

COMPORTAMENTO DE PRODUÇÃO EM CLONES DE CAJUEIRO EM RELAÇÃO A ESTABILIDADE E ADAPTABILIDADE

PRODUCTION BEHAVIOR IN CASHEW CLONES IN RELATION TO STABILITY AND ADAPTABILITY

COMPORTAMIENTO DE PRODUCCIÓN EN CLONES DE ANACARDO EN RELACIÓN CON ESTABILIDAD Y ADAPTABILIDAD

Gilberto Ken Iti Yokomizo¹
Francisco das Chagas Vida Neto²
Dheyne Silva Melo³
Marlon Vagner Valentim Martins⁴
Kuang Hongyu⁵

Resumo: O cajueiro é importante economicamente e socialmente para o Nordeste brasileiro. O desenvolvimento de novos clones é uma estratégia fundamental para a sustentabilidade dessa cultura. Assim, faz-se necessário estudos para o entendimento do efeito da interação genótipos *versus* ambientes sobre o comportamento diferenciado entre clones na seleção de novos materiais. Portanto, o objetivo desse trabalho foi identificar o desempenho e o comportamento de estabilidade em diferentes clones de cajueiro-anão precoce pela análise REML/BLUP e análise gráfica AMMI. Os 25 clones foram plantados no município de Cruz, no Ceará, nos anos de 2016 a 2018, em blocos casualizados com quatro repetições, sendo avaliada as características: produtividade de castanha na safra (PRC); peso médio da castanha (PMC) e porcentagem de castanha furada (PCF). Os resultados da REML/BLUP indicam, pela magnitude da herdabilidade, uma alta possibilidade de obter desempenhos similares das características nas gerações sucessivas; os valores significativos do teste da razão da máxima verossimilhança (LRT) justifica realizar a análise AMMI, onde se nota que o eixo PC1 retém importante e significativa parcela da variabilidade, ratificado pelo eixo PC2; quanto aos clones, têm-se que T8, T7, T12 e T2 são superiores para PRC; T1, T8, T18, T22, T17 e T19 para PMC; e, T18, T14, T2, T16 e T3, para PCF, não havendo coincidência simultânea para todas as características. As maiores contribuições para as médias são dos clones: T22, T25, T10, T14 e T18, para PRC; T12, T1, T16 e T18 para PMC; e T11, T15, T20, T13 e T4, para PCF.

Palavras-chave: AMMI; *Anacardium occidentale* L.; análise de componentes principais; interação genótipo x ambiente.

Abstract: The cashew tree is economically and socially important for the Brazilian

¹ Pesquisador da Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária, Embrapa Amapá. E-mail: gilberto.yokomizo@embrapa.br.

² Pesquisador da Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária, Embrapa Agroindústria Tropical. E-mail: vidalnm@gmail.com.

³ Pesquisador da Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária, Embrapa Agroindústria Tropical. E-mail: dheyne.melo@embrapa.br.

⁴ Pesquisador da Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária, Embrapa Agroindústria Tropical. E-mail: marlon.valentim@embrapa.br.

⁵ Professor Adjunto da Universidade Federal de Mato Grosso. E-mail: kuang_hongyu@hotmail.com.

Northeast. The development of new clones is a fundamental strategy for the crop sustainability. Therefore, studies are necessary to understand the effect of the interaction between genotypes and environments on the different behavior between clones in the selection of new materials. Therefore, the objective of this work was to identify the performance and stability behavior in different early dwarf cashew clones by REML/BLUP analysis and AMMI graphical analysis. The 25 clones were planted in the Cruz municipality, Ceará, from 2016 to 2018, in randomized blocks with four replications, with the characteristics being evaluated: nut productivity in the harvest (PRC); average nut weight (PMC) and; percentage of pierced nuts (PCF). The REML/BLUP results indicate, due to the magnitude of heritability, a high possibility of obtaining similar performance of the characteristics in successive generations; the significant values of the maximum likelihood ratio test (LRT) justify carrying out the AMMI analysis, where it is noted that the PC1 axis retains an important and significant portion of the variability, ratified by the PC2 axis; as for clones, T8, T7, T12 and T2 are superior for PRC; T1, T8, T18, T22, T17 and T19 for PMC; and T18, T14, T2, T16 and T3 for PCF, with no simultaneous coincidence for all characteristics. The largest contributions to average are from clones: T22, T25, T10, T14 and T18, for PRC; T12, T1, T16 and T18 for PMC; and T11, T15, T20, T13 and T4, for PCF.

Keywords: AMMI; *Anacardium occidentale* L.; principal components analysis; genotype x environment interaction.

Resumen: El anacardo es importante económica y socialmente para el Nordeste brasileño. El desarrollo de nuevos clones es una estrategia fundamental para la sostenibilidad de este cultivo. Se necesitan estudios para comprender el efecto de la interacción entre genotipos y ambientes sobre el comportamiento entre clones en la selección de nuevos materiales. Por lo tanto, el objetivo de este trabajo fue identificar el comportamiento de rendimiento y estabilidad en clones de anacardo utilizando análisis REML/BLUP y AMMI. Los 25 clones fueron plantados en el municipio de Cruz, Ceará, de 2016 a 2018, en bloques al azar con cuatro repeticiones, siendo evaluadas: productividad de la nuez en la cosecha (PRC); peso promedio de nuez (PMC) y porcentaje de nueces perforadas (PCF). Los resultados de REML/BLUP indican, debido a la heredabilidad, una alta posibilidad de obtener comportamiento similar de las características en generaciones sucesivas; los valores significativos de la prueba de razón de máxima verosimilitud (LRT) justifican la realización del análisis AMMI, donde el eje PC1 retiene una porción importante y significativa de la variabilidad, ratificada por el eje PC2; En cuanto a los clones, T8, T7, T12 y T2 son superiores para PRC; T1, T8, T18, T22, T17 y T19 para PMC; y, T18, T14, T2, T16 y T3, para PCF, sin coincidencia simultánea para todas las características. Los mayores aportes a los medios provienen de los clones: T22, T25, T10, T14 y T18, para PRC; T12, T1, T16 y T18 para PMC; y T11, T15, T20, T13 y T4, para PCF.

Palabras clave: AMMI; *Anacardium occidentale* L.; análisis de componentes principales; Interacción genotipo x ambiente.

Data de submissão: 14.09.2023

Data de aprovação: 21.01.2025

Identificação e disponibilidade:

(<https://revista.univap.br/index.php/revistaunivap/article/view/4516>,
<http://dx.doi.org/10.18066/revistaunivap.v31i70.4516>).

1 INTRODUÇÃO

O caju pertence à família *Anacardiaceae*, da espécie *Anacardium occidentale* L., cujo fruto apresenta um pedúnculo floral ou pseudofruto, sendo suculenta e carnosa, exibindo cores variando do amarelo ao vermelho. A castanha é o fruto verdadeiro, onde a casca possui uma resina cáustica imprópria para consumo humano (Oliveira et al., 2022), por este motivo as amêndoas, que estão dentro da castanha, são comercializadas sem casca. Apesar do pedúnculo representar a maior porção do fruto, em torno de 90%, a participação industrial é de apenas 12% a 15% do aproveitamento total, sendo a castanha considerado o principal produto (Sousa et al., 2021; Chen et al., 2023).

A produção brasileira estimada de castanha de caju é de 123 mil toneladas em 2022, numa área colhida de 427 mil hectares, sendo a região nordeste responsável por 99,3% da produção nacional. O estado do Ceará destaca-se como o maior produtor brasileiro, com uma produção de 68,8 mil toneladas, seguido por Piauí, com 25,1 mil toneladas e Rio Grande do Norte, com 18,0 toneladas (Instituto Brasileiro de Geografia e Estatística [IBGE], 2022). O Brasil, na safra de janeiro a julho de 2022, exportou um total de 6,4 mil toneladas de castanha de caju, com um valor de US\$ FOB 41,7 milhões (Companhia Nacional de Abastecimento [CONAB], 2022).

Na medida em que surgem novas cultivares de cajueiro, faz-se necessária a verificação do comportamento destas, em novos ambientes, pois pode existir um comportamento diferencial, frente às variações ambientais, denominado de interação genótipos x ambientes (GxA), que pode dificultar a seleção dos melhores genótipos (Resende et al., 2022). Desta forma, diferentes abordagens e metodologias estatísticas são utilizadas para conseguir definir o potencial produtivo e os parâmetros de estabilidade e adaptabilidade fenotípica, permitindo entender a reação que cada indivíduo demonstra fenotipicamente e encontrar desta forma aqueles materiais mais estáveis e com melhor desempenho. Várias inferências empregam métodos baseados na decomposição de somas de quadrados, análise fatorial, modelos não paramétricos e modelos multivariados como os de efeitos principais aditivos e interação multiplicativa (Additive Main-effects and Multiplicative Interaction - AMMI)

Com os resultados obtidos da análise AMMI, tem-se uma representação gráfica que sumariza os dados e facilita a interpretação das relações de similaridade e de complementaridade de genótipos e ambientes, conseguindo fornecer informações sobre a estabilidade e a adaptabilidade dos materiais genéticos (Ferreira et al., 2006).

Além disso, a aplicação do modelo AMMI permite a simplificação de dados em poucas dimensões. Nesse sentido, padrões de respostas de clones em ambientes podem ser visualizados utilizando gráficos biplots (Oliveira et al., 2021). Esses gráficos permitem identificar clones com maiores estabilidades, bem como as combinações positivas de clones a ambientes específicos. Essa é uma das principais vantagens da utilização de modelos multiplicativos.

Com base nestas informações o objetivo deste trabalho foi avaliar os efeitos da interação GxA sobre caracteres produtivos de clones de cajueiros, possibilitando a diferenciação do comportamento entre os clones e anos de avaliações, importante

para servir como parâmetro comparativo em trabalhos futuros, além de fornecer informações importantes aos pesquisadores.

2 METODOLOGIA

2.1 MATERIAL GENÉTICO E LOCAL

O material genético constou de 25 clones de cajueiro-anão precoce, com bom potencial de produção de castanha e pseudofruto, preliminarmente selecionados, conforme apresentados na Tabela 1.

Tabela 1 - Identificação dos tratamentos de cajueiros (clones) e o número identificador (T) como tratamentos nas análises estatísticas e gráficas.

Clones	T	Clones	T	Clones	T	Clones	T
PRO 113-1	1	PRO 108/6	8	PRO 133/1	14	PRO 155/2	20
MG-1	2	PRO 146/7	9	PRO 149/1	15	END II 6-9	21
MG-17	3	SLC 12-20	10	PRO 105/5	16	PRO 805/4	22
MG-41	4	PRO 116-2	11	PRO 143/7	17	BRS 189	23
MG-57	5	PRO 114/2	12	H-51	18	CCP 76	24
MG-65	6	PRO 114/4	13	H-71	19	BRS 226	25
MG-76	7						

Fonte: os autores, 2022.

O plantio dos clones de cajueiro-anão precoce ocorreu em 22 de fevereiro de 2000, na Fazenda Solidão, localizada nas coordenadas geográficas 2°57'06.3"S 40°25'01.5"W, no Município de Cruz, CE. Em topografia plana e solo do tipo Argissolo; pluviosidade anual média aproximada do município no período do experimento (2016 a 2018) foi de 864,8 mm anuais. Dados climatológicos relativos ao período de avaliação são apresentados na Tabela 2.

O delineamento experimental adotado foi de blocos ao acaso com 25 tratamentos (clones) de cajueiro-anão precoce, com três repetições e quatro plantas por parcela, no espaçamento de 8 x 8 m. Sendo considerados como ambientes os anos de 2016, 2017 e 2018.

Tabela 2 = Precipitação total anual (PTo), temperatura máxima média (Tmax), temperatura média anual (TMed), temperatura mínima média (TMin) e umidade relativa média do ar (UR%) da estação A360 de Acaraú (localizada mais próxima à Cruz, CE).

	PTotal ^a	TMax ^b	TMed ^b	TMin ^b	UR% ^b
2016	717,0	33,5	27,2	23,7	75,7
2017	975,4	32,9	26,7	23,0	77,5
2018	902,1	32,4	26,5	22,9	79,2

Fonte: a: Fundação Cearense de Meteorologia e Recursos Hídricos [FUNCEME] (2024), obtido no município de Cruz; b: comunicação pessoal Dr. Antonio Montadon do Instituto Nacional de Meteorologia [INMET] (2024) na estação A360 em Acaraú.

2.2 CARACTERÍSTICAS AVALIADAS E ESTATÍSTICA

As características avaliadas de 2016 a 2018, foram: PRC produtividade de castanha, durante todo o período de safra, em kg ha⁻¹; PMC peso médio da castanha, tomada com base na média de 100 castanhas/parcela, após a colheita, em g e; PCF porcentagem de castanha furada (é um atributo negativo e corresponde à % de ataque da praga traça-das-castanhas).

Devido às avaliações serem realizadas consecutivamente nas mesmas plantas perenes, associados aos dados de características quantitativas, não é adequado o uso da análise de variância, com isso procedimentos mais precisos de predição de valores genéticos e estimação de componentes de variância, tais como a melhor predição linear não viciada (BLUP) e a estimação por máxima verossimilhança restrita (REML) devem ser utilizados. Este procedimento tem se tornado padrão para estudos em genética quantitativa e na seleção em espécies perenes (Resende, 2016).

REML/BLUP

A análise REML/BLUP (melhor predição linear não tendenciosa/máxima verossimilhança restrita) foi realizada com o software Selegen-REML/BLUP, baseado no modelo 29 (Resende, 2007, 2016). O modelo estatístico para a avaliação de clones no delineamento de blocos ao acaso com uma observação por parcela e em vários anos foi: $y = Xm + Zg + Wp + e$, em que y é o vetor de dados, m é o vetor dos efeitos das combinações medição-repetição (assumidos como fixos) somados à média geral, g é o vetor dos efeitos genotípicos (assumidos como aleatórios), p é vetor dos efeitos de ambiente permanente (parcelas no caso) (aleatórios) e e é o vetor de erros ou resíduos (aleatórios). As letras maiúsculas representam as matrizes de incidência para os referidos efeitos. O vetor m contempla todas as medições em todas as repetições e ajusta simultaneamente para os efeitos de repetições, medição e interação repetição x medição. Para experimentos de plantas perenes, a metodologia REML/BLUP é considerada a mais adequada em relação a avaliações sucessivas na mesma planta, oferecendo maior precisão (Silveira et al., 2022) por este motivo foi adotada em substituição a análise de variância.

AMMI

A análise gráfica foi realizada empregando-se a metodologia AMMI, descrita detalhadamente em Duarte e Vencovsky (1999), baseando-se no seguinte modelo:

$$Y_{ij} = \mu + g_i + a_j + \sum_{k=1}^n \lambda_k \gamma_{ik} \alpha_{jk} + \rho_{ij} + \varepsilon_{ij} \quad \text{em que: } Y_{ij} \text{ é a resposta média das repetições}$$

do i -ésimo clone ($i = 1, 2, 3, \dots, 24, 25$) no j -ésimo ano ($j = 1, 2, 3$); μ é a média de todos os clones em todos os anos (média geral); g_i é o efeito principal do clone " i "; a_j é o efeito principal do ano " j "; λ_k , γ_{ik} e α_{jk} são os termos da decomposição em valores singulares (DVS) da matriz $GE_{gxa} = \{(g_a)_{ij}\}$, que expressam e capturam o "padrão" associado à interação do clone " i " com a ano " j ", sendo $(g_a)_{ij}$ os desvios de

aditividade dos dados (Y_{ij}) em relação aos efeitos principais g_i e a_j ; ρ_{ij} é o ruído adicional a ser eliminado na análise, relativamente ao termo $(g\hat{a})_{ij}$ tomado tradicionalmente como a própria interação; e $\bar{\varepsilon}_{ij}$ é o erro experimental médio, em nível de médias de repetições, assumido i.i.d. $\sim N(0, \sigma^2)$, ou seja, são independentemente e identicamente distribuídos, gerados de uma mesma normal, com média igual a 0 e variância σ^2 .

Assim, a análise AMMI é realizada em duas etapas sequenciais: 1ª) os efeitos principais, na parte aditiva do modelo (média geral, efeitos de clones e anos), são obtidos gerando um resíduo de não aditividade: $(g\hat{a})_{ij} = Y_{ij} - \bar{Y}_i - \bar{Y}_j + \bar{Y}_{..}$, isto é, nas estimativas de quadrados mínimos ordinários de $(g\hat{a})_{ij}$; 2ª) a interação (parte multiplicativa do modelo) é ajustada mediante DVS aplicada à matriz $GE_{gxa} = \{(g\hat{a})_{ij}\}$, resultando numa porção denominada “padrão” (a interação propriamente dita – interação AMMI), e noutra de “ruído”, a ser descartada, juntamente com o resíduo ANOVA.

O número de eixos principais a serem retidos, foram definidos usando os critérios de Gauch e Zobel (1988), levando-se em consideração a proporção da soma de quadrados da interação original (SQ_{GxA}) acumulada até o n-ésimo eixo e conforme a

equação: $\sum_{k=1}^n \lambda_k^2 / SQ_{GxA}$. Dessa forma, o ponto de parada, que determina a seleção do modelo, na família de modelos AMMI ($AMMI0, AMMI1, \dots, AMMIp$), é o n-ésimo componente principal da interação, significativo pelo teste F_{Gollob} , segundo Gollob (1968).

A análise de estabilidade e adaptabilidade via modelo AMMI, foi realizado utilizando-se a linguagem matricial interativa (IML), do aplicativo computacional Statistical Analysis System [SAS] (2012).

3 RESULTADOS E DISCUSSÕES

Devido à Análise de Variância não ser o método mais adequado para medidas repetidas em espécies perenes foi realizada a Análise de Deviance (ANADEV) apresentada na Tabela 3, juntamente com os parâmetros genéticos para os clones de cajueiro-anão-precoce. Com base na ANADEV houve diferenças significativas entre os clones para todas as características similar ao observado por Aliyu et al. (2014), enquanto para o efeito de anos de avaliação apenas para PCF.

Tabela 3 - Resumo da Análise de Deviance, estimativas dos coeficientes de variância, herdabilidade, acurácia, e coeficientes de variação para produção de castanha (PRC), peso médio de castanha (PMC) e porcentagem de castanha furada (PCF) resultantes da análise de Componentes de Variância (REML Individual) em cajueiro-anão-precoce, safras de 2016 a 2018, Cruz, CE.

	PMC		PRC		PCF	
	Deviance	LRT	Deviance	LRT	Deviance	LRT
Clone	209,12	113,55**	2601,17	43,04**	968,57	15,96**
Ano	95,60	0,02 ^{ns}	2558,13	0,01 ^{ns}	972,94	20,33**
Modelo	95,57		2558,12		952,61	

Vg	1,89	44276,86	30,79
Vperm	0,01	350,52	19,78
Ve	0,35	56856,21	31,29
Vf	2,25	101483,59	81,86
C ² perm	0,01	0,01	0,24
h ² mg	0,94	0,70	0,64
Média	9,47	631,25	10,74

Vg: variância genotípica; Vperm: variância de ambiente permanente; Ve: variância residual temporária; Vf: variância fenotípica individual; c²perm = c²: coeficiente de determinação dos efeitos de ambiente permanente e; h²mg: herdabilidade de médias de genótipos. LRT: teste da razão da máxima verossimilhança. ** significativo ao nível de 1% e ^{ns} para não significativo.
Fonte: os autores, 2022.

O método de modelos mistos, através do REML/BLUP (máxima verossimilhança restrita/melhor predição linear não viciada), tornou-se procedimento padrão para estudos em genética quantitativa e na seleção em espécies perenes (Resende, 2016), desta forma, foram obtidas variâncias onde aquelas pertinentes aos efeitos genéticos apresentaram importante contribuição para a variância total, sendo que a explicação para este comportamento é apresentada por Aliyu (2012), como a existência de indícios da presença de uma base genética suficiente (fonte de introdução diferencial, nível de domesticação e melhoria).

Para os parâmetros de herdabilidade de médias dos clones (h²mg), os resultados foram de magnitude alta a muito alto, conforme Resende e Duarte (2007), permitindo a seleção de clones superiores com maior exatidão, associado ao c²perm baixo.

Com base nos valores significativos do teste da razão da máxima verossimilhança (LRT) se justifica realizar a análise gráfica AMMI, continuando o processo para verificar a estabilidade e adaptabilidade (Tabela 4). Os resultados do primeiro eixo principal gerado (PC1), que contém a maior porcentagem do padrão associado à interação GxA, para determinada característica em estudo, compreendeu valores acima de 80%, coincidindo com o obtido por Aliyu et al. (2014), Yokomizo et al. (2019, 2021).

Tabela 4 - Porcentagens da soma de quadrados total (SQGxA) associada a cada eixo principal, individualmente (PI) e acumulada (PA), e quadrados médios (QM), estimados pela análise AMMI para produção de castanha (PRC), peso médio de castanha (PMC) e porcentagem de castanha furada (PCF), em clones de cajueiro-anão precoce, safras de 2016 a 2018. Cruz, CE.

	PRC			PMC			PCF		
	PI%	PA%	QM	PI%	PA%	QM	PI%	PA%	QM
PC1	81,2	81,2	252665,64**	92,6	92,6	2,47*	84,7	84,7	70,52*
PC2	18,2	100,0	61230,35**	7,4	100,0	0,21 ^{ns}	15,3	100,0	13,89 ^{ns}

** , * e ns, significativos a 1% e 5% e não significativo pelo teste F_{Gollob}.

Fonte: os autores, 2022.

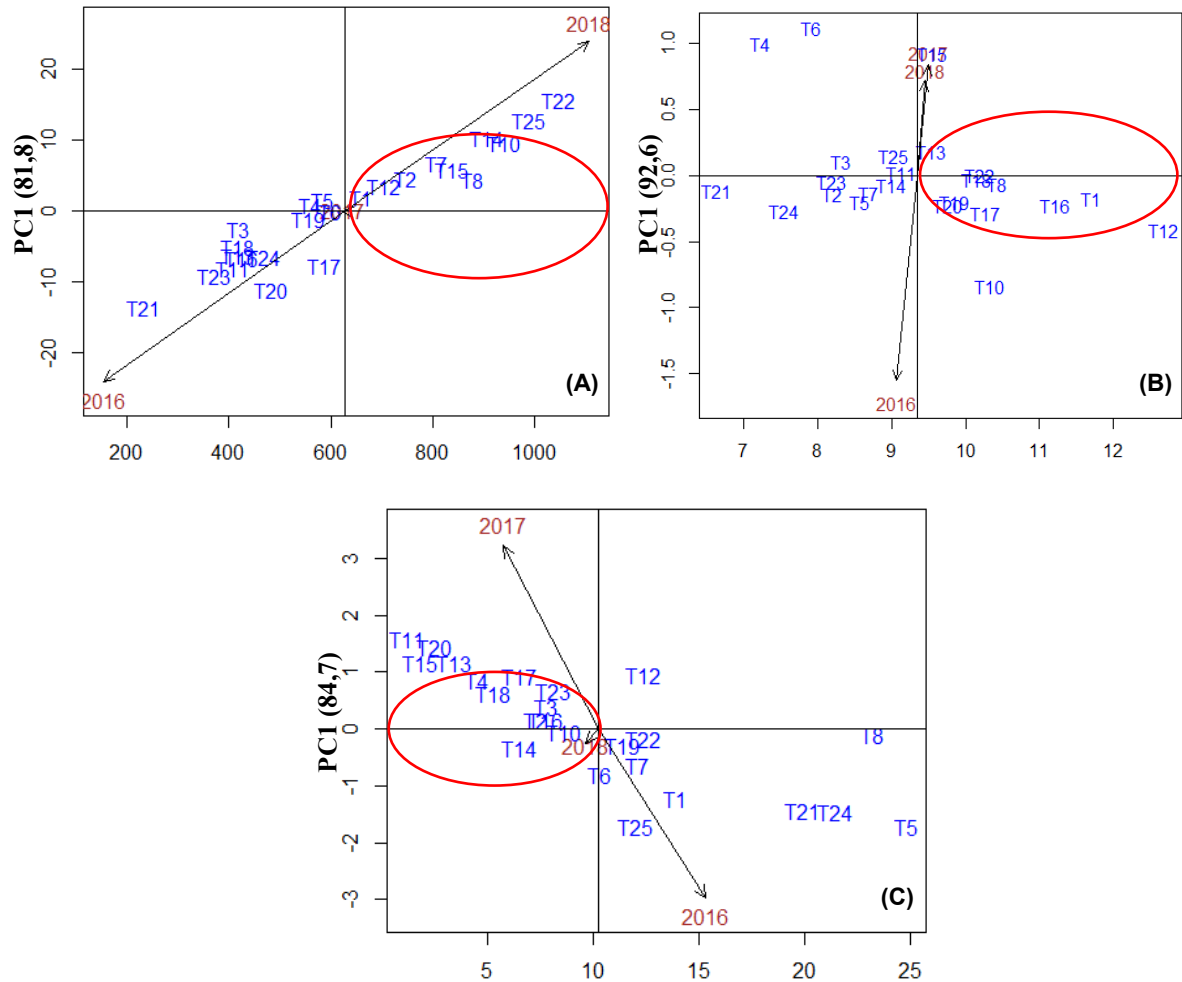
Interessante que somente o primeiro eixo, nas condições avaliadas, capturou quase a totalidade da variação relacionada aos desvios de aditividade dos efeitos principais (clones e anos). Com isso um modelo simples (com poucos termos multiplicativos) apresenta boa capacidade preditiva para o comportamento diferencial dos clones, nos anos avaliados, confirmado pelo teste F_{Gollob} para PMC e PCF, sendo

que o eixo PC2, possivelmente, é constituído, em grande parte, por ruídos. Já, para a característica PRC, os eixos PC1 e PC2 foram significativos. Assim, a análise foi realizada considerando o biplot com o modelo AMMI2, pois juntos, os dois primeiros termos explicaram a totalidade da $SQ_{G \times A}$.

O quantitativo de eixos principais identificados como necessário para explicar e representar graficamente o padrão de interação $G \times A$, considerando a porcentagem acumulada foi superior aos obtidos também com cajueiros, porém em outra localidade por Yokomizo et al. (2019, 2021). Comparativamente com o obtido por Aliyu et al. (2014), com cajueiro, onde dois eixos (PC1 e PC2) conseguiram explicar a totalidade da SQ da interação tem-se um resultado similar ao aqui obtido.

Após a plotagem gráfica, os clones cujos pontos se situam mais próximos à origem do eixo PC1, no modelo AMMI1, são considerados mais estáveis (Duarte & Vencovsky, 1999; Guzman & Alejandro, 2002) e no modelo AMMI2, são os pontos mais próximos da origem de ambos os eixos. Assim, nos gráficos dos modelos AMMI1, apresentados nas Figuras 1A, 1B e 1C e, AMMI2, nas Figuras 2A, 2B e 2C, os clones apresentaram relativa dispersão, semelhantemente ao obtido por Yokomizo et al. (2019, 2021), em todas as características, havendo também alguns clones demonstrando ter alguma interação com determinados anos (adaptações específicas). Desse modo, observa-se, no biplot AMMI1 (médias vs. PC1), que os clones com maiores contribuições para as médias, mas que nem sempre são os mais estáveis, são: T22, T25, T10, T14 e T18, para PRC; T12, T1, T16 e T18 para PMC; e T11, T15, T20, T13 e T4, para PCF, ressaltando que são desejáveis os de contribuição negativa nesta característica.

Figura 1 - Biplot AMMI1, Médias (eixo x) vs PC1 (eixo y), com os ambientes correspondentes a anos e clones, para: produção de castanha (A), peso médio de castanha (B) e porcentagem de castanha furada (C), em clones de cajueiro-anão precoce, safras de 2016 a 2018. Cruz, CE.

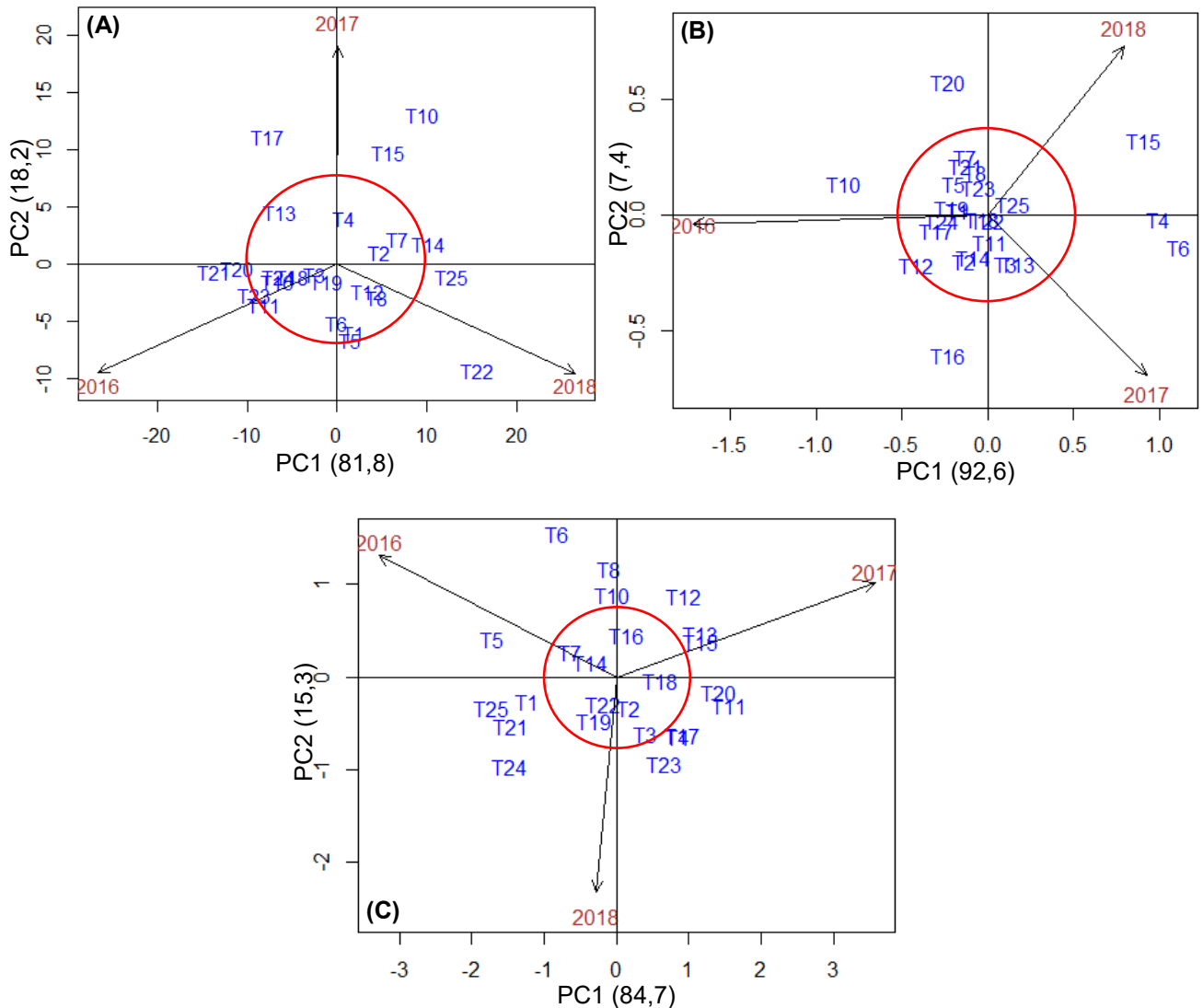


Fonte: os autores, 2022.

Contudo é importante ressaltar que existe a necessidade não apenas de contribuições altas para as médias, mas sim, procurar associar estabilidade e adaptabilidade também, com isso, destacaram-se os clones T8, T15, T7, T12 e T2, para PRC; para PMC foram T1, T16, T8, T18, T22, T17, T19 e T20; já para PCF são almejados aqueles que contribuíram negativamente, desta forma os melhores clones foram T4, T18, T14, T2, T16, T3, T23 e T10. Este comportamento dos clones em que foram identificados aqueles mais estáveis, próximos do eixo PC1, e também a presença de alguns com adaptabilidade específica a determinadas condições impostas pelos anos, e a forma de dispersão foi similar ao observado por Yokomizo et al. (2021) em cajueiros e mais ampla em comparação ao obtido por Yokomizo et al. (2019) em características vegetativas de cajueiros e de produção de castanhas. Convém citar que alguns dos clones mais produtivos tiveram contribuições significativas da interação GxA, semelhantemente ao detectado por Aliyu et al. (2014), mas diferindo de Maia et al. (2009), onde os mais produtivos não sofreram influência significativa do ambiente.

No biplot AMMI2 (Figuras 2A, 2B e 2C), de modo geral, pôde-se ratificar o comportamento genotípico do AMMI1, excetuando-se apenas os clones: T15, para PRC; T16 e T20 para PMC e; T4, T23 e T10 para PCF. Confirmando-se o comportamento estável (baixa contribuição para interação GxA) e a ampla adaptabilidade produtiva dos demais clones, pré-selecionados no AMMI1.

Figura 2 - Biplot AMMI2, PC1 (eixo x) vs PC2 (eixo y), com os ambientes correspondentes à anos e clones, para produção de castanha (A), peso médio de castanha (B) e porcentagem de castanha furada (C), em clones de cajueiro-anão precoce, safras de 2016 a 2018. Cruz, CE.



Fonte: os autores, 2022.

Pelos resultados para a característica PCF, a variação capturada pelo primeiro eixo componente principal (PC1), no comportamento geral do material genético não é suficiente para se inferir sobre a previsibilidade dos clones, por tratar-se de variável que, indubitavelmente sofre influência ambiental, por este motivo houve clones que não ratificaram seu desempenho em PC2. Isso demonstra a importância da adoção do modelo AMMI2 com parcela importante da variação capturada pelo segundo eixo

(PC2) corrigindo efeitos de variação aleatória não relacionada com o fenômeno da interação que poderia diminuir a eficiência da interpretação da estabilidade dos clones e ambientes na análise gráfica.

Ressaltando que de acordo com Yan e Kang (2003), apesar das escalas, a metodologia se baseia nas relações entre genótipos e ambientes, que não se altera conforme as escalas distintas entre o eixo PC1 e PC2, embora as aparências dos biplots fiquem diferentes, viabilizando a devida interpretação das análises gráficas AMMI1 e AMMI2. A estabilidade é importante para avaliar a confiabilidade da classificação dos genótipos, em um determinado ambiente, em relação à média geral dos ambientes, conforme afirmam Rocha et al. (2007).

É importante salientar que, mesmo com o refinamento na interpretação do AMMI, ao se agregar a informação do segundo eixo, apesar de ausência de significância que permite corrigir ou ratificar possíveis distorções da análise e interpretação obtidas numa única dimensão, não foi observada especificidade de clone com determinados anos, diferindo do resultado citado no trabalho de Aliyu et al. (2014) e Yokomizo et al. (2019).

Interações negativas ou positivas dos clones, com determinados anos, também são ratificadas no biplot AMMI2. É possível confirmar, por exemplo, a existência de baixa adaptação a determinados anos agrícolas, que puderam ser notados na análise AMMI1 e confirmados em AMMI2. Isso ocorreu porque tais clones tiveram escores de interação de elevada magnitude, nos dois eixos (instabilidade), estando distantes da origem dos eixos e, distribuíram-se em quadrantes distintos para esses anos agrícolas (Figuras 2A, 2B e 2C). Relembrando novamente que de acordo com Yan e Kang (2003) não há alteração das relações entre genótipos e ambientes ao se comparar os modelos gráficos AMMI1 e AMMI2. Os comportamentos coincidentes nos dois gráficos, conforme já reportado, indicam que o primeiro eixo conseguiu capturar a parcela mais importante do padrão da interação GxA, para as características em estudo. Essa distribuição é semelhante ao comportamento citado por Yokomizo et al. (2019, 2021) em que no modelo AMMI2, teve a confirmação do comportamento da maioria dos clones estáveis em AMMI1.

Os efeitos dos anos agrícolas avaliados individualmente tenderam a contribuir mais para a interação GxA, do que os clones, em relação às características, diferindo ao constatado por Yokomizo et al. (2019). A maior dispersão dos pontos ou vetores associados aos anos agrícolas em geral, em relação aos vetores associados aos clones, em ambos os biplots (médias x PC1 e; PC1 x PC2) também é observada no trabalho Yokomizo et al. (2021), o que justifica, segundo Aliyu et al. (2014), estudos que identifiquem fatores ambientais específicos envolvidos na manifestação desse tipo de interação nos diferentes anos de avaliação.

Os anos foram contrastantes, na análise AMMI2 (Figuras 2A, 2B e 2C), para todas as características, situando-se em quadrantes distintos, sendo indicativo de que os fatores causadores de distinção entre os anos agrícolas foram determinantes na interação associada ao primeiro eixo principal e, provavelmente, decorrente das diferenças climáticas e de manejo, diferindo do que é citado por Aliyu et al. (2014), em que houve a tendência de serem mais semelhantes entre si.

Com os resultados observados nas Tabelas e Figuras, baseado na dispersão dos clones e ao comportamento de adaptabilidade, há indicativo da necessidade de desenvolvimento de tecnologias de produção para controle dos fatores que possam integrar de forma efetiva o cultivo para as peculiaridades ecológicas regionais, como por exemplo: irrigação e tratamento fitossanitário. Semelhantemente ao citado por Aliyu et al. (2014) de que há a exigência de tecnologias adaptadas para ótima resposta

da planta para as especificidades de cada ambiente, além do desenvolvimento de diferentes genótipos de cajueiros.

4 CONCLUSÃO

Os clones superiores associando melhor estabilidade com contribuições para as médias são: T8, T7, T12 e T2, para PRC; T1, T8, T18, T22, T17, T19 e T20, para PMC; e T18, T14, T2, T16 e T3, para PCF, não havendo coincidência para as três características simultaneamente.

As maiores contribuições para as médias, independentemente de estabilidade e adaptabilidade são dos clones: T22, T25, T10, T14 e T18, para PRC; T12, T1, T16 e T18 para PMC; e T11, T15, T20, T13 e T4, para PCF.

O eixo PC1 da análise AMMI1 retém importante e significativa parcela da variabilidade, com isso o comportamento no modelo AMMI2 ratifica em grande parte o resultado obtido, com exceção apenas de T15 para PRC; T16 e T20 para PMC e T4, T23 e T10 para PCF.

REFERÊNCIAS

- Aliyu, O. M. (2012). Genetic diversity of the Nigerian cashew germplasm. In M. Caliskan (Ed.) *Genetic Diversity in Plants*. Rijeka: InTech Publisher.
- Aliyu, O. M., Adeigbe, O. O., & Lawal, O. O. (2014). Phenotypic stability analysis of yield components in Cashew (*Anacardium occidentale* L.) using additive main effect and multiplicative interaction (AMMI) and GGE biplot analyses. *Plant Breeding Biotechnology*, 2(4), 354-369.
<https://doi.org/10.9787/PBB.2014.2.4.354>
- Companhia Nacional de Abastecimento. (2022) *Castanha de caju: Análise Mensal* (Julho). <https://www.conab.gov.br/info-agro/analises-do-mercado-agropecuario-e-extrativista/analises-do-mercado/historico-mensal-de-castanha-de-caju>.
- Chen, Y. Y., Li, N. Y, Guo, X., Huang, H. J, Garcia-Oliveira, P., Sun, J. Y., Zhang, J. D., Prieto, M. A., Guo, Z. Q., & Liu, C. (2023) The nutritional and bio-active constituents, functional activities, and industrial applications of cashew (*Anacardium occidentale*): A review. *Food Frontiers*, 4, 1606-1621.
<https://doi.org/10.1002/fft2.250>
- Duarte, J. B., & Vencovsky, R. (1999). *Interação genótipos x ambientes: uma introdução à análise AMMI*. Sociedade Brasileira de Genética.
- Ferreira, D. F., Demetrio, C. G. B., Manly, B. F. J., Machado, A. A., & Vencovsky, R. (2006). Statistical models in agriculture: biometrical methods for evaluating phenotypic stability in plant breeding. *Cerne*, 12, 373–388.
<https://cerne.ufla.br/site/index.php/CERNE/article/view/572>
- Fundação Cearense de Meteorologia e Recursos Hídricos. (2020). *Portal Hidrológico do Ceará – Calendário das Chuvas no Estado do Ceará*.
<http://www5.funceme.br/app/calendario/produto/municipios/maxima/anual>.

- Gauch, H. G., & Zobel, R. W. (1988). Predictive and postdictive success of statistical analysis of yield trials. *Theoretical and Applied Genetics*, 76(1), 1-10. <https://doi.org/10.1007/BF00288824>
- Gollob, H. F. (1968). A statistical model which combines features of factor analytic and analysis of variance techniques. *Psychometrika*, 33(1), 73-115. <https://doi.org/10.1007/BF02289676>
- Guzman, P. S., & Alejandro, F. R. (2002). Searching for better white corn genetics for marginal uplands in the Philippines. *Proceedings of the 8th Asian Regional Maize Workshop*. CIMMYT.
- Instituto Brasileiro de Geografia e Estatística. (2022). *Sistema IBGE de Recuperação Automática – SIDRA*. IBGE. <https://sidra.ibge.gov.br/home/lspa/brasil>.
- Instituto Nacional de Meteorologia. (2020). *Dados Históricos Anuais: Estação A360*. <https://portal.inmet.gov.br/dadoshistoricos>.
- Maia, M. C. C., Resende, M. D. V., Paiva, J. R. de, Cavalcanti, J. J. V., & Barros, L. de M. (2009). Seleção simultânea para produção, adaptabilidade e estabilidade genóticas em clones de cajueiro, via modelos mistos. *Pesquisa Agropecuária Tropical*, 39(1), 43-50.
- Oliveira, N. N., Mothé, C. G., & Mothé, M. G. (2022). Sustainable uses of cashew tree rejects: cashew apple bagasse and cashew gum. *Biomass Conversion and Biorefinery*, 12, 2623-2633. <https://doi.org/10.1007/s13399-020-00763-5>
- Oliveira, L. A., Silva, C. P. D., Silva, A. Q. D., Mendes, C. T. E., Nuvunga, J. J., Muniz, J. A., Bueno Filho, J. S. S., Balestre, M. (2021). Shrinkage in the Bayesian analysis of the GGE model: A case study with simulation. *PloS one*, 16(8), e0256882.
- Resende, M. D. V. (2007). *Software SELEGEN-REML/BLUP : sistema estatístico e seleção genética computadorizada via modelos lineares mistos*. Colombo: Embrapa Florestas, 359p.
- Resende, M. D. V. (2016). Software Selegen-REML/BLUP: a useful tool for plant breeding. *Crop Breeding and Applied Biotechnology*, 16, 330-339.
- Resende, M. D. V., & Duarte, J. B. (2007). Precisão e controle de qualidade em experimentos de avaliação de cultivares. *Pesquisa Agropecuária Tropical*, 37, 182-194.
- Resende, R. T., Chenu, K., Rasmussen, S. K., Heinemann, A. B., & Fritsche-Neto, R. (2022). Editorial: Enviromics in Plant Breeding. *Frontiers in Plant Science*, 13, 935380. <https://doi.org/10.3389/fpls.2022.935380>
- Rocha, M. M., Freire Filho, F.R., Ribeiro, V.Q. & Carvalho, H. W. L. (2007). Adaptabilidade e estabilidade produtiva de genótipos de feijão-caupi de porte semi-ereto na região Nordeste do Brasil. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*,

42(9), 1283-1289. <https://doi.org/10.1590/S0100-204X2007000900010>

Silveira, D. C., Machado, J. M., Motta, E. A. M., Barbosa, M. R., Simioni, C., Weiler, R., L., Mills, A., Sampaio, R., Brunes, A.P., & Dall'agnol, M. (2022). Genetic parameters, prediction of gains and intraspecific hybrid selection of *Paspalum notatum* Flügge for forage using REML/BLUP. *Agronomy* 12(7): 1654. <https://doi.org/10.3390/agronomy12071654>

Statistical Analysis System. (2012). *SAS/STAT® 12.1 User's Guide*. Cary, NC: SAS Institute Inc. <https://support.sas.com/en/support-home.html>

Yan, W., & Kang, M. S. (2003). *GGE Biplot analysis: a graphical tool for breeders, geneticists, and agronomists*. CRC.

Yokomizo, G. K. I., Hongyu, K., Vidal Neto, F. das C., & Barros, L. de M. (2019). Estabilidade e adaptabilidade de clones de cajueiro para características vegetativas e produtivas. *Revista Cientific@*, 69(1), 55-67.

Yokomizo, G. K. I., Vidal Neto, F. das C., Hongyu, K., Melo, D. S., & Serrano, L. A. L. (2021). Estabilidade e adaptabilidade de clones de cajueiro para caracteres fenológicos. *Agrarian*, 14(54), 412-423.