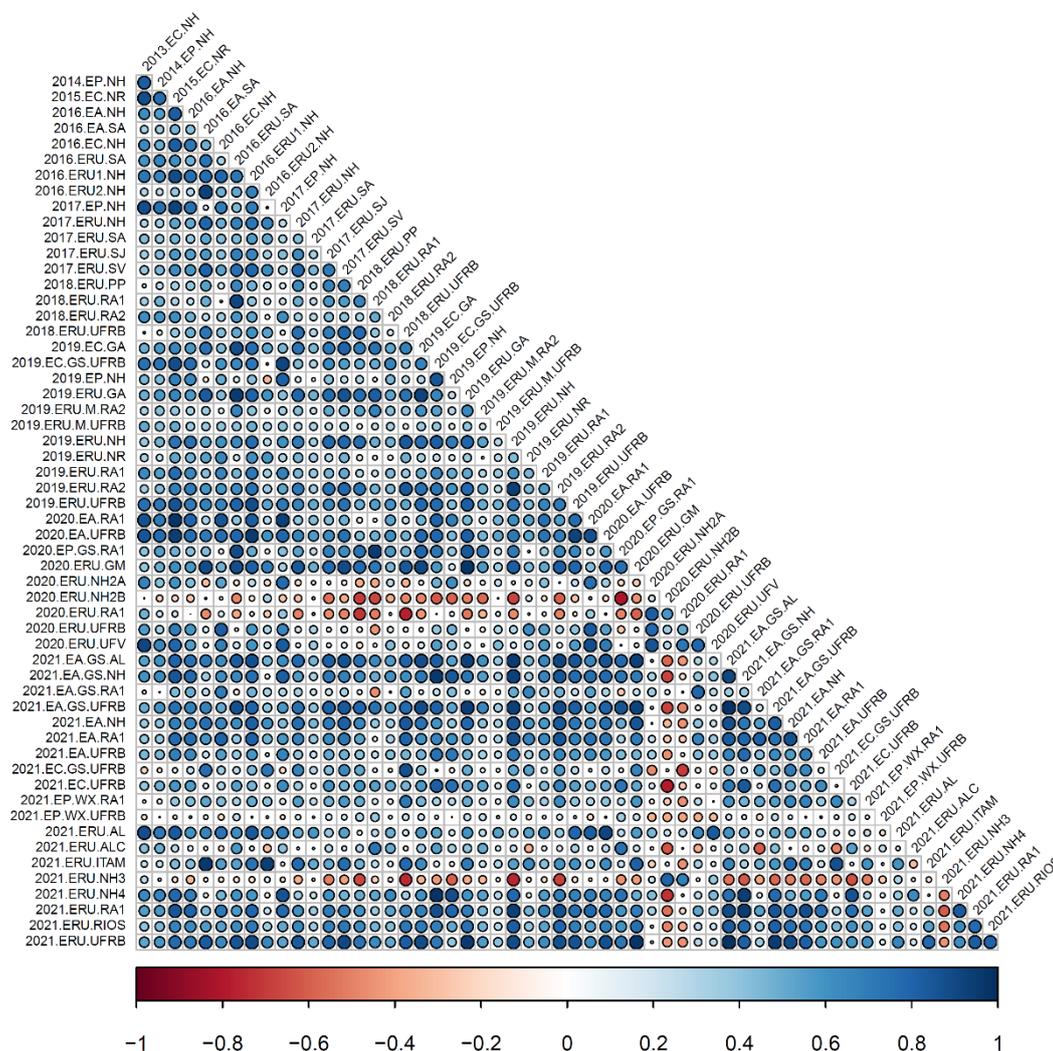


Figura 1. Correlações genéticas entre os pares de ambientes para produtividade total de raízes de mandioca (PTR t ha^{-1}) em 57 ambientes. Os círculos correspondem a magnitude (tamanho) e a direção (cor) das correlações genéticas entre os ambientes, respectivamente.

Na maioria dos casos (69.87%) as correlações para PTR foram positivas e significativas (r variando de 0.25^* a 0.99^{***}), enquanto apenas 11.02% dessas correlações foram negativas e significativas (r variando de -0.26^* a -0.82^{***}). Geralmente, as correlações genéticas acima de $r \geq 0,60$ tendem a manter a classificação dos genótipos entre os ambientes, demonstrando maior estabilidade, com interação $G \times E$ praticamente nula (como demonstrado em 34.96% dos ambientes avaliados), a exemplo de 2021.EA.GS.UFRB e 2021.EA.GS.AL com correlação positiva de $r = 0.99$. Por outro lado, correlações de menor magnitude ($r \leq 0.30$) são indicativas de maior interação $G \times E$, ou seja, a classificação dos

genótipos tende a mudar ao longo dos ambientes, conforme observado em 30.32% das correlações ambientais para PTR, a exemplo de 2020.ERU.NH2B e 2020.EP.GS.RA1 com correlação negativa de $r = -0.82$.

Para PPA houve menor número de pares de ambientes com correlações genéticas negativas em comparação com PTR, e uma alta concentração de correlações genéticas médias, a exemplo de 2020.ERU.GM x 2013.EC.NH com $r = -0.50$. Por outro lado, o número de combinações de ensaios que apresentaram correlação positiva e significativa ($r \geq 0,60$) foi elevado (42.40%).

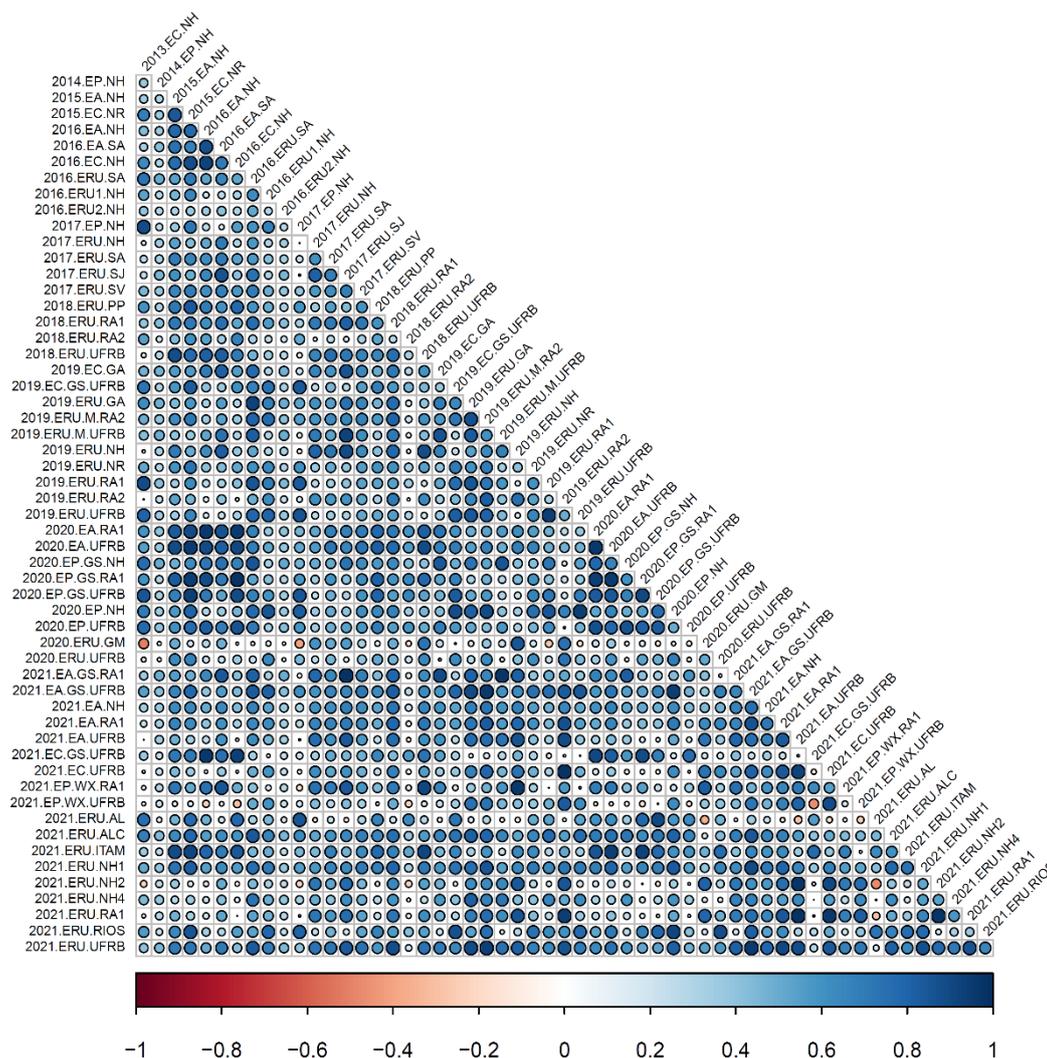


Figura 2. Correlações genéticas entre os pares de ambientes **para produtividade da parte aérea** de mandioca ($PPA \text{ t ha}^{-1}$) em 56 ambientes. Os círculos correspondem a magnitude (tamanho) e a direção (cor) das correlações genéticas entre os ambientes, respectivamente.

Para PRS as correlações ambientais negativas variaram de $r = -0.01$ (2021.ERU.ALC x 2021.ERU.AL) a -0.76 (2021.ERU.NH4 x 2020.ERU.NH2B), sendo significativas em 4.78% das correlações genéticas entre os ambientes,

houve ainda, correlação perfeita entre (2020.EA.RA1 × 2015.EC.NR), assim como $r = 0.0$ para (2020.EP.GS.RA1 × 2018.ERU.RA1) e significativas em 71.22% das correlações (Figura 3). Os pares de ensaios com alta correlação genética foram 36.93%, enquanto que 27.86% apresentaram correlações negativas e significativas com potencial interação $G \times E$ significativa entre os pares de ambientes.

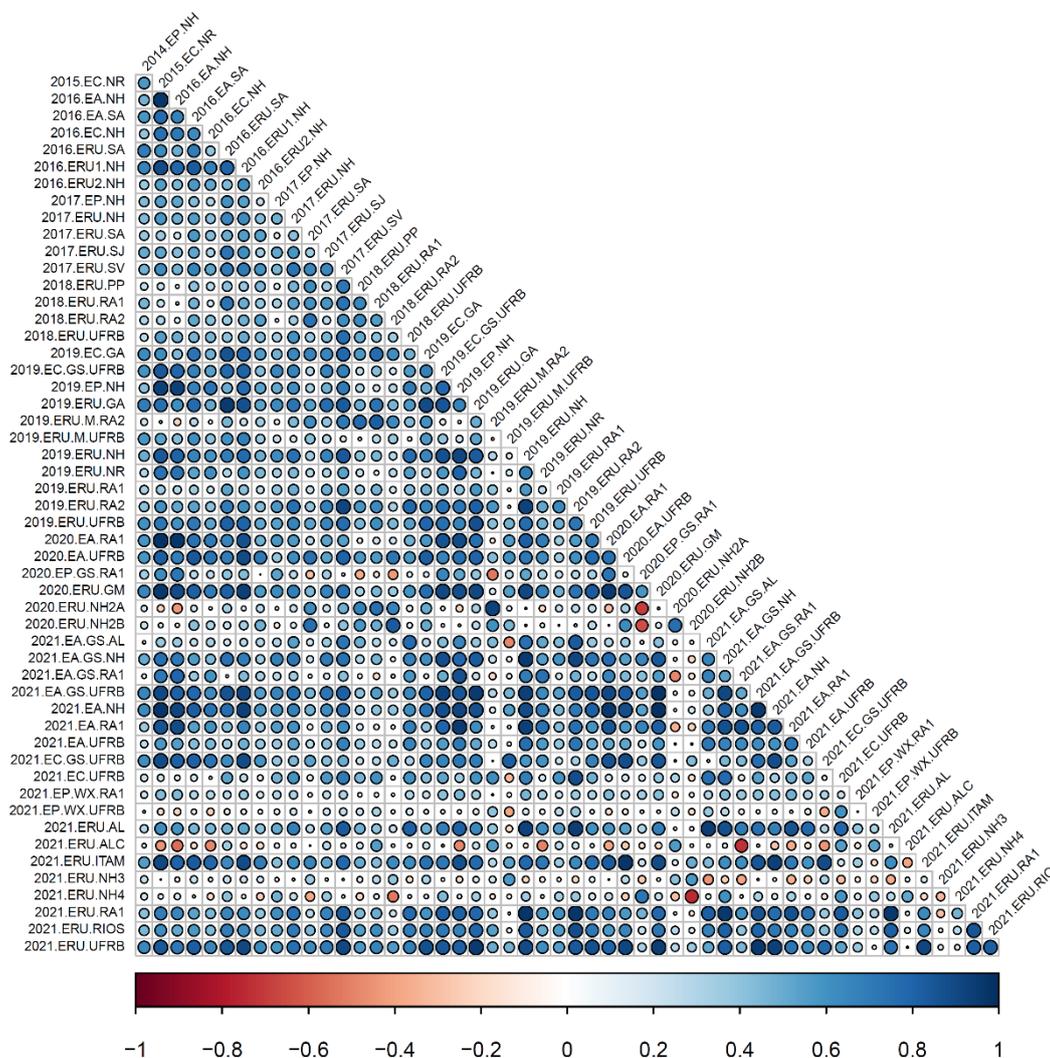


Figura 3. Correlações genéticas entre os pares de ambientes para **produtividade de raízes secas** de mandioca ($PRS \text{ t ha}^{-1}$) em 53 ambientes. Os círculos correspondem a magnitude (tamanho) e a direção (cor) das correlações genéticas entre os ambientes, respectivamente.

Dentre as demais características a DMC apresentou o maior concentração de correlações genéticas positivas e significativas entre os pares de ensaio (73.29% das correlações), um acréscimo significativo de correlações altas. Enquanto, apenas 13.73% apresentaram correlações menores que 0.30 (Figura 4). As correlações ambientais negativas variaram de $r = -0.01$ entre

(2020.ERU.NH2B × 2018.ERU.PP) a -0.95 (2021.ERU.AL × 2020.EP.GS.RA1), sendo que apenas 2.92% foram significativas entre os pares de ambientes. As correlações positivas tiveram variação de $r = 0.0$ (2020.ERU.NH2A × 2014.EP.NH) a 1.0 (2020.EA.RA1 × 2015.EC.NR), sendo que 85.35% delas foram significativas.

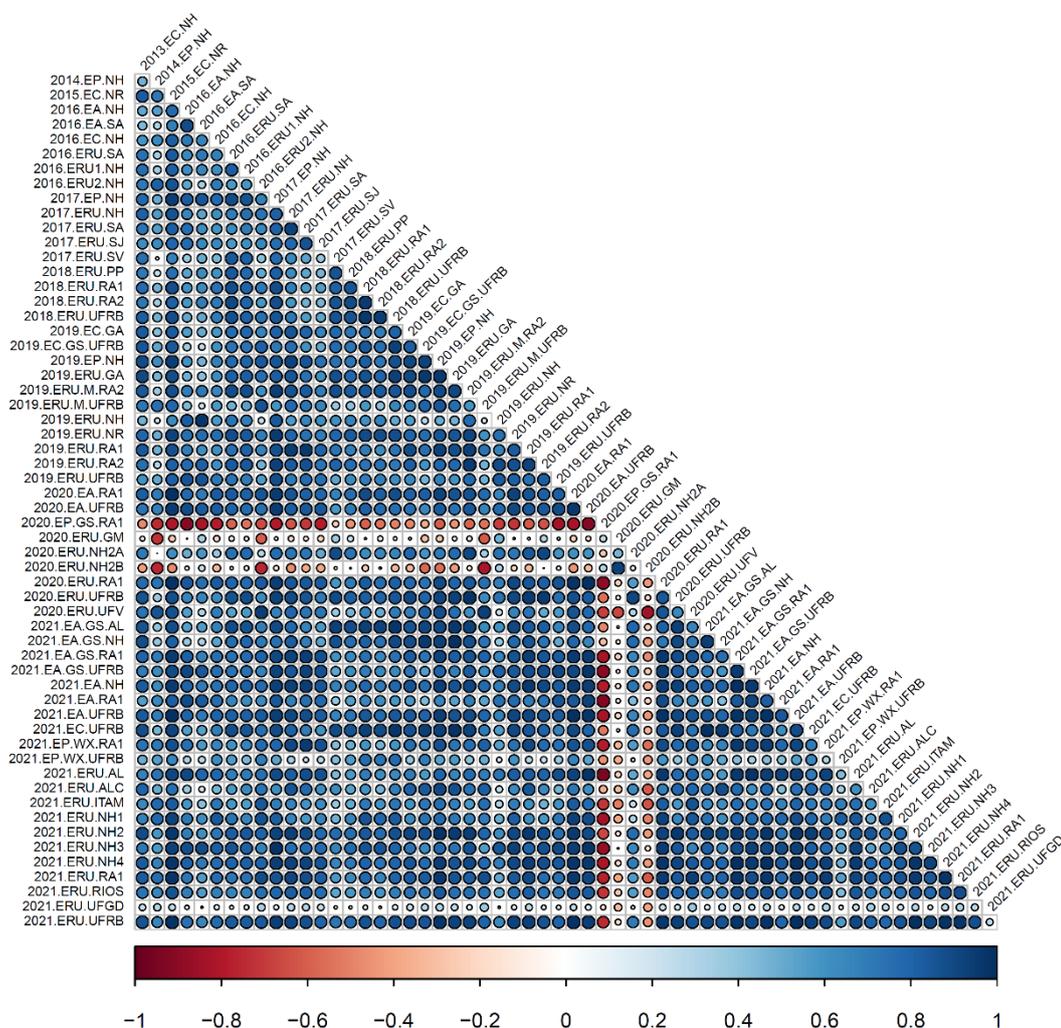


Figura 4. Correlações genéticas entre os pares de ambientes para **teor de matéria seca nas raízes** de mandioca (DMC %) em 59 ambientes, os círculos correspondem a magnitude (tamanho) e a direção (cor) das correlações genéticas entre os ambientes, respectivamente.

Estabilidade dos genótipos de mandioca para produtividade de raízes frescas

Gráficos de regressão latente foram construídos com base nos valores genéticos preditos (coordenada Y) regredidos das cargas ambientais (coordenada X) obtidos pelo modelo FA_4 , para identificar a magnitude da G×E (ou estabilidade), dos oito genótipos, avaliados em pelo menos 50% dos ambientes

(círculos sólidos e vazios são os valores genéticos previstos de cada genótipo em ambientes avaliados e não avaliados respectivamente) e com maiores médias preditas da performance agrônômica e importância para o programa de melhoramento genético de mandioca (BR11-34-41, BR11-34-45, BR11-34-64, BR11-34-69), bem como testemunhas (BRS Novo Horizonte e BRS Poti Branca) e variedades locais (Cigana Preta e Corrente) para quatro características agrônômicas (PTR, PPA, PRS e DMC). Os fatores do modelo FA_4 explicaram conjuntamente entre 87.31% para PRS a 95.52% para DMC da proporção da variância genética aditiva da $G \times E$ observada.

A inclinação da linha de regressão (β_1) é um indicativo do valor do genótipo para o fator correspondente; portanto, inclinação alta e positiva indica que o genótipo é mais responsivo à melhoria ambiental (maiores valores preditos, obtidos para ambientes com maiores cargas fatoriais) e assim tendem a serem mais adaptados a estes ambientes (com coeficiente angular mais elevado) (Tabela suplementar S3). Uma vez que todas as cargas ambientais estimadas para o primeiro fator são positivas (exceto para cinco ambientes), inclinações positivas para este fator são desejáveis.

Para PTR os genótipos BR11-34-69 e BRS Poti Branca foram os mais responsivos à melhoria de ambientes que constam no primeiro e segundo FA, com $\beta_1 = 1.49$ e 1.52 , respectivamente (Figura 5). Estes genótipos podem ser recomendados para o conjunto de ambientes com as maiores cargas fatoriais (onde os genótipos apresentaram valores genéticos preditos mais elevados), entre 5.02 (2020.EA.RA1) a 16.53 (2020.ERU.UFV) para o fator 1, e dois ambientes com 5.28 (2021.ERU.ALC e 2018.ERU.RA1) para o fator 2. A média de PTR nestes ambientes foi de 23.0 t ha^{-1} (Figura suplementar S2). Por outro lado, inclinação da linha de regressão (β_1) próximas de zero é indicativo de genótipos mais estáveis, mesmo diante de melhorias no ambiente. Para o conjunto de ambientes do primeiro fator, os genótipos BR11-34-45 e BR11-34-64, além da BRS Novo Horizonte, e para o segundo fator os genótipos BR11-34-69, BRS Novo Horizonte e Corrente foram os mais estáveis para PTR com $\beta_1 < 1$ (com cargas positivas).

Os genótipos BR11-34-69 e Corrente foram mais responsivos para os ambientes do terceiro fator e BR11-34-41 ao quarto fator (embora em sentido inverso). Por outro lado, para o conjunto de ambientes do fator 3, os genótipos

mais estáveis foram a BR11-34-41 e a Cigana Preta com β_1 de 0.35 e -0.37, enquanto a BRS Poti Branca $\beta_1 = 0.09$ foi a mais estável para os ambientes do quarto fator. Estes genótipos podem ser indicados para seis ambientes com cargas entre 6.26 (2021.EA.RA1) a 9.71 (2019.EP.NH) que se destacaram no terceiro fator com média de 27.76 t ha⁻¹ e sete ambientes no quarto fator com valores entre -5.07 (2016.EA.SA) e -8.9 (2021.ERU.ITAM), todos com cargas negativa demonstrando mudança de performance dos genótipos entre os ambientes, com média de 25.31 t ha⁻¹.

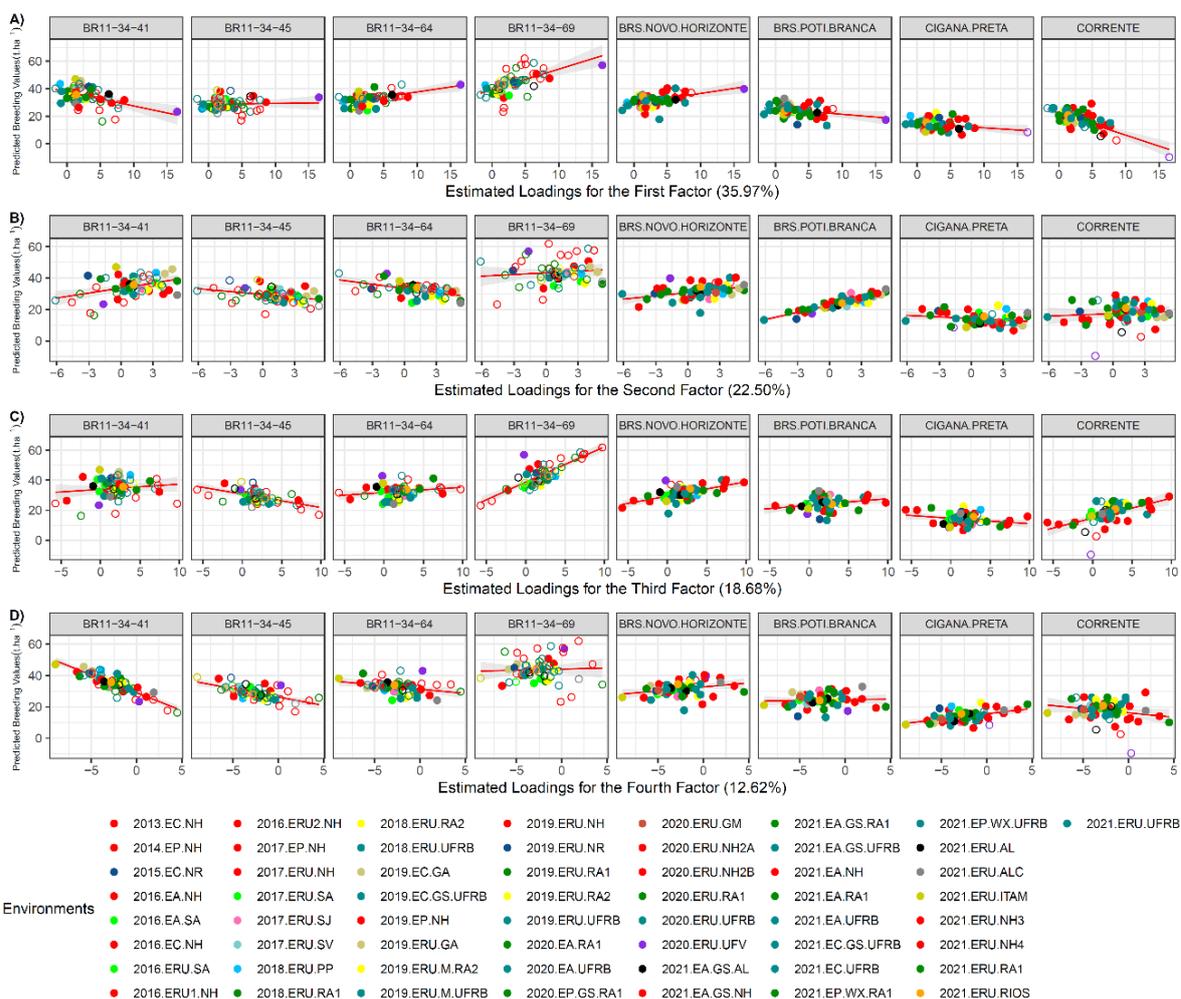


Figura 5. Gráficos de regressão latente para **produtividade total de raízes (PTR t ha⁻¹)** para: A) primeiro fator; B) segundo fator; C) terceiro fator e D) quarto fator. Os círculos sólidos e vazios correspondem aos valores genéticos preditos dos genótipos em locais testados e não testados, respectivamente. A linha vermelha sólida e o tom de cinza correspondem à linha de regressão latente ao intervalo de confiança de 95%, respectivamente. Entre parênteses à proporção da variância genética explicada para cada fator.

A mudança da inclinação da linha de regressão (slope) e dispersão dos ambientes na linha de regressão para os clones avaliados indica resposta (positiva ou negativa) dos genótipos nos diferentes ambientes para PTR (Figura 5). Por exemplo, o clone BR11-34-69 apresentou uma inclinação positiva e de alta magnitude, o que sugere uma correlação positiva entre PTR com os FA1 e FA3, para os ambientes do primeiro, e terceiro fatores respectivamente, sendo coerente com o maior desempenho deste genótipo. Entretanto, para o conjunto de ambientes do FA4 não haverá mudança de classificação do BR11-34-69, por sua alta estabilidade. Por outro lado, houve menor responsividade do clone BR11-34-41, em função da inclinação negativa para as cargas dos ambientes dos fatores 1 e 4, bem como maior dispersão na linha (inclinação) para o FA3. Adicionalmente, houve inclinação positiva e de baixa magnitude para os ambientes do segundo e terceiro fator (responsivo e estável respectivamente), indicando uma resposta positiva, e sugerindo uma performance estável do BR11-34-41.

Estabilidade dos genótipos de mandioca para produtividade da parte aérea

Para a característica PPA, o primeiro fator (38.05% da variância genética) indicou dois novos genótipos BR11-34-41 e BR11-34-69 como os mais responsivos à melhoria ambiental (β_1 de 1.48 e 2.05, respectivamente). No caso do segundo fator (25.29% da variância genética), além da BR11-34-41 e BR11-34-69 a BRS Poti Branca também foi bastante responsiva à melhoria ambiental (β_1 de 2.55). No geral os genótipos BR11-34-41, BR11-34-64, BR11-34-69 e Cigana Preta foram os mais responsivos e adaptados para os ambientes do terceiro fator (17.86%) com β_1 de 1.91 e 1.65, 1.52 e 1.35, respectivamente. Para o quarto fator, a responsividade dos genótipos Corrente (β_1 de 2.15) e BR11-34-69 (β_1 de -2.85) foram os mais importantes, porém em sentidos opostos. Assim, o genótipo BR11-34-69 poderia ser utilizada para caracterizar os ambientes com cargas extremas positivas e negativas para o primeiro e quarto fator para PPA.

Em geral houve uma resposta similar entre os FA para os genótipos BRS Novo Horizonte, BRS Poti Branca e a Cigana Preta ($\beta_1 \cong 0$), embora apenas a BRS Poti Branca tenha apresentado igual comportamento para o fator 1 e 3, ($\beta_1 = 0.23$ e 0.24 respectivamente). Dada sua resposta similar a um grande conjunto de ambientes, a BRS Novo Horizonte também apresentou valores próximos a zero ($\beta_1 = 0.26$), para o quarto fator respectivamente.

dos ambientes do primeiro, segundo e terceiro fator, respectivamente. Enquanto que inclinação negativa foi verificada para Corrente nos ambientes dos três primeiros fatores, com seu melhor resultado para os ambientes do quarto fator. A BRS Novo Horizonte apresentou uma inclinação positiva no primeiro fator com alta estabilidade (baixa magnitude, da linha de regressão) para os ambientes dos quatro fatores (Figura 6).

Estabilidade dos genótipos de mandioca para produtividade de raízes secas

Com base no modelo FA_4 com 38.34% da variância genética explicada pelo primeiro fator, os genótipos BR11-34-69 e BR11-34-41 apresentaram alta responsividade para PRS ($\beta_1 = 1.61$ e 1.30 , respectivamente). Por outro lado, os genótipos Cigana Preta e Corrente, apresentaram baixo desempenho agrônômico em função da melhoria ambiental ($\beta_1 = -1.32$ e -1.92 , respectivamente). Adicionalmente, a BR11-34-45 e a Corrente foram bastante responsivas para o segundo e quarto fator ($\beta_1 = 1.41$ e 2.30 , respectivamente). Além disso, o genótipo BR11-34-41 apresentou $\beta_1 < 1$ (positivos) do segundo ao quarto fator sendo, portanto, bastante estável em pelo menos 37.7% dos ambientes agrupados nestes fatores (com cargas > 1.5) (Tabela 5).

Os genótipos BR11-34-69 e BRS Poti Branca apresentaram alta estabilidade nos fatores 4 e 1 ($\beta_1 = 0.08$ e 0.32 , respectivamente). Por outro lado, a BRS Novo Horizonte apresentou maior estabilidade nos dois primeiros fatores ($\beta_1 = -0.19$ e -0.66), enquanto a BRS Poti Branca no terceiro e quarto fator ($\beta_1 = -0.32$ e -0.55).

As maiores cargas ambientais (> 1.5) foram identificadas em 25 ambientes, sobretudo em 2019.ERU.M.UFRB (2.67) e 2019.EC.GS.UFRB (2.46) com baixa variação para o mesmo ano e local, o que sugere, portanto, condições edafoclimáticas similares e média fenotípica acima de 7.0 t ha^{-1} .

Para PRS, os genótipos de mandioca apresentaram diferentes respostas quanto ao sentido e direção da regressão, por exemplo, quatro novos genótipos BR11-34-41, BR11-34-45, BR11-34-64 e BR11-34-69 foram altamente responsivos com inclinação positiva nos ambientes do primeiro, segundo e quarto fator, enquanto os ambientes do segundo fator apresentaram baixa dispersão da linha de regressão para estes genótipos. Por outro lado, a BRS Poti Branca e Cigana Preta apresentaram inclinação negativa para três dos quatro fatores, enquanto que a BRS Novo Horizonte apresentou alta inclinação aos ambientes do

quarto fator e alta estabilidade para os ambientes do terceiro fator, além da alta dispersão dos ambientes aos três primeiros fatores (Figura 7).

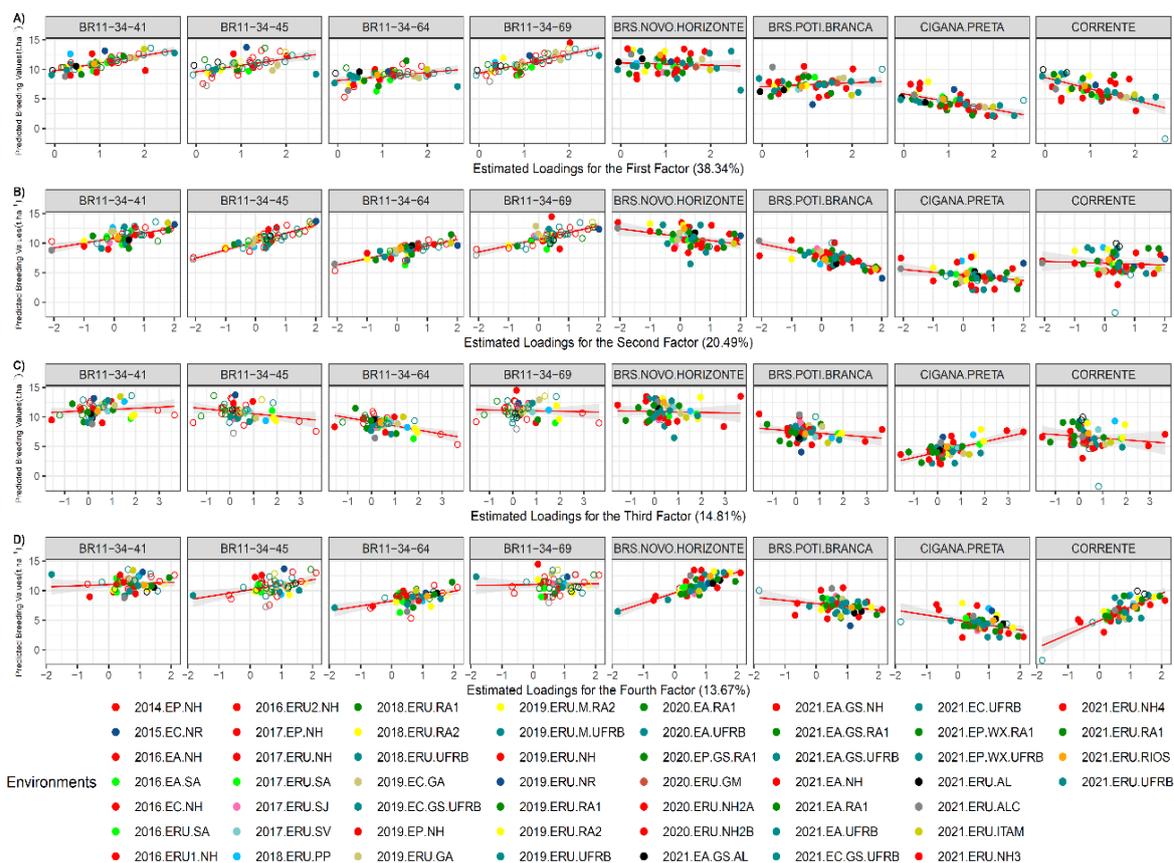


Figura 7. Gráficos de regressão latente para produtividade de raízes secas (PRS t ha⁻¹) para: A) primeiro fator; B) segundo fator; C) terceiro fator e D) quarto fator. Os círculos sólidos e vazios correspondem aos valores genéticos preditos dos genótipos em locais testados e não testados respectivamente. A linha vermelha sólida e o tom de cinza correspondem à linha de regressão latente ao intervalo de confiança de 95%, respectivamente. Entre à parênteses proporção da variância genética explicada para cada fator.

Estabilidade dos genótipos de mandioca para o teor de matéria seca nas raízes

A característica DMC apresentou elevada discrepância na responsividade ao ambiente (β_1 variando entre -2.31 a 0.01), embora a maior parte dos genótipos apresentaram coeficiente angular negativo para os fatores 1 e 2, havendo assim uma redução do DMC nos ambientes com cargas altas e positivas. Por outro lado, a BRS Novo Horizonte foi responsiva à melhoria ambiental nos ambientes dos FA1 e FA3 ($\beta_1 > 1$). A BRS Novo Horizonte manteve o ranqueamento bastante estável em 29 ambientes com cargas positivas entre 1.03 (2021.EP.WX.RA1) a 2.81 (2021.EA.GS.AL). Cargas de menor magnitude, sugerem menor variação

ambiental para DMC, o que de fato pode ser comprovado pela menor heterogeneidade de variância entre os ambientes, de 7.99 (2021.EA.GS.AL) a 0.01 (2020.EP.GS.RA1), com média ambiental fenotípica de 35.54% (Tabela 5). Em contraste a heterogeneidade de variância ambiental para PTR variou de 99.59 (2020.ERU.UFV) a 8.96 (2021.EA.GS.AL).

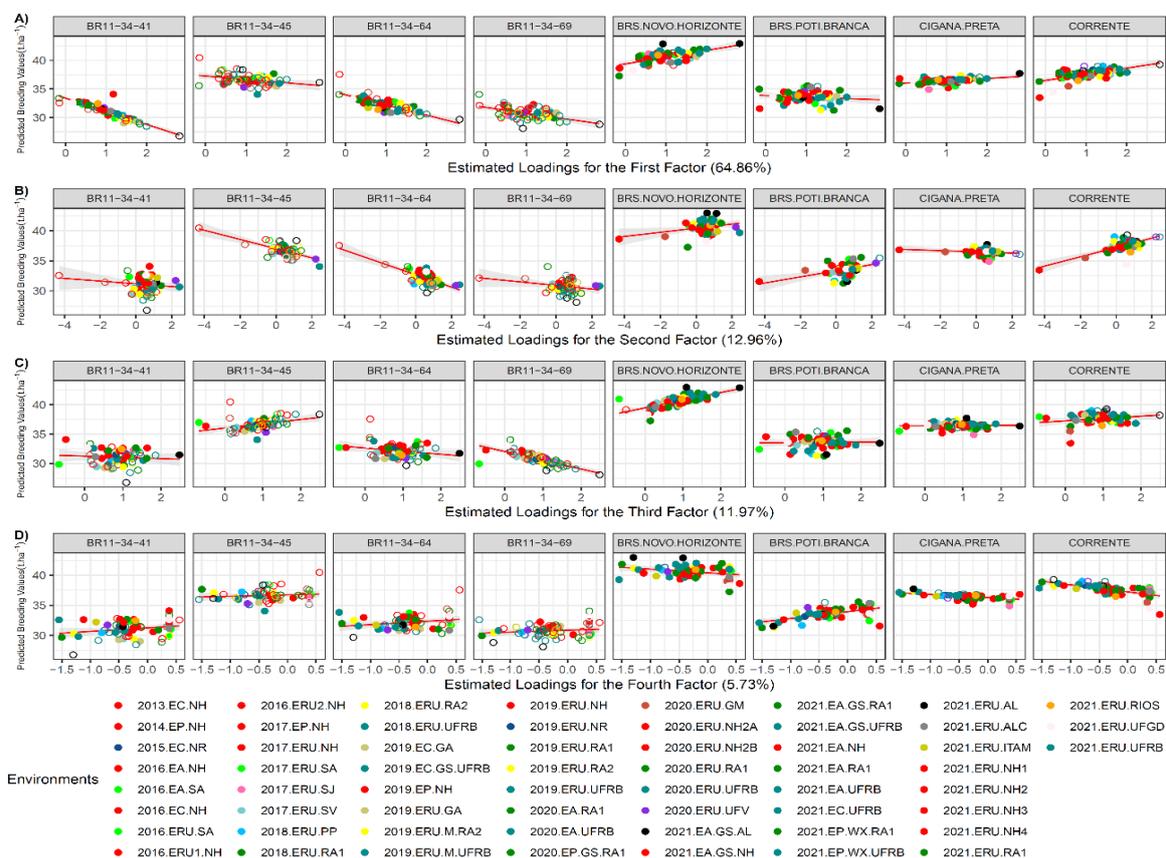


Figura 8. Gráficos de regressão latente, quanto ao teor de matéria seca nas raízes (DMC %). Para o A) primeiro fator; B) segundo fator; C) terceiro fator e D) quarto fator. Os círculos sólidos e vazios correspondem aos valores genéticos preditos dos genótipos em locais testados e não testados respectivamente. A linha vermelha sólida e o tom de cinza correspondem à linha de regressão latente ao intervalo de confiança de 95%, respectivamente. Entre parênteses à proporção da variância genética explicada para cada fator.

Seis dos oito genótipos apresentaram alta estabilidade para DMC em pelo menos três dos quatro FAs, em mais de 50% dos ambientes avaliados, a exemplo, dos genótipos BR11-34-41 e BR11-34-45 e das variedades BRS Poti Branca, Corrente e Cigana Preta ($\beta_1 \sim 0.43$). Em geral, o sentido e a direção da regressão apresentaram alta variação entre os genótipos nos ambientes avaliados. No entanto, os genótipos BRS Novo Horizonte e Corrente foram mais

responsivos aos ambientes do FA1, enquanto os demais apresentaram menor responsividade à melhoria do ambiente na maioria dos FAs (Figura 8).

Quanto às respostas biológicas, podem-se observar diversos ambientes correlacionados no biplot para as quatro características agrônômicas. Por exemplo, para a característica PTR, em geral os ensaios originários dos ambientes NH, UFRB e UFV, demonstraram ser ligeiramente mais produtivos com valores genéticos preditos de maior magnitude e com maior carga ambiental nos FA1 e FA3 (> 50%).

Tanto para PRS, quanto para DMC houve uma maior quantidade de ambientes com concentração de cargas altas e positivas nos FA1 e FA2, sendo os principais NH, ITAM, NR e RA1. Além disso, para DMC, os ambientes AL, NH, UFRB, RA1 apresentaram cargas positivas nos FA1 e FA3.

Quanto à dispersão dos ambientes no gráfico de regressão verificou-se que para PTR os ambientes RA2 e AL apresentaram dispersão de baixa magnitude (estabilidade) na linha de regressão nos quatro fatores, enquanto que para PPA este mesmo comportamento foi observado em outros cinco ambientes (GA, GM, NR, PP, AS). Tanto para PRS, quanto para DMC os ambientes mais estáveis foram RA2, AL, ALC e GM, com distribuição mais uniforme dos valores genéticos preditos na linha de regressão. Estes resultados reforçam a capacidade do modelo analítico fatorial em capturar a heterogeneidade da variância entre os ambientes (SMITH; CULLIS, 2018).

Correlação entre cargas ambientais e variáveis climáticas

A correlação de Pearson entre as variáveis climáticas e as cargas ambientais para o modelo FA_4 foram utilizadas para avaliar a interação GxE e sua consequente influência no desempenho dos genótipos (Tabela 6). De modo geral, houve resposta distinta dos genótipos para cada característica analisada. Por exemplo, as correlações entre as covariáveis ambientais e as cargas ambientais mais importantes para explicar o efeito da GxE e a tendência na variação da PTR foram PREC (mm dia^{-1}), ALT (m) e RAD/SOLAR ($\text{MJ/m}^{-2} \text{dia}^{-1}$), tendo correlação positiva para os ambientes agrupados no primeiro fator (0.58, 0.55 e 0.32, respectivamente) e negativa para os ambientes do segundo fator (-0.29 para PREC).

Tabela 6 Coeficiente de correlação de Pearson entre as covariáveis ambientais e as cargas ambientais do modelo FA_4 , em 22 genótipos de mandioca em $\cong 55$ ambientes

Produtividade de raízes frescas (PTR t ha ⁻¹)					Produtividade da parte aérea (PPA t ha ⁻¹)				
VARIÁVEIS	FA1	FA2	FA3	FA4	VARIÁVEIS	FA1	FA2	FA3	FA4
TMÁX	-0.09	-0.05	0.09	-0.10	TMÁX	0.17	0.05	0.08	-0.05
TMIN	-0.24	0.16	0.12	0.12	TMIN	-0.18	0.20	-0.14	0.05
TMÉD	-0.23	0.12	0.19	0.08	TMÉD	-0.07	0.28*	-0.10	0.02
PREC	0.58***	-0.29*	-0.20	0.15	PREC	0.23	0.00	0.18	-0.25
UR%	0.01	-0.12	-0.15	0.18	UR%	-0.05	-0.10	0.01	0.04
V/VENTO	0.03	0.19	-0.01	0.22	V/VENTO	0.06	0.21	-0.06	0.09
RAD/SOLAR	0.32*	0.07	0.01	-0.14	RAD/SOLAR	-0.01	0.08	0.02	-0.10
ALTITUDE	0.55***	-0.14	-0.01	0.15	ALTITUDE	0.01	0.05	-0.03	0.00
Produtividade de raízes secas (PRS t ha ⁻¹)					Teor de matéria seca nas raízes (DMC %)				
VARIÁVEIS	FA1	FA2	FA3	FA4	VARIÁVEIS	FA1	FA2	FA3	FA4
TMÁX	0.12	0.11	0.12	0.04	TMÁX	0.23	0.17	0.26*	-0.32*
TMIN	-0.14	-0.26	-0.06	0.00	TMIN	-0.10	-0.18	-0.14	0.30*
TMÉD	-0.04	-0.19	0.02	0.03	TMÉD	0.05	-0.06	-0.03	0.10
PREC	0.07	0.28*	0.04	-0.01	PREC	-0.11	0.07	-0.01	0.01
UR%	-0.31*	-0.12	-0.13	0.01	UR%	-0.16	-0.02	-0.01	0.13
V/VENTO	-0.03	-0.32*	-0.15	-0.13	V/VENTO	0.19	0.10	0.01	0.03
RAD/SOLAR	0.26	0.12	0.15	0.09	RAD/SOLAR	0.19	0.12	0.06	0.06
ALTITUDE	0.03	0.03	-0.07	-0.23	ALTITUDE	-0.01	0.21	0.06	-0.13

*, **, *** significativo a $p < 0.05$, 0.01 e $0,001\%$ respectivamente.

Para a característica PPA a única correlação significativa foi observada para os ambientes do segundo fator \times TMÉD (0.28). Por outro lado, para a característica PRS as variáveis climáticas, UR (%) com correlação negativa (-0.31) e V/VENTO (-0.32) foram significativas para os ambientes do primeiro e segundo fator, respectivamente. Por outro lado, para os ambientes do segundo fator, houve correlação positiva e significativa com a variável PREC (0.28).

Os ambientes agrupados no primeiro e segundo fator analítico não apresentaram nenhuma correlação significativa com as variáveis climáticas para DMC. Entretanto, houve correlação positiva do terceiro fator com TMÁX (0.26) e negativa com o quarto fator (-0.32) com essa mesma variável ambiental (Tabela 6). Adicionalmente a variável ambiental TMIN teve correlação positiva com os ambientes do quarto fator analítico (0.30). Portanto, de modo geral, às covariáveis

temperatura e precipitação tiveram maior efeito para a G×E do conjunto de ambientes do primeiro e segundo fator, e para os ambientes do terceiro e quarto fator apenas a temperatura, contribuindo para explicar as diferenças na performance dos clones nos diferentes ambientes para as quatro características produtivas analisadas.

DISCUSSÃO

Parâmetros e ganho genético na seleção dos melhores genótipos de mandioca

A heterogeneidade de variância e covariância genética pode influenciar no processo de seleção, sendo em muitos casos a chave para compreender a natureza da interação G×E (CULLIS et al., 2010, 2014). Em razão disso, anualmente ensaios multi-ambientes (METs), são instalados em regiões geográficas distintas de interesse agrônomo, visando variedades que combinam alta produtividade, adaptabilidade e estabilidade de rendimento. Entretanto, antes da análise do conjunto dos ensaios é necessário avaliar o grau de precisão e correlação entre os ensaios, dado o desequilíbrio inerente dos ensaios METs, a fim de evitar estimativas viesadas dos parâmetros genéticos (DUTKOWSKI et al., 2016). Além disso, por razões biológicas e práticas durante o processo de desenvolvimento de novas cultivares deve-se explorar os parâmetros genéticos e a interação G×E dos ensaios METs dos principais atributos produtivos, de forma a obter maior confiabilidade na recomendação das novas cultivares de mandioca.

As características PTR, PPA, PRS e DMC têm sido apontadas como as de maior importância no desenvolvimento de novas cultivares de mandioca para a indústria, embora tenham forte influência ambiental, o que pode reduzir a confiabilidade na obtenção das mais variadas estimativas genéticas (OLIVEIRA et al., 2014). Em geral, os parâmetros genéticos, diferiram significativamente nos diferentes ensaios METs para todas as características. Por exemplo, a maior amplitude na h^2 foi observado para DMC que variou de 0.01 no ambiente 2020.EP.GS.RA1 a 0.96 no 2019.ERU.M.UFRB, porém com média de 0.66 em mais de 70% dos ensaios, para as quatro características.

A h^2 da análise conjunta dos diferentes ambientes foi bastante afetada pelo alto efeito da interação G×E, e nesse caso a h^2 variou de 0.15 para PPA a 0.31 para DMC, indicando um elevado efeito ambiental na expressão das

características agronômicas em mandioca. Isso pode ter ocorrido devido à análise de genótipos em diferentes etapas do programa de melhoramento genético, e consequente uso de dados provenientes de tamanhos variados de parcelas experimentais, número de repetições e locais de avaliação distintos. Adicionalmente, o CVg foi inferior ao CVr (<1.0), variando entre 0.76 para PPA a 0.90 para PTR sendo, portanto, desfavorável para uma seleção confiável dos clones com menor número de ambientes. Apenas DMC apresentou relação $CVg/ CVr >1.0$, favorecendo a seleção e o ganho genético.

Em geral, as estimativas de herdabilidade dos ensaios avançados e ensaios uniformes (EA e ERU, respectivamente) de produção foram de maior magnitude em comparação com os ensaios em fases iniciais EC e EP (ensaio clonal e ensaio preliminar respectivamente) Tabela 3. Por exemplo, a h^2 média dos ensaios avançados foi de 0.70 enquanto que para os ensaios preliminares de produção foi de 0.55 para PTR. Mesma tendência observada para as demais características na análise dos ensaios individuais. Algumas hipóteses podem explicar esses resultados a exemplo da heterogeneidade dos ensaios iniciais do programa de melhoramento de mandioca, que geralmente tem menor número de plantas (OLIVEIRA et al., 2012) Portanto, o avanço dos clones para ensaios com maior número de plantas nas parcelas experimentais e maior número de ambientes é necessário para minimizar os efeitos da interação $G \times E$.

Freitas et al. (2018) reportaram resultados semelhantes ao compararem os parâmetros genéticos obtidos nos ensaios de avaliação clonal (CET) e ensaios preliminar (PYT) de produção em mandioca em 23 famílias de irmãos completos (F_1) e seis famílias autopolinizadas (S_1). De acordo com esses últimos autores, os maiores ganhos genéticos foram identificados nos ensaios PYT em comparação com o CET, a exemplo da h^2 que aumentou de 0.30 para 0.88 e de 0.23 para 0.88 para PTR e PRS, respectivamente na F_1 e S_1 , além do coeficiente de variação residual (CVe), demonstrou-se ser mais elevado nos ensaios CET em relação ao PYT (o dobro), tanto para PTR, quanto para PRS para as famílias F_1 e S_1 , demonstrando a alta influência ambiental nos ensaios iniciais.

Para características quantitativas h^2 acima de 0.40 pode ser considerada de média a alta magnitude, e com isso possibilita maior facilidade em transferir características de herança quantitativa para as progênies. Em comparação com

relatos prévios da literatura, h^2 entre 0.45 a 0.56, tem sido relatada para DMC em mandioca em ensaios multiambientais (PARKES et al., 2020; OLIVEIRA et al., 2014), enquanto para PTR e PRS existem relatos de h^2 variando de 0.21 e 0.15 (EWA et al., 2017; CARVALHO et al., 2021), que é bastante semelhante à h^2 do presente estudo (0.20 e 0.18 para PTR e PRS, respectivamente).

De modo geral, a maioria das características avaliadas apresentaram alta magnitude nas mensurações, a exemplo da PTR com variação de 11.71 a 38.78 t ha⁻¹, e média geral de 24.14 t ha⁻¹, que está acima dos valores relatados por Carvalho et al. (2021) - 16.49 t ha⁻¹ e Parkes et al. (2020) - 16.32 t ha⁻¹. De certa forma isso é esperado para características com alta σ_g^2 (8.96 a 99.59), e que também sofrem influência de efeitos genéticos não aditivos. Esses achados evidenciam a existência de variância genética passível de seleção, mas ao mesmo tempo em que a forte interação G×E deve ser levada em consideração no momento da escolha dos genótipos a serem recomendados como cultivares (CEBALLOS et al., 2004).

Dentre as características avaliadas, somente DMC apresentou σ_g^2 de moderada magnitude (variação de 0.01 a 7.98 e média de 3.06, para os ensaios individuais, quanto para os ensaios conjuntos 4.20). Portanto, possivelmente DMC tem predominância de efeitos genéticos em detrimento dos ambientais. De fato, alguns autores têm demonstrado a predominância de efeitos genéticos aditivos na expressão do DMC em mandioca (KULEMBEKA et al., 2012; WOLFE et al., 2016). Outros autores reportaram valores semelhantes de σ_g^2 5.26 e abaixo σ_g^2 2.63 para ensaios conjunto em mandioca, com média de rendimento de 34.22% a 24.12%, abaixo da média do nosso estudo 35.63% (SILVA et al., 2016; CARVALHO et al., 2021; PARKES et al., 2020). Portanto, esses resultados sugerem que a menor interação G×E para DMC permite a seleção de clones mais estáveis para essa característica ao longo dos diferentes anos e locais de cultivo.

Uso do modelo FA para explorar a interação G×E em mandioca

A estrutura de fator analítico (FA_k) permite lidar com dados desbalanceados, que resulta em relativa baixa conectividade entre ensaios (SMITH et al.; 2015; CHEN et al., 2017). No presente estudo, os genótipos foram avaliados em pelo menos 50% dos ambientes, embora a variância genética explicada pelo modelo

FA_4 foi de mais de >85% da variação fenotípica para as quatro características, indicando que a estrutura da interação G×E foi bem explorada pelo modelo FA.

Os ensaios METs utilizados para avaliação da interação G×E são de alto custo, pois a necessidade de observar os efeitos das condições edafoclimáticas na expressão fenotípica do material vegetal demanda a montagem de ensaios em diferentes locais/regiões distintas, a fim de explorar as correlações genéticas entre os pares de ambientes e assim minimizar os efeitos da interação G×E. Mesmo em alguns casos em que os genótipos de mandioca estavam presentes em pouco mais de 50% dos ensaios, houve alta correlação entre as médias observadas e previstas em ambientes não avaliados com base no modelo FA (baixa dispersão no biplot). Nuvunga et al. (2015), reportaram 85% de variância genética explicada no FA2 ao avaliarem diferentes níveis de desbalanceamento (10, 30 e 50%) em ensaios de melhoramento de milho.

Estes resultados podem ser explicados pela capacidade preditiva do modelo FA em modelar a matriz de variância e pares de covariância genética (VCOV) dos efeitos genéticos e residuais entre ambientes nos ensaios METs. Considerando as informações de ambientes correlacionados e os efeitos dos genótipos entre os ensaios de forma integrada e parcimoniosa, permite uma variação genética específica para cada ambiente e diferentes covariâncias de pares entre ambientes, para aproximar modelos não estruturados de VCOV e ainda reduzir o número de parâmetros estimados (SMITH et al., 2001a, 2015; MEYER, 2009; CULLIS et al., 2014). O modelo FA ainda estima o valor genético predito para ambientes ausentes, assim como os escores genotípicos e cargas ambientais, maximizando a variância comum entre os fatores correlacionados, por meio da redução de variáveis em poucas variáveis não observadas (fatores latentes) que tem relação com a interação G×E, mesmo com baixa conectividade entre os ensaios (SMITH; CULLIS et al., 2018; RESENDE; THOMPSON 2004).

O uso do modelo FA para explorar a interação G×E utilizando dados históricos de mandioca é pioneiro e possibilita novas abordagens para esse tipo de análise, auxiliando ao melhorista na decisão de recomendação de novos genótipos e condução de experimentos. Modelos FA visando explorar a adaptabilidade e estabilidade de rendimento em genótipos foi utilizada por outros autores em espécies de propagação clonal como eucalipto (HARDNER et al., 2010) e algumas espécies florestais (LI et al., 2017).

Dada à alta complexidade dos ensaios METs, o uso de métodos menos robustos de análise, que depende de homogeneidade de variâncias e ausência de covariância entre ambientes, pode resultar na obtenção de parâmetros genéticos viesados, ajustes instáveis e modelos sem convergência. No presente estudo, o modelo FA_4 com uma porcentagem aceitável de variância foi o mais parcimonioso para as quatro características (AIC entre 2894.0 – PTR a 985.2 – DMC), e número de parâmetros estimados <253.0 com alta acurácia (rFA_{4M}) >90%, com mais de um critério para selecionar o melhor modelo de ajuste e parâmetros de variância de forma confiável. Valores semelhantes quanto à escolha do modelo FA_4 foram relatados em algodão (TOLHURST et al., 2021).

As cargas de um fator ambiental correspondem à proporção da covariância genética entre ambientes explicado pelo respectivo fator (SMITH et al., 2001a, 2015). Assim, é possível otimizar o número de ambientes para os ensaios METs, explorando ambientes com alta representatividade e também mega-ambientes de acordo com as cargas ambientais. A exemplo de DMC, as maiores cargas apresentaram uma amplitude 1.03 (2021.EP.WX.RA1) a 2.81 (2021.EA.GS.AL), sendo 29 ambientes com variância genética acima de 64% (FA1).

Essa mesma tendência foi observada para as demais características, embora com variância $\leq 50\%$ (FA1), o primeiro fator explicou uma grande proporção da variação genética da G×E, indicando que a regressão latente no primeiro fator, teve o maior impacto nos valores genéticos previstos dos genótipos. Por exemplo, para PTR, considerando a média da carga ambiental (2.97), 40% dos ambientes apresentaram cargas positivas acima da média, o que sugere um megaambiente, e assim o agrupamento destes ambientes é recomendado, pois existe menor interação G×E (PTR >24 t ha⁻¹ neste fator). Por outro lado, sentido oposto das cargas ambientais e dos escores genotípicos, demonstra a influência da interação G×E no desempenho dos genótipos e no agrupamento dos ensaios dado os contrastes ambientais (SMITH et al., 2014). Assim, cargas elevadas e positivas correspondem ambientes com alto poder de discriminar e explicar a maior parte da variação genética observada, a exemplo do ambiente 2019.EC.GS.UFRB (7.48) para PPA, enquanto que cargas baixas são indicativos de ambientes que explicam pouco das variâncias genéticas entre ambientes, a exemplo do 2018.ERU.UFRB (0.35) para a característica PRS.

Além disso, carga e escore positivos indicam que a característica está positivamente correlacionada com o fator, embora cargas e escores negativos sugerem sentidos opostos, isto é, correlação negativa entre a variável e o fator. Portanto, a linha de regressão entre dois genótipos hipotéticos não se cruza, em casos de correlações positivas e, portanto, a classificação dos genótipos não muda entre os ambientes daquele fator, o que representa uma interação G×E não cruzada. Por exemplo, o genótipo BR11-34-69 (-2.84) terá uma maior resposta de rendimento de parte aérea no ambiente 2021.EP.WX.RA1 (-1.58), que possui carga alta e de mesmo sentido; portanto, correlacionados.

A presença de cargas negativas sugere ainda heterogeneidade de correlações entre ambientes, isto é, tendência de interação G×E cruzada, uma vez que as respostas ambientais não foram iguais entre os ambientes, demonstrando mudança de classificação, de tal forma que adaptações específicas podem ser exploradas (LI et al., 2017; TOLHURST et al., 2019). Por exemplo, o genótipo BR11-34-41 com $\beta_1 > 1$ pode ser recomendado para cerca de 20 ambientes no conjunto de ambientes do FA1 e FA2 (com carga negativa) para PTR.

Para os ambientes com cargas positivas, os genótipos com escore negativo tendem a ter redução no desempenho produtivo da característica avaliada. Por outro lado, caso os genótipos tenham escore positivo, isto é, o mesmo sentido do ambiente, haverá um desempenho favorável. Por exemplo, para PRS a BR11-34-41 apresentou $\beta_1 = 1.30$ e a maior carga ambiental para o primeiro fator foi do ambiente 2020.ERU.UFV (16.53), portanto ambos positivos, desta forma haverá alta performance agrônômica deste genótipo para este ambiente. No entanto, para Corrente ($\beta_1 = -1.92$), haverá um decréscimo de PRS, dado o escore negativo para este ambiente neste fator específico, enquanto que para o ambiente 2021.EC.GS.UFRB ($\beta_1 = -1.74$) haverá maior PRS. Padrão similar foi verificado para as demais características.

Smith et al. (2015) avaliaram cinco variedades comerciais de trigo, utilizando gráficos de regressão latente com 82% de variância genética explicada pelo modelo FA_5 . O FA_1 apresentou apenas cargas positivas, sugerindo que inclinações positivas (β_1) dos genótipos para este fator são desejáveis, e que valores genéticos preditos tendem a aumentar para o conjunto de ambientes com altas cargas estimadas.

Análise de estabilidade de genótipos de alto rendimento em multi-ambientes por FA

O programa de melhoramento genético de mandioca da Embrapa, visa a obtenção de clones estáveis e de alto rendimento para multi-características. Segundo Smith e Cullis et al. (2018), pode-se identificar os genótipos recomendados para ambientes específicos (adaptados) e/ou que possuam estabilidade de performance de acordo com o fator relacionado, tendo em vista que cada fator sugere um grupo de ambientes no qual o genótipo apresenta alta performance e/ou estabilidade. Desta forma, foram considerados os gráficos de regressão latente da matriz de (VCOV) genética aditiva de oito genótipos, para mostrar as respostas genéticas regredida das cargas ambientais indicando a magnitude da interação G×E, para ambientes testados e não testados, por meio do modelo FA.

O modelo FA_4 capturou grande parte da variação genética para PTR, PPA, PRS e DMC (90.0%, 92.0%, 87.31% e 95.52%, respectivamente), que foi bem maior do que aquela relatada por Cullis et al. (2014) em espécies de *Pinus* (86.0% com o modelo FA3) e Oliveira et al. (2020) em sorgo (79.03% com o modelo FA3), mesmo com uso de dados desbalanceados. Portanto, tendo como base a distribuição dos valores genéticos preditos (que refletem seu desempenho), regredidos das cargas rotacionadas do fator ambiental (FA_4) é possível observar o comportamento dos genótipos entre ambientes.

Inclinação da regressão próxima de zero são indicativos de genótipos estáveis, com pouca ou nenhuma variação nos ambientes e, portanto, com baixa interação G×E (SMITH et al., 2001; TOLHURST et al., 2019). Assim, genótipos com $\beta_1 < 1$ (ou próximo a 1) e alto valor genético, tendem a possuir de forma simultânea alta performance agrônômica e estabilidade, a exemplo da BR11-34-69 e a BR11-34-45 com as melhores médias de PTR e PPA (33.65 e 25.80 t ha⁻¹, respectivamente) com $\beta_1 = 0.35$ e 0.92 para o conjunto de ambientes do FA2. Por outro lado, $\beta_1 > 1$ sugere genótipos mais responsivos ao ambientes, a exemplo de BR11-34-41 e a BRS Novo Horizonte com 9.36 t ha⁻¹ de PRS e 38.04% de DMC, com $\beta_1 = 1.30$ e 1.18, respectivamente, para o conjunto de ambientes do FA1.

De modo geral, observou-se que os gráficos de regressão latente são bastante informativos, os genótipos sugeridos como estáveis, reflete a resposta à

covariável ambiental de todos os ambientes do fator, mesmo os ambientes não testados. Estes genótipos mesmo com uma melhoria do ambiente apresentam estabilidade de rendimento, pois são estáveis no sentido de terem pouca resposta a mudanças nas cargas ambientais, portanto, indicados para ambientes com baixo nível tecnológico. Por outro lado, os adaptados podem ser recomendados para ambientes com alto nível tecnológico, pois respondem a aumento das cargas ambientais, desta forma, o modelo FA possibilitou um ganho na exploração da interação G×E, quanto à performance e estabilidade dos genótipos avaliados.

Correlação e identificação de grupos específicos de ambientes voltados para recomendações regionalizadas

A interação G×E exerce uma alta influência no desempenho dos genótipos, dado às condições edafoclimáticas adversas que atingem os ensaios experimentais. O modelo *FA* permite explorar as correlações genéticas existentes entre os ambientes e incorporar essas informações no modelo. Portanto, por meio da estrutura *FA*, pode-se revelar o efeito e o nível de contribuição de cada ambiente no desempenho dos genótipos e para a G×E, por meio da covariância, resultando em grupos específicos de ambientes com alta conexão.

Ambientes que possuem alta carga ambiental dentro de cada fator, em sua maior parte, exibem altas correlações entre si, ou seja, interação G×E nula, evidenciando a precisão da rotação fatorial do modelo *FA*, em agrupar esses fatores. Além disso, ambientes próximos uns dos outros em um biplot têm respostas biológicas semelhantes entre os genótipos deste setor (PEIXOUTO et al., 2016). De fato, o modelo FA já foi utilizado em milho como forma de obter subgrupos de genótipos/ambientes sem interação G×E, por meio das cargas ambientais e escores genotípicos, ou seja, modelar grupos com a associação entre ambientes (BURGUEÑO et al., 2008).

Correlações altas e positivas podem ser úteis na seleção de novas variedades, pois minimiza a interação G×E e indica a adaptabilidade dos genótipos em grupos de ambientes específicos com resposta biológica semelhante, os chamados mega-ambientes, que apresentam condições ambientais homogêneas e com desempenho semelhante dos genótipos ao longo dos anos (YAN, 2002). Portanto, ambientes que possuam correlações altas e significativas podem ser agrupados ou mesmo descartados, e ainda permite a

inclusão de novos ambientes, para identificar padrões ambientais e maximizar os ganhos genéticos.

O *heatmap* criado pelo modelo FA representa a matriz (VCOV) entre os pares de ambientes, assim como as magnitudes e direções das correlações genéticas identificadas entre os ambientes. No presente estudo, as correlações para as quatro características foram de média a alta magnitude e, portanto, houve um desempenho semelhante entre os genótipos em mais de 75% das correlações, o que demonstra a existência de clones adaptados para regiões com condições de clima e solo distintos. Por exemplo, PTR apresentou respostas genéticas semelhantes na maioria dos ambientes, com exceção dos ambientes 2020.ERU.NH2B, 2020.ERU.RA1 e 2021.ERU.NH3 que apresentaram alta correlação negativa e significativa com a maioria dos ambientes avaliados. Isso pode resultar em diferenças na performance dos genótipos de acordo com as condições climáticas de um ano para o outro, como função das cargas baixas e negativas (<-5.73) para FA2 e FA3, o que pode sugerir efeitos da covariável ambiental (PREC) no desempenho dos genótipos nestes ambientes.

No geral, a característica PPA apresentou respostas genéticas positivas em mais de 90% das correlações, à exceção do ambiente 2020.ERU.GM em que houve correlação negativa entre alguns pares de ambientes. Para a característica PRS padrões distintos entre o ambiente 2021.ERU.NH4 e 2021.ERU.ALC com os demais pares foram evidenciados pela correlação negativa. Para DMC apenas os ambientes 2020.EP.GS.RA1 e 2020.ERU.NH2B, tiveram alta correlação genética negativa com a maioria dos pares de ambientes, com efeitos do FA1 e FA2 ($T_{máx}$), afetando a adaptabilidade e estabilidade dos genótipos.

As correlações sugerem que para PRS e DMC os anos de cultivo (maior influência de variáveis climáticas), foram menos importantes do que os locais (maior influência das condições edáficas), a exemplo do que foi reportado por Smith et al. (2015) sobre a maior parte da interação $G \times E$ (do tipo cruzada) ocorrer entre ensaios em anos diferentes. Essa tendência, não foi observada para PTR e PPA, pois tanto o efeito de ano como locais foram elevados, o que demonstra a complexidade de seleção destas características. Entretanto, é importante ressaltar que o elevado número de anos utilizados neste estudo (> 5 anos) configura uma amostra aleatória das estações climáticas regionais, o que sugere

boa confiabilidade na previsão dos efeitos dos ambientes na recomendação dos novos genótipos.

A heterogeneidade da variância e a proporção da variância aditiva é altamente dependente da característica avaliada e da correlação entre os ambientes; portanto a alta proporção de correlações positivas obtidas neste estudo entre os pares de ambientes e a herdabilidade das características, influência na eficiência do FA em explicar a alta variância genética, em selecionar os genótipos superiores e os ambientes com baixa interação G×E (BEECK et al., 2010).

Variáveis ambientais e sua relação com a interação G×E

Para expandir e tornar a compreensão da interação G×E previsível e dar maior consistência e sentido biológico aos resultados, as cargas ambientais (difíceis de interpretar de forma isolada) obtidas pela estrutura do fator analítico (FA_4) foram correlacionadas com covariáveis ambientais potencialmente úteis. O uso de variáveis edafoclimáticas, possibilita identificar a temporalidade dos efeitos ambientais na performance dos genótipos, explorando o que é efeito edafoclimático, genético ou interação entre esses fatores de forma a caracterizar o ambiente por meio da correlação com as cargas ambientais (SAE-LIM et al., 2014; SMITH et al., 2015; CARVALHO et al., 2016).

De modo geral, houve correlações significativas de magnitudes variadas entre as variáveis climáticas e as cargas ambientais (variação de 0.26 a 0.58). No entanto, nenhuma das variáveis climáticas conseguiu explicar mais do que 58% de variação da interação G×E. A covariável ambiental que mais explicou a variabilidade genética e o desempenho variado dos genótipos para PTR foi a PREC (mm dia⁻¹), Rad/Solar (MJ/m⁻² dia⁻¹) e ALT (m), enquanto que para PPA foi a T_{méd} (°c), para PRS as variáveis climáticas PREC (mm dia⁻¹), UR (%) e V/VENTO (ms⁻¹), e para DMC foram T_{máx} (°c) e T_{min} (°c), com direções opostas e diferentes magnitudes.

Estes resultados sugerem que os genótipos adaptados ao conjunto de ambientes com altas cargas do FA1 (12 ambientes, com cargas >5), a exemplo da BR11-34-69 (para PTR) foram mais responsivos à mudança na precipitação, radiação solar e altitude. A temperatura máxima diária foi uma das mais importantes covariáveis para a produção de mandioca, devido à sua alta

correlação em todos os quatro fatores analíticos, (0.17 a 0.32) para DMC, a exemplo da variedade BRS Novo Horizonte, no entanto, significativo apenas para o conjunto de ambientes de FA3 e FA4 (~25 ambientes), enquanto que a PREC foi a covariável mais importante para três fatores analíticos (0.15 a 0.58), significativo apenas para FA1 a FA2 da característica PTR.

Estes resultados foram semelhantes aos reportados por Chen et al. (2017), cujas correlações entre a temperatura média e as cargas do FA_3 variaram entre (-0,28 a 0.65) com 27.8% de contribuição para a interação G×E relativa ao desempenho de progênies de *Picea abies*.

Embora a mandioca possua certa resiliência sob condições edafoclimáticas adversas, a qualidade das variáveis climáticas, associado ao potencial genético das variedades é imprescindível para a mandioca completar seu ciclo produtivo com máxima produtividade (TIRONI et al., 2019; DWAMENA et al., 2022). Portanto, o presente estudo demonstra a influência de algumas variáveis climáticas em atributos produtivos de mandioca. Com uma variação de 684.71 mm ano⁻¹ (Cruz das Almas-BA-2018) a 2130.00 mm ano⁻¹ (Valença NR-BA-2014) e 50% dos ambientes acima de 1000 mm ano⁻¹, a PREC foi uma das covariáveis que mais afetou a classificação dos genótipos.

Outra covariável importante foi a temperatura média, durante a condução dos ensaios que variou entre 21.24 e 30.22 °C. A temperatura ótima para o pleno desenvolvimento da mandioca é em torno de 27 a 30.0 °C, enquanto a precipitação deve ser de 1000 a 1.500 mm ano⁻¹, e a radiação solar $\geq 24 \text{ MJ m}^{-2} \text{ dia}^{-1}$ para obtenção de máximas taxas de crescimento diário (TIRONI et al., 2019). Baixas temperaturas e radiação solar podem retardar o crescimento vegetativo, influenciando na produção de parte aérea e conseqüentemente a produção de amido (TRACHTA et al., 2020). Portanto, ambientes que não apresentaram essas condições mínimas tenderam a penalizar os genótipos em termos produtivos e ainda influenciar na interação G×E. Estes resultados demonstram o impacto significativo na redução desses importantes atributos produtivos e de qualidade das raízes, com conseqüente impacto na produtividade de amido uma vez que a transição entre o período seco e o início das chuvas leva a um processo de realocação do amido das raízes para o crescimento da parte aérea (CEBALLOS et al., 2011; BESTER et al., 2020).

Variáveis climáticas associadas às cargas ambientais do modelo FA foram identificadas e permitem expandir o conhecimento acerca dos possíveis fatores que afetam a classificação dos genótipos quanto a interação G×E em mandioca, assim como os níveis de contribuição destes fatores. Burgueño et al. (2011) enfatizaram que a propriedade do modelo FA em utilizar as correlações genéticas entre ambientes, aumenta a previsibilidade em até 6% em comparação a outros modelos que não as considera, entre os modelos que assumem homogeneidade de variações entre ambientes.

A crescente demanda industrial e de consumo dos derivados de mandioca requer um fornecimento constante ao longo do ano, para evitar escassez no mercado de processamento e comercialização. Por ser cultivada em todo o Brasil e pelo fato do país possuir dimensões continentais, é preciso desenvolver recomendações regionalizadas de novas variedades de mandioca, como forma de potencializar máximas produtividades. Nesse sentido, prever os vários fatores que afetam a produtividade de raízes é essencial, tendo em vista, que os fatores climáticos têm forte influência nos objetivos e resultados do programa de melhoramento (CEBALLOS et al., 2021).

Finalmente, notamos que o conjunto de dados METs do programa de melhoramento genético de mandioca, explorado pela estrutura do modelo FA, juntamente com a análise das variáveis climáticas podem ajudar nesse processo de identificação de genótipos com estabilidade e alta performance de cultivo em diferentes ambientes, podendo ainda expandir o escopo da previsão dos componentes transitórios que influenciam a G×E, do modelo FA fora dos ambientes de teste, e capturar a repetibilidade e a tendência da performance e da estabilidade ao longo dos anos, desde que haja o agrupamento de um conjunto abrangente de informações de covariáveis ambientais em diferentes anos e locais, para aumentar a confiabilidade no estudo da interação G×E para a recomendação de novos genótipos.

Perspectivas futuras

Com as mudanças climáticas decorrente do aquecimento global nas últimas décadas, a mandioca desempenhará um importante papel na segurança alimentar; portanto as perspectivas para o melhoramento genético de mandioca, quanto a análise de adaptabilidade e estabilidade, utilizando modelo misto

multiplicativo de fator analítico certamente ajudará na obtenção de genótipos de alta performance, seja em ambientes testados e não testados. Pois os ensaios METs, são altamente desbalanceados, em virtude dos avanços dos novos genótipos (ensaios uniformes e avançados) e retiradas dos genótipos de baixo desempenho, realizados em todo o Brasil. Portanto, a estrutura do FA , auxiliará na condução do programa de melhoramento em mandioca, na obtenção de parâmetros genéticos, seguros e eficientes, assim como na identificação de ambientes correlacionados e discrepantes, que atendam os ensaios regionalizados e a população alvo de ambientes. Adicionalmente a obtenção de séries históricas de dados climáticos, que envolva distintas regiões, possibilitará a construção de índices climáticos que auxiliem na previsão de padrão da $G \times E$, e de valores genéticos dos clones não testados, por meio da estrutura do modelo FA , cujos principais fatores, como visto neste estudo, precipitação e temperatura, respondem diretamente pela interação $G \times E$.

CONCLUSÃO

Os resultados deste trabalho indicaram alta variância genética, mesmo na análise de um conjunto de genótipos em fase final de seleção (poucos genótipos), o que permite obter dados produtivos superiores às variedades locais. Embora as baixas herdabilidade na análise conjunta dos ambientes sejam um desafio para a seleção de clones e uso favorável da interação $G \times E$ em mandioca. Por outro lado, as correlações genéticas obtidas por meio da estrutura de fator analítico FA_4 identificaram correlações nulas e também elevadas e significativas com a interação $G \times E$ para as quatro características agrônômicas. Isso pode ajudar na identificação de megaambientes, e para direcionar os ensaios com características discriminantes para expansão da variabilidade genética dos genótipos, assim como ensaios representativos da região alvo de cultivo. Associado aos gráficos de regressão com variância genética explicada pela soma dos fatores acima de 85% apresentou elevada capacidade preditiva para indicar os genótipos com alta produtividade e adaptabilidade com as melhores respostas às melhorias ambientais além dos mais estáveis para todas as variáveis analisadas, como a BR11-34-69 para PTR, e a BRS Novo Horizonte para DMC. Assim como correlação entre o FA_4 e as variáveis climáticas podem ajudar na identificação e exploração das condições edafoclimáticas com maior importância para a

interação G×E. Especificamente neste estudo, a precipitação apresentou maior efeito sobre os quatro fatores para PTR, enquanto a temperatura média foi mais importante para a característica PPA. As covariáveis precipitação, umidade relativa do ar e a velocidade do vento estiveram mais correlacionadas com a característica PRS, enquanto a temperatura máxima e mínima para DMC.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

ADJEBENG-DANQUAH, J.; MANU-ADUENING, J.; GRACEN, V. E.; ASANTE, I. K.; OFFEI, S. K. AMMI Stability analysis and estimation of genetic parameters for growth and yield components in cassava in the forest and Guinea Savannah ecologies of Ghana". **International Journal of Agronomy**, p.1-10, 2017. <https://doi.org/10.1155/2017/8075846>

BEECK, C.P.; COWLING, W. A.; SMITH, A.B.; CULLIS, B.R. Analysis of yield and oil from a series of canola breeding trials. Part I. Fitting factor analytic mixed models with pedigree information. **Genome**, v.53, n.11, p.992-1001, 2010. <https://doi.org/10.1139/G10-051>

BESTER, A.U.; CARVALHO, I. R.; SILVA, J.A.G.; DA, HUTRA, D.J.; MOURA, N. B.; LAUTENCHLEGER, F.; LORO, M.V. Three decades of cassava cultivation in Brazil: Potentialities and Perspectives. **Revista Colombiana de Ciencias Hortícolas**, v.15, n.2, p.12087, 2021. <https://doi.org/10.17584/rcch.2021v15i2.12087>

BOZDOGAN, H. Model selection and Akaike's information criterion (AIC): The general theory and its analytical extensions. **Psychometrika**, v.52, n.3, p.345-370, 1987. <https://doi.org/10.1007/BF02294361>

BUTLER, D.G.; CULLIS, B.R.; GILMOUR, A.R.; GOGEL, B.J. ASREML-R Reference Manual. Release 3.0. Technical Report, QDP Industries. Australia, 2009. <https://www.vsnr.co.uk/downloads/asreml/release3/UserGuide.pdf>

BURGUEÑO, J.; CROSSA, J.; CORNELIUS, PL.; YANG, R.C. Using factor analytic models for joining environments and genotypes without crossover

genotype x environment interaction. **Crop Science**, v.48, n.4, p.1291-1305, 2008. <https://doi.org/10.2135/cropsci2007.11.0632>.

BURGUEÑO, J.J.; CROSSA, J.M.; COTES, F.S.; VICENTE, D.; BISWANATH. Prediction assessment of linear mixed models for multi-environment trials. **Crop Science**, v.51, p.944-954, 2011. <https://doi.org/10.2135/cropsci2010.07.0403>

CEBALLOS H.; IGLESIAS C.A.; PÉREZ J.C.; DIXON A.G.O.; Cassava breeding: opportunities and challenges. **Plant Mol Biol** v.56, n.4, p.503-516, 2004. <https://doi.org/10.1007/s11103-004-5010-5>

CEBALLOS, H.; RAMIREZ, J.; BELLOTTI, A.C.; JARVIS, A.; ALVAREZ, E. Adaptation of Cassava to Changing Climates. In: YADAV, R. J.; REDDEN, J. L.; HATFIELD, H.; LOTZE-CAMPEN, H.; HALL, A. E. (Eds.), **Crop adaptation to climate change**, Oxford, p.411-425, 2011. <https://doi.org/10.1002/9780470960929.ch28>

CEBALLOS, H.; LUNA, J.; ESCOBAR, A.F.; ORTIZ, D.; PÉREZ, J.C.; SÁNCHEZ, T.; PACHÓN, H.; DUFOUR, D.; Spatial distribution of dry matter in yellow fleshed cassava roots and its influence on carotenoid retention upon boiling. **Food Research International**, v. 45, n.1, p.52-59, 2012. <https://doi.org/10.1016/j.foodres.2011.10.001>

CONAB, Companhia Nacional de Abastecimento. **Mandioca: Análise mensal**. Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento. Brasília, 2020. Acesso em 12 abril 2022. Disponível em: <https://www.conab.gov.br/>

CARVALHO, B.C.L.; KAESEL, J.D.S.; MAURISRAEL, D.M.R.; GIANCARLO, C.X.O. Evolution of methodology for the study of adaptability and stability in cultivated species. **African Journal of Agricultural Research**, v.11, p.990-1000, 2016. <https://doi.org/10.5897/ajar2015.10596>

CARVALHO, B.R.R.; BANDEIRA E SOUSA, M.; OLIVEIRA, L. A.; OLIVEIRA, E.J. Phenotypic diversity and selection in biofortified cassava germplasm for yield and quality root traits. **Euphytica**, 2021. <https://doi.org/10.21203/rs.3.rs-981368/v1>

CULLIS, B.R.; SMITH, A.B.; COOMBES, N.E. On the design of early generation variety trials with correlated data. **Journal of Agricultural, Biological, and Environmental Statistics**, v.11, n.4, p.381-393, 2006. <https://doi:10.1198/108571106X154443>

CULLIS, B.R.; SMITH, A.B.; BEECK, C.P.; COWLING, W.A. Analysis of yield and oil from a series of canola breeding trials. Part II. Exploring variety by environment interaction using factor analysis. **Genome**, v.53, n.11, p.1002-1016, 2010. <https://doi.org/10.1139/G10-080>

CULLIS, B.; JEFFERSON, P.; THOMPSON, R.; SMITH, A.B. Factor analytic and reduced animal models for the investigation of additive genotype-by-environment interaction in outcrossing plant species with application to a *Pinus radiata* breeding program. **Theoretical and Applied Genetics**, v.127, p.2193-2210, 2014. <https://doi:10.1007/s00122-014-2373-0>

DAWSON, J.C.; ENDELMAN, J.B.; HESLOT, N.; CROSSA, J.; POLAND, J.; DREISIGACKER, S.; JANNINK, J. L. The use of unbalanced historical data for genomic selection in an international wheat breeding program. **Field Crops Research**, v.154, p.12-22, 2013. Disponível em: <https://doi:10.1016/j.fcr.2013.07.020>

DUTKOWSKI G.; IVKOVIĆ M.; GAPARE, W.J.; MCRAE, T.A. Defining breeding and deployment regions for radiata pine in southern Australia. **New For**, v.47, p.783-799, 2016. <https://doi:10.1007/s11056-016-9544-6>

DE FREITAS, J.P.X.; DINIZ, R.P.; SANTOS, V.S.; OLIVEIRA, E.J. Genetic parameters and selection gains in early clonal evaluation trials: implications for cassava breeding. **Euphytica**, v.214, n.7, p.1-6, 2018. <https://doi.org/10.1007/s10681-018-2209-0>

DE FIGUEIREDO, A.G.; VON PINHO, R.G.; SILVA, H.D.; BALESTRE, M. Application of mixed models for evaluating stability and adaptability of maize using unbalanced data. **Euphytica**, v.202, p.393-409, 2015. <https://doi:10.1007/s10681-014-1301-3>

DIAS, K.O.D.G.; GEZAN, S.A.; GUIMARÃES, C.T.; PARENTONI, S.N.; GUIMARÃES, P.E.O.; CARNEIRO, N.P.; PORTUGAL, A.F.; BASTOS, E.A.; CARDOSO, M.J.; ANONI, C.O.; MAGALHÃES, J.V.; SOUZA, J.C.; GUIMARÃES, L.J.M.; PASTINA, M.M. Estimating genotype \times environment interaction for and genetic correlations among drought tolerance traits in maize via factor analytic multiplicative mixed models. **Crop Science**, v.58, n.1, p.72-83, 2018a. <https://doi:10.2135/cropsci2016.07.0566>

EWA, F.; NWOPIA, E.; EGESI, C.; OLASANMI, B.; OKOGBENIN, E. Genetic variability, heritability and variance components of some yield and yield related traits in second backcross population (BC₂) of cassava. **African Journal of Plant Science**, v.11, n.6, p.185-189, 2017. <https://doi.org/10.5897/AJPS2015.1324>

FOOD AND AGRICULTURE ORGANIZATION OF THE UNITED NATIONS (FAO). Participação dos continentes na produção de mandioca em 2019. FAOSTAT Database Gateway – Accessed 12 Agosto 2021, FAO. <http://www.fao.org/faostat/en/#data/QC>

GILMOUR, A.R.; GOGEL, B.J.; CULLIS, B.R.; THOMPSON, R. **ASReml User Guide Release 3.0**. Hemel Hempstead, 2009.

HALSEY, M.E.; OLSEN, K.M.; TAYLOR, N.J.; CHAVARRIAGA-AGUIRRE, P. Reproductive biology of cassava (*Manihot esculenta* Crantz) and isolation of experimental field trials. **Crop Science**, v.48, n.1, p.49-58, 2008. <https://doi.org/10.2135/cropsci2007.05.0279>

HARDNER, C.M.; DIETERS, M.; DALE, G.; DELACY, I.; BASFORD, K.E. Patterns of genotype-by-environment interaction in diameter at breast height at age 3 for eucalypt hybrid clones grown for reforestation of lands affected by salinity. **Tree**

Genetics & Genomes, v.6, p.833-851, 2010. <https://doi10.1007/s11295-010-0295-9>

[IBGE] Instituto Brasileiro de Geografia e Estatística. (2021). Dados de previsão de safra: mandioca. [Acesso Maio 10 2021]. <https://sidra.ibge.gov.br/home/pnadcm>

LI, Y.; SUONTAMA, M.; BURDON, R.D.; DUNGEY, H.S.; Genotype by environment interactions in forest tree breeding: Review of methodology and perspectives on research and application. **Tree Genetics & Genomes**. v.13 n.60, p.1-18, 2016. <https://doi.org/10.1007/s11295-017-1144-x>

KAISER, H.F. The varimax criterion for analytic rotation in factor analysis. **Psychometrika**, v.23, p.187-200, 1958. <https://doi.org/10.1007/BF02289233>

KELLY, A. M.; SMITH, A.B.; ECCLESTON, J.A.; CULLIS, B.R. The accuracy of varietal selection using factor analytic models for multi-environment plant breeding trials. **Crop Science**, v.47, p.1063-1070, 2007. <https://doi:10.2135/cropsci2006.08.0540>

KAWANO K.; FUKUDA, W.M.G.; CENPUKDEE, U. Genetic and environmental effects on dry matter content of cassava root. **Crop Science** v.27 n.1, p.69-74, 1987. <https://doi.org/10.2135/cropsci1987.0011183X002700010018x>

KRAUSE, M. D.; DIAS, K.O.D.G.; DOS SANTOS, J.P.R., DE OLIVEIRA, A.A.; GUIMARÃES, L.J.M.; PASTINA, M.M.; MARGARIDO, G.R.A.; GARCIA, A.A.F. Boosting predictive ability of tropical maize hybrids via genotype x environment interaction under multivariate GBLUP models. **Crop Science**, v.60, n.6, p.3049-3065, 2020. <https://doi.org/10.1002/csc2.20253>

KULEMBEKA, H.P.; FERGUSON, M.; HERSELMAN, L.; KANJU, E.; MKAMILO, G.; MASUMBA, E.; FREGENE, M.; LABUSCHAGNE, M.T. Diallel analysis of field resistance to brown streak disease in cassava (*Manihot esculenta Crantz*)

landraces from Tanzania. **Euphytica**, v.187, p.277-288, 2012. <https://doi.org/10.1007/s10681-012-0730-0>

MALOSETTI, M.; BUSTOS-KORTS, D.; BOER, M.P.; VAN EEUWIJK, F.A. Predicting responses in multiple environments: issues in relation to genotype x environment interactions. **Crop Science**. v.56, p.2210-2222, 2016. [https://doi:10.2135/cropsci2015.05.0311](https://doi.org/10.2135/cropsci2015.05.0311)

MALOSETTI, M.; RIBAUT, J.M.; VAN EEUWIJK, F.A. The statistical analysis of multi-environment data: modeling genotype-by-environment interaction and its genetic basis. **Frontiers in Physiology**, v.4, p.44, 2013. <https://doi.org/10.3389/fphys.2013.00044>

MEYER, K. Factor-analytic models for genotype x environment type problems and structured covariance matrices. **Genetics Selection Evolution**, v.41, n.1, p.1-11, 2009. [https://doi:10.1186/1297-9686-41-21](https://doi.org/10.1186/1297-9686-41-21)

MRODE, R.A. **Linear models for the prediction of animal breeding values**. 3. ed. CABI. Wallingford, 2014. [https://doi:10.1079/9781780643915.0000](https://doi.org/10.1079/9781780643915.0000)

NDUWUMUREMYI, A.; MELIS, R.; SHANAHAN, P.; THEODORE, A. Interaction of genotype and environment effects on important traits of cassava (*Manihot esculenta* Crantz). **The Crop Journal**. v.5, p.373-386, 2017. [https://doi:10.1016/j.cj.2017.02.004](https://doi.org/10.1016/j.cj.2017.02.004)

OLIVEIRA, I.C.M.; GUILHEN, J.H.S.; DE OLIVEIRA, P.C.R.; GEZAN, S.A.; SCHAFFERT, R.E.; SIMEONE, M.L.F.; DAMASCENO, C.M.B.; CARNEIRO, J.E. DE S.; CARNEIRO, P.C.S.; PARRELLA, R.A. DA C.; PASTINA, M.M. Genotype-by-environment interaction and yield stability analysis of biomass sorghum hybrids using factor analytic models and environmental covariates. **Field Crops Research**, v.257, p.107929, 2020. <https://doi.org/10.1016/j.fcr.2020.107929>

OLIVOTO, T.; LÚCIO, A.D.C.; DA SILVA, J.A.G.; MARCHIORO, V.S.; DE SOUZA, V.Q.; JOST, E. Mean performance and stability in multi-environment trials I:

Combining features of AMMI and BLUP techniques. **Agronomy Journal**, v.111, n.6, p.2949-2960, 2019. <https://doi.org/10.2134/agronj2019.03.0220>

PARKES, E.; AINA, O.; KINGSLEY, A.; ILUEBBEY, P.; BAKARE, M.; AGBONA, A.; AKPOTUZOR, P.; LABUSCHAGNE, M.; KULAKOW, P. Combining ability and genetic components of yield characteristics, dry matter content, and total carotenoids in provitamin A cassava F1 cross-progeny. **Agronomy**, v.10, n.12, p.1850, 2020. <https://doi.org/10.3390/agronomy10121850>

PEIXOUTO, L.S.; NUNES, J.A.R.; FURTADO, D.F. Factor analysis applied to the G + GE matrix via REML/BLUP for multi-environment data. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v.16, p.1-6, 2016. <https://doi.org/10.1590/1984-70332016v16n1a1>

PIEPHO, H.P. Analyzing genotype-environment data by mixed models with multiplicative terms. **Biometrics**, v.53, n.2, p.744-749, 1997. <https://doi.org/10.2307/2533976>.

PIEPHO, H.P. Empirical best linear unbiased prediction in cultivar trials using factor-analytic variance-covariance structures. **Theoretical and Applied Genetics**, v.97, n.1–2, p.195-201, 1998. <https://doi:10.1007/s001220050885>.

R CORE TEAM. **R: A language and environment for statistical computing**. R Foundation for Statistical Computing, Vienna, 2022. <https://cran.r-project.org/bin/windows/base/>

SAE-LIM, P.; KOMEN, H.; KAUSE, A.; MULDER, H.A. Identifying environmental variables explaining genotype-by-environment interaction for body weight of Rainbow trout (*Onchorynchus mykiss*): reaction norm and factor analytic models. **Genetics Selection Evolution**. v.46, n.16, p.11, 2014. <https://doi.org/10.1186/1297-9686-46-16>

SMITH, A.; CULLIS, B.; GILMOUR, A. The analysis of crop variety evaluation data in Australia. **Australian & New Zealand Journal of Statistics**, v.43, n.2 p.129-145, 2001a. <https://doi.org/10.1111/1467-842X.00163>

SMITH, A.; CULLIS, B.R.; THOMPSON, R. Analysing variety by environment data using multiplicative mixed models and adjustment for spatial field trend. **Biometrics**, v.57, n.4, p.1138-1147, 2001b. <https://doi:10.1111/j.0006-341X.2001.01138.x>

SMITH, A.B.; CULLIS, B.R.; THOMPSON, R. The analysis of crop cultivar breeding and evaluation trials: An overview of current mixed model approaches. **Journal of Agricultural Science**, v.143, n.06, p.449-462, 2005. <https://doi.org/10.1017/S0021859605005587>

SMITH, A.B.; GANESALINGAM, A.; KUCHEL, H.; CULLIS, B.R. Factor analytic mixed models for the provision of grower information from national crop variety testing programs. **Theoretical and Applied Genetics**, v.128, n.1, p.55-72, 2015. <https://doi: 10.1007/s00122-014-2412-x>

SMITH, A.B.; CULLIS, B.R. Plant breeding selection tools built on factor analytic mixed models for multi-environment trial data. **Euphytica**, v.214, n.143, p.1-10, 2018. <https://doi.org/10.1007/s10681-018-2220-5>

SOUZA L.D.; SOUZA, L.S.; GOMES, J.C. **Exigências edáficas da cultura da mandioca**. In: SOUZA, L.S.; FARIAS, A.R.N.; MATTOS, P.L.P.; FUKUDA, W.M.G. (Eds.) Aspectos socioeconômicos e agrônômicos da mandioca. Cruz das Almas, Bahia, p.70-214, 2006.

THOMPSON, R.; CULLIS, B.; SMITH, A.; GILMOUR, A. A sparse implementation of the average information algorithm for factor analytic and reduced rank variance models. **Australian & New Zealand Journal of Statistics**, v.45, n.4 p.445-459, 2003. <https://doi.org/10.1111/1467-842X.00297>

TOLHURST, D.J.; MATHEWS, K.L.; SMITH, A.B.; CULLIS, B.R. Genomic selection in multi-environment plant breeding trials using a factor analytic linear mixed model. **Journal of Animal Breeding and Genetics**, v.136, n.4, p.279-300, 2019. <https://doi.org/10.1111/jbg.12404>

TOLHURST, D.; GAYNOR, C.R.; GARDUNIA, B.; HICKEY, J.; GORJANC, G. Genomic selection using environmental covariates within an integrated factor analytic linear mixed model. **Research Square**, 2021. <https://doi.org/10.21203/rs.3.rs-995887/v1>

TIRONI, L.F., ALVES, A.F., ZANON, A.J., FREITAS, C.P.O., SANTOS, A.T.L., CARDOSO P., TONEL, G.P., RODRIGUES, L.B., TAGLIAPIETRA, B.L., SILVA, M. N.; STRECK, N.A.; **Ecofisiologia da mandioca visando altas produtividades**. Editora GR, Santa Maria, s. n., 2019. p.136, 2019.

TRACHTA, M.A.; ZANON, A.J.; ALVES, A.F.; FREITAS, C.P.O.; STRECK, N.A.; CARDOSO, P.S.; SANTOS, A.T.L.; NASCIMENTO, M.F.; ROSSATO, I.G.; SIMÕES, G.P.; KALEB EMANOEL FERREIRA DO AMARAL, K. E. F.; STRECK, I. L.; RODRIGUES, L. B. Leaf area estimation with nondestructive method in Cassava. **Bragantia**, v.79, n.4, p.347-359, 2020. <https://doi.org/10.1590/1678-4499.20200018>.

YAN, W.; RAJCAN, I. Biplot Analysis of test sites and trait relations of soybean in Ontario. **Crop Science**, v.42, n.1, p.1-11, 2002. <https://doi:10.2135/cropsci2002.1100>

YAN, W. Analysis and Handling of G × E in a Practical Breeding Program. **Crop Science**, v.56, n.5, 2016. <https://doi.org/10.2135/cropsci2015.06.0336>

VAN EEUWIJK, F.A.; BUSTOS-KORTS, D.V.; MALOSETTI, M. What should students in plant breeding know about the statistical aspects of genotype × environment interactions? **Crop Science**, v.56, n.5, p.2119-2140, 2016. <https://doi:10.2135/cropsci2015.06.0375>

Tabela suplementar S1. Resumo da análise do teste de razão de máxima verossimilhança conjunta para a produtividade total de raízes (PTR t ha⁻¹), peso da parte aérea (PPA t ha⁻¹), produtividade de raízes seca (PRS t ha⁻¹) e teor de matéria seca nas raízes (DMC %) de 22 genótipos de mandioca avaliados em 57, 56, 53 e 59 ambientes respectivamente ambientes.

Variáveis	model	npar	logLik	AIC	LRT	Df	Pr(>Chisq)
PTR	GEN	5	-9367.46	18744.91	270.00	1	1.13377e-60
PTR	REP(ENV)	5	-9267.66	18545.33	70.41	1	4.80625e-17
PTR	ENV	5	-9355.82	18721.64	246.73	1	1.34008e-55
PTR	GEN:ENV	5	-9576.62	19163.24	688.33	1	1.0305e-151
PPA	GEN	5	-9258.74	18527.5	316.58	1	8.0442E-71
PPA	REP(ENV)	5	-9151.91	18313.83	102.91	1	3.50117E-24
PPA	ENV	5	-9232.60	18475.22	264.30	1	1.98073E-59
PPA	GEN:ENV	5	-9401.71	18813.43	602.51	1	4.7462E-133
DMC	GEN	5	-4952.89	9915.79	575.92	1	2.8912e-127
DMC	REP(ENV)	5	-4730.22	9470.43	146.56	1	3.0835e-30
DMC	ENV	5	-4802.22	9614.43	283.56	1	1.14933e-61
DMC	GEN:ENV	5	-4871.55	9753.10	445.23	1	7.25776e-92
PRS	GEN	5	-5945.53	11901.07	265.73	1	9.69241e-60
PRS	REP(ENV)	5	-5843.15	11696.29	33.95	1	5.85862e-15
PRS	ENV	5	-5939.48	11888.96	273.61	1	4.23452e-57
PRS	GEN:ENV	5	-6140.97	12291.94	645.59	1	8.2316e-145

Tabela suplementar S2: Resumo dos parâmetros genéticos da análise conjunta para produtividade de raízes fresca (PTR t ha⁻¹), produtividade de parte aérea (PPA t ha⁻¹), produtividade de raízes seca (PRS t ha⁻¹), e teor de matéria seca (DMC %) em 22 genótipos de mandioca em 57, 56, 53 e 59 ambientes respectivamente ambientes.

Parâmetros	PTR	PPA	PRS	DMC
σ_p^2	103.50	110.30	10.74	7.22
H^2	0.20	0.15	0.18	0.31
GEI _{r2}	0.30	0.26	0.30	0.19
h_{mg}^2	0.98	0.98	0.98	0.99
Acc	0.99	0.99	0.99	1.00
rge	0.44	0.37	0.43	0.40
CVg	19.14	18.25	18.54	4.20
CVr	21.18	23.84	21.41	3.14
CV ratio	0.90	0.81	0.91	1.34

Variância fenotípica σ_p^2 , herdabilidade no sentido amplo H^2 , herdabilidade da média fenotípica h_{mg}^2 , precisão de seleção Acc, correlação de ambiente rge, coeficiente de variação genotípica CVg e coeficiente de variação residual CVr e razão entre o coeficiente de variação genotípica e residual CV ratio.

Tabela suplementar S3. Genótipos selecionados com base nas médias fenotípicas (médias preditas, BLUPs), e Slope (inclinação da linha de regressão, β_1) para o gráfico de regressão latente, após rotação varimax, do modelo analítico FA_4 , para: produtividade de raízes frescas (PTR t ha⁻¹), produtividade da parte aérea (PPA t ha⁻¹), produtividade de raízes secas (PRS t ha⁻¹) e teor de matéria seca (DMC %) respectivamente.

Genótipos	PTR t ha ⁻¹	FA1	FA2	FA3	FA4
BR11-34-41	29.21	-1.02	1.06	0.35	-2.27
BR11-34-45	26.44	0.06	-0.61	-0.90	-1.07
BR11-34-64	28.24	0.72	-0.87	0.35	-0.54
BR11-34-69	33.65	1.49	0.35	2.37	0.14
BRS Novo Horizonte	27.69	0.73	0.69	0.97	0.51
BRS Poti Branca	24.21	-0.40	1.52	0.44	0.09
Cigana Preta	19.18	-0.32	-0.33	-0.37	0.68
Corrente	20.97	-1.60	0.25	1.33	-0.56
Genótipos	PPA t ha ⁻¹	FA1	FA2	FA3	FA4
BR11-34-41	25.85	1.48	1.66	1.91	-1.77
BR11-34-45	25.80	1.08	0.92	1.11	-1.07
BR11-34-64	23.44	-1.38	-0.24	1.65	0.60
BR11-34-69	22.70	2.05	1.03	1.52	-2.84
BRS Novo Horizonte	26.58	0.99	-0.34	0.37	0.26
BRS Poti Branca	26.86	0.23	2.55	0.24	-0.16
Cigana Preta	22.04	0.20	-0.85	1.35	-0.58
Corrente	20.32	-1.03	-1.63	-1.33	2.15
Genótipos	PRS t ha ⁻¹	FA1	FA2	FA3	FA4
BR11-34-41	9.36	1.30	0.84	0.20	0.20
BR11-34-45	9.17	1.10	1.41	-0.40	0.85
BR11-34-64	8.23	0.68	1.08	-0.69	0.83
BR11-34-69	9.32	1.61	1.11	-0.08	0.08
BRS Novo Horizonte	9.23	-0.19	-0.66	-0.08	1.75
BRS Poti Branca	7.52	0.32	-1.04	-0.32	-0.55
Cigana Preta	6.08	-1.32	-0.47	0.90	-0.84
Corrente	7.14	-1.92	-0.15	-0.30	2.30
Genótipos	DMC %	FA1	FA2	FA3	FA4
BR11-34-41	33.41	-2.31	-0.23	-0.21	0.59
BR11-34-45	36.14	-0.59	-0.76	0.73	0.24
BR11-34-64	33.94	-1.79	-1.03	-0.53	0.56
BR11-34-69	33.23	-1.02	-0.30	-1.48	0.32
BRS Novo Horizonte	38.04	1.18	0.34	1.30	-0.60
BRS Poti Branca	34.63	-0.26	0.51	0.05	1.13
Cigana Preta	36.01	0.39	-0.10	0.01	-0.51
Corrente	36.57	1.08	0.78	0.39	-1.18

Tabela suplementar S4. Códigos de descrição geográfica dos ambientes de testes de mandioca realizado entre 2013 a 2021, para as quatro características agronômicas

Ambientes	Ano	Ensaio	Local	Estado
2013.EC.NH	2013	Ensaio Clonal	Laje-Novo Horizonte	Bahia
2014.EP.NH	2014	Ensaio Preliminar	Laje-Novo Horizonte	Bahia
2015.EA.NH	2015	Ensaio Avançado	Laje-Novo Horizonte	Bahia
2015.EC.NR	2015	Ensaio Clonal	Valença	Bahia
2016.EA.NH	2016	Ensaio Avançado	Laje-Novo Horizonte	Bahia
2016.EA.SA	2016	Ensaio Avançado	Santo Amaro	Bahia
2016.EC.NH	2016	Ensaio Clonal	Laje-Novo Horizonte	Bahia
2016.ERU1.NH	2016	Ensaio Rendimento Uniforme1	Laje-Novo Horizonte	Bahia
2016.ERU2.NH	2016	Ensaio Rendimento Uniforme2	Laje-Novo Horizonte	Bahia
2016.ERU.SA	2016	Ensaio Rendimento Uniforme	Santo Amaro	Bahia
2017.EP.NH	2017	Ensaio Preliminar	Laje-Novo Horizonte	Bahia
2017.ERU.NH	2017	Ensaio Rendimento Uniforme	Laje-Novo Horizonte	Bahia
2017.ERU.SA	2017	Ensaio Rendimento Uniforme	Santo Amaro	Bahia
2017.ERU.SJ	2017	Ensaio Rendimento Uniforme	Laje São Jorge	Bahia
2017.ERU.SV	2017	Ensaio Rendimento Uniforme	Laje Sombra Verde	Bahia
2018.ERU.RA1	2018	Ensaio Rendimento Uniforme	Laje Rio de areia 1	Bahia
2018.ERU.RA2	2018	Ensaio Rendimento Uniforme	Laje Rio de areia 2	Bahia
2018.ERU.PP	2018	Ensaio Rendimento Uniforme	Laje Propriedade particular	Bahia
2018.ERU.UFRB	2018	Ensaio Rendimento Uniforme	Cruz das Almas-UFRB	Bahia
2019.EC.GA	2019	Ensaio Clonal	Laje Gavião	Bahia
2019.EC.GS.UFRB	2019	Ensaio Clonal-Seleção Genômica	Cruz das Almas-UFRB	Bahia
2019.EP.NH	2019	Ensaio Preliminar	Laje-Novo Horizonte	Bahia
2019.ERU.GA	2019	Ensaio Rendimento Uniforme	Laje Gavião	Bahia
2019.ERU.NH	2019	Ensaio Rendimento Uniforme	Laje-Novo Horizonte	Bahia
2019.ERU.NR	2019	Ensaio Rendimento Uniforme	Valença	Bahia
2019.ERU.RA1	2019	Ensaio Rendimento Uniforme	Laje Rio de areia 1	Bahia
2019.ERU.RA2	2019	Ensaio Rendimento Uniforme	Laje Rio de areia 2	Bahia
2019.ERU.M.RA2	2019	Ensaio Rendimento Uniforme- Multiplicação	Laje Rio de areia 2	Bahia
2019.ERU.UFRB	2019	Ensaio Rendimento Uniforme	Cruz das Almas-UFRB	Bahia
2019.ERU.M.UFRB	2019	Ensaio Rendimento Uniforme- Multiplicação	Cruz das Almas-UFRB	Bahia
2020.EA.UFRB	2020	Ensaio Avançado	Cruz das Almas-UFRB	Bahia
2020.EA.RA1	2020	Ensaio Avançado	Laje Rio de areia 1	Bahia
2020.EP.GS.NH	2020	Ensaio Preliminar-Seleção Genômica	Laje-Novo Horizonte	Bahia
2020.EP.NH	2020	Ensaio Preliminar	Laje-Novo Horizonte	Bahia
2020.EP.UFRB	2020	Ensaio Preliminar	Cruz das Almas-UFRB	Bahia
2020.EP.GS.RA1	2020	Ensaio Preliminar-Seleção Genômica	Laje Rio de areia 1	Bahia
2020.EP.GS.UFRB	2020	Ensaio Preliminar-Seleção Genômica	Cruz das Almas-UFRB	Bahia
2020.EP.GS.RA1	2020	Ensaio Preliminar-Seleção Genômica	Laje Rio de areia 1	Bahia
2020.ERU.UFV	2020	Ensaio Rendimento Uniforme	Florestal-Universidade Federal de Viçosa	Minas Gerais
2020.ERU.GM	2020	Ensaio Rendimento Uniforme	Governador Mangabeira	Bahia
2020.ERU.NH2A	2020	Ensaio Rendimento Uniforme	Laje-Novo Horizonte-2A	Bahia
2020.ERU.NH2B	2020	Ensaio Rendimento Uniforme	Laje-Novo Horizonte-2B	Bahia
2020.ERU.UFRB	2020	Ensaio Rendimento Uniforme	Cruz das Almas-UFRB	Bahia
2020.ERU.RA1	2020	Ensaio Rendimento Uniforme	Laje Rio de areia 1	Bahia
2021.EC.UFRB	2021	Ensaio Clonal	Cruz das Almas-UFRB	Bahia
2021.EA.UFRB	2021	Ensaio Avançado	Cruz das Almas-UFRB	Bahia
2021.EA.NH	2021	Ensaio Avançado	Laje-Novo Horizonte	Bahia
2021.EA.RA1	2021	Ensaio Avançado	Laje Rio de areia 1	Bahia
2021.EA.GS.AL	2021	Ensaio Avançado-Seleção Genômica	Alagoinhas	Bahia
2021.EA.GS.NH	2021	Ensaio Avançado-Seleção Genômica	Laje-Novo Horizonte	Bahia
2021.EA.GS.UFRB	2021	Ensaio Avançado-Seleção Genômica	Cruz das Almas-UFRB	Bahia
2021.EA.GS.RA1	2021	Ensaio Avançado-Seleção Genômica	Laje Rio de areia 1	Bahia
2021.EP.WX.UFRB	2021	Ensaio Preliminar-Waxy	Cruz das Almas-UFRB	Bahia
2021.EP.WX.RA1	2021	Ensaio Preliminar-Waxy	Laje Rio de areia 1	Bahia
2021.ERU.UFRB	2021	Ensaio Rendimento Uniforme	Cruz das Almas-UFRB	Bahia
2021.ERU.RA1	2021	Ensaio Rendimento Uniforme	Laje Rio de areia 1	Bahia
2021.ERU.NH1	2021	Ensaio Rendimento Uniforme	Laje-Novo Horizonte1	Bahia
2021.ERU.NH2	2021	Ensaio Rendimento Uniforme	Laje-Novo Horizonte2	Bahia
2021.ERU.NH3	2021	Ensaio Rendimento Uniforme	Laje-Novo Horizonte3	Bahia
2021.ERU.NH4	2021	Ensaio Rendimento Uniforme	Laje-Novo Horizonte4	Bahia
2021.ERU.AL	2021	Ensaio Rendimento Uniforme	Alagoinhas	Bahia
2021.ERU.RIOS	2021	Ensaio Rendimento Uniforme	Entre Rios	Bahia
2021.ERU.ALC	2021	Ensaio Rendimento Uniforme	Alcobaça	Bahia
2021.ERU.ITAM	2021	Ensaio Rendimento Uniforme	Itamarajú	Bahia
2021.ERU.NH1	2021	Ensaio Rendimento Uniforme	Laje-Novo Horizonte1	Bahia
2021.ERU.NH2	2021	Ensaio Rendimento Uniforme	Laje-Novo Horizonte2	Bahia
2021.ERU.UFGD	2021	Ensaio Rendimento Uniforme	Universidade Federal da grande Dourados	Mato Grosso do Sul
2021.EC.GS.UFRB	2021	Ensaio Clonal-Seleção Genômica	Cruz das Almas-UFRB	Bahia

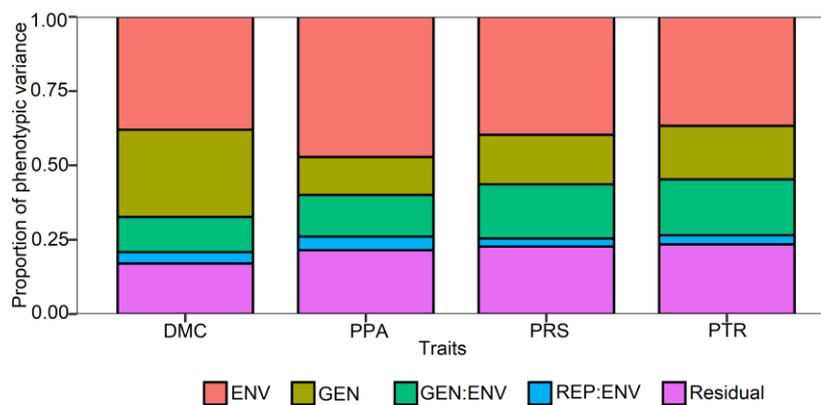


Figura suplementar S1. Proporção da variância fenotípica para as variáveis produtividades de raízes frescas (PTR t ha⁻¹), produtividade da parte aérea (PPA t ha⁻¹), produtividade de raízes secas (PRS t ha⁻¹) e teor de matéria seca (DMC %) avaliadas com 22 genótipos de mandioca em 57, 56, 53 e 59 ambientes respectivamente ambientes.

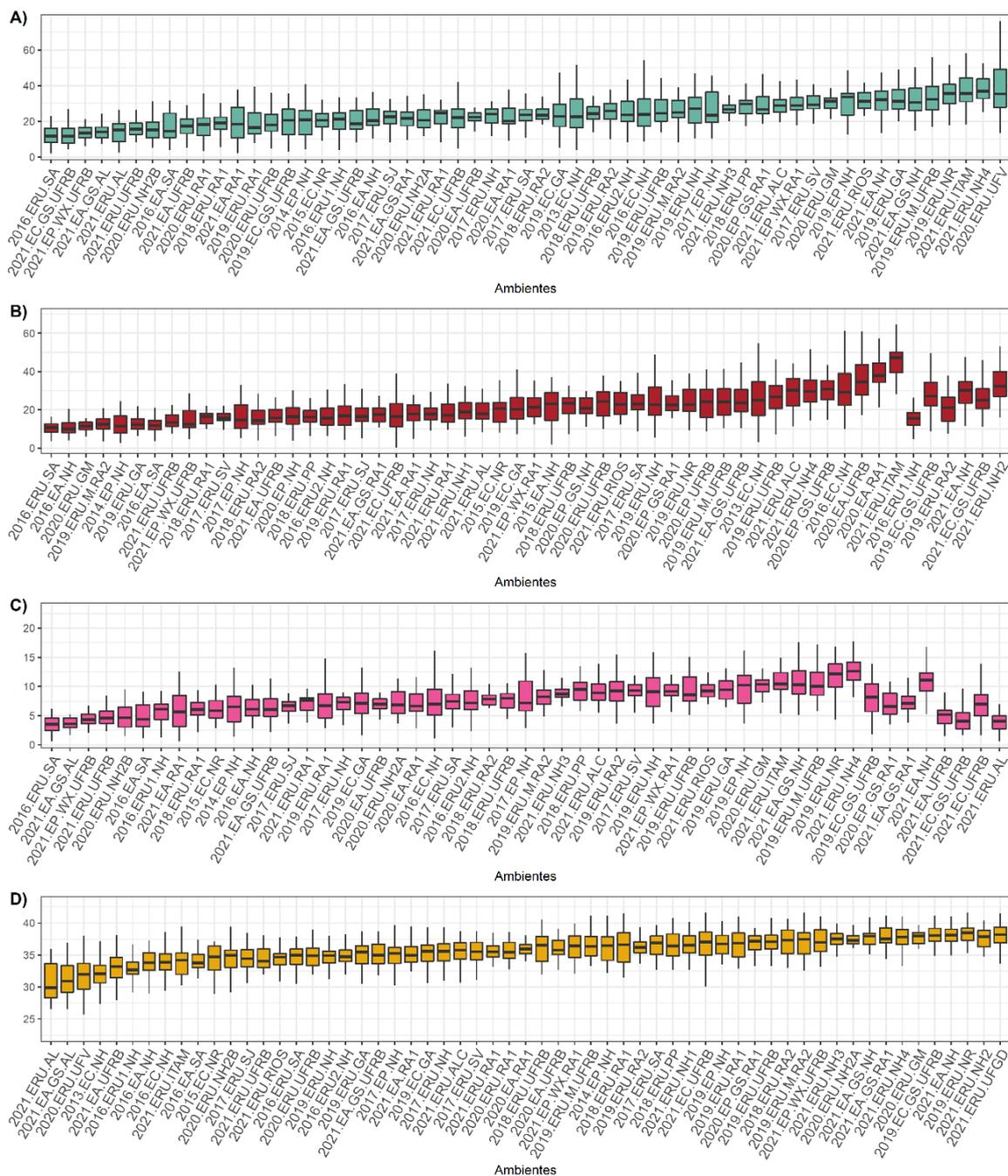


Figura suplementar S2. Boxplot da média fenotípica dos ensaios individuais para as características: A) produtividade de raízes fresca (PTR t ha⁻¹), B) produtividade da parte aérea (PPA t ha⁻¹), C) produtividade de raízes secas (PRS t ha⁻¹) e D) teor de matéria seca nas raízes (DMC %) de mandioca avaliadas com 22 genótipos de mandioca em 57, 56, 53 e 59 ambientes respectivamente ambientes.

CONSIDERAÇÕES FINAIS

Este estudo apresentou informações relevantes sobre a interação G×E em mandioca, que auxiliam o melhorista e a comunidade científica no planejamento e condução dos ensaios METs, e que ampliem o conhecimento e tomada de decisão no melhoramento genético de mandioca. Foram observados aspectos relacionados ao conjunto de métodos paramétrico e não paramétrico (uni e multivariado) de efeito fixo e misto, eficientes, com características semelhantes e complementares.

A análise de G×E para 10 genótipos em 10 ambientes pode resultar em uma matriz com 400 interações, portanto, a depender do tipo de ensaio (STR, PYT, AYT e UYT) onde o número de genótipos/ambientes difere a escolha do melhor método faz toda diferença, que melhor ajuste o conjunto de dados. Portanto a colaboração deste estudo é sem dúvidas, promissor para a expansão da cultura. Assim como na redução de custos com fenotipagem nos ensaios METs, com as informações e identificação de mega-ambientes.

Outro aspecto interessante e relevante deste estudo é a indicação dos índices MPS e MTMPS para a G×E mandioca, tendo em vista a recomendação para multi-características e estabilidade, algo raro nos programas de melhoramento, o que pode reduzir o tempo de recomendação de nova cultivar (ideótipo) que preencha os interesses agrônômicos, e otimização do programa de melhoramento. Existem muitas lacunas nas pesquisas de interação G×E, dada a complexidade deste fenômeno, por exemplo, tanto na identificação de genes associado a estabilidade para as principais características agrônômicas, quanto em critérios para definir o número correto de genótipos/ambientes para compor os ensaios para estudo da G×E. Portanto, em um futuro próximo, associado a estes novos conhecimentos, os métodos aqui apresentados podem contribuir para expansão do programa de melhoramento genético de mandioca.

Por fim, o uso do fator analítico para os estudos da interação G×E, associados à covariáveis ambientais em mandioca são escassos, tendo em vista, que as variáveis climáticas serão um dos principais fatores limitantes para expansão da agricultura mundial. Os estudos aqui apresentados evidenciam traços interessantes da mandioca, influenciado pelo clima, que podem ajudar ao melhorista a identificar no banco ativo de germoplasma de mandioca, acessos

que apresentam genes de interesse, associado ao fator climático, por meio do melhoramento preventivo, antecipando as condições futuras.