

PAULO EDUARDO TEODORO

**INTERAÇÃO ENTRE GENÓTIPOS DE ALGODOEIRO EM AMBIENTES
REPRESENTATIVOS DO CERRADO BRASILEIRO**

Tese apresentada à Universidade Federal de Viçosa,
como parte das exigências do Programa de Pós-
Graduação em Genética e Melhoramento, para
obtenção do título de *Doctor Scientiae*.

VIÇOSA
MINAS GERAIS - BRASIL
2017

**Ficha catalográfica preparada pela Biblioteca Central da Universidade
Federal de Viçosa - Câmpus Viçosa**

T

T314i
2017 Teodoro, Paulo Eduardo, 1992-
Interação entre genótipos de algodoeiro em ambientes
representativos do cerrado brasileiro : . / Paulo Eduardo
Teodoro. – Viçosa, MG, 2017.
48f. : il. (algumas color.) ; 29 cm.

Inclui apêndices.

Orientador: Leonardo Lopes Bhering.

Tese (doutorado) - Universidade Federal de Viçosa.

Referências bibliográficas: f.40-43.

1. *Gossypium hirsutum*. 2. Algodão - Melhoramento genético. 3. Interação genótipos- ambientes. I. Universidade Federal de Viçosa. Departamento de Biologia Geral. Doutorado em Genética e Melhoramento. II. Título.

CDD 22 ed. 633.51

PAULO EDUARDO TEODORO

**INTERAÇÃO ENTRE GENÓTIPOS DE ALGODOEIRO EM AMBIENTES
REPRESENTATIVOS DO CERRADO BRASILEIRO**

Tese apresentada à Universidade Federal
de Viçosa, como parte das exigências do
Programa de Pós-Graduação em
Genética e Melhoramento, para obtenção
do título de *Doctor Scientiae*.

APROVADA: 30 de outubro de 2017.


Camila Ferreira Azevedo


Cosme Damiano Cruz


Moyes Nascimento


Flavio Dessaune Tardin


Leonardo Lopes Bhering
(Orientador)

A Deus, por me guiar em todo meu caminho

OFEREÇO

Aos meus pais, João Adamastor e Maria do Carmo, pessoas humildes, que sempre me apoiaram e me ensinaram que a coisa mais importante na vida é o conhecimento e a educação.

À minha namorada e amiga, Larissa Pereira Ribeiro, pelo amor, carinho, companheirismo e compreensão.

DEDICO

AGRADECIMENTOS

A DEUS, pois ele é responsável por tudo que sou e tenho.

A minha mãe Maria do Carmo Severino, ao meu pai João Adamastor Teodoro, a minha namorada Larissa Pereira Ribeiro e minha irmã Laura Gabriela Teodoro por serem o meu suporte e minha inspiração durante esta caminhada.

Ao meu orientador Dr. Leonardo Lopes Bhering pelos ensinamentos, amizade e por ser um modelo de profissional a ser seguido.

A Embrapa Algodão e ao Pesquisador Dr. Francisco José Correa Farias pela parceria e a disponibilização de dados para elaboração desta tese.

Ao Professor Dr. Moysés Nascimento pela aprendizagem e suporte no decorrer do doutorado.

Ao Professor Dr. Cosme Damião Cruz pela inspiração para continuar aprendendo, pela simplicidade e genialidade.

Aos Professores Dra. Camila Ferreira Azevedo, Fabyano Fonseca e Silva e Pedro Crescêncio Souza Carneiro pelo brilhantismo e excelência nas aulas.

Ao meu amigo Dr. Leonardo de Azevedo Peixoto e demais colegas do Laboratório de Biometria pelo companheirismo e aprendizagem durante o doutorado.

Aos secretários e ao Programa de Pós-graduação em Genética e Melhoramento da Universidade Federal de Viçosa por todo apoio durante o doutorado.

A todos que de alguma forma contribuíram com amizade, dedicação e apoio para que eu chegasse ao final de mais esta etapa da minha vida, deixo aqui meus sinceros e eternos agradecimentos.

“O importante não é ter conhecimento e
sim saber o que fazer com ele.”

Aldous Huxley

BIOGRAFIA

PAULO EDUARDO TEODORO, filho de João Adamastor Teodoro e Maria do Carmo Severino, nasceu em Aquidauana/MS, no dia 24 de dezembro de 1992.

Ingressou nos cursos de Agronomia da Universidade Estadual do Mato Grosso do Sul e Engenharia Civil da Universidade Anhanguera/UNIDERP em fevereiro de 2010, concluindo-os em dezembro de 2014.

Em março de 2015 ingressou no Mestrado em Agronomia da Universidade Estadual do Mato Grosso do Sul, concluindo-o em fevereiro de 2016.

Em março do mesmo ano ingressou no Doutorado em Genética e Melhoramento da Universidade Federal de Viçosa, concluindo-o em outubro de 2017.

Em novembro de 2015 foi aprovado em Concurso para Professor de Magistério superior na Universidade Federal de Mato Grosso do Sul, Campus de Chapadão do Sul, tomando posse em fevereiro de 2017.

SUMÁRIO

RESUMO	
ABSTRACT	
INTRODUÇÃO GERAL	1
OBJETIVOS.....	6
ARTIGO 1	7
RESUMO	8
INTRODUÇÃO.....	9
MATERIAL E MÉTODOS.....	10
RESULTADOS	14
Análise de variância conjunta	14
Formação de mega-ambientes.....	14
Identificação de locais essenciais para avaliação dos genótipos	17
DISCUSSÃO	19
Magnitude da interação GxE	19
Formação de mega-ambientes.....	19
Locais essenciais para ensaios de competição com cultivares de algodoeiro.....	20
ARTIGO 2	23
RESUMO	24
INTRODUÇÃO.....	25
MATERIAL E MÉTODOS.....	26
RESULTADOS E DISCUSSÃO	30
Análise de variância conjunta	30
Adaptabilidade e estabilidade produtiva.....	31
Adaptabilidade e estabilidade da qualidade da fibra.....	33
Adaptabilidade e estabilidade multivariada	37
CONCLUSÕES GERAIS	39
BIBLIOGRAFIA	40
APÊNDICES	44

RESUMO

TEODORO, Paulo Eduardo, D.Sc., Universidade Federal de Viçosa, outubro de 2017. **Interação entre genótipos de algodoeiro em ambientes representativos do Cerrado brasileiro.** Orientador: Leonardo Lopes Bhering.

O algodoeiro herbáceo (*Gossypium hirsutum* L.) fornece cerca de 90% da fibra têxtil mundial e é uma das culturas de maior relevância industrial. A cotonicultura brasileira se concentra no Cerrado, sobretudo nas regiões Centro-Oeste e Nordeste. Devido as características edafoclimáticas distintas destes locais, um importante fator deve ser considerado nas fases finais dos programas de melhoramento: interação genótipos x ambientes (GxE). Desse modo, esta tese teve como objetivo investigar as implicações da interação entre genótipos e ambientes no melhoramento do algodoeiro cultivado no Cerrado brasileiro. Seus objetivos específicos foram: (1) dividir os locais do Cerrado brasileiro em Mega-ambientes quanto a produtividade de fibras de genótipos de algodoeiro; (2) identificar locais essenciais para a condução de ensaios em cada Mega-ambiente; (3) recomendar genótipos de algodão para o Cerrado brasileiro com base na adaptabilidade e estabilidade produtiva; (4) identificar genótipos de algodão que reúnam alta adaptabilidade e estabilidade para qualidade da fibra; (5) realizar uma recomendação de genótipos que reúnam alta adaptabilidade e estabilidade para produtividade e qualidade de fibras. A produtividade de fibras foi avaliada em 19 ensaios de competição de cultivares de algodoeiro nas safras 2013/2014 e 2014/2015. O delineamento experimental utilizado foi o de blocos casualizados com 12 tratamentos e quatro repetições. Os caracteres avaliados foram: produtividade de fibras (PRODF), comprimento de fibras (CF), resistência de fibras (RF) e micronaire (MIC). A interação genótipos x ambientes foi significativa para todos os caracteres avaliados. A identificação dos Mega-ambientes e dos locais essenciais foi realizada pelo método GGE biplot com base na PRODF. Foram identificados dois Mega-ambientes, onde os locais de Primavera do Leste e São Desidério possuem maior capacidade de discriminação dos genótipos no Mega-ambiente 1; no Mega-ambiente 2, os locais que reúnem maior poder de discriminação e representatividade são Chapadão do Sul, Pedra Preta e Trindade. Posteriormente, para cada caráter, o método de Lin e Binns modificado foi utilizado para recomendação dos melhores genótipos para todos ambientes, ambientes favoráveis e desfavoráveis. Esse método também foi utilizado de forma multivariada, visando uma recomendação dos genótipos com base nos múltiplos caracteres avaliados. Foram identificados genótipos com alta adaptabilidade e estabilidade para cada caráter. O índice utilizado identificou que os genótipos IMA 08 WS e BRS 335 são aqueles que reúnem as principais características desejáveis.

ABSTRACT

TEODORO, Paulo Eduardo, D.Sc., Universidade Federal de Viçosa, October, 2017. **Interaction among cotton genotypes in representative environments of the Brazilian Cerrado.** Adviser: Leonardo Lopes Bhering.

The herbaceous cotton (*Gossypium hirsutum* L.) supplies about 90% of the world's textile fiber and is one of the most important industrial crops. The Brazilian cotton cultivation is concentrated in the Cerrado, especially in the Midwest and Northeast regions. Due to the distinct edaphoclimatic characteristics of these environments, an important factor should be considered in the final stages of breeding programs: genotypes x environments (GxE) interaction. Thus, this thesis aimed to investigate the implications of interaction between genotypes and environments on the breeding of cotton cultivated in the Brazilian Cerrado. Its specific objectives were: (1) to divide the Brazilian Cerrado in Mega-environments in terms of fiber yield of cotton genotypes; (2) identify sites essential to conducting trials in each Mega-environment; (3) recommend genotypes of cotton for the Brazilian Cerrado based on adaptability and stability for fiber yield; (4) identify cotton genotypes that meet high adaptability and stability for fiber quality; (5) make a recommendation of genotypes that meet high adaptability and stability for fiber yield and quality. The fiber yield was evaluated in 19 competition trials of cotton cultivars in the 2013/2014 and 2014/2015 seasons. The experimental design was a randomized block with 12 treatments and four replicates. The evaluated traits were: fiber yield (PRODF), fiber length (CF), fiber resistance (RF) and micronaire (MIC). The interaction genotypes x environments was significant for all evaluated traits. The identification of Mega-environments and essential environments was performed by the GGE biplot method based on PRODF. Two Mega-environments were identified, where the Primavera do Leste and São Desidério have a greater discrimination capacity of the genotypes in Mega-environment 1; in Mega-environment 2, the sites that have the greatest power of discrimination and representativeness are Chapadão do Sul, Pedra Preta and Trindade. Thereafter, for each trait, the method of Lins and Binns modified was used for recommendation of the best genotypes for all environments, favorable and unfavorable environments. This method was also used in a multivariate context, aiming at a recommendation of the genotypes based on the multiple traits evaluated. Genotypes with high adaptability and stability were identified for each trait. The multivariate index used identified that the genotypes IMA 08 WS and BRS 335 are those that meet the main desirable traits.

INTRODUÇÃO GERAL

O algodoeiro herbáceo (*Gossypium hirsutum* L.) fornece cerca de 90% da fibra têxtil mundial e é uma das culturas de maior relevância industrial. É cultivado em mais de 30 milhões de hectares, em mais de 90 países da região temperada, subtropical e tropical do mundo (Panni et al., 2012). O Brasil é o quinto maior produtor de fibras de algodão do mundo, com produção de 1,3 milhões de toneladas (Conab, 2015); no entanto, a produtividade média de fibras (1,4 t ha⁻¹) pode ser considerada baixa quando comparada a países como China, Índia e Estados Unidos que possuem produtividade acima de 2,0 t ha⁻¹.

O melhoramento do algodoeiro para as regiões brasileiras iniciou-se em 1921 com o Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento (MAPA). Atualmente, existem diversos programas de melhoramento genético de algodão ao longo do Brasil conduzidos por empresas públicas e privadas. Dentre estas, se destacam: Embrapa Algodão, EPAMIG, IAC, Deltapine Land Company, Bayer Cropscience e Coodetec (Freire, 2015). O principal objetivo destes programas é desenvolver cultivares de algodão com alta produtividade e qualidade de fibras para processamento na indústria têxtil.

Portanto, para atender os objetivos dos produtores e da indústria têxtil os programas supracitados buscam melhorar caracteres quantitativos, que podem ser classificados como agronômicos (altura de plantas, dias para maturação, massa e número de capulhos, porcentagem de fibras e produtividade de fibras) e tecnológicos (micronaire, comprimento e resistência de fibras, índice de fibras curtas, fiabilidade). Esses caracteres resultam da ação de vários genes e são altamente influenciados pelo ambiente.

A formação das fibras do algodão ocorre na epiderme das sementes e, cada fibra formada, é uma célula simples que se alonga a partir da fecundação da flor, crescendo 1 mm/dia até alcançar seu comprimento máximo (Freire, 2015). Nesse sentido, a formação da fibra é resultado de um complexo processo biológico, que ocorre num período entre 50 e 75 dias após a abertura da flor. Um dos principais fatores climáticos que influenciam na qualidade das fibras

é a temperatura. Reddy et al. (1991) relatam que em temperaturas elevadas o algodão apresenta acentuada redução da sua capacidade fotossintética, o que acarreta a produção de fibras com micronaire elevada e comprimento final reduzido.

Dados da Conab (2017) demonstram que o cultivo de algodão em média e larga escala ocorre em diversos Estados do Brasil (Bahia, Goiás, Mato Grosso, Mato Grosso do Sul, Maranhão, Minas Gerais, Piauí e São Paulo). Todavia, mais de 80% da produção nacional encontra-se nas regiões Centro-Oeste e Nordeste. Dada a vasta extensão territorial do Brasil e as características edafoclimáticas peculiares de cada Estado e/ou região, um importante fator deve ser considerado para recomendação dos genótipos: interação Genótipos x Ambientes (GxE).

Cruz et al. (2012) associam a existência da interação GxE a dois fatores: simples e complexo. O primeiro é proporcionado pela diferença da variabilidade entre os genótipos ao longo dos ambientes e não causa dificuldades na recomendação, pois não ocorrem alterações no ranqueamento dos genótipos. A interação complexa ocorre devido a falta de correlação entre o desempenho dos genótipos ao longo dos ambientes, ou seja, o genótipo com melhor desempenho em um ambiente pode não ser o mesmo em outro(s) ambiente(s).

Para compreender a magnitude da interação GxE é necessário avaliar um conjunto de genótipos em diversos locais. Em virtude disto, a Embrapa Algodão dividiu sua rede experimental em duas grandes regiões: Cerrado e Semi-árido. Todavia, dados da Conab (2017) demonstram que a cotonicultura brasileira se concentra no Cerrado. Esse bioma ocupa cerca de 22% do território nacional e possui características climáticas peculiares ao longo de sua extensão em termos de precipitação, temperatura, umidade relativa do ar, além de diferentes tipos de solo.

Recentemente, neste bioma tem se destacado uma importante modalidade de cultivo denominada algodão de segunda safra, caracterizada pela semeadura do algodão após a colheita de uma cultura anterior em sistema de sequeiro (Freire, 2015). Essa prática tem sido realizada

por produtores da região Centro-Oeste após a colheita da soja, semeada no início de outubro. Esse fato também contribui para a interação GxE observada entre os locais dispostos no Cerrado, pois as condições climáticas da segunda safra são distintas daquelas encontradas na safra tradicional.

Nesse sentido, uma importante informação para os programas de melhoramento diz respeito a estratificação ambiental. Torna-se importante identificar similaridade no padrão de resposta dos genótipos ao longo da rede experimental. Lin (1982) propôs um algoritmo para estimar a soma de quadrados da interação GxE e agrupar ambientes cuja interação não é significativa. Além de facilitar a recomendação dos melhores genótipos, esse procedimento possibilita avaliar a representatividade da rede e permite o melhorista tomar decisões quanto ao descarte de ambientes, visando minimizar o custo com os ensaios.

Todavia, na prática torna-se difícil identificar ambientes cuja interação GxE seja não significativa e, apesar de importante, o método proposto por Lin (1982) têm sido pouco empregado no algodoeiro. Ambientes que apresentem interação GxE predominantemente do tipo simples também podem ser explorados pelos melhoristas visando uma recomendação simplificada. Yan et al. (2000) desenvolveram um método denominado GGE biplot, que refere-se a soma dos efeitos genotípicos (G) mais os efeitos da interação GxE. Neste método, um gráfico biplot é construído pela plotagem dos dois primeiros componentes principais (PC1 e PC2) derivados da decomposição em valor singular de uma tabela de dupla entrada contendo as médias de cada genótipo ao longo dos ambientes.

A partir do biplot gerado com os scores de genótipos e ambientes é possível verificar se existe(m) Mega-ambiente(s) no conjunto de ambientes testados. Mega-Ambientes são grupos que reúnem dois ou mais ambientes formados pela combinação local-ano cujos vetores estão próximos entre si, formando ângulos agudos (Yan et al., 2001). Yan et al. (2010) relatam que esta análise é eficiente para identificar Mega-ambientes em ensaios conduzidos em no mínimo seis locais. Quando o objetivo for empregar esta análise para identificar Mega-ambientes, o

efeito de ambientes deve ser considerado aleatório, pois caso nenhum Mega-ambiente seja identificado, o grupo de ambientes testado forma um único Mega-ambiente.

Em cada Mega-ambiente é importante identificar os locais que possuem maior representatividade deste grupo e que consigam discriminar adequadamente o conjunto de genótipos avaliados. Yan et al. (2000) denominam este local como essencial e deve conter elevada pontuação (em módulo) para o primeiro componente principal (PC1) e próxima a zero para o segundo (PC2). O PC1 apresenta alta correlação com os efeitos genotípicos e infere sobre capacidade de distinguir os genótipos, enquanto o PC2 possui alta correlação com a interação GxE e, portanto, para maior representatividade baixas estimativas são necessárias.

Quando não é possível formar Mega-ambientes, genótipos com ampla adaptabilidade devem ser utilizados para a região de interesse. Atualmente, existem diversas metodologias utilizadas para recomendação de genótipos em presença de interação GxE significativa, que tem sido investigada pelos melhoristas desde o início do século XX. Em três décadas houve grande alteração no conceito de estabilidade destas metodologias. Inicialmente, este conceito era baseado em pequenas variações do caráter ao longo dos ambientes (invariância) (Plaisted e Petterson, 1959). Posteriormente, esse conceito foi modificado para capacidade de resposta em relação a um genótipo hipotético ideal (Cruz et al., 1989), que consegue melhorar o caráter de interesse em ambientes favoráveis e mantê-lo sob condições satisfatórias em condições desfavoráveis.

Os programas de melhoramento objetivam desenvolver genótipos superiores aos que estão em uso no mercado. Para isso, é necessário que estes novos genótipos reúnam uma série de atributos desejáveis. Contudo, para a grande maioria das culturas comerciais, o principal caráter de interesse dos programas de melhoramento é a produtividade, seja ela de grãos, frutos, fibras, óleo ou forragem. Por isso, rotineiramente, as análises de adaptabilidade e estabilidade são empregadas sobre este caráter. Todavia, em culturas como o algodão existem outros

caracteres a serem considerados na recomendação dos melhores genótipos, dentre os quais destacam-se os tecnológicos relacionados à qualidade de fibra.

Apesar da evolução do conceito de estabilidade e da grande quantidade de métodos desenvolvidos nos últimos anos para investigar a interação GxE, ainda são escassos aqueles que investigam simultaneamente vários caracteres. Visando suprir esta demanda específica, Carneiro (1998) aprimorou o método de Lin e Binns (1988), baseado em estatística não paramétrica. As modificações incorporadas permitem estimar a adaptabilidade e estabilidade dos genótipos em relação ao genótipo ideal proposto por Cruz et al. (1989) e, por meio da padronização da estatística P_i , é possível realizar uma recomendação com base em múltiplos caracteres. Essas modificações fizeram com que este método seja um dos mais promissores para uso no algodoeiro. Contudo, ainda são inexistentes relatos do seu emprego nesta cultura.

OBJETIVOS

Esta tese teve como objetivo investigar as implicações da interação entre genótipos e ambientes no melhoramento do algodoeiro cultivado no Cerrado brasileiro. Seus objetivos específicos foram:

- dividir os locais do Cerrado brasileiro em Mega-ambientes quanto a produtividade de fibras de genótipos de algodoeiro;
- identificar locais essenciais para a condução de ensaios em cada Mega-ambiente;
- recomendar genótipos de algodão para o Cerrado brasileiro com base na adaptabilidade e estabilidade produtiva;
- identificar genótipos de algodão que reúnam alta adaptabilidade e estabilidade para qualidade da fibra;
- realizar uma recomendação de genótipos que reúnam alta adaptabilidade e estabilidade para produtividade e qualidade de fibras.

**ARTIGO 1: Identificação de locais essenciais para ensaios de competição de cultivares
de algodão no Cerrado brasileiro**

RESUMO

Nas fases finais dos programas de melhoramento de algodoeiro do Brasil, as cultivares são testadas anualmente em diferentes ambientes. Dessa forma, torna-se importante identificar grupos de ambientes com características edafoclimáticas similares, e dentro destes, os locais com maior poder de discriminação dos genótipos, que denomina-se locais essenciais. Este trabalho teve como objetivo dividir os locais do Cerrado brasileiro em Mega-ambientes quanto a produtividade de fibras de genótipos de algodoeiro e identificar locais essenciais para a condução de ensaios em cada Mega-ambiente. A produtividade de fibras foi avaliada em 19 ensaios de competição de cultivares de algodoeiro nas safras 2013/2014 e 2014/2015. O delineamento experimental utilizado foi o de blocos casualizados com 12 tratamentos e quatro repetições. Após verificar interação genótipos x ambientes (GxE) significativa, a identificação dos Mega-ambientes e dos locais essenciais foi realizada pelo método GGE biplot. Foram identificados dois Mega-ambientes, onde os locais de Primavera do Leste e São Desidério possuem maior capacidade de discriminação dos genótipos no Mega-ambiente 1; no Mega-ambiente 2, os locais que reúnem maior poder de discriminação e representatividade são Chapadão do Sul, Pedra Preta e Trindade.

PALAVRAS-CHAVE: *Gossypium hirsutum*, interação genótipos x ambientes, produtividade de fibras.

INTRODUÇÃO

O algodoeiro herbáceo (*Gossypium hirsutum* L.r. latifolium Hutch.) produz uma das mais importantes fibras têxteis do mundo, sendo uma das principais culturas de importância econômica no Brasil (Carvalho et al., 2015a). No cenário mundial, o Brasil é o quinto maior produtor mundial de algodão em pluma, com 1,5 milhões de toneladas produzidas na safra 2014/15. No Brasil, as principais regiões produtoras são o Centro-Oeste e o Nordeste, com destaque para os estados da Bahia e Mato Grosso, que juntos somam 70% da produção nacional (Conab, 2015).

Nas fases finais dos programas de melhoramento de algodoeiro do Brasil, as cultivares são testadas anualmente em diferentes ambientes (E), antes de sua recomendação final e multiplicação. Visto que, na maioria das vezes, estes ambientes possuem características edafoclimáticas distintas, há interação entre genótipos e ambientes (GxE). Identificar a magnitude da interação GxE possibilita avaliar as estratégias de seleção e assegura alto grau de confiabilidade na recomendação de genótipos, maximizando a produtividade e outros atributos agronômicos de interesse para um determinado local ou grupo de ambientes (Cruz et al., 2012).

Recentemente, o método GGE biplot, desenvolvido por Yan et al. (2000), tem sido amplamente empregado para investigar os padrões da interação GxE no algodoeiro em países como China (Nai-yin et al., 2013), Espanha (Baxevanos et al., 2008) e Estados Unidos (Blanche e Myers, 2006; Ng et al., 2013). Esse método utiliza componentes principais aplicados aos efeitos de genótipos (G) mais GxE para a delimitação de Mega-ambientes, identificação de locais de teste e recomendação dos melhores genótipos. A forma e os padrões mostrados no biplot, incluindo as correlações entre os ambientes de teste, dependem da magnitude relativa dos efeitos de G e GxE. O efeito de G decorre do desempenho semelhante dos genótipos ao longo dos ambientes, enquanto a interação GxE é proveniente de um desempenho diferencial dos genótipos ao longo dos ambientes (Yan et al., 2010).

A definição do(s) Mega-ambiente(s) é feita através de um polígono formado com os genótipos mais afastados no biplot. São traçadas linhas da origem ao centro de cada vértice do polígono, dividindo o biplot em setores. Um setor contendo dois ou mais ambientes é denominado Mega-ambiente, que influenciam de modo semelhante o desempenho dos genótipos próximos a este grupo (Yan et al., 2000; Yang et al., 2009).

Os programas de melhoramento também necessitam de ambientes onde a discriminação dos genótipos é grande o suficiente para selecioná-los de forma eficaz. Além disto, este ambiente deve ser representativo da região ou Mega-ambiente no qual ele está inserido. Um ambiente ideal deve ter valores próximos ao ponto médio dos ambientes no eixo do ambiente médio (maior poder de discriminação do genótipo em termos de efeitos principais de genótipos) e pontuação zero para o segundo componente principal da matriz $G + G \times E$ (maior representatividade de todos os outros ambientes) (Yan e Tinker, 2006). Com isso, os custos de avaliação de campo podem ser reduzidos sem perda de informações importantes para classificação dos genótipos (Yan et al., 2007).

Este trabalho teve como objetivo dividir os locais do Cerrado brasileiro em Mega-ambientes quanto a produtividade de fibras de genótipos de algodoeiro e identificar locais essenciais para a condução de ensaios em cada Mega-ambiente.

MATERIAL E MÉTODOS

Foram conduzidos 19 ensaios de competição de cultivares de algodoeiro nas safras 2013/2014 e 2014/2015. Os ambientes foram constituídos pelas combinações entre municípios e safras cujas características edafoclimáticas estão expressas na Tabela 1. A representação gráfica dos locais está contida na Figura 1. O delineamento experimental utilizado foi o de blocos casualizados com 12 tratamentos (TMG 41 WS, TMG 43 WS, IMA CV 690, IMA 5675 B2RF, IMA 08 WS, NUOPAL, DP 555 BGRR, DELTA OPAL, BRS 286, BRS 335, BRS 368 RF, BRS 369 RF) e quatro repetições. A unidade experimental foi constituída por quatro linhas

de 5,0 m de comprimento, espaçadas em 0,90 m entre fileiras com uma densidade de 9 plantas m⁻¹. Em cada unidade experimental, a produtividade de fibras foi avaliada nas duas fileiras centrais, sendo corrigida para 13% de umidade e extrapolada para kg ha⁻¹.

Tabela 1. Abreviações, coordenadas geográficas e características climáticas dos ambientes avaliados.

Local/Estado	Sigla	Safra	Altitude (m)	Latitude (S)	Longitude (W)	Precipitação anual (mm)	Temperatura média anual (°C)	Clima ¹
Trindade/MG	TRI	2013/2014	927	21°06'	44°10'	1467	23.2	Aw
Santa Helena do Goiás/GO	SHE1 SHE2	2013/2014 2014/2015	562	17°48'	50°35'	1539	24.3	Aw
Primavera do Leste/MT	PVA1 PVA2 PVA3 PVA4	2013/2014 2014/2015 2014/2015 2014/2015	465	15°33'	54°17'	1784	22.0	Aw
Campo Verde/MT	CV1 CV2	2013/2014 2014/2015	736	15°32'	55°10'	1902	26.3	Af
Sinop/MT	SIN	2013/2014	345	11°51'	55°30'	1818	25.0	Aw
Pedra Preta/MT	PPA1 PPA2	2013/2014 2014/2015	248	16°37'	54°28'	489	25.1	Bsh
Luiz Eduardo Magalhães/BA	LEM	2013/2014	769	12°5'	45°47'	1511	24.2	Aw
São Desidério/BA	SDES	2013/2014	497	12°21'	44°58'	1289	24.7	Aw
Montividiu/GO	MON	2013/2014	821	17°26'	51°10'	1512	23.0	Aw
Magalhães de Almeida/MA	MAG	2013/2014	36	03°23'	42°12'	1430	27.2	Aw
Teresina/PI	TER	2013/2014	72	05°05'	42°48'	1349	27.6	Aw
Chapadão do Sul/MS	CHA	2014/2015	800	18°47'	52°37'	1600	22.7	Aw
Sorriso/MT	SOR	2014/2015	365	12°32'	55°42'	1883	25.0	Aw

¹: de acordo com a classificação de Köppen.

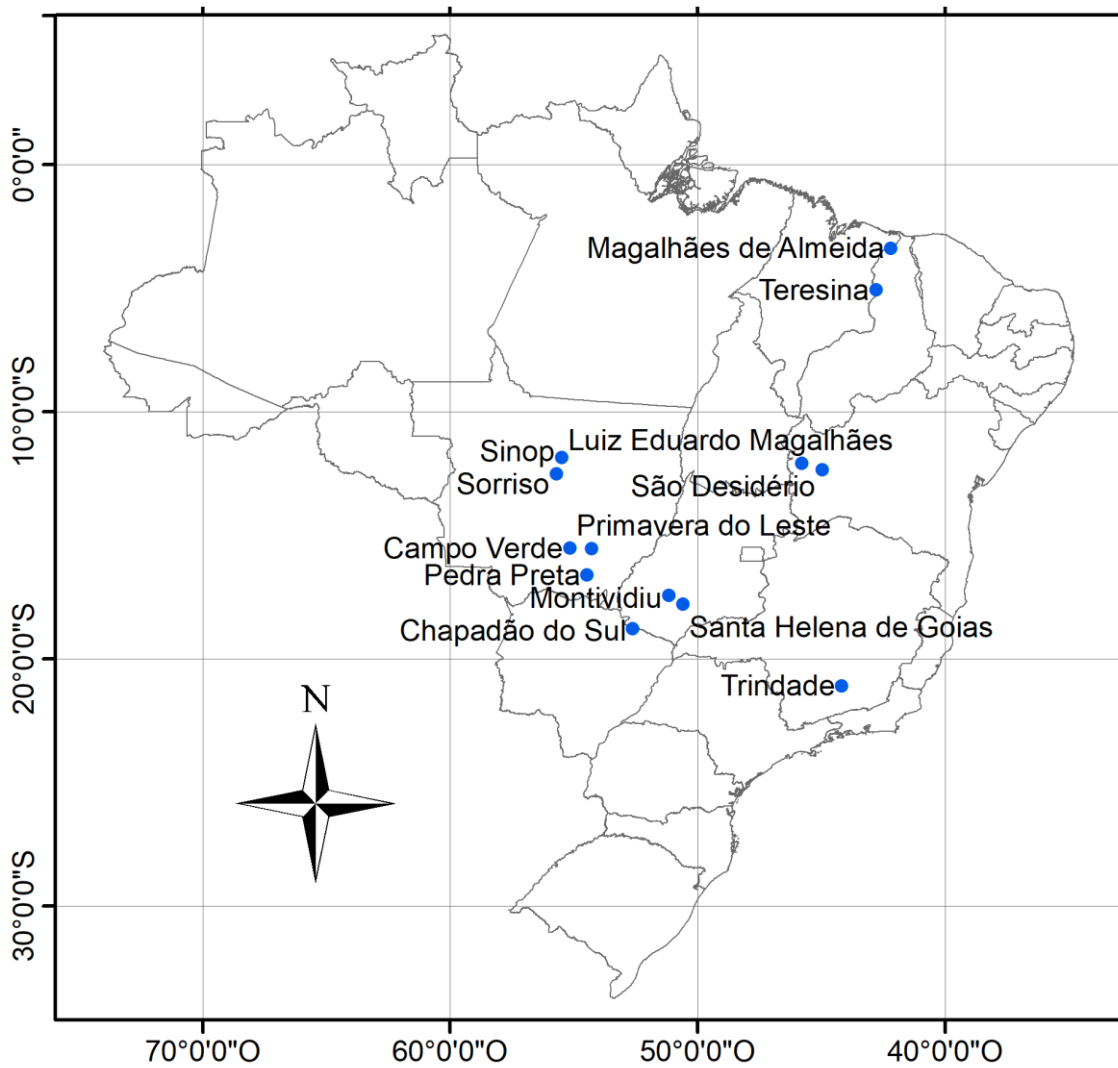


Figura 1. Representação gráfica dos locais utilizados no mapa político do Brasil.

Inicialmente, foram realizadas análises de variância individuais para cada ambiente e, posteriormente, análise de variância conjunta de acordo com o modelo estatístico descrito na Equação 1:

$$Y_{ijk} = \mu + B/E_{jk} + G_i + E_j + G \times E_{ij} + e_{ijk} \quad (1)$$

em que: Y_{ijk} é a observação no k-ésimo bloco, avaliada no i-ésimo genótipo e j-ésimo ambiente; μ é a média geral dos experimentos; B/E_{jk} é o efeito do bloco k dentro do ambiente j; G_i é o efeito do i-ésimo genótipo considerado como fixo; E_j é o efeito do j-ésimo ambiente considerado como aleatório; $G \times E_{ij}$ é o efeito aleatório da interação entre o genótipo i e o

ambiente j ; e_{ijk} é o erro aleatório associado a observação Y_{ijk} . Para esta análise foi utilizado o software Genes (Cruz, 2013).

As correlações fenotípicas (r_F) entre os pares de ambientes foram estimadas de acordo com a Equação 2:

$$r_F = \frac{COV_{F(xy)}}{\sqrt{\hat{\sigma}_{F_x}^2 \times \hat{\sigma}_{F_y}^2}} \quad (2)$$

em que: $COV_{F(xy)}$ é a estimativa da covariância fenotípica entre os ambientes X e Y; $\hat{\sigma}_{F_x}^2$ é a estimativa da variância fenotípica do ambiente X; $\hat{\sigma}_{F_y}^2$ é a estimativa da variância fenotípica do ambiente Y. Para expressar graficamente a relação funcional entre as estimativas dos coeficientes de correlações entre os ambientes foi utilizada a rede de correlações, em que a proximidade entre os nós (traços) é proporcional ao valor absoluto da correlação entre esses nós (Fruchterman e Reingold, 1991). A espessura das bordas foi controlada por aplicação de um valor de corte igual 0,60, o que significa que apenas $|r_{ij}| \geq 0,60$ têm as suas arestas em destaque. Finalmente, correlações positivas foram destacadas na cor verde, enquanto as negativas foram representadas em vermelho. Esta análise foi realizada com software Rbio (Bhering, 2017).

Após, o método GGE biplot foi empregado de acordo com a Equação 3:

$$Y_{ij} - y_j = \lambda_1 \alpha_{i1} \beta_{j1} + \lambda_2 \alpha_{i2} \beta_{j2} + \varepsilon_{ij} \quad (3)$$

em que: Y_{ij} representa a produtividade média do genótipo i no ambiente j ; y_j é a média geral dos genótipos no ambiente j ; λ_1 e λ_2 são os valores singulares do primeiro e segundo componente principal, respectivamente; α_{i1} e α_{i2} são os dois primeiros autovetores para o i -ésimo genótipo; β_{j1} e β_{j2} são os dois primeiros autovetores para o j -ésimo ambiente; e ε_{ij} é o erro associado ao modelo bidimensional, ou seja, a porcentagem dos efeitos $G + G \times E$ não explicada pelos dois primeiros componentes principais. Posteriormente, o método supracitado foi aplicado em cada Mega-ambiente formado para identificação dos locais essenciais. Esta análise foi realizada com o software GGEBiplot (Yan, 2001).

RESULTADOS

Análise de variância conjunta

O efeito de G foi significativo ($p \leq 0,05$) em todos os locais avaliados (Tabela S1). Isso indica que pelo menos um contraste entre médias é diferente em cada local. O teste F revelou efeito significativo ($p \leq 0,05$) para G, E e interação GxE. O coeficiente de variação (CV) em cada local foi inferior a 12%, conduzindo a uma baixa estimativa na ANOVA conjunta (9,45%), conforme verificado na Tabela 2.

Tabela 2. Análise de variância conjunta para a produtividade de fibras (kg ha^{-1}) de 12 genótipos precoces de algodoeiro avaliados em 19 locais do Cerrado brasileiro nas safras 2013/2014 e 2014/2015.

Fontes de variação	Graus de liberdade	Quadrado médio
Blocos/Ambientes	57	42223,61
Genótipos (G)	11	714991,03*
Ambientes (E)	18	10599770,42*
GxE	198	198986,84*
Resíduo	627	27348,60
Média	---	1750,08
Coeficiente de variação (%)	---	9,45

*: significativo a 5% de probabilidade pelo teste F.

Formação de mega-ambientes

O biplot do efeito de G + GxE está contido na Figura 2 e demonstra a relação entre os ambientes de teste avaliados. Neste gráfico, o cosseno do ângulo formado por dois vetores expressa a correlação fenotípica entre estes ambientes (Yan e Tinker, 2006; Yan et al., 2010). Portanto, é possível observar a formação de dois grupos de ambientes distintos, denominados Mega-ambientes. Os locais contidos em cada Mega-ambiente possuem vetores que formam entre si ângulos agudos ($< 90^\circ$).

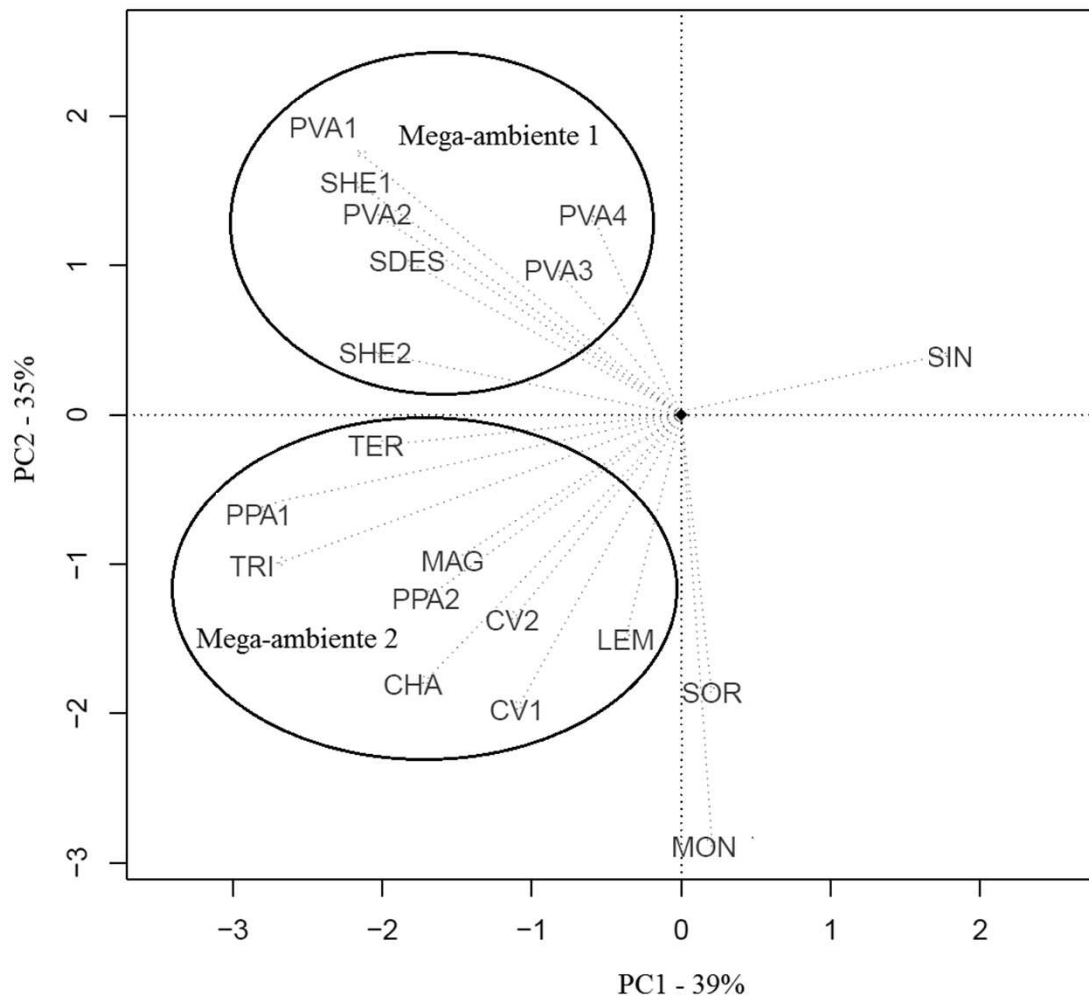


Figura 2. GGE biplot da produtividade de fibras de 12 genótipos precoces de algodoeiro avaliada em 19 locais do Cerrado brasileiro nas safras 2013/2014 e 2014/2015; PC1 e PC2: primeiro e segundo componente principal, respectivamente; Ambientes descritos na Tabela 1.

O Mega-ambiente 1 foi formado pelos locais Primavera do Leste (PVA1, PVA2, PVA3, PVA4), Santa Helena de Goiás (SHE1 e SHE2) e São Desidério (SDES). Dentre estes ambientes, apenas SHE2 e PVA2 foram classificados como desfavoráveis (Figura 3), por obterem média abaixo da média geral dos ambientes. Os ambientes Teresina (TER), Pedra Preta (PPA1 e PPA2), Trindade (TRI), Magalhães de Almeida (MAG), Chapadão do Sul (CHA), Campo Verde (CV1 e CV2) e Luiz Eduardo Magalhães (LEM) formaram o Mega-ambiente 2. Destes, CV1, CV2, LEM, MAG foram classificados como desfavoráveis. É importante destacar que a média dos Mega-ambientes 1 e 2 (1870 e 1940 kg ha^{-1} , respectivamente) foi superior à

média geral dos ensaios. Além disto, os ambientes com as menores médias (SIN, SOR e MONT) não foram alocados em nenhum dos Mega-ambientes identificados.

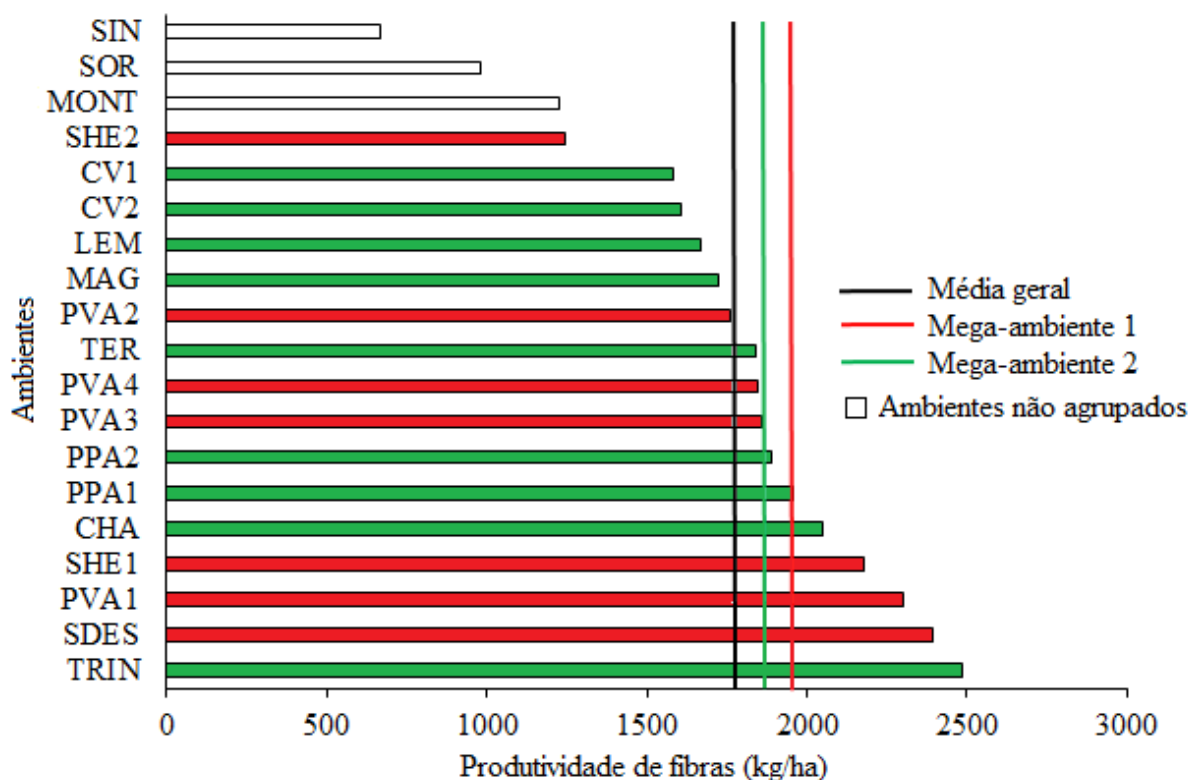


Figura 3. Média da produtividade de fibras de 12 genótipos de algodoeiro cultivados em 19 ambientes no Cerrado brasileiro.

Para verificar a consistência dos Mega-ambientes formados, foram estimadas as correlações fenotípicas entre pares de locais, que foram expressas graficamente pela rede de correlações (Figura 4). É possível verificar que a maioria dos locais contidos no Mega-ambiente 1 apresentaram correlações positivas e de magnitude moderada entre si (média de 0,4012). Os locais contidos no Mega-ambiente 2 apresentaram correlações positivas de magnitude moderada a alta. O ambiente SHE2 apresentou correlação positiva e de magnitude moderada a elevada com PPA1 e TER, o que justifica a proximidade entre seus vetores observada na Figura 2.

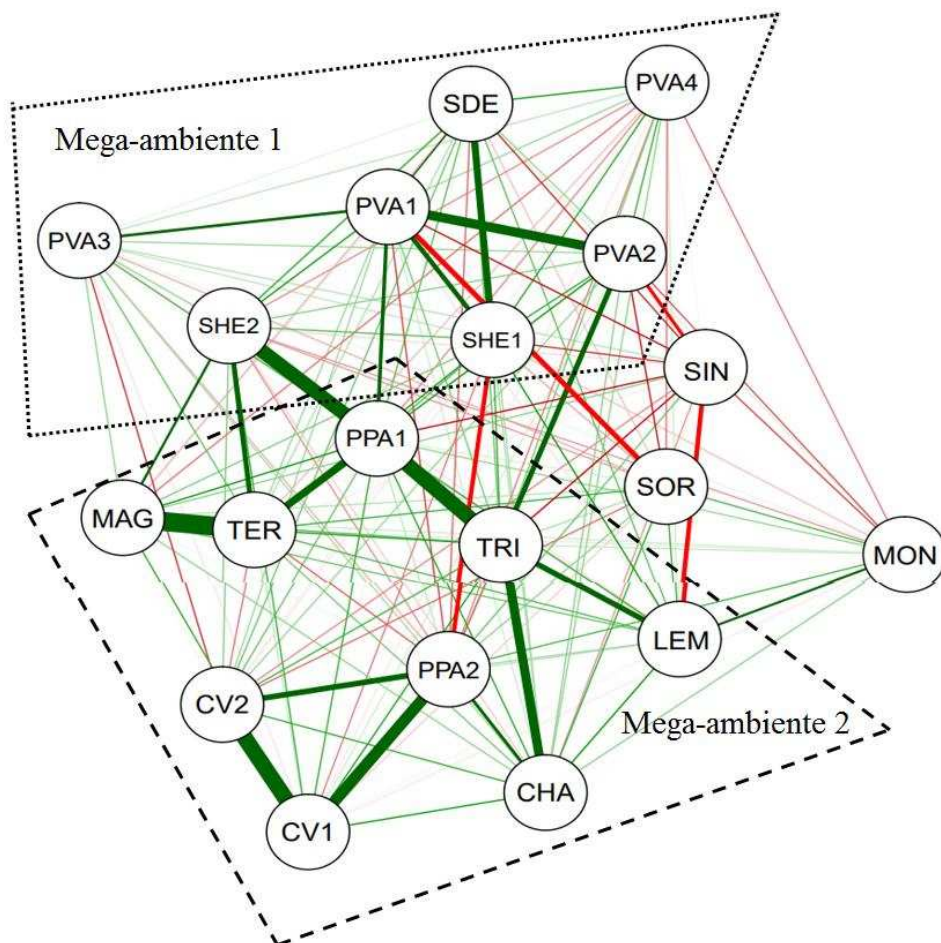


Figura 4. Rede de correlações fenotípicas entre os ambientes avaliados. Ambientes descritos na Tabela 1. Correlações positivas foram destacadas na cor verde, enquanto as negativas foram representadas em vermelho; a espessura dos traços é proporcional à magnitude da correlação.

Identificação de locais essenciais para avaliação dos genótipos

As Figuras 5 A e B demonstram a média e a estabilidade dos locais contidos nos Mega-ambientes 1 e 2, respectivamente. Nestas Figuras, o eixo das abcissas é denominado eixo do ambiente médio (EAM), sendo traçado a partir da origem do biplot em direção a média geral dos ambientes, representada por um pequeno círculo contendo uma seta dentro (Yan et al., 2000; Yang et al., 2009). Dessa forma, para o Mega-ambiente 1 os locais essenciais são os de São Desidério (SDES) localizado na Bahia e Primavera do Leste (PVA) no Mato Grosso (Figura 5). Para o Mega-ambiente 2, os locais que reúnem maior poder de discriminação e

representatividade são Chapadão do Sul (CHA), Pedra Preta (PPA) e Trindade (TRI) (Figura 6).

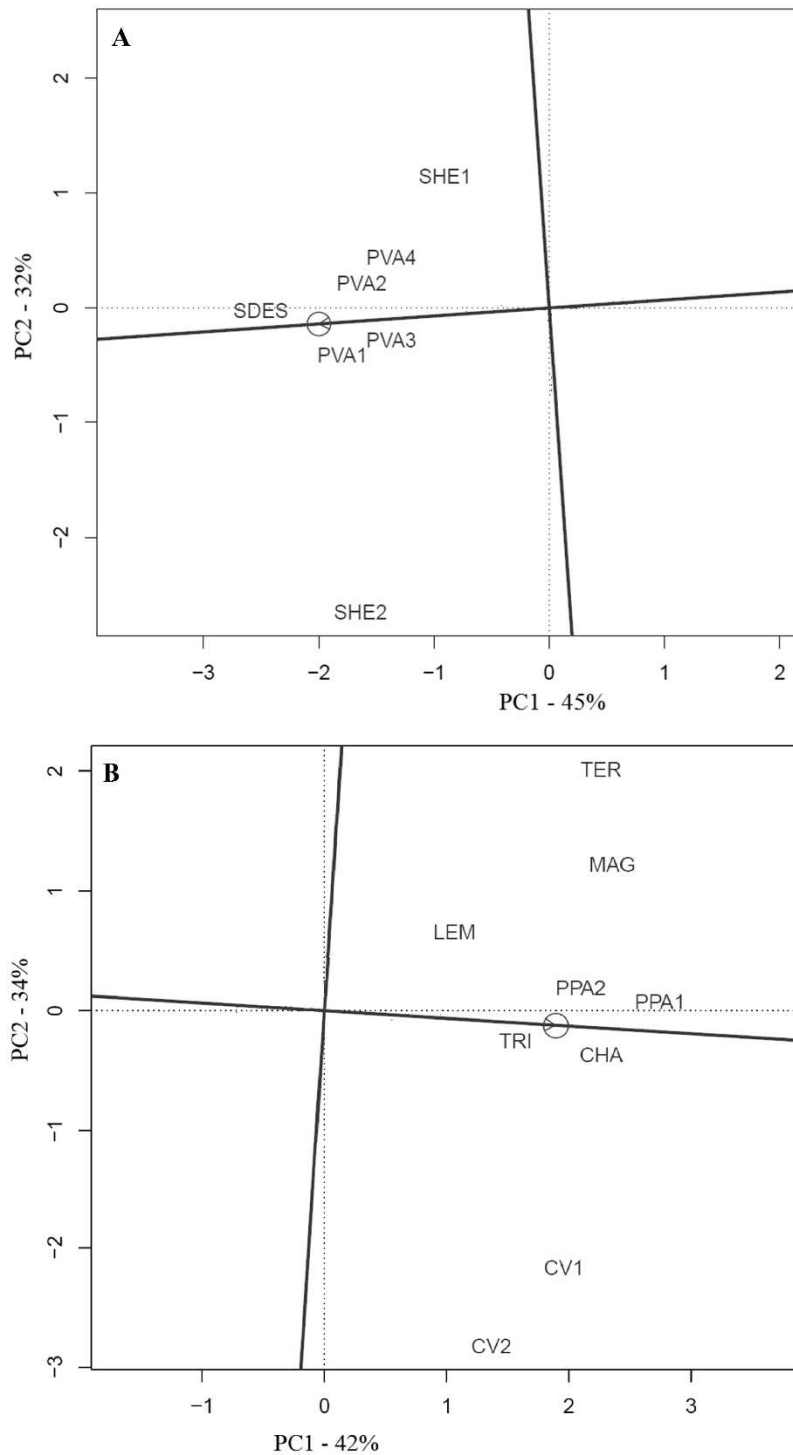


Figura 5. Representatividade de sete ambientes contidos no Mega-ambiente 1 (A) e nove ambientes no Mega-Ambiente 2 (B). PC1 e PC2: primeiro e segundo componente principal, respectivamente; Ambientes descritos na Tabela 1.

DISCUSSÃO

Magnitude da interação GxE

A presença de interação GxE significativa pode ser atribuída a fatores previsíveis, como: manejo de solo, pragas e doenças, irrigação suplementar, adubação de base, dentre outros; e imprevisíveis como: precipitação, temperatura, umidade relativa do ar e radiação solar ao longo do ciclo da cultura, dentre outros. Resultados similares foram observados por outros autores ao investigarem a interação GxE no algodoeiro em locais no Brasil (Souza et al., 2006; Suinaga et al., 2006; Silva Filho et al., 2008; Farias et al., 2016a).

A produtividade de fibras do algodoeiro é um caráter complexo, governado por muitos genes de pequeno efeito sobre o fenótipo e influenciada pela produtividade de algodão em caroço e porcentagem de fibras (Farias et al., 2016b). Os valores de CV obtidos nas ANOVAS individuais e conjuntas revelam boa precisão experimental de acordo com os critérios de Pimentel-Gomes (1985) e são inferiores a outros trabalhos com competição de genótipos de algodoeiro (Blanche e Myers, 2006; Baxevanos et al., 2008; Ng et al., 2013; Nai-yin et al., 2013; Farias et al., 2016b). Portanto, os dados aqui apresentados possuem credibilidade para investigação dos ambientes essenciais para estes ensaios.

Formação de mega-ambientes

O Brasil é um país com uma vasta extensão territorial, sendo o algodoeiro cultivado em diversos Estados, sobretudo nas regiões Centro-Oeste e Nordeste. Isto acarreta alta variabilidade em termos de tipo de solo e condições climáticas. No Centro-Oeste, é comum os agricultores cultivarem o algodão em segunda safra, após a colheita da soja, gerando riscos climáticos como falta de chuva no decorrer do ciclo da cultura. Adicionalmente, existem flutuações em termos de altitude, latitude e longitude nas principais regiões produtoras de algodão no Brasil. Tais características peculiares do país reforçam a importância de estudos de estratificação ambiental para as principais culturas agrícolas, como o algodão.

Os dois primeiros componentes principais captaram 74% da variação total dos efeitos de G + GxE. Esta estimativa atende a porcentagem mínima de explicação (70%) recomendada por Yan et al. (2000), sendo superior a estudos de estratificação ambiental que utilizaram a metodologia GGE biplot (Blanche e Myers, 2006; Baxevanos et al., 2008; Ng et al., 2013; Nai-yin et al., 2013; Farias et al., 2016b). Esta pesquisa leva à conclusão de que a rede experimental de cultivo de algodoeiro são compostos por dois Mega-ambientes. Os locais pertencentes a cada Mega-ambiente estão correlacionados de forma positiva na maioria dos casos. A identificação destas zonas é importante para o melhoramento do algodoeiro, pois permite otimizar o planejamento dos ensaios a serem conduzidos nos próximos anos.

Farias et al. (2016a) utilizaram a metodologia GGE biplot para investigar a interação GxE em 16 genótipos de algodoeiro cultivados em oito ambientes no Estado do Mato Grosso. Os autores verificaram a presença de um Mega-ambiente composto por seis locais e realizaram uma recomendação generalizada para este conjunto de locais. No cenário mundial, a utilização da metodologia GGE biplot com esta finalidade tem sido empregada com eficiência em estudos com algodoeiro. Baxevanos et al. (2008) identificaram a formação de um Mega-ambiente composto por quatro ambientes na Espanha para a produtividade de algodão em caroço de 12 genótipos. Nai-yin et al. (2013) observaram a formação de um Mega-ambiente com 13 locais na China quanto a produtividade de fibras de 10 cultivares de algodoeiro.

Locais essenciais para ensaios de competição com cultivares de algodoeiro

As correlações positivas de magnitude moderada e forte entre os locais contidos em cada Mega-ambiente sugerem que a mesma informação sobre genótipos pode ser obtida a partir de menos ambientes e indica a possibilidade de reduzir custos nos programas de melhoramento. Desse modo, é importante identificar locais essenciais que possuem maior capacidade de discriminar os genótipos em cada Mega-ambiente.

A lei que regula a avaliação e registro das cultivares para comercialização (Brasil, 2008) exige que cada linhagem de algodoeiro seja testada em pelo menos dois anos em duas localidades ou em um local por três anos por estado. No Brasil, existem duas grandes regiões produtoras de algodão: Centro-Oeste e Nordeste. Considerando os três principais estados produtores de algodão em fibra em cada região (MT, MS e GO no Centro-Oeste; BA, MA e PI no Nordeste), são necessários no mínimo seis ensaios por região para recomendação de cultivares. Por outro lado, se um genótipo for avaliado no local mais representativo de cada Mega-ambiente aqui identificado por três anos, o número de ensaios reduziria substancialmente para seis.

Todavia, é importante identificar dentre estes locais aqueles com maior representatividade e poder de discriminação dos genótipos que estão sendo avaliados, sobretudo nas fases finais dos programas de melhoramento. Para isto, a representatividade e a habilidade de discriminação de ambientes foi avaliada em cada Mega-ambiente (Figuras 5 e 6). Os locais identificados como essenciais para cada grupo de ambientes podem ser considerados favoráveis (Figura 3), pois a produtividade de fibras foi alta, com exceção do PVA2 onde a média foi muito próxima, porém inferior à média geral dos ambientes.

Esses resultados podem estar associados à altitude, que é superior a 450 m (com exceção de Pedra Preta) nos locais que reúnem representatividade e maior capacidade de discriminação dos genótipos. Altitudes superiores a 450 m proporcionam temperaturas noturnas menores e, plantas C3 como o algodão, acumulam maior fotossíntese líquida quando comparado a locais com baixa altitude (Gipson et al., 1968; Pettigrew, 2008). Essas condições ambientais permitem aumento da duração da fase de maturação e proporcionam maior produção de botões florais no algodoeiro.

A identificação de locais essenciais para o cultivo do algodão com a utilização da metodologia GGE biplot tem sido realizada para direcionar o planejamento de programas de melhoramento em várias regiões do mundo. Blanche e Myers (2006) observaram que o

ambiente de Winnsboro irrigado possui maior habilidade de seleção de genótipos superiores na rede de ensaios de Lousiana, Estados Unidos. Baxevanos et al. (2008) identificaram Las Cabezas como ambiente ideal para condução de ensaios de competição de cultivares na Espanha. Nai-yin et al. (2013) verificaram que o ambiente de Nantong foi o mais eficaz em representar o Mega-ambiente formado por locais da China quanto a produtividade de fibras.

Por fim, é importante destacar que, em cada Mega-ambiente, foram agrupados locais em que a produtividade de fibras foi avaliada em duas safras (PVA no Mega-ambiente 1 e PP no Mega-ambiente 2). Esses resultados demonstram alta estabilidade temporal destes ambientes, pois as condições climáticas que ocorreram de uma safra para outra não foram suficientes para alterar significativamente o ranqueamento destes genótipos. Além disto, estes locais reúnem alto poder de discriminação e representatividade e condições favoráveis para o desenvolvimento dos genótipos de algodoeiro, o que reflete em alta produtividade de fibras. Esta informação é útil para os melhoristas planejarem os próximos passos para condução dos ensaios no Cerrado, minimizando recursos como mão-de-obra e tempo de implantação dos ensaios.

**ARTIGO 2: Adaptabilidade e estabilidade de genótipos de algodoeiro quanto a
produtividade e caracteres tecnológicos de fibra**

RESUMO: O desempenho dos processos têxteis e a qualidade dos produtos dependem das características tecnológicas da fibra de algodão, dentre as quais se destacam o índice micronaire, o comprimento e a resistência das fibras. Assim, esta pesquisa teve como objetivo recomendar genótipos de algodão para o Cerrado brasileiro baseado na produtividade de fibras e caracteres tecnológicos. Foram conduzidos 19 ensaios de competição de cultivares de algodoeiro nas safras 2013/2014 e 2014/2015. O delineamento experimental utilizado foi blocos casualizados com 12 tratamentos e quatro repetições. Os caracteres avaliados foram: produtividade de fibras, comprimento de fibras, resistência de fibras e micronaire. Para cada caráter, o método de Lin e Binns modificado foi utilizado para recomendação dos melhores genótipos para todos ambientes, ambientes favoráveis e desfavoráveis. Esse método também foi utilizado de forma multivariada, visando uma recomendação geral dos genótipos com base nos múltiplos caracteres avaliados. A interação genótipos x ambientes foi significativa para todos os caracteres avaliados. Foram identificados genótipos com alta adaptabilidade e estabilidade para cada caráter. O índice utilizado identificou que os genótipos IMA 08 WS e BRS 335 são aqueles que reúnem as principais características desejáveis. A partir dos resultados aqui reportados, novos cruzamentos podem ser realizados entre os genótipos que possuem alta adaptabilidade e estabilidade produtiva com aqueles cujas características industriais são adequadas.

PALAVRAS-CHAVE: *Gossypium hirsutum*, interação genótipos x ambientes, comprimento de fibras, resistência de fibras, micronaire

INTRODUÇÃO

O desempenho dos processos têxteis e a qualidade dos produtos dependem das características tecnológicas da fibra de algodão, dentre as quais se destacam o índice micronaire, o comprimento e a resistência das fibras (Ng et al., 2013). Genótipos de algodão que possuem micronaire entre 3,8 e 4,2, maior comprimento e resistência de fibras proporcionam menor torção aos fios, aumentando a produção das máquinas, além de obter tecidos mais macios, volumosos, flexíveis e maleáveis (Freire, 2015). Para se tornar competitivo no mercado global de algodão, dominado pelos Estados Unidos, cuja fibra é de excelente qualidade, os programas de melhoramento brasileiros buscam a seleção de genótipos com alta produtividade de fibras, além de características tecnológicas desejáveis como micronaire adequado, maior comprimento e resistência de fibras.

Devido à grande diversidade de cultivo do algodoeiro herbáceo (*Gossypium hirsutum* L.r. latifolium Hutch.), que atualmente abrange duas regiões do Brasil (Centro-Oeste e Nordeste), torna-se de grande importância investigar a magnitude da interação genótipos x ambientes (GxE) para a escolha da melhor estratégia de seleção e recomendação de cultivares. A estabilidade produtiva foi documentada como o segundo critério mais importante na seleção de genitores para hibridação nos programas de melhoramento públicos e privados dos Estados Unidos (Campbell e Jones, 2005). Todavia, a interação GxE impacta tanto na seleção de genótipos superiores quanto nos caracteres tecnológicos de fibra, conforme demonstrado por Carvalho et al. (2015b).

Portanto, faz-se necessário realizar análises de adaptabilidade e estabilidade fenotípica, pelas quais é possível a identificação de genótipos com comportamento previsível, que sejam responsivos às variações ambientais, em condições específicas ou amplas (Cruz et al., 2012). Atualmente, existem uma gama de métodos disponíveis para avaliar um grupo de genótipos testados em um conjunto de ambientes. Dentre estas, destaca-se a metodologia de Lin e Binns (1988), onde o parâmetro P_i é estimado com base no quadrado médio da distância entre a média

do genótipo e a resposta média máxima obtida no ambiente. Este parâmetro tem propriedade de variância e mede a resposta de um genótipo em relação ao melhor genótipo em cada ambiente. Carneiro (1998) modificou esta metodologia decompondo o estimador P_i nas partes devidas a ambientes favoráveis e desfavoráveis. Adicionalmente, propôs que o P_i seja estimado admitindo-se como resposta máxima um genótipo hipotético ideal, definido por Verma et al. (1978) como aquele que possui baixa resposta a ambientes desfavoráveis, porém é responsivo a condições favoráveis. Desse modo, os genótipos com menores estimativas possuem menor distância ao genótipo ideal, reunindo adaptabilidade e estabilidade simultaneamente.

As modificações incorporadas por Carneiro (1998) fizeram com que este método fosse apontado como o que melhor classifica e discrimina os genótipos em diversas pesquisas (Murakami et al., 2004; Amorim et al., 2006; Franceschi et al., 2010). Ademais, o P_i pode ser estimado no contexto multivariado pela padronização e soma dos P_i 's de cada caráter, possibilitando uma recomendação com base em múltiplos caracteres de interesse. Desta forma, este estudo teve como objetivo recomendar genótipos de algodão para o Cerrado brasileiro com base na adaptabilidade e estabilidade produtiva; identificar genótipos de algodão que reúnam alta adaptabilidade e estabilidade para qualidade da fibra; e verificar a possibilidade de uma recomendação de genótipos que reúnam alta adaptabilidade e estabilidade para produtividade e qualidade de fibras simultaneamente.

MATERIAL E MÉTODOS

Foram conduzidos 19 ensaios de competição de cultivares de algodoeiro nas safras 2013/2014 e 2014/2015. Os ambientes foram constituídos pelas combinações entre municípios e safras cujas características edafoclimáticas estão expressas na Tabela 1. O delineamento experimental utilizado foi o de blocos casualizados com 12 tratamentos (TMG 41 WS, TMG 43 WS, IMA CV 690, IMA 5675 B2RF, IMA 08 WS, NUOPAL, DP 555 BGRR, DELTA OPAL, BRS 286, BRS 335, BRS 368 RF, BRS 369 RF) e quatro repetições.

Tabela 1. Abreviações, coordenadas geográficas e características climáticas dos ambientes avaliados.

Local/Estado	Sigla	Safra	Altitude (m)	Latitude (S)	Longitude (W)	Precipitação anual (mm)	Temperatura média anual (°C)	Clima ¹
Trindade/MG	TRI	2013/2014	927	21°06'	44°10'	1467	23.2	Aw
Santa Helena do Goiás/GO	SHE1 SHE2	2013/2014 2014/2015	562	17°48'	50°35'	1539	24.3	Aw
Primavera do Leste/MT	PVA1 PVA2 PVA3 PVA4	2013/2014 2014/2015 2014/2015 2014/2015	465	15°33'	54°17'	1784	22.0	Aw
Campo Verde/MT	CV1 CV2	2013/2014 2014/2015	736	15°32'	55°10'	1902	26.3	Af
Sinop/MT	SIN	2013/2014	345	11°51'	55°30'	1818	25.0	Aw
Pedra Preta/MT	PPA1 PPA2	2013/2014 2014/2015	248	16°37'	54°28'	489	25.1	Bsh
Luiz Eduardo Magalhães/BA	LEM	2013/2014	769	12°5'	45°47'	1511	24.2	Aw
São Desidério/BA	SDES	2013/2014	497	12°21'	44°58'	1289	24.7	Aw
Montividiu/GO	MON	2013/2014	821	17°26'	51°10'	1512	23.0	Aw
Magalhães de Almeida/MA	MAG	2013/2014	36	03°23'	42°12'	1430	27.2	Aw
Teresina/PI	TER	2013/2014	72	05°05'	42°48'	1349	27.6	Aw
Chapadão do Sul/MS	CHA	2014/2015	800	18°47'	52°37'	1600	22.7	Aw
Sorriso/MT	SOR	2014/2015	365	12°32'	55°42'	1883	25.0	Aw

¹: de acordo com a classificação de Köppen.

A unidade experimental foi constituída por quatro linhas de 5,0 m de comprimento, espaçadas em 0,90 m entre fileiras com uma densidade de 9 plantas m⁻¹. Em cada unidade experimental, foram coletados 20 capulhos para determinação do comprimento de fibras (CF, mm), resistência de fibras (RF, gf tex⁻¹) e finura da fibra em “micronaire” (MIC) com auxílio do instrumento HVI (“*High Volume Instrument*”). A produtividade de fibras (PROD) foi

avaliada nas duas fileiras centrais, sendo corrigida para 13% de umidade e extrapolada para kg ha⁻¹.

Inicialmente, foram realizadas análises de variância individuais para cada ambiente, e posteriormente, análise de variância conjunta de acordo com o modelo estatístico descrito a seguir:

$$Y_{ijk} = \mu + B/E_{jk} + G_i + E_j + GxE_{ij} + e_{ijk} \quad (1)$$

em que: Y_{ijk} é a observação no k-ésimo bloco, avaliada no i-ésimo genótipo e j-ésimo ambiente; μ é a média geral dos experimentos; B/E_{jk} é o efeito do bloco k dentro do ambiente j; G_i é o efeito do i-ésimo genótipo considerado como fixo; E_j é o efeito do j-ésimo ambiente considerado como aleatório; GxE_{ij} é o efeito aleatório da interação entre o genótipo i e o ambiente j; e_{ijk} é o erro aleatório associado à observação Y_{ijk} .

Posteriormente, foram estimados os índices ambientais (I_j) para cada ambiente e caráter de acordo com a Equação 2, proposta por Eberhart e Russell (1966). Valores negativos de I_j indicam ambientes desfavoráveis, enquanto positivos apontam para ambientes favoráveis.

$$I_j = \frac{\sum_i Y_{ij}}{g} - \frac{\sum_i \sum_j Y_{ij}}{ge} \quad (2)$$

em que: Y_{ij} é a produtividade do i-ésimo genótipo no j-ésimo ambiente; g é o número de genótipos; e é o número de ambientes. Os resultados estão contidos na Tabela S5.

Para cada caráter, a adaptabilidade e estabilidade foi avaliada pelo método de Lin e Binns modificado por Carneiro (1998). Neste método a recomendação geral é feita com base nas menores estimativas do parâmetro P_i , para cada caráter, conforme a Equação 3:

$$P_i = \frac{\sum_{j=1}^e (Y_{ij} - Y_{mj})^2}{2e} \quad (3)$$

em que: Y_{mj} é a estimativa do caráter do genótipo hipotético ideal no ambiente j, definido com base no modelo de Cruz et al. (1989) (Equação 4).

$$Y_{mj} = \beta_0 + \beta_1 I_j + \beta_2 T(I_j) \quad (4)$$

em que: β_0 foi definido como o máximo valor observado para os caracteres PROD, CF e RF, enquanto que para o caráter MIC esse valor foi definido como 4,0 (USDA, 2001). Para os caracteres PROD, CF e RF os valores de β_1 e $\beta_1 + \beta_2$ foram definidos como 0,5 (baixa resposta a ambientes desfavoráveis) e 1,5 (responsividade a ambientes favoráveis), respectivamente. Para o caráter MIC, os valores de β_1 e β_2 foram definidos como 0, pois o valor ideal é 4,0 em qualquer ambiente; I_j é o índice ambiental codificado; $T(I_j) = 0$ se $I_j < 0$; e $T(I_j) = I_j - I_+$ se $I_j > 0$, sendo I_+ a média dos índices positivos.

Para os ambientes favoráveis (P_{if}) e desfavoráveis (P_{id}), os parâmetros de adaptabilidade e estabilidade foram estimados conforme as Equações 5 e 6, respectivamente.

$$P_{if} = \frac{\sum_{j=1}^f (Y_{ij} - Y_{mj})^2}{2f} \quad (5)$$

$$P_{id} = \frac{\sum_{j=1}^d (Y_{ij} - Y_{mj})^2}{2d} \quad (6)$$

em que: f é o número de ambientes favoráveis; d é o número de ambientes desfavoráveis conforme critério de Eberhart e Russell (1966).

Por fim, os parâmetros multivariados de adaptabilidade e estabilidade, considerando simultaneamente os caracteres PROD, CF, RF e MIC para o conjunto de ambientes (P_{im}) foi estimado conforme Equação 7.

$$P_{im} = \sum_{k=1}^v \left[\frac{P_{ik}}{\hat{\sigma}_{P_{ik}}} \right] \frac{1}{p_k} \quad (7)$$

em que: P_{ik} é o estimador univariado da adaptabilidade e estabilidade do i -ésimo genótipo associado a k -ésima variável; P_{ifk} é o estimador univariado da adaptabilidade e estabilidade do i -ésimo genótipo nos ambientes favoráveis associado à k -ésima variável; $\hat{\sigma}_{P_{ik}}$ é o desvio-padrão do P_{ik} ; p_k é o peso atribuído para a k -ésima variável. Neste caso, foram considerados os valores de 10; 1,0; 2,0 e 1,5 para os caracteres PROD, CF, RF e MIC, respectivamente. Todas as análises foram realizadas com o software Genes (Cruz, 2013).

RESULTADOS E DISCUSSÃO

Análise de variância conjunta

Houve efeito significativo ($p \leq 0,05$) de genótipos em todos os locais avaliados para todos os caracteres (Tabelas S1, S2, S3 e S4). Os coeficientes de variação obtidos nas análises de variância individuais foram inferiores a 16%, conduzindo a uma elevada precisão experimental ($< 10\%$) na ANOVA conjunta (Tabela 2) conforme critério estabelecido por Pimentel-Gomes (1985). Essa estimativa foi inferior a relatada por outros autores ao investigarem a interação GxE no algodoeiro em locais no Brasil (Souza et al., 2006; Suinaga et al., 2006; Silva Filho et al., 2008; Farias et al., 2016a).

Tabela 2. Análise de variância conjunta para produtividade de fibras (PROD, kg ha⁻¹), comprimento de fibras (CF, mm), resistência de fibras (RF, gf tex⁻¹) e micronaire (MIC) de 12 genótipos precoces de algodoeiro avaliados em 19 locais do Cerrado brasileiro nas safras 2013/2014 e 2014/2015.

Fontes de variação	GL	PROD	CF	RF	MIC
Blocos/Ambientes	57	42223,61	0,72	2,17	0,04
Genótipos (G)	11	714991,03*	23,80*	83,14*	1,79*
Ambientes (E)	18	10599770,42*	35,19*	81,25*	5,92*
GxE	198	198986,84*	1,07*	4,98*	0,14*
Resíduo	627	27348,60	0,58	1,68	0,04
Média	---	1750,08	29,80	30,31	4,27
Coeficiente de variação (%)	---	9,45	2,56	4,28	4,66

*: significativo a 5% de probabilidade pelo teste F; GL: graus de liberdade;

Na ANOVA conjunta (Tabela 2), foi detectado efeito significativo ($p \leq 0,05$) para genótipos (G), ambientes (E) e interação GxE para todos os caracteres. Interação GxE significativa para a produtividade de fibras em locais do Mato Grosso já foi constatada por Souza et al. (2006), Suinaga et al. (2006) e Farias et al. (2016). Resultados similares foram observados por outros autores em caracteres agronômicos e tecnológicos do algodoeiro (Campbell e Jones, 2005; Baxevanos et al., 2008; Ng et al., 2013; Carvalho et al., 2015; Farias et al., 2016).

A interação GxE é um dos gargalos do melhoramento de plantas, pois dificulta a recomendação generalizada de um genótipo para vários locais. Esses resultados podem ser atribuídos a diferenças entre os locais em termos de altitude, latitude, longitude, temperatura, precipitação e umidade (Tabela 1). Quanto aos caracteres tecnológicos, existem relatos de que temperaturas altas proporcionam fibras mais curtas e provocam aumento do micronaire (Reddy et al., 1991), reduzindo a qualidade exigida pela indústria têxtil.

Desse modo, a avaliação do desempenho agronômico de genótipos em regiões tropicais como o Cerrado brasileiro é importante para os programas de melhoramento genético do algodoeiro, pois permite direcionar as recomendações para grupos de ambientes. Além disso, é possível otimizar as estratégias de cruzamentos ao utilizar genótipos que reúnam alta produtividade, características desejáveis de fibra, ampla adaptabilidade e alta estabilidade.

Adaptabilidade e estabilidade produtiva

A estimativa da adaptabilidade e estabilidade produtiva pela metodologia de Lin e Binns (1988) modificado por Carneiro (1998) está contida na Tabela 3. Os genótipos recomendados com base nas menores estimativas do P_i para o conjunto total de ambientes avaliados e para os ambientes favoráveis (Tabela S5) foram IMA CV 690, DP 555 BGRR e BRS 369 RF. Estes genótipos também apresentaram as maiores médias ao longo dos 19 ambientes avaliados neste trabalho. A correlação entre as estimativas de P_i geral e P_i favorável foi alta (0,88) e demonstra

que genótipos responsivos ao emprego de alto nível tecnológico também podem ser recomendados de forma generalizada para o Cerrado brasileiro.

Tabela 3. Estimativa da adaptabilidade e estabilidade (*Pi*) de 12 genótipos de algodoeiro pelo método de Lin e Binns (1988) modificado por Carneiro (1998) para a produtividade de fibras para o conjunto total de ambientes, ambientes favoráveis e desfavoráveis.

Genótipo	Média geral (kg ha ⁻¹)	<i>Pi</i> geral	<i>Pi</i> favorável <i>Pi</i> desfavorável	
			x 1.000.000	
TMG 41 WS	1697	1,27	1,24	1,30
TMG 43 WS	1684	1,29	1,36	1,20
IMA CV 690	1952	0,89	0,79	1,04
IMA 5675 B2RF	1691	1,28	1,38	1,14
IMA 08 WS	1765	1,18	1,35	0,95
NUOPAL	1646	1,33	1,34	1,33
DP 555 BGRR	1900	0,96	0,81	1,18
DELTA OPAL	1654	1,34	1,18	1,55
BRS 286	1733	1,20	1,18	1,23
BRS 335	1689	1,29	1,16	1,47
BRS 368 RF	1774	1,14	1,10	1,20
BRS 369 RF	1818	1,08	0,92	1,30

Para ambientes desfavoráveis (Tabela S5), os melhores genótipos foram IMA 08 WS, IMA CV 690 e DP 555 BGRR. Destes, os dois últimos também foram recomendados de forma generalizada e para ambientes favoráveis. Esses resultados demonstram que os genótipos IMA CV 690 e DP 555 BGRR são aqueles que mais se aproximam do genótipo hipotético ideal definido por Verma et al. (1978), que possui boa produtividade em ambientes desfavoráveis comparado aos demais, porém é responsivo à melhoria dos ambientes. É importante destacar

que estas cultivares apresentam divergência entre si (Gilio et al., 2017), o que possibilita seu cruzamento visando seleção de transgressivos superiores quanto a produtividade de fibras.

Dentre as principais culturas cultivadas no Cerrado brasileiro, o algodão é aquele com maior custo de produção. Isto é decorrente do complexo de pragas que atacam a cultura e de doenças como ramulária e ramulose, que fazem com que os cotonicultores utilizem aplicações de defensivos de forma preventiva (Freire, 2015). Deste modo, a identificação de genótipos com estabilidade produtiva para ambientes favoráveis (Tabela S5) que respondam ao alto nível tecnológico empregado é de interesse dos programas de melhoramento. Neste trabalho, os genótipos IMA CV 690 e DP 555 BGRR mostraram que podem ser cultivados em todos os ambientes avaliados com base na PROD, seja ele favorável ou desfavorável.

Apesar do algodão ser cultivado sob alto nível tecnológico, o que caracteriza hipoteticamente um ambiente favorável, a sucessão soja/algodão vem crescendo no Cerrado. Os produtores desta região utilizam genótipos de soja na primeira safra com semeadura na primeira quinzena de outubro e colheita no final de janeiro. Posteriormente, o algodão é cultivado em segunda safra e colheita no final de julho. Freire (2015) destaca que o cultivo do algodão na segunda safra está sujeito à ocorrência de déficit hídrico no florescimento e nebulosidade durante a formação dos capulhos. Estes são os principais fatores de produção que limitam o desenvolvimento do algodoeiro. Dessa forma, o genótipo IMA 08 WS é uma alternativa interessante para os cotonicultores do Cerrado que realizam a sucessão soja/algodão, pois possui maior adaptabilidade e estabilidade a ambientes desfavoráveis.

Adaptabilidade e estabilidade da qualidade da fibra

É possível verificar na Tabela 4 que os genótipos com maiores médias do comprimento de fibras (IMA 08 WS e BRS 335) foram recomendados de forma generalizada para ambientes favoráveis e desfavoráveis por obterem as menores estimativas de P_i . Fato similar ocorreu com o caráter resistência de fibras (Tabela 5), onde os genótipos TMG 41 WS e DELTA OPAL

obtiveram as maiores médias ao longo dos ambientes, sendo recomendados de forma generalizada, para ambientes favoráveis e desfavoráveis. Identificar genótipos de algodoeiro que reúnam adaptabilidade e estabilidade para o comprimento e resistência de fibras é importante para atender os objetivos da indústria têxtil, que necessitam de fibras longas e com alta resistência para maior velocidade no processo de enfardamento. É importante destacar que os melhores genótipos para estes caracteres apresentaram as maiores médias ao longo dos ambientes e podem ser cultivados em ambientes favoráveis e desfavoráveis, além de forma generalizada para todo o conjunto de ambientes.

Tabela 4. Estimativa da adaptabilidade e estabilidade (P_i) pelo método de Lin e Binns (1988) modificado por Carneiro (1998) para o comprimento de fibras de 12 genótipos de algodoeiro para o conjunto total de ambientes, ambientes favoráveis e desfavoráveis.

Genótipo	Média geral (mm)	P_i geral	P_i favorável	P_i desfavorável
TMG 41 WS	29,14	8,98	9,31	8,52
TMG 43 WS	29,30	8,28	8,45	8,05
IMA CV 690	29,37	8,08	8,48	7,52
IMA 5675 B2RF	29,39	7,97	7,26	8,95
IMA 08 WS	31,04	2,95	2,91	3,00
NUOPAL	30,20	5,03	5,02	5,04
DP 555 BGRR	29,51	7,45	6,92	8,17
DELTA OPAL	29,77	6,52	6,68	6,31
BRS 286	29,84	6,44	5,64	7,54
BRS 335	30,46	4,29	4,41	4,12
BRS 368 RF	29,51	7,43	7,00	8,02
BRS 369 RF	30,09	5,40	4,93	6,04

Tabela 5. Estimativa da adaptabilidade e estabilidade (P_i) pelo método de Lin e Binns (1988) modificado por Carneiro (1998) para a resistência de fibras de 12 genótipos de algodoeiro para o conjunto total de ambientes, ambientes favoráveis e desfavoráveis.

Genótipo	Média geral (gf tex ⁻¹)	P_i geral	P_i favorável	P_i desfavorável
TMG 41 WS	32,02	16,66	15,58	18,14
TMG 43 WS	30,82	23,78	21,99	26,23
IMA CV 690	31,01	23,18	25,30	20,27
IMA 5675 B2RF	28,82	39,55	38,78	40,61
IMA 08 WS	29,89	30,12	28,70	32,08
NUOPAL	30,89	22,99	24,22	21,31
DP 555 BGRR	28,80	39,24	41,00	36,82
DELTA OPAL	31,84	16,94	16,70	17,26
BRS 286	30,33	27,15	24,69	30,53
BRS 335	29,84	30,54	30,00	31,27
BRS 368 RF	29,47	33,62	34,54	32,35
BRS 369 RF	30,03	29,74	28,37	31,61

O micronaire relaciona-se com a maturidade das fibras e a sua finura e está linearmente relacionado com a fotossíntese do dossel que ocorre entre 15 e 45 dias após o florescimento (Bauer et al., 2000), sendo sensível a variações ambientais como temperaturas altas e latitude. Os genótipos IMA 5675 B2RF e BRS 335 apresentaram médias gerais deste caráter dentro do padrão exigido pela indústria têxtil (entre 3,8 - 4,2) e foram recomendados de forma generalizada, para ambientes favoráveis e desfavoráveis (Tabela 6). Esses resultados são importantes, pois mesmo com emprego de alto nível tecnológico em ambientes favoráveis, valores superiores a 4,2 não são desejáveis, assim como valores inferiores a 3,8 em ambientes desfavoráveis. Dessa forma, a caracterização dos ambientes para este caráter é diferente para os demais caracteres tecnológicos avaliados, onde objetiva-se aumento com melhoria do ambiente.

Tabela 6. Estimativa da adaptabilidade e estabilidade (Pi) pelo método de Lin e Binns (1988) modificado por Carneiro (1998) para o micronaire de 12 genótipos de algodoeiro para o conjunto total de ambientes, ambientes favoráveis e desfavoráveis.

Genótipo	Média geral	Pi geral	Pi favorável	Pi desfavorável
TMG 41 WS	4,39	0,17	0,30	0,06
TMG 43 WS	4,24	0,09	0,17	0,04
IMA CV 690	4,53	0,23	0,39	0,08
IMA 5675 B2RF	3,97	0,07	0,10	0,03
IMA 08 WS	4,31	0,12	0,21	0,04
NUOPAL	4,18	0,10	0,16	0,06
DP 555 BGRR	4,19	0,11	0,17	0,05
DELTA OPAL	4,36	0,13	0,25	0,04
BRS 286	4,24	0,08	0,13	0,04
BRS 335	4,16	0,07	0,12	0,03
BRS 368 RF	4,21	0,09	0,13	0,05
BRS 369 RF	4,48	0,20	0,35	0,06

Os caracteres tecnológicos são fundamentais na determinação da qualidade da fibra de algodão para a indústria têxtil. A identificação de genótipos de algodão que possuam alta estabilidade quanto a caracteres relacionados a qualidade de fibra fornecerá aos cotonicultores maiores argumentos para negociar os lotes de algodão. Os resultados aqui reportados também possibilitam direcionar as estratégias de seleção de cruzamentos para os próximos anos. Por exemplo, o genótipo BRS 335, que apresenta alta média do comprimento de fibras e micronaire adequado, pode ser cruzado com os genótipos TMG 41 WS e DELTA OPAL, que possuem alta resistência de fibras. Todavia, ainda é importante avaliar a diversidade genética entre estes genótipos de modo a não restringir a variabilidade nas populações segregantes a serem geradas.

Adaptabilidade e estabilidade multivariada

Visando recomendar genótipos que reúnam simultaneamente alta adaptabilidade e estabilidade para todos os caracteres avaliados, o método de Lin e Binns (1988) modificado por Carneiro (1998) foi utilizado no contexto multivariado (Tabela 7). Foram estabelecidos pesos aos caracteres conforme o grau de importância para o cotonicultor e a indústria têxtil. Todavia, foi realizada apenas a recomendação geral para os múltiplos caracteres avaliados, pois um ambiente favorável para a produtividade de fibras, pode não o ser para os demais caracteres e vice-versa.

Tabela 7. Estimativa da adaptabilidade e estabilidade multivariada (P_i) de 12 genótipos de algodoeiro pelo método de Lin e Binns (1988) modificado por Carneiro (1998) para os caracteres produtividade de fibras, comprimento de fibras, resistência de fibras e micronaire para o conjunto total de ambientes.

Genótipo	Média	P_i geral
TMG 41 WS	4,39	9,13
TMG 43 WS	4,24	8,14
IMA CV 690	4,53	9,46
IMA 5675 B2RF	3,97	8,73
IMA 08 WS	4,31	5,90
NUOPAL	4,18	6,53
DP 555 BGRR	4,19	8,73
DELTA OPAL	4,36	7,34
BRS 286	4,24	7,16
BRS 335	4,16	6,15
BRS 368 RF	4,21	8,24
BRS 369 RF	4,48	8,22

Desta forma, os genótipos IMA 08 WS e BRS 335 são aqueles que reúnem as principais características desejáveis, por obterem as menores estimativas de P_i no contexto multivariado.

A identificação de genótipos que reúnam adaptabilidade e estabilidade a múltiplos caracteres é importante para os programas de melhoramento de algodoeiro, pois possibilitará o direcionamento das estratégias de seleção e recomendação. Investigar a interação GxE no contexto multivariado ainda é um tema escasso na literatura, porém com extrema relevância para o melhoramento de culturas como o algodoeiro, uma vez que a seleção é realizada com base em múltiplos caracteres de interesse.

CONCLUSÕES GERAIS

Foram identificados dois Mega-ambientes para o cultivo do algodoeiro no Cerrado brasileiro. O primeiro composto pelos locais Primavera do Leste, Santa Helena de Goiás e São Desidério. Os locais Teresina, Pedra Preta, Trindade, Magalhães de Almeida, Chapadão do Sul, Campo Verde e Luiz Eduardo Magalhães formaram o segundo Mega-ambiente.

Primavera do Leste e São Desidério possuem maior capacidade de discriminação dos genótipos no Mega-ambiente 1; no Mega-ambiente 2, os locais que reúnem maior poder de discriminação e representatividade são Chapadão do Sul, Pedra Preta e Trindade.

A recomendação quanto a adaptabilidade e estabilidade multivariada é distinta daquelas quanto aos caracteres avaliados isoladamente. O método multivariado identificou que os genótipos IMA 08 WS e BRS 335 são aqueles que reúnem simultaneamente as principais características desejáveis.

Os genótipos IMA CV 690 e DP 555 BGRR reúnem adaptabilidade e estabilidade produtiva em ambientes favoráveis e desfavoráveis.

O genótipo BRS 335 que apresenta alta média do comprimento de fibras e micronaire adequado para os ambientes do Cerrado. Os genótipos TMG 41 WS e DELTA OPAL possuem alta adaptabilidade e estabilidade para a resistência de fibras.

BIBLIOGRAFIA

- Amorim EP, Camargo CEO, Ferreira Filho AWP, Junior AP, Gallo PB, Azevedo Filho, JÁ. 2006. Adaptabilidade e estabilidade de linhagens de trigo no Estado de São Paulo. *Bragantia*, 65, 575-582.
- Bauer PJ, Frederick JR, Bradow JM, Sadler EJ, Evans DE. 2000. Canopy photosynthesis and fiber properties of normal- and late-planted cotton. *Agronomy Journal*, 92, 518–523.
- Baxevanos D, Goulas C, Rossi J, Braojos E. 2008. Separation of cotton cultivar testing sites based on representativeness and discriminating ability using GGE biplots. *Agronomy Journal*, 100, 1230-1236.
- Baxevanos D, Goulas C, Rossi J, Braojos E. 2008. Separation of cotton cultivar testing sites based on representativeness and discriminating ability using GGE biplots. *Agronomy Journal*, 100, 1230-1236.
- Bhering LL. 2017. Rbio: a tool for biometric and statistical analysis using the r platform. *Crop Breeding and Applied Biotechnology*, 17, 187-190.
- Blanche SB, Myers GO. 2006. Identifying discriminating locations for cultivar selection in Louisiana. *Crop Science*, 46, 946-949.
- Brasil. 2008. Instrução normativa nº 58, de 19 de novembro de 2008. Diário Oficial da República Federativa do Brazil, Brasília, Brasil.
- Campbell BT, Jones MA. 2005. Assessment of genotype × environment interactions for yield and fiber quality in cotton performance trials. *Euphytica*, 144, 69–78.
- Carneiro PCS. 1998. Novas metodologias de análise da adaptabilidade e estabilidade de comportamento. Tese (Doutorado) - Universidade Federal de Viçosa.
- Carvalho LP, Farias FJC, Rodrigues JIS. 2015a. Estabilidade e adaptabilidade de genótipos de algodão de fibra colorida quanto aos caracteres de fibra. *Ciência Rural*, 45, 598-605.
- Carvalho LP, Farias FJC, Rodrigues JIS. 2015b. Selection for increased fiber length in cotton progenies from Acala and non-Acala types. *Crop Science*, 55, 985-991.

- CONAB (2015). Companhia Nacional de Abastecimento. Acompanhamento de Safra Brasileira: grãos, décimo segundo levantamento, Agosto/2015. Available at [<http://www.conab.gov.br>]. Accessed Agosto 10, 2017.
- Cruz CD. 2013. GENES - a software package for analysis in experimental statistics and quantitative genetics. *Acta Scientiarum Agronomy*, 35, 271-276.
- Cruz CD, Regazzi AJ, Carneiro AJ, Souza PC. 2012. Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético. Viçosa: Editora UFV.
- Cruz CD, Torres RD, Vencovsky R. 1989. An alternative approach to the stability analysis proposed by Silva and Barreto. *Revista Brasileira de Genética*, 12, 567-580.
- Cruz CD. (2013). GENES - a software package for analysis in experimental statistics and quantitative genetics. *Acta Scientiarum Agronomy*, 35, 271-276.
- Eberhart SA, Russell WA. (1966). Stability parameters for comparing varieties. *Crop Science*, 6, 36-40.
- Farias FJC, Carvalho LP, Silva Filho JL, Teodoro PE. 2016a. Biplot analysis of phenotypic stability in upland cotton genotypes in Mato Grosso. *Genetics and Molecular Research*, 15, gmr.15038009.
- Farias FJC, Carvalho LP, Silva Filho JL, Teodoro PE. 2016b. Correlations and path analysis among agronomic and technological traits of upland cotton. *Genetics and Molecular Research*, 15, gmr.15038239.
- Franceschi L, Benin G, Marchioro VS, Martin TN, Silva RR, Silva CL. 2010. Métodos para análise de adaptabilidade e estabilidade em cultivares de trigo no estado do Paraná. *Bragantia*, 69, 797-805.
- Freire ECF. 2015. Algodão no cerrado do Brasil. Brasília: ABRAPA.
- Fruchterman TM, Reingold EM. 1991. Graph drawing by force-directed placement. *Software: Practice and experience*, 21, 1129-1164.
- Gilio TAS, Araújo DV, Krause W, Rosa HHR, Ascari JP. 2017. Genetic divergence among cotton genotypes grown in the main season and off season. *Caatinga*, 30, 377-390.

- Gipson JR, Joham, HE. 1968. Influence of night temperature on growth and development of cotton (*Gossypium birsutum* L.). II fiber properties. *Agronomy Journal*, 60, 296-298.
- Lin, CS. 1982. Grouping genotypes by a cluster method directly related to genotype-environment interaction mean-square. *Theoretical and Applied Genetics*, 62, 277-280.
- Lin, CS, Binns, MR. 1988. A superiority measure of cultivar performance for cultivar× location data. *Canadian Journal of Plant Science*, 68, 193-198.
- Murakami MD, Cardoso, AA, Cruz CD, Bizão N. 2004. Considerações sobre duas metodologias de análise de estabilidade e adaptabilidade. *Ciência Rural*, 34, 71-78.
- Nai-yin X, Michel F, Guo-we Z, Jian L, Zhi-guo Z. 2013. The Application of GGE biplot analysis for evaluating test locations and mega-environment investigation of cotton regional trials. *Journal of Integrative Agriculture*, 13, 60-65.
- Ng EH, Jernigan, K, Smith W, Hequet E, Dever, J, Hague S, Ibrahim AMH. 2013. Stability Analysis of upland cotton in Texas. *Crop Science*, 53, 1347-1355.
- Panni MK, Naqib UK, Mawati FIT, Batool S and Bibi M (2012). Heterotic studies and inbreeding depression in F₂ populations of upland cotton. *Pakistan Journal of Botanical* 44, 1013-1020.
- Pettigrew, W. T. (2008). The effect of higher temperatures on cotton lint yield production and fiber quality. *Crop science*, 48(1), 278-285.
- Pimentel-Gomes F. 1985. Curso de estatística experimental. Piracicaba: ESALQ.
- Plaisted RL, Peterson LC. 1959. A technique for evaluating the ability of selections to yield consistently in different locations and seasons. *American Potato Journal*, 36, 381-385.
- Reddy, V.R., D.N. Baker, H.F. Hodges. 1991. Temperature effects on cotton canopy growth, photosynthesis, and respiration. *Agronomy Journal*, 83, 699–704.

- Silva Filho JL, Morello CL, Farias FJC, Lamas FM, Pedrosa ME, Ribeiro JL. 2008. Comparação de métodos para avaliar a adaptabilidade e estabilidade produtiva em algodoeiro. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, 43, 349-355.
- Souza AA, Freire EC, Bruno RLA, Carvalho LP, Silva Filho JL, Pereira WE. 2006. Estabilidade e adaptabilidade do algodoeiro herbáceo no Cerrado do Mato Grosso e Mato Grosso do Sul. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, 41, 1125-1131.
- Suinaga FA, Bastos CS, Pacifici LER. 2006. Phenotypic adaptability and stability of cotton cultivars in Mato Grosso State, Brazil. *Pesquisa Agropecuária Tropical*, 36, 145-150.
- USDA-AMS. 2001. The classification of cotton. *Agricultural Handbook*.
- Verma MM, Chahal GS, Murty BR. 1978) Limitations of conventional regression analysis a proposed modification. *Theoretical and Applied Genetics*, 53, 89-91.
- Yan WK, Cornelius PL, Crossa J, Hunt LA. 2001. Two types of GGE biplots for analyzing Multi-environment trial data. *Crop Science*, 41, 656-663.
- Yan WK, Glover KD, Kang MS. 2010. Comment on “biplot analysis of genotype \times environment interaction: proceed with caution”. *Crop Science*, 50, 1121-1123.
- Yan WK, Hunt LA, Sheng Q, Szlavnic Z. 2000. Cultivar evaluation and mega-environment investigation based on the GGE biplot. *Crop Science*, 40, 597-605.
- Yan WK, Kang MS, Ma BL, Woods S, Cornelius PL. 2007. GGE biplot vs. AMMI analysis of genotype-by-environment data. *Crop Science*, 47, 643–655.
- Yan WK, Tinker, NA. 2006. Biplot analysis of multi-environment trial data: principles and applications. *Canadian Journal Plant Science*, 86, 623–645.
- Yan WK. 2001. GGEbiplot-A windows application for graphical analysis of multi-environment trial data and other types of two-way data. *Agronomy Journal*, 93, 1111-1118.
- Yang RC, Crossa J, Cornelius PL, Burgueño J. 2009. Biplot analysis of genotype \times environment interaction: proceed with caution. *Crop Science*, 49, 1564-1576.

APÊNDICES

Tabela S1. Análises de variância individuais para a produtividade de fibras (kg ha⁻¹) de 12 genótipos precoces de algodoeiro avaliada em 19 locais do Cerrado brasileiro nas safras 2013/2014 e 2014/2015.

Ambiente	Quadrado médio			Média	CV (%)
	Blocos	Genótipos	Resíduo		
TRIN	21328,22	139621,10*	20700,29	2486,02	5,79
SHE1	11504,42	256530,17*	23529,22	2179,33	7,04
PVA1	56807,81	482882,98*	34471,14	2301,97	8,07
CV1	63780,04	135628,75*	14949,78	1583,70	7,72
SIN	40042,91	691071,45*	4611,48	666,46	10,19
PVA2	47235,16	131351,77*	12198,70	1761,46	6,27
PPA1	42017,80	263563,34*	36803,53	1956,22	9,81
LEM	81045,27	86986,09*	14659,39	1666,22	7,27
SDES	39381,23	633574,78*	43542,16	2391,60	8,73
MONT	32254,65	775534,18*	17111,66	1224,84	10,68
MAG	21721,16	53638,72*	11106,89	1723,79	6,11
TER	16446,18	239734,03*	33437,58	1837,28	9,95
PPA2	60496,47	104602,83*	28590,90	1887,02	8,96
CV2	21722,32	77260,21*	27665,08	1605,40	10,36
SHE2	26876,58	308526,18*	43605,32	1246,06	16,76
CHAP	195128,62	135188,07*	60394,13	2052,09	11,98
PVA3	63019,05	364825,89*	24668,08	1856,30	8,46
SOR	6409,01	142266,17*	10314,02	980,71	10,36
PVA4	5871,93	111692,44*	12415,58	1845,07	6,04

*: significativo a 5% de probabilidade pelo teste F; CV: coeficiente de variação.

Tabela S2. Análises de variância individuais para o comprimento de fibras (mm) de 12 genótipos precoces de algodoeiro avaliada em 19 locais do Cerrado brasileiro nas safras 2013/2014 e 2014/2015.

Ambiente	Quadrado médio			Média	CV (%)
	Blocos	Genótipos	Resíduo		
TRIN	0,1723	2,8130*	0,2954	30,43	1,79
SHE1	1,5452	1,7017*	0,4650	30,47	2,24
PVA1	1,4643	1,6626*	0,8342	31,33	2,91
CV1	0,1496	1,4223*	0,4218	29,59	2,19
SIN	0,8575	1,9747*	0,5897	27,82	2,76
PVA2	0,4467	2,5519*	0,5352	30,26	2,42
PPA1	0,6171	2,4636*	0,4644	30,56	2,23
LEM	0,6235	1,9289*	0,3963	30,44	2,07
SDES	0,2124	2,5950*	0,5513	30,43	2,44
MONT	0,1423	1,5630*	0,6158	28,34	2,77
MAG	0,6016	3,2689*	0,5404	29,89	2,46
TER	0,0036	3,1432*	0,5478	28,74	2,58
PPA2	0,3062	1,5859*	0,3028	29,91	1,84
CV2	1,2518	2,1796*	0,4017	29,59	2,14
SHE2	0,1075	2,1598*	0,3279	29,59	1,94
CHAP	0,1073	2,2908*	0,6258	29,78	2,66
PVA3	3,7316	4,5112*	2,0474	30,23	4,73
SOR	0,2991	1,3426*	0,3595	28,86	2,08
PVA4	1,0863	1,8812*	0,7354	29,94	2,86

*: significativo a 5% de probabilidade pelo teste F; CV: coeficiente de variação.

Tabela S3. Análises de variância individuais para a resistência de fibras (gf tex^{-1}) de 12 genótipos precoces de algodoeiro avaliada em 19 locais do Cerrado brasileiro nas safras 2013/2014 e 2014/2015.

Ambiente	Quadrado médio			Média	CV (%)
	Blocos	Genótipos	Resíduo		
TRIN	5,7516	7,2877*	1,1058	29,27	3,59
SHE1	0,9244	8,8778*	1,6684	30,92	4,18
PVA1	2,1827	10,1027*	2,2036	31,40	4,73
CV1	0,5175	7,7888*	0,8288	29,89	3,05
SIN	3,3236	6,4586*	1,3113	27,67	4,14
PVA2	1,7170	10,6077*	1,9676	30,86	4,54
PPA1	0,6797	8,7527*	0,7134	28,72	2,94
LEM	0,5614	11,8250*	3,9913	31,37	6,37
SDES	0,9405	7,0423*	1,7951	30,45	4,40
MONT	1,5130	12,4950*	1,8786	30,54	4,49
MAG	7,6522	8,3712*	2,0839	32,23	4,48
TER	2,5712	7,2566*	2,4582	31,33	5,00
PPA2	0,1004	2,0055*	0,7953	29,48	3,03
CV2	2,8252	4,4143*	1,8646	30,51	4,48
SHE2	0,9053	7,6791*	1,3581	29,39	3,97
CHAP	1,6842	5,6528*	0,8745	28,96	3,23
PVA3	0,1497	29,2302*	1,1806	33,01	3,29
SOR	4,7934	9,5063*	2,8424	30,69	5,49
PVA4	2,3691	7,3611*	1,0075	29,27	3,43

*: significativo a 5% de probabilidade pelo teste F; CV: coeficiente de variação.

Tabela S4. Análises de variância individuais para o micronaire de 12 genótipos precoces de algodoeiro avaliada em 19 locais do Cerrado brasileiro nas safras 2013/2014 e 2014/2015.

Ambiente	Quadrado médio			Média	CV (%)
	Blocos	Genótipos	Resíduo		
TRIN	0,0151	0,2434*	0,0150	4,13	2,97
SHE1	0,0889	0,2788*	0,0415	4,22	4,83
PVA1	0,0352	0,2120*	0,0621	4,37	5,70
CV1	0,0090	0,0577*	0,0132	3,88	2,96
SIN	0,0534	0,3483*	0,0561	4,51	5,26
PVA2	0,0126	0,2502*	0,0143	4,04	2,96
PPA1	0,0458	0,1361*	0,0302	5,20	3,34
LEM	0,0038	0,1470*	0,0311	4,31	4,09
SDES	0,0353	0,1853*	0,0473	4,37	4,98
MONT	0,0242	0,2596*	0,0771	3,89	7,14
MAG	0,1028	0,3524*	0,0461	4,69	4,58
TER	0,1024	0,3917*	0,0646	4,62	5,50
PPA2	0,0294	0,2018*	0,0473	4,08	5,34
CV2	0,0292	0,2808*	0,0383	4,40	4,44
SHE2	0,0041	0,0712*	0,0232	3,54	4,30
CHAP	0,0231	0,1601*	0,0357	4,30	4,39
PVA3	0,0307	0,1370*	0,0260	4,25	3,79
SOR	0,0797	0,4083*	0,0615	4,13	6,01
PVA4	0,0300	0,1360*	0,0238	4,25	3,62

*: significativo a 5% de probabilidade pelo teste F; CV: coeficiente de variação.

Tabela S5. Caracterização dos 19 ambientes avaliados conforme critério de Finlay e Wilkinson (1963) para os caracteres produtividade de fibras (PRODF), comprimento de fibras (CF), resistência de fibras (RF) e micronaire (MIC) avaliados em 12 genótipos de algodoeiro cultivados no Cerrado brasileiro.

Sigla ¹	PRODF	CF	RF	MIC ²
TRIN	Favorável	Favorável	Desfavorável	Favorável
SHE1	Favorável	Favorável	Favorável	Desfavorável
PVA1	Favorável	Favorável	Favorável	Desfavorável
CV1	Desfavorável	Desfavorável	Desfavorável	Favorável
SIN	Desfavorável	Desfavorável	Desfavorável	Desfavorável
PVA2	Favorável	Favorável	Favorável	Favorável
PPA1	Favorável	Favorável	Desfavorável	Desfavorável
LEM	Desfavorável	Favorável	Favorável	Desfavorável
SDES	Favorável	Favorável	Favorável	Desfavorável
MONT	Desfavorável	Desfavorável	Favorável	Favorável
MAG	Desfavorável	Favorável	Favorável	Desfavorável
TER	Favorável	Desfavorável	Favorável	Desfavorável
PPA2	Favorável	Favorável	Desfavorável	Desfavorável
CV2	Desfavorável	Desfavorável	Favorável	Favorável
SHE2	Desfavorável	Desfavorável	Desfavorável	Desfavorável
CHAP	Favorável	Desfavorável	Desfavorável	Desfavorável
PVA3	Favorável	Favorável	Favorável	Desfavorável
SOR	Desfavorável	Desfavorável	Favorável	Favorável
PVA4	Favorável	Favorável	Desfavorável	Desfavorável

¹: ambientes discriminados na Tabela 1; ²: ambientes favoráveis foram classificados como aqueles com micronaire entre 3,8 e 4,2, enquanto ambientes cujas médias estiveram fora deste limite foram classificados como desfavoráveis.