

**UNIVERSIDADE FEDERAL DA GRANDE DOURADOS**

**INTERAÇÃO GENÓTIPOS POR AMBIENTES E DIVERGÊNCIA  
GENÉTICA EM GENÓTIPOS DE FEIJOEIRO (*Phaseolus vulgaris* L.)**

**AGENOR MARTINHO CORREA**

**DOURADOS  
MATO GROSSO DO SUL  
2008**

**INTERAÇÃO GENÓTIPOS POR AMBIENTES E DIVERGÊNCIA  
GENÉTICA EM GENÓTIPOS DE FEIJOEIRO (*Phaseolus vulgaris* L.)**

**AGENOR MARTINHO CORREA**  
Engenheiro Agrônomo

Orientador: Prof. Dr. MANOEL CARLOS GONÇALVES

Tese apresentada a Universidade  
Federal da Grande Dourados, como  
requisito à obtenção do Título de  
Doutor em Agronomia, Área de  
concentração: Produção Vegetal

Dourados  
Mato Grosso do Sul  
2008

**INTERAÇÃO GENÓTIPOS POR AMBIENTES E DIVERGÊNCIA  
GENÉTICA EM GENÓTIPOS DE FEIJOEIRO (*Phaseolus vulgaris* L.)**

por

**AGENOR MARTINHO CORREA**

Tese apresentada como parte dos requisitos exigidos para obtenção do título de  
**DOUTOR EM AGRONOMIA**

Aprovada em: 28/ 02/ 2008

---

Prof. Dr. Manoel Carlos Gonçalves  
Orientador – UFGD/FCA

---

Prof. Dr. Luiz Carlos Ferreira de Souza  
Co-Orientador – UFGD/FCA

---

Prof<sup>ª</sup> Dra. Silvana de Paula Quintão Scalon  
Co-Orientadora-UFGD/FCA

---

Prof<sup>ª</sup> Dra. Flávia Barbosa Abreu  
UFMS

---

Prof. Dr. Edson Talarico Rodrigues  
UEMS

## SOU O FEIJÃO...

Sou o feijão,  
Cientificamente me chamam  
De *Phaseolus vulgaris*,  
Estou presente à mesa  
De todos os lares,  
Especialmente à mesa  
Do lar mais pobre...  
Não usufruo o prestígio  
Do meu parente nobre,  
A soja, somos da mesma família...  
A minha origem  
É latina americana,  
Surgiu das formas selvagens  
Nas paisagens mexicanas  
E nos altos das  
Regiões andinas.  
Em muitos lares  
Sou a única fonte de proteínas  
Consumida na dieta alimentar.  
Quase sempre formo par  
Com o arroz,  
Fonte de carboidratos...  
Na cozinha brasileira  
Sou usado em muitos pratos:  
Na “feijoada”, o mais popular,  
Avidamente consumida  
No Rio de Janeiro,  
Em Minas, no “tutu”  
E no “feijão de tropeiro”,  
E na Bahia no “acarajé”.  
Não tenho, economicamente,  
A importância da soja ou do café,  
Mas sou alimento básico

Da nossa população.  
Sou o feijão  
E a planta que me produz  
O feijoeiro.  
Ela tem o porte ereto,  
Outras vezes rasteiro,  
Prostrado, rente ao chão...  
Eu e meus irmãos  
Crescemos dentro  
De vagens achatadas,  
Às vezes retas,  
Outras vezes encurvadas,  
Venho das mãos calejadas  
Dos pequenos agricultores,  
Dos cultivos sem tratores,  
Feitos manualmente  
No fundo dos quintais,  
Do esforço coletivo  
Nos assentamentos rurais,  
Dos meieiros e dos  
Pequenos arredantários,  
Sou eu quem gera os salários  
De tanta gente  
Encarregada da minha colheita,  
(Feita, manualmente,  
Em regime de empreita),  
Só agora começo  
A ser colhido mecanicamente...  
Sou o feijão,  
Não tenho títulos de realeza  
Nem sou produto de exportação,  
Mas estou presente,  
Todos os dias, em cada mesa,  
E em todas as mesas  
Da nossa população!...

Agenor Martinho Correa

Aos meus pais

Martinho

e

Gabriela (in memorian...),

Com amor e eterna gratidão

## **OFEREÇO**

À Maria Luiza, minha esposa, pelo incentivo constante e companheirismo de todos os momentos e aos meus filhos, Marcus Vinícius, Ariele, César Murilo e Línive, pelo carinho e solidariedade.

## **DEDICO**

## **AGRADECIMENTOS**

A Deus em quem encontro a força, a coragem e a determinação para prosseguir sempre,  
À Universidade Estadual de Mato Grosso do Sul – UEMS, pela oportunidade desta qualificação,

À Universidade Federal da Grande Dourados e, em especial, à Coordenação do Programa de Pós-Graduação em Agronomia, pelo completo apoio institucional,

Ao professor Dr. Manoel Carlos Gonçalves, pelos ensinamentos, orientação segura, estímulo e amizade no decorrer do curso e da realização deste trabalho,

Aos professores Dr. Luiz Carlos Ferreira de Souza e Dr<sup>a</sup>. Silvana de Paula Quintão Scalon, co-orientadores, pelo incentivo constante,

Aos colegas Elói Panachucki, Natanael Takeo Yamamoto, Elmo Pontes de Melo e Paulo César Cardoso, pela convivência fecunda e amistosa, fruto de uma amizade sincera e leal,

Ao acadêmico do curso de graduação em Agronomia da UFGD, Thiago Rodrigues Catapati, e do curso de Agronomia da UEMS, Unidade de Aquidauana, Éder Fernandes Santana, pelo imprescindível apoio nas instalações, conduções e coletas de dados dos ensaios conduzidos, respectivamente, em Dourados e em Aquidauana.

Ao Prof. Eliseu Acosta dos Santos pela revisão dos Abstracts.

Meus sinceros agradecimentos

## **AGRADECIMENTO ESPECIAL**

À Fundação de Apoio ao Desenvolvimento de Ensino, Ciência e Tecnologia do MS – FUNDECT, pela bolsa concedida durante o decorrer do curso e pelo auxílio financeiro prestado à execução do projeto, sem os quais não seria possível a sua concretização e;

À EMBRAPA – Centro Nacional de Pesquisa de Arroz e Feijão, Goiânia-GO, por ter disponibilizado os materiais genéticos que geraram este estudo.

Meus mais profundos agradecimentos.

## SUMÁRIO

	PÁGINA
LISTA DE QUADROS (Capítulo 1).....	ix
LISTA DE QUADROS (capítulo 2).....	xi
LISTA DE FIGURAS (Capítulo 1).....	xiii
LISTA DE FIGURAS (Capítulo 2).....	xvii
RESUMO .....	xxi
ABSTRACT .....	xxiii
INTRODUÇÃO GERAL .....	1
Capítulo 1. ADAPTABILIDADE E ESTABILIDADE DE GENÓTIPOS DE FEIJOEIRO ( <i>Phaseolus vulgaris</i> L.) CULTIVADOS EM DUAS LOCALIDADES DE MATO GROSSO DO SUL.....	3
RESUMO .....	4
ABSTRACT .....	6
1.INTRODUÇÃO.....	8
2. REVISÃO DE LITERATURA .....	10
2.1. Interação genótipos por ambientes: Natureza e Importância.....	10
2.2. Quantificação da Interação .....	12
2.3 Métodos de avaliação da adaptabilidade e estabilidade fenotípica .....	14
2.3.1 Métodos que avaliam a estabilidade pela análise de variância.....	16
2.3.2.Métodos que avaliam a adaptabilidade e estabilidade pela regressão linear simples.....	17
2.3.3 Métodos que avaliam a estabilidade e a adaptabilidade pela regressão linear bissegmentada .....	22
2.3.4. Métodos não-paramétricos de análise de adaptabilidade e estabilidade .....	28
2.3.5.Método que emprega técnica de análise multivariada (Modelo AMMI-biplot).....	34

2.4. Análise de padrões (Pattern analysis).....	38
3. MATERIAL E MÉTODOS.....	40
3.1. Caracterização dos ambientes experimentais .....	40
3.2. Germoplasma utilizado.....	41
3.3. Instalação e condução dos ensaios.....	41
3.4. Características avaliadas.....	43
3.5. Análises realizadas .....	43
3.5.1. Análises de variância.....	43
3.5.2 Análise de adaptabilidade e estabilidade .....	53
3.5.2.1. Método proposto por Wricke (1965).....	53
3.5.2.2.Método proposto por Eberhart e Russell (1966) .....	54
3.5.2.3. Método proposto por Lin e Binns (1988).....	56
3.5.2.4. Metodologia de análise AMMI-biplot.....	56
3.5.3. Análise de padrões (Pattern analysis).....	58
4. RESULTADOS E DISCUSSÕES.....	60
4.1. Análise de estabilidade pelo método de Wricke (1965) .....	71
4.2. Análise de adaptabilidade e estabilidade pela metodologia de Eberhart e Russell (1966).....	77
4.3. Estimativa de adaptabilidade e estabilidade pelo método de Lin e Binns (1988) .....	82
4.4. Estimativa de adaptabilidade e estabilidade pelo modelo AMMI-Biplot.....	87
4.5. Análise de padrões (Pattern analysis).....	99
5. CONCLUSÕES .....	118
6. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS .....	119
Capítulo 2. DIVERGÊNCIA GENÉTICA EM GENÓTIPOS DE FEIJOEIRO ( <i>Phaseolus vulgaris</i> L.) .....	132
RESUMO .....	133
ABSTRACT .....	135
1. INTRODUÇÃO.....	137
2. REVISÃO DE LITERATURA .....	139
2.1. Origem, Domesticação, Dispersão e Variabilidade genética .....	139

2.2. Divergência genética no feijoeiro.....	147
2.3. Medidas de Dissimilaridade .....	151
2.4. Técnicas de análise da divergência genética .....	152
2.4.1. Técnicas quantitativas.....	153
2.4.2. Técnicas preditivas .....	153
2.4.3. Técnicas de análise multivariada.....	154
2.4.3.1. Análise de agrupamento .....	155
2.4.3.2. Análise por componentes principais.....	158
2.4.3.3. Variáveis canônicas .....	160
3. MATERIAL E MÉTODOS.....	162
3.1. Locais e Épocas .....	162
3.2. Metodologia de avaliação .....	162
3.3. Análises univariadas .....	162
3.4. Análises multivariadas.....	163
4. RESULTADOS E DISCUSSÕES.....	167
4.1. Método do Vizinho mais próximo.....	167
4.2. Variáveis canônicas .....	183
4.3. Componentes principais .....	204
5. CONCLUSÕES .....	222
6. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS .....	223
7. CONSIDERAÇÕES FINAIS .....	233

## LISTA DE QUADROS (Capítulo 1)

	PÁGINA
Quadro 1. Caracterização dos ambientes experimentais .....	39
Quadro 2. Descrição dos genótipos utilizados .....	41
Quadro 3. Esquema de análise de variância no delineamento Blocos ao Acaso (modelo aleatório).....	44
Quadro 4. Esquema de análise de variância conjunta (Fatorial simples) com Soma de Quadrados, Quadrados Médios, Esperança dos Quadrados Médios e Estatísticas F (modelo misto – IV) .....	53
Quadro 5. Desempenho dos genótipos por ambientes para o caráter produtividade de grãos (PRD) .....	61
Quadro 6. Desempenho dos genótipos por ambientes para o caráter número médio de vagens por planta (VAG).....	62
Quadro 7. Desempenho dos genótipos por ambientes para o caráter número médio de sementes por vagem (SEM).....	63
Quadro 8. Desempenho dos genótipos por ambientes para o caráter massa de 100 sementes (MCS) .....	65
Quadro 9. Resumo das análises de variância para os ambientes individuais .....	68
Quadro 10. Análise da homogeneidade das variâncias dos erros.....	72
Quadro 11. Resumo da análise de variância conjunta dos 13 genótipos nos 12 ambientes para os quatro caracteres .....	73
Quadro 12. Estimativa do parâmetro de estabilidade obtida pelo método Wricke ( $\alpha$ ) para 13 genótipos de feijão cultivados em 12 ambientes no Estado de Mato Grosso do Sul .....	74
Quadro 13. Estimativas de índices ambientais e médias de 12 ambientes para os caracteres avaliados .....	78
Quadro 14. Médias ( $\hat{\beta}_{0i}$ ), estimativas dos coeficientes de regressão ( $\hat{\beta}_i$ ), desvios de regressão ( $\hat{c}_{di}$ ) e coeficientes de determinação ( $R^2$ ) de 13 genótipos de feijão obtidos em 12 ambientes de Mato Grosso do Sul para os caracteres “VAG” e “SEM” .....	80

Quadro 15. Médias ( $\hat{\beta}_{0i}$ ), estimativas dos coeficientes de regressão ( $\hat{\beta}_i$ ), desvios de regressão ( $\hat{c}_{di}$ ) e coeficientes de determinação ( $R^2$ ) de 13 genótipos de feijão obtidos em 12 ambientes de Mato Grosso do Sul para os caracteres “MCS” e “PRD” .....	81
Quadro 16. Estimativas dos parâmetros de adaptabilidade e estabilidade obtidas pelo método de Lin e Binns (1988) referentes a 13 genótipos avaliados em 12 ambientes no Estado de Mato Grosso do Sul para os caracteres “VAG” e “SEM” .....	83
Quadro 17. Estimativas dos parâmetros de adaptabilidade e estabilidade obtidas pelo método de Lin e Binns (1988) referentes a 13 genótipos avaliados em 12 ambientes no Estado de Mato Grosso do Sul para os caracteres “MCS” e “PRD” .....	84
Quadro 18. Análise de variância com desdobramento da interação original G x E pelo método AMMI, teste $F_{GOLLOB}$ (1968), para o caráter “PRD” .....	87
Quadro 19. Análise de variância com desdobramento da interação original G x E pelo método AMMI, teste $F_{GOLLOB}$ (1968), para o caráter “VAG” .....	88
Quadro 20. Análise de variância com desdobramento da interação original G x E pelo método AMMI, teste $F_{GOLLOB}$ (1968), para o caráter “SEM” .....	88
Quadro 21. Análise de variância com desdobramento da interação original G x E pelo método AMMI, teste $F_{GOLLOB}$ (1968), para o caráter “MCS” .....	89
Quadro 22. ANOVA combinada para valores de dados brutos do caráter “VAG” .....	99
Quadro 23. ANOVA combinada para valores de dados brutos do caráter “SEM” .....	100
Quadro 24. ANOVA combinada para valores de dados brutos do caráter “MCS” .....	100
Quadro 25. ANOVA combinada para valores de dados brutos do caráter “MCS” .....	100
Quadro 26. Membros e médias dos grupos estabelecidos de genótipos e ambientes para o caráter número médio de vagem por planta “VAG” .....	102
Quadro 27. Membros e médias dos grupos estabelecidos de genótipos e ambientes para o caráter número médio de sementes por vagem “SEM” .....	103
Quadro 28. Membros e médias dos grupos estabelecidos de genótipos e ambientes para o caráter massa de 100 sementes “MCS” .....	104
Quadro 29. Membros e médias dos grupos estabelecidos de genótipos e ambientes para o caráter produtividade de grãos “PRD” .....	105

## LISTA DE QUADROS (Capítulo 2)

### PÁGINA

Quadro 1. Distâncias generalizadas de Mahalanobis em relação aos quatro caracteres obtidas por transformação via condensação pivotal para 13 genótipos de feijoeiro cultivados no ambiente EA.....	169
Quadro 2. Distâncias generalizadas de Mahalanobis em relação aos quatro caracteres obtidas por transformação via condensação pivotal para 13 genótipos de feijoeiro cultivados no ambiente EB .....	170
Quadro 3. Distâncias generalizadas de Mahalanobis em relação aos quatro caracteres obtidas por transformação via condensação pivotal para 13 genótipos de feijoeiro cultivados no ambiente EC .....	171
Quadro 4. Distâncias generalizadas de Mahalanobis em relação aos quatro caracteres obtidas por transformação via condensação pivotal para 13 genótipos de feijoeiro cultivados no ambiente ED .....	172
Quadro 5. Distâncias generalizadas de Mahalanobis em relação aos quatro caracteres obtidas por transformação via condensação pivotal para 13 genótipos de feijoeiro cultivados no ambiente EE .....	173
Quadro 6. Distâncias generalizadas de Mahalanobis em relação aos quatro caracteres obtidas por transformação via condensação pivotal para 13 genótipos de feijoeiro cultivados no ambiente EF.....	174
Quadro 7. Distâncias generalizadas de Mahalanobis em relação aos quatro caracteres obtidas por transformação via condensação pivotal para 13 genótipos de feijoeiro cultivados no ambiente EG .....	175
Quadro 8. Distâncias generalizadas de Mahalanobis em relação aos quatro caracteres obtidas por transformação via condensação pivotal para 13 genótipos de feijoeiro cultivados no ambiente EH.....	176
Quadro 9. Distâncias generalizadas de Mahalanobis em relação aos quatro caracteres obtidas por transformação via condensação pivotal para 13 genótipos de feijoeiro cultivados no ambiente EI .....	177
Quadro 10. Distâncias generalizadas de Mahalanobis em relação aos quatro caracteres obtidas por transformação via condensação pivotal para 13 genótipos de feijoeiro cultivados no ambiente EJ .....	178

Quadro 11. Distâncias generalizadas de Mahalanobis em relação aos quatro caracteres obtidas por transformação via condensação pivotal para 13 genótipos de feijoeiro cultivados no ambiente EK.....	179
Quadro 12. Distâncias generalizadas de Mahalanobis em relação aos quatro caracteres obtidas por transformação via condensação pivotal para 13 genótipos de feijoeiro cultivados no ambiente EL .....	180
Quadro 13. Contribuição relativa de cada caráter, em cada ambiente, para a dissimilaridade genética ( $S_j$ ) em 13 genótipos de feijoeiro comum .....	184
Quadro 14. Grupos de genótipos estabelecidos nos ambientes pelo método do vizinho mais próximo, com base na dissimilaridade expressa pela distância de Mahalanobis ( $D^2$ ).....	189
Quadro 15. Variáveis (autovalores), variâncias percentuais e variâncias acumuladas das variáveis canônicas, em cada ambiente, para estimação da dissimilaridade entre 13 genótipos de feijoeiro comum.....	192
Quadro 16. Grupos de genótipos estabelecidos pelas variáveis canônicas nos 12 ambientes.....	201
Quadro 17. Coeficientes de ponderação (autovetores) associados às variáveis canônicas das características avaliadas nos ambientes.....	206
Quadro 18. Estimativas dos autovalores associados aos componentes principais (Raiz), importância relativa (R%) e acumulada (% acumulada) referente a quatro caracteres avaliados em 13 genótipos de feijoeiro comum em 12 ambientes .....	208
Quadro 19. Grupos de genótipos estabelecidos pelos componentes principais nos 12 ambientes.....	217
Quadro 20. Estimativa dos coeficientes de ponderação (autovetores) relacionados aos componentes principais referentes aos quatro caracteres avaliados nos 12 ambientes .....	220

## LISTA DE FIGURAS (Capítulo 1)

### PÁGINA

Figura 1. Médias mensais de temperatura (°C) máximas, médias e mínimas, ocorridas no período de setembro/2000 a junho/2001, nos ambientes EA e EB, no município de Dourados. Dourados, 2007 .....	45
Figura 2. Precipitação pluviométrica por decêndio, ocorrida no período de setembro/2000 a junho/2001, nos ambientes EA e EB, no município de Dourados-MS. Dourados, 2007 .....	45
Figura 3. Médias mensais de temperatura (°C) máximas, médias e mínimas, ocorridas no período de março/2001 a julho/2001, no ambiente EC, município de Aquidauana-MS, Aquidauana, 2007 .....	46
Figura 4. Precipitação pluviométrica por decêndio, ocorrida no período de março/2001 a julho/2001 no ambiente EC, município de Aquidauana-MS. Aquidauana, 2007 .....	46
Figura 5. Médias mensais de temperatura (°C) máximas, médias e mínimas, ocorridas no período de março/2002 a julho/2002, no ambiente EF, município de Aquidauana-MS. Aquidauana, 2007 .....	47
Figura 6. Precipitação pluviométrica por decêndio, ocorrida no período de março/2002 a julho/2002, no ambiente EF, município de Aquidauana-MS. Aquidauana, 2007 .....	47
Figura 7. Médias mensais de temperatura (°C) máximas, médias e mínimas, ocorridas no período de março/2003 a julho/2003, no ambiente EG, município de Aquidauana-MS, Aquidauana, 2007 .....	48
Figura 8. Precipitação pluviométrica por decêndio, ocorrida no período de março/2003 a julho/2003 no ambiente EG, município de Aquidauana-MS. Aquidauana, 2007 .....	48
Figura 9. Médias mensais de temperatura (°C) máximas, médias e mínimas, ocorridas no período de março/2004 a julho/2004, no ambiente EH, município de Aquidauana-MS, Aquidauana, 2007 .....	49
Figura 10. Precipitação pluviométrica por decêndio, ocorrida no período de março/2004 a julho/2004 no ambiente EH, município de Aquidauana-MS. Aquidauana, 2007 .....	49

Figura 11. Médias mensais de temperatura (°C) máximas, médias e mínimas, ocorridas no período de março/2005 a julho/2005, no ambiente EI, município de Aquidauana-MS, Aquidauana,2007 .....	50
Figura 12. Precipitação pluviométrica por decêndio, ocorrida no período de março/2005 a julho/2005 no ambiente EI, município de Aquidauana-MS. Aquidauana, 2007 .....	50
Figura 13. Médias mensais de temperatura (°C) máximas, médias e mínimas, ocorridas no período de setembro/2005 a junho/2006, nos ambientes EJ e EK, no município de Dourados. Dourados, 2007 .....	51
Figura 14. Precipitação pluviométrica por decêndio, ocorrida no período de setembro/2005 a junho/2006, nos ambientes EJ e EK, no município de Dourados-MS. Dourados, 2007 .....	51
Figura 15. Médias mensais de temperatura (°C) máximas, médias e mínimas, ocorridas no período de março/2006 a julho/2006, no ambiente EL, município de Aquidauana-MS, Aquidauana,2007 .....	52
Figura 16. Precipitação pluviométrica por decêndio, ocorrida no período de março/2006 a julho/2006 no ambiente EH, município de Aquidauana-MS. Aquidauana, 2007 .....	52
Figura 17. Biplot AMMI para efeitos principais e interação G x E para dados de número de vagens por planta de 13 genótipos de feijoeiro (1,..., 13), cultivados em 12 ambientes (EA,..., EL).....	90
Figura 18. Biplot AMMI para efeitos principais e interação G x E para dados de número de sementes por vagem de 13 genótipos de feijoeiro (1,..., 13), cultivados em 12 ambientes (EA,..., EL).....	91
Figura 19..Biplot AMMI para efeitos principais e interação G x E para dados de massa de 100 sementes de 13 genótipos de feijoeiro (1,..., 13), cultivados em 12 ambientes (EA,...,EL) .....	93
Figura 20. Biplot AMMI para efeitos principais e interação G x E para dados de produtividade de grãos de 13 genótipos de feijoeiro ( 1,..., 13), cultivados em 12 ambientes (EA,..., EL).....	94
Figura 21. Primeiro componente principal da interação (IPCA <sub>1</sub> ) x segundo componente principal da interação (IPCA <sub>2</sub> ) de 13 genótipos de feijoeiro (1,..., 13) avaliados em 12 ambientes (EA,..., EL), para o caráter “PRD” ..	96

Figura 22. Primeiro componente principal da interação (IPCA <sub>1</sub> ) x segundo componente principal da interação (IPCA <sub>2</sub> ) de 13 genótipos de feijoeiro (1,..., 13) avaliados em 12 ambientes (EA,..., EL), para o caráter “VAG” .....	97
Figura 23. Primeiro componente principal da interação (IPCA <sub>1</sub> ) x segundo componente principal da interação (IPCA <sub>2</sub> ) de 13 genótipos de feijoeiro (1,..., 13) avaliados em 12 ambientes (EA,..., EL), para o caráter “SEM” .....	97
Figura 24. Primeiro componente principal da interação (IPCA <sub>1</sub> ) x segundo componente principal da interação (IPCA <sub>2</sub> ) de 13 genótipos de feijoeiro (1,..., 13) avaliados em 12 ambientes (EA,..., EL), para o caráter “MCS” .....	98
Figura 25. Dendograma de classificação de ambientes usando o método de Ward’s em ambientes com as médias padronizadas para o caráter “VAG” .....	106
Figura 26. Dendograma de classificação de ambientes usando o método de Ward’s em ambientes com as médias padronizadas para o caráter “SEM” .....	107
Figura 27. Dendograma de classificação de ambientes usando o método de Ward’s em ambientes com as médias padronizadas para o caráter “MCS” .....	107
Figura 28. Dendograma de classificação de ambientes usando o método de Ward’s em ambientes com as médias padronizadas para o caráter “PRD” .....	109
Figura 29. Dendograma de classificação de genótipos usando o método de Ward’s em ambientes com as médias padronizadas para o caráter “VAG” .....	109
Figura 30. Dendograma de classificação de genótipos usando o método de Ward’s em ambientes com as médias padronizadas para o caráter “SEM” .....	110
Figura 31. Dendograma de classificação de genótipos usando o método de Ward’s em ambientes com as médias padronizadas para o caráter “MCS” .....	111
Figura 32. Dendograma de classificação de genótipos usando o método de Ward’s em ambientes com as médias padronizadas para o caráter “PRD” .....	112
Figura 33. Biplot para componentes principais (IPCA <sub>1</sub> x IPCA <sub>2</sub> ) obtido da ordenação dos dados padronizados de ambientes para o caráter “VAG”. Os ambientes são indicados como vetores dos pontos originais e os genótipos denotados por pontos .....	113

- Figura 34. Biplot para componentes principais ( $IPCA_1$  x  $IPCA_2$ ) obtido da ordenação dos dados padronizados de ambientes para o caráter “SEM”. Os ambientes são indicados como vetores dos pontos originais e os genótipos denotados por pontos .....114
- Figura 35. Biplot para componentes principais ( $IPCA_1$  x  $IPCA_2$ ) obtido da ordenação dos dados padronizados de ambientes para o caráter “MCS”. Os ambientes são indicados como vetores dos pontos originais e os genótipos denotados por pontos .....115
- Figura 36. Biplot para componentes principais ( $IPCA_1$  x  $IPCA_2$ ) obtido da ordenação dos dados padronizados de ambientes para o caráter “PRD”. Os ambientes são indicados como vetores dos pontos originais e os genótipos denotados por pontos .....116

## LISTA DE FIGURAS (Capítulo 2)

	<b>PÁGINA</b>
Figura 1. Dendograma representativo da dissimilaridade genética entre os 13 genótipos estudados obtido pela técnica do vizinho mais próximo, no ambiente ‘EA’, utilizando a distância generalizada de Mahalanobis como medida de dissimilaridade .....	185
Figura 2. Dendograma representativo da dissimilaridade genética entre os 13 genótipos estudados obtido pela técnica do vizinho mais próximo, no ambiente “EB”, utilizando a distância generalizada de Mahalanobis como medida de dissimilaridade .....	185
Figura 3. Dendograma representativo da dissimilaridade genética entre os 13 genótipos estudados obtido pela técnica do vizinho mais próximo, no ambiente “EC”, utilizando a distância generalizada de Mahalanobis como medida de dissimilaridade .....	185
Figura 4. Dendograma representativo da dissimilaridade genética entre os 13 genótipos estudados obtido pela técnica do vizinho mais próximo, no ambiente “ED”, utilizando a distância generalizada de Mahalanobis como medida de dissimilaridade .....	186
Figura 5. Dendograma representativo da dissimilaridade genética entre os 13 genótipos estudados obtido pela técnica do vizinho mais próximo, no ambiente “EE”, utilizando a distância generalizada de Mahalanobis como medida de dissimilaridade .....	186
Figura 6. Dendograma representativo da dissimilaridade genética entre os 13 genótipos estudados obtido pela técnica do vizinho mais próximo, no ambiente “EF”, utilizando a distância generalizada de Mahalanobis como medida de dissimilaridade .....	186
Figura 7. Dendograma representativo da dissimilaridade genética entre os 13 genótipos estudados obtido pela técnica do vizinho mais próximo, no ambiente “EG”, utilizando a distância generalizada de Mahalanobis como medida de dissimilaridade .....	187

Figura 8. Dendograma representativo da dissimilaridade genética entre os 13 genótipos estudados obtido pela técnica do vizinho mais próximo, no ambiente “EH”, utilizando a distância generalizada de Mahalanobis como medida de dissimilaridade .....	187
Figura 9. Dendograma representativo da dissimilaridade genética entre os 13 genótipos estudados obtido pela técnica do vizinho mais próximo, no ambiente “EI”, utilizando a distância generalizada de Mahalanobis como medida de dissimilaridade .....	187
Figura 10. Dendograma representativo da dissimilaridade genética entre os 13 genótipos estudados obtido pela técnica do vizinho mais próximo, no ambiente “EJ”, utilizando a distância generalizada de Mahalanobis como medida de dissimilaridade .....	188
Figura 11. Dendograma representativo da dissimilaridade genética entre os 13 genótipos estudados obtido pela técnica do vizinho mais próximo, no ambiente “EK”, utilizando a distância generalizada de Mahalanobis como medida de dissimilaridade .....	188
Figura 12. Dendograma representativo da dissimilaridade genética entre os 13 genótipos estudados obtido pela técnica do vizinho mais próximo, no ambiente “EL”, utilizando a distância generalizada de Mahalanobis como medida de dissimilaridade .....	188
Figura 13. Dispersão gráfica dos escores dos 13 genótipos de feijoeiro comum utilizando-se as duas primeiras variáveis canônicas, obtido no ambiente “EA” .....	194
Figura 14. Dispersão gráfica dos escores dos 13 genótipos de feijoeiro comum utilizando-se as duas primeiras variáveis canônicas, obtido no ambiente “EB” .....	195
Figura 15. Dispersão gráfica dos escores dos 13 genótipos de feijoeiro comum utilizando-se as duas primeiras variáveis canônicas, obtido no ambiente “EC” .....	195
Figura 16. Dispersão gráfica dos escores dos 13 genótipos de feijoeiro comum utilizando-se as duas primeiras variáveis canônicas, obtido no ambiente “ED” .....	196

Figura 17. Dispersão gráfica dos escores dos 13 genótipos de feijoeiro comum utilizando-se as duas primeiras variáveis canônicas, obtido no ambiente “EE” .....	196
Figura 18. Dispersão gráfica dos escores dos 13 genótipos de feijoeiro comum utilizando-se as duas primeiras variáveis canônicas, obtido no ambiente “EF” .....	197
Figura 19. Dispersão gráfica dos escores dos 13 genótipos de feijoeiro comum utilizando-se as duas primeiras variáveis canônicas, obtido no ambiente “EG” .....	197
Figura 20. Dispersão gráfica dos escores dos 13 genótipos de feijoeiro comum utilizando-se as duas primeiras variáveis canônicas, obtido no ambiente “EH” .....	198
Figura 21. Dispersão gráfica dos escores dos 13 genótipos de feijoeiro comum utilizando-se as duas primeiras variáveis canônicas, obtido no ambiente “EI” .....	198
Figura 22. Dispersão gráfica dos escores dos 13 genótipos de feijoeiro comum utilizando-se as duas primeiras variáveis canônicas, obtido no ambiente “EJ” .....	199
Figura 23. Dispersão gráfica dos escores dos 13 genótipos de feijoeiro comum utilizando-se as duas primeiras variáveis canônicas, obtido no ambiente “EK” .....	199
Figura 24. Dispersão gráfica dos escores dos 13 genótipos de feijoeiro comum utilizando-se as duas primeiras variáveis canônicas, obtido no ambiente “EL” .....	200
Figura 25. Dispersão gráfica dos escores dos 13 genótipos de feijoeiro comum utilizando-se os dois primeiros componentes, obtido no ambiente “EA” ..	209
Figura 26. Dispersão gráfica dos escores dos 13 genótipos de feijoeiro comum utilizando-se os dois primeiros componentes, obtido no ambiente “EB” ...	209
Figura 27. Dispersão gráfica dos escores dos 13 genótipos de feijoeiro comum utilizando se os dois primeiros componentes, obtido no ambiente “EC” ....	210

- Figura 28. Dispersão gráfica dos escores dos 13 genótipos de feijoeiro comum utilizando se os dois primeiros componentes, obtido no ambiente “ED” ...210
- Figura 29. Dispersão gráfica dos escores dos 13 genótipos de feijoeiro comum utilizando se os dois primeiros componentes, obtido no ambiente “EE” ....211
- Figura 30. Dispersão gráfica dos escores dos 13 genótipos de feijoeiro comum utilizando se os dois primeiros componentes, obtido no ambiente “EF” ....211
- Figura 31. Dispersão gráfica dos escores dos 13 genótipos de feijoeiro comum utilizando se os dois primeiros componentes, obtido no ambiente “EG” ...212
- Figura 32. Dispersão gráfica dos escores dos 13 genótipos de feijoeiro comum utilizando se os dois primeiros componentes, obtido no ambiente “EH” ...212
- Figura 33. Dispersão gráfica dos escores dos 13 genótipos de feijoeiro comum utilizando se os dois primeiros componentes, obtido no ambiente “EI” .....213
- Figura 34. Dispersão gráfica dos escores dos 13 genótipos de feijoeiro comum utilizando se os dois primeiros componentes, obtido no ambiente “EJ” .....213
- Figura 35. Dispersão gráfica dos escores dos 13 genótipos de feijoeiro comum utilizando se os dois primeiros componentes, obtido no ambiente “EK” ...214
- Figura 36. Dispersão gráfica dos escores dos 13 genótipos de feijoeiro comum utilizando se os dois primeiros componentes, obtido no ambiente “EL” ....214

# **INTERAÇÃO GENÓTIPOS POR AMBIENTES E DIVERGÊNCIA GENÉTICA EM GENÓTIPOS DE FEIJOEIRO (*Phaseolus vulgaris* L.)**

Autor: Agenor Martinho Correa

Orientador: Manoel Carlos Gonçalves

## **RESUMO**

Neste trabalho foram estudados dois aspectos fundamentais do melhoramento genético do feijoeiro: a) Interação genótipos por ambientes (Capítulo 1) e b) Divergência genética (Capítulo 2). Os ensaios foram desenvolvidos nas áreas experimentais da Universidade Estadual de Mato Grosso do Sul, Unidade Universitária de Aquidauana, e da Universidade Federal da Grande Dourados, em Dourados, durante os anos agrícolas 2000/2001 a 2005/2006, nas épocas de cultivo “da seca” e “das águas”, perfazendo um total de 12 ambientes sendo cada ambiente caracterizado pela combinação de local x época de cultivo x ano agrícola. Foram avaliados 13 genótipos de feijoeiro comum no delineamento experimental de blocos ao acaso, com três repetições para cada tratamento, constituindo-se cada genótipo num tratamento. No estudo da interação genótipos por ambientes os parâmetros de adaptabilidade e estabilidade dos genótipos foram estimados por técnicas tradicionais e técnica de análise multivariada, em cada um dos ambientes experimentais, procurando-se comparar resultados e eficiência dessas metodologias na discriminação de genótipos face às variações de ambientes. A análise de padrões foi empregada para identificar e agrupar genótipos com respostas similares em todos os ambientes e ambientes que discriminam de forma semelhante os genótipos. O estudo permitiu discriminar genótipos com bom desempenho, ampla adaptação e previsibilidade de comportamento que poderão ser recomendados, de forma generalizada, para os locais e épocas de cultivos avaliados e, genótipos de comportamento menos previsível, com adaptação específica para certas condições de cultivo. Técnicas de análise multivariada foram também empregadas no estudo da divergência genética objetivando a formação de grupos de genótipos com base na distância genética entre eles. Este estudo permitiu identificar grupos dissimilares de genótipos que, em função dos caracteres de interesse agrônômico, poderão ser empregados em

hibridações em programas de melhoramento que visem obter híbridos com maior efeito heterótico, que, em combinações, possam gerar populações de base genética ampla.

# **GENOTYPE BY ENVIRONMENT INTERACTION AND GENETIC DIVERGENCE IN COMMON BEAN GENOTYPES**

Author: Agenor Martinho Correa

Adviser: Manoel Carlos Gonçalves

## **ABSTRACT**

In this work were studied two main aspects of the common bean breeding: a) - Genotype by environment interaction (Chapter 1) and; b) – Genetic divergence (Chapter 2). The trials were carried out at the experimental Campus at the Universidade Estadual de Mato Grosso do Sul, in Aquidauana and at the Universidade Federal da Grande Dourados, in Dourados-MS, in the period from 2000/2001 to 2005/2006, in the “dry” and “rain” harvest, composing a total of 12 environments, where each environment was characterized by the combination of local x year x crop season. There were thirteen genotypes of common bean assessed in randomized blocks, with three replications per treatment, where each genotype became a treatment. In the study of the genotype by environment interaction the parameters of adaptability and stability of the genotypes were estimated by traditional and multivariate analysis methods, in each trial experimental environment, searching to compare results and efficiency of these methodologies in discrimination of genotypes face to variation of the environment. The pattern analysis was used to identify and group genotypes with similar responses in all environments as well as environments that discriminate similarly the genotypes. The study allowed discriminate genotypes with high performance, broad adaptation and good predictability of response that may be recommended to favorable and unfavorable environment, in general, and genotypes of less predictability behaviour, which specific adaptation to certain environments. Multivariate analysis techniques were also used in the study of genetic divergence aiming the formation of genotypes groups based on the genetic distance among them. The study of genetic divergence identified dissimilar groups of genotypes that based on agronomic characters of interest, may be employed in hybridizations, in breeding programs, that are designated to acquisition of hybrids with heterosis, which in combination, can generate populations of broad genetic base.

## INTRODUÇÃO GERAL

O feijoeiro (*Phaseolus vulgaris* L.) é originário do continente americano numa extensa área que se estende do México até a Argentina (DEBOUCK e TOHME, 1989). É cultivado, praticamente, em todos os continentes sendo o Brasil, a Índia e a China Continental os maiores produtores mundiais de feijão.

No Brasil, a cultura se destaca pela sua importância econômica e social. Ocupa entre as culturas produtoras de grãos a terceira posição em área cultivada e a quinta quando se considera o volume de produção. No ano agrícola 2006/2007 a área colhida foi de 4.223.600 hectares com produção de 3.471.200 toneladas de grãos de feijão e a produtividade média de 821,8 kg ha<sup>-1</sup> (CONAB, 2007). A sua importância social reside no fato de ser o feijão constituinte básico da alimentação do povo brasileiro, representando, para a camada de mais baixa renda da população, a principal fonte de proteínas.

No Estado de Mato Grosso do Sul, a cultura ocupou no ano agrícola 2006/2007, uma área de 21.800 hectares onde se obteve a produção de 25.600 toneladas de grãos, ficando a produtividade média em 1.174,3 kg ha<sup>-1</sup> (CONAB, 2007). A produtividade média de grãos obtida pela cultura é considerada baixa em relação ao potencial de produção da espécie que, em condições adequadas, é superior a 4.500 kg ha<sup>-1</sup> (VIEIRA et al., 1999). Diversas são as causas atribuídas à baixa produtividade de grãos da cultura do feijoeiro no Brasil. Ramalho (1997) menciona, entre outras, as seguintes: diversidades de sistemas de cultivo, dificuldades de mecanização agrícola, suscetibilidade às pragas e fitopatógenos, baixo índice de utilização de insumos, suscetibilidade a estresse ambiental e utilização de cultivares mal adaptadas.

Aumentos na produção de uma cultura podem ser obtidos, segundo Allard (1960), por meio da abertura de novas áreas, pela utilização de melhores tecnologias e pelo melhoramento genético, sendo este último a única das três alternativas que não requer incremento de área ou de capital, contribuindo substancialmente para o aumento da produtividade agrícola não apenas pelo melhoramento de variedades altamente produtivas, mas também pelo desenvolvimento de variedades que contribuam para estabilizar a produção por meio da resistência às doenças e aos estresses ambientais.

Informações consideradas de fundamental importância nos programas de melhoramento genético do feijoeiro dizem respeito à interação genótipos por ambientes

e à diversidade e divergência genética dentro da espécie. Tais informações são consideradas essenciais para o uso racional de recursos genéticos nos programas de melhoramento.

A interação genótipos por ambientes, quando presente, dificulta a recomendação de cultivares com ampla adaptabilidade e reduz os progressos na seleção de genótipos (DUARTE e VENCOVSKY, 1999; CRUZ et al., 2004). A utilização de genitores divergentes, com alelos de interesse em cruzamentos, é importante uma vez que a divergência genética entre os mesmos promove combinações gênicas favoráveis que propiciam a obtenção de híbridos com maior efeito heterótico que, por sua vez, proporcionam maior segregação em recombinações, gerando, assim, populações de base genética ampla que possibilitem o aparecimento de transgressivos (CRUZ e CARNEIRO, 2003).

Quando se considera simultaneamente um conjunto de variáveis aleatórias entre si, onde cada uma possui o mesmo grau de importância, a análise multivariada torna-se a opção mais vantajosa nos estudos estatísticos por condensar, eliminando informações redundantes, um grande conjunto de dados, proporcionando melhor compreensão, visualização e interpretação dos mesmos.

Desta forma, este trabalho teve por objetivo avaliar um conjunto de 13 genótipos de feijoeiro comum cultivados em 12 ambientes representados pela combinação de “local” x “ano agrícola” x “época de cultivo”, no período de 2000/2001 a 2005/2006, quanto à interação genótipos por ambientes e à divergência genética entre os genitores, empregando-se técnicas tradicionais e técnicas multivariadas.

## **CAPÍTULO 1**

**ADAPTABILIDADE E ESTABILIDADE DE GENÓTIPOS DE FEIJOEIRO  
(*Phaseolus vulgaris* L.) CULTIVADOS EM DUAS LOCALIDADES DE MATO  
GROSSO DO SUL**

## **ADAPTABILIDADE E ESTABILIDADE DE GENÓTIPOS DE FEIJOEIRO (*Phaseolus vulgaris* L.) CULTIVADOS EM DUAS LOCALIDADES DE MATO GROSSO DO SUL**

Autor: Agenor Martinho Correa

Orientador: Manoel Carlos Gonçalves

### **RESUMO**

Parâmetros de adaptabilidade e estabilidade da produtividade de grãos, número médio de vagens por planta, número médio de sementes por vagem e massa de 100 sementes de 13 genótipos de feijoeiro comum, entre variedades comerciais e linhagens avançadas, foram estimados em duas localidades do Estado de Mato Grosso do Sul (Aquidauana e Dourados). Em Dourados os genótipos foram cultivados na época “da seca” e na época “das águas” e em Aquidauana, apenas na época “da seca”. A unidade experimental constou de duas linhas de plantas com 1,50 m de comprimento cada uma, espaçadas de 0,50 m entre si. Na avaliação dos caracteres número de vagens por planta; número de sementes por vagem e massa de 100 sementes, considerou-se apenas oito plantas, tomadas aleatoriamente na parcela e para o caráter produtividade de grãos o total de plantas existente nas parcelas pela ocasião da colheita. Os parâmetros foram estimados através das seguintes metodologias: a) Wricke (1965); Eberhart e Russell (1966); LIN e Lin e Binns (1988) e o modelo AMMI-biplot (modelo de efeitos principais aditivos e interação multiplicativa) que emprega análise multivariada, considerando-se o efeito de genótipo como aleatório e o de ambiente como fixo. Procedeu-se também ao agrupamento de genótipos e de ambientes empregando-se a técnica de análise de padrões (pattern analysis). Os resultados obtidos permitiram concluir que as metodologias divergem na classificação dos genótipos quanto à estabilidade e adaptação, mas boa concordância é observada entre as estimativas pelo modelo AMMI-biplot e o método de Wricke (1965). Pode-se constatar também que o modelo de Eberhart e Russell (1966), que emprega a regressão linear simples, não se adequou ao estudo genético realizado uma vez que o comportamento dos genótipos, face às variações ambientais, não obedeceu a linearidade. Para o caráter produtividade de grãos, no geral, as cultivares Rudá, Xamego e Apuré se mostraram de ampla

adaptação, de comportamento previsível, de bom desempenho e, portanto, de recomendação geral aos ambientes avaliados, enquanto que a cultivar EMGOPA 201 - Ouro, apesar do bom desempenho, mostrou-se altamente instável (exceto pelo método de LIN e BINNS) e adaptada a ambientes desfavoráveis. Para os demais caracteres as metodologias empregadas foram bastante discordantes nas estimativas dos parâmetros de adaptabilidade e estabilidade. A análise de padrões mostrou-se eficiente na formação, para cada um dos caracteres avaliados, de grupos de genótipos com desempenho semelhante em todos os ambientes e grupos de ambientes que discriminam de forma semelhante os genótipos.

## **ADAPTABILITY AND STABILITY OF COMMON BEAN GENOTYPES GROWN IN TWO LOCATIONS IN THE STATE OF MATO GROSSO DO SUL**

Author: Agenor Martinho Correa

Adviser: Manoel Carlos Gonçalves

### **ABSTRACT**

Adaptability and stability parameters of the characters grain yield, number of pods per plant, number of seeds for pod and mass of 100 seeds from thirteen genotypes of common bean, involving commercial varieties and advanced lines, were estimated at two locations of Mato Grosso do Sul (Aquidauana and Dourados). In Dourados the genotypes were grown in the “dry” and “rain” harvest and in Aquidauana only in the “dry” harvest. The experimental unit consisted of two lines of 1,50 m in length each one by a width of 0,50 m. In the assessment of the characters number of pods per plant; numbers of seeds for pod and mass of 100 seeds were considered only eight units taken randomly from the plot and the character grain yield was taken the total of units in the plot by the time of harvest. The parameters were estimated using the following methodology: a) – Wricke (1965), Eberhart and Russell (1966), Lin and Binns (1988) and AMMI-biplot model. (Additive Main Effect and Multiplicative Interaction) which employ multivariate analysis, considering the random effect of genotype and the environmental effect as fixed. The genotypes and the environments were grouped by the technical pattern analysis. The results obtained allow to conclude that the methodologies are diverging in the classification of genotypes on reason of stability and adaptation. However, a good agreement was observed between the Wricke’s method and AMMI-biplot model. One can see that the Eberhart and Russell model (1966), which employ the linear regression analysis, could not apply to the genetic study carried out once the behaviour of genotypes face to variations of the environment did not obey linearity. For the Character grain yield, in general, the cultivars Rudá, Xamego and Aporé were widespread adapted with predictable behaviour, good performance and, therefore, of general recommendation to the evaluated environments, while, the cultivar EMGOPA 201- Ouro it was highly unstable (except for LIN and BINNS method) and adapted to unfavorable environments. For the others characters the methodologies employed were quite discordant in estimates of adaptability and

stability. The pattern analysis proved to be efficient in training, for each of the traits assessed, genotypes groups with similar performance in all environments and environments groups that discriminate similarly the genotypes.

## 1. INTRODUÇÃO

Em Mato Grosso do Sul, a cultura do feijoeiro é explorada em uma amplitude muito grande de condições edafoclimáticas e, também, por agricultores que adotam diferentes níveis de tecnologia, desde o cultivo de subsistência até lavouras empresariais.

Nestas condições é de se esperar que ocorra grande interação genótipo por ambiente (GxE) e que esta tenha papel relevante nas manifestações fenotípicas, sobretudo, na produção de grãos e seus componentes primários. A presença da interação GxE não só impede que se faça a recomendação generalizada de cultivares como também, por mascarar a expressão genotípica, não permite progresso com a seleção de genótipos (CRUZ et al., 2004).

A variação anual que se observa na produção do Estado, obtida em sua totalidade no cultivo da seca (semeadura de janeiro a abril), ocorre, principalmente, devido à má distribuição da chuva e às variações da temperatura nas regiões produtoras. Neste contexto, o estudo da adaptabilidade e estabilidade da produção de grãos e de seus componentes primários, é de fundamental importância em um programa de melhoramento, por permitir ao melhorista identificar genótipos que apresentem previsibilidade de comportamento ante as variações ambientais e genótipos capazes de responder à melhoria ambiental.

Esta distinção é importante na recomendação de cultivares já que, genótipos mais estáveis, são indicados para produtores tradicionais que não utilizam ou fazem pouco uso de insumos na cultura, enquanto que genótipos que respondem a ambientes favoráveis, para produtores que investem na melhoria do ambiente com o uso de insumos (JOBIM et al., 1999).

O uso de cultivares adaptadas, com elevada estabilidade fenotípica e desempenho superior em uma ampla série de ambientes, constitui a estratégia mais eficiente para minimizar os efeitos desfavoráveis da presença da interação GxE. (EBERHART e RUSSELL, 1966; TAI, 1971; OLIVEIRA, 1976; RAMALHO, 1993). Todavia, não existem referências sobre esses parâmetros em Mato Grosso do Sul, havendo, portanto, necessidade de pesquisar com vista a aprimorar e reduzir a chance de erro quer na recomendação das cultivares aos produtores, quer na sua utilização em programas de melhoramento, optando-se por aquelas que se mostrem mais estáveis.

Assim sendo, este trabalho teve como objetivo estimar parâmetros de adaptabilidade e estabilidade de 13 genótipos de feijoeiro comum, entre variedades e linhagens avançadas, em duas localidades de Mato Grosso do Sul, em duas épocas de cultivo anual, durante os anos agrícolas de 2000/2001 a 2005/2006, empregando-se metodologias tradicionais (WRICKE, 1965; EBERHART e RUSSELL, 1966; LIN e BINNS, 1988) e técnicas multivariadas (AMMI-*biplot*), procedendo-se ainda à classificação e ordenação dos genótipos e dos ambientes em grupos por meio da análise de padrões (pattern analysis).

## 2. REVISÃO DE LITERATURA

### 2.1 Interação genótipos por ambientes: Natureza e Importância

A natureza e a importância das interações genótipos por ambientes, em trabalhos de melhoramento de plantas, foram amplamente discutidas por Allard e Brashaw (1964), Eberhart e Russell (1966) e outros.

Em determinado ambiente a manifestação fenotípica é o resultado do genótipo sob a influência do meio (CRUZ et al., 2004). Todavia, quando certo número de genótipos é submetido a diferentes condições de ambientes, entendendo-se por ambientes diferentes locais, épocas ou anos de plantio, diversos níveis tecnológicos, etc. (CRUZ et al., 2001) eles podem apresentar componentes não coincidentes, ou seja, o posicionamento relativo dos mesmos em relação a um determinado caráter usualmente se altera de um ambiente para outro (EBERHART e RUSSELL, 1966).

Chaves (2001) define a interação GxE como sendo o efeito diferencial do ambiente sobre os genótipos ou, vista por outro lado, a interação resulta da resposta diferencial dos genótipos à variação do ambiente. Para este autor, a interação GxE deve ser observada como um fenômeno biológico em suas implicações no melhoramento de plantas e não como simples efeito estatístico, cumprindo buscar a explicação evolutiva do evento quando se quer tirar proveito dos seus efeitos benéficos, bem como para contornar seus efeitos indesejáveis sobre a seleção de genótipos e a recomendação de cultivares.

Este autor considera que a interação GxE se manifesta na forma de expressão gênica e pode ocorrer quando os alelos de um dado loco comportam-se diferencialmente em ambientes diversos, apresentando-se o mesmo alelo ativo ou “ligado” em um ambiente e inativo ou “desligado” em outro. A reação diferencial às mudanças ambientais pode ocorrer desde os mecanismos de regulação gênica até caracteres morfológicos finais.

Montálvan e Velasco (1999) definem a interação GxE como sendo o comportamento diferenciado dos genótipos quando cultivados em vários ambientes. Para Eberhart e Russell (1966) a interação se manifesta em qualquer tipo de material com o qual o melhorista de plantas for trabalhar e indica, quando em magnitude

significativa, a existência de genótipos específicos para determinados ambientes e, possivelmente, genótipos menos sensíveis às variações ambientais.

Robertson (1959) classifica a interação GxE em dois tipos: simples e complexa. A primeira é proporcionada pela diferença de variabilidade entre os genótipos nos ambientes, de forma que a posição relativa dos genótipos não é alterada. Este tipo de interação não acarreta problemas ao melhorista, uma vez que os melhores genótipos em um ambiente também o são em outros. A segunda ocorre pela falta de correlação entre os desempenhos dos genótipos, de modo que estes apresentam diferentes respostas às variações ambientais, causando alteração na sua classificação considerando os diversos ambientes.

Somente quando ocorre a interação complexa haverá dificuldades no melhoramento porque ela é o indício da existência de genótipos especificamente adaptados a ambientes particulares e genótipos com adaptação mais ampla (RAMALHO, 1993). Além de dificultar a recomendação de cultivares com ampla adaptabilidade e a seleção de genótipos amplamente adaptados, a existência desse tipo de interação pode inflacionar as estimativas de variância genética, resultando em superestimativas dos ganhos genéticos esperados com a seleção, contribuindo para um menor êxito dos programas de melhoramento (DUARTE e VENCOVSKY, 1999).

Cruz et al. (2004) consideram ser de fundamental importância para a eficiência de um programa de melhoramento a avaliação da interação GxE pois, no caso da sua existência, há a possibilidade de que um melhor genótipo num ambiente não o seja em um outro, fato que pode mascarar a expressão genotípica e não permitir progresso com a seleção comprometendo a eficiência do programa, além de impossibilitar a recomendação generalizada de cultivares.

De todas as fases de um programa de melhoramento de plantas, a avaliação dos genótipos em diferentes condições ambientais, representa, em geral, a mais trabalhosa e a mais cara ficando o tamanho do programa limitado pela capacidade de avaliação experimental dos materiais. Chaves (2001) considera que qualquer ganho de eficiência nesta fase representa, portanto, um ganho de eficiência em todo processo, daí a razão da necessidade de um bom entendimento deste fenômeno.

## 2.2 Quantificação da Interação

Na presença da interação Gx E o modelo básico que considera a expressão fenotípica como resultado de ação de variações ambientais sobre o valor genotípico torna-se insuficiente para expressar as variações dos dados. A inclusão da interação pode ser feita utilizando-se o modelo abaixo (CHAVES, 2001):

$$F = G + E + GE$$

onde  $F$ : valor fenotípico;

$G$ : valor genotípico;

$E$ : desvio do valor genotípico provocado pelo ambiente;

$GE$ : a parcela relativa a interação genótipos por ambientes;

Para que o efeito de  $GE$  seja detectado são necessários pelo menos dois genótipos avaliados em dois ambientes. Quando se dispõem de valores fenotípicos observados de vários genótipos avaliados em diversos ambientes, há a necessidade de se lançar mão de modelos estatísticos apropriados para o tratamento experimental, isto pelo fato da avaliação experimental incluir no valor observado variações de natureza não controlada que impossibilitam uma comparação aritmética dos dados, além do que o número de desigualdades a serem observadas torna impraticável a análise dos mesmos (CHAVES, 2001).

Supondo-se que os genótipos foram avaliados nos diversos ambientes, em delineamento experimental que permita a estimativa da variação residual em cada ambiente, o modelo básico para o tratamento dos dados pode ser expresso, em linguagem estatística, pela equação abaixo (CRUZ et al., 2004; CHAVES, 2001):

$$Y_{ij} = m + g_i + a_j + (ga)_{ij} + \bar{e}_{ij}$$

onde,  $Y_{ij}$ : a média observada do caráter  $Y$  do genótipo  $i$  no ambiente  $j$ ;

$m$ : a média geral do ensaio;

$g_i$ : efeito do genótipo  $i$ ;

$a_j$ : efeito do ambiente  $j$ ;

$(ga)_{ij}$ : a interação do genótipo  $i$  com o ambiente  $j$ ;

$\bar{e}_{ij}$ : o erro experimental médio associado à média  $Y_{ij}$ .

Uma consideração importante a ser feita diz respeito a natureza dos efeitos do modelo da análise, que pode ser fixa ou aleatória. Searle et al. (1992) sugerem que

quando os níveis do fator puderem ser considerados uma amostra aleatória de uma população de níveis os efeitos devem ser tomados como aleatórios, em caso contrário, assume-se que as inferências ficam restritas aos níveis incidentes nos dados e, então, os efeitos devem ser tomados como fixos. Logo, se as inferências forem feitas sobre uma população de efeitos, dos quais uma amostra aleatória faz parte dos dados, os efeitos serão de natureza aleatória e as inferências podem ser extrapoladas para uma população de níveis. E, se as inferências ficarem confinadas aos efeitos no modelo, estes serão de natureza fixa, sendo as inferências válidas apenas para os níveis estudados.

Uma outra forma para avaliar se um fator é fixo ou aleatório, é a sugerida por Jiménez e Villa (1995). Para esses autores se o efeito pode ser repetido no tempo e no espaço ele é considerado “fixo” e, em caso contrário, “aleatório”. Como exemplo os autores mencionam uma experimentação avaliando dois tipos de dieta sobre o crescimento de bezerros, o efeito “dieta” e o efeito “fazenda” são fixos, pois permanecem ao repeti-la. Ao contrário o efeito “animal” é aleatório porque os mesmos animais não podem crescer duas vezes. Os animais são amostras de uma população de bezerros, da qual deve ser tomada, de forma aleatória, uma nova amostra para o segundo experimento.

Tal consideração é importante para o Teste F e para a interpretação dos resultados da análise de variância conjunta. A natureza fixa ou aleatória da interação é determinada pelos efeitos principais. Se genótipos e ambientes são fixos, a interação será fixa. Se pelo menos um dos fatores for aleatório a interação será aleatória, o erro experimental será sempre aleatório e a média geral sempre fixa (CHAVES, 2001).

Para se constatar a presença e também estimar a magnitude da interação é necessário avaliar os genótipos em vários ambientes. Uma vez detectada a interação há alternativas para atenuar os seus efeitos, sendo interessante a indicação de genótipos que não interajam ou que mostrem baixa interação com o ambiente (RIBEIRO et al., 2000). A interação GxE, por ser problemática, uma vez que restringi o progresso da seleção, tem merecido atenção especial dos melhoristas de plantas.

Tai (1971) apontou duas estratégias que podem ser utilizadas para contornar a influência da interação GxE: (a) – o zoneamento ecológico; (b) – a indicação de cultivares fenotipicamente estáveis.

O zoneamento ecológico consiste na subdivisão de áreas heterogêneas em sub-regiões mais uniformes, de modo que dentro de uma sub-região os genótipos não mostrem interação significativa. A redução dos efeitos da interação GxE por meio da

estratificação, só é eficaz, contudo, para o componente genótipo x local (EBERHART e RUSSELL, 1966; TAI, 1971). Essa alternativa, segundo Allard e Bradshaw (1964) não controla eficazmente as variações ambientais imprevisíveis que incluem flutuações erráticas no tempo (quantidade e distribuição de chuvas, temperatura, etc.) e provocam o aparecimento de componentes de interação do tipo genótipos x anos (G x E) e genótipos x locais x anos (G x L x E).

A segunda estratégia, que consiste na introdução de genótipos que mostrem um alto grau de estabilidade e performance superior em uma ampla série de ambientes, de acordo com a maioria dos pesquisadores, é o procedimento mais racional e mais eficiente para minimizar qualquer tipo de interação (EBERHART e RUSSELL, 1966; TAI, 1971; OLIVEIRA, 1976).

Ramalho et al. (1993) apresentaram três maneiras de atenuar os efeitos da interação GxE: (a) – identificação de cultivares específicos para cada ambiente; (b) – zoneamento ecológico e (c) – identificação de cultivares com maior estabilidade fenotípica.

### **2.3 Métodos de avaliação da adaptabilidade e estabilidade fenotípica**

Estudos a respeito da interação GxE, apesar de serem de grande importância para o melhoramento, não proporcionam informações pormenorizadas sobre o comportamento de cada genótipo frente às variações ambientais. Para tal objetivo, se realizam análises de estabilidade e adaptabilidade pelas quais se torna possível a identificação de cultivares de comportamento previsível e que sejam responsivos às variações ambientais, em condições específicas ou amplas (CRUZ et al., 2004).

Existem diversas metodologias de análise de adaptabilidade e estabilidade destinadas à avaliação de um grupo de genótipos numa série de ambientes. A diferença entre elas se origina, basicamente, nos parâmetros adotados para a sua avaliação, nos procedimentos biométricos empregados para medi-la (VENCOVSKY e BARRIGA, 1992) e na informação ou detalhamento de sua análise (CRUZ et al., 2004), uma vez que todas são fundamentadas na existência de interações.

Mariotti et al. (1976) relatam as dificuldades encontradas para esclarecer o significado dos termos adaptabilidade e estabilidade, tendo em vista suas diversas definições dadas por diferentes autores. Sugerem que a adaptabilidade se refere à

capacidade dos genótipos responderem vantajosamente à melhoria do ambiente, enquanto a estabilidade refere à capacidade dos genótipos mostrarem comportamento altamente previsível em função das variações ambientais.

Easton e Clements (1973), Lin et al. (1986), salientam que a caracterização da adaptabilidade e estabilidade fenotípica é relativa ao conjunto dos genótipos incluídos no experimento. Como a produtividade do ambiente é expressa pelo próprio desempenho médio dos genótipos no experimento, não há qualquer segurança de que um genótipo manterá o mesmo comportamento quando avaliado com diferentes genótipos.

Verma et al. (1978) definiram a adaptabilidade como a capacidade dos genótipos apresentarem rendimentos elevados e constantes em ambientes desfavoráveis, mas com habilidade de responder à melhoria das condições ambientais. Para características como a produtividade de grãos este conceito é o mais atual (CRUZ et al., 2004).

Morais (1980) associa a estabilidade definida por Mariotti et al. (1976) com a estabilidade de comportamento, a qual define uma característica varietal, não devendo ser confundida com a estabilidade fenotípica, que, segundo autores como Allard e Bradshaw (1964), Eberhart e Russell (1966), Finlay e Wilkinson (1963) e Tai (1971), se refere à capacidade dos genótipos apresentarem somente pequenas variações no seu comportamento quando submetidos a diferentes ambientes. Segundo Cruz e Carneiro (2003), o conceito de estabilidade usado por Morais (1990), como de comportamento, é aquele que interessa ao melhorista e está associado ao conceito de adaptabilidade, ou seja, a estabilidade de comportamento de uma cultivar determina a confiabilidade ou a veracidade do parâmetro de adaptabilidade estimado.

Cruz e Carneiro (2003) definem a estabilidade de comportamento de um genótipo como sendo a previsibilidade de sua adaptabilidade ou, em termos estatísticos, como o ajuste do genótipo ao modelo (linear, bissegmentado, não-linear) adotado.

### **2.3.1 Métodos que avaliam a estabilidade pela análise de variância**

Os métodos que avaliam a estabilidade pela análise de variância das interações GxE são os mais antigos e consistem na análise de grupos de experimentos sendo a variação de ambientes, dentro de cada genótipo, usada como estimador do parâmetro de estabilidade, de forma que o genótipo que apresentar menor quadrado

médio, ou seja, menor variância, será o mais estável (CRUZ e CARNEIRO, 2003). Duarte (1988) generaliza o princípio de avaliação desses métodos no desdobramento da interação total de genótipos com ambientes em componentes atribuídos a cada genótipo. Os métodos que utilizam a análise de variância são: método Tradicional, método de Plaisted e Peterson (1959) e método de Wricke (1965).

Apresentam a vantagem de ser aplicados nas situações em que se dispõe de um número reduzido de ambientes e as desvantagens do parâmetro de estabilidade ser pouco preciso; não trazer informações a respeito dos ambientes em que os parâmetros foram avaliados (MONELLI, 1996); expressarem apenas a estabilidade fenotípica e não a adaptabilidade dos genótipos e não trazerem informações do direcionamento das respostas dos genótipos face aos diferentes tipos de ambientes (CRUZ et al., 2004).

Ferreira et al. (2006) acrescentam ainda, como desvantagem destes métodos, o fato de que, em geral, os genótipos com alta estabilidade fenotípica tendem a ser pouco produtivos e, em consequência, estes métodos têm sido pouco usados pelos melhoristas de plantas para avaliar a estabilidade fenotípica da produção de genótipos, ou outras variáveis a ela relacionadas. Todavia, são úteis na avaliação da estabilidade fenotípica de caracteres qualitativos tais como resistência às doenças e tolerância aos estresses ambientais. Para os autores, o método proposto por Wricke (1965) é o mais simples para avaliar a estabilidade fenotípica empregando-se a análise de variância, todavia, possui a desvantagem de considerar instável a cultivar que responde acentuadamente à melhoria do ambiente (EASTON e CLEMENTS, 1973).

Trabalhos objetivando estimar a estabilidade fenotípica de genótipos por meio da análise de variância foram realizados por Oliveira (1976) que empregou as metodologias propostas por Plaisted e Peterson (1959) e Wricke (1965) na cultura de milho. Duarte (1988) estudando a adaptabilidade e a estabilidade fenotípica em linhagens de feijão mulatinho (*Phaseolus vulgaris* L.) empregou, entre as diversas metodologias utilizadas, o método de Wricke (1965) que se mostrou pouco informativo, oferecendo menor segurança à recomendação de cultivares do que aqueles baseados em regressão linear simples e regressão linear bissegmentada.

Miranda et al. (1997), comparando metodologias de análise de estabilidade na cultura do feijoeiro empregaram os três métodos baseados na análise de variância. Observaram que as estimativas dos coeficientes de estabilidade, obtidos pelo método Tradicional, correlacionaram-se significativamente com as médias de produção, e as cultivares com rendimentos mais baixos foram as que apresentaram maior estabilidade.

Os autores evidenciaram boa correlação entre os parâmetros estimados em cada um dos métodos e que, de modo geral, a maior estabilidade fenotípica não esteve associada aos cultivares mais produtivos.

Prado et al. (2001) estudando a adaptabilidade e a estabilidade de cultivares de soja em cinco épocas de plantio no cerrado de Rondônia (Brasil) empregaram a metodologia de Wricke (1965) comparando-a com os métodos baseados em regressão linear simples (EBERHART e RUSSEL, 1966) e bissegmentada (CRUZ et al, 1989). Concluíram que o método de Wricke (1965) foi coerente com os demais permitindo identificar entre as cultivares avaliadas as de maior estabilidade e adaptabilidade. O método proposto por Wricke (1965) foi também empregado por Elias et al. (2005) na análise de genótipos de feijoeiro cultivados no Estado de Santa Catarina.

### **2.3.2 Métodos que avaliam a adaptabilidade e estabilidade pela regressão linear simples.**

Yates e Cochran (1938) foram os primeiros a propor o uso da análise de regressão linear no estudo da estabilidade fenotípica. Os autores, idealizadores também da análise de grupos de experimentos, sugeriram o desdobramento da interação GxE, mediante o cálculo de uma regressão linear das produções de um dado genótipo em diferentes ambientes sobre as respectivas médias de todos os genótipos. O comportamento dos materiais é avaliado em função do tipo de resposta individualmente apresentada. O princípio desta metodologia gerou, posteriormente, os métodos considerados clássicos de análise de adaptação e estabilidade como o de Finlay e Wilkinson (1963) e o de Eberthart e Russell (1966).

Dentre as metodologias de adaptabilidade e estabilidade existentes, destinadas à avaliação de um grupo de material genético, a proposta por Eberhart e Russell (1966), entre as que se baseiam na regressão linear, tem sido uma das mais utilizadas na recomendação de cultivares em função da simplicidade dos cálculos, facilidade de interpretação e informações fornecidas (MIRANDA 1993; VERONESI, 1995).

Neste método o comportamento de cada genótipo, nas variações ambientais, é estimado por meio de uma análise de regressão linear simples da variável dependente em relação a um índice ambiental definido como a diferença entre a média de cada ambiente e a de todos os ambientes. Duarte (1988) menciona que,

comparativamente à metodologia de Finlay e Wilkinson (1963), o método proposto por Eberhart e Russell (1966), pelo fato de não adotar a logaritmização dos dados originais, facilita a interpretação biológica dos resultados, além de se mostrar mais eficiente do que aquele.

A metodologia proposta por Finlay e Wilkinson (1963) exige a transformação logarítmica dos dados originais visando aumentar o grau de linearidade da regressão e a homogeneidade dos erros experimentais. A estabilidade e a adaptabilidade de um material são avaliadas pelo seu coeficiente de regressão ( $\beta_{li}$ ) e pela sua produtividade média ( $\bar{Y}_i$ ). Por esta metodologia genótipos com coeficiente de regressão próximos da unidade, possuem estabilidade média, se associados a altas produtividades, são de adaptabilidade geral, senão são pobremente adaptados a todos os ambientes.

Coefficientes de regressão acima da unidade indicam estabilidade abaixo da média e adaptação específica a ambientes de alta produtividade. Coeficientes de regressão abaixo da unidade caracterizam genótipos de estabilidade acima da média e adaptação específica a ambientes de baixa produtividade. Já, coeficientes de regressão iguais ou próximos a zero, definem a chamada estabilidade absoluta, que deveria ser, ao lado de um alto potencial de rendimento, as características do genótipo ideal.

Eberhart e Russell (1966) estendem o conceito de estabilidade de Finlay e Wilkinson (1963) com a consideração da variância do desvio da regressão ( $\sigma_{di}^2$ ). Definem, como genótipo ideal, aquele que apresenta alta produtividade média, coeficiente de regressão igual a 1 e desvios da regressão tão pequenos quanto possíveis. De acordo com esta metodologia genótipos com  $\beta_{li} = 1$  são de adaptabilidade geral ou ampla; com  $\beta_{li} > 1$  são responsivos a ambientes específicos favoráveis e com  $\beta_{li} < 1$  a ambientes específicos desfavoráveis. Quanto à estabilidade, avaliada pelo componente de variância devido ao desvio de regressão, genótipos com desvios de regressão ( $\sigma_{di}^2$ ) igual a zero são genótipos com estabilidade ou previsibilidade alta, enquanto que, genótipos com desvios de regressão ( $\sigma_{di}^2$ ) superior a zero, apresentam estabilidade ou previsibilidade baixa.

O índice ambiental codificado ( $I_j$ ), também denominado de índice de qualidade ambiental, serve como indicativo das qualidades dos ambientes avaliados. Valores negativos deste índice indicam ambientes desfavoráveis, normalmente

associados a regiões de condições climáticas, ou de solo, adversas, ou área onde se emprega baixa tecnologia de produção. Valores positivos de  $I_j$  identificam ambientes favoráveis, isto é, regiões com condições edáficas e climáticas apropriadas às condições da cultura ou, ainda, áreas de cultivo onde se emprega alta tecnologia (CRUZ et al., 2004). Carvalho et al. (1982) consideram o índice de ambiente o melhor estimador de ambiente na análise da interação GxE.

Hardwick e Wood (1972) salientaram que, muitas vezes, desvios de regressão são altamente elevados em decorrência de diferenças substanciais de resposta entre genótipos para mais de uma característica ambiental. De fato, parte do componente não explicado pelas relações lineares pode ser atribuída a características individuais dos genótipos; outra parte pode decorrer da extrema diversidade dos genótipos (PERKINS e JINKS, 1968). Sendo assim, um genótipo pode revelar marcante desvio da regressão linear, não por ser inerentemente irregular, mas por mostrar um padrão de resposta diferente da maioria do grupo com o qual é comparado (SILVA, 1995).

Easton e Clements (1973) reconhecem que os parâmetros do modelo de Eberhart e Russell (1966) detectam comportamentos atípicos, mas recomendam cautela na definição de instabilidade frente aos valores altos dos desvios de regressão. Lin et al. (1986) apresentaram críticas aos métodos de avaliar a estabilidade baseada nos desvios de regressão. Segundo os autores, o desvio da regressão serve para indicar o ajuste dos dados à equação obtida, ao invés de maior ou menor estabilidade da cultivar. Reiteram que baixa adaptação representada por  $\sigma_{di}^2$  grande ou coeficiente de determinação ( $R^2$ ) pequeno deve ser interpretado como indicativo de que o uso do modelo de regressão para estimar a estabilidade não é apropriado e que outras alternativas devem ser investigadas.

Pinthus (1973) introduziu à metodologia de Eberhart e Russell (1966) a utilização do coeficiente de determinação ( $R^2$ ) como medida de estabilidade em substituição ao quadrado médio dos desvios da regressão ( $\sigma_{di}^2$ ). Segundo o autor o coeficiente de determinação apresenta a vantagem de ser independente das unidades de medidas, de fácil interpretação e estimação, além de fornecer uma medida da variação observada, explicada pela regressão linear.

Bilbro e Ray (1976) propuseram que o coeficiente de regressão ( $\beta_1$ ) deveria ser utilizado como um indicador de adaptação em vez de estabilidade, como

utilizado por Finlay e Wilkinson (1963). Quanto à estabilidade, o uso de  $\sigma_{di}^2$  seria apropriado quando analisado em conjunto com o coeficiente de determinação ( $R^2$ ).

O coeficiente de determinação do modelo ( $R^2$ ) serve para aferir a contribuição relativa da regressão linear e dos desvios da regressão para a variação dos dados de cada genótipo nos diferentes ambientes. É obtido dividindo-se a soma de quadrado da regressão linear pela soma de quadrados total daquele genótipo. A contribuição dos desvios da regressão corresponde a  $1 - R^2$ . Para Duarte e Zimmerman (1995) a utilização do coeficiente de determinação como parâmetro de estabilidade deve, contudo, ser evitada, uma vez que esses valores apresentam uma correlação intrínseca com os valores de  $\beta_1$ . Valores elevados de  $R^2$  estão, geralmente, associados aos genótipos responsivos.

Para Ferreira et al. (2006), embora os modelos de regressão linear sejam frequentemente usados, os mesmos têm recebido críticas da comunidade científica (BECKER e LEON, 1998; TOLER e BURROWS, 1998). A principal crítica está baseada no fato de que o índice ambiental ( $I_j$ ) não é independente da variável resposta ( $Y_{ij}$ ) por ser estimado como resposta ambiental média (média de todos os genótipos em cada condição), embora o efeito desta dependência diminua à medida que o número de genótipos aumenta. Todavia, Arias et al. (1996) e Farias et al. (1997), quando compararam o método de Eberhart e Russell (1966) com outro método alternativo (LIN e BINNS, 1988), que considera o desvio de um genótipo em relação à produtividade máxima obtida em cada ambiente, concluíram que as duas metodologias apresentaram informações semelhantes.

A segunda crítica está relacionada ao uso dos estimadores tendenciosos dos coeficientes de regressão uma vez que a variável independente é medida com erro e é função do índice ambiental (STORCK e VENCOVSKY, 1994). Um outro problema que também afeta a inferência, segundo os autores, é a violação da pressuposição da homogeneidade dos resíduos das variâncias ambientais. Por essas razões os mesmos consideram que o método de regressão linear simples de Eberhart e Russell (1966), nos dias atuais, deve ter apenas importância histórica, recomendando o uso de outras metodologias no estudo e na estimativa da estabilidade fenotípica.

Vencovsky e Barriga (1992) relatam que o método de Eberhart e Russell (1966) é mais indicado quando o número de ambientes é pequeno, de três a sete. Análises de adaptabilidade e estabilidade fenotípica baseadas nesta metodologia têm

sido realizadas na cultura do milho (COSTA et al., 1999; MONTEIRO et al., 2000; LOPES et al., 2001; PINHO et al., 2003; ALVES et al., 2006), da soja (MAURO et al., 2000; PRADO et al., 2001; CARVALHO et al., 2002; VICENTE et al., 2004; SILVA et al., 2006), da cana (ROSSE et al., 2002), da aveia (LORENCETTI et al., 2004), do feijão-caupi (FREIRE FILHO et al., 2002) e outras espécies cultivadas.

Quanto ao feijoeiro, vários estudos têm evidenciado que a maioria das linhagens avaliadas nos programas de melhoramento apresenta comportamento linear, o que proporciona coeficiente de determinação superior a 80% (PIANA et al., 1999). Entretanto, alguns genótipos têm apresentado respostas insatisfatórias pela metodologia de Eberhart e Russell (1966), sendo necessárias outras formas de avaliação do comportamento de potenciais linhagens de feijoeiro (OLIVEIRA et al., 2006).

Estudos de adaptabilidade e estabilidade, baseados na metodologia de Eberhart e Russell (1966), em feijoeiro, foram desenvolvidos por Piana et al. (1999) avaliando a produtividade de grãos de 11 genótipos em 23 municípios do Rio Grande do Sul; por Peixoto et al. (2002) que estimaram esses parâmetros em 15 genótipos de feijão-vagem de crescimento indeterminado, avaliados em oito ambientes, por Ribeiro et al. (2004) que identificaram cultivares com estabilidade de produção e com adaptação geral ou específica ao cultivo em diferentes épocas de semeadura no Rio Grande do Sul (Brasil).

Oliveira et al. (2006) concluíram que o método de Eberhart e Russell (1966) apresenta menor refinamento para recomendação de cultivares para condições específicas de ambientes favoráveis, desfavoráveis, ou ambas, do que o método de Cruz et al. (1989).

### **2.3.3 Métodos que avaliam a adaptabilidade e a estabilidade por regressão linear bissegmentada.**

As metodologias propostas por Finlay e Wilkinson (1963) e Eberhart e Russell (1966), por empregarem apenas um segmento de reta na regressão linear, podem ser consideradas conservadoras em termos de seleção para adaptabilidade e estabilidade fenotípica, uma vez que são favorecidos os genótipos com desempenho médio em relação ao conjunto analisado. Diante da hipótese de se identificar genótipos com performance desejável nos ambientes considerados desfavoráveis e favoráveis,

levantou-se a alternativa de se empregar dois segmentos de reta, modificando os métodos inicialmente propostos por esses autores (CHAVES, 2001).

Quando se considera os métodos que envolvem apenas regressão, que são, por natureza, mais informativos, diversos autores (RIEDE e BARRETO, 1985, PEIXOTO et al., 1985, DUARTE, 1988, OLIVEIRA et al., 2006) concluíram que a alternativa da regressão linear bissegmentada apresenta ligeira superioridade em relação aos métodos de regressão linear simples.

A segmentação da resposta ambiental em ambientes desfavoráveis e favoráveis foi proposta por Verma et al. (1978) como uma modificação do método de Eberhart e Russell (1966). Segundo os autores o genótipo ideal seria aquele que apresentasse alta capacidade produtiva, alta estabilidade, que fosse pouco sensível às condições adversas dos ambientes desfavoráveis, mas capaz de responder satisfatoriamente à melhoria do ambiente. Na identificação deste genótipo torna-se necessária a realização de uma dupla análise de regressão linear, em que, em cada uma se utilize modelo semelhante ao de Finlay e Wilkinson (1963) ou Eberhart e Russell (1966), a partir do qual se pode medir a resposta dos genótipos a dois tipos de ambientes, caracterizados por serem desfavoráveis e favoráveis.

A metodologia consiste no ajustamento de dois segmentos de retas, correspondentes à subdivisão dos ambientes em dois subconjuntos. O primeiro, desfavorável, caracterizados por índices ambientais negativos calculados na modalidade proposta por Eberhart e Russell (1966) e, o outro, favorável, caracterizado por índices ambientais positivos. Assim, é possível o cálculo de dois coeficientes de regressão separados ( $\beta_1$  e  $\beta_2$ ) que descrevem a resposta de cada genótipo aos ambientes desfavoráveis e favoráveis, respectivamente. Segundo os autores, o genótipo teoricamente ideal, ou seja, com performance genotípica ideal, seria aquele com coeficiente de regressão igual a zero nos ambientes de índices negativos ( $\beta_{1i} = 0$ ) e coeficiente de regressão igual a unidade em ambientes de índices positivos ( $\beta_{2i} = 1$ ).

Cruz et al. (2004) comentam que o método apresenta a vantagem de prover maiores informações, tanto do conjunto dos genótipos avaliados quanto dos ambientes estudados. Allimprandini et al. (1998) relatam que a principal vantagem do método é permitir que o ponto de intersecção entre as duas retas seja flutuante, ou seja, não determina que sempre a inclinação da reta de regressão de uma determinada cultivar se estabeleça no ponto zero. A intersecção fora dos limites observados do índice ambiental

sugere que a reta única explica melhor a regressão (FONSECA JÚNIOR, 1987). Entretanto, a utilização desta metodologia, pode ser inviabilizada quando se avalia um número pequeno de ambientes, de modo que em cada subgrupo não haja ambientes satisfatórios para proporcionar comparações estatísticas válidas (Cruz et al., 2004).

Com base na crítica de que o método de análise de adaptabilidade e estabilidade proposto por Verma et al. (1978) torna impraticável ou proporciona testes questionáveis quando os subgrupos apresentam número reduzido de ambientes, Silva e Barreto (1985) propuseram uma análise alternativa, em que os parâmetros de adaptabilidade e estabilidade seriam estimados por meio de ajuste de uma única equação, representada por uma reta bissegmentada. O modelo de regressão múltipla proposto permitiria o ajustamento, para cada genótipo, de uma curva constituída dos dois segmentos de retas (sugeridos por VERMA et al., 1978), sendo a união dos segmentos correspondente ao valor zero do índice ambiental. Duarte (1988) cita que esta técnica tem sido bem aceita no Brasil, com aplicações em várias culturas. A técnica, denominada de regressão linear segmentada, baseia-se no seguinte modelo de regressão múltipla:

$$Y_{ij} = \beta_{0i} + \beta_{1i}X_j + \beta_{2i}T(X_j) + \delta_{ij} + \overline{e_{ij}}$$

onde:  $Y_{ij}$  : a produção média do  $i$ -ésimo genótipo no  $j$ -ésimo ambiente;

$\beta_{0i}$  : intersecção dos segmentos de reta da linha de regressão com o eixo  $Y$  (corresponde à média geral do  $i$ -ésimo genótipo);

$\beta_{1i}$  : coeficiente de regressão linear que dá a resposta do  $i$ -ésimo genótipo aos ambientes desfavoráveis;

$\delta_{ij}$  : variância do desvio da regressão do  $i$ -ésimo genótipo em relação ao  $j$ -ésimo ambiente;

$X_j$  : índice de ambiente codificado definido por:

$$\frac{X_{.j}}{m} - x \frac{Y_{..}}{m.n}, \text{ onde } \sum_j^n X_j = 0$$

O termo  $T(X_j)$  foi originalmente definido por:

$$T(X_j) = 0 \text{ se } X_j \leq 0$$

$$T(X_j) = 1 \text{ se } X_j > 0$$

$\beta_{2i}$  : coeficiente de regressão linear associado com a variável  $T(X_j)$ ;

$\beta_{1i} + \beta_{2i}$  : representam a inclinação da resposta linear aos ambientes favoráveis;

$\bar{e}_{ij}$  : erro experimental médio associado com a observação  $Y_{ij}$ .

O modelo considera como genótipo ideal aquele com alta média geral de produtividade, com o coeficiente de regressão ( $\beta_1$ ) < 1,0 em ambientes desfavoráveis e ( $\beta_1 + \beta_2$ ) > 1,0 em ambientes favoráveis.

Cruz et al. (1989) apresentaram uma extensão da metodologia proposta por Silva e Barreto (1985) tornando a operacionalidade mais simples e com propriedades estatísticas mais adequadas aos propósitos do melhoramento. O método apresenta estimativas dos coeficientes de regressão não-correlacionadas e baseia-se na análise de regressão bissegmentada tendo, como parâmetro de adaptabilidade, a média geral de produção do genótipo ( $\hat{\beta}_{0i}$ ), a resposta linear aos ambientes desfavoráveis (locais com índices ambientais negativos) ( $\hat{\beta}_{1i}$ ) e aos ambientes favoráveis (locais com índices ambientais positivos) ( $\hat{\beta}_{1i} + \hat{\beta}_{2i}$ ). O modelo proposto por Cruz et al. (1989) encontra-se abaixo:

$$Y_{ij} = \beta_{0i} + \beta_{1i}I_j + \beta_{2i}T(I_j) + \delta_{ij} + \bar{\epsilon}_{ij}$$

em que:

$T(I_j) = 0$  se  $I_j \leq 0$  ou  $T(I_j) = I_j - \bar{I}_+$  se  $I_j > 0$ . Onde  $\bar{I}_+$  é a média dos índices ambientais positivos. As definições dos demais termos são as mesmas do modelo proposto por Silva e Barreto (1995).

A estabilidade dos genótipos é avaliada pelo quadrado médio do desvio da regressão ( $\sigma_{di}^2$ ) de cada cultivar, em função das variações ambientais. Por este método, o genótipo ideal é aquele que exibe alta produtividade média, adaptabilidade aos ambientes desfavoráveis ( $\hat{\beta}_{1i} < 1,0$ ), resposta linear aos ambientes favoráveis ( $\hat{\beta}_{1i} + \hat{\beta}_{2i} > 1,0$ ) e desvios da regressão iguais a zero ( $\sigma_{di}^2 = 0$ ).

Os modelos que empregam a regressão para a predição da adaptabilidade e estabilidade, de acordo com Silva (1995) apresentam, como limitação estatística, o fato das variáveis preditoras da análise de regressão linear serem funções dos índices ambientais, em consequência, os coeficientes de regressão são tendenciosos e, desta forma, a avaliação da performance genotípica é relativa ao grupo de cultivares avaliados. Para Lin et al (1986), nesta circunstância, o modelo de regressão para a

interação GxE é descritivo, baseado nos dados que estão sendo analisados e não num modelo de predição. A outra crítica é a de que o índice ambiental não é independente da variável resposta ( $Y_{ij}$ ) (FERREIRA et al, 2006).

Com respeito à tendenciosidade dos coeficientes de regressão, Storck e Vencovsky (1994) propuseram correções para os estimadores e para os testes de hipóteses. Não obstante, se o número de ambientes é pequeno, o modelo é inapropriado. Inferências podem também ser afetadas pelos erros da heterogeneidade das variâncias ambientais (FERREIRA et al., 2006).

Um novo método utilizando o modelo de regressão bissegmentado foi proposto por Silva (1998). No modelo original bissegmentado, a junção dos segmentos da linha reta associada com os ambientes favoráveis e desfavoráveis ocorre, para todos os genótipos, no valor zero do índice ambiental. Todavia, de acordo com Silva (1998) os genótipos podem ter diferentes pontos de junção e isto pode ser usado para distingui-los.

A inovação proposta pelo autor consistiu na introdução do parâmetro  $X_{0i}$  (o ponto de junção de dois segmentos de linha reta no modelo) que é não-linear nos parâmetros, mas que pode ser adaptado para métodos de estimação não-linear. O autor fixou um valor para este parâmetro e usou modelos de métodos ordinários de regressão variando o valor do parâmetro e repetindo o processo. O modelo final, escolhido para cada genótipo, é aquele capaz de maximizar o coeficiente de determinação ( $R^2$ ) na regressão (FERREIRA et al., 2006).

Para este modelo, valores amplos de  $X_{0i}$  são indicativos de baixos riscos sob condições ambientais adversas e que os genótipos são menos responsivos às melhorias das condições ambientais. Por outro lado, valores reduzidos de  $X_{0i}$  indicam riscos elevados, todavia, genótipos mais responsivos às melhorias das condições ambientais (FERREIRA et al., 2006).

Com o modelo de regressão proposto por Silva (1998), a crítica à falta de independência entre as variáveis dependente e independente permaneceram. Para solucionar este problema Toler. (1990) e Toler e Burrows (1998) propuseram modelos simples, uni e bissegmentados, onde o índice ambiental é um parâmetro a ser estimado. Esses modelos usam indicadores variáveis para ambiente favorável e desfavorável e são pouco comuns porque a variável independente não é observada (FERREIRA et al., 2006). O modelo adotado por Toler (1990) é o seguinte:

$$Y_{ij} = \alpha_i + [Z_j B_{1i} + (1 - Z_j) B_{2i}] \mu_j + \delta_{ij} + \bar{\varepsilon}_{ij}$$

onde:  $Y_{ij}$ : média do  $i$ -ésimo genótipo no  $j$ -ambiente;

$\alpha_i$ : parâmetro da equação de regressão que quantifica a média do  $i$ -ésimo genótipo quando a variável independente ( $\mu_j$ ) assume o valor zero, ou seja, representa o intercepto da equação de regressão;

$\beta_{1i}$  e  $\beta_{2i}$ : parâmetros da equação de regressão que medem a resposta do  $i$ -ésimo genótipo às variações nos ambientes de qualidade superior e inferior, respectivamente;

$\mu_j$ : variável independente que mede a qualidade ambiental;

$\delta_{ij}$ : desvio da regressão não-linear (originalmente confundido no erro aleatório);

$\bar{\varepsilon}_{ij}$ : erro experimental médio associado à observação  $Y_{ij}$ ;

$Z_j$ : variável marcadora que assume os seguintes valores:

$$Z_j = 1, \text{ se } \mu_j \leq 0 \text{ e } Z_j = 0 \text{ se } \mu_j > 0$$

O modelo de Toler e Burrows (1998), caracterizado como modelo de regressão não-linear nos parâmetros é, portanto, estatisticamente um aprimoramento dos modelos lineares de estabilidade que contorna os problemas relacionados com a estimativa do índice ambiental, fazendo com que os testes das hipóteses sejam realizados sem violar os princípios básicos necessários para sua validação (FERREIRA et al., 2006).

Rosse et al. (2002), comparando métodos de regressão para avaliar a estabilidade fenotípica em cana-de-açúcar concluíram que, devido às vantagens estatísticas e à maior coerência biológica que o modelo não-linear apresenta sobre o linear, o primeiro deve ser preferido para inferir sobre a estabilidade fenotípica dos genótipos. Ferreira et al. (2006) sugerem que o modelo de regressão de Toler e Burrows (1998) e o modelo com efeitos principais aditivos e interação multiplicativa (AMMI) sejam usados simultaneamente para estudos e estimação dos efeitos da estabilidade fenotípica em substituição aos modelos de regressão linear, uni e bissegmentados.

A metodologia de análise de adaptabilidade e estabilidade proposta por CRUZ et al. (1989), tem sido empregada em culturas como a soja (PRADO et al., 2001); milho (MONTEIRO et al., 2000; ALVES, 2006); milho pipoca

(VENDRUSCOLO et al., 2001); algodão (CARVALHO et al., 2000) e feijão (DUARTE e ZIMERMANN, 1994; CARBONELL et al., 2001).

Alliprandini et al. (1998) empregaram a metodologia de Verma et al. (1978) na análise de adaptação e estabilidade de genótipos de soja no Estado do Paraná, metodologia também empregada nos trabalhos de Silva e Duarte (2006) na cultura da soja, ocasião em que os autores compararam métodos estatísticos para o estudo da adaptabilidade e estabilidade fenotípica.

O uso das metodologias que adotam modelos de regressão não-linear nos parâmetros tem sido pouco freqüente (FERREIRA et al., 2006) podendo ser citados os trabalhos de Borges et al. (2000) que empregaram o método de Toler (1990) e o método de Toler e Burrows (1998) na análise da estabilidade fenotípica na cultura do feijoeiro concluindo que o método de Toler (1990) é insuficiente para o estudo da estabilidade fenotípica, sendo necessária a complementaridade das informações por outras metodologias. Segundo os autores esse método fornece informações sobre o padrão de classificação genotípica, mas não permite que inferências sejam feitas com relação à estabilidade fenotípica.

A metodologia de Toler e Burrows (1998) foi também empregada por Rosse et al. (2002) na cultura da cana-de-açúcar e a de Toler (1990), por Silva e Duarte (2006) na cultura da soja.

#### **2.3.4 Métodos não-paramétricos de análise de adaptabilidade e estabilidade**

A maioria dos métodos utilizados para avaliar a adaptabilidade e a estabilidade dos genótipos exige pressuposições básicas, tais como: distribuição normal dos dados, independência das variâncias e a existência de um modelo matemático associado a um delineamento experimental (MAURO et al., 2000).

Na experimentação agrícola muitas vezes esses princípios básicos não são observados e, nessas situações, assume importância a existência de uma metodologia mais simples, porém efetiva na avaliação da estabilidade dos genótipos. Nassar e Huehn (1987) apresentaram uma discussão sobre metodologias alternativas para avaliação da estabilidade fenotípica de cultivares de espécies vegetais e observaram que essas metodologias são baseadas na classificação das cultivares em cada ambiente e usam o princípio da homeostase [capacidade da planta em adaptar suas funções

fisiológicas às constantes mudanças do ambiente onde ela cresce de forma a ser menos afetada por elas. Estabilidade é o termo que define tecnicamente tal condição (BREESE, 1969)] como medida da estabilidade. Nessa metodologia, genótipos com postos similares nos diferentes ambientes são classificados como estáveis.

De acordo com Huehn (1990a) as medidas não-paramétricas de estabilidade fenotípica, baseadas em postos constituem uma alternativa útil e apresentam algumas vantagens sobre as medidas paramétricas, tais como: (a) - redução ou prevenção de vícios causados por delineamentos; (b) - não há necessidade de pressuposições básicas; (c) - há menor probabilidade de variações nas estimativas quando ocorre adição ou subtração de um ou poucos genótipos; e (d) - os parâmetros de estabilidade baseados em posto são fáceis de usar e de interpretar, principalmente em programas de teste e seleção, cuja ordem dos postos dos genótipos é a informação mais essencial.

Campos (1983) define o teste não-paramétrico como sendo aquele que não especifica condições sobre os parâmetros da população da qual a amostra foi obtida. O autor ressalta que, quando existem pressuposições, estas são mais brandas do que aquelas associadas com os testes paramétricos e, com isso, o emprego da estatística não-paramétrica constitui-se valiosa alternativa de trabalho dada a sua simplicidade e versatilidade.

Huehn (1990b) apresentou a metodologia mais simples para a estimação dos parâmetros de adaptabilidade e estabilidade no campo não-paramétrico. A estabilidade do material genotípico é avaliada por meio das estatísticas  $S_1$ ,  $S_2$  e  $S_3$ , baseada na classificação dos genótipos nos vários ambientes em relação aos dados originais ou aos efeitos  $\hat{G}A_{ij}$ . Neste último caso as estimativas da interação genótipos por ambientes são obtidas por meio da expressão:

$$\hat{G}A_{ij} = Y_{ij} - \bar{Y}_i - \bar{Y}_j + \bar{Y}_{..}$$

onde:  $Y_{ij}$  : média do  $i$ -ésimo genótipo no  $j$ -ésimo ambiente;

$\bar{Y}_i$  : média geral do  $i$ -ésimo genótipo;

$\bar{Y}_j$  : média geral do  $j$ -ésimo ambiente;

$\bar{Y}_{..}$  : média geral do ensaio.

A partir dos valores ( $Y_{ij}$ ) ou ( $\hat{G}A_{ij}$ ) é feita a classificação de cada genótipo nos vários ambientes por meio da variável  $r_{ij}$  que representa a posição relativa do genótipo  $i$  no ambiente  $j$ .

A medida não-paramétrica da adaptabilidade denotada por  $S_{1i}$  é a média das diferenças absolutas entre as classificações do genótipo  $i$  nos ambientes, dada por:

$$S_{1i} = \frac{\sum_{j < j'} |r_{ij} - r_{ij'}|}{a(a-1)/2}$$

onde:  $r_{ij}$  : classificação do  $i$ -ésimo genótipo no  $j$ -ésimo ambiente;

$a$  : número de ambientes

$S_{2i}$  : é a variância das classificações do  $i$ -ésimo genótipo nos ambientes, dada por:

$$S_{2i} = \frac{\sum_j (r_{ij} - \bar{r}_i)^2}{a-1}$$

onde:  $\bar{r}_i = \frac{\sum_j r_{ij}}{a}$

$S_{3i}$  é a soma dos desvios absolutos de cada classificação em relação às médias das classificações, dada por:

$$S_{3i} = \frac{\sum_j |r_{ij} - \bar{r}_i|}{a}$$

O genótipo com máxima estabilidade apresenta  $S_1$ ,  $S_2$  e  $S_3$  iguais a zero.

Miranda et al. (1997) comparando quatro métodos de avaliação da estabilidade fenotípica de cultivares de feijoeiro (Tradicional, PLAISTED e PETERSON, 1959; WRICKE, 1965 e HUEHN, 1990b) concluíram que o método não-paramétrico mostrou-se de fácil interpretação em relação aos demais e que o mesmo pode ser usado em substituição aos de Plaisted e Peterson (1953) e Wricke (1965).

Scapim et al (2000) avaliaram o grau de associação entre parâmetros dos métodos de análise de adaptabilidade e estabilidade de Eberhart e Russell (1966) Lin e Binns (1988) e Huehn (1990b), na cultura do milho, e observaram que as estimativas de estabilidade do modelo não-paramétrico não acrescentaram maiores informações além das obtidas pelo método de Eberhart e Russell (1966). Concluíram também que tais

estimativas de estabilidade são alternativas úteis às estimativas de modelos paramétricos.

Lin e Binns (1988) propuseram uma metodologia baseada no princípio de que nas avaliações de cultivares o que se procura é o material com desempenho máximo ou próximo do máximo em todos os ambientes. Para isto é estimado o parâmetro de estabilidade denominado de “ $P_i$ ” que mede o desvio da produtividade de um dado genótipo  $i$  em relação ao máximo, em cada um dos  $j$  ambientes. A estimativa “ $P_i$ ” é o quadrado médio da distância em relação à resposta máxima em cada ambiente. O genótipo ideal é aquele com menor estimativa de “ $P_i$ ”. De acordo Abreu et al. (1998) é uma das metodologias mais promissoras pela informação e facilidade de interpretação que oferece.

Embora pouco citada na literatura a metodologia de Lin e Binns (1988) é uma boa alternativa para avaliação da performance de uma cultivar nas interações GxE não apresentando as limitações inerentes ao uso da regressão linear. Os genótipos são caracterizados por um único parâmetro ( $P_i$ ) que associa produtividade e estabilidade, definindo a cultivar superior como sendo aquela que apresentar uma performance próxima do máximo nos vários ambientes (HELGADÓTTIR e KRISTJÁNSDOTTIR, 1991). Este conceito de superioridade é importante aos objetivos do melhorista, uma vez que a cultivar superior estará entre as mais produtivas no maior número possível de ambiente (FARIAS et al., 1995; 1997).

Cubero e Flores (1994) comentam que na metodologia de Lin e Binns (1988) a estatística  $P_i$ , que é a diferença em relação ao máximo de cada local, estima a capacidade de resposta das cultivares (portanto, a sua adaptabilidade) em relação a uma cultivar hipotética de adaptabilidade geral, pois uma regressão dos máximos de cada local indica genótipos de comportamento que se aproximam de um genótipo hipotético de adaptabilidade geral.

Ainda com relação a estatística  $P_i$ , Cruz e Carneiro (2003) ressaltam que pelo fato das diferenças em relação ao máximo serem elevadas ao quadrado, a mesma apresenta propriedade de variância, ou seja, propriedade de estabilidade (previsibilidade de comportamento), de forma que genótipos estáveis são aqueles que apresentam pequenas variações de  $P_i$  em relação ao comportamento do genótipo hipotético. Esclarecem ainda que, como a diferença  $P_i$  é a diferença da produtividade do genótipo avaliado em relação ao hipotético, esta estatística também leva em consideração a adaptação das cultivares. Assim, a estatística  $P_i$  mede, num único

parâmetro, adaptação, adaptabilidade e estabilidade. Maior estabilidade estará, portanto, obrigatoriamente associada à maior produtividade (LIN e BINNS, 1988).

Análises de adaptabilidade e estabilidade empregando a metodologia de Lin e Binns (1988) foram usadas, na cultura do feijoeiro, por Abreu et al. (1998); Nunes et al. (1999) e Elias et al. (2005). Esta metodologia foi também utilizada por Farias et al. (1997) na cultura do algodoeiro, ocasião em que os autores compararam parâmetros de estabilidade de Lin e Binns (1988) com o método de regressão, concluindo que as duas modalidades avaliadas fornecem as mesmas informações com relação à superioridade dos materiais, contudo, o método de Lin e Binns (1988) pela facilidade de cálculo e de interpretação e, principalmente por não apresentar restrições à sua utilização, é bastante promissor.

Annicchiarico (1992) propôs, para se avaliar o desempenho dos genótipos em diferentes ambientes, a estimação de um índice denominado de índice de confiança (ou índice de recomendação) de um determinado genótipo. Este índice tem como característica o fato de possibilitar a recomendação de um cultivar considerando o risco desta apresentar desempenho abaixo de um dado padrão, por exemplo, a média geral. A probabilidade de insucesso será tanto menor quanto maior for o índice de segurança. Valores superiores a 100 para o índice de confiança são aceitáveis, sendo os melhores genótipos aqueles que tiverem os mais altos valores.

Para a obtenção desse índice consideram-se:

$Y_{ij}$  : média do  $i$ -ésimo genótipo no  $j$ -ésimo ambiente;

$\bar{Y}_j$  : média do  $j$ -ésimo ambiente.

São obtidos os valores percentuais para cada genótipo, conforme descrito a seguir:

$$Z_{ij} = \frac{100Y_{ij}}{Y_j}$$

A partir desses valores são obtidas as medidas de adaptabilidade e estabilidade dadas por:

$$a_i = \mu - z_{(1-\alpha)} c_{zi}$$

onde:  $a_i$  : representa o índice de confiança expresso em percentagem e menor desvio ( $c_{zi}$ );

$\mu$  : média do  $i$ -ésimo genótipo em percentagem;

$z$  : percentil da função de distribuição normal acumulada;

$\alpha$  : nível de significância;

$c_{zi}$  : desvio padrão dos valores percentuais.

Os maiores valores deste índice serão obtidos pelos genótipos que tiverem concomitantemente maior média percentual ( $\mu$ ) e menor desvio ( $c_{zi}$ ). Considera-se que  $a_i$  expressa a adaptabilidade e também a adaptabilidade genotípica (CRUZ e CARNEIRO, 2003). A técnica ainda classifica os ambientes em favoráveis e desfavoráveis segundo seu índice de ambiente ( $I$ ), sendo este índice positivo, para os ambientes favoráveis e, negativo, para os ambientes desfavoráveis.

Nunes et al. (1999) obtiveram estimativas sobre parâmetros de estabilidade de cultivares de feijão comum em Santa Catarina (Brasil) e compararam as metodologias de Annicchiarico (1992) e Lin e Binns (1988). Os autores observaram que ambas as metodologias são altamente correlacionadas com a produtividade média dos cultivares. Silva e Duarte (2006) avaliando métodos estatísticos para estudo de adaptabilidade e estabilidade fenotípica, na cultura da soja, concluíram que os métodos de Annicchiarico (1992) e de Lin e Binns (1988) mostram forte associação entre si e produzem classificações genotípicas similares quanto à estabilidade fenotípica, não recomendando o uso simultâneo dos dois métodos. Todavia, consideraram que o uso de um deles em combinação com o de Eberhart e Russell (1966) pode agregar informação à análise de estabilidade.

Carneiro (1998) apresentou algumas modificações no método proposto por Lin e Binns (1988) tornando esta metodologia com propriedades mais adequadas à avaliação da performance genotípica para a obtenção da estimativa dos parâmetros adaptabilidade e estabilidade de comportamento que venham facilitar a recomendação de cultivares.

As medidas propostas por Carneiro (1998) objetivaram a recomendação de genótipos particularizando grupos de ambientes favoráveis e desfavoráveis, que refletiriam, de certa forma, ambiente onde há emprego de alta e baixa tecnologia, respectivamente, além de introduzir um referencial mais apropriado do que a distância do genótipo a pontos máximos, como preconiza a metodologia de Lin e Binns(1988), tornando a sua metodologia de aplicação mais ampla tanto em relação aos caracteres avaliados como aos genótipos disponíveis (CRUZ e CARNEIRO, 2003).

Carneiro (1998) sugeriu a decomposição do estimador  $P_i$  do método de Lin e Binns (1988) nas partes devidas a ambientes favoráveis e desfavoráveis em relação à reta bissegmentada. O parâmetro  $P_i$  foi denominado MAEC (Medida de Adaptabilidade e Estabilidade de Comportamento) e se refere ao desempenho e comportamento diante de variações ambientais.

Desta forma, para os ambientes favoráveis com índice ambiental positivo, incluindo o valor zero, o parâmetro MAEC seria dado por:

$$P_{ifav} = \frac{\sum_{j=1}^f (X_{ij} - X_{mj})^2}{2f}$$

onde:  $P_{ifav}$  : estimativa do parâmetro MAEC para o ambiente favorável;

$X_{ij}$  : produtividade do  $i$ -ésimo cultivar no  $j$ -ésimo local;

$Y_{mj}$  : estimativa da produtividade do genótipo ideal no ambiente  $j$ ;

$f$  : número de ambientes favoráveis.

Da mesma forma, para ambientes desfavoráveis, com índice ambiental negativo, esse parâmetro seria dado por:

$$P_{idesf} = \frac{\sum_{j=1}^d (X_{ij} - M_j)^2}{2d}$$

Em que  $d$  representa o número de ambientes desfavoráveis.

Trabalhos de análise de adaptabilidade e estabilidade empregando a metodologia de Carneiro (1998) foram realizados na cultura do feijoeiro por Carbonell et al. (2001). Os autores observaram que comparado ao método de Cruz et al. (1989) a metodologia de Carneiro (1998) mostrou resultados mais informativos e consistentes, indicando que as cultivares mais estáveis e responsivas foram também as mais produtivas. Na cultura da soja o referido método foi empregado por Carvalho et al. (2002) e na cultura do trigo por Amorin et al. (2006) que compararam as metodologias de Carneiro (1998) e de Annicchiarico (1992) na avaliação da adaptabilidade e estabilidade de linhagens de trigo, concluindo que as duas técnicas revelam resultados semelhantes, com fácil estimativa e, sobretudo, fácil interpretação, devendo ter seus usos incrementados em programas de melhoramento.

### 2.3.5 Método que emprega técnicas de análise multivariada (Modelo AMMI-Biplot)

Embora a aplicação de procedimentos de regressão linear tenha alcançado grande popularidade (EBERHART e RUSSELL, 1966; CRUZ et al., 1989; SILVA, 1995), alguns estudos têm demonstrado que uma parte razoável dos genótipos não tem seus comportamentos satisfatoriamente explicados por esses métodos (ZOBEL et al., 1988; DUARTE e ZIMMERMAN, 1994).

A regressão linear, por ser um modelo aditivo, pode não descrever satisfatoriamente o comportamento dos genótipos nos ambientes (YAU, 1995) e depende do grau de influência dos efeitos ambientais sobre os genótipos (ROCHA, 2002). Segundo Crossa (1990) ela explica muito pouco da heterogeneidade da regressão e pode falhar nos casos em que ocorre grande diversidade ambiental. Diante dessas limitações, modelos alternativos de análises têm sido buscados, no sentido de melhor explicar a interação genótipos por ambientes.

Uma alternativa para o detalhamento do efeito da interação de genótipos com ambientes é a utilização da chamada análise AMMI (ZOBEL et al., 1988 e GAUCH 1988) - Additive Main Effects and Multiplicative Interaction Model - que significa modelo de efeitos principais aditivos e interação multiplicativa. Este método combina técnicas estatísticas, como a análise de variância e técnicas multivariadas (análise de componentes principais) em um único modelo, aditivo quanto aos efeitos principais de genótipos e ambientes e multiplicativo no detalhamento da interação genótipos por ambientes. O modelo AMMI, desenvolvido inicialmente por Gabriel (1971) e Gollob (1968), tem sido aplicado e ampliado por muitos outros autores (KEMPTON, 1984; ZOBEL et al., 1988, DUARTE e VENCOVSKY, 1999).

A análise AMMI pode ajudar tanto na identificação de genótipos de alta produtividade e largamente adaptados como na realização do chamado zoneamento agrônomico, com fins de recomendação regionalizada e de seleção de locais de testes (GAUCH e ZOBEL, 1996). Zobel et al. (1988) enumeraram algumas vantagens desse método: (a) - permite uma análise mais detalhada da interação genótipos por ambientes; (b) - garante a seleção de genótipos, capitalizando suas interações positivas com os ambientes; (c) - propicia estimativas mais precisas das respostas genotípicas; (d) - possibilita fácil interpretação gráfica dos resultados nos chamados *biplots* (representação gráfica simultânea dos genótipos e ambientes).

A análise também é eficiente em recuperar o padrão (variação diretamente relacionada ao fenômeno da interação GxE e que tem interesse agrônomico) e em descartar o ruído (variação aleatória não relacionada ao fenômeno da interação GxE, resultante, principalmente, de efeitos microambientais) presente na variação total, contida dentro da soma de quadrados da interação genótipos por ambientes ( $SQ_{G \times E}$ ). Por esta abordagem, somente o padrão é incluído no modelo, por reter os componentes principais de interação (CPI) significativos em seu termo multiplicativo, fato que propicia uma capacidade preditiva das respostas fenotípicas (ANNICCHIARICO, 1977; ZOBEL et al., 1988)

A presença de ruídos, decorrente da grande variabilidade ambiental, contribui para diminuir o padrão adjacente à interação GxE nos primeiros eixos da análise de componentes principais (ACP), sendo que ambientes localizados em regiões tropicais são mais propensos a estresses ambientais (ANNICCHIARICO, 1997).

Os primeiros eixos AMMI captam maior porcentagem de “padrão”, sendo esta uma das premissas do modelo AMMI, conseqüentemente com a acumulação de dimensões (eixos) ocorre diminuição na porcentagem de “padrão” e um acréscimo de “ruídos” reduzindo-se o poder de predição da análise. Gauch (1988) e Gauch e Zobel (1996) mostraram que a inclusão excessiva de termos multiplicativos pode reduzir seriamente a acurácia da análise.

Resultados preliminares confirmam a hipótese de que o primeiro componente principal da interação (CPI1) é superior à análise de regressão linear em explicar a interação GxE. O número ótimo de CPI a ser retido no modelo AMMI ou o melhor modelo da família AMMI (AMMI0, AMMI1, AMMI2,..., AMMI<sub>n</sub>, dependendo do número de componentes de interação retidos) pode ser determinado por duas abordagens: preditiva e posdictive (FOX et al., 1997).

Na abordagem preditiva a técnica mais usada é a validação cruzada, na qual os dados são aleatoriamente divididos para modelagem (dados de uma repetição) e para validação (dados das demais repetições), os dois grupos são analisados, paralelamente, várias vezes, para cada modelo da família AMMI por reamostragem aleatória dos dados de repetições, que são então comparados tomando-se por base a diferença preditiva média (DPM). O modelo mais preditivo e parcimonioso é aquele com menor DPM (GAUCH, 1992; GAUCH e ZOBEL, 1996).

Na abordagem posdictive utiliza-se de testes de hipóteses para avaliar as significâncias dos CPI ou seus resíduos (resíduo AMMI). O teste F de Gollob (1968) é

o mais adotado por ser de fácil análise. No entanto, outros testes, como o teste  $F_R$  de Cornelius et al. (1992) e o teste  $F_{GH2}$ , têm sido sugeridos na literatura e indicados como sendo mais robustos e por melhor controlarem o erro tipo I, que consiste em aceitar um modelo AMMI com maior número de eixos, quando na verdade, o modelo correto é menos parametrizado (CORNELIUS et al., 1992; PIEPHO, 1995). MANDEL (1971) também considerou o teste de GOLLOB (1968) como sendo bastante liberal, podendo resultar em falsos resultados de significância e provavelmente seleção de maior número de eixos, aumentando-se, assim, a ocorrência do erro tipo I.

A análise AMMI apresenta ainda a vantagem de possibilitar a representação, num único gráfico, dos efeitos de interação de cada genótipo e cada ambiente. O gráfico, denominado *biplot* (GABRIEL, 1971), baseia-se na aproximação da decomposição por valor singular (DVS) de uma matriz, por outra de posto inferior.

Permite identificar combinações favoráveis de genótipos e ambientes, ou seja, aquelas com interações positivas de elevada magnitude, e assim capitalizá-las no processo de seleção. No gráfico *biplot* isto corresponde a identificar combinações de genótipos e ambientes específicos, ou seja, com coordenadas de mesmo sinal e relativamente distantes da origem dos eixos. Genótipos e ambientes com valores baixos de coordenadas para os eixos de interação são aqueles que relativamente menos contribuíram para  $SQ_{G \times E}$ , sendo, portanto, fenotipicamente estáveis. Estes genótipos podem ser recomendados amplamente, desde que apresentem também desempenhos médios elevados (GAUCH e ZOBEL, 1996; DUARTE e VENCOVSKY, 1999).

Para Ferreira et al. (2006) o modelo AMMI tem algumas desvantagens. Se o número de componentes retidos no modelo é grande ( $m \geq 3$ ), torna-se difícil descrever o comportamento dos efeitos da interação  $G \times E$  devido a impossibilidade de se obter gráficos em mais de três direções. É possível local todos os pares de componentes, mas neste caso, cada componente estima somente pequena parte do total da variância  $G \times E$ . Também o padrão de resposta ambiental pode não ser estimado diretamente do modelo AMMI.

Para Resende e Thompson (2004) a análise AMMI apresenta pelo menos cinco grandes limitações: (a) - considera os efeitos de genótipos e da interação  $G \times E$  como fixos, (b) - é adequado apenas para dados balanceados, (c) - não considera a variação espacial dentro de ensaios, (d) - não considera a heterogeneidade de variância entre ensaios e (e) - não considera o diferente número de repetições através dos ensaios.

Poucos trabalhos no Brasil têm sido realizados empregando-se a análise AMMI, podendo-se mencionar os de Oliveira et al. (2003a), Maia et al. (2006) e Silva e Duarte (2006) na cultura da soja, o de Oliveira et al. (2003b) na cultura do milho e o de Freire Filho et al (2003, 2005) na cultura do feijão-caupi.

Todos esses trabalhos, de um modo geral, constataram a melhor qualidade nas predições de respostas fenotípicas do modelo AMMI em relação aos métodos tradicionais. Silva e Duarte (2006) avaliando métodos estatísticos para estudo de adaptabilidade e estabilidade fenotípica em soja, concluíram que a associação encontrada, relativamente fraca ( $r_s = 0,52$ ), entre a análise AMMI e o método de Eberhart e Russell (1966) sugere a indicação do uso combinado destas duas metodologias aliada à complementaridade de suas informações.

Borges et al. (2000) avaliando diferentes metodologias de estimação de parâmetros de adaptabilidade e estabilidade fenotípica na cultura do feijoeiro, observaram que, apesar da variação explicada pelos três componentes principais (63,9%) ser significativa ( $P < 0,01$ ) os desvios (componentes não contemplados) foram significativamente diferentes de zero ( $P < 0,01$ ) evidenciando que os três componentes principais foram insuficientes para explicar os efeitos de interação, concluindo pela ineficiência do método no estudo da estabilidade fenotípica na cultura.

## **2.4 Análise de padrões (Pattern analysis)**

Muitos métodos estatísticos têm sido desenvolvidos para analisar dados oriundos de ensaios multi-ambientais (METs) de variedades de plantas objetivando uma melhor compreensão das interações genótipos por ambientes (GxE) e dos padrões de estabilidade das cultivares. Discussões sobre muitos desses métodos e seus relacionamentos podem ser encontradas nos estudos de Delacy et al. (1996) e Crossa et al. (2004). A análise de padrões (Pattern analysis), desenvolvida e atualizada por Watson et al. (1996), tem sido empregada em muitos experimentos multi-ambientais demonstrando alta eficiência (ABDALLA et al., 1996; REEDEN et al., 2000; LILEMO et al., 2004).

Dados da interação genótipos por ambientes, obtidos de experimentos multi-ambientais desenvolvidos numa vasta gama de ambientes, podem ser investigados pela análise de padrões para identificar genótipos com respostas similares em todos os ambientes e ambientes que fazem discriminação entre os genótipos de

forma semelhante (COOPER e DELACY, 1994; ALAGARSWAMY e CHANDRA, 1998; DELACY et al., 2000).

A análise de padrões é baseada no conjunto e no uso complementar de técnicas de classificação e ordenação (análise de agrupamento e análise de componentes principais) para estudar diferentes aspectos dos padrões de respostas dos genótipos. A análise de agrupamento (cluster analysis) resume a complexidade dos dados mantendo a maior parte das informações pelo agrupamento de cultivares com desempenho semelhante em, relativamente, poucos grupos ambientais que discriminam de forma semelhante o desempenho das cultivares (DELACY et al., 1996).

A relação entre o desempenho das cultivares e a discriminação ambiental é descrita em uma representação dimensional (bi ou tridimensional) dos dados originais em poucos eixos de ordenação. Cultivares com desempenhos semelhantes e, ambientes que produzem padrões semelhantes de discriminação entre as cultivares, são colocados próximos no biplot (GABRIEL, 1971; KEMPTON, 1984). Em particular, um *biplot* representa uma versátil abordagem gráfica para analisar experimentos multi-ambientais (YAN, 2001; YAN e KANG, 2003).

O conhecimento da ordenação e classificação de ambientes é um pré-requisito importante para a efetiva condução dos ensaios em ambientes representativos. Tal procedimento pode reduzir o número de ensaios minimizando custos, permitindo ainda, o estabelecimento de padrões específicos de caracterização e/ou adaptação das cultivares.

Poucos trabalhos empregando a técnica da análise de padrões foram conduzidos no Brasil, sendo as referências bibliográficas, na sua quase totalidade, proveniente de trabalhos desenvolvidos no exterior, tais como os de: Redden et al. (2000) Zhang et al. (2006) e Kaya et al. (2006).

### 3. MATERIAL E MÉTODOS

#### 3.1 Caracterização dos ambientes experimentais

Os experimentos foram realizados em 12 ambientes experimentais distintos, no período de 2000/2001 a 2005/2006, constituindo-se cada ambiente da combinação de um local, de uma época de cultivo e de um ano agrícola, conforme representados no Quadro 1.

QUADRO 1. Caracterização dos ambientes experimentais.

ambiente	local	época	ano agrícola
E A	Dourados	“das águas”	2000/2001
E B	Dourados	“da seca”	2000/2001
E C	Aquidauana	“da seca”	2000/2001
E D	Dourados	“das águas”	2001/2002
E E	Dourados	“da seca”	2001/2002
E F	Aquidauana	“da seca”	2001/2002
E G	Aquidauana	“da seca”	2002/2003
E H	Aquidauana	“da seca”	2003/2004
E I	Aquidauana	“da seca”	2004/2005
E J	Dourados	“das águas”	2005/2006
E K	Dourados	“da seca”	2005/2006
E L	Aquidauana	“da seca”	2005/2006

Em Dourados-MS os experimentos foram realizados na Área Experimental da Faculdade de Ciências Agrárias da Universidade Federal da Grande Dourados cujas coordenadas geográficas são: 22° 12' 16" latitude sul e 54° 48' 20" longitude oeste, altitude de 452m. O clima regional, conforme Estado de Mato Grosso do Sul (1990), é classificado, pelo sistema de Koppen, como Mesotérmico Úmido. A precipitação média anual é de 1500 mm, com maior concentração das chuvas no período de novembro a janeiro, a temperatura média anual é de 22°C, sendo comum a ocorrência de geadas nos meses de junho, julho e agosto. O solo onde o ensaio foi conduzido é classificado como Latossolo-Vermelho-Distroférico, de textura argilosa e de topografia plana.

Os experimentos implantados na época “da seca” foram instalados na segunda quinzena do mês de março e os realizados na época “das águas” na segunda quinzena do mês de setembro, variando-se a data de semeadura de ano para ano.

Em Aquidauana-MS, os experimentos foram instalados na Área Experimental da Unidade Universitária de Aquidauana - Universidade Estadual de Mato Grosso do Sul. O local onde os ensaios foram realizados está situado nas coordenadas geográficas 20° 20' 00" latitude sul e 55° 48' 00" longitude oeste, altitude de 207 m. O clima da região é classificado como "Tropical Quente, Sub-Úmido".

A precipitação pluviométrica anual varia de 1200 a 1400 mm, com período chuvoso bem definido entre outubro e março e período seco de abril a setembro. A temperatura média anual é de 24°C, com máximas diárias de 36°C durante a primavera e mínimas de 12° no inverno (ESTADO DE MATO GROSSO DO SUL, 1990). A unidade pedogenética predominante é Argissolo-Vermelho-Amarelo-Distroférico, fisicamente profundo, moderadamente drenado e com textura argilo-arenosa.

Em função das temperaturas relativamente elevadas na região, com médias acima de 30°C no período "das águas", o cultivo do feijoeiro nessa época do ano em decorrência da elevada taxa de abscisão dos órgãos reprodutivos (STOBB et al., 1966; DICKSON e BOETTGER, 1984) é totalmente inviável. Dessa forma os experimentos foram implantados apenas na época "da seca", com a data da semeadura variando de um ano para outro, prevalecendo, contudo, datas entre 10 e 20 de abril.

### **3.2 Germoplasma utilizado**

O germoplasma utilizado nos experimentos, proveniente do Banco de Germoplasma da EMBRAPA, Centro Nacional de Pesquisa de Arroz e Feijão (CNPAF – Goiânia-GO), exceção feita a cultivar IAC-Carioca Eté, oriunda de produtores da região de Dourados-MS, constou das cultivares e linhagens avançadas discriminadas no Quadro 2.

### **3.3 Instalação e Acompanhamento dos Ensaio.**

Em cada um dos ambientes cada genótipo constituiu-se num tratamento. O delineamento experimental adotado foi o de blocos casualizados, com três repetições. A unidade experimental constou de duas linhas de plantas com 1,50 m de comprimento cada uma e espaçadas entre si de 0,50 m.

QUADRO 2. Descrição dos genótipos utilizados

Genótipo	Variedade/Linhagem	Grupo	Hábito de crescimento
Rudá	variedade	carioca	tipo II
Aporé	variedade	carioca	tipo III
Xamego	variedade	preto	tipo II
Pérola	variedade	carioca	tipo III
Ouro Negro	variedade	preto	tipo III
Diamante Negro	variedade	preto	tipo II
IAPAR 14	variedade	carioca	tipo III
ENGOPA 201- Ouro	variedade	diversos	tipo II
IAC-Carioca Eté	variedade	carioca	tipo III
CNF 7135 Bambuí	linhagem	diversos	tipo II
CNF 4999-Rio Tibagi	linhagem	preto	tipo II
CNF 4129 A 54	linhagem	diversos	tipo II
CNF v. 8025	linhagem	preto	tipo II

Os sulcos de semeadura foram abertos mecanicamente distribuindo-se no fundo dos mesmos, manualmente, o adubo químico na dose de 300 kg ha<sup>-1</sup> da fórmula comercial 5-20-20 nos ensaios realizados em Dourados e 300 kg ha<sup>-1</sup> da fórmula comercial 4-20-20 nos ensaios realizados em Aquidauana, exceto no ambiente EC onde foram utilizados 400 kg ha<sup>-1</sup> da fórmula comercial 4-14-8

O adubo foi misturado com a terra no fundo dos sulcos distribuindo-se, posteriormente, 15 sementes por metro linear, colocadas cerca de cinco centímetros acima da mistura terra-adubo, fechando-se os sulcos com terra solta. A adubação em cobertura foi realizada no estágio fenológico V4, aproximadamente 25 dias após a emergência das plantas, distribuindo-se, manualmente, em filete contínuo ao lado das linhas das plantas 40 kg ha<sup>-1</sup> de Nitrogênio, empregando-se como fonte a uréia ou o sulfato de amônio. Quando se utilizou da uréia a mesma foi incorporada superficialmente ao solo para que as perdas de Nitrogênio por volatilização fossem minimizadas. A densidade de semeadura utilizada correspondeu a uma população de 240.000 plantas ha<sup>-1</sup>.

Os ensaios foram mantidos livres da presença de plantas invasoras por meio de capinas manuais realizadas no período de 15 a 30 dias após a emergência, considerado como “período crítico de competição” (ALMEIDA et al., 1983). O controle de insetos pragas, quando necessário, foi feito com a aplicação de inseticidas do grupo químico piretróide visando, especificamente, o controle de *Diabrotica speciosa* e *Cerotoma spp.* Tanto nos ensaios realizados em Aquidauana como em Dourados foi realizada a irrigação suplementar por meio de conjunto de irrigação por

aspersão convencional sempre que necessário. A colheita consistiu no arranquio manual das plantas quando estas se encontravam completamente secas e os grãos com umidade próximos a 15%, caracterizando o final do estágio R9. As plantas arrancadas foram amontoadas no próprio terreno e trilhadas com varas flexíveis.

### 3.4 Características avaliadas

Os genótipos, em cada um dos ambientes, foram avaliados quanto aos seguintes caracteres:

- a) Número médio de vagens por planta (VAG): caracterizado na colheita durante o processo de arranquio;
- b) Número médio de sementes por vagem (SEM): caracterizado na colheita durante o processo de trilha;
- c) Massa de 100 sementes (MCS): caracterizado após a colheita e expresso em gramas;
- d) Produtividade de grãos (PRD): caracterizado após a colheita e expressa em  $\text{kg ha}^{-1}$ .

De cada parcela tomaram-se, ao acaso, oito plantas que foram caracterizadas quanto ao número médio de vagens por planta (VAG) e ao número médio de sementes por vagem (SEM). Na descrição do número médio de sementes por vagem foram tomadas três vagens de cada planta amostrada totalizando 24 vagens por parcela e 72 por tratamento. Para o caráter produtividade de grãos (PRD) considerou-se a produção da parcela transformada em  $\text{kg ha}^{-1}$  de grãos, com base no número total de plantas na colheita. A produtividade foi ajustada para a umidade de 13% nos grãos, empregando-se a expressão:

$$Mf = \frac{100 - Ui}{100 - Uf} \times Mi$$

onde:  $Mf$ : massa final, com umidade de 13%;

$Mi$ : Massa inicial da amostra de sementes;

$Ui$  = umidade inicial da massa de sementes (%);

$Uf$  = umidade final da massa de sementes.

Na determinação da massa de 100 sementes (MCS) retirou-se uma amostra da produção de cada parcela que foi pesada em balança eletrônica, semi-analítica, ajustando-se a massa obtida para umidade de 13%. As características avaliadas tiveram

as suas médias agrupadas pelo método de Scott-Knott (SCOTT e KNOTT, 1974), a 5% de probabilidade.

### 3.5 Análises Realizadas

#### 3.5.1 Análises de Variância

Inicialmente, foram realizadas as análises de variância individuais para cada um dos 12 ambientes, considerando-se todos os genótipos e as quatro características avaliadas. Tais análises destinaram-se à avaliação da variabilidade genética entre os tratamentos (genótipos), à obtenção das estimativas dos erros experimentais visando testar a homogeneidade de variâncias (RAMALHO et al., 2000) e a precisão dos experimentos. O esquema utilizado na análise de variância individual para cada caráter foi o de blocos ao acaso, cujo modelo estatístico se encontra abaixo:

$$Y_{ij} = \mu + g_i + b_j + \varepsilon_{ij}$$

onde:  $Y_{ij}$ : valor observado do  $i$ -ésimo genótipo no  $j$ -ésimo bloco;

$\mu$ : média geral do ensaio;

$g_i$ : efeito do genótipo  $i$ ;

$b_j$ : efeito do bloco  $j$ ;

$\varepsilon_{ij}$ : erro aleatório associado à observação  $Y_{ij}$ .

O esquema do resultado da análise de variância para blocos ao acaso encontra-se no Quadro 3. Preliminarmente à análise de variância conjunta dos experimentos verificou-se, conforme sugestão de Ramalho et al. (2000), a homogeneidade das variâncias residuais ( $QM_{RS}$ ) dos ensaios. Neste processo considerou-se a razão entre o maior e o menor quadrado médio em cada um dos ambientes estudados, para todos os caracteres.

Na análise de variância conjunta o modelo estatístico adotado foi o fatorial simples considerando-se os efeitos de genótipo e da interação G x E como aleatórios e de ambiente como fixo, caracterizando o modelo IV (CRUZ, 2006). A análise de variância conjunta foi realizada segundo o modelo estatístico abaixo:

$$Y_{ijk} = \mu + g_i + (b/a)_{jk} + a_j + ga_{ij} + \varepsilon_{ijk}$$

onde:  $Y_{ijk}$ : observação no  $k$ -ésimo bloco do  $i$ -ésimo genótipo no  $j$ -ésimo ambiente;

$\mu$  : média geral do ensaio;  
 $g_i$ : efeito do  $i$ -ésimo genótipo;  
 $(b/a)_{jk}$ : efeito do bloco  $k$  dentro do  $j$ -ésimo ambiente;  
 $a_j$ : efeito do  $j$ -ambiente;  
 $ga_{ij}$ : efeito do  $i$ -genótipo no  $j$ -ambiente;  
 $\varepsilon_{ijk}$  : erro aleatório associado à observação  $Y_{ijk}$ .

QUADRO 3. Esquema de análise de Variância no delineamento Blocos ao Acaso (modelo aleatório)

FV	GL	SQ	QM	E(QM)	F
Blocos	b-1	SQB	QMB	$\sigma^2 + g\sigma_b^2$	
Genótipos	g-1	SQG	QMG	$\sigma^2 + b\sigma_g^2$	QMG/QMR
Resíduo	(b-1)(g-1)	SQR	QMR	$c^2$	
Total	gb-1	SQTo			

Média = m

$$CV\% = (100 \sqrt{QMR}) / m$$

No Quadro 4 está apresentado o esquema da análise de variância para o modelo IV.

Caso a análise de variância conjunta constata interação GxE significativa para todos os caracteres avaliados, evidenciará comportamento diferenciado dos genótipos diante da variação ambiental. A análise de adaptabilidade e estabilidade fenotípica dos materiais para os caracteres avaliados foi feita pelos seguintes métodos: (a) – Método de Wricke (1965); (b) – Método de Eberhart e Russell (1966); (c) – Método de Lin e Binns (1988); (d) – Análise AMMI-Biplot (GOLLOB, 1968; GABRIEL, 1971). Procedeu-se também à classificação e ordenação dos genótipos e dos ambientes em grupos estabelecidos pela análise de padrões.

A estimação dos parâmetros e os testes de significância foram realizados pelo aplicativo computacional em genética e estatística, GENES (CRUZ, 2006) e pelo programa computacional CROPSTAT (IRRI, 2007).

As temperaturas e as precipitações pluviométricas ocorridas durante o desenvolvimento dos experimentos, em cada um dos ambientes experimentais, exceto os ambientes “ED” e “EE” são apresentadas nas Figuras de número 1 a 15. Os dados foram extraídos do acervo do Posto Agrometeorológico da Faculdade de Agronomia da Universidade Federal da Grande Dourados-UFGD, Dourados-MS, e da Estação

Climatológica da Universidade Estadual de Mato Grosso do Sul-UEMS, Aquidauana-MS.

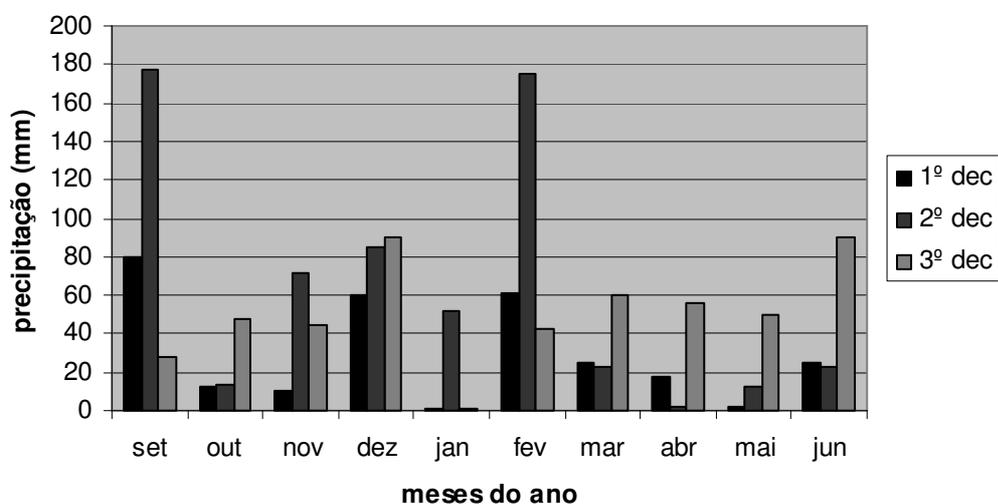


Figura 1 Médias mensais de temperatura (°C) máximas, médias e mínimas ocorridas no período de setembro/2000 a junho/2001, nos ambientes EA e EB, no município de Dourados. Dourados-MS, 2007.

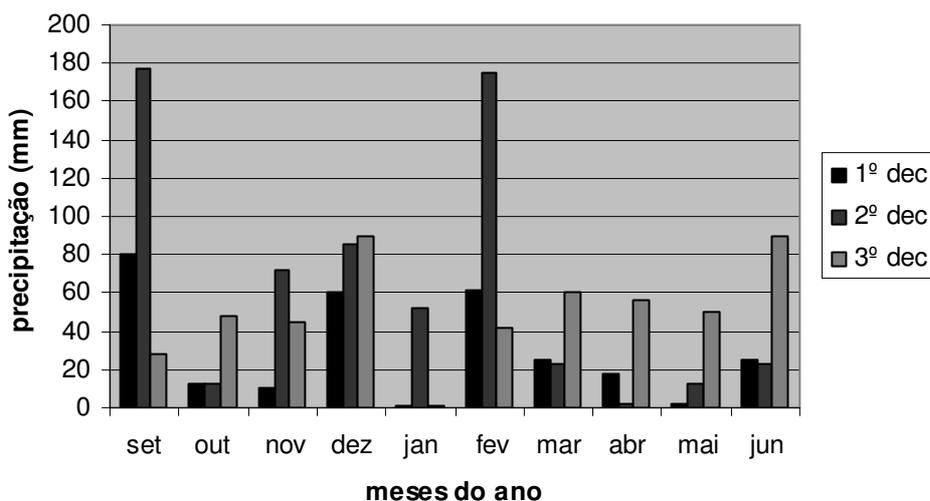


Figura 2 Precipitação pluviométrica por decênio, ocorrida no período de setembro/2000 a junho/2001, nos ambientes EA e EB, no município de Dourados. Dourados-MS, 2007.

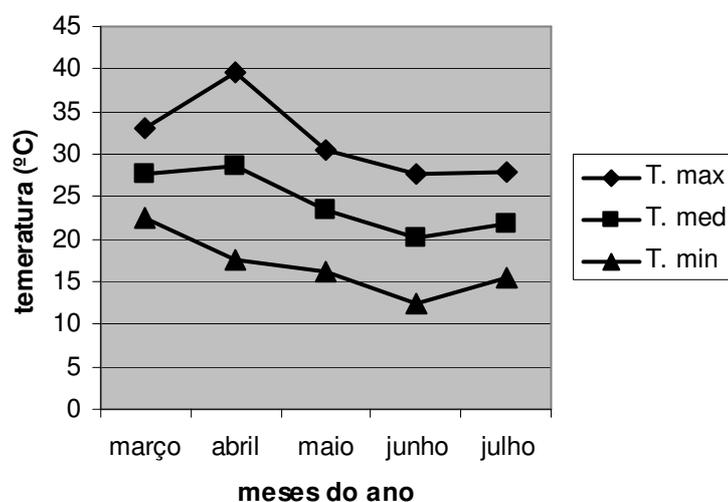


Figura 3 Médias mensais de temperatura (°C) máximas, médias e mínimas, ocorridas no período de março/2001 a junho/2001, no ambiente EC, no município de Aquidauana. Aquidauana-MS, 2007.

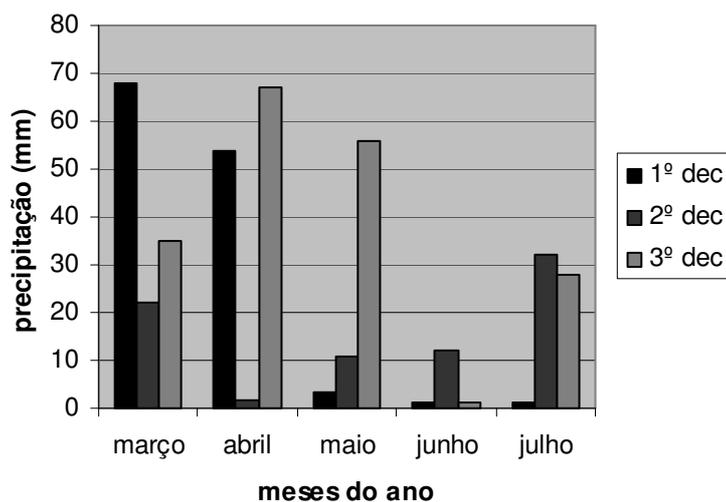


Figura 4 Precipitação pluviométrica por decêndio, ocorrida no período de março/2001 a julho/2001 no ambiente EC, no município de Aquidauana. Aquidauana-MS, 2007.

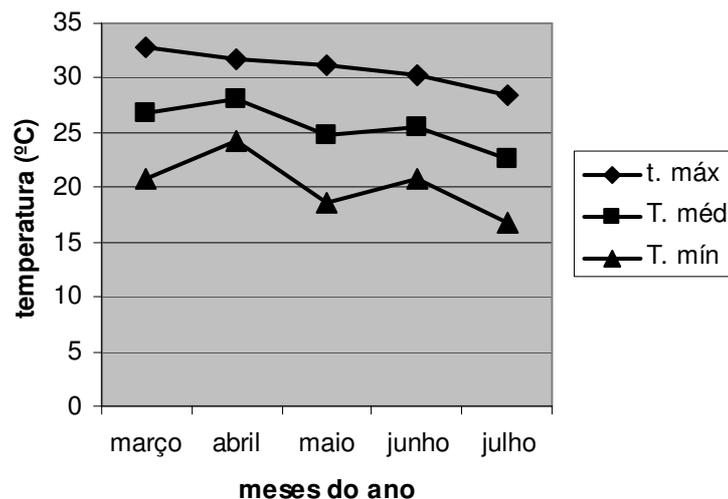


Figura 5 Médias mensais de temperatura (°C) máximas, médias e mínimas, ocorridas no período de março/2002 a julho/2002, no ambiente EF, no município de Aquidauana. Aquidauana-MS, 2007.

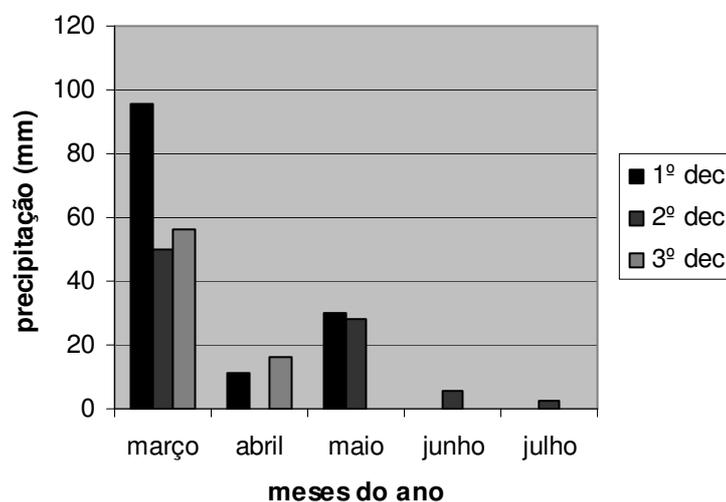


Figura 6 Precipitação pluviométrica por decêndio, ocorrida no período de março/2002 a julho/2002 no ambiente EF, no município de Aquidauana. Aquidauana-MS, 2007.

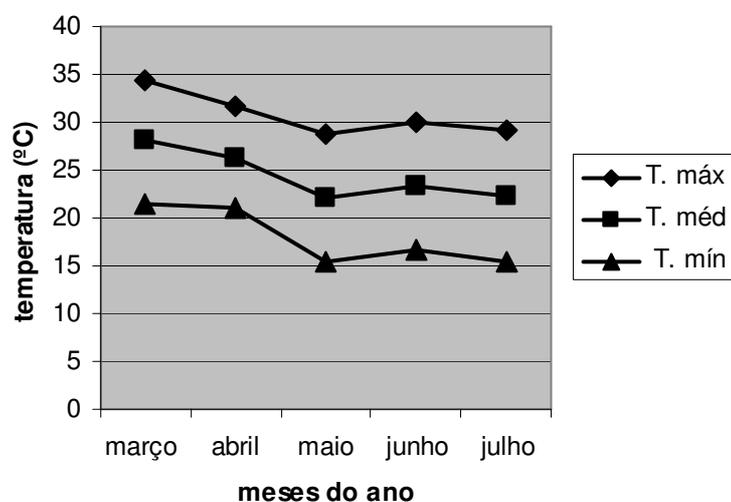


Figura 7 Médias mensais de temperatura (°C) máximas, médias e mínimas, ocorridas no período de março/2003 a julho/2003, no ambiente EG, no município de Aquidauana. Aquidauana-MS, 2007.

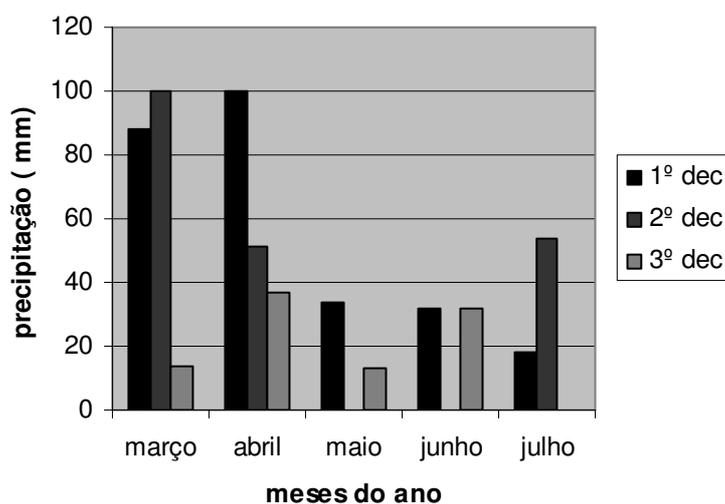


Figura 8 Precipitação pluviométrica por decêndio, ocorrida no período de março/2003 a julho/2003 no ambiente EG, no município de Aquidauana. Aquidauana-MS, 2007.

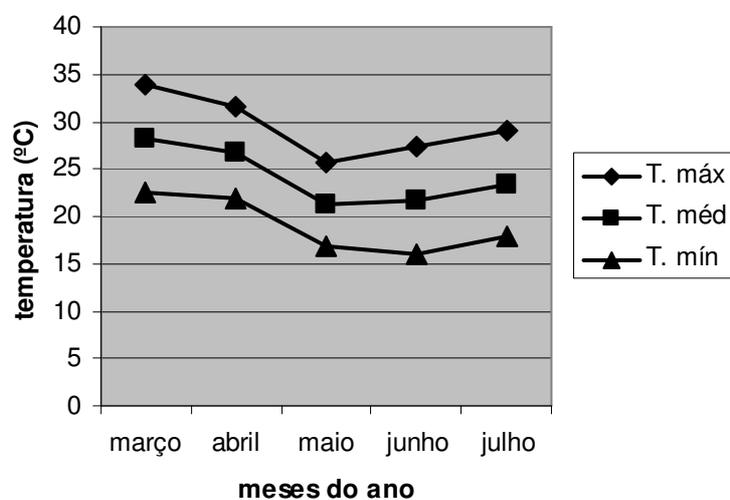


Figura 9 Médias mensais de temperatura (°C) máximas, médias e mínimas, ocorridas no período de março/2004 a julho/2004, no ambiente EH, no município de Aquidauana. Aquidauana-MS, 2007.

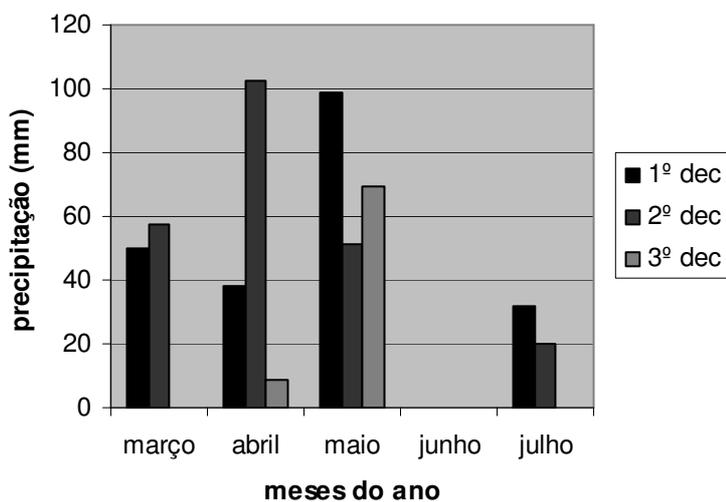


Figura 10 Precipitação pluviométrica por decêndio, ocorrida no período de março/2004 a julho/2004 no ambiente EH, no município de Aquidauana. Aquidauana-MS, 2007.

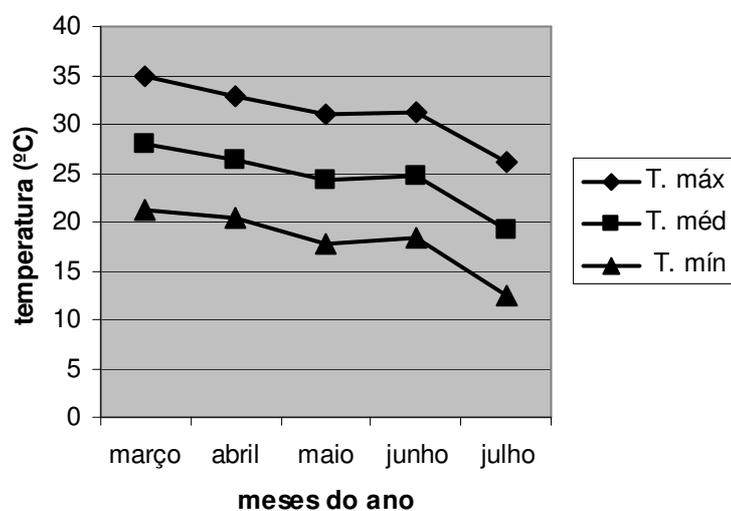


Figura 11 Médias mensais de temperatura (°C) máximas, médias e mínimas, ocorridas no período de março/2005 a julho/2005, no ambiente EI, no município de Aquidauana. Aquidauana-MS, 2007.

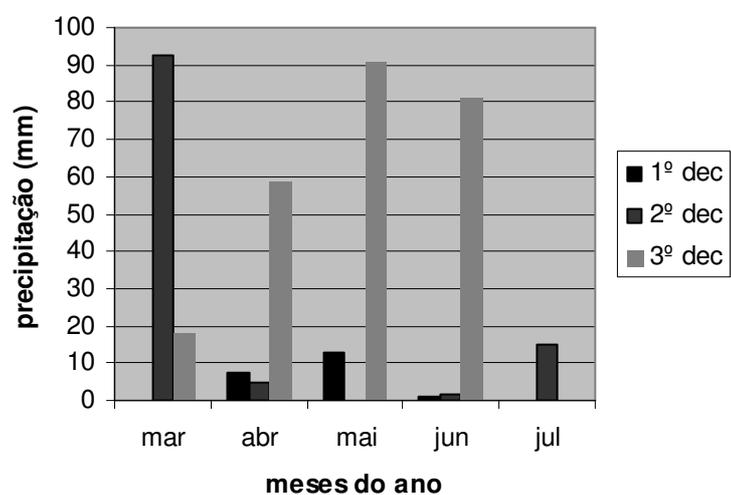


Figura 12 Precipitação pluviométrica por decêndio, ocorrida no período de março/2005 a julho/2005 no ambiente EI, no município de Aquidauana. Aquidauana-MS, 2007.

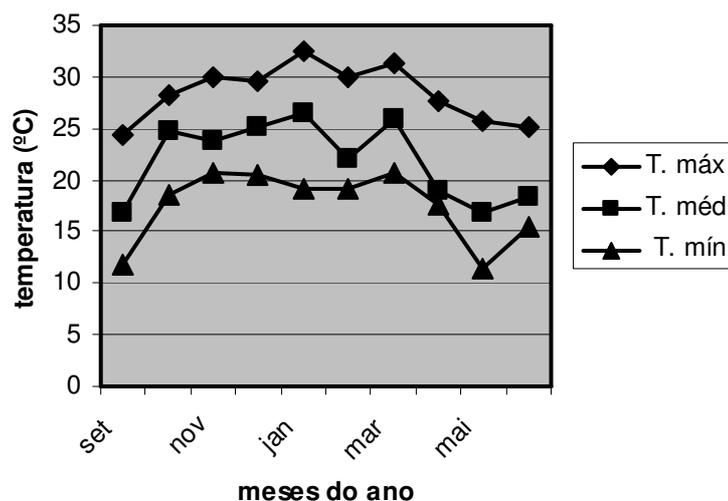


Figura 13 Médias mensais de temperatura (°C) máximas, médias e mínimas ocorridas no período de setembro/2005 a junho/2006, nos ambientes EJ e EK, no município de Dourados. Dourados-MS, 2007.

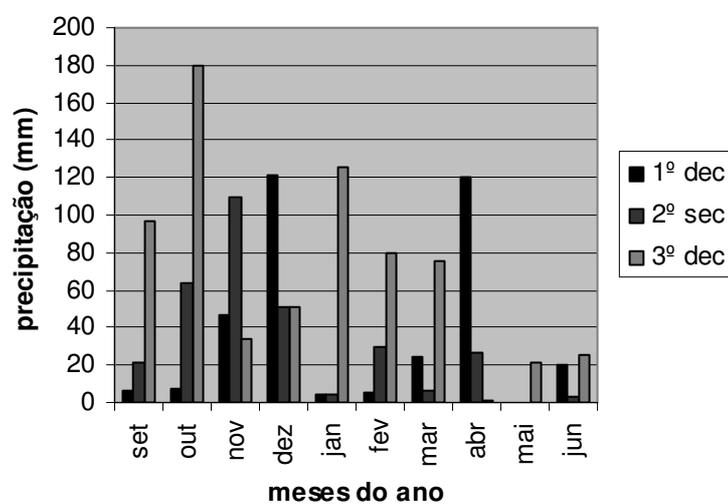


Figura 14 Precipitação pluviométrica por decênio, ocorrida no período de setembro/2005 a junho/2006, nos ambientes EJ e EK, no município de Dourados. Dourados-MS, 2007.

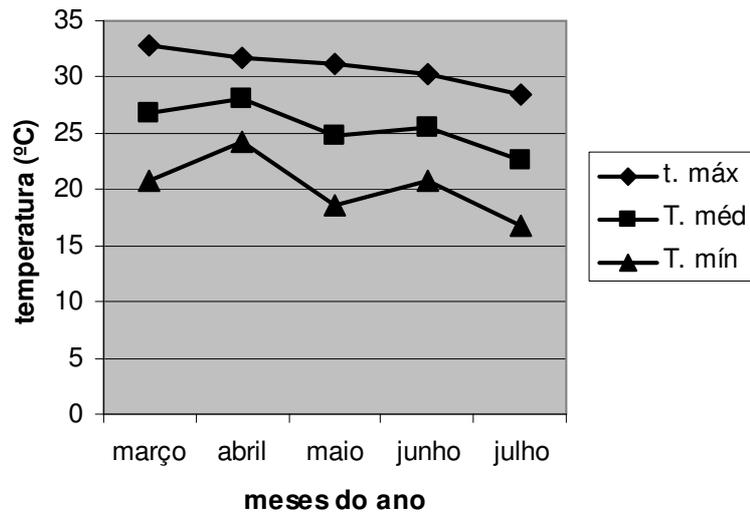


Figura 15 Médias mensais de temperatura (°C) máximas, médias e mínimas, ocorridas no período de março/2006 a julho/2006, no ambiente EL, no município de Aquidauana. Aquidauana-MS, 2007.

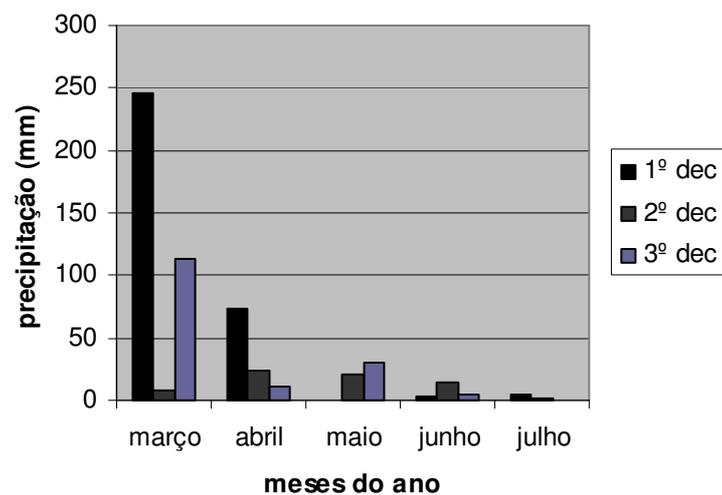


Figura 16 Precipitação pluviométrica por decêndio, ocorrida no período de março/2006 a julho/2006 no ambiente EL, no município de Aquidauana. Aquidauana-MS, 2007.

### 3.5.2 Análises de adaptabilidade e estabilidade

Os parâmetros de adaptabilidade e estabilidade foram estimados pelos seguintes estimadores:

QUADRO 4. Esquema da Análise de Variância conjunta (Fatorial simples) com Soma de Quadrados, Quadrados Médios, Esperanças dos Quadrados Médios e Estatísticas F (modelo misto – IV).

FV	GL	SQ	QM	E(QM)	F
Bl/A	a(r-1)	SQB	QMB	$\sigma^2 + g\sigma_b^2$	
B	r-1				
BxA	(a-1)(r-1)				
G	g-1	SQG	QMG	$\sigma^2 + ar\sigma_g^2$	$QMG/QMR$
A	a-1	SQA	QMA	$\sigma^2 + r\lambda\sigma_{ga}^2 + g\sigma_b^2 + gr\phi_a$	$\frac{QMA + QMR}{QMB + QMGA}$
GxA	(g-1)(a-1)	SQGA	QMG A	$\sigma^2 + r\lambda\sigma_{ga}^2$	$QMGA/QMR$
Resíduo	(r-1)(g-1)a	SQR	QMR	$c^2$	
Total	gra-1	SQTo			

Média = M

CV% =  $(100\sqrt{QMR}) m$

$\lambda = a / (a - 1)$

#### 3.5.2.1 Método proposto por Wricke (1965)

Nesta metodologia o parâmetro de estabilidade, também denominado de “ecoalência” ( $a_i$ ), foi calculado pela seguinte expressão:

$$\omega_i = r \sum_j^n \hat{G}A_{ij}^2 = r \sum_j^n (Y_{ij} - \bar{Y}_{.j} - \bar{Y}_{i.} + \bar{Y}_{..})^2$$

onde:  $\hat{G}A_{ij}$ : efeito da interação entre o  $i$ -ésimo genótipo e o  $j$ -ésimo ambiente  $j$ ;

$Y_{ij}$ : média do  $i$ -ésimo genótipo no  $j$ -ésimo ambiente;

$\bar{Y}_{.j}$ : média do  $j$ -ésimo ambiente;

$\bar{Y}_{i.}$ : média do  $i$ -ésimo genótipo;

$\bar{Y}_{..}$ : média geral do ensaio.

O “ $a_i$ ” de um dado genótipo é estimado pela soma de quadrados dos efeitos da interação deste genótipo com cada ambiente, para todos os ambientes. O método parte do princípio de que o comportamento de um dado genótipo, num determinado ambiente, desvia da média geral devido ao efeito interativo entre eles. Assim, o genótipo mais estável é aquele cuja magnitude do parâmetro “ecoalência” for inferior aos demais (CRUZ et al., 2004).

A contribuição relativa de cada genótipo para a interação, por meio do valor percentual, foi calculada pela expressão:

$$\omega_i(\%) = \frac{a_i}{\sum_1^n \omega_i} \times 100$$

### 3.5.2.2 Método proposto por Eberhart e Russell (1966)

O modelo de regressão linear adotado pela metodologia de Eberhart e Russell (1966) é o seguinte:

$$Y_{ij} = \beta_{0i} + \beta_{1i}I_j + \epsilon_{ij} + \bar{\epsilon}_{ij}$$

onde:  $Y_{ij}$ : média do  $i$ -ésimo genótipo no  $j$ -ésimo ambiente;

$\beta_{0i}$ : média geral do  $i$ -ésimo genótipo;

$\beta_{1i}$ : coeficiente de regressão linear, que mede a resposta do  $i$ -ésimo genótipo à variação do ambiente;

$I_j$ : índice ambiental codificado  $\left( \sum_j^i I_j = 0 \right)$  sendo  $I_j = \bar{Y}_{.j} - \bar{Y}_{..}$

$\epsilon_{ij}$ : desvio da regressão do  $i$ -ésimo genótipo no  $j$ -ésimo ambiente;

$\bar{\epsilon}_{ij}$ : erro experimental médio associado a observação  $Y_{ij}$

Os parâmetros indicativos da adaptabilidade e da estabilidade foram determinados como segue:

a) – Média geral do  $i$ -ésimo genótipo ( $\mu_i$ ):

$$\mu_i = (1/a) \sum_j Y_{ij} \text{ em que:}$$

$a$ : número de ambientes.

b) – Coeficiente de regressão associado ao  $i$ -ésimo genótipo ( $\beta_{1i}$ ):

$$\beta_{1i} = \sum_j Y_{ij} I_j^2 / \sum_j I_j^2 \text{ em que:}$$

$$I_j: (1/g) \sum_j Y_{ij} - (1/ga) \sum_i \sum_j Y_{ij} \text{ e}$$

$$V(b) = (1/\sum I_j^2) (QME/r), \text{ sendo:}$$

$g$ : número de genótipos;

$r$ : número de repetições;

QME: quadrado médio do erro

c) – Estimador do componente de variância dos desvios da regressão ( $\sigma_{di}^2$ ) =  $s_{di}^2$

d) – Coeficiente de determinação de variância ( $R^2$ )

$$R^2 = \text{SQ regressão linear} / \text{SQ total}$$

As hipóteses testadas em relação à adaptabilidade dos genótipos foram  $H_0: b_i = 1$ , versus  $H_a: b_i \neq 1$ , para  $i = 1, 2, \dots, g$ . O teste estatístico utilizado foi o teste “t” dado por:  $t = [(b - 1) / S_b]$  com  $n - 2$  graus de liberdade, sendo  $n$  o total de entradas para o teste. Tais valores foram testados pela tabela de “t” bilateral, a 5% de probabilidade. O desvio de regressão de cada genótipo ( $s_{di}^2$ ) foi verificado pelo teste F aproximado, dado por:

$$F = \sum (\delta_{di}^2 / a - 2) / QME, \text{ em que:}$$

$a$ : número de ambientes

A estabilidade foi definida com base nos desvios de regressão ( $s_{di}^2$ ) sendo considerada estável a cultivar que obtiver desvios o mais próximo de zero. Já o coeficiente de determinação ( $R^2$ ) foi utilizado para aferir a qualidade de ajustamento da equação de regressão linear de cada genótipo.

A adaptabilidade foi definida pelo coeficiente de regressão do genótipo ( $\beta_1$ ) que mede a resposta linear do genótipo às variações do ambiente. Genótipos com  $\beta_1 > 1,0$  são considerados como genótipos responsivos a ambientes favoráveis, com  $\beta_1 < 1$  a ambientes específicos desfavoráveis e com  $\beta_1 = 1$ , genótipos amplamente adaptados a todos os ambientes. O genótipo ideal, portanto, foi aquele que apresentou média de produtividade elevada, coeficiente de regressão ( $\beta_1$ ) = 1 e desvios de regressão ( $s_{di}^2$ ) tão pequenos quanto possíveis (EBERHART e RUSSELL, 1966).

### 3.5.2.3 Método proposto por Lin e Binns (1988)

O parâmetro de adaptabilidade e estabilidade é estimado por meio da medida de superioridade  $P_i$  empregando-se a seguinte expressão:

$$P_i = \sum_{j=1}^n (x_{ij} - M_j)^2 / 2n$$

onde:  $P_i$ : estimativa do parâmetro de adaptabilidade e estabilidade do  $i$ -ésimo genótipo;

$x_{ij}$ : produtividade do  $i$ -ésimo genótipo no  $j$ -ésimo ambiente;

$M_j$ : resposta máxima obtida entre todos os genótipos no  $j$ -ésimo ambiente;

$n$ : número de ambientes.

A estimativa de  $P_i$  nos componentes devido ao efeito genético do genótipo  $i$  e na sua contribuição para interação com o ambiente  $j$  foi desdobrada, sendo::

$$P_i = [ n (\bar{X}_i - \bar{M})^2 + \sum_{j=1}^n (X_{ij} - \bar{X}_i - M_j + \bar{M})^2 ] / 2n$$

onde:  $\bar{X}_i$ : média de produtividade de todos os genótipos nos  $n$  ambientes, isto é:

$$\bar{X}_i = \sum_{j=1}^n X_{ij} / n ;$$

$\bar{M}$ : médias das produtividades máximas de todos os genótipos em todos os ambientes, isto é:

$$\bar{M} = \sum_{j=1}^n M_j / n$$

Estas estimativas permitem que se testem as hipóteses de nulidade do valor paramétrico de  $P_i$  para cada genótipo com base em um teste F. A significância desta hipótese indica que o genótipo específico difere estatisticamente do máximo e um  $P_i$  nulo indica que ele tem desempenho semelhante ao máximo ao longo dos ambientes.

### 3.5.2.4 Metodologia de análise AMMI-Biplot.

A análise considerou os efeitos de genótipos e ambientes como fixos e o modelo segundo a equação:

$$Y_{ij} = \mu + g_i + a_j + \sum_{k=1}^n \lambda_k \gamma_{ik} \alpha_{jk} + \rho_{ij} + \bar{\varepsilon}_{ij}$$

onde:  $Y_{ij}$ : é a resposta média do  $i$ -ésimo genótipo ( $i = 1, 2, \dots, G$  genótipos) no  $j$ -ésimo ambiente ( $j = 1, 2, \dots, A$  ambientes);

$\mu$ : a média geral dos ensaios;

$g_i$ : o efeito do  $i$ -ésimo genótipo;

$a_j$ : o efeito do  $j$ -ésimo ambiente;

$\lambda_k$ : o  $k$ -ésimo valor singular (escalar) da matriz de interação original (denotada por  $G \times A$ );

$\gamma_{ik}$ : o elemento correspondente ao  $i$ -ésimo genótipo no  $k$ -ésimo vetor singular coluna da matriz  $GA$ ;

$\alpha_{jk}$ : o elemento correspondente ao  $j$ -ésimo ambiente no  $k$ -ésimo vetor singular linha da matriz  $GA$ ;

$\rho_{ij}$ : o ruído associado ao termo  $(ga)_{ij}$  da interação clássica do genótipo  $i$  com o ambiente  $j$ ;

$\bar{\varepsilon}_{ij}$ : erro experimental médio.

Na análise AMMI o termo  $(ga)_{ij}$  de um modelo de análise tradicional foi modelado por:

$$\sum_{k=1}^n \lambda_k \gamma_{ik} \alpha_{jk} + \rho_{ij}$$

sendo:  $\rho_{ij} = \sum_{k=n+1}^p \lambda_k \gamma_{ik} \alpha_{jk}$ , em que  $p$  é o posto da matriz  $GA$ .

Os termos  $\lambda_k, \gamma_{ik}$  e  $\alpha_{jk}$  resultam da chamada decomposição por valores singulares (DVS) da matriz de interação clássica  $GA_{(g \times a)} = [(\hat{g}a)_{ij}]$  em que :

$$(\hat{g}a)_{ij} = Y_{ij} - \bar{Y}_{i.} - \bar{Y}_{.j} + \bar{Y}_{..}$$

onde:  $Y_{ij}$ : média do  $i$ -ésimo genótipo no  $j$ -ésimo ambiente;

$\bar{Y}_{i.}$ : é a média do  $i$ -ésimo genótipo;

$\bar{Y}_{.j}$ : é a média do  $j$ -ésimo ambiente;

$\bar{Y}_{..}$ : é a média geral dos ensaios.

A obtenção da DVS de uma matriz, nesse tipo de aplicação, é descrita por Duarte e Vencovsky (1999). Para esses autores no modelo AMMI o efeito da interação do genótipo  $i$  com o ambiente  $j$  é descrito como uma soma de “n” parcelas, cada uma resultante da multiplicação de  $\lambda_k$ , expresso na mesma unidade de  $Y_{ij}$ , por efeitos de escala (adimensionais) genotípica ( $\gamma_{ik}$ ) e ambiental ( $\alpha_{jk}$ ). O termo  $\lambda_k$  traz uma informação relativa à variação resultante da interação Gx E, na k-ésima dessas parcelas. Como numa análise de componentes principais (ACP) essas sucessivas parcelas captam porções cada vez menores da variação presente na matriz GA ( $\lambda_1^2 \geq \lambda_2^2 \geq \dots, \lambda_p^2$ ), isto é a  $SQ_{G \times A}$  tradicional. Assim, a análise busca recuperar uma parcela determinística da matriz denominada padrão, descartando-se outra, denominada ruído ( $\rho_{ij}$ ).

Para a definição do número de eixos a serem retidos, a fim de explicar o padrão relacionado à interação, foram adotados os critérios propostos por Gauch e Zobel (1988), levando em consideração a proporção da soma de quadrados da interação ( $SQ_{G \times E}$ ) acumulada até o n-ésimo eixo. Dessa forma, o ponto de parada que determina a seleção do modelo de cada membro da família de modelos AMMI (AMMI0, AMMI1, ..., AMMI $n$ ) foi obtido com base na significância dos testes F de GOLLOB (1968), para os sucessivos termos da interação incluídos no modelo definido por GOLLOB (1968).

A interpretação da adaptabilidade e estabilidade dos genótipos e ambientes, ou seja, as suas coordenadas nos eixos principais de interação (IPCA) foi feita com base na análise gráfica em *biplot* (GABRIEL, 1971), gráfico que contém duas categorias de pontos ou marcadores; no caso, um referindo-se a genótipos e outro a ambientes. Primeiramente procedeu-se à interpretação gráfica em *biplot* com base na variação dos efeitos principais aditivos de genótipos e ambientes e do efeito multiplicativo da interação GxE e, posteriormente, a interpretação com base apenas no efeito multiplicativo da interação GxE.

### 3.5.3 Análise de padrões (Pattern analysis)

Uma análise de variância para cada um dos ambientes e cada um dos caracteres avaliados foi realizada considerando-se os efeitos de ambiente como fixo e os efeitos dos genótipos e da interação Gx E como aleatórios, com o objetivo de

determinar a magnitude relativa das somas dos quadrados atribuíveis aos efeitos de genótipo, ambiente e da interação GxE.

Antes de se proceder à análise de agrupamento, a matriz da interação G x E, contendo os dados de cada caráter, foi transformada dentro de ambientes, removendo-se os efeitos principais de ambientes com grande significância e dividindo-se os efeitos restantes dentro do ambiente pelo desvio padrão (FOX e ROSIELLE, 1992; COOPER e DELACY, 1994). Das matrizes de médias transformadas foi computada uma matriz de dissimilaridade (Matriz de Quadrado da distância Euclidiana) para cada genótipo e ambiente. A padronização foi feita de acordo com a expressão:

$$Y'_{ij} = (Y_{ij} - Y_{.j})/Sd$$

onde:  $Y'_{ij}$  é a média padronizada das entradas nos ambientes  $j$ ;

$Y_{ij}$  é a média observada das entradas nos ambientes  $j$ ;

$Y_{.j}$  a média de todas as entradas no ambiente  $j$ ;

$Sd$  é o desvio padrão fenotípico no ambiente  $j$ .

A padronização dos ambientes conduz ao agrupamento daqueles ambientes que são mais semelhantes na maneira de classificar os genótipos (FOX e ROSIELLE, 1992) e, agrupamentos de genótipos formados com essa padronização, contêm os genótipos que apresentam níveis semelhantes de desempenho.

A classificação das cultivares e dos ambientes foi realizada empregando-se um método aglomerativo de agrupamento hierárquico usando o quadrado da distância Euclidiana como medida de dissimilaridade (WILLIAMS, 1976). O método de Ward's, que usa os incrementos das somas de quadrados, foi o método usado na estratégia de agrupamento para a construção dos dendogramas. Neste método, em alguma parte do dendograma, os membros ou grupos são unidos para minimizar os novos grupos de soma de quadrados (WARD, 1963).

A eficácia da classificação foi determinada pela avaliação da divisão da soma de quadrados entre as fontes. As classificações das cultivares foram truncadas, por uma questão de brevidade, quando 50% da soma de quadrados da interação GxE foi retida na matriz reduzida (BYTH et al., 1976). Dendogramas foram construídos baseados no nível de fusão para examinar similaridades em padrões de desempenho entre genótipos (em reação para ambientes) e ambientes (em discriminação para genótipos).

Um *biplot* foi construído para cada caráter usando o procedimento da decomposição por valor singular (GABRIEL, 1971; KEMPTON, 1984).

#### 4. RESULTADOS E DISCUSSÃO

Segundo Zimmermann et al. (1996) a produtividade de grãos do feijoeiro é o produto de três componentes denominados de componentes primários da produção, que são: número médio de vagens por planta (VAG), número médio de sementes por vagem (SEM) e massa de 100 sementes (MCS). Nos Quadros 5, 6 e 7 encontram-se os dados relativos ao desempenho dos genótipos quanto a esses caracteres. Observa-se que as médias para esses caracteres diferiram estatisticamente ( $p < 0,05$ ) em quase todos ambientes, exceção ao caráter “SEM”, cujas médias dos genótipos, estatisticamente, não diferiram entre si nos ambientes EI e EK.

A análise dos dados contidos no Quadro 5 permite observar que o número médio de vagem por planta (VAG) variou de 14,8 para o genótipo CNF 7135 Bambuí, no ambiente EA, a 59,4 para o genótipo EMGOPA 201-Ouro, no ambiente ED, sendo a média geral de 35,9 vagens por planta. Os genótipos EMGOPA 201- Ouro, Xamego, IAPAR 14 e CNF 4999-Rio Tibagi foram os que apresentaram maior média para o caráter “VAG”, respectivamente; 41,8; 40,4; 38,9 e 38,3 vagens por planta.

Os genótipos com menor média para o caráter foram a linhagem CNF 4129 A 54 (27,5), a cultivar Pérola (29,8) e a linhagem CNF 7135 Bambuí.(31,5). O ambiente com maior média de número de vagens por planta foi o E F (49,2) e o menor o E J (26,3) (Quadro 6).

A média geral para o caráter “SEM” foi de 4,8 com uma amplitude que variou de 2,7 para o genótipo Pérola no ambiente E F, a 6,2 para o genótipo Xamego no ambiente E J, sendo essa cultivar a que obteve a maior média de número de sementes por vagem (5,4). A menor média ficou como genótipo Carioca Eté (4,5) (Quadro 6).

O tamanho médio das sementes (massa) de uma cultivar oscila, acentuadamente, em função da ação de fatores como a temperatura, umidade, fertilidade do solo, espaçamento, época de semeadura, entre outros (VIEIRA, 1976), portanto, em função dos diferentes ambientes.

Acentuada oscilação na massa de 100 sementes foi constatada para os genótipos CNF4129 A 54 (15,4 g no ambiente EA e 25,3 g no ambiente EK), CNFv 8025 (15,2 g no ambiente EC e 26,9 g no ambiente EK) e EMGOPA 201-Ouro (18,6 g no ambiente EG e 28,5 g no ambiente EK) sugerindo que esses genótipos são de baixa adaptação geral para esse caráter (Quadro 7).

QUADRO 5. Desempenho dos genótipos por ambientes para o caráter número médio de vagens por planta (VAG)

Genótipos	Ambientes												Média
	E A	E B	E C	E D	E E	E F	E G	E H	E I	E J	E K	E L	
Rudá	30,9 c	29,6 c	35,8 c	37,2 c	43,5 a	42,3 b	33,9 b	35,0 c	36,3 b	27,5 b	42,1 a	47,4 a	36,8 b
Aporé	30,0 c	28,6 b	43,3 b	36,5 c	35,0 b	47,9 b	45,8 a	23,4 d	38,8 b	35,8 b	31,6 b	35,0 c	36,0 b
Xamego	37,6 b	32,9 c	43,7 b	47,6 b	56,0 a	58,5 a	47,4 a	36,4 c	24,9 c	33,8 b	27,1 b	39,0 a	40,4 a
Pérola	26,6 c	31,6 c	28,7 c	33,5 c	44,0 a	40,9 b	31,5 b	29,3 d	25,1 c	15,5 c	23,7 b	26,7 d	29,8 c
O. Negro	27,6 c	29,3 d	46,8 b	32,3 c	40,6 a	57,7 a	37,4 b	45,1 b	21,2 c	29,8 b	27,2 b	34,1 c	35,8 b
D. Negro	31,7 c	31,7 c	35,2 c	38,5 c	44,8 a	48,0 b	36,2 b	27,6 d	27,6 c	27,0 b	28,1 b	34,4 c	34,2 b
IAPAR 14	31,0 c	31,4 c	47,1 b	37,0 c	27,8 b	43,0 b	44,7 a	46,3 b	26,9 c	46,8 a	45,5 a	39,8 a	38,9 a
EMGOPA	54,5 a	47,5 a	54,7 a	59,4 a	48,5 a	48,4 b	54,3 a	43,1 b	23,0 c	18,8 c	20,2 b	29,1 c	41,8 a
Carioca Eté	40,3 b	37,6 b	30,5 c	31,0 c	36,3 b	52,0 a	38,7 b	40,7 b	26,3 c	35,2 b	39,0 a	33,2 c	36,7 b
Bambuí	14,8 d	16,4 g	40,6 c	15,5 d	30,4 b	47,7 b	36,4 b	53,7 a	42,6 a	15,3 c	27,5 b	36,9 b	31,5 c
CNF 4999	27,7 c	30,4 d	35,8 c	31,0 c	41,5 a	52,8 a	53,9 a	40,4 b	36,0 b	17,7 c	42,6 a	49,9 a	38,3 a
CNF 4129	19,6 d	21,0 f	33,1 c	22,1 d	34,7 b	41,5 b	21,5 c	37,8 b	20,7 c	15,3 c	22,6 b	39,7 c	27,5 c
CNFv 8025	24,6 c	22,9 e	55,7 a	32,9 c	27,8 b	58,9 a	44,1 a	42,4 b	44,3 a	23,4 c	41,5 a	40,7 c	38,3 a
Média	30,5	30,1	40,8	35,0	39,3	49,2	40,4	38,5	30,3	26,3	32,2	37,4	35,9
Cv (%)	15,4	23,9	11,3	15,9	20,5	13,1	14,1	11,3	12,8	21,8	21,8	17,2	-

Médias seguidas de mesma letra, nas colunas, não diferem entre si pelo método de agrupamento Scott-Knott a 5% de probabilidade

QUADRO 6. Desempenho dos genótipos por ambientes para o caráter número médio de sementes por vagem (SEM)

Genótipos	Ambientes												Média
	E A	E B	E C	E D	E E	E F	E G	E H	E I	E J	E K	E L	
Rudá	4,9 a	5,7 a	5,5 b	4,9 a	4,9 a	4,2 b	5,6 a	4,7 c	4,6 a	3,9 b	5,4 a	5,9 a	5,0 b
Aporé	5,0 a	5,1 b	5,5 b	5,1 a	4,7 a	3,2 b	5,7 a	4,7 c	4,5 a	5,0 a	5,3 a	5,3 b	4,9 b
Xamego	5,4 a	5,8 a	5,9 a	5,5 a	5,3 a	3,9 b	5,6 a	5,7 a	4,9 a	4,2 b	5,8 a	6,2 a	5,4 a
Pérola	4,4 b	4,3 c	5,2 c	4,4 b	4,0 b	2,7 b	5,0 b	4,5 c	3,8 a	3,5 b	5,3 a	5,2 b	4,4 d
O. Negro	4,8 a	4,9 b	5,1 c	4,9 a	4,1 b	3,8 b	5,2 b	4,2 c	4,1 a	3,4 b	5,5 a	4,8 b	4,6 c
D. Negro	4,3 b	5,0 b	5,0 c	4,2 b	3,9 b	3,7 b	5,7 a	5,8 a	4,7 a	3,9 b	5,2 a	5,9 a	4,8 b
IAPAR 14	4,4 b	4,0 c	4,2 d	4,5 b	3,6 c	3,6 b	4,7 b	4,4 c	4,2 a	5,2 a	4,2 a	4,7 b	4,3 d
EMGOPA	5,2 a	5,3 b	5,5 b	5,6 a	4,3 b	4,0 b	5,0 b	4,6 c	4,3 a	3,9 b	5,3 a	5,6 a	4,9 b
Carioca Eté	5,2 a	4,2 c	4,8 c	5,1 a	3,7 c	3,7 b	5,7 a	4,0 c	4,2 a	3,5 b	4,9 a	5,0 b	4,5 c
Bambuí	5,1 a	5,1 b	4,9 c	4,7 b	3,3 c	4,4 a	5,3 a	5,0 b	5,1 a	3,9 b	5,0 a	5,8 a	4,8 b
CNF 4999	5,5 a	5,8 a	5,5 b	5,3 a	3,3 c	5,3 a	4,5 b	5,0 b	4,7 a	3,2 b	5,3 a	6,1 a	5,0 b
CNF 4129	4,9 a	6,2 a	6,1 a	4,6 b	4,0 b	4,1 b	5,6 a	5,4 a	4,5 a	3,2 b	4,8 a	5,6 a	4,9 b
CNFv 8025	4,4 b	6,0 a	6,5 a	4,2 b	4,2 b	5,1 a	5,5 a	4,5 c	4,7 a	4,0 b	5,6 a	6,3 a	5,1 b
Média	4,9	5,2	5,4	4,8	4,1	4,0	5,3	4,8	4,4	3,9	5,2	5,6	4,8
CV (%)	7,2	7,2	6,9	6,8	10,0	13,4	7,4	8,0	9,5	11,7	9,5	7,7	-

Médias seguidas de mesma letra, nas colunas, não diferem entre si pelo método de agrupamento de Scott-Knott a 5% de probabilidade

QUADRO 7. Desempenho dos genótipos por ambientes para o caráter massa de 100 sementes (MCS)\*

Genótipos	Ambientes												Média
	E A	E B	E C	E D	E E	E F	E G	E H	E I	E J	E K	E L	
Rudá	23,5 c	21,3 c	18,9 c	23,5 a	24,1 c	24,7 b	18,3 c	21,4 f	24,2 b	23,6 c	23,2 g	25,1 c	22,7 c
Aporé	26,5 a	24,1 b	23,2 b	26,8 a	26,2 a	28,1 a	21,8 c	28,6 a	27,4 a	28,9 a	31,0 b	29,0 a	26,8 a
Xamego	15,6 g	14,8 f	17,9 d	16,0 g	17,5 e	21,3 c	18,9 e	19,0 g	18,5 d	19,6 f	22,3 h	21,1 e	18,5 f
Pérola	25,1 b	26,0 a	24,7 a	25,1 b	25,8 a	28,6 a	24,5 a	25,5 b	27,3 a	27,6 b	32,5 a	30,1 a	26,9 a
O. Negro	23,8 d	21,8 c	24,7 a	23,6 c	23,2 b	28,3 a	23,1 b	23,7 d	24,2 b	23,3 c	27,6 e	30,0 a	24,8 b
D. Negro	20,8 d	18,5 d	22,9 b	21,2 d	20,1 c	26,5 b	19,2 e	22,8 e	22,4 c	23,9 d	28,6 d	28,4 b	22,9 c
IAPAR 14	22,8 c	19,0 d	24,3 a	23,1 c	19,3 d	25,0 b	20,4 d	23,8 d	26,4 a	23,2 c	27,3 e	27,3 b	23,5 c
EMGOPA	19,7 e	19,5 d	19,5 c	19,7 e	19,6 d	22,4 c	18,6 e	22,0 f	22,8 c	21,4 e	28,5 d	25,7 c	21,6 d
Carioca Eté	25,0 b	20,9 c	20,9 c	25,1 b	20,3 c	24,1 b	20,4 d	23,6 d	23,9 b	23,9 c	30,0 c	24,9 c	23,6 c
Bambuí	21,6 d	19,5 d	20,4 c	21,4 d	19,6 d	25,4 b	24,0 a	24,7 c	22,9 c	24,6 d	27,5 e	26,9 b	23,2 c
CNF 4999	15,2 g	16,8 e	15,8 e	16,2 g	16,6 e	18,4 d	13,8 f	17,6 h	19,5 d	17,4 g	18,4 i	20,3 e	17,2 g
CNF 4129	15,4 g	19,4 d	17,7 d	15,8 g	18,0 e	22,3 c	18,8 e	22,8 e	22,2 c	20,5 e	25,3 f	23,7 d	20,2 e
CNFv 8025	17,0 f	19,3 d	15,2 e	18,3 f	19,2 d	21,1 c	17,5 e	21,7 f	22,0 c	21,1 e	26,9 e	23,5 d	20,2 e
Média	20,1	20,1	20,5	21,2	20,7	24,3	19,9	22,9	23,4	23,0	26,9	25,8	22,4
CV (%)	3,9	4,3	3,3	2,5	3,3	4,6	3,8	2,1	4,0	2,3	1,7	3,6	-

(\*) em g.

Médias seguidas de mesma letra nas colunas não diferem entre si pelo método de agrupamento de Scott-Knott a 5% de probabilidade

A média geral para o caráter “MCS” foi de 22,4 g sendo os genótipos Aporé e Pérola os de maiores massa (26,8 g) e os genótipos CNFv 8025 e CNF 4129 A 54 os de menores massa, ambos com 20,2 g para 100 sementes. O ambiente EK foi o que apresentou a maior média para o caráter “MCS” (26,9g) e o ambiente EG a menor (19,9). Considerando-se apenas a magnitude dos valores médios obtidos (Quadros 5,6 e 7) o coeficiente de variação para os componentes primários da produção, com poucos valores acima de 15%, indica boa precisão experimental, segundo a classificação de Pimentel-Gomes (1990). As médias obtidas para os componentes primários da produção, com exceção do caráter “MCS”, divergiram acentuadamente das obtidas por Pereira Filho et al. (1987), em Patos de Minas (MG), avaliando progênies de feijoeiro. Os autores encontraram as seguintes médias para esses caracteres: 8,4 vagens/planta; 4,3 sementes por vagem e 20,7 g a massa de 100 sementes.

De um modo geral os genótipos tiveram comportamento bastante inconstante para os caracteres componentes primário da produção (VAG, SEM e MCS), com acentuada variação das médias de um ambiente para o outro, sugerindo a presença da interação GxE. Análise de adaptação e estabilidade para componentes primários da produção, em feijoeiro, foi realizada por Santos et al (1982) e em feijão-vagem, por Peixoto et al (2002). Em ambos os trabalhos empregaram-se a metodologia proposta por Eberhart e Russell (1966) tendo os autores observado que, de um modo geral, a produção de grãos e os seus componentes primários respondem de maneira independente às variações ambientais.

No Quadro 8 encontram-se os dados relativos ao desempenho geral e o desempenho por ambientes dos genótipos para o caráter produtividade de grãos (PRD). Observa-se, que no geral, e em todos os ambientes, as médias diferiram estatisticamente ( $p < 0,05$ ) permitindo inferir sobre a presença de variabilidade genética para essa característica na população avaliada.

A amplitude para o caráter variou de 458,7 kg ha<sup>-1</sup>, para o genótipo CNF 7531 Bambuí, no ambiente EA, a 3284,6 kg ha<sup>-1</sup> para o genótipo CNFv 8025, no ambiente EL, com média geral de 1890,00 kg ha<sup>-1</sup> de grãos de feijão (Quadro 8). De modo geral verifica-se a inconstância dos genótipos nos ambientes que, em decorrência das variações climáticas, de ano para ano, podem ser caracterizados como diferentes. As diferentes respostas dos genótipos sugerem a presença da interação Gx E.

Os genótipos cujos desempenhos estiveram acima da média podem ser reunidos em dois grupos sugerindo diferentes comportamentos de adaptação e

QUADRO 8. Desempenho dos genótipos por ambientes para o caráter produtividade de grãos (PRD)\*

Genótipos	Ambientes – E					
	E A	E B	E C	E D	E E	E F
Rudá	1542,7 c	2370,7 a	1980,4 d	2141,8 c	2438,1 a	2586,4 b
Aporé	2767,9 a	1840,7 e	2460,7 c	2494,1 b	2347,3 a	2582,4 b
Xamego	2084,6 b	1807,1 f	2308,7 c	2136,3 c	2532,5 a	2450,4 b
Pérola	1434,8 c	1183,6 j	1770,7 d	1845,7 c	2296,3 a	1891,9 c
Ouro Negro	1960,3 b	902,4 l	3250,8 a	1924,7 c	2014,0 b	3098,2 a
Diamante Negro	1451,7 c	1225,8 i	2006,2 d	1696,8 c	2179,5 b	2340,8 b
IAPAR 14	1618,0 c	1152,9 k	2390,0 c	1923,1 c	1157,9 d	1832,0 c
EMGOPA-201	2864,4 a	2008,4 c	2909,9 b	3073,6 a	2499,9 a	2586,8 b
IAC Carioca Ete	2242,3 b	1321,4 h	1345,2 e	1969,9 c	1363,6 c	2319,2 b
BambuÍ	458,7 f	827,3 m	1661,6 d	775,9 e	996,9 d	2156,5 c
CNF 4999	1201,1 d	2060,7 b	1863,3 d	1357,4 d	1580,2 c	2569,6 b
CNF 4129 A 54	578,8 f	1612,7 g	1732,9 d	1044,6 e	1015,6 d	1495,2 d
CNFv 8025	817,9 e	1941,2 d	2575,5 c	1451,5 d	1341,6 c	2533,6 b
Média	1617,2	1558,1	2173,5	1833,6	1827,9	2341,8
CV (%)	8,9	8,3	7,2	10,8	8,52	10,0

\*: em kg. ha<sup>-1</sup>

Médias seguidas pela mesma letra, nas colunas, são estatisticamente iguais pelo método de agrupamento de Scott–knott a 5% de probabilidade.

“... continua...”

“QUADRO 8. Continuação”

Genótipos	Ambiente						Média
	E G	E H	E I	E J	E K	E L	
Rudá	2081,3 b*	2108,9 c	2187,5 a	1299,8 c	2223,3 a	3174,8 a	2178,0 a
Aporé	2521,2 a	1887,0 c	1968,8 a	1900,0 b	2051,6 a	2872,1 a	2307,8 a
Xamego	2507,6 a	1999,2 c	1576,8 b	1378,5 c	1268,4 b	2396,0 b	2037,2 b
Pérola	1852,9 b	2012,9 c	1439,4 b	731,5 e	2017,8 a	2084,2 b	1713,5 c
Ouro Negro	2475,4 a	2238,1 c	1348,6 b	810,5 d	1488,3 b	2051,9 b	1963,6 b
Diam. Negro	1970,3 b	2187,1 c	1767,8 a	935,5 d	1081,1 b	2146,6 b	1749,1 c
IAPAR 14	1867,9 b	2901,1 a	1681,5 b	2413,6 a	1298,2 b	2167,6 b	1867,0 c
EMGOPA-201	2571,8 a	2810,1 a	1436,4 b	1030,8 d	1428,6 b	2446,7 b	2305,6 a
IAC Carioca Ete	1973,3 b	1920,2 c	1546,2 b	1436,7 c	1581,9 b	1725,5 b	1728,8 c
Bambuí	1894,0 b	3020,6 a	2172,3 a	630,0 e	1983,5 a	2972,3 a	1629,1 c
CNF 4999	2006,1 b	2750,6 a	1770,0 a	532,5 e	1106,5 b	2360,3 b	1763,2 c
CNF 4129 A 54	1204,0 c	1855,6 c	1283,7 b	598,3 e	848,8 b	3084,3 a	1362,9 d
CNFv 8025	1984,9 b	2482,0 b	1962,3 a	1275,4 c	1926,1 a	3284,6 a	1964,7 b
Média	2070,1	2321,0	1703,2	1151,7	1561,9	2520,5	1890,0
CV (%)	11,8	8,0	15,1	15,8	19,6	10,2	-

(\*) em kg ha<sup>-1</sup>

Médias seguidas pela mesma letra, nas colunas, são estatisticamente iguais pelo método de agrupamento de Scott-knott a 5% de probabilidade

estabilidade. No primeiro grupo estão os materiais que, de certa forma, mantiveram desempenho superior em todos os ambientes sugerindo ampla adaptação, são eles as cultivares Aporé e Rudá, ambas pertencentes ao grupo comercial carioca, cultivadas em diversas regiões produtoras do Brasil. No segundo grupo estão os genótipos que, embora com média geral elevada, tiveram desempenho inconstante nos ambientes sugerindo baixa adaptação a ambientes específicos, são eles: a cultivar EMGOPA-201-Ouro, Xamego, Ouro Negro e CNFv 8025.

Uma possível explicação da performance irregular da cultivar EMGOPA 201-Ouro, contrariando resultados de outros trabalhos (PEREIRA et al., 1987; ABREU et al., 1992) é dada por Gusmán et al. (1994). O autor menciona que linhagens introduzidas, como é o caso da EMGOPA-201- Ouro, se destacam nas primeiras gerações, porém com os cultivos sucessivos, em presença de patógenos, não mantêm o potencial produtivo, fato, contudo, não verificado para a cultivar Rudá, igualmente introduzida (ZIMERMANN et al., 1996).

Bons desempenhos (não diferindo estatisticamente da média) foram obtidos pelas cultivares IAPAR 14 (1867,0 kg ha<sup>-1</sup>); Diamante Negro (1749,1kg ha<sup>-1</sup>), IAC Carioca Eté (1728,8 kg.ha<sup>-1</sup>) e Pérola (1713,5 kg ha<sup>-1</sup>), cujas produtividades de grãos estão acima da produtividade média do Estado.

A linhagem CNF 4999–Rio Tibagi, embora com média geral considerada satisfatória (1763,2 kg ha<sup>-1</sup>), foi a de comportamento mais inconstante com oscilações na produtividade de grãos bastante acentuada de um ambiente para o outro. Considerando-se apenas a magnitude dos valores médios encontrados a maior média de produtividade de grãos foi obtida no ambiente EL (2520,0 kg ha<sup>-1</sup>) e a menor no ambiente EJ (1151,7 kg ha<sup>-1</sup>) (Quadro 8).

A maioria dos coeficientes de variação ambiental esteve abaixo de 20% o que indica boa precisão no controle das causas de variação de ordem sistemática dos ambientes experimentais para a produtividade de grãos (PIMENTEL-GOMES, 1990) caráter quantitativo muito influenciado pelo ambiente.

Os resultados das análises de variância por ambientes, para os caracteres, se encontram no Quadro 9. Foram observados efeitos altamente significativos de genótipos, pelo teste F, ( $p < 0,01$ ), praticamente em todos os ambientes e para todos os caracteres, exceções feitas ao caráter “SEM” cujos efeitos foram não significativos nos ambientes EI e EK, para o caráter “PRD” cujos efeitos foram significativos a 5% ( $p < 0,05$ ) no ambiente EI e para o caráter “VAG” com significância a 5% ( $p < 0,05$ ) no ambiente

QUADRO 9. Resumo das análises de variância para os ambientes individuais

F. Variação	E A				E B			
	Quadrado Médio				Quadrado Médio			
	VAG	SEM	MCS	PRD	VAG	SEM	MCS	PRD
Bloco	34,63	0,26	0,75	31491,04	85,77	0,93	1,65	14981,7
Genótipo	289,27**	0,49**	52,42**	1726092,21**	294,77**	1,51**	25,10**	710819,67**
Resíduo	21,99	0,12	0,64	20991,24	53,16	0,14	0,73	16718,76
Média	30,53	4,88	20,1	1617,24	30,10	5,17	20,05	1558,75
C.V.(%)	15,36	7,17	3,94	8,96	23,98	7,23	4,25	8,29

VAG: número médio de vagem/planta; SEM: número médio de sementes/vagem; MCS: massa de 100 sementes (g); PRD: produtividade de grãos (kg ha<sup>-1</sup>)

ns: não significativo a 5% de probabilidade; (\*\*): significativo a 1%; (\*): significativo a 5%

“...Continua...”

QUADRO 9. “Continuação...”

F. Variação	E C				E D			
	Quadrado Médio				Quadrado Médio			
	VAG	SEM	MCS	PRD	VAG	SEM	MCS	PRD
Bloco	32,89	0,18	1,00	40986,98	1,20	0,09	0,21	2024,84
Genótipo	224,91**	1,09**	32,43**	869525,44**	342,44**	0,64**	41,90**	1082033,62**
Resíduo	21,23	0,14	0,45	24651,80	30,62	0,11	0,28	39566,67
Média	40,84	5,37	20,55	2173,53	34,99	4,84	21,21	1833,64
C.V.(%)	11,28	6,83	3,27	7,22	15,87	6,80	2,51	10,84

VAG: número médio de vagem/planta; SEM: número médio de sementes/vagem; MCS: massa de 100 sementes (g); PRD: produtividade de grãos (kg ha<sup>-1</sup>)

ns: não significativo a 5% de probabilidade; (\*\*): significativo a 1%; (\*): significativo a 5%

“...Continua...”

QUADRO 9. “Continuação”

	E E				E F			
	Quadrado Médio				Quadrado Médio			
	VAG	SEM	MCS	PRD	VAG	SEM	MCS	PRD
Bloco	5,56	0,003	0,37	22109,68	42,13	0,13	0,37	9300,81
Genótipo	208,10**	1,06**	25,97**	1099789,58**	123,47*	1,45**	29,47**	516051,22**
Resíduo	65,15	0,17	0,47	24955,50	41,37	0,29	1,23	55068,68
Média	39,30	4,10	20,65	1827,90	49,2	3,98	24,31	2341,79
C.V.(%)	20,54	9,95	3,3	8,52	13,07	13,44	4,57	10,02

VAG: número médio de vagem/planta; SEM: número médio de sementes/vagem; MCS: massa de 100 sementes (g); PRD: produtividade de grãos (kg ha<sup>-1</sup>)

ns: não significativo a 5% de probabilidade; (\*\*): significativo a 1%; (\*): significativo a 5%

“...Continua...”

QUADRO 9. “Continuação...”

F. Variação	E G				E H			
	Quadrado Médio				Quadrado Médio			
	VAG	SEM	MCS	PRD	VAG	SEM	MCS	PRD
Bloco	6,92	0,02	0,34	26142,44	14,83	0,16	0,897	74146,30
Genótipo	251,59**	0,49**	25,55**	427720,07**	207,10**	0,89**	22,97**	527845,06**
Resíduo	32,38	0,16	0,58	60065,28	19,01	0,14	0,21	34074,46
Média	40,44	5,31	19,94	2070,05	38,54	4,81	22,86	2321,00
C.V.(%)	14,07	7,43	3,83	11,84	11,31	8,00	2,07	8,00

VAG: número médio de vagem/planta; SEM: número médio de sementes/vagem; MCS: massa de 100 sementes (g); PRD: produtividade de grãos (kg ha<sup>-1</sup>)

ns: não significativo a 5% de probabilidade; (\*\*): significativo a 1%; (\*): significativo a 5%

QUADRO 9. “Continuação

F. Variação	E I				E J			
	VAG	SEM	MCS	PRD	VAG	SEM	MCS	PRD
Bloco	40,53	0,49	2,09	227146,20	123,71	0,02	0,014	9742,30
Genótipo	202,58**	0,39 <sup>ns</sup>	21,51**	268961,08*	279,3**	1,05**	28,25**	970057,12**
Resíduo	15,08	0,18	0,87	66004,98	32,63	0,21	0,27	29828,40
Média	30,28	4,44	23,36	1703,20	26,27	3,92	22,99	1151,70
C.V.(%)	12,80	9,48	4,00	15,09	21,78	11,7	2,30	14,91

VAG: número médio de vagem/planta; SEM: número médio de sementes/vagem; MCS: massa de 100 sementes (g); PRD: produtividade de grãos (kg ha<sup>-1</sup>)

ns: não significativo a 5% de probabilidade pelo teste F; (\*\*): significativo a 1%; (\*): significativo a 5%

“...Continua...”

QUADRO 9. “Continuação...”

	E K				E L			
	VAG	SEM	MCS	PRD	VAG	SEM	MCS	PRD
Bloco	152,76	0,08	0,24	40136,56	33,98	0,12	0,22	128841,09
Genótipo	228,24**	0,48 <sup>ns</sup>	43,32**	583816,54**	127,55**	0,86**	30,05**	706359,60**
Resíduo	75,80	0,24	0,22	93539,07	41,54	0,18	0,88	66405,02
Média	32,22	5,18	26,86	1561,89	37,38	5,56	25,85	2520,50
C.V.(%)	27,02	9,51	1,7	19,57	17,24	7,72	3,63	10,17

VAG: número médio de vagem/planta; SEM: número médio de sementes/vagem; MCS: massa de 100 sementes (g); PRD: produtividade de grãos (kg ha<sup>-1</sup>)

ns: não significativo a 5% de probabilidade; (\*\*): significativo a 1%; (\*): significativo a 5%

EK. Tal fato indica a presença de ampla variabilidade genética para os caracteres na população em estudo.

A comparação entre as variâncias residuais (QMRs) das análises individuais (Quadro 10) demonstrou que a maior razão entre o maior e o menor quadrado médio residual dos ambientes, para os caracteres, foi de 5,85 para o caráter “MCS” e inferior, portanto, ao valor sete (7) sugerido por Pimentel-Gomes (1990) indicando homogeneidade das variâncias residuais entre os ambientes e possibilitando a realização da análise de variância conjunta.

Os resultados da análise de variância conjunta dos 12 ambientes, para todos os caracteres, são apresentados no Quadro 11. Os efeitos principais de genótipos, de ambientes e da interação GxE foram todos significativos ( $p < 0,01$ ). A significância deste último efeito indica a ocorrência de um comportamento diferencial dos genótipos nos ambientes estudados para todos os caracteres avaliados e a conveniência de proceder à análise da adaptabilidade e estabilidade fenotípica.

#### **4.1 Análise de estabilidade pelo método de Wricke (1965)**

As estimativas do parâmetro de estabilidade fenotípica obtidas pela metodologia proposta por Wricke, denominado de ecovalência ( $\sigma_I$ ), para os caracteres “VAG”, “SEM”, “MCS” e “PRD” encontram-se no Quadro 12. Segundo esta metodologia o material genético mais estável é o que apresenta menor estimativa para a ecovalência, ou seja, o genótipo com menor contribuição para a interação GxE. Os resultados da análise da estabilidade dos genótipos para os componentes primários da produção (VAG, SEM e MCS) permite afirmar que um mesmo genótipo apresenta comportamento distinto para esses caracteres. O genótipo Diamante Negro foi o mais estável para o caráter “VAG” e um dos menos estáveis para o caráter “SEM”, ocupando a décima posição.

Fatos semelhantes são verificados para o genótipo Rudá para o caráter “VAG” (segunda posição) e o caráter “MCS” (11<sup>a</sup>), para o genótipo EMGOPA 201-Ouro com relação aos caracteres “SEM” (segunda posição) e “VAG” (13<sup>a</sup>) e para o genótipo CNF 4999-Rio Tibagi que obteve a terceira posição para o caráter “MCS” e a 12<sup>a</sup> para o caráter “SEM”, numa ordenação decrescente de estabilidade.

QUADRO 10. Análise da homogeneidade das variâncias dos erros

Caracteres	QMRs Ambientes					
	E A	E B	E C	E D	E F	E F
VAG	21,99	53,16	21,23	30,62	65,15	41,37
SEM	0,12	0,14	0,14	0,11	0,17	0,29
MCS	0,64	0,73	0,45	0,28	0,47	1,23
PRD	20991,24	16718,76	24651,80	39566,67	24955,50	55068,68

VAG: número de vagens por planta; SEM : número de grãos/vagem; MCS: massa de 100 sementes; PRD: produtividade de grãos ( $\text{kg ha}^{-1}$ ); QMRs: Quadrado Médio dos resíduos.

“... Continua...”

QUADRO 10. “Continuação”

Caracteres	QMRs Ambientes						$\frac{s^2 \text{ max}}{s^2 \text{ min}}$
	E G	E H	E I	E J	E K	E L	
VAG	32,38	19,01	15,08	32,63	75,80	41,54	5,02
SEM	0,16	0,14	0,18	0,21	0,24	0,18	2,63
MCS	0,58	0,21	0,87	0,27	0,22	0,88	5,85
PRD	60065,28	34074,46	66004,97	29828,40	93539,07	66405,02	5,59

VAG: número de vagens por planta; SEM : número de grãos/vagem; MCS: massa de 100 sementes; PRD: produtividade de grãos ( $\text{kg ha}^{-1}$ ); QMRs: Quadrado Médio dos Resíduos.

QUADRO 11. Resumo da análise de variância conjunta dos 13 genótipos nos 12 ambientes para os quatro caracteres

F. Variação	G L	Quadrado		Médio	
		VAG	SEM	MCS	PRD
Blocos/Ambientes	24	47,875	0,137	0,774	57435,7222
Blocos	2	44,966	0,163	0,426	105922,722
Blocos x Amb	22	48,139	0,148	0,806	53027,648
Genótipos (G)	11	679,788**	3,284**	293,973**	2724265,054**
Ambientes (A)	12	6,713**	12,026**	216,568**	6365104,370**
GxA	132	5,086**	0,648**	7,721**	606890,429**
Resíduo	288	37,515	0,173	0,570	44774,838
Total	467	-	-	-	-
Média	-	35,861	4,804	22,375	1890,045
Cv (%)	-	17,079	8,675	3,376	11,189

VAG: número médio de vagens/planta; SEM: número médio de sementes/vagem; MCS: massa de 100 sementes; PRD: produtividade de grãos em Kg ka<sup>-1</sup>

(\*\*): significativo a 1% de probabilidade pelo teste F

A análise individual desses caracteres mostra uma grande variação entre as estimativas de ecovalência de um genótipo para outro. Para o caráter “VAG” as estimativas, em percentagem, variaram de 2,67 para o genótipo Diamante Negro, o mais estável, a 24,13 para cultivar EMGOPA 201-Ouro, a mais instável, podendo os genótipos, em função da magnitude desses valores, serem classificados nos grupos: (a) – estáveis: Diamante Negro, Pérola, Ouro Negro e CNF 4129 A 54, Rudá, Aporé, IAC Carioca Eté, Xamego, CNF 4999 Rio Tibagi e IAPAR 14; (b) – intermediários: a) – CNFv 8025 e CNF 7135 Bambuí e; (c) – instáveis: EMGOPA 201- Ouro.

Para o caráter “SEM” a amplitude de variação das estimativas percentuais de ecovalência foi de 3,35, para cultivar Rudá, a 27,19 para a linhagem CNFv 8025, a de menor estabilidade para este caráter. Adotando o mesmo critério de classificação usado para o caráter “VAG” os grupos formados são: (a) – estáveis: Rudá, EMGOPA 201-Ouro, Xamego, Ouro Negro, Aporé, CNF 7135 Bambuí, Pérola, Diamante Negro, CNF 4129 A 54, IAPAR 14 e IAC Carioca Eté; (b) – CNF 4999 Rio Tibagi e; (c) – instáveis: CNFv 8025.

QUADRO 12. Estimativa do parâmetro de estabilidade obtida pelo método Wricke ( $a$ ) para 13 genótipos de feijão cultivados em 12 ambientes no Estado de Mato Grosso do Sul.

Genótipo	VAG			SEM			MCS			PRD		
	Média	$a_i$	$a_i$ (%)	Média	$a_i$	$a_i$ (%)	Média	$a_i$	$a_i$ (%)	Média	$a_i$	$a_i$ (%)
Rudá	36,8 b	1131,05	4,39	5,0 b	2,80	3,35	22,7 c	119,42	10,28	2178,0 a	4345687,46	5,65
Aporé	36,0 b	1384,34	5,33	4,9 b	3,89	4,65	26,8 a	67,26	5,79	2307,8 a	4356229,97	5,66
Xamego	40,4 a	1578,69	6,08	5,4 a	3,12	3,73	18,5 f	48,81	4,20	2037,2 b	3373789,39	4,39
Pérola	29,8 c	794,46	3,06	4,4 d	4,36	5,21	26,9 a	24,45	2,10	1713,5 c	3388884,49	4,41
O. Negro	35,8 b	935,31	3,60	4,6 c	3,18	3,80	24,8 b	79,59	6,86	1963,6 b	7817096,20	10,16
D. Negro	34,2 b	693,23	2,67	4,8 b	6,42	7,68	22,9 c	73,69	6,34	1749,1 c	1573458,46	2,05
IAPAR 14	38,9 a	2295,19	8,84	4,3 d	5,70	6,81	23,5 c	80,48	6,93	1867,0 c	5923379,13	7,70
EMGOPA	41,8 a	6260,84	24,13	4,9 b	2,97	3,55	21,6 d	114,40	9,85	2305,6 a	8759057,56	11,39
Carioca Eté	36,7 b	1436,42	5,53	4,5 c	6,76	8,08	23,6 c	70,72	6,10	1728,8 c	5590292,08	7,27
Bambuí	31,5 c	3657,55	14,10	4,8 b	3,93	4,70	23,2 c	152,08	13,09	1629,1 c	13204878,99	17,17
CNF 4999	38,3 a	1678,10	6,47	5,0 b	12,17	14,53	17,2 g	62,12	5,35	1763,2 c	3663221,24	4,76
CNF 4129	27,5 c	998,57	3,85	4,9 b	5,62	6,72	20,2 e	73,80	6,35	1362,9 d	6503181,49	8,45
CNFv 8025	38,3 a	3102,58	11,95	5,1 b	22,77	27,19	20,2 e	194,66	16,76	1964,7 b	8418657,41	10,94
Média	35,9	-	-	4,8	-	-	22,4	-	-	1890,0	-	-
Total	-	25946,58	100,00	-	83,76	100,00	-	1161,52	100,00	-	76917813,88	100,00

VAG: número médio de vagens/planta; SEM: número médio de sementes/planta; MCS: massa de 100 sementes (g); PRD: produtividade de grãos em kg ha<sup>-1</sup>  
Médias seguidas de mesma letra nas colunas não diferem entre si a 5% de probabilidade

O caráter “MCS” foi o que apresentou menor amplitude da variação nas estimativas de ecovalência. O genótipo mais estável foi o Pérola com  $a_i\%$  de 2,10 e o menos estável o CNFv 8025 com estimativa de 16,76% . De acordo com a magnitude dos valores obtidos de ecovalência os genótipos: Pérola, Xamego, CNF4999 Rio Tibagi, Aporé, Diamante Negro, CNF 4129 A 54, IAC Carioca Eté e Ouro Negro podem ser considerados como de alta estabilidade, os genótipos: IAPAR 14, EMGOPA 201 Ouro e Rudá de estabilidade intermediária e os genótipos: CNF 7135 Bambuí e CNFv 8025, de baixa estabilidade para o caráter “MCS” (Quadro 12). Adotou-se como critério na classificação dos genótipos a divisão da magnitude do parâmetro ecovalência em três partes iguais, correspondentes à alta; média e baixa estabilidade fenotípica.

Consistência no comportamento, para os componentes primários da produção, pode ser observado para o genótipo CNFv 8025 que mostrou instabilidade para os caracteres “VAG” ( 11ª posição), “SEM” ( 13ª posição) e “MCS” (13ª posição).

A análise de estabilidade para o caráter “PRD” (Quadro 12) indica o genótipo Diamante Negro como o mais estável ( $a_i\% = 2,05$ ) e a linhagem CNF 7135 Bambuí como o menos estável ( $a_i\% = 17,17$ ). De um modo geral, observa-se que os genótipos mais bem classificados quanto à estabilidade, exceção à cultivar Xamego, estão entre aqueles com mais baixa produtividade de grãos, como, por exemplo, a cultivar Diamante Negro que sendo o genótipo mais estável apresenta-se com a nona produção de grãos ( $1741,1 \text{ kg ha}^{-1}$ ); a cultivar Pérola que sendo o terceiro mais estável apresenta-se apenas como 11º mais produtivo ( $1713,0 \text{ kg ha}^{-1}$ ) e a linhagem CNF 4999 Rio Tibagi, a quarta entre os genótipos mais estáveis e a oitava mais produtiva, com produtividade de grãos de  $1763,2 \text{ kg ha}^{-1}$ , abaixo, portanto, da média geral, quando se considera apenas a magnitude desse valor.

Tais fatos corroboram a afirmação de Cruz et al. (2004) de que nos métodos de estimação de análise de estabilidade baseados na análise de variância os genótipos que apresentam as menores variações entre ambientes, portanto, os mais estáveis, em geral, são também os menos produtivos, razão pelas quais esses métodos têm sido pouco empregados pelos melhoristas.

Segundo Easton e Clements (1973) o método de Wricke (1965) possui a desvantagem de considerar instável a cultivar que responde acentuadamente à melhoria do ambiente, fato que pode ser observado para cultivar EMGOPA-201 Ouro que,

embora sendo a segunda mais produtiva ( $2306,6 \text{ kg ha}^{-1}$ ) ocupa a 12ª posição numa ordem decrescente de estabilidade.

Os genótipos mais estáveis, numa ordenação decrescente, foram: Diamante Negro, Xamego, Pérola, CNF 4999-Rio Tibagi, Rudá e Aporé. Desses somente as cultivares Xamego, Aporé e Rudá aliam boa estabilidade a alta produtividade de grãos, sendo considerados como genótipos ideais por essa metodologia. Os mais instáveis foram: CNF 7135 Bambuí, EMGOPA 201-Ouro e Ouro Negro. Do grupo considerado como intermediário ( IAC Carioca Eté, IAPAR 14 e CNF 4129 A 54) a cultivar IAPAR 14, com produtividade de média a alta ( $1867,0 \text{ kg ha}^{-1}$ ), aproxima-se da cultivar ideal (alta estabilidade e alta produtividade de grãos) podendo ser recomendadas para cultivos nas regiões de Aquidauana e de Dourados juntamente com as cultivares Xamego, Aporé e Rudá.

De maneira geral o método permitiu identificar os seguintes grupos de genótipos: (a) – com boa produtividade de grãos e boa estabilidade: Xamego, Aporé e Rudá; (b) – com boa produtividade de grãos e estabilidade intermediária: IAPAR 14; (c) – com boa produtividade de grãos e alta instabilidade: EMGOPA 201-Ouro, CNFv 8025 e Ouro Negro; (d) – com média produtividade de grãos e alta estabilidade: CNF 499-Rio Tibagi ; (e) – baixa produtividade de grãos e alta estabilidade: Diamante Negro e Pérola; (f) – baixa produtividade de grãos e média estabilidade: IAC Carioca Eté e; (g): baixa produtividade e alta instabilidade: CNF 7135 Bambuí e CNF 4129 A 45.

Estimativas reduzidas de “ $\alpha_i$ ”, para o caráter produtividade de grãos, associadas a produtividade pouco satisfatória, foram obtidas por Elias et al. (2005) para as cultivares Diamante Negro e IAC Carioca Eté corroborando, de certa forma, os resultados encontrados neste trabalho. Miranda et al. (1977) trabalhando com a metodologia de Wricke (1965), classificaram a cultivar Ouro Negro como sendo de alta estabilidade e alta produção, divergindo dos resultados obtidos neste trabalho.

Quando se analisa o comportamento dos genótipos quanto à produtividade de grãos e aos componentes primários da produção, se observa que em alguns casos os genótipos mais estáveis para a produtividade de grãos também o foram para um ou mais dos componentes primários da produção, como é o caso da cultivar Pérola (terceiro mais estável para o caráter “PRD” , o primeiro para o caráter “MCS” e o segundo para o caráter “VAG”), a cultivar Diamante Negro (o primeiro mais estável para o caracteres

“PRD” e “VAG”) e a cultivar Xamego (segundo mais estável para o caracteres “PRD” e “MCS” e o terceiro para o caráter “SEM”).

Este fato pode ser verificado também para alguns dos genótipos que mostraram baixa estabilidade para o caráter “PRD”, como o ENGOPA-201 Ouro (12° para o caráter “PROD” e 12° para o caráter “VAG”) e o CNF 7135 Bambuí (13° para o caráter “PRD” e 12° para o caráter “MCS”), podendo-se concluir que, em alguns casos, a produção de grãos e alguns dos componentes primários da produção respondem de maneira dependente às variações ambientais, contudo, não foi observado nenhum caso de correlação direta positiva entre a produtividade de grãos e todos os componentes primários da produção para um mesmo genótipo.

#### **4.2 Análise de adaptabilidade e estabilidade pela metodologia de Eberhart e Russell (1966)**

No Quadro 13 encontram-se as médias dos ambientes e os índices ambientais obtidos para cada um dos caracteres estudados. A instabilidade climática, notadamente a má distribuição das chuvas, bastante comum na região de Aquidauana e a oscilação da temperatura, com mínimas abaixo de 10°C nos meses de junho e julho na região de Dourados, foram os principais fatores responsáveis pela variação do índice ambiental caracterizando os ambientes estudados como favoráveis (índices positivos) e desfavoráveis (índices negativos). Foram também os fatores ambientais determinantes na variação da produtividade de grãos uma vez que os demais componentes (solo, manejo e insumos) foram mantidos constantes em cada uma das localidades estudadas.

A análise do caráter “PRD” mostra que as condições climáticas foram bastante favoráveis ao desempenho dos genótipos nos ambientes EC, EF, EH e EL, correspondentes aos ensaios realizados em Aquidauana, na época “da seca”, respectivamente nos anos agrícolas 2000/2001, 2001/2002, 2003/2004 e 2005/06 e desfavoráveis nos ambientes EA, EB EK e E J, correspondentes aos ensaios conduzidos em Dourados, na época “da seca” (EB e EK) e na época “das águas” (EA e EJ), respectivamente, nos anos agrícolas 2000/2001 e 2005/2006.

Pode-se observar uma correlação direta e positiva entre os índices ambientais para o caráter “PRD” e para os caracteres componentes primários da produção, principalmente para o caráter “VAG”, que segundo Coelho et al. (2002) é o caráter que mais se correlaciona positivamente com a produtividade de grãos.

QUADRO 13. Estimativas de índices ambientais e médias de 12 ambientes para os caracteres avaliados

Ambientes	VAG		SEM		MCS		PRD	
	Média	I <sub>j</sub>	Média	I <sub>j</sub>	Média	I <sub>j</sub>	Média	I <sub>j</sub>
E A	30,53	5,33	4,87	0,07	20,10	2,09	1617,24	273,79
E B	30,10	5,46	5,17	0,37	20,06	2,30	1558,10	332,29
E C	40,80	4,98	5,37	0,56	20,54	1,83	2173,52	282,48
E D	34,96	0,89	4,84	0,36	21,21	1,16	1833,60	57,55
E E	39,30	3,44	4,10	0,70	20,70	1,87	1827,95	63,09
E F	49,20	13,34	3,97	0,83	24,31	1,94	2341,76	450,71
E G	40,44	4,58	5,31	0,51	19,94	2,43	2070,05	179,00
E H	38,54	2,69	4,80	0,00	22,86	0,49	2320,87	429,83
E I	30,28	5,58	4,44	0,36	23,36	0,99	1703,20	188,56
E J	26,32	9,64	4,00	0,79	23,00	0,31	1151,70	740,04
E K	32,32	3,64	5,18	0,38	26,86	4,48	1561,90	328,43
E L	37,38	1,52	5,60	0,76	25,85	3,47	2520,50	641,71

VAG: número médio de vagens/planta; SEM: número médio de sementes/vagem; MCS: massa de 100 sementes(g); PRD: produtividade de grãos em kg ha<sup>-1</sup>  
I<sub>j</sub>: índice ambiental

Nos Quadros 14 e 15 encontram-se os parâmetros que estimam a adaptabilidade e a estabilidade de cada genótipo, nos vários ambientes, de acordo com o modelo proposto por Eberhart e Russell (1966). Nesta metodologia genótipos com coeficiente de regressão igual a um ( $\beta_i=1$ ) são considerados de ampla adaptação e, neste sentido, a análise dos dados do caráter “VAG” (Quadro 14) indica que apenas os genótipos Xamego, Pérola, Diamante Negro, EMGOPA 201-Ouro e CNF4129 A 54 são de ampla adaptação para este caráter, uma vez que seus coeficientes de regressão não diferiram significativamente da unidade pelo teste “*t*”.

Para o caráter “SEM” (Quadro 14) apenas os genótipos IAPAR 14 e CNF A 54 não se mostraram de adaptação geral. O primeiro, por apresentar valor de  $\beta_i$  inferior à unidade (0,1930), é de adaptação a ambientes específicos desfavoráveis enquanto que o segundo, com  $\beta_i$  superior a um (1,4104), é de adaptação a ambientes específicos favoráveis.

Observando-se o Quadro 15 constata-se que para o caráter “MCS” os genótipos Aporé, Xamego, Pérola, Ouro Negro, IAPAR 14, EMGOPA 201-Ouro e IAC Carioca Eté se mostraram de ampla adaptação enquanto que para o caráter “PRD” apenas os genótipos Rudá, Xamego, Diamante Negro, EMGOPA 201-Ouro e CNF 4129 A 54 são de adaptação geral. Quando se analisa em conjunto os caracteres componentes primários da produção (VAG, SEM e MCS) observa-se que apenas os genótipos Pérola, Xamego e EMGOPA 201-Ouro podem ser considerados de adaptação geral. Desses, as cultivares Xamego e EMGOPA 201- Ouro foram consideradas de ampla adaptação para o caráter “PRD” o que permite inferir que os componentes primários da produção e a produtividade de grãos, para esses genótipos, comportam-se de maneira dependente face às variações ambientais para a adaptação, fato que não pode ser generalizado uma vez que o mesmo não se verificou para os demais genótipos com adaptação geral para o caráter “PRD”.

Para Eberhart e Russell (1966) genótipos com desvios de regressão iguais a zero ( $\sigma_{di}^2 = 0$ ) são considerados estáveis, ou seja, com previsibilidade de comportamento quando as condições ambientais não são alteradas. Pode-se observar no Quadro 14 que para o caráter “VAG” apenas as cultivares Ouro Negro e Diamante Negro se mostraram estáveis e para o caráter “SEM”, somente as cultivares Ouro Negro e EMGOPA 201- Ouro (Quadro 15). Para os demais caracteres avaliados (MCS e PRD).

QUADRO 14. Médias ( $\hat{\beta}_{0i}$ ), estimativas dos coeficientes de regressão ( $\hat{\beta}_{1i}$ ), desvios de regressão ( $\hat{\sigma}_{di}^2$ ) e coeficientes de determinação ( $R^2$ ), de 13 genótipos de feijão comum obtidos em 12 ambientes no Estado de Mato Grosso do Sul para os caracteres “VAG” e “SEM”

Genótipos	VAG				SEM			
	$\hat{\beta}_{0i}$	$\hat{\beta}_{1i}^{(1)}$	$\hat{\sigma}_{di}^{2(2)}$	$R^2(\%)$	$\hat{\beta}_{0i}$	$\hat{\beta}_{1i}$	$\hat{\sigma}_{di}^2$	$R^2(\%)$
Rudá	36,90 b	0,5121**	14,3472*	30,12	5,01 b	0,9975 <sup>ns</sup>	0,0182 <sup>ns</sup>	81,59
Aporé	36,08 b	0,6071*	26,3930**	29,49	4,91 b	0,8513 <sup>ns</sup>	0,1428**	55,04
Xamego	40,39 a	1,2515 <sup>ns</sup>	35,6948**	58,92	5,35 a	1,1029 <sup>ns</sup>	0,0527*	78,85
Pérola	29,83 c	0,9322 <sup>ns</sup>	12,7275*	60,32	4,37 d	1,2525 <sup>ns</sup>	0,0631*	81,47
Ouro Negro	35,82 b	1,4845**	8,6725 <sup>ns</sup>	82,12	4,56 c	0,9892 <sup>ns</sup>	0,0418 <sup>ns</sup>	76,90
Diamante Negro	34,23 b	0,8348 <sup>ns</sup>	8,2656 <sup>ns</sup>	59,69	4,77 b	1,1355 <sup>ns</sup>	0,1597**	66,78
IAPAR 14	38,93 a	0,3811**	47,0378**	9,72	4,30 d	0,1930**	0,1562**	5,57
EMGOPA-201	41,80 a	1,0624 <sup>ns</sup>	192,5348**	19,55	4,87 b	0,9945 <sup>ns</sup>	0,0286 <sup>ns</sup>	79,49
IAC Carioca Eté	36,65 b	0,4908**	24,7707**	22,19	4,48 c	0,7946 <sup>ns</sup>	0,1844**	46,91
Bambuí	31,35 c	1,4760**	102,3231**	45,58	4,48 c	1,1619 <sup>ns</sup>	0,0754*	77,45
CNF 4999	38,30 a	1,3667*	38,7255**	61,67	5,04 b	0,9347 <sup>ns</sup>	0,3476**	42,22
CNF 4129 A 54	27,45 c	1,1810 <sup>ns</sup>	20,1260**	65,36	4,91 b	1,4104**	0,1612**	75,49
CNFv 8025	38,27 a	1,4197*	59,8851**	55,13	5,07 b	1,1819 <sup>ns</sup>	0,3143**	56,00

VAG: número médio de vagens/planta; SEM: número médio de sementes/vagem.

<sup>ns</sup>: não significativo a 5% de probabilidade; <sup>\*\*</sup> significativo a 1% de probabilidade; <sup>\*</sup>: significativo a 5% de probabilidade.

<sup>(1)</sup>: significância pelo teste “t”

<sup>(2)</sup>: significância pelo teste “F”.

QUADRO 15. Médias ( $\hat{\beta}_{0i}$ ), estimativas dos coeficientes de regressão ( $\hat{\beta}_{1i}$ ) desvios de regressão ( $\hat{\sigma}_{di}^2$ ) e coeficientes de determinação ( $R^2$ ), de 13 genótipos de feijão comum obtidos em 12 ambientes no Estado de Mato Grosso do Sul para os caracteres “MCS” e “PRD”

Genótipos	MCS				PRD			
	$\hat{\beta}_{0i}$	$\hat{\beta}_{1i}^{(1)}$	$\hat{\sigma}_{di}^2^{(2)}$	$R^2(\%)$	$\hat{\beta}_{0i}$	$\hat{\beta}_{1i}$	$\hat{\sigma}_{di}^2$	$R^2(\%)$
Rudá	22,68 c	0,5594**	2,3089**	41,85	2178,00 a	0,9700 <sup>ns</sup>	128693,1146**	67,33
Aporé	26,82 a	0,9367 <sup>ns</sup>	1,7731**	71,47	2307,8 a	0,7530**	110006,19**	58,78
Xamego	18,5 f	0,8466 <sup>ns</sup>	1,0347**	75,42	2037,2 b	0,9319 <sup>ns</sup>	95113,3169**	71,24
Pérola	26,90 a	0,9573 <sup>ns</sup>	0,3602 <sup>ns</sup>	87,83	1713,5 c	0,8219*	87035,3297**	67,51
Ouro Negro	24,81 b	0,9392 <sup>ns</sup>	2,1862**	67,97	1963,6 b	1,3170**	212871,2678**	70,59
Diamante Negro	22,90 c	1,2560**	1,5983**	83,02	1749,1 c	0,9986 <sup>ns</sup>	36569,6195**	85,75
IAPAR 14	23,50 c	1,1183 <sup>ns</sup>	2,1509**	75,32	1867,0 c	0,6912**	151369,7541**	47,49
EMGOPA-201	21,60 c	1,0039 <sup>ns</sup>	3,6699**	62,59	2305,6 a	1,1278 <sup>ns</sup>	270922,3590**	58,40
IAC Carioca Eté	23,60 c	0,9714 <sup>ns</sup>	1,9088**	71,74	1728,8 c	0,6066**	121449,5076**	45,89
Bambuí	23,18 c	1,2106*	4,3452**	65,95	1629,1 c	1,3106**	393732,3771**	57,04
CNF 4999	17,18 g	0,6231**	0,728**	67,72	1763,2 c	1,1723*	96833,6740**	79,43
CNF 4129 A 54	20,23 e	1,1818*	1,8074**	79,71	1362,9 d	1,0554 <sup>ns</sup>	199921,0933**	62,04
CNFv 8025	20,02 e	1,3958**	5,0537**	69,16	1964,7 b	1,2438**	245918,8492**	65,17

MCS: massa de 100 sementes (gramas); PRD: produtividade de grãos (kg ha<sup>-1</sup>)

<sup>ns</sup>: não significativo a 5% de probabilidade; <sup>(\*\*)</sup> significativo a 1% de probabilidade; <sup>(\*)</sup>: significativo a 5% de probabilidade.

<sup>(1)</sup>: significância pelo teste “t”

<sup>(2)</sup>: significância pelo teste “F”.

Médias seguidas de mesma letra nas colunas não diferem entre si estatisticamente pelo método de agrupamento de Scott-Knott a 5% de probabilidade

todos genótipos apresentaram  $\sigma_{di}^2$  significativos pelo teste F ( $\sigma_{di}^2 \neq 0$ ), caracterizando-se como de baixa estabilidade para esses caracteres (Quadro 15).

A não previsibilidade dos genótipos, de modo geral, para todos os caracteres, também foi indicada por valores abaixo de 80% para os coeficientes de determinação ( $R^2$ ) que segundo Cruz et al. (2004) é uma medida auxiliar na avaliação da estabilidade dos genótipos quando os desvios de regressão são estatisticamente diferentes de zero. Todavia, de acordo com Lin et al. (1986), os baixos valores dos coeficientes de determinação devem ser interpretados como ajustamento inadequado dos dados à reta de regressão, indicando que o modelo não se adequou bem ao estudo genético realizado e, portanto, não explicou satisfatoriamente o comportamento dos genótipos ante as variações dos ambientes.

Oliveira et al. (2006) mencionam que alguns genótipos de feijoeiro têm apresentado respostas lineares insatisfatórias pela metodologia de Eberhart e Russell (1966) sendo necessárias outras formas de avaliação. Para Yau (1995) pelo fato do modelo de Eberhart e Russell (1966) ser um modelo aditivo ele pode não descrever satisfatoriamente o comportamento dos genótipos nos ambientes, enquanto que Crossa (1990) afirma que o método pode falhar nos casos em que ocorre grande diversidade ambiental, como no caso do presente estudo (Quadro 13).

Para o caráter “PRD” apenas a cultivar Diamante Negro teve um coeficiente de determinação acima de 80%, portanto um adequado ajustamento dos dados ao modelo, todavia, a mesma não se enquadra no genótipo ideal, segundo as concepções dos autores da metodologia pois, embora seja de ampla adaptação, a sua produtividade está abaixo da média geral e os desvios de regressão foram significativos ( $\sigma_{di}^2 \neq 0$ ). Resultado semelhante para essa cultivar quanto à estabilidade obtiveram Ribeiro et al. (2004) divergindo, contudo, a resposta quanto à adaptação uma vez que a cultivar se mostrou de adaptação específica a ambientes desfavoráveis.

#### **4.3 Estimativa de adaptabilidade e estabilidade pelo método de LIN e BINNS (1988)**

Por esta metodologia maior estabilidade estará obrigatoriamente associada à maior produtividade, fato evidenciado para todos os caracteres avaliados (Quadros 16 e 17).

QUADRO 16. Estimativas dos parâmetros de adaptabilidade e estabilidade obtidas pelo método de Lin e Binns (1988) referentes a 13 genótipos avaliados em 12 ambientes no Estado de Mato Grosso do Sul para os caracteres “VAG” e “SEM”

Genótipo	VAG					SEM				
	Desvios					Desvios				
	Média	P <sub>i</sub>	Genético	Interação	contribuição p/interação (%)	Média	P <sub>i</sub>	Genético	Interação	contribuição p/interação (%)
Rudá	36,90 b	150,5461	124,9956	25,5505	5,13	5,01 b	0,2881	0,2278	0,0603	3,55
Aporé	36,08 b	165,8648	138,2415	27,6233	5,55	4,91 b	0,4334	0,3003	0,1331	7,83
Xamego	40,39 a	90,80648	71,0697	19,8821	3,99	5,35 a	0,1462	0,0574	0,0888	5,22
Pérola	29,83 c	285,9518	273,3252	11,9920	2,41	4,37 d	1,0369	0,9075	0,1294	7,61
O. Negro	35,82b	176,4200	146,0625	30,3574	6,10	4,56 c	0,7304	0,6297	0,1007	5,92
D. Negro	34,23 b	180,1449	170,6628	9,4820	1,90	4,77 b	0,5738	0,4176	0,1562	9,19
IAPAR 14	38,93 a	136,4969	96,2578	40,2391	8,08	4,30 d	1,1460	0,9645	0,1815	10,67
EMGOPA	41,80 a	105,8275	53,4750	52,3524	10,52	4,87 b	0,4044	0,3312	0,0732	4,30
Carioca Eté	36,65 b	143,9294	124,2063	19,7231	3,96	4,48 c	0,8102	0,6173	0,1929	11,34
Bambuí	31,35 c	326,4136	228,0892	98,3244	19,74	4,48 c	0,6278	0,5084	0,1195	7,03
CNF4999	38,30 a	163,8103	107,0266	56,7837	11,40	5,04 b	0,3852	0,2041	0,1811	10,65
CNF 4129	27,45 c	355,6126	321,5225	34,0901	6,85	4,91 b	0,4521	0,3068	0,1453	8,55
CNF 8025	38,27 a	175,8212	104,2809	71,5403	14,37	5,07 b	0,3268	0,1884	0,1384	8,14

VAG: número médio de vagens/planta; SEM: número médio de sementes/vagem; P<sub>i</sub>: Índice de superioridade da cultivar *i*.

Médias seguidas de mesma letra nas colunas não diferem entre si estatisticamente pelo método de agrupamento de Scott-Knott a 5% de probabilidade.

QUADRO 17. Estimativas dos parâmetros de adaptabilidade e estabilidade obtidas pelo método de Lin e Binns (1988) referentes a 13 genótipos avaliados em 12 ambientes no Estado de Mato Grosso do Sul para os caracteres “MCS” e “PRD”.

Genótipo	MCS					PRD				
	Média	P <sub>i</sub>	Desvios			Média	P <sub>i</sub> /1000	Desvios		
			Genético	Interação	contribuição p/interação (%)			Genético /1000	Interação /1000	contribuição p/interação (%)
Rudá	22,68 c	14,4604	12,9767	4,4837	20,80	2178,0 a	284,3477	158,4782	125,8694	7,90
Aporé	26,82 a	0,6833	0,2833	0,3999	1,86	2307,8 a	139,5464	93,8407	45,7056	2,87
Xamego	18,50 f	42,1277	40,7755	1,3523	6,27	2037,2 b	304,6945	247,7102	56,9843	3,57
Pérola	26,90 a	0,6786	0,2241	0,4545	2,10	1713,5 c	627,3969	527,9494	99,4474	6,24
O. Negro	24,81 b	6,7416	4,6512	2,0903	9,70	1963,6 b	419,3257	289,3935	129,9321	8,15
D. Negro	22,90 c	12,4806	10,6696	1,8110	8,40	1749,1 c	563,4420	493,2038	70,2382	4,41
IAPAR 14	23,50 c	11,6234	9,4250	2,1983	10,20	1867,0 c	478,0277	381,9889	96,0388	6,02
EMGOPA	21,60 c	16,5256	15,2168	1,3088	6,07	2305,6 a	181,9505	94,8010	87,1494	5,47
Carioca Eté	23,60 c	9,8390	9,1735	0,6655	3,09	1728,8 c	587,0414	512,3419	74,6995	4,68
Bambuí	23,18 c	15,9776	12,8356	3,1420	14,57	1629,1 c	959,1649	618,1824	340,9825	21,39
CNF4999	17,18 g	55,0515	53,9357	1,1159	5,18	1763,2 c	630,7856	478,0328	152,7528	9,59
CNF 4129	20,23 e	29,2365	27,5035	1,7330	8,04	1362,9 d	1099,0778	953,0166	146,0611	9,16
CNF 8025	20,02 e	27,6704	26,8685	0,8019	3,72	1964,7 b	301,3420	133,1934	168,1486	10,55

MCS: massa de 100 sementes (gramas); PRD: produtividade de grãos (kg ha<sup>-1</sup>); P<sub>i</sub>: índice de superioridade da cultivar *i*

Médias seguidas de mesma letra nas colunas não diferem entre si estatisticamente pelo método de agrupamento de Scott-Knott a 5% de probabilidade.

Quando se considera individualmente os componentes primários da produção, observa-se que para o caráter “VAG” (Quadro 16) o genótipo com menor estimativa de  $P_i$ , portanto com maior adaptação e estabilidade, foi a cultivar Xamego, seguida dos genótipos EMGOPA 201-Ouro, IAPAR 14, IAC Carioca Eté e Rudá. Os mais instáveis e com menor adaptação, em ordem decrescente, foram: CNF 4129 A 54, CNF 7135 Bambuí e Pérola, ficando os demais numa posição intermediária.

Quando se compara os resultados obtidos para os genótipos pela metodologia de Lin e Binns (1988) com o método proposto por Wricke (1965) observa-se que os mesmos são divergentes nas informações das estimativas de estabilidade para o caráter “VAG”. Nenhum dos genótipos indicados pela estimativa da ecovalência como sendo estáveis face às variações ambientais foram estáveis pelas estimativas de Lin e Binns (1988) que apontaram a cultivar EMGOPA 201-Ouro como altamente estável (segunda posição) enquanto que, pela metodologia de Wricke (1965), a mesma foi considerada como o genótipo mais instável para este caráter. Foram coincidentes, contudo, ao apontarem a linhagem CNF 7135 Bambuí como sendo uma das mais instáveis (13ª posição pelas estimativas de  $P_i$  e 12ª pela ecovalência de WRICKE).

Embora os dados não tenham se ajustado de maneira adequada a reta de regressão, fato evidenciado pelos baixos valores obtidos para o  $R^2$  (Quadro 14), o que a princípio não sugere o emprego da metodologia de Eberhart e Russell (1966), observa-se, com a devida cautela, que os parâmetros obtidos por essa metodologia foram coincidentes com os obtidos pela proposta de Lin e Binns (1988) na indicação dos parâmetros de adaptabilidade e estabilidade para o caráter “VAG”. Ambas apontaram os genótipos Xamego e EMGOPA 201-Ouro como os mais adaptados a todos os ambientes avaliados, embora sejam de baixa estabilidade pela significância dos desvios de regressão, e ambas indicaram a linhagem CNF 7135 Bambuí como sendo um dos genótipos mais instáveis. (12ª posição em ambas as estimativas).

Para o caráter “SEM” (Quadro 16) os genótipos com menores estimativas de  $P_i$  foram: Xamego, Rudá, CNFv 8025, CNF 4999-Rio Tibagi e EMGOPA 201-Ouro, enquanto que as maiores estimativas, numa ordem decrescente, ficaram para os genótipos IAPAR 14, Pérola, IAC Carioca Eté e Ouro Negro. Observa-se uma maior coerência nos parâmetros de adaptabilidade e estabilidade estimados para este caráter pelas metodologias até aqui empregadas do que para o caráter “VAG”. Todas elas apontam as cultivares EMGOPA 201-Ouro, Xamego (exceto o método de EBERHART

e RUSSELL) e Rudá com sendo de comportamento previsível e a cultivar IAC Carioca Eté como de comportamento imprevisível ante as variações do ambiente.

As menores estimativas de  $P_i$  para o caráter “MCS” foram para os genótipos Pérola, Aporé e Ouro Negro (Quadro 17), classificados, portanto, como de ampla adaptação e de comportamento previsível. As maiores, numa ordenação decrescente, para os genótipos CNF 4999-Rio Tibagi, Xamego, CNF 4129 A 54 e CNFv 8025. A análise comparativa das metodologias até aqui empregadas aponta a cultivar Pérola como sendo a de maior estabilidade fenotípica para o caráter “MCS”.

Os genótipos Aporé, EMGOPA 201-Ouro, Rudá, CNFv 8025 e Xamego, em ordem decrescente, foram os mais estáveis para o caráter “PRD” pelas estimativas de  $P_i$  e os genótipos CNF 4129 A 54, CNF 7135 Bambuí, CNF 4999-Rio Tibagi, IAC Carioca Eté e Pérola os de comportamento menos previsível para este caráter (Quadro 17). Um estudo das três metodologias de análise de estabilidade até aqui empregadas mostra que os parâmetros de estabilidade são concordantes, para o caráter “PRD”, apenas quanto a indicação da cultivar Xamego como de comportamento altamente previsível e a linhagem CNF 7135 Bambuí como a de comportamento menos previsível.

Para nenhum dos genótipos avaliados é possível afirmar que os componentes primários da produção (“VAG”, “SEM” e “MCS”) e a produtividade de grãos (PRD) se comportam de maneira dependente quanto à adaptação e a previsibilidade de comportamento. Todavia, quando se considera esses caracteres individualmente tal dependência pode ser constatada em alguns genótipos, como exemplo, a linhagem CNF 4129 A 54 para os caracteres “MCS” x “VAG” x “PRD” e a cultivar Pérola, para os caracteres “SEM” x “VAG” x “PROD”.

Segundo Lin e Binns (1988) a estimativa do  $P_i$  pode ser ainda desdobrada em duas partes: a primeira, atribuída ao desvio genético em relação ao máximo, isto é, uma soma de quadrados de genótipos; e a segunda correspondente à parte da interação GxE. A primeira parte não é prejudicial ao trabalho pois não implica, necessariamente, alteração na classificação dos materiais; a segunda parte pode afetar a classificação dos materiais. Logo, o ideal de um material que apresente o menor  $P_i$  é que a maior parte desse valor seja atribuída ao desvio genético e, conseqüentemente, menor seja a contribuição do genótipo para os desvios da interação GxE. As análises dos Quadros 16 e 17, de maneira geral, comprovam esta associação.

Abreu et al. (1998) avaliando a estabilidade de diversos genótipos de feijoeiro comum, para a produtividade de grãos, empregando a metodologia de Lin e Binns (1988) encontraram baixas estimativas de  $P_i$  para cultivar Ouro Negro, fato observado, em parte, no presente trabalho uma vez que a referida cultivar posicionou-se, entre os genótipos avaliados, apenas como o sexto mais estável.

#### 4.4 Estimativa de adaptabilidade e estabilidade pelo modelo AMMI- *Biplot*

De acordo com Duarte (2001), a análise AMMI representa um dos potenciais instrumentos para que se possa aprofundar na compreensão dos fatores realmente envolvidos na manifestação da interação GxE. Para tanto, o método estima o efeito da interação GxE por meio da análise multivariada (análise de componentes principais – ACP e da decomposição por valores singulares – DVS) para descrever o padrão subjacente aos dados de uma matriz de interação GxE, fazendo a decomposição da soma de quadrados da interação ( $SQ_{GxE}$ ) em eixos ou componentes principais da interação (IPCA).

O estudo da interação, realizado pela ACP, consistindo no desdobramento da  $SQ_{(GxE)}$  para cada caráter, evidenciou os quatro primeiros eixos (IPCA<sub>1</sub>, IPCA<sub>2</sub>, IPCA<sub>3</sub> e IPCA<sub>4</sub>) apresentando significância ao nível de 1% ou 5%, conforme Quadros 18, 19, 20 e 21. Para seleção de modelos AMMI mais preditivos e parcimoniosos adotou-se o critério “pós-ditictivo” pelo teste  $F_{Gollob}$  (GOLLOB, 1968).

QUADRO 18. Análise de variância com desdobramento da interação original G x E pelo método AMMI, pelo teste  $F_{GOLOB}$  para o caráter “VAG”.

Gollob (1968)					
FV	GL	SQ	QM	F	Pr < F
Genótipos	12	2719,930	226,495	-	-
Ambientes	11	5749,980	522,725	-	-
G x E	132	8393,373	63,608	-	-
IPCA <sub>1</sub>	22	3772,581	171,481	4,080	0,000
IPCA <sub>2</sub>	20	1317,660	65,883	1,793	0,033
IPCA <sub>3</sub>	18	1070,905	59,494	1,916	0,028
IPCA <sub>4</sub>	16	803,840	50,240	1,966	0,033
Erro G x E	56	1431,385	-	-	-
Total	155	16864,300	-	-	-

QUADRO 19. Análise de variância com desdobramento da interação original G x E pelo método AMMI, pelo teste  $F_{\text{GOLOB}}$  para o caráter “SEM”.

Gollob (1968)					
FV	GL	SQ	QM	F	Pr < F
Genótipos	12	14,656	1,221	-	-
Ambientes	11	114,981	10,452	-	-
G x E	132	24,138	0,182	-	-
IPCA <sub>1</sub>	22	8,340	0,379	2,640	0,000
IPCA <sub>2</sub>	20	6,399	0,319	3,064	0,033
IPCA <sub>3</sub>	18	4,068	0,226	3,053	0,028
IPCA <sub>4</sub>	16	1,893	0,118	1,928	0,033
Erro G x E	56	3,437	-	-	-
Total	155	153,776	-	-	-

QUADRO 20. Análise de variância com desdobramento da interação original G x E pelo método AMMI, pelo teste  $F_{\text{GOLLOB}}$  para o caráter “MCS”.

Gollob (1968)					
FV	GL	SQ	QM	F	Pr < F
Genótipos	12	1170,121	97,509	-	-
Ambientes	11	805,264	73,205	-	-
G x E	132	344,787	2,6120	-	-
IPCA <sub>1</sub>	22	128,126	5,823	2,957	0,000
IPCA <sub>2</sub>	20	68,6802	3,434	2,089	0,010
IPCA <sub>3</sub>	18	52,804	2,933	2,219	0,009
IPCA <sub>4</sub>	16	34,347	2,146	1,976	0,032
Erro G x E	56	60,829	-	-	-
Total	155	2320,17	-	-	-

A interpretação gráfica em *biplot* foi feita com base na variação devida aos efeitos principais aditivos de genótipos e ambientes e do efeito multiplicativo da interação GxE. O primeiro eixo singular da análise AMMI1 (IPCA<sub>1</sub>) explica 72,6; 89,7 e 90,7 e 82,6% da variância total das variáveis originais, respectivamente, para os caracteres “VAG”, “SEM” “MCS” e “PRD” (Figuras 17, 18, 19 e 20). Assim, pelo critério de Gollob (GOLLOB, 1968), o modelo AMMI1 foi selecionado como aquele que melhor descreve o padrão inerente à interação G x E.

QUADRO 21. Análise de variância com desdobramento da interação original G x E pelo método AMMI, pelo teste  $F_{\text{GOLOB}}$  para o caráter “PRD”

Gollob (1968)					
FV	GL	SQ	QM	F	Pr < F
Genótipos	12	0,1008	840697,00	-	-
Ambientes	11	0,4113	0,3739	-	-
G x E	132	0,2488	188556,065	-	-
IPCA <sub>1</sub>	22	0,1165	529912,001	4,405	0,000
IPCA <sub>2</sub>	20	0,4037	201863,38	1,976	0,016
IPCA <sub>3</sub>	18	0,2838	157706,60	1,487	0,044
IPCA <sub>4</sub>	16	0,2411	150737,73	2,140	0,019
Erro G x E	56	0,3946	-	-	-
Total	155	0,7611	-	-	-

Quando há elevada captação do “padrão” pela seleção de um único eixo é possível inferir a ocorrência de baixíssima contaminação da matriz de interações originais por fatores imprevisíveis que depreciem a qualidade das estimativas da  $(\hat{g}\hat{a})_{ij}$ . Na Figura 17 se encontra a representação *biplot*, resultante da análise pelo modelo AMMI<sub>1</sub> para o caráter “VAG”, baseada na variação devida aos efeitos principais aditivos e efeito multiplicativo da interação GxE. A abscissa representa os efeitos principais (médias de genótipos e de ambientes) e a ordenada, o primeiro eixo de interação (IPCA<sub>1</sub>). Assim, genótipos com valores de IPCA<sub>1</sub> próximos a zero demonstram estabilidade aos ambientes de testes. Combinações de pares de genótipos e ambientes com escores IPCA de mesmo sinal (+, + ou -, -) têm interações específicas positivas e com sinais opostos (+, -) devem interagir negativamente (DUARTE e VENCOVSKY, 1999).

Observa-se que para este caráter os genótipos mais instáveis são a cultivar EMGOPA 201-Ouro (8) e a linhagem CNF 7135 Bambuí (10), sendo que este último interage de forma específica positiva com os ambientes EI e EK. Os genótipos Pérola (4), Diamante Negro (6), IAC Carioca Eté (9), Ouro Negro (5) e Apuré (2) se apresentam como os mais estáveis e, por conseguinte, os que menos contribuem para a interação GxE. Esses genótipos interagem de forma positiva com os ambientes EJ, EC e EG, podendo esperar, nesses ambientes, melhores respostas dos mesmos para o caráter “VAG”.

Constata-se também interações específicas positivas para o caráter “VAG” entre os genótipos CNFv 8025 (13), CNF 4999-Rio Tibagi (11) e IAPAR 14 (7), com os ambientes EL e EH e, entre o genótipo CNF 4129 A 54 (12) e o ambiente EJ.

Os resultados obtidos para o caráter “VAG” pela análise AMMI estão em concordância com os obtidos pela metodologia de Wricke (1965), todavia, se mostram concordes apenas em parte com os obtidos pela metodologia de Lin e Binns (1988) que também indica a linhagem CNF 7135 Bambuí como a mais instável e as cultivares Aporé e Pérola, como de boa estabilidade, pouco contribuindo, portanto, para a interação GxE.

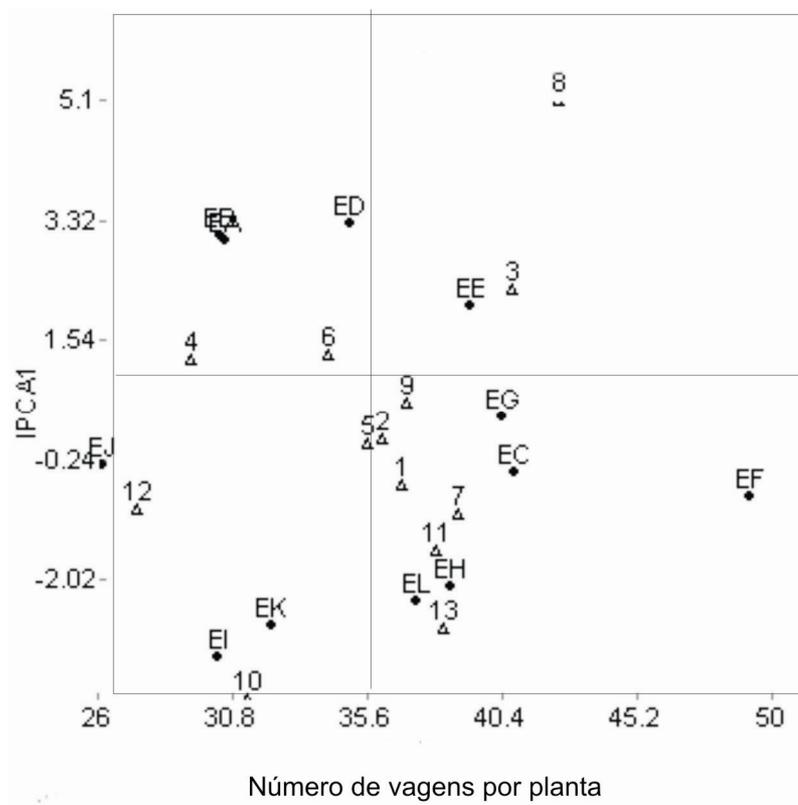


FIGURA 17. Biplot AMMI para efeitos principais e interação G x E para dados de número de vagens por planta para 13 genótipos de feijoeiro (1,...,13) cultivados em 12 ambientes (EA, ..., EL).

Já, em relação aos parâmetros estimados pelo método de Eberhart e Russell (1966) os resultados obtidos foram bastante divergentes. Os ambientes EJ, EG, EC e EF são os de maior estabilidade para o caráter “VAG”, enquanto que os ambientes EA, EB,

ED e EI os mais instáveis. Ressalta-se a similaridade entre os ambientes EA e EB que ocupam, praticamente, os mesmos pontos no diagrama de dispersão dos escores.

A variação devida aos efeitos principais aditivos e efeito multiplicativo da interação GxE, resultante da análise pelo modelo  $AMM_1$ , para o caráter “SEM”, encontra-se representada no *biplot* (Figura 18). Constata-se que os genótipos que mais contribuem para a interação G x E são a linhagem CNFv 8025 (13) e a linhagem CNF 4999-Rio Tibagi (11). Relativamente instáveis para este caráter mostram-se também os genótipos Pérola (4), IAC Carioca Eté (9) e Aporé (2). Observam-se interações positivas entre os genótipos Aporé (2) e o ambiente ED e o genótipo Xamego (3) com os ambientes EG, EA e EK.

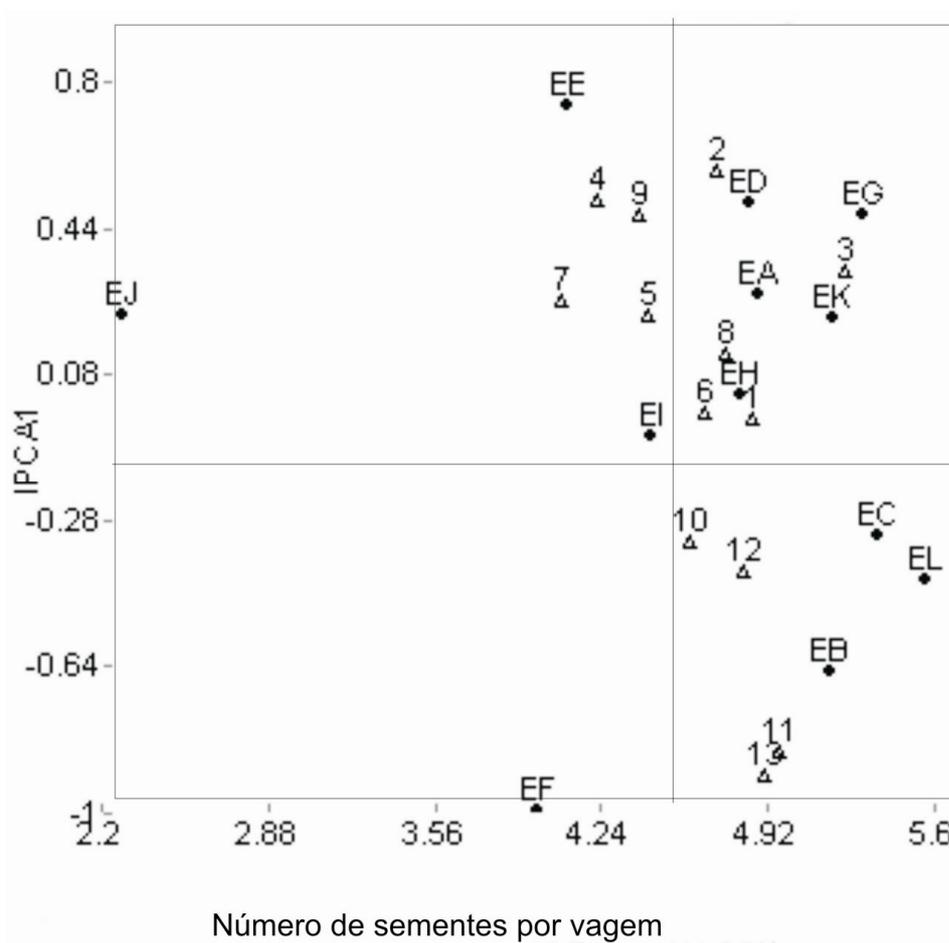


FIGURA 18. Biplot AMMI para efeitos principais e interação G x E para dados do número de sementes por vagem para 13 genótipos de feijoeiro (1, ..., 13) cultivados em 12 ambientes (EA, ..., EL).

Pela análise AMMI-*biplot* pode-se identificar os genótipos Diamante Negro(6), Rudá(1) e EMGOPA 201-Ouro (10) como os mais estáveis (seus escores situam-se próximos do valor zero do eixo  $IPCA_1$ ), portanto, com baixa contribuição para a interação GxE. Estes genótipos interagem positivamente com os ambientes EI e EH. A análise do efeito de ambientes para este caráter permite visualizar os ambientes EE e EF como sendo os mais instáveis e os ambientes EI e EH como os mais estáveis.

Observa-se também para o caráter “SEM” que os resultados da análise AMMI-*biplot* foram coincidentes com as estimativas de estabilidade obtidas pelo método de Wricke (1965), somente em parte concordantes com os obtidos pela metodologia de Lin e Binns (1988) e bastante concordantes com os parâmetros estimados pelo método de Eberhart e Russell (1966).

Para o caráter “MCS” (Figura 19) constata-se na análise AMMI-*biplot* que o genótipo CNF 7135 Bambuí (10) é o mais instável e os genótipos CNF 4999-Rio Tibagi (11), CNFv 8025 (13), Diamante Negro (6) e Pérola (4) são os de maior estabilidade. É possível observar também similaridade de comportamento entre as cultivares EMGOPA 201-Ouro (8) e Rudá (1), dada as proximidades dos seus escores no gráfico *biplot*. A cultivares CNF 4999-Rio Tibagi (11), Pérola (4) e Aporé (2) mostram certo isolamento em relação aos demais genótipos e aos ambientes testados.

Analisando-se o efeito multiplicativo da interação GxE pode-se observar interações específicas positivas entre os genótipos Diamante Negro (6), IAC Carioca Eté (9) com o ambiente EI; genótipo IAPAR-14 (7) com os ambientes EH, EF e EJ e entre o genótipo CNFv 8025 (13) e o ambiente EC esperando melhor desempenho desses genótipos nestes ambientes.

A análise do gráfico *biplot* (Figura 19) permite identificar, quanto ao efeito de ambiente, o ambiente EA como o mais instável para o caráter “MCS” e o seu isolamento dos demais permite inferir na ocorrência de condições climáticas específicas que o diferenciam dos demais ambientes testados. Boa estabilidade ambiental é observada para os ambientes EB, EE (com boa similaridade, dada a proximidade dos escores no gráfico *biplot*), ED e EI. Assim como para os demais caracteres os resultados da análise AMMI- *biplot* para o caráter “MCS” apresentam boa concordância com as estimativas  $a_i$  de Wricke (1965) e são pouco concordantes com os parâmetros de estabilidade estimados pelas metodologias de Lin e Binns (1988) e Eberhart e Russell (1966).

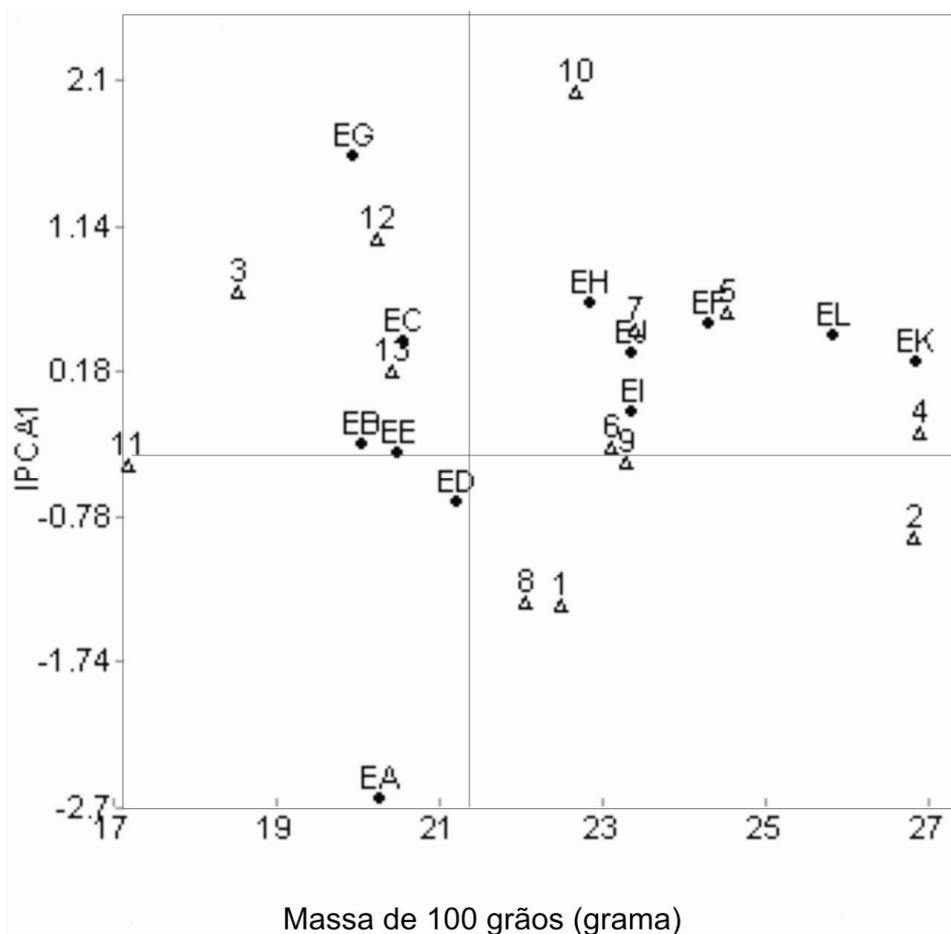


FIGURA 19. Biplot AMMI para efeitos principais e interação G x E para dados de massa de 100 sementes para 13 genótipos de feijoeiro (1, ..., 13) cultivados em 12 ambientes (E, ..., EL).

Na Figura 20 se encontra a representação *biplot* resultante da análise pelo modelo AMMI1 para o caráter produtividade de grãos. A cultivar EMGOPA 201-Ouro (8) e a linhagem CNF 7135 Bambuí (10) são os genótipos que mais contribuem para interação, considerando o caráter produtividade de grãos. Tais genótipos apresentam as maiores magnitudes de escores (em valores absolutos) no eixo de interação, sendo, portanto, altamente instáveis. Genótipos como CNFv 8025 (13) e CNF 4129 A 54 (12) demonstram relativa instabilidade e interação específica positiva com os ambientes EK e EI. Comportamento semelhante pode ser observado para os genótipos IAC Carioca Eté (9), Xamego (3) e Aporé (2) que, relativamente instáveis, interagem positivamente com os ambientes ED e EE. (Figura 4).

Os genótipos Rudá (1), IAPAR 14 (7), CNF 4999-Rio Tibagi (11), Pérola (4) e Diamante Negro (6), por apresentarem menor coordenada para o eixo  $IPCA_1$ , são

os que menos contribuem (mais estáveis) para a interação. Desses, apenas a cultivar Rudá apresenta desempenho acima da média geral, demonstrando ampla adaptação a todos os ambientes, podendo ser recomendada de forma generalizada. Interações específicas positivas são observadas entre os genótipos IAPAR 14 (7) e CNF 4999-Rio Tibagi (11) com os ambientes EB, EK e EI e, entre as cultivares Diamante Negro (6) e Pérola (4), com os ambientes EG e EC, o que é possível afirmar dada a proximidade dos escores no *biplot* e por estarem situados em quadrantes de mesmo sinal (Figura 1). Observa-se também que a cultivar EMGOPA 201-Ouro (8) (uma das mais instáveis) denota interação positiva com os ambientes EA, ED (Dourados, safra “das águas”) e EE (Dourados, safra da seca), ambientes tido como desfavoráveis pelos Índices ambientais obtidos pela metodologia de Eberhart e Russell (Quadro 13).

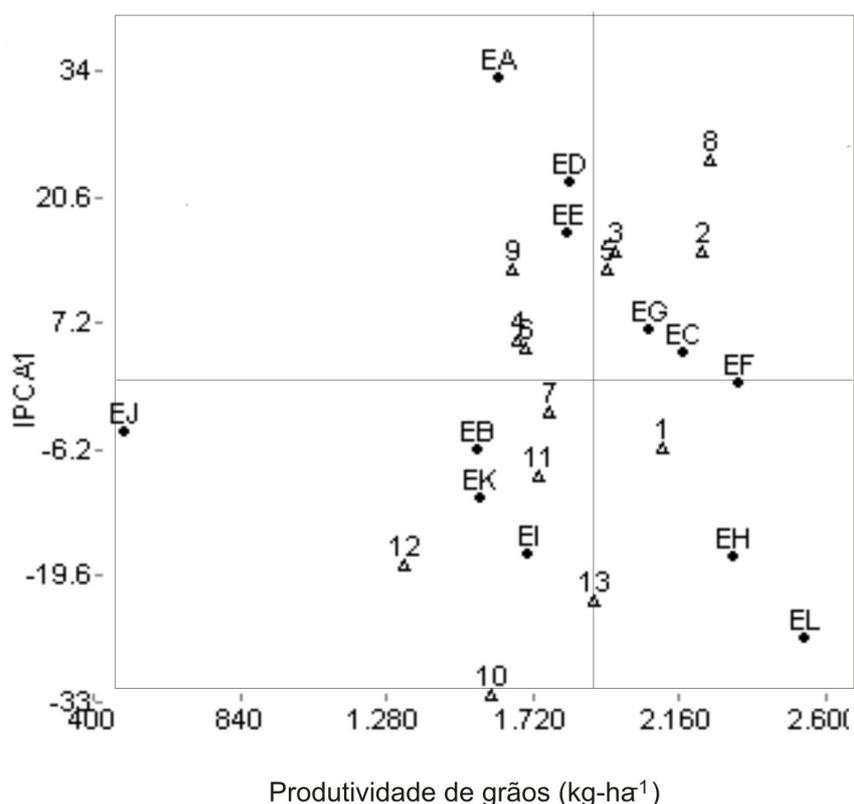


Figura 20. Biplot AMMI para efeitos principais e interação G x E para dados de produtividade de grãos de 13 genótipos de feijoeiro (1, ..., 13) cultivados em 12 ambientes (EA, ..., EL).

Os resultados são concordantes com os obtidos pelo método de Wricke (1965), parcialmente concordantes com os obtidos pelas estimativas de Lin e Binns (1988). As estimativas do referido método indicam a linhagem CNF 7135 Bambuí como

um dos genótipos mais instáveis e, a cultivar Rudá, como um dos mais estáveis. Pouca concordância se observa com a metodologia proposta por Eberhart e Russell e (1966) que também identifica a linhagem CNF 7135 Bambuí como sendo de baixa estabilidade (instável), haja vista, a significância do desvio da sua regressão ( $\hat{\sigma}_{di}^2$ ), embora o baixo valor de  $R^2$  (57,04%) indique inadequado ajustamento dos dados à reta de regressão. (Quadro 15).

O ambiente EA (safra “das águas”, Dourados, 2000/2001) é o que se mostra mais instável (maior magnitude do escore no eixo  $IPCA_1$ ), enquanto que os ambientes EJ, EB, EK e EF, por apresentarem as menores coordenadas para o eixo  $IPCA_1$ , são considerados como os mais estáveis e desses, o EF (safra “da seca”, Aquidauana, 2001/2002) é o mais produtivo. Segundo Oliveira et al (2003b), a estabilidade ambiental tem grande importância, pois informa sobre a confiabilidade no ordenamento dos genótipos, em um dado ambiente de teste, em relação a classificação para a média dos ambientes testados.

Semelhante ao ocorrido para o caráter “SEM” (Figura 18) observa-se, pelo isolamento no gráfico *biplot*, que o ambiente EJ (safra das águas, Dourados, 2005/2006) foi pouco similar aos demais, apresentando condições climáticas específicas, já que o manejo da cultura e as condições de solo permaneceram praticamente constantes nos ambientes caracterizados naquela localidade.

A boa concordância entre a metodologia proposta por Wrickee a análise AMMI-*biplot* sugere, a princípio, certo nível de redundância nas informações entre elas o que contra-indicaria os seus usos concomitantemente, enquanto que a pouca concordância dos resultados entre a análise AMM-*biplot* e as metodologias de Lin e Binns (1988) e Eberhart e Russell (1966) permite inferir que esses métodos, de certa forma, fornecem informações adicionais e complementares sobre a estabilidade fenotípica em feijão, devendo ser empregados conjuntamente. A pouca concordância entre os resultados obtidos pelas metodologias de Eberhart e Russell (1966) e Lin e Binns (1988) foi também observada por Scapim et al (2000) que encontrou baixa correlação entre os parâmetros estimados por essas duas metodologias na cultura do milho.

Procedeu-se também a interpretação gráfica em *biplot* com base apenas no efeito multiplicativo da interação Gx E com o objetivo de analisar o efeito da interação Gx E na confirmação das estabilidades observadas nas Figuras 17, 18, 19 e 20 de acordo

com a sugestão de Freire Filho et al. (2005). Neste caso, para cada caráter, foram considerados os modelos AMMI1 e AMMI2 (Figuras 21, 22, 23 e 24) que explicam 63,1; 60,6; 61,1 e 57,1% da  $SQ_{(G \times E)}$ , respectivamente, para os caracteres “VAG”, “SEM” e “MCS” e “PRD” captando significativa porcentagem do “padrão”. Os demais eixos são incluídos no resíduo AMMI do último IPCA significativo, acumulando uma variação da  $SQ_{G \times E}$  não muito expressiva em variação não controlada (ruído). Nos *biplots* os genótipos são representados como pontos derivados de seus escores para os primeiros dois componentes ( $IPCA_1$  e  $IPCA_2$ ) e os ambientes como vetores dos *biplots* originais dos seus pontos.

Observa-se, em função das variações, que para todos os caracteres há variação tanto em efeitos principais aditivos de genótipos e de ambientes como em efeito multiplicativo da interação GxE o que demonstra a existência de expressivas diferenças

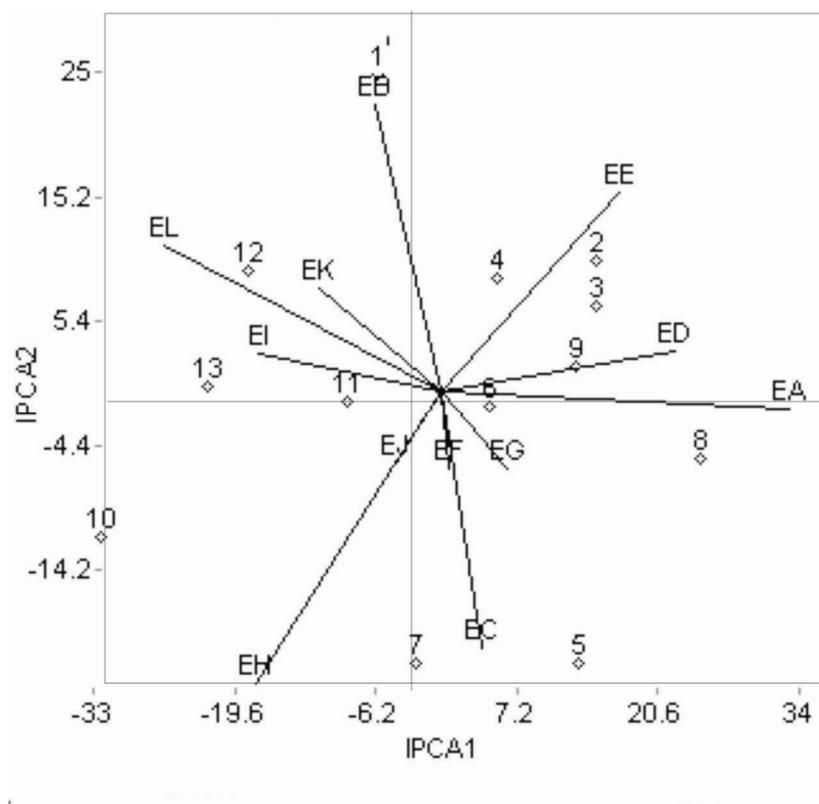


FIGURA 21. Primeiro componente principal da interação ( $IPCA_1$ ) x segundo componente principal da interação ( $IPCA_2$ ), de 13 genótipos (1...13), avaliados em 12 ambientes (EA a EL), para o caráter “PRD”.

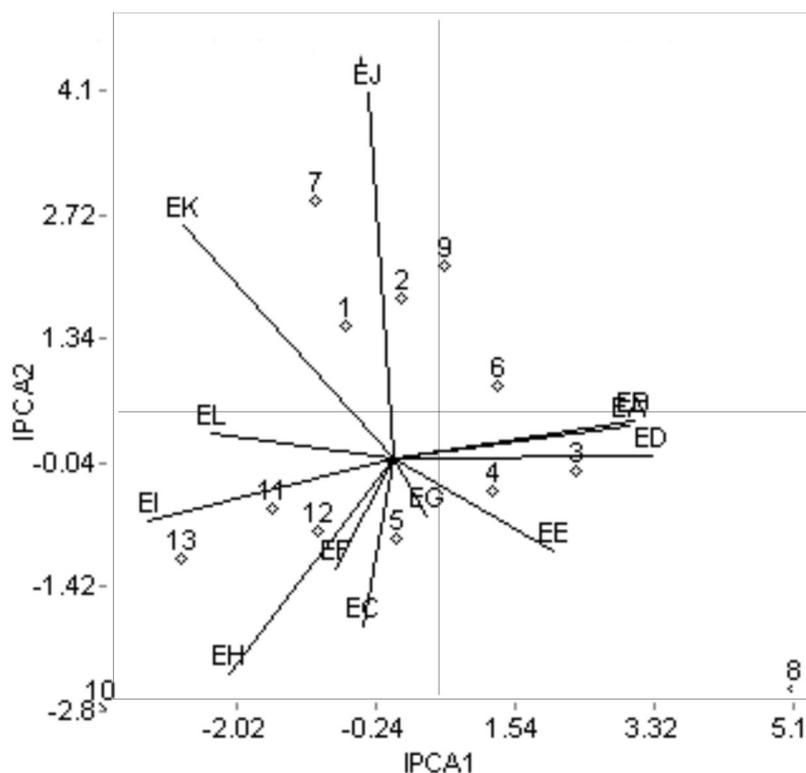


FIGURA 22. Primeiro componente principal da interação ( $IPCA_1$ ) x segundo componente principal da interação ( $IPCA_2$ ), de 13 genótipos (1...13), avaliados em 12 ambientes (EA... EL), para o caráter “VAG”.

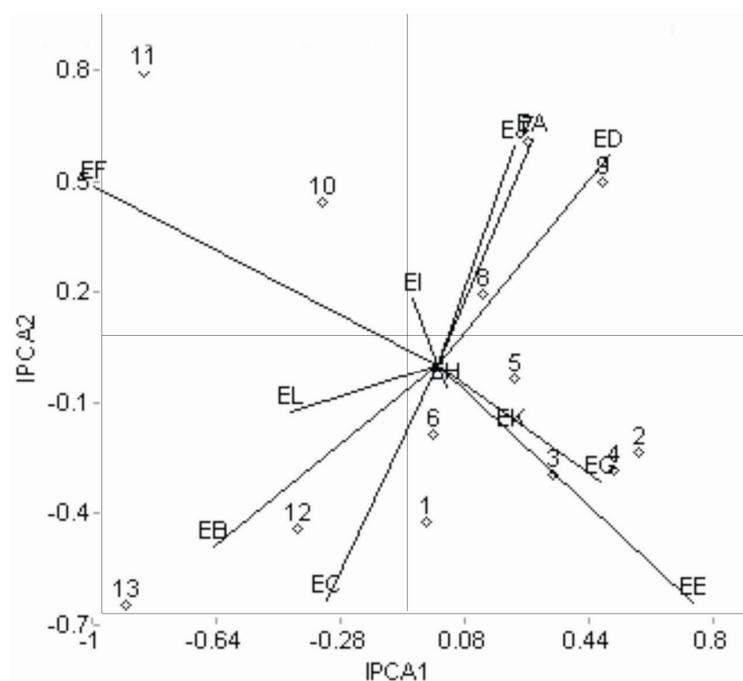


Figura 23. Primeiro componente principal da interação ( $IPCA_1$ ) x segundo componente principal da interação ( $IPCA_2$ ), de 13 genótipos (1,..., 13), avaliados em 12 ambientes (EA,..., EL), para o caráter “SEM”.

genéticas entre os genótipos em estudo e de considerável variabilidade entre os ambientes causada, principalmente, pelas variações macroambientais (latitude, altitude e tipo de solo) em função das diferentes localidades e pelas variações microambientais como os veranicos que acentuam as irregularidades pluviométricas, as variações térmicas, a ocorrência de geadas e a incidência de doenças

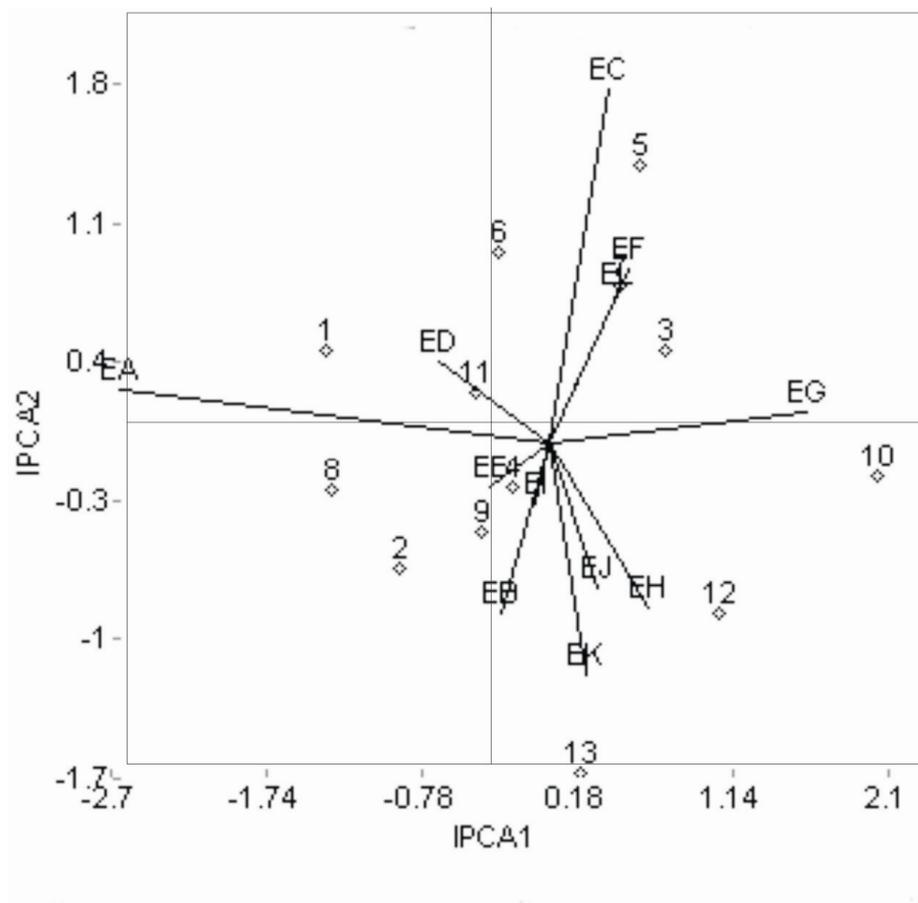


FIGURA 24. Primeiro componente principal da interação ( $IPCA_1$ ) x segundo componente principal da interação ( $IPCA_2$ ), de 13 genótipos (1,...,13), avaliados em 12 ambientes (EA,..., EL), para o caráter "MCS".

#### 4.5 Análise de padrões (Pattern analysis)

A análise de variância dos grupos básicos identificou que o efeito principal de ambiente foi a fonte de variação predominante para os caracteres “SEM” e “PRD”, enquanto que para o caráter “MCS” o efeito principal de genótipo foi o mais importante e para o caráter “VAG” a fonte de variação predominante foi a interação GxE. As proporções da soma de quadrados devido aos efeitos de ambiente, genótipo e interação GxE encontram-se descritas nos Quadros 22, 23, 24 e 25. As razões da soma de quadrados devido à interação GxE e aquela devido ao efeito principal de genótipo foram de 1,65; 2,46 e 3,09, respectivamente, para os caracteres “SEM”, “PRD” e “VAG”, indicando uma ampla interação GxE para estes caracteres. Já para o caráter “MCS”, em função da predominância do efeito de genótipo na fonte de variação a razão foi de 0,29. (Quadros 22, 23, 24 e 25)

A análise de padrões permitiu constatar que a redução no tamanho dos dados da matriz foi de 48,08% e que a percentagem do total da soma de quadrados da interação GxE retida na matriz reduzida foi de 83,92; 84,62; 93,90 e 84,46%, respectivamente, para os caracteres “VAG”, “SEM”, “MCS” e “PRD”, bem acima, portanto, dos 50% estabelecido como critério de classificação.

QUADRO 22. ANOVA combinada para valores de dados brutos do caráter “VAG”

Fonte de Variação	G L	S. Q.	Q M	% da SQ Total
Ambiente (E)	11	5750,008	522,728	34,095
Genótipo (G)	12	2717,971	226,497	16,116
G X E	132	8393,292	63,608	49,769
Total	155	16864,273	-	100,00
SQ Total G	-	11114,264	-	65,905
SQ Total E	-	2166,894	-	83,884

A aplicação de níveis de truncamento onde 50% ou mais das somas de quadrados da interação GxE foram mantidas levaram à formação de nove grupos de genótipos e de ambientes para cada um dos caracteres (Quadros 26, 27, 28 e 29). Os resultados da análise classificatória para ambientes (Figuras 9,10,11 e 12), para cada um dos caracteres, são apresentados nos dendogramas.

QUADRO 23. ANOVA combinada para valores de dados brutos do caráter “SEM”

Fonte de Variação	G L	S. Q.	Q M	% da SQ Total
Ambiente (E)	11	114,981	10,425	74,771
Genótipo (G)	12	14,656	1,221	9,528
G X E	132	24,138	0,182	15,691
Total	155	153,775	-	100,000
SQ Total G	-	38,794	-	25,229
SQ Total E	-	139,119	-	90,472

QUADRO 24. ANOVA combinada para valores de dados brutos do caráter “MCS”

Fonte de Variação	G L	S. Q.	Q M	% da SQ Total
Ambiente (E)	11	805,288	73,208	34,707
Genótipo (G)	12	1170,149	97,512	50,433
G X E	132	344,753	2,611	14,860
Total	155	2320,190	-	100,000
SQ Total G	-	1514,902	-	65,293
SQ Total E	-	1150,041	-	49,567

QUADRO 25. ANOVA combinada para valores de dados brutos do caráter “PRD”

Fonte de Variação	G L	S. Q.	Q M	% da SQ Total
Ambiente (E)	11	41138824,000	3739893,000	54,047
Genótipo (G)	12	10088663,000	840721,937	13,254
G X E	132	24889080,000	188553,640	32,699
Total	155	76116568,000	-	100,000
SQ Total G	-	34977744,000	-	45,953
SQ Total E	-	66027904,000	-	86,746

Para o caráter “VAG”, dos nove grupos de ambientes estabelecidos pela análise de padrões, sete constituíram-se de ambientes individuais (16-EG, 17-EC, 18-

EE, 19-EI, 20-EF, 21-EH e 22-EJ) e os cinco ambientes restantes aglomerados em dois grupos distintos (grupo 14 – EA, EB e ED e grupo 15 – EK e EL) (Quadro 26).

Os ambientes EA, EB e ED, correspondentes ao grupo 14 no dendograma (Quadro 26) têm em comum a localidade de Dourados sendo os ambientes EA e EB, respectivamente, “época das águas” e “época da seca” no mesmo ano agrícola (2000/2001) e o ambiente ED, “época das águas” no ano agrícola 2001/2002. Tal proximidade no dendograma permite inferir que as condições microambientais (temperatura, precipitação pluviométrica, umidade relativa do ar, incidência de patógenos, etc.) foram bastante similares nesses ambientes permitindo que os mesmos discriminassem de forma semelhante os genótipos. Os ambientes EK e EL, reunidos no dendograma no grupo 15 (Figura 25) referem-se ao cultivo na “época da seca” em Dourados (EK) e em Aquidauana (EL) no ano agrícola 2005/2006.

QUADRO 26. Membros e médias dos grupos estabelecidos de genótipos e ambientes para o caráter número médio de vagem por planta“VAG”

Genótipos					Ambientes				
Grupo	Nº ind./grupo	código	nome	VAG	Grupo	nº ind./grupo	código	nome	VAG
2	1	2	Aporé	36,0 b	3	1	3	EC	40,8 b
7	1	7	IAPAR 14	38,9 a	5	1	5	EE	39,3 b
8	1	8	EMGOPA	41,8 a	6	1	6	EF	49,2 a
10	1	10	Bambuí	31,5 c	7	1	7	EG	40,4 b
12	1	12	CNF4129	27,5 c	8	1	8	EH	38,5 b
13	1	13	CNFv 8025	38,3 a	9	1	9	EI	30,3 e
14	2	4	Pérola	29,8 c	10	1	10	EJ	26,3 f
		6	D. Negro	34,2 b	14	3	1	EA	30,5 e
15	2	1	Rudá	36,8 b			2	EB	30,1 e
		11	CNF 4999	38,3 a			4	ED	35,0 c
17	3	3	Xamego	40,4 a	15	2	11	EK	32,2 d
		5	O. Negro	35,8 c			12	EL	37,4 b
		9	Carioca Eté	36,7 b					

Médias seguidas pela mesma letra nas colunas são estatisticamente iguais pelo método de agrupamento de Scott-Knott a 5% de probabilidade

QUADRO 27. Membros e médias dos grupos estabelecidos de genótipos e ambientes para o caráter número médio de sementes por vagem “SEM”

Genótipos					Ambientes				
Grupo	Nº ind./grupo	código	nome	SEM	Grupo	nº ind./grupo	código	nome	SEM
3	1	3	Xamego	5,4 a	5	1	5	EE	4,1 d
4	1	4	Pérola	4,4 d	6	1	6	EF	4,0 d
6	1	6	D. Negro	4,6	7	1	7	EG	5,3 a
7	1	7	IAPAR 14	4,3 d	8	1	8	EH	4,8 b
11	1	11	CNF 4999	5,0 b	10	1	10	EJ	3,9 d
13	1	13	CNFv 8025	5,1 b	11	1	11	EK	5,2 a
15	3	1	Rudá	5,0 b	13	2	1	EA	4,9 b
		2	Aporé	4,9 b			4	ED	4,8 b
		8	EMGOPA	4,9 b			14	2	EB
16	2	5	Ouro Negro	4,6 c	15	2	3	EC	5,4 a
		9	Carioca Eté	4,5 c			9	EI	4,4 c
17	2	10	Bambuí	4,8 b			12	EL	5,6 a
		12	CNF 4129	4,9 b					

Médias seguidas pela mesma letra nas colunas são estatisticamente iguais pelo método de agrupamento de Scott-Knott a 5% de probabilidade

QUADRO 28. Membros e médias dos grupos estabelecidos de genótipos e ambientes para o caráter massa de 100 sementes “MCS”

Genótipos					Ambientes				
Grupo	Nº ind./grupo	código	nome	MCG <sup>(1)</sup>	Grupo	nº ind./grupo	código	nome	MCG
1	1	1	Rudá	20,5 c	1	1	1	EA	20,5 c
3	1	3	Xamego	20,7 c	3	1	3	EC	20,7 c
5	1	5	Ouro Negro	24,3 b	4	1	4	ED	24,3 b
8	1	8	EMGOPA	19,9 c	7	1	7	EG	19,9 c
10	1	10	Bambuí	22,9 b	9	1	9	EI	22,9 b
11	1	11	CNF 4999	23,4 b	11	1	11	EK	23,4 b
14	2	12	CNF 4129	23,0 b	13	2	6	EF	23,0 b
		13	CNFv 8025	20,1 c			12	EL	20,1 c
15	2	2	Aporé	20,1 c	14	2	8	EH	20,1 c
		4	Pérola	21,2 c			10	EJ	21,2 c
17	3	6	D. Negro	26,9 a	15	2	2	EB	26,9 a
		7	IAPAR 14	25,8 a			5	EE	25,8 a
		9	Carioca Eté	25,8 a					

Médias seguidas pela mesma letra nas colunas são estatisticamente iguais pelo método de agrupamento de Scott-Knott a 5% de probabilidade <sup>(1)</sup> em grama.

QUADRO 29. Membros e médias dos grupos estabelecidos de genótipos e ambientes para o caráter produtividade de grãos “PRD”

Genótipos				Ambientes					
Grupo	Nº ind./grupo	código	nome	PROD <sup>(1)</sup>	Grupo	nº ind./grupo	código	nome	PROD
2	1	2	Aporé	2307,8 a	2	1	2	EB	1558,1 c
5	1	5	Ouro Negro	1963,6 b	3	1	3	EC	2173,5 b
7	1	7	IAPAR 14	1867,0 c	8	1	8	EH	2321,0 a
8	1	8	EMGOPA	2305,6 a	9	1	9	EI	1703,2 c
10	1	10	BambuÍ	1629,1 c	10	1	10	EJ	1151,7 d
12	1	12	CNF 4129	1763,2 c	11	1	11	EK	1561,9 c
15	2	4	Pérola	1713,5 e	12	1	12	EL	2520,0 a
		9	Carioca Eté	1728,8 c	14	2	6	EF	2341,8 a
16	2	1	Rudá	2178,0 a			7	EG	2070,1 b
		13	CNFv 8025	1964,7 b	15	3	1	EA	1617,2 c
17	3	3	Xamego	2037,2 b			4	ED	1833,6 c
		6	D. Negro	1749,1 c			5	EE	1827,9 c
		11	CNF 4999	1763,2 c					

Médias seguidas pela mesma letra nas colunas são estatisticamente iguais pelo método de agrupamento de Scott-Knott a 5% de probabilidade

<sup>(1)</sup> em kg ha<sup>-1</sup>

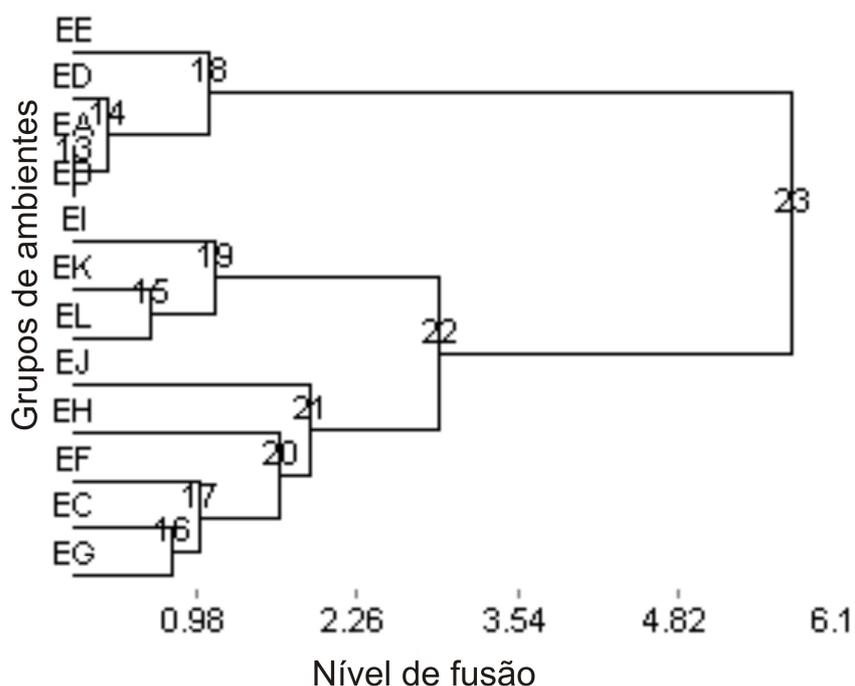


FIGURA 25. Dendrograma de classificação de ambientes usando o método de Ward's em ambientes com as médias padronizadas para o caráter "VAG"

A análise de padrões de ambientes para o caráter "SEM" reuniu num mesmo grupo os ambientes EA e ED (13), EB e EC (14) e EI e EL (15) permanecendo os demais ambientes estudados constituindo grupos isolados (Figura 26). A similaridade desses ambientes justifica-se uma vez que dos três aspectos considerados na definição do ambiente (local, época de cultivo e ano agrícola) em cada um desses grupos há concordância em pelo menos dois deles. Assim é que os ambientes EI e EL referem-se ao cultivo na "época da seca" em Aquidauana, os ambientes EA e ED ao cultivo na "época das águas" em Dourados enquanto os ambientes EB e EC ao cultivo na "época da seca" em ambos os municípios onde o estudo foi conduzido, porém num mesmo ano agrícola. Observa-se que esses mesmos ambientes foram também similares na discriminação de genótipos para o caráter "VAG" (Figura 25).

Para o caráter "MCS" três grupos foram constituídos com dois ambientes cada um (13-EF-EL; 14-EH-EJ; 15-EB-EE) enquanto que os demais ambientes constituíram grupos isolados. Para este caráter houve uma predominância do efeito de genótipo sobre o efeito de ambiente na partição da soma de quadrados devendo se esperar uma menor influência do ambiente na expressão deste caráter. Observa-se, contudo, que apenas para o par de ambientes EH-EJ (Aquidauana, época da seca, 2003/2004 x Dourados, época das águas, 2005/2006) os três aspectos utilizados na

definição de ambiente não são coincidentes, Para os demais grupos estabelecidos com mais de um ambiente (EF-EL; EB-EE) a mesma consideração feita para o caráter “SEM” também é válida. Tais ambientes discriminam os genótipos, para o caráter “MCS”, de forma semelhante.

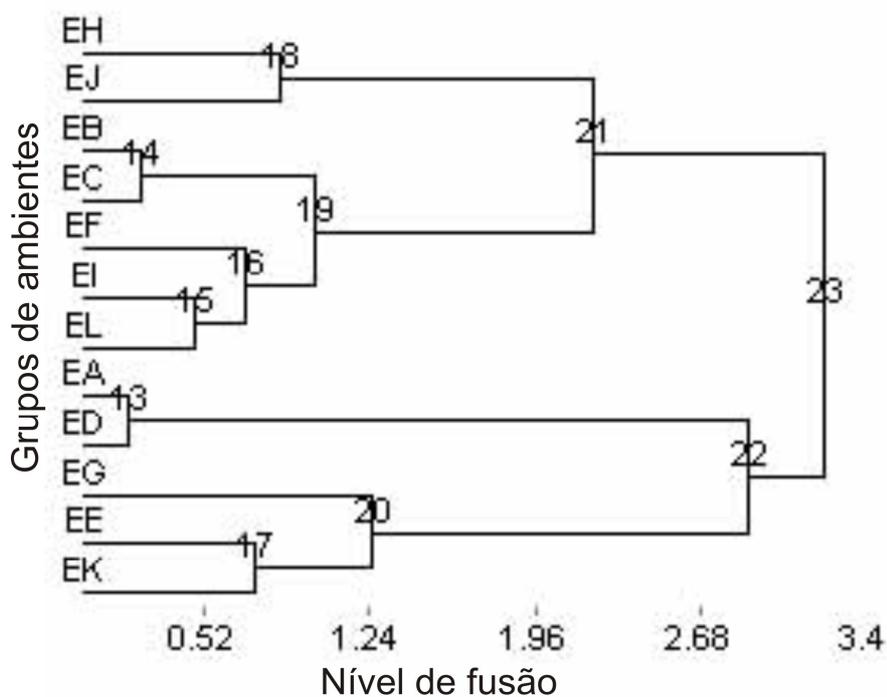


FIGURA 26. Dendrograma de classificação de ambientes usando o método de Ward's em ambientes com as médias padronizadas para o caráter “SEM”

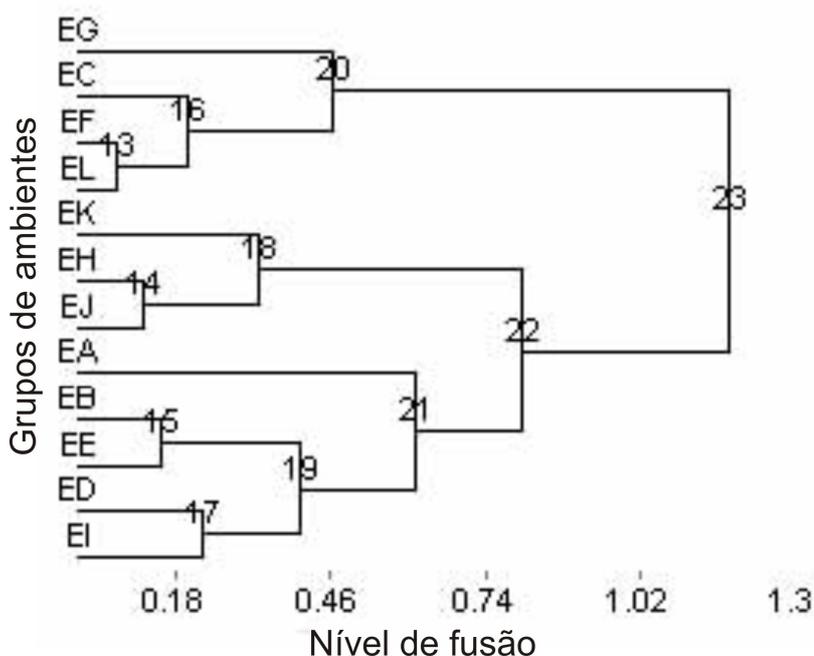


FIGURA 27. Dendrograma de classificação de ambientes usando o método de Ward's em ambientes com as médias padronizadas para o caráter “MCS”

Quanto ao caráter “PRD”, o estudo da análise de padrões identifica os ambientes EA, ED e EE, que constituem o grupo 15 do dendograma, e os ambientes EF e EG (grupo 14), como ambientes que discriminam de forma semelhante os genótipos. Os demais ambientes discriminam de forma específica os genótipos, razão pela qual constituíram grupos isolados (Figura 28). Os ambientes EA, ED e EE referem-se à localidade de Dourados, os dois primeiros, à “época das águas” e o último, à “época da seca”. A análise dos dendogramas permite constatar que para todos os caracteres, exceto para o caráter “MCS”, cuja participação dos efeitos de ambiente na soma de quadrados total foi menos importante que os efeitos de genótipo, os ambientes EA e EB discriminaram da mesma forma os genótipos e estiveram reunidos num mesmo grupo.

Os ambientes EF e EG, que também mostraram similaridade na discriminação dos genótipos para o caráter “PRD”, referem-se ao cultivo na “época da seca”, nos anos agrícolas 2001/2002 e 2002/2003, respectivamente, no município de Aquidauana. A proximidade desses ambientes no dendograma (Figura 28), cujos níveis de junção os colocam num mesmo grupo, indica similaridade macro e microambientais para o cultivo do feijoeiro.

Os resultados da análise de padrões, classificatória para genótipos, para cada um dos caracteres avaliados, encontram-se representados nos dendogramas das Figuras 29, 30, 31 e 32. Para todos os caracteres foram estabelecidos nove grupos de genótipos sendo a maior parte deles grupos individuais. Assim é que para o caráter “VAG” apenas dois grupos com mais de um genótipo se estabeleceram: o grupo 16, reunindo os genótipos Xamego (3), Ouro Negro (5) e Carioca (9) e o grupo 15, reunindo os genótipos Rudá (1) e CNF 4999-Rio Tibagi.(11) (Figura 29).

A magnitude da variação do caráter no grupo 16 foi de 35, 8 vagens/planta para cultivar Ouro Negro a 40,4 para cultivar Xamego, ocorrendo entre as médias diferenças significativas a 5% de probabilidade pelo teste de Scott-Knott. No grupo 15 a média da cultivar Rudá (36,8 vagens/planta) também diferiu significativamente da média obtida pela linhagem CNF 4999-Rio Tibagi (38,3 vagens/planta) (Quadro 26). Observa-se também que a análise não discriminou os genótipos em função das suas características comerciais uma vez que em ambos os grupos foram reunidos genótipos de grupos comerciais diferentes, mas com iguais desempenhos.

Três grupos com mais de um genótipo foram estabelecidos pela análise de padrões para o caráter “SEM”. No grupo 15 do dendograma foram reunidos os

genótipos Rudá (1), Aporé (2) e EMGOPA 201-Ouro (8), no grupo 16 os genótipos Ouro Negro (5) e IAC Carioca Eté (9) e no grupo 17 os genótipos CNF 7535 Bambuí (10) e CNF 4129 A 54. Os demais genótipos mostraram padrões de comportamento específicos que os mantiveram em grupos isolados. (Figura 30).

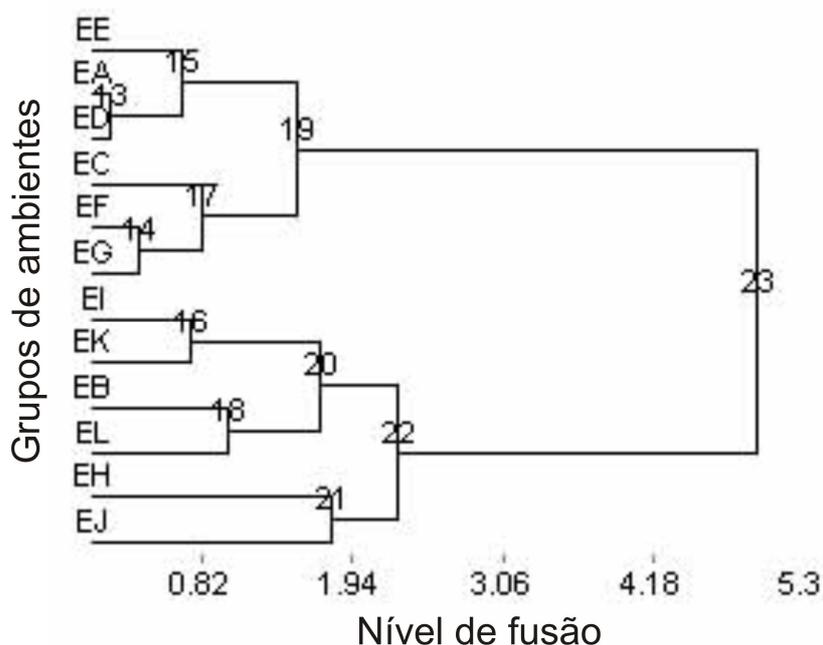


FIGURA 28. Dendrograma de classificação de ambientes usando o método de Ward's em ambientes com as médias padronizadas para o caráter "PRD"

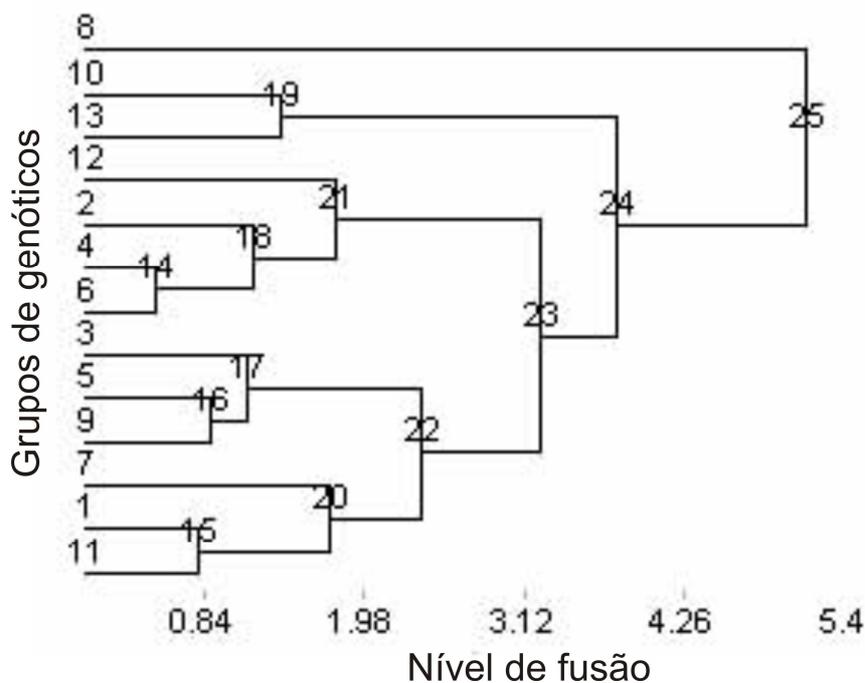


FIGURA 29. Dendrograma de classificação de genótipos usando o método de Ward's em ambientes com as médias padronizadas para o caráter "VAG"

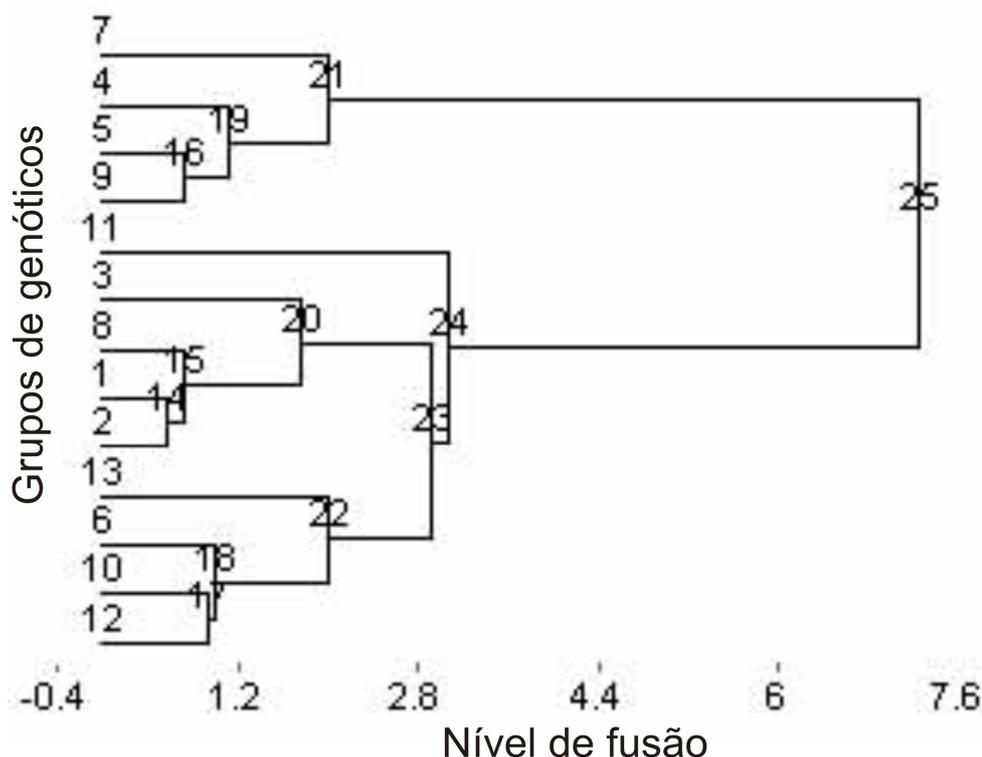


FIGURA 30. Dendrograma de classificação de genótipos usando o método de Ward's em ambientes com as médias padronizadas para o caráter "SEM"

Apenas no grupo 15 as médias dos genótipos não diferiram significativamente e somente o grupo 17 reuniu genótipos com desempenhos semelhantes pertencentes a um mesmo grupo comercial (ambos os genótipos são de grãos de coloração creme) (Quadro 27).

A análise de padrões para o caráter "MCS" permitiu identificar, entre os nove grupos estabelecidos, apenas três com mais de um genótipo: o grupo 14 que aglomerou os genótipos CNF 4129 A 54 (12) e o genótipo CNFv 8025 (13), o grupo 15 com os genótipos Aporé (2) e Pérola (4) e o grupo 17 onde foram reunidos os genótipos Diamante Negro (6), IAPAR-14 (7) e IAC Carioca Eté (9) (Figura 15). Observa-se que em cada um dos grupos estabelecidos as médias dos genótipos não diferiram de forma significativa (Quadro 28), apenas para o grupo 15 a análise discriminou genótipos com desempenhos semelhantes pertencentes ao mesmo grupo comercial (grupo Carioca).

Para o caráter "PRD" também apenas três grupos com mais de um genótipo foram estabelecidos pela análise de padrão, os demais genótipos, com desempenhos específicos, permaneceram constituindo grupos isolados (Quadro 29). O grupo 17 reuniu genótipos com desempenhos similares em todos os ambientes, pertencentes a um

mesmo grupo comercial. As cultivares Xamego (3), Diamante Negro (6) e a linhagem CNF 4999 Rio Tibagi (11) possuem grão com coloração preta, sendo as duas primeiras cultivadas em várias regiões produtoras do país. Observa-se, contudo, que a média da cultivar Xamego, a mais produtiva ( $2037,2 \text{ kg ha}^{-1}$ ), diferiu estatisticamente das médias das demais, que não diferiram entre si (Quadro 29).

De forma semelhante ao grupo 17, o grupo 15 também reuniu genótipos, com resposta similar em todos os ambientes, pertencentes a um mesmo grupo comercial. As cultivares Pérola (4) e IAC Carioca Eté (9) são do grupo carioca e são amplamente cultivadas nas regiões produtoras em função do bom desempenho apresentado, todavia, no presente estudo, ambas apresentaram desempenho apenas regular dentro do conjunto avaliado. O grupo 16 reuniu a linhagem CNFv 8025 (13), de grãos preto, e a cultivar Rudá (1), de grão tipo carioca, cujos desempenhos também diferiram de forma significativa pelo Teste de Scott-Knott a 5% de probabilidade (Quadro 29). Os poucos grupos estabelecidos com mais de um genótipo com resposta similar em todos os ambientes permite inferir sobre a existência de ampla dissimilaridade genética entre os mesmos.

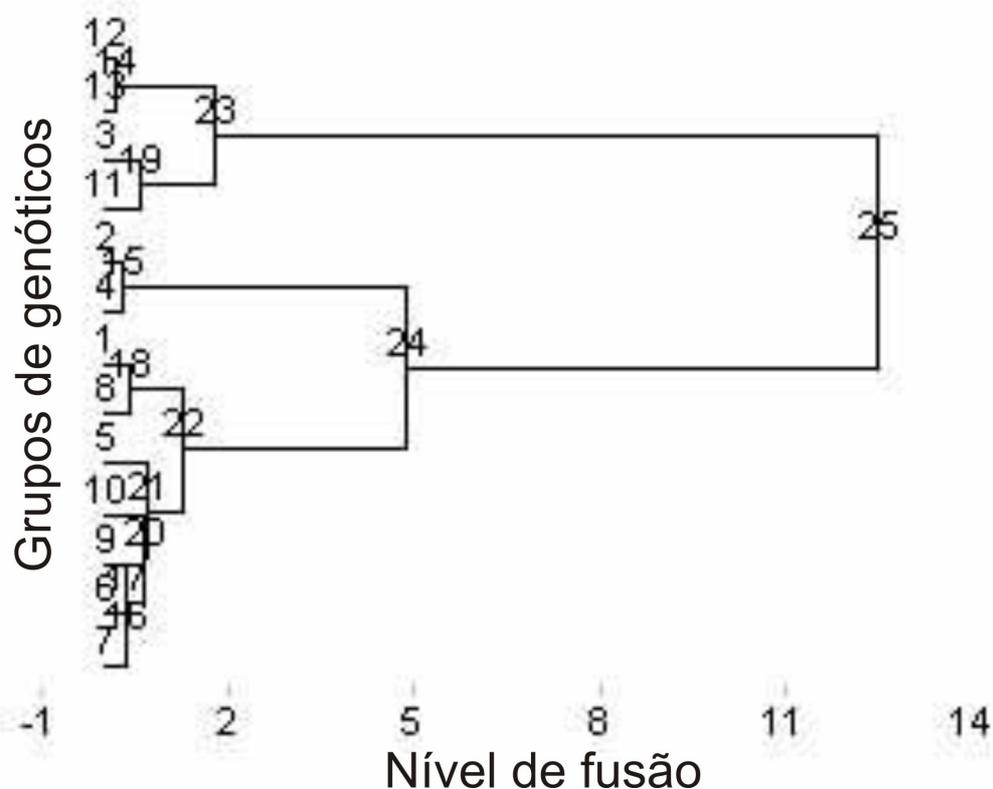


FIGURA 31. Dendrograma de classificação de genótipos usando o método de Ward's em ambientes com as médias padronizadas para o caráter "MCS"

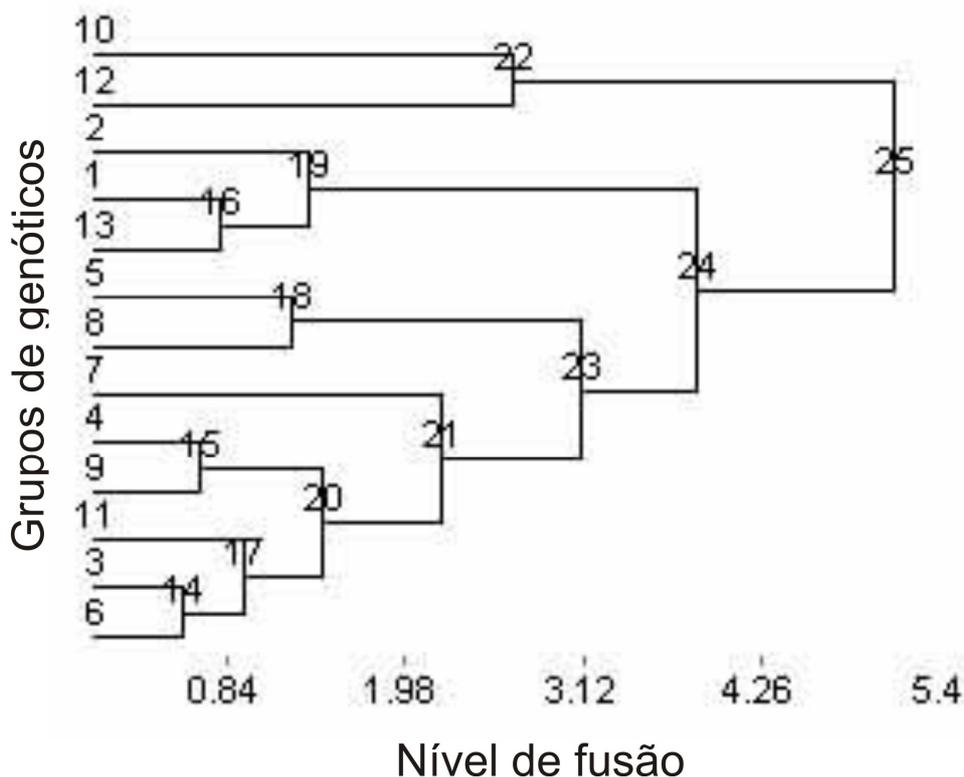


FIGURA 32. Dendrograma de classificação de genótipos usando o método de Ward's em ambientes com as médias padronizadas para o caráter "PRD"

Os dois primeiros componentes principais da análise de ordenação explicaram 59,0; 60,5; 86,5 e 56,6% do total da soma de quadrados da interação GxE, respectivamente, para os caracteres "VAG", "SEM", "MCS" e "PRD" (Figuras 33, 34, 35 e 36), percentagens significativas em se considerando a natureza quantitativa desses caracteres. Nos *biplots* os genótipos são representados por pontos derivados dos seus escores para os dois primeiros componentes principais ( $IPCA_1$  e  $IPCA_2$ ) e os ambientes como vetores dos *biplots* originais de seus pontos.

A análise do *biplot* correspondente ao caráter "VAG" (Figura 33) permite identificar os grupos de genótipos 12 (CNF 4129 A 54), 13 (CNFv 8025), 14 (Pérola) e 10 (CNF 7135 Bambuí) como os mais instáveis em função da alta magnitude de seus escores em relação aos dois eixos de interação ( $IPCA_1$  e  $IPCA_2$ ). Desses, o grupo 13 (CNFv 8025) interage de forma específica e positiva com os grupos de ambientes 15 (EK e EL) e 9 (EI). Um segundo grupo de estabilidade intermediária é definido pelos grupos de genótipos 7 (IAPAR 14) e 8 (EMGOPA 201- Ouro), interagindo de forma positiva com os grupos de ambientes 15 (EK e EL) e 9 (EI), porém, de forma específica negativa com os grupos de ambientes 3 (EC), 6 (EF), 10 (EJ) e 7 (EG) em função dos sinais trocados de seus escores.

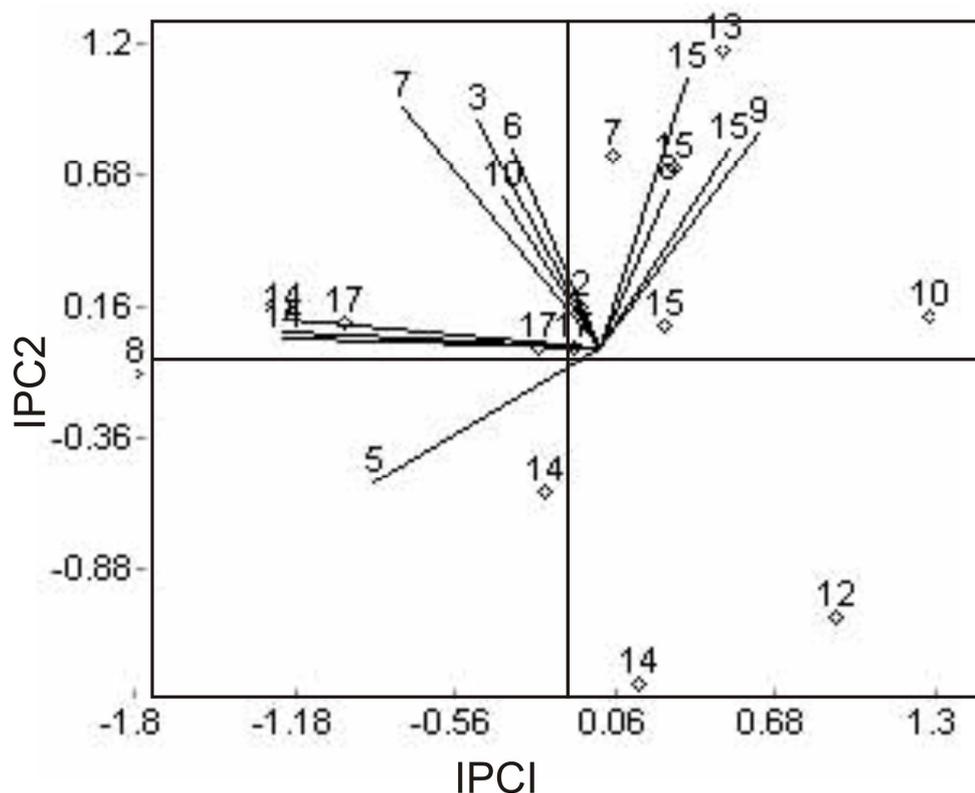


FIGURA 33. Biplot para componentes principais ( $IPCA_1$  x  $IPCA_2$ ) obtidos da ordenação dos dados padronizados de ambiente para o caráter “VAG”. Os ambientes são indicados como vetores dos pontos originais e os genótipos denotados por pontos.

Grupos de genótipos com alta estabilidade para o caráter “VAG” (escores com baixas magnitudes nos eixos de interação) são representados pelos grupos 15 (Rudá e CNF 4999-Rio Tibagii) e 17 (Xamego, Ouro Negro e Carioca Eté). Esses genótipos por serem de alta estabilidade poderão ser cultivados em todos os ambientes testes, todavia, considerando-se o desempenho dos mesmos quanto ao caráter em estudo, apenas as cultivares Rudá e Xamego poderão ser recomendadas como de ampla adaptação para o caráter por terem os melhores desempenhos (Quadro 5).

Na Figura 33, observa-se também que os grupos de ambientes 7 (EC), 15 (EK e EL), 14 (EA, EB e ED), 9 (EI), 5 (EE) e 3 (EC), nessa ordem, foram os que mais influenciaram a magnitude da interação cruzada. Já o grupo 2 (EB) foi o que menos contribuiu para a interação em função da sua alta estabilidade.

Na Figura 34, encontra-se o *biplot* para os dois primeiros componentes principais da interação correspondente ao caráter “SEM”. Os grupos de genótipos com alta instabilidade são representados por genótipos isolados: grupo 11 (CNF 4999-Rio Tibagi), o mais instável de todos; grupo 13 (CNFv 8025); grupo 7 (IAPAR 14); grupo 3

(Xamego) e grupo 4 (Pérola). Desses observa-se interação específica positiva do grupo 13 (CNFv 8025) com os grupos de ambientes 5 (EE) e 7 (EG), do grupo 3 (Xamego) com os grupos de ambientes 15 (EI e EL) e 14 (EB e EC).

Os grupos de genótipos com menores magnitudes de escores em ambos os eixos de interação ( $IPCA_1$  e  $IPCA_2$ ), conseqüentemente, com maior estabilidade, são: grupo 15 (Rudá, Aporé e EMGOPA 201-Ouro); grupo 6 (Diamante Negro); grupo 17 (CNF 7135 Bambuí e CNF 4129) e o grupo 16 (Ouro Negro e Carioca Eté),

A análise dos grupos de ambientes no *biplot* permite identificar o grupo 10 (EJ) como o mais instável, seguido dos grupos 15 (EI e EL), 13 (EA e ED), 14 (EB e EC), o 11 (EK) e o 7 (EG). (Figura 34)

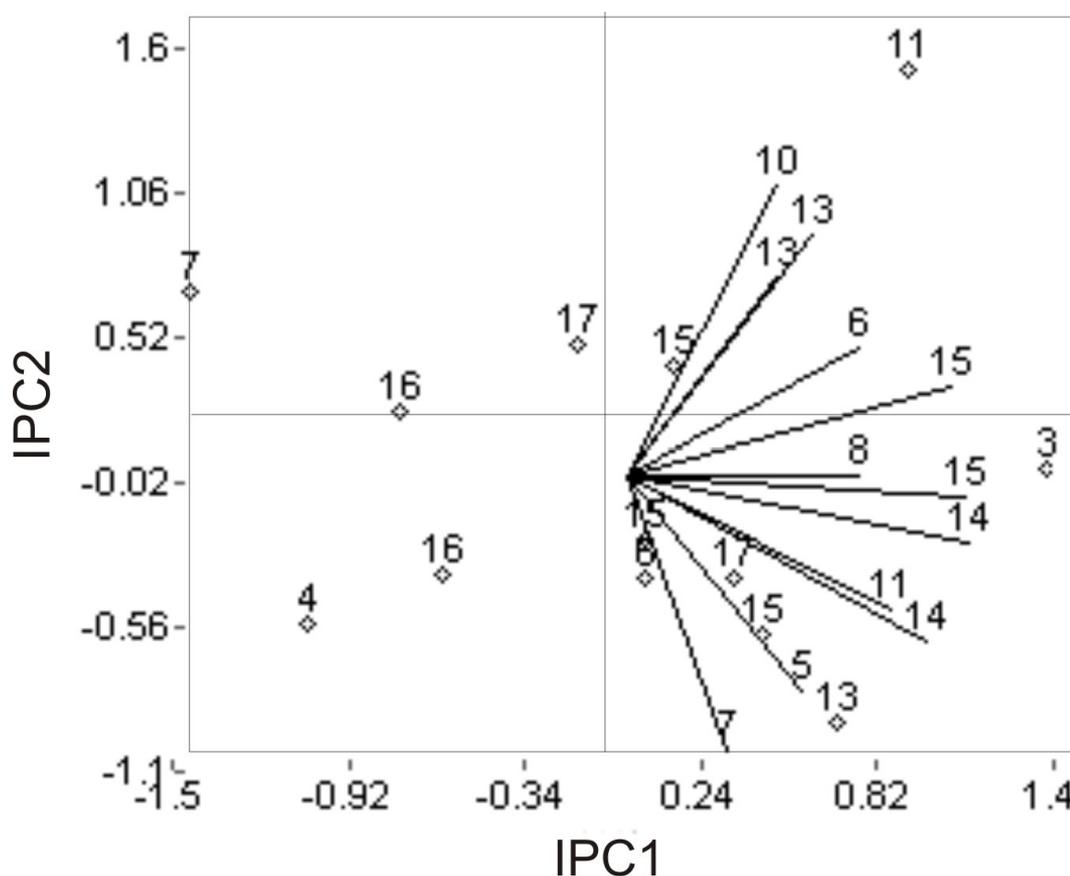


FIGURA 34 .Biplot para componentes principais ( $IPCA_1$  x  $IPCA_2$ ) obtidos da ordenação dos dados padronizados de ambiente para o caráter “SEM”. Os ambientes são indicados como vetores dos pontos originais e os genótipos denotados por pontos.

O *biplot* representativo do caráter “MCS” para os nove grupos de genótipos e de ambientes estabelecidos pela análise de padrões encontra-se na Figura 35. Dos

caracteres avaliados o caráter “MCS” é aquele em que os dois primeiros componentes principais explicam uma maior percentagem da soma de quadrados total da interação GxE (86,5%). Observa-se no *biplot* que os grupos de genótipos mais instáveis para este caráter são os grupos 11 (CNF 4999-Rio Tibagi), 10 (CNF 7135 Bambuí) e 1 (Rudá), os de instabilidade intermediária, os grupos 8 (EMGOPA 201-Ouro), 3 (Xamego) e 5 (Ouro Negro), enquanto que os grupos 14 (CNFV 8025 e Aporé) e 17 (Diamante Negro, IAPAR 14 e IAC Carioca Eté) os mais estáveis.

A análise dos grupos de ambientes no *biplot* permite identificar os grupos 1 (EA) e 7 (EG) como os de maior instabilidade para o caráter e, portanto, aqueles que mais contribuem para a interação GxE. Observa-se que a maioria dos grupos genótipos formados associaram-se de forma negativa aos grupos de ambientes estabelecidos.

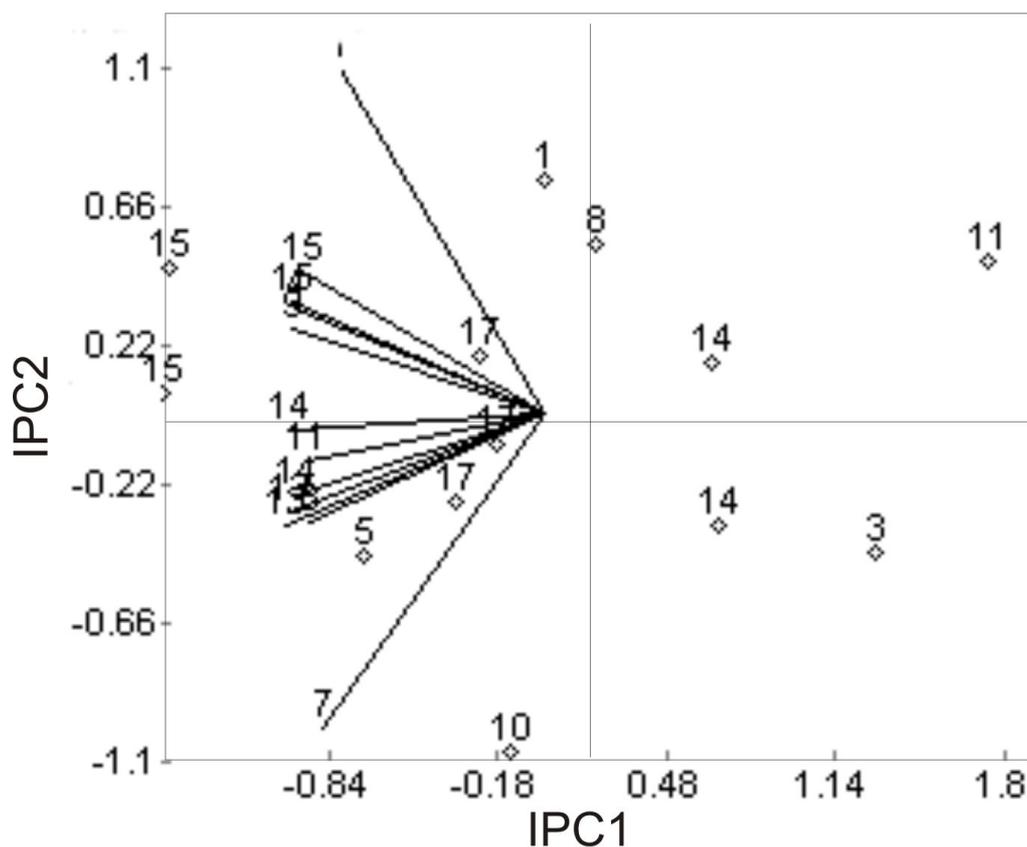


FIGURA 35. Biplot para componentes principais ( $IPCA_1$  x  $IPCA_2$ ) obtidos da ordenação dos dados padronizados de ambiente para o caráter “MCS”. Os ambientes são indicados como vetores dos pontos originais e os genótipos denotados por pontos.

Na Figura 36 encontra-se o *biplot* representativo da ordenação para o caráter “PRD” com bases nos dois primeiros eixos da interação. A análise dos grupos de

ambientes permite identificar os grupos de ambientes 9 (EI), 11 (EK) e 12 (EL) como os mais instáveis. Os dois primeiros são caracterizados pelas mais baixas médias de produtividade de grãos e o último pela mais alta produtividade. Observa-se a interação específica positiva desses ambientes com o grupo de genótipos 16 (Rudá, e CNFv 8025), ambos com produtividade de grãos acima da média (Quadro 29), mostrando ser adaptados a ambientes específicos. Os grupos de ambientes 14 (EF e EG), 15 (EA, ED EE), 3 (EC) e 2 (EB) apresentam instabilidade intermediária.

Desses, os grupos 14 e 3, apresentam produtividade de grãos acima da média e os grupos 15 e 2, produtividade abaixo da média. Interações específicas positivas são também observadas entre o grupo de ambientes 15 e o grupo de genótipos 8 (EMGOPA 201- Ouro). Considerando que a cultivar EMGOPA 201-Ouro se destaca pelo seu ótimo desempenho (Quadro 29), o fato de interagir positivamente com ambientes de produtividade baixa é indicativo da sua capacidade em se adaptar a ambientes específicos desfavoráveis.

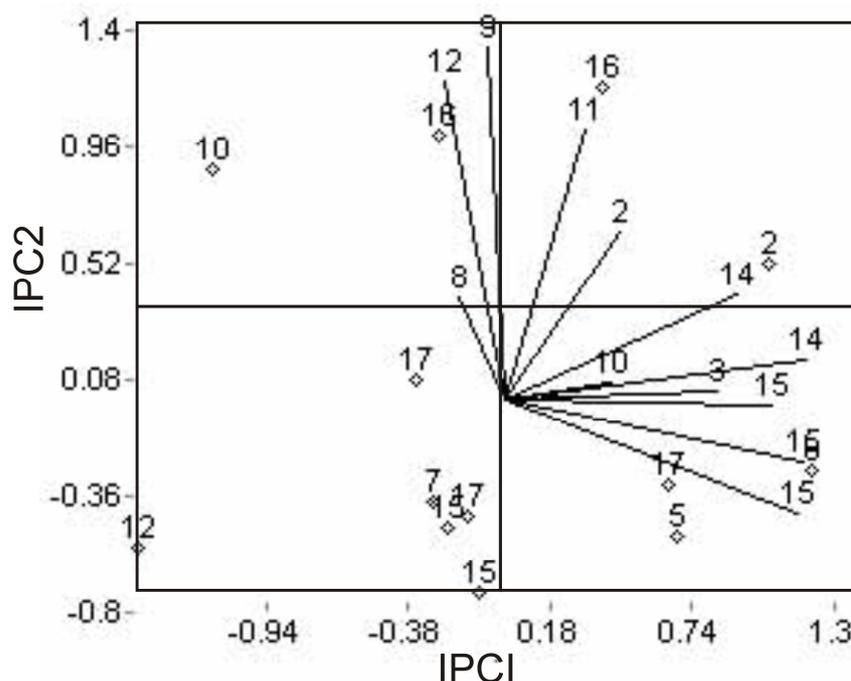


FIGURA 36. Biplot para componentes principais ( $IPCA_1$  x  $IPCA_2$ ) obtidos da ordenação dos dados padronizados de ambiente para o caráter “PRD”. Os ambientes são indicados como vetores dos pontos originais e os genótipos denotados por pontos.

Outra situação de interação específica positiva é observada entre o grupo de ambientes 14 (EF e EG), com alta média de produtividade e o grupo de genótipos 2 (Aporé), caracterizando a adaptação desta cultivar (a de melhor desempenho), a

ambientes específicos de alta produtividade. Os grupos de ambientes 8 (EH) com produtividade média de 2321,0 kg ha<sup>-1</sup>, e 10 (EJ) com produtividade de 1.151,7 kg ha<sup>-1</sup> são os ambientes mais estáveis, o primeiro, um dos mais produtivos e o segundo, o de mais baixa produtividade de grãos.

A análise dos grupos de genótipos permite identificar no *biplot* os grupos de genótipos 12 (CNF 4129 A 54) e 10 (CNF 7135 Bambuí) como os mais instáveis. Ambos se caracterizam pela baixa produtividade de grãos e pela não interação de forma positiva com nenhum dos grupos de ambientes. Instabilidade pode também ser observada no grupo 15 (Pérola e IAC Carioca Eté) cujas cultivares apresentam produtividade abaixo da média, no grupo 16 (Rudá e CNFv 8025), cujos genótipos são adaptados a ambientes específicos (para alta ou baixa produtividade), no grupo 2 (EMGOPA 201-Ouro) com capacidade específica de adaptação para ambientes de baixa produtividade e no grupo 5 (Ouro Negro).

Os genótipos Xamego, Diamante Negro e CNF-4999 Rio Tibagi, todos de grãos preto, pertencentes ao grupo 17, mostram comportamento individualizado no *biplot*, um deles demonstra comportamento estável e os demais instabilidade intermediária, não sendo possível identificá-los uma vez que no *biplot* os mesmos são designados pelo nome do grupo. Similaridade no comportamento, em função da proximidade dos pontos representativos dos escores, é observada entre genótipos dos grupos 7, 17 e 15 e dos grupos 5 e 17.

Comparando os resultados obtidos pela análise de padrões com os obtidos pelas metodologias de estimação de parâmetros de adaptabilidade e estabilidade, adotados neste trabalho, observa-se que há uma maior concordância dos grupos de genótipos estabelecidos pela análise de padrões, em função das suas características de estabilidade, com as classificações obtidas pelos métodos de WRICKE (1965) e pela metodologia AMMI-*biplot*. Já em relação à metodologia de LIN e BINNS (1988) os resultados foram parcialmente concordantes (a maior concordância é observada em relação ao caráter “VAG”). Pouca concordância se observa nos grupos de genótipos estabelecidos pela análise de padrão com a classificação dos genótipos obtida pelo método da regressão linear proposto por Eberhart e Russell (1966).

## 5. CONCLUSÕES

1. Os componentes primários da produção (VAG, SEM e MCS) e a produção de grãos (PRD) respondem de maneira independente às condições ambientais;
2. As metodologias são divergentes na classificação dos genótipos quanto à estabilidade e adaptação, todavia, boa concordância é observada entre as estimativas pelo modelo *AMMI-biplot* e o método de Wricke;
3. O método de Eberhart e Russell não se adequou ao estudo genético realizado não explicando satisfatoriamente o comportamento dos genótipos ante as variações do ambiente;
4. O método de Lin e Binns, embora de fácil aplicação, foi o que mais divergiu nos resultados, devendo ser empregado em conjunto com os demais por fornecer informações adicionais e complementares;
5. Para o caráter “PRD”, no geral, as cultivares Rudá, Xamego, Aporé, Diamante Negro e Pérola são estáveis e de boa adaptação;
6. Os genótipos CNF 7135 Bambuí, CNF 4129 A 54 e EMGOPA 201-Ouro são de comportamento altamente instável com adaptação a ambientes específicos;
7. A análise de padrões mostrou-se eficiente na identificação, para cada um dos caracteres avaliados, de grupos de genótipos com desempenho semelhante em todos os ambientes e grupos de ambientes que discriminam de forma semelhante os genótipos.

## 6. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

ABDALLA, O.S.; CROSSA, J.; AUTRIQUE, E.; DELACY, I.H. Relationships among international testing sites of spring durum wheat. **Crop. Science**, v.36, p.33-40, 1996.

ABREU, A. de F. B.; RAMALHO, M. A. P.; SANTOS, J. B. dos. Desempenho e estabilidade fenotípica em algumas localidades no Estado de Minas Gerais no período de 1989-1991. **Ciência e Prática**, Lavras, v.16, n.1, p. 18 – 24, jan. 1992.

ABREU, A. de F. B.; RAMALHO, M. A. P.; ANDRADE, M.J.B. de.; PEREIRA FILHO, I. A. Estabilidade de linhagens de feijão em algumas localidades no Estado de Minas Gerais no período de 1994 a 1995. **Ciência e Agrotecnologia**, Lavras, v.22, n.3, p. 308-312, 1998.

ALAGARSWAMY, C.; CHANDRA, S. Pattern analysis of international sorghum multi-environment trials for grain-yield adaptation. **Theoretical and Applied Genetics**. v..96, p. 397-405, 1998.

ALLARD, R.W. **Principles of Plant Breeding**. New York: John Wiley and Sons. Inc. 1960, 485p.

ALLARD, R. W.; BRADSHAW, A. D. Implications of genotypes environment interactions in in applied plant breeding. **Journal of Agronomy and Crop Science**, Madison, v.4, 503 – 508, 1964.

ALLIPRANDINI, L. F.; TOLEDO, F. F. de.; FONSECA JÚNIOR, L. A. ; KIHIL, R. A. de S. Análise de adaptabilidade de genótipos de soja no Estado do Paraná. **Pesquisa Agropecuária Brasileira, Brasília**, v.33, n.9, p. 1301–1328, ago. 1998.

ALMEIDA, F. S.; RODRIGUES, B. N.; OLIVEIRA, V. F. **Controle de plantas daninhas na cultura do feijão no Estado do Paraná**. Londrina: IAPAR, 1983. (Circular Técnica).

ALVES, S. J.; TOLEDO, J. F. F. de.; ARAUJO, P. M. de.; CARBUGLIO, D. D. Comportamento de diferentes classes genéticas de milho em relação à adaptabilidade e estabilidade 1. **Revista Brasileira de Milho e Sorgo**, v.5, n.2, p. 291–303, 2006.

AMORIM, E. P.; CAMARGO, C. E. de. O.; FERREIRA FILHO, A. W. P.; PETTINELLI JÚNIOR, A.; GALLO, P. B.; AZEVEDO FILHO, J. A. Adaptabilidade e estabilidade de linhagens de trigo no Estado de São Paulo. *Bragantia*, Campinas, v.6, n.4, p. 575–582, 2006.

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

ANNICCHIARICO, P. Joint regression vs. AMMI analysis of genotype-environment interactions for cereals in Italy. **Euphyta**, Dordredit, v.94, n.1, p. 53–62, 1977.

ARIAS, E. R. A.; RAMALHO, M. A. P.; FERREIRA, D. F. Adaptabilidade e estabilidade de cultivar de milho avaliadas no Estado de Mato Grosso do Sul. **Ciência e Agrotecnologia**, Lavras, v.20, n.4, p.415-420, out/dez. 1996.

BECKER, H. C.; LEON, J. Stability analysis in plant breeding. **Plant Breeding**, Berlin, v. 101, p.1-23, 1988.

BILBRO, J. D.; RAY, L. L. Environmental stability and adaptation of several cotton cultivars. **Journal of Agronomy and Crop Science**, Madison, v.16, p. 821-824, 1976.

BORGES, L. C.; FERREIRA, D. F.; ABREU, A. F. B.; RAMALHO, M. A. P. Emprego de metodologias de avaliação da estabilidade fenotípica na cultura do feijoeiro. **Revista Ceres**, Viçosa, v.47, n. 269, p. 89-102, 2000.

BREESE, E. L. The measurement and significance of genotype-environment interaction in grasses. **Heredity**, Oxford, v.24, p.27-44, 1969.

BYTH, D.E.; EISEMANN, R.I.; DELACY, I.H. Two-way pattern analysis of a large data set to evaluate genotypic adaptation. **Heredity**, v. 37, p. 215-230, 1976.

CAMPOS, H. **Estatística Experimental não paramétrica**. Piracicaba: ESALQ/USP, 1983, 349 p.

CARBONELL, S. A. M.; AZEVEDO FILHO, J.A. de.; SANTOS, D. L. A. dos.; GONÇALVES, C.; ANTÔNIO, C. B. Adaptabilidade e estabilidade de produção de cultivares e linhagens de feijoeiro no Estado de São Paulo. **Bragantia**, Campinas, v.60, n.2, p. 69-77, 2001.

CARNEIRO, P. C. S. **Novas metodologias de análise de adaptabilidade e estabilidade de comportamento**. 1998. 168 f. Tese (Doutorado) – Universidade Federal de Viçosa, Viçosa.

CARVALHO, F. I. F.; FEDERIZZI, L. C.; NODARI, R. O.; FLOSS, E.; GANDIN, C. L. Analysis of stability parameters and genotype x environment interaction in oats grain yield in Rio Grande do Sul (Brasil). **Revista Brasileira de Genética**, Ribeirão Preto, v.3, p.517-532, 1982.

CARVALHO, L. P. de.; COSTA, J. N. da.; FREIRE, E. C.; FARIAS, J. C. Adaptabilidade e estabilidade de linhagens de algodoeiro originárias de materiais silvestres. **Revista Ceres**, v.47, n.271, p. 303-310, 2000.

CARVALHO, G.G.P.; ARIAS, C.A. A.; TOLEDO, L. A. de.A.; KIHIL, R. A. de S.; OLIVEIRA, M. F. de. Interação genótipo x ambiente no desempenho da soja no Paraná. **Pesquisa Agropecuária Brasileira, Brasília**, v. 37, p. 989-1000, jul. 2002.

CHAVES, L. J. Interação de genótipos com ambientes. In: NASS, L. L.; VALOIS, A. C. C.; MELO, I. S.; VALADARS-INGLIS, M. C. C. **Recursos genéticos e melhoramento-Planta**. Rondonópolis: Fundação MT, 2001. p. 673-713.

COELHO, A. D. F.; CARDOSO, A. A.; ANDRADE ARAUJO, G. A.; FURTADO, M. R.; AMARAL, C. L. F. Herdabilidades e correlações da produção do feijão e dos seus componentes primários nas épocas de cultivo da primavera-verão e do verão-outono. **Ciência Rural**, Santa Maria, v.32, n.2, p.211-216, 2002.

CONAB Companhia Nacional de Abastecimento. 9º Levantamento de grãos 2006/07. Disponível em: [www.conab.gov.br/conabweb/safra/9levsafra.pdf](http://www.conab.gov.br/conabweb/safra/9levsafra.pdf)

COOPER, M.; DELACY, I.H. Relationship among analytic methods used to study genotypic variation and genotypic-by-environment interaction in plant breeding multi-environments trials. **Theoretical and Applied Genetics**. v.88, p. 561-572, 1994.

CORNELIUS, P. L.; SEYEDSADR, M.; CROSSA, J. G. Using the shifted multiplicative model to search for “separability” in crop cultivar trials. **Theoretical and Applied Genetics**, Berlin, v.84, p. 161-172, 1992.

COSTA, J. C.; MARINHO, J.T. de S.; FERREIRA, R. de C. A.; LEDO, F. I. da S.; MORAES, R. N. de S. Adaptabilidade e estabilidade da produção de cultivares de milho recomendadas para o Estado do Acre. **Ciência e Agrotecnologia**, Lavras, v.23, n.1, p. 7-11, jan/fev. 1999.

CROSSA, J. Statistical analysis of multilocal trials. **Advances in Agronomy**, San Diego, v.44, p. 55-85, 1990.

CROSSA, J.; YANG, R-C.; CORNELIUS, P.L. Studying crossover genotypic x environment interaction using bilinear models and mixed models. **Journal of Agricultural , Biological and Environmental Statistic**. v. 9, p. 362-380, 2004.

CRUZ, C. D. **Programa GENES: Biometria**. Viçosa: Editora UFV, 2006, 382 p.

CRUZ, C. D.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. Viçosa: Editora UFV, 2003, 385 p.

CRUZ, C. D.; REGAZZI, AJ; CARNEIRO, PCS. **Modelos Biométricos aplicados ao Melhoramento Genético**. 3ª edição. Editora UFV, Viçosa, 2004, 585p.

CRUZ, C. D.; TORRES, R. A. de.; VENCOVSKY, R. An alternative approach to be stability analysis proposed by Silva e Barreto. **Revista Brasileira de Genética**, Ribeirão Preto, v.12, p. 567-580, 1989.

CUBERO, J. L.; FLORES, F. **Métodos estadísticos para el estudio de la estabilidad varietal em ensayos agrícolas** . Junta de Andalucía, Sevilla, 1994.

DEBOUCK, C. D.; THOME, J. Implications for beans breeders of studies on the origin of common beans, *Phaseolus vulgaris* L. In: CENTRO INTERNACIONAL DE AGRICULTURA TROPICAL. **Current topics in breeding of the common bean**. Cali, (Colômbia): CIAT, 1989. p.3-47.

DELACY, I.H.; BASFORD, K.E.; COOPER, M.; BULL, J.K.; MacLAREN, C.G. Analysis of multi-environments trials. Historical perspective. In: COOPER, M.;

HAMMER, G.L. (Eds). **Plant adaptation and crop improvement**. Wallingford: CAB International/IRRI/ICRISAT, 1996, p.39-124.

DELACY, I.H.; REDDEN, D.G.; BULTLER, T. Analysis of line x environment interactions for yield in navy beans. 3. Pattern analysis of environments over years. **Australian Journal of Biological Sciences**, v. 51, p. 619-628, 2000.

DICKSON, M. K.; BOETTGER, M.A. Effect of high and low temperatures on pollen germination and seed set in snap beans. **Journal of the American Society for Horticultural Science**, St. Joseph, v.109, n.3, p. 372-374, 1984.

DUARTE, J. B. **Estudo da adaptabilidade e estabilidade fenotípica nas linhagens e cultivares de feijão-mulatinho (*Phaseolus vulgaris L.*)**. 1988. Dissertação (Mestrado) – Universidade Federal de Goiânia, Goiânia-GO.

DUARTE J.B. Aspectos gerais da interação genótipos x ambientes com ênfase na formação de redes de avaliação (Compact disc). In: CONGRESSO BRASILEIRO DE MELHORAMENTO DE PLANTAS, 1. Goiânia. 2001. **Resumos ...** Goiânia: SBMP. 2001

DUARTE, J. B.; VENCOVSKY, R. **Interação genótipos x ambientes: uma introdução à análise AMMI**. 1999. 60 p. Monografia (Série Monografias) – Sociedade Brasileira de Genética, Ribeirão Preto-SP.

DUARTE, J. B.; VENCOVSKY, R.; DIAS, C. I.dos S. Estimadores de componentes de variância em delineamentos de blocos aumentados com tratamentos novos de uma ou mais populações. **Pesquisa Agropecuária Brasileira, Brasília**, v.36, n.9, p. 1115-1167, set. 2001.

DUARTE, J. B.; ZIMMERMANN, M. J. de O. Adaptabilidade e estabilidade de rendimentos de genótipos de feijoeiro-comum. **Pesquisa Agropecuária Brasileira, Brasília**, v.29, n.1, p. 25-32, jan. 1994.

DUARTE, J. B.; ZIMMERMANN, M. J. de O. Correlations among yield stability parameters in common bean. **Journal of Agronomy and Crop Science**, v.35, p. 905-912, 1995.

EASTON, H. S.; CLEMENTS, R. J. The interaction of wheat genotypes with a specific factor of the environment. **Journal of Agricultural Science, Cambridge**, v.80, p. 43-52, 1973.

EBERHART, S.A.; RUSSELL, W. A. Stability parameters for comparing varieties . **Journal of Agronomy and Crop Science**, v.6, p. 36-40, 1966.

ELIAS, H. T.; HEMP, S.; SCAPIN, C. A.; RODOVALHO, M. de A.; ROYER, M. R.; MORA, F.; BARRETO, R. R. Análise de estabilidade de genótipos de feijoeiro no Estado de Santa Catarina. **Acta Scientiarum Agronomy, Maringá**, v.27, n.4, p. 623-628, oct/dez. 2005.

ESTADO DE MATO GROSSO DO SUL Secretaria de Planejamento e Coordenação Geral. **Atlas Multirreferencial**. Campo Grande: SEPLAC, 1990, 28p.

FARIAS, F. J. C.; RAMALHO, M. A. P.; CARVALHO, L. P.; MOREIRA, J. A. N.; COSTA, J.N. da. Comparação entre métodos de avaliação de estabilidade para rendimento em cultivares de algodoeiro herbáceo. **Ciência e Prática**, v. 19, p. 252-255, 1995.

FARIAS, F. J. C.; RAMALHO, M. A. P.; CARVALHO, L. P.; MOREIRA, J. A. N.; COSTA, I. N. da. Parâmetros de estabilidade proposto por Lin e Binns (1988) comparados com o método de regressão. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 32, n.4, p. 497-414, abr. 1997.

FERREIRA, F. D.; DEMÉTRIO, C. G. B.; MANLY, B. F. J.; ALMEIDA MACHADO, A. de.; VENCOVSKY, R. Statistical models in agriculture: Biometrical methods for evaluating phenotypic stability in plant breeding. **Cerne**, Lavras, v. 12, n.4, p. 373-388, out/dez. 2006.

FINLAY, R. W.; WILKINSON, G. N. The analysis of in a plant-breeding program. **Australian Journal of Agricultural Research**, v.14, p. 742-754, 1963.

FONSECA JÚNIOR, N. S. Análise de estabilidade fenotípica: considerações sobre quatro metodologias. In: SIMPÓSIO DE ESTATÍSTICA APLICADA À EXPERIMENTAÇÃO AGRONÔMICA. 2. 1987, Londrina. **ANAIS...** Londrina: Universidade Estadual de Londrina, 1987. p. 193-212.

FOX, P. N.; CROSSA, J.; ROMAGOSA, I. Multienvironmental testing and genotype x environment interaction. In: KENPTON, R. A.; FOX, P. N. **Statistical methods for plant variety evaluation**. London: Chapman & Hall, 1997. p. 117-138.

FOX, P.N.; ROSIELLE, A.A. Reducing the influence of environmental main-effects on pattern analysis of plant-breeding environments. **Euphytica**, v. 31, p. 645-656, 1992.

FREIRE FILHO, F. R.; RIBEIRO, V.Q.; ROCHA, M. de M.; LOPES, A. C. de A. Adaptabilidade e estabilidade de grãos de linhagens de caupi de porte enramador. **Revista Ceres**, Viçosa, v.49, n. 284, p. 383-393, 2002.

FREIRE FILHO, F. R.; RIBEIRO, V. Q.; ROCHA, M. de M.; LOPES, A. C. de A. Adaptabilidade e estabilidade da produtividade de grãos de genótipos de caupi enramador de tegumento mulato. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v.38, n.5, p.591-598, mai. 2003.

FREIRE FILHO, F. R.; RIBEIRO, V. Q.; ROCHA, M. de M.; RIBEIRO, V. Q.; LOPES, A. C. de A. Adaptação e estabilidade produtiva de feijão caupi. **Ciência Rural**, Santa Maria, v.35, n.1, p. 24-30, jan. 2005.

GABRIEL, K. R. The biplot-graphical display of matrices with applications to principal components analysis. **Biometrika** [SI], v.58, p. 453-467, 1971.

GAUCH, H. C. **Statistical analysis of regional yield trials: AMMI analysis of factorial designs**. New York: Elsevier Science, 1992. 278 p.

GAUCH, H. C.; ZOBEL, R. W. Predictive and postdictive success of statistical analysis of yields trials. **Theoretical and Applied Genetics**, Berlin, v.35, n.3, p. 905-912, 1988.

GAUCH, H. G.; ZOBEL, R. W. AMMI analysis of yield trials: KANG, M. S.; GAUCH, H. G. **Genotype by environment interaction**. Boca Raton : CRC Press, 1996. p. 85-122.

GOLLOB, H. F. A statistical model which combines features of factor analytic and analysis of variance techniques. **Psychometrika**, Baltimore, v. 33, n.1, p. 73-115, 1968.

GUZMÁN, P.; MANDALA, D.; JOHNSON, B.; GEPTS, P.; MKANDAWIRW, A. B. C.; CLUBERTSON, R. L. Further evidence that distinct groups of the angular leaf spot fungus, *Phaeoisariopsis griseola*, area associated with Andean or Middle American bean gene pools. **Annual Report Bean Improvement Cooperative**, New York, v.37, n.37, p 31-32, mar. 1994.

HARDWICK, R. C.; WWOOD, J. T. Regression methods for studying genotype-environment interactions. **Heredity**, v. 28, p. 209-222, 1972.

HELGADÓTTIR, A.; KRISTJÁNSÓTTIR, T. Simple approach to the analysis of G x E interactions in a multilocal spacial plant trial with timothy . **Euphytica**, Wageningen, v.54, p. 65-73, 1991.

HUENH, M. Nonparametric measures of phenotypic stability. Parte 1: Theory. **Euphytica**, v.47, n.5, p. 189-194, 1990a.

HUENH, M. Nonparametric measures of phenotypic stability. Parte 2: Applications. **Euphytica**, v. 47, p. 195-201, 1990b.

INTERNATIONAL RICE RESEARCH INSTITUTE (IRRI). **CROPSTAT v. 7.0. Tutorial Manual**. Fillipines: Crop Research Informatic Laboratory, International Rice Research Institute, 2007. 332p.

JIMÉNEZ, R. A.; VILLA, F. B. Prediccion del valor genético: métodos. In: BUXADE, C. **Zootecnia, bases de produccion animal**. /Tomo IV. Genética, patologia, higiene y residuos animales. Madrid: Ediciones Mundi-Pensa, 1995. p. 109-122.

JOBIM, C. I. P.; WESTPHALEN, S. L.; FEDERIZZI, L. C. Análise da interação genótipo x ambiente para o rendimento de grãos em feijão. **Pesquisa Agropecuária Gaúcha**, Porto Alegre, v.5, p. 161-171, 1999.

KAYA, Y.; AKCURA, M.; RAMAZAN, A.; SEYFI, T. Pattern analysis of multi-environment trials in bread wheat . **Communications in Biometry and Crop Science**, Poland. v.1, n. 2, p. 63-71, 2006.

KEMPTON, R. A. The use of biplots in interpreting variety by environment interactions. **Journal of Agricultural Science**, Cambridge, v.103, p. 123-135, 1984.

LILLEMO, M.; TRETOWAN, M. van G.R.M.;HERNANDEZ, E.; RAJARAM, S. Associations among international CIMMYT bread wheat yield testing locations in high rainfall areas and their implications for wheat-breeding. **Crop Science**, v.44, p. 1163-1169, 2004.

LINN, C. S.; BINNS, M. R. A. A superiority measure of cultivar performance for cultivar x location data. **Canadian Journal of Plant Science**, v.68, p. 193-198. 1988..

LIN, C. S.; BINNS, M. R.; LEFKOVITCH, L. P. Stability analysis: Where do we stand? **Journal of Agronomy and Crop Science**, Madison, v.26, p. 894-900, 1986.

LOPES, M. T.; VIANA, J. M. S.; LOPES, R. Adaptabilidade e estabilidade de híbridos de famílias endogâmicas de milho pelos métodos dos híbridos crípticos. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v.36, n.3, p. 483-491, marc. 2001.

LORENCETTI, C.; CARVALHO, F. I. F. de; MARCHIORO, V. S.; BENIN, G.; OLIVEIRA, A. C. de.; FOSS, E. L. Implicações da aplicação de fungicida na adaptabilidade e estabilidade de rendimento de grãos de aveia branca. **Ciência Rural**, Santa Maria, v.34, n.3, mai-jun. 2004.

MAIA, M. C. C.; VELLO, N. A.; ROCHA, M. de M.; PINHEIRO, J. B.; SILVA JÚNIOR, N. F. da. Adaptabilidade e estabilidade de linhagens experimentais de soja selecionadas para caracteres agrônômicos através de método uni-multivariado. **Bragantia**, Campinas, v.65, n.2, p. 215-216, 2000.

MANDEL, J. A new analysis of variance model for non-additive data. **Thechnometrics**, Alexandria, v.13, p. 1-8, 1971.

MAURO, A. O. di; CURCIOLI, V. B.; NÓBREGA, J. C. M.; BANZATO, D. A.; SEDIYAMA, T. Correlação entre medidas paramétricas e não paramétricas de estabilidade de soja. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.35, n.4, p. 687-696, 2000.

MARIOTTI, J. A.; OYARZABAL, E. S.; BULACIO, A. N. R.; ALMADA, G. H. Analises de estabilidad y adaptabilidad de genótipos de cana de azucar. I. Interacione dentro de una localidad experimental. **Rev. Agron. N. O. Argent.**, Argentina, v.13, n1-4, p. 405-412, 1976.

MIRANDA, G. V. **Comparação de métodos de avaliação da adaptabilidade e estabilidade de comportamento de cultivares: exemplo com a cultura de feijão (*Phaseolus vulgaris* L.)** 1993. 120 p. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento) – Universidade Federal de Viçosa, Viçosa-MG.

MIRANDA, G. V.; CRUZ, C. D.; VIEIRA, C.; ANDRADE, A. G. A. de. Comparação de quatro métodos de avaliação de estabilidade fenotípica de cultivares de feijão.. **Revista Ceres**, Viçosa, v. 44, n.256, p. 627-638, 1977.

MONELLI, V. L. **Distância de cultivares em relação ao melhor genótipo na análise de grupos de experimentos.** 1996. 178 f. Dissertação (Mestrado) ESALQ/USP, Piracicaba-SP.

MONTÁLVAN, R.; VELASCO, J. C. M. Interação genótipo x ambiente: Aspectos básicos. In: DESTRO, D.; MONTÁLVAN, R. **Melhoramento genético de plantas**. Londrina: UEL, 1999. p. 131-140.

MONTEIRO, M. A. R.; CRUZ, J. C.; OLIVEIRA, A. C. de.; RAMALHO, M. A. P.; PINHO, R. G. von. Desempenho de cultivares de milho para a produção de grãos no Estado de Minas Gerais. **Ciência e Agrotecnologia**, Lavras, v.24, n.4, p. 881-888, out/dez. 2000.

MORAIS, O. P. **Adaptabilidade, estabilidade de comportamento e correlações fenotípicas, genotípicas e de ambientes em variedades e linhagens de arroz (*Oriza sativa* L.)**. 1980. 70p. Dissertação (Mestrado em Genética de Melhoramento) – Universidade Federal de Viçosa, Viçosa-MG.

NASSAR, R.; HUENH, M.; Studies on estimation of phenotypic stability . Tests of significance for non-parametric measures of phenotypic stability. **Biometrics**, Dordrecht, v.43, n.1, p.45-53, 1987.

NUNES, G. H. de S.; ELIAS, H. T.; HEMP, S.; SOUZA, M.A. de Estabilidade de cultivares de feijão-comum no Estado de Santa Catarina. **Revista Ceres**, Viçosa, v. 46, p. 625-633, 1999.

OLIVEIRA, A. C. **Comparação de alguns métodos de determinação da estabilidade em plantas cultivadas**. 1976. 64 p. Dissertação (Mestrado) – Universidade de Brasília, Brasília-DF.

OLIVEIRA, G. G.; CARNEIRO, P. C. S.; CARNEIRO, J. E. de S. Adaptabilidade e estabilidade de linhagens de feijão comum em Minas Gerais. **Pesquisa Agropecuária Brasileira, Brasília**, v.41, n.2, p. 257-265, fev. 2006.

OLIVEIRA, A. B.; DUARTE, J. B.; PINHEIRO, J. B. Emprego da análise AMMI na avaliação da estabilidade produtiva em soja. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v.38, n.3, p. 357-364, mar. 2003a.

OLIVEIRA, J. P.; MOREIRA JÚNIOR, W. N.; DUARTE, J. B.; CHAVES, L. J.; PINHEIRO, J. B. Genotype-environment interaction in maize hybrids: an application of the AMMI model. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v.3, n.3, p. 185-192, 2003b.

PEIXOTO, N.; BRAS, L. T.; BANZATO, D. A.; OLIVEIRA, A. P. adaptabilidade e estabilidade em feijão vagem de crescimento indeterminado. **Horticultura Brasileira**, v.20, n.4, dez. 2002.

PEIXOTO, T. C.; SILVA, J. G. C. da.; BARRETO, J. N. Técnicas de análise de interação genótipo por ambiente e estabilidade de clones de cana-de-açúcar. In: SIMPÓSIO DE ESTATÍSTICA APLICADA À EXPERIMENTAÇÃO AGRONÔMICA. 1., 1985, Piracicaba. **Anais...** Campinas: Fundação CARGILL, 1985. p. 243-258.

PEREIRA, E. B.; ABREU, A. de F. B.; ARAÚJO, G. A. de A. Comportamento de cultivares de feijão (*Phaseolus vulgaris* L.) na região Sul de Minas Gerais. **Ciência e Prática**, Lavras, v.11, n.2, p. 190-198, jun/dez. 1987.

PEREIRA FILHO, T.A; RAMALHO, M.A.P; PEREIRA,S. Avaliação de progênies de feijão e estimativas de parâmetros genéticos na região do Alto São Francisco em Minas Gerais. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**. Brasília, v.22, n. 9/10, p. 987-993, 1987

PERKINS, J. N.; JINKS, J. L. Environmental and genotype-environmental components of variability – IV. Non-linear interactions for multiple inbred lines. **Heredity**, v.23, p. 523-535, 1968.

PIANA, C. F. de B.; ANTUNES, I. F.; SILVA, J. G. C. da.; SILVEIRA, E. P. Adaptabilidade e estabilidade de rendimentos de grãos de genótipos de feijão. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v.34, p.553-564, 1999.

PIEPHO, H. P. Robustness of statistical test for multiplicative interaction model for cultivar trial. **Theoretical and Applied Genetics**, Berlin, v. 90, n.3, p. 438-443, 1995.

PIMENTEL-GOMES, F. **Curso de Estatística Experimental**. Piracicaba, Nobel, 1990. 466 p.

PINHO, R. G. von.; BRUGNERA, A.; PACHECO, C. A. P.; GOMES, M. de S. Estabilidade de cultivares de milho-pipoca em diferentes ambientes no Estado de Minas Gerais. **Revista Brasileira de Milho e Sorgo**, v.2, n.1, p. 53-61, 2003.

PINTUS, M. J. Estimate of genotypic value: a proposed method. **Euphytica**, Wageningen, v.22, p. 121-123, 1973.

PLAISTED, R. L.; PETERSON, L. C. A technique for evaluating the ability of selection to yield consistently in different locations or seasons. **AM. Potato J.**, Washington, v.36, n.6, p. 381-385, 1959.

PRADO, E. do.; HIROMOTO, D. M.; GODINHO, V. de P. C.; UTAMI, M. M.; RAMALHO, A. R. Adaptabilidade e estabilidade de cultivares de soja em cinco épocas de plantio no cerrado de Rondônia. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v.36, n.4, p. 625-635, abr. 2001.

RAMALHO, M.A.P. Melhoramento do feijoeiro. In: SIMPÓSIO SOBRE ATUALIZAÇÃO EM GENÉTICA E MELHORAMENTO DE PLANTA. 1997. Lavras-MG. **Anais...**Lavras: UFLA, 1997. p. 169-196.

RAMALHO, M. A. P.; FERREIRA, D. F.; OLIVEIRA, A. C. de. **Experimento em genética e melhoramento de plantas**. Lavras: UFL, 2000, 326 p.

RAMALHO, M. A. P.; SANTOS, J. B. dos; ZIMMERMANN, M. J. de O. **Genética Quantitativa em plantas autógamas: aplicação ao melhoramento do feijoeiro**. Goiânia: UFG, 1993, 271 p.

REDEEN, R. J.; DELACY, I.H.; BURLER, D.G.; USHER, T. Analysis of line by environment interactions for yield navy beans. 2. Pattern analysis of cultivars and environment within years. **Australian Journal of Biological Sciences**, v. 51, p. 607-617, 2000.

RESENDE, M. D. V. de.; THOMPSON, R. Factor analytic multiplicative mixed models in the analysis of multiple experiments. **Revista de Matemática e Estatística**, São Paulo, v.32, n.2, p. 31-52, 2004.

RIBEIRO, N. D.; JOST, E.; POSSEBON, S. B.; GARGNELUTTI FILHO, A. Adaptabilidade e estabilidade de cultivares registradas de feijão em diferentes épocas de semeadura para a depressão central do Rio Grande do Sul. **Ciência Rural**, Santa Maria, v.34, n.5, p. 1395-1400, set-out. 2004.

RIBEIRO, P. H. C.; RAMALHO, M. A. P.; FERREIRA, F. D. Adaptabilidade e estabilidade de genótipos de milho em diferentes condições ambientais. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v.35, p. 2212-2222, 2000.

RIEDE, C. R.; BARRETO, J. N. Estudo da estabilidade de cultivares de trigo recomendados para as regiões Norte e Oeste do Estado do Paraná. In: SIMPÓSIO DE ESTATÍSTICA APLICADA À EXPERIMENTAÇÃO AGRONÔMICA. 1. 1985, Piracicaba. **Anais...** Campinas: Fundação CARGILL, 1986. p. 227-242.

ROBERTSON, A. **Experimental design on the measurement of heritabilities and genetic correlations. Biometrical genetics.** New York: Pergamon Press, 1959, 186 p.

ROCHA, M. M. **Seleção de linhagens experimentais de soja para adaptabilidade fenotípica e estabilidade fenotípica.** 2002. 174 f. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) – ESALQ/USP, Piracicaba, 2002.

ROSSE, L. N.; VENCOVSKY, R; FERREIRA, F. D. Comparação de métodos de regressão para avaliar a estabilidade fenotípica em cana-de-açúcar. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 37, n.1, p. 25-32, jan. 2002.

SANTOS, J. B.; VELLO, N. A.; RAMALHO, M. A. P. Stability of grain yield and its basic components in beans (*Phaseolus vulgaris* L.). **Revista Brasileira de Genética**, Ribeirão Preto, v.4, p. 761-772, 1982.

SEARLE, S. R.; CASELLA, G.; Mc CULLOCH, C. E. **Variance components.** New York: John Wiley & Sons, 1992, 501 p.

SCAPIM, C. A.; OLIVEIRA, V. R.; BRACCINI, A. d. L.; CRUZ, C. D.; ANDRADE, C. A. de B.; VIDIGAL, M. C. G. Yield stability (*Zea mays* L.) and correlations among the parameters of the Eberhart e Russell, Lin and Binns and Huehn models. **Genética e Biologia Molecular**, Ribeirão Preto, v.23, n.2, p. 387-393, 2000.

SCOTT, A. J.; KNOTT, M. A. A cluster analysis method for grouping means in the analysis of variance. **Biometrics**, Raleigh, v.30, n.3, p. 507-512, 1974.

SILVA, J. G. C. da. Análise da adaptabilidade através de regressão linear segmentada 1. Fundamentos. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v.30, n.4, p. 435-448, 1995.

SILVA J. G. C. da. Análise da adaptabilidade por regressão segmentada com estimação da junção dos segmentos. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v.33, n.7, p. 1013-1029, 1998.

SILVA, J. G.C. da.; BARRETO, J. N. A. aplicação de regressão linear segmentada em estudos de interação genótipos x ambientes. In: SIMPÓSIO DE ESTATÍSTICA APLICADA À EXPERIMENTAÇÃO AGRONÔMICA. 1.1985. Piracicaba. **Anais...** Campinas: Fundação CARGILL, 1985. p. 227-242.

SILVA, W. C. J. de.; DUARTE, J. B. Métodos estatísticos para estudo de adaptabilidade e estabilidade fenotípica em soja. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.41, n.1, p. 23-30, jan. 2006.

STOBIBE, E. H.; ORMROD, D. P.; WOOLEY, C. J. Blossoming and fruit set patterns in *Phaseolus vulgaris* L. as influenced by temperature. **Canadian Journal of Botany**, Ottawa, v.44, p.813-819, 1966.

STORCK, L. VENCOVSKY, R. Stability analysis based on a bi-segmented-discontinuous model with measurement errors in the variables. **Revista Brasileira de Genética**, Ribeirão Preto, v.17, n.1, p. 75-81, 1994.

TAI, G. C. C. Genotype stability analysis its application to potato regional trials. **Journal of Agronomy and Crop Science**, v.11, p. 184-190, 1971.

TOLER, J. E. **Patterns of genotype performance over environmental arrays**. 1990. 154 p. Tese ( Ph D) – Clemson University, Clemson.

TOLER, J. E.; BURROWS, P. M. Genotype over environment array: a non-linear grouping protocol. **Journal of Applied Statistics**, [S I], v.25, n.1, p. 131-143, 1998.

VENCOVSKY, R.; BARRIGA, P. Genética biométrica no fitomelhoramento. **Revista Brasileira de Genética**, Ribeirão Preto, p. 486, 1992.

VENDRUSCOLO, E.C.G.; SCAPIM, C.A.; PACHECO, C.A.; OLIVEIRA, V.R. de; BRACCINI. A. de L.; GONÇALVES-VIDIGAL, M.C. Adaptabilidade e estabilidade de cultivares de milho-pipoca na região centro-sul do Brasil. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**. v.36, n.1, p. 123-130, 2001

VERMA, M. N.; CHACAL, G. S.; MURTY, B. R. Limitations of conventional regression analysis e proposed modification. **Theoretical and Applied Genetics**. New York, v.53, n.2, p.89-91, 1978.

VERONESI, J. A. **Comparação de métodos e avaliação de adaptabilidade e estabilidade de comportamento de vinte genótipos de milho (*Zea mays* L.) em dez ambientes do Estado de Minas Gerais**. 1995. 90 p. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento) – Universidade Federal de Viçosa, Viçosa-MG.

VICENTE, D.; PINTO, R. J.; SCAPIM, C. A. análise da adaptabilidade e estabilidade de linhagens elite de soja. **Acta Scieentiarum Agronomy**, Maringá, v.26, n.3, p. 301-307, 2004.

VIEIRA, C. **O feijoeiro-comum, cultura, doenças e melhoramento**. Viçosa: Universidade Federal de Viçosa, 1976, 229p.

VIEIRA, C.; BORÉM, A.; RAMALHO, M. A. P. Melhoramento do feijão. In: BORÉM, A. (ed) **Melhoramento das plantas cultivadas**. Viçosa: UFV, 1999, p. 273-349.

WARD, J.H. Hierarchical grouping to optimize an objective function. **Journal of the American Statistical Association**, v. 58, p. 236-244, 1963.

WATSON, S.H.; DELACY, I.H.; PODLICH, D.W.; BASFORD, K.E. GEBEL. **An analysis using agglomerative hierarchical classificatory and SVD ordination procedures for genotype x environment data** .1996 Research report # 57, Department of Mathematics, the University of Queensland, Australia. [http://biometrics.ag.uq.au/software .htm](http://biometrics.ag.uq.au/software.htm).

WILLIAMS, W.T. **Pattern analysis in agricultural science**. Melbourne/Amsterdam: Elsevier Cientific Publishing Company. 1976. 331p.

WRICKE, G. ZUR. Berechimung der okovalenz. Bei Sommerweizen und Hafer. **Zeitschrift fur Pflanzenziichtung**, Berlin, v.52, p. 127-138, 1965.

YAN, W. GGEbiplot-a Windows application for graphical analysis of multienvironment trial data and other types of two-way data. **Agronomy Journal**, Madison, v. 93, p.1111-1118, 2001.

YAN, W.; KANG, M.S. **GCE Biplot analysis: A Graphical Tool for Geneticists Breeders and Agronomists**. Boca Raton: CRC Press, 2003.

YATES, F.; COCHRAN, W. G. The analysis of groups of experiments. **Journal of Agricultural Science**, v.28, p. 556-580, 1938.

YAU, S. K. Regression and AMMI analysis of genotype x environment interactions. **Agronomy Journal**, Madison, v.87, n.1, p.121-126, 1995.

ZHANG, Y.; HE, Z.; ZHANG, A.; GINKEL van, M.; YE, G. Pattern analysis on grain yield performance of Chinese and CIMMYT spring wheat cultivars sown in China and CIMMYT. **Euphytica**, v. 147, p. 409-420, 2006.

ZIMMERMANN, M. J. de O.; CARNEIRO, J. E. S.; DEL PELOSO, M. J.; COSTA, J. G.; RAVA, C. A.; SARTORATO, A.; PEREIRA, P. A. A. F. Melhoramento genético e cultivares. In: ARAUJO, R. S.; RAVA, C. A.; STONE, L. F.; ZIMMERMANN, M. J. de O (eds). **A cultura do feijoeiro-comum no Brasil**. Piracicaba: Associação Brasileira para Pesquisa da Potassa e do Fosfato, 1996, p. 223-262.

ZOBEL, R. W.; WRICGHT, M. J.; GAUCH, H.G. Statistical analysis of a yield trial. **Agronomy Journal, Madison**, v.80, p. 388-383, 1988.

## CAPÍTULO - 2

### **DIVERGÊNCIA GENÉTICA EM GENÓTIPOS DE FEIJOEIRO (*Phaseolus vulgaris* L.)**

**DIVERGÊNCIA GENÉTICA EM GENÓTIPOS DE FEIJOEIRO** (*Phaseolus vulgaris* L.)

Autor: Agenor Martinho Correa

Orientador: Manoel Carlos Gonçalves

## RESUMO

O objetivo deste trabalho foi o de estimar a dissimilaridade genética entre 13 genótipos de feijoeiro comum, entre variedades comerciais e linhagens avançadas, procedentes do Banco de Germoplasma da EMBRAPA-CPAF (Goiânia-GO). Foram utilizados dados dos caracteres primários da produção: número de vagem por planta, número de sementes por vagem e massa de 100 sementes e dados da produção de grãos, obtidos em experimentos conduzidos no delineamento experimental de blocos ao acaso, com três repetições, em Aquidauana-MS e Dourados-MS, nas épocas de cultivo “da seca e “das águas”, em Dourados, e apenas na época “da seca” em Aquidauana, no período de 2000/2001 a 2005/06. Os genótipos foram agrupados por meio de técnicas de análise multivariada (agrupamento do vizinho mais próximo, variáveis canônicas e componentes principais). Paralelamente indicou-se a contribuição relativa dos caracteres avaliados para a dissimilaridade genética e as combinações híbridas mais promissoras para produzir recombinações superiores, utilizando, como medida de dissimilaridade, a distância generalizada de Mahalanobis ( $D^2$ ). As estimativas foram efetuadas para cada um dos 12 ambientes experimentais (combinações de local x ano x época de cultivo). Os resultados obtidos permitiram concluir que as técnicas multivariadas utilizadas são eficientes na identificação de genótipos dissimilares e no estabelecimento de grupos de similaridade, contudo, são divergentes quanto aos grupos formados que, por sua vez, sofrem a influência do ambiente nas suas composições, isto é, a distância genética entre os genótipos de um dado grupo é modificada pelo ambiente. Observou-se também que as técnicas utilizadas mostram boa concordância nas estimativas da contribuição dos caracteres para a divergência genética e que o caráter “MCS” é o que mais contribui para a dissimilaridade genética entre os genótipos avaliados. As associações mais divergentes são: “Aporé x CNF 7135 Bambuí”; “Aporé x CNF 4129 A 54”; “Aporé x CNF4999-Rio Tibagi” e “Aporé x Xamego” e os mais

similares “Diamante Negro x Ouro Negro”; “EMGOPA 201-Ouro x Ouro Negro” e “CNF 7135 Bambuí x IAPAR 14”. Os genótipos Aporé, Xamego, Pérola e CNF 4999 Rio Tibagi são os mais distante geneticamente do grupo, sendo que, os dois primeiros, pelo bom desempenho apresentado, poderão ser utilizados estrategicamente em hibridações artificiais dirigidas visando a obtenção de progênies superiores.

## GENETIC DIVERGENCE IN COMMON BEAN GENOTYPES

Author: Agenor Martinho Correa

Adviser: Manoel Carlos Gonçalves

### ABSTRACT

The objective of the work was to estimate genetic divergence among thirteen genotypes of common bean, involving commercial varieties and advanced lines, from the Germoplasm Bank of the Embrapa-CNPAP (Goiânia-GO). It was used data from the primary characters of the yield: number of pod per plant (POD); number of seeds per pod (SEED) and mass of 100 seeds (MHS) and data of the grain yield (PRD), obtained in trials carried out in randomized complete block experimental design with three replications, in Aquidauana-MS and Dourados-MS, in the “dry” and “rain” crop seasons, in the period from 2000/2001 to 2005/2006. The genotypes were grouped by multivariate techniques using hierarchical method (nearest neighbor), canonic variables and principal components. Beside this indicated the relative contribution of the analyzed characters for genetic dissimilarity and the most combination hybrids to obtain superior recombination using the Generalized Distance of Mahalanobis ( $D^2$ ) to measure dissimilarity. The estimates were made for each of the 12 experimental environments (combinations of place x year x crop season). It was concluded that the multivariate techniques used are efficient for the identification of dissimilarity genotypes, however, they are divergent related to the groups formed which, in their turn, are influenced by the environment. The genetic distance among the genotypes of particular group is influenced by the environment. It was also observed that the techniques used show a good agreement in the estimates of the contribution of the characters for the genetic divergence. The character “MHS” is that most contributes to the genetic dissimilarity among the genotypes evaluated. The most divergent associations are: “Aporé x CNF 4129 A 54”; “Aporé x CNF 4999 Rio Tibagi” and “Aporé x Xamego” and the most similar are: “Diamante Negro x Ouro Negro”; “EMGOPA 201 Ouro x Ouro Negro” and “CNF7135 x IAPAR 14”. The genotypes Aporé, Xamego, Pérola and CNF 4999

Rio Tibagi are genetically more distance within the group and the first two, due to the good performance shown, can strategically be used in directed artificial hybridizations.

## 1. INTRODUÇÃO

O feijoeiro comum (*Phaseolus vulgaris* L.) é uma leguminosa que se adapta a diferentes condições edafoclimáticas, o que permite o seu cultivo durante todo o ano, em quase todos os Estados brasileiros, possibilitando uma constante oferta do produto no mercado. Em razão das condições ambientais em que a cultura é explorada, da diversidade de preferência, tanto dos consumidores como dos agricultores e das inúmeras introduções que vêm sendo realizadas, é enorme a variabilidade genética existente no germoplasma nacional. Essa ampla variabilidade disponível é essencial para o sucesso dos programas de melhoramento de praticamente todos os caracteres de importância econômica da cultura (RAMALHO et al., 1993).

Como o melhoramento do feijoeiro baseia-se, principalmente, na hibridação de cultivares e linhagens, gerando populações segregantes em que se procede à seleção de linhagens superiores, torna-se importante o conhecimento da dissimilaridade entre os genitores. Em vista disto, estudos sobre divergência genética são de grande importância em programas de melhoramento, pois permitem obter genitores adequados à obtenção de híbridos com maior efeito heterótico e que proporcionem maior segregação em recombinações, gerando população de base genética ampla que possibilite o aparecimento de transgressivos (CRUZ e CARNEIRO, 2003). Isto é possível quando a população base para seleção alia ampla variabilidade genética com alta média para o caráter selecionado (MALUF e FERREIRA, 1983). Tal expectativa decorre do fato de que a heterose e a capacidade específica de combinação entre dois genitores dependem da existência de dominância no controle do caráter e da presença de dissimilaridade (FALCONER e MACKAY, 1996).

Informações quanto a diversidade e a divergência genética dentro da espécie são consideradas essenciais para o uso racional de recursos genéticos nos programas de melhoramento (LOARCE et al., 1994). Ribeiro e Storck (2003) consideram que a utilização de genitores não divergentes ou similares reduz as chances de obtenção de progressos na seleção, pois, além da perda de tempo com hibridações e conduções de populações a campo a probabilidade de desenvolver uma cultivar superior é diminuída.

Os critérios para a escolha dos progenitores normalmente se restringem à análise de seu comportamento *per se* e nos resultados de cruzamentos dialélicos com base nos quais pode se estimar a heterose e a capacidade específica e geral de combinação, manifestada nos híbridos, com os quais se podem tirar inferências sobre a

divergência genética das variedades. Tais alternativas apresentam dificuldades de ordem prática na realização dos cruzamentos, que aumentam quando um grande número de progenitores é envolvido.

Outras medidas são as de natureza preditiva (CRUZ e CARNEIRO, 2003) que têm a vantagem de dispensar a obtenção prévia das combinações híbridas e induzir os melhoristas a concentrar seus esforços somente nas combinações mais contrastantes, com maiores chances de sucesso, já que esta divergência genética está relacionada à heterose manifestada nos cruzamentos (MALUF e FERREIRA, 1983; FALCONER e MACKAY, 1996).

Outra forma de se estimar a divergência genética é por meio de técnicas de análise multivariada ou associações entre elas. Essas alternativas têm como finalidade básica a redução do número de variáveis e, conseqüentemente, a simplificação na obtenção das distâncias genéticas. Sua eficiência depende da quantidade de variação que essas novas variáveis explicam em relação às variações existentes nos caracteres originais. Vários melhoristas têm utilizado as técnicas multivariadas para estimar a divergência genética com a finalidade de reduzir os esforços na obtenção dos híbridos e concentrá-los somente nas combinações possivelmente promissoras para o programa de melhoramento.

A estimativa da distância genética entre genótipos pode também ser feita a partir de marcadores moleculares. A vantagem, nesse caso, é a possibilidade de se obter um grande número de dados, o que permite amostrar a variabilidade genética de modo mais eficiente e, conseqüentemente, estimar a distância genética de modo mais preciso.

Assim sendo, este trabalho teve por objetivos promover o agrupamento de 13 genótipos, por meio de várias metodologias, em função da dissimilaridade genética apresentada; indicar a contribuição relativa dos caracteres avaliados para a dissimilaridade genética; apontar as combinações híbridas mais promissoras para produzir recombinações superiores e comparar a eficiência das metodologias empregadas.

## 2. REVISÃO DE LITERATURA

### 2.1. Origem, Domesticação, Dispersão e Variabilidade genética

O feijoeiro comum é uma planta anual, diplóide ( $2n = 2x = 22$ ), originado das Américas, considerado como espécie não cêntrica, ou seja, não possui um centro específico de localização de origem, com centros de domesticação independentes (HARLAN, 1971 e 1975). Responde por 95% dos feijoeiros cultivados no mundo (MARIOT, 1989) ocupando uma área aproximada de 12 milhões de hectares (SINGH, 1989). Apesar disto, é uma planta geneticamente pouco estudada quando comparada a plantas como o milho, ervilha ou tomate (NODARI et al., 1992).

De Candolle (1883), botânico ilustre do século XIX, em seu tratado sobre a origem das plantas cultivadas colocou o feijoeiro comum entre as espécies de origem desconhecida. Vavilov (1949/50), com base em seu método fitogeográfico, mostrou nas primeiras décadas do século passado, que o centro de diversidade das espécies de feijão *Phaseolus vulgaris*, *P. coccineus*, *P. lunatus* e *P. acutifolius* localizava-se no México e América Central, pois foram nessas áreas que ele encontrou a maior variedade de formas dessa espécie. Identificou ainda um centro secundário de diversidade genética na área montanhosa que compreende o Peru.

É importante distinguir centro de origem de centro de diversidade ou domesticação. Segundo Ramalho et al. (1993), o centro de diversidade corresponde ao local ou aos locais onde ocorre a maior variabilidade genética entre os indivíduos da espécie cultivada e das espécies relacionadas, enquanto o centro de origem é a área geográfica em que a espécie se originou. O descobrimento de Vavilov, apesar da distinção feita acima, constitui forte indício a favor da origem americana do feijoeiro. Atualmente foram obtidas evidências botânicas, bioquímicas, arqueológicas, filológicas que certificam essa origem e também informações que essa espécie foi domesticada em distintas áreas da América Latina (GEPTS, 1984).

Formas silvestres de *P. vulgaris* têm sido encontradas apenas nas Américas e são consideradas como ancestrais das atuais formas cultivadas. Ocorrem do norte da Argentina até o norte do México, cobrindo uma extensão quase contínua de 7.000 km<sup>2</sup> de zonas montanhosas com 500 a 2.500 m de altitude (DEBOUCK e THOME, 1989). Essas formas silvestres cruzam-se facilmente com as modernas variedades de *P. vulgaris* produzindo gerações F<sub>1</sub> e F<sub>2</sub> férteis, indicando que as formas silvestres e

cultivadas pertencem à mesma espécie e que não emergiu entre elas nenhum mecanismo reprodutivo que as isolassem (GEPTS e DEBOUCK, 1991).

As formas selvagens encontradas tanto no México, América Central (*P. vulgaris* var. *mexicanus*) e nos Andes, como na América dos Sul (*P. vulgaris* var. *aborigeneus*), embora apresentem diferenças botânicas entre si, caracterizam-se por apresentarem plantas trepadoras, com vagens pequenas que, secas, abrem-se ejetando as sementes ou são tardiamente deiscentes, grande número de sementes por vagem, sementes pequenas de várias cores sendo que as escuras e mosqueadas ficam praticamente invisíveis quando se misturam aos resíduos da superfície do solo e sementes duras que atrasam a germinação (DELGADO SALINAS et al., 1988; BRUCHER, 1988).

Atualmente se aceita que o feijão comum teve dois centros principais de domesticação e um terceiro de menor expressão, todos localizados na América Latina (DEBOUCK, 1988; GEPTS e DEBOUCK, 1991). O primeiro localiza-se na região central das Américas e é denominado de centro mesoamericano. Estende-se desde o sudeste dos Estados Unidos até o Panamá, tendo como zonas principais o México, Guatemala, Nicarágua, El Salvador, Honduras e Costa Rica, sendo nele encontrado os tipos mais cultivados de *P. vulgaris*, *P. lunatus*, *P. coccineus* e *P. acutifolius*.

O segundo localiza-se no sul dos Andes, é denominado de centro sul andino e se estende do norte do Peru até as províncias do noroeste da Argentina, sendo nele encontradas as espécies *P. vulgaris*, *P. lunatus* e *P. vulgaris* var. *aborigeneus*. O terceiro centro, o norte andino, provavelmente intermediário entre os dois primeiros, se estende desde a Colômbia, Venezuela até o norte do Peru e possui menos espécies que o centro mesoamericano.

Tais afirmações foram feitas com base nas análises eletroforéticas que demonstraram os vários tipos de faseolina encontradas no feijão. No centro mesoamericano predomina, nos feijões silvestres e cultivados, a faseolina do tipo “S” (92%), nos feijões do centro sul andino, especialmente nas formas selvagens, predomina a faseolina do tipo “T” (50%), sendo também encontradas outros tipos de faseolina como a “C”, “H” e “A”. O tipo “B” foi encontrado somente em feijoeiros cultivados da Colômbia, (GEPTS, 1984; GEPTS et al., 1986).

A faseolina é a mais importante proteína de reserva do grão do feijoeiro (OSBORN, 1988). É uma globulina solúvel somente em altas concentrações salinas, correspondendo de 35 a 56% do nitrogênio total da semente (MA e BLISS, 1978). É

detectada nos cotilédones 14 dias após o florescimento, sendo seu armazenamento estendido por mais 12 a 14 dias (SUN et al., 1979). Existe uma correlação entre o tipo de faseolina e o tamanho da semente. Cultivares com tipo “T”, “C”, “H” e “A” têm sementes maiores que as cultivares com os tipos “S” e “B” da faseolina.

Novos tipos de faseolina foram identificados por Koenig et al. (1990). O tipo “J” em formas silvestres na Argentina e o tipo “I” num acesso silvestre no norte do Peru. Formas variantes da faseolina “S” foram também encontradas em feijões cultivados: A “Sb” em algumas cultivares de sementes no Brasil, como Rio Tibagi e Mulatinho Vagem Roxa e a “Sd” nas cultivares do altiplano Central do México. Esses mesmos autores verificaram também que a distribuição da faseolina “B” é mais ampla do que se supunha, abrangendo, além da Colômbia, também a América Central.

Gepts et al. (1986) e Gepts e Bliss (1986) combinando informações do tipo de faseolina e tamanho de semente, também concluíram pela existência de três centros de domesticação do feijoeiro: o primeiro no México e América Central, cuja domesticação deu origem a cultivares de sementes pequenas com faseolina do tipo “S” (centro de domesticação mesoamericano), o segundo na Colômbia cuja domesticação originou cultivares com sementes pequenas e faseolina do tipo “B” e o terceiro no sul dos Andes, onde a domesticação deu origem a cultivares de sementes grandes com faseolina do tipo “T” e, possivelmente, os tipos “A”, “C” e “H” (centro de domesticação andino), em concordância com os trabalhos posteriores de Debouck (1988) e Gepts e Debouck (1991). O primeiro e o terceiro centro de domesticação os autores classificaram como primários e o da Colômbia, de menor importância, secundário.

A domesticação do feijoeiro trouxe-lhe diversas modificações em relação às formas silvestres podendo ser mencionado: (a) - crescimento mais restringido e formas mais compactas da planta tornando-as de menor altura e mais ereta; (b) - menor número de sementes por vagem; (c) - sementes com maior permeabilidade à água, permitindo-lhe uma germinação mais uniforme e um cozimento mais fácil; (d) - supressão do mecanismo de dispersão das sementes; (e) - grande número de cores das sementes incluindo diversos feitios de manchas, salpicos e estrias; (f) - diminuição do conteúdo de fibras nas vagens; (g) - ocorrência de neutralidade ao comprimento do dia permitindo o cultivo do feijão em zonas temperadas (SMARTT, 1998).

O processo de domesticação de uma planta resulta na seleção de características importantes para a sobrevivência da população nas condições em que está sendo trabalhada. Isto resulta no chamado “efeito de afinamento” em termos de

diversidade genética, ou seja, a partir de um “background” genético bastante rico, alguns grupos de genes de interesse vão sendo mantidos na população e outros eliminados (STRALIOTTO e TEIXEIRA, 2000). Daí a importância dos estudos envolvendo os feijoeiros selvagens visando recuperar genes que são importantes nas condições atuais de cultivo.

Pereira e Souza (1992) trabalhando com 192 “raças crioulas” coletadas no Brasil encontraram, por meio de eletroforese unidimensional, somente dois tipos de faseolina: “S” e “T”. Apesar de ter sido observado variabilidade nas características morfológicas das sementes de algumas dessas raças, não foi observada heterogeneidade no tipo de faseolina, com predominância da faseolina “S” em todos os Estados brasileiros estudados (80,6% do tipo “S” e 19,4% do tipo “T”). O tamanho das sementes com faseolina do tipo “T” (centro primário de domesticação andina) foi superior ao do tipo “S” (centro primário de domesticação mesoamericano) confirmando a predominância de materiais de origem mesoamericana no Brasil, com distribuição uniforme nas diversas regiões.

No Brasil, de acordo com Vieira et al. (1999) são comuns as cultivares de sementes pequenas e faseolina do tipo “S”, como os feijões Carioca, Chumbinho, Rosinha e muitos outros e também feijões graúdos, com faseolina tipo “T”, como as cultivares Manteigão Fosco, Goiano Precoce, Jalo e muitos outros. Gepts et al. (1988) sugerem que no mínimo duas, mas possivelmente três rotas devem ser responsáveis pela introdução do feijão no Brasil: uma para os feijões pequenos, mesoamericanos, seria originária do México seguindo para o Caribe, Colômbia, Venezuela e daí para o Brasil; uma segunda rota para os feijões grandes, com faseolina “T”, como a cultivar Jalo, proveniente dos Andes (Peru); e uma terceira rota proveniente da Europa, com os feijões sendo trazidos por imigrantes que de lá vieram (introduções mais recentes).

Singh (1989) fez um estudo a partir de 18.300 acessos de germoplasmas de *P. vulgaris* pertencentes ao banco de germoplasma do Centro Internacional de Agricultura Tropical (CIAT). Estas plantas foram estudadas quanto às variações morfológicas, ciclo, tipo de vagem e semente. A partir desses dados, Singh estabeleceu padrões de distribuição dessas características que levaram à descrição de 12 conjuntos (“pools”) gênicos presentes nos germoplasmas de origem andina e mesoamericana.

Os 12 conjuntos gênicos definidos por Singh (1989) foram agrupados em seis raças, onde cada raça constituiu-se em um ou mais conjuntos gênicos dentro dos genótipos de origem andina ou mesoamericana (SINGH et al., 1991b). Os membros de

cada conjunto gênico possuem certas características morfológicas, agronômicas, fisiológicas, bioquímicas ou moleculares distintas, diferindo dos outros nas frequências alélicas dos genes, controlando tais características. Todas essas características foram avaliadas através de análise estatística multivariada permitindo os agrupamentos descritos a seguir (SINGH, et al., 1991a).

Os genótipos de origem mesoamericana foram distribuídos dentro dos conjuntos gênicos de 1 a 6, os quais foram então agrupados em três raças distintas:

(a) – raça Mesoamericana (M), conjuntos gênicos 1, 2, 3 e 4. Encontrada no México e América Central, caracterizada por sementes pequenas (< 25 g/100 sementes), faseolina tipo “S”, “Sb” ou “B”, hábitos de crescimento II e III e sementes com tegumento de coloração preta e vermelha, sendo pertencentes a esta raça, cultivares como Mulatinho, Rio Tibagi, Carioca, Puebla 152, Rosinha, Negro Argel, entre outras. Nesta raça podem ser encontrados genes responsáveis por insensibilidade ao fotoperíodo, resistência ao mosaico comum do feijoeiro, tolerância à mancha angular, ao mosaico dourado do feijoeiro, às altas temperaturas, ao estresse hídrico e baixa fertilidade.

(b) – raça Durango (D), compreendendo o conjunto gênico 5. Composta principalmente por cultivares do tipo indeterminado, prostradas de hábito de crescimento do tipo III, folhas pequenas, sementes médias (25 a 40 g/100 sementes) e faseolina tipo “S” ou “Sb”. A raça encontra-se distribuída nas zonas semi-áridas do centro e zonas altas do norte do México e sudoeste dos Estados Unidos. É fonte de genes para maturidade precoce, tolerância à seca, alto índice de colheita, tolerância a algumas viroses e à antracnose.

(c) – raça Jalisco (J), conjunto gênico 6. Encontrada em áreas úmidas do México central e Guatemala. As cultivares dessa raça podem atingir 3 metros de altura em seu habitat natural, sendo, obviamente de hábito indeterminado tipo IV, possuem sementes de tamanho médio e genes desejáveis para alta produtividade, resistência à antracnose, tolerância à mancha angular e baixa fertilidade do solo. A faseolina é do tipo “S”.

Os genótipos de origem andina distribuíram-se entre os conjuntos gênicos 7 a 12, que foram agrupados dentro das raças:

(d) – Nueva Granada (N), conjunto gênico 7, 8 e 9. O germoplasma é principalmente de hábito de crescimento I, II e III, com cultivares apresentando sementes de tamanho médio a grande (> 40 g/100 sementes), faseolina tipo “T”, sendo a

cultivar Jalo um exemplo desta raça. Está distribuída, principalmente, em regiões de altitudes intermediárias do norte dos Andes, podendo nela ser encontrada genes para insensibilidade ao fotoperíodo, maturidade precoce, resistência ao vírus do mosaico comum do feijoeiro, crestamento bacteriano comum e à mancha angular.

(e) – raça Chile (C), compreende o conjunto gênico 10. Os feijoeiros desta raça são predominantemente de hábito de crescimento III, indeterminado, e bastante semelhantes às da raça Durango, exceto pela forma redonda ou oval de suas sementes e a sua frutificação mais esparsa. As sementes são de tamanho médio, geralmente com mais de uma cor e padrões de faseolina tipo “C” e “H”.

(f) – raça Peru (P), conjunto gênicos 11 e 12. A característica marcante das cultivares pertencentes a esta raça é o hábito de crescimento, determinado ou indeterminado, do tipo IV. Este grupo é altamente sensível ao fotoperíodo e é adaptado às temperaturas moderadamente úmidas e frias em altitudes acima de 2.000 m. É encontrada desde as regiões elevadas do norte da Colômbia até a Argentina. As cultivares apresentam sementes grandes e faseolina dos tipos “T”, “C”, “H” e “A”.

O surgimento de técnicas moleculares para análise genômica como RFLP (Restriction Fragment Length Polymorphism – Análise de polimorfismo de fragmentos de restrição) e RAPD (Random Amplified Polymorphic DNA – segmentos de DNA amplificados arbitrariamente), que são baseadas na amplificação específica de região contendo sequência de DNA repetitivo, permitiu a confirmação das hipóteses acima levantadas sobre a origem e diversificação do feijoeiro (KHAIRALLAH, 1992; BECERRA VELÁSQUES e GEPTS, 1994; VASCONCELOS et al., 1996).

A divisão do germoplasma de feijoeiro em dois grupos principais distintos, correspondendo aos dois centros de origens principais, foi também confirmado por Belele (1997) através de análises bioquímicas e RAPD em 36 cultivares, incluindo representantes de cada um dos 12 conjuntos gênicos avaliados por Singh (1989). Estas análises, baseadas em caracteres genotípicos, não permitiram confirmar a formação dos seis subgrupos descritos por Singh et al. (1991a).

Beebe et al. (2000) através de marcadores moleculares RAPD confirmaram a existência das três raças no grupo gênico mesoamericano. A raça Mesoamérica foi dividida em duas subdivisões M1 e M2, devido às diferenças encontradas em relação à resistência à antracnose, ao mosaico comum, à ferrugem e ao hábito de crescimento. Acessos de feijoeiro trepadores do germoplasma da Guatemala não se agruparam com nenhuma das três raças mesoamericanas e foram considerados como raça à parte.

Constatou-se também que o germoplasma de feijoeiro comum mesoamericano é mais complexo do que se imagina e que contém uma diversidade importante que necessita ser explorada, principalmente para características de atributos agronômicos.

Em estudo sobre a diversidade de feijoeiros andinos baseado em marcadores AFLP (segmento de DNA amplificado via PCR – reação da polimerase em cadeia – após digestão do DNA com enzima de restrição) Beebe et al. (2001) observaram uma estreita base genética neste grupo, acreditando-se que esta diversidade não foi menor devido a introgressões de feijoeiros mesoamericanos. Alguns acessos apresentaram características atípicas de feijoeiros andinos, como a faseolina do tipo “S” (mesoamericana) e o gene dominante I, que confere resistência ao vírus do mosaico comum, encontrado em genótipos mesoamericanos. Isto implica que raças locais andinas foram derivadas de uma ou poucas populações selvagens similares, sugerindo-se a Bolívia como importante local de disseminação primária. Tohme et al. (1996) citam que a existência de uma estreita base genética no grupo andino pode estar correlacionada com a topografia dos Andes, que acabou isolando populações de feijoeiro selvagens.

Gepts et al. (1986) e Pereira (1990), demonstraram que o processo de domesticação ocasionou uma enorme redução dos tipos de faseolina nos materiais cultivados, onde uma pequena parte da variabilidade dos feijoeiros selvagens se concentrou nos feijoeiros cultivados. Por outro lado, Gepts (1990) sugere que em termos de variabilidade genética dos caracteres morfológicos, houve um aumento devido ao fato dos agricultores selecionarem tipos morfológicos de seu interesse.

Uma propriedade importante da cultura do feijoeiro é a manutenção da variabilidade genética adquirida por ser uma planta essencialmente autógama, desde que esta variabilidade não ocorra na direção contrária a da seleção natural. Aparentemente o nível de polinização cruzada, embora restrito, é mais elevado entre os feijoeiros selvagens, sendo este, em parte responsável pela criação de diversidade genética (TORO et al., 1990).

A base de um programa de melhoramento genético é a presença de ampla variabilidade genética, uma vez que, quanto maior a variabilidade genética disponível para os cruzamentos, visando o melhoramento da cultivar, maior o número de características que podem ser combinadas. Historicamente, os cruzamentos realizados nos diferentes programas de melhoramento do feijoeiro concentraram-se na utilização de germoplasma cultivado (STRALIOTTO e TEIXEIRA, 2000), realizando-se

cruzamentos entre linhas e cultivares provenientes do mesmo grupo gênico, isto é, do grupo que possui as cultivares com as características agronômicas e culinárias mais aceitas na região. A consequência desse procedimento é a exploração de apenas pequena parte da variabilidade existente na espécie além de dificilmente se conseguir ganhos genéticos significativos, principalmente na produção de grãos.

O processo de domesticação levou a uma pronunciada redução da diversidade genética dos descendentes cultivados do feijoeiro (SONNANTE et al., 1994). Com o avanço dos estudos de diversidade dos materiais silvestres, a busca de variabilidade tem se estendido para este tipo de germoplasma, bem como para outras espécies de *Phaseolus*. Rodrigues et al. (2002) ao caracterizarem a variabilidade genética de parte do germoplasma existente em poder de produtores de feijão no Rio Grande dos Sul, Brasil, e de cultivares produzidas pela pesquisa, reunindo-as em grupos de similaridade genética, observaram que as cultivares locais (landraces) revelaram variabilidade superior à encontrada nas cultivares oriundas da pesquisa, o que sugere a importância da sua inclusão em programas de melhoramento.

Os estudos desenvolvidos por Shing (1989) com a divisão da espécie nos conjuntos gênicos descritos anteriormente, permitem a exploração do potencial dos cruzamentos entre estes grupos, evitando os cruzamentos dentro de uma mesma raça, que, como já visto, leva a um afinamento do “background” genômico. Podem surgir problemas nas combinações entre os grupos 1, 2, 3, de sementes pequenas com os grupos 7, 8 e 9 de sementes grandes, mas há muitos trabalhos mostrando bons resultados nestes cruzamentos (ZIMMERMANN et al., 1996).

As dificuldades nesses cruzamentos ocorrem porque pode existir uma barreira dificultando o livre fluxo gênico entre as cultivares desses grupos. Tal barreira se manifesta por anormalidade conhecida como nanismo ou fraqueza do híbrido  $F_1$  que faz com que as plantas morram ou tenham fraco crescimento, exibindo diversas anormalidades que podem incluir: esterilidade, crescimento radical reduzido, folhas cloróticas, ausência de raízes, formação de raízes adventícias no hipocótilo e outras anormalidades (SINGH e GUTIÉRREZ, 1984 e GEPTS, 1988).

A fraqueza do híbrido  $F_1$  somente pode ocorrer quando se cruzam cultivares de sementes pequenas e faseolina do tipo “S” com cultivares de sementes grandes e faseolina “T”. É governada por dois genes dominantes complementares denominados por SHIH et al. (1980) de DL-1 e DL-2. Os cultivares mesoamericanos possuem genótipo DL-1DL-1dl-2dl-2 e os andinos dl-1dl-1DL-2DL-2. Quando cultivares dessas

duas origens são cruzadas, são produzidos descendentes em que os alelos DL-1 e DL-2 passam a ocorrer juntos e, interagindo entre si, determinam a manifestação da anomalia “fraqueza do híbrido F<sub>1</sub>”.

Vieira et al. (1989) observaram a inviabilidade de cruzamentos entre “Carioca 300V” x “CNF 243”; “Carioca 300V” x “Eriparsa”; “Carioca 300V” x “Diacol Andino” e “Carioca 300V x “Preto 60 dias”. A cultivar “Carioca 300V”, de semente pequena, é de origem mesoamericana, enquanto que as demais cultivares utilizadas nos cruzamentos, são de sementes grandes e de origem andina.

Dentro das espécies cultivadas de *Phaseolus*, *P. vulgaris*, *P. coccineus*, *P. acutifolius* var. *latifolius* e *P. lunatus* var. *lunatus*, a que mais facilmente produz híbridos interespecíficos é *P. coccineus*, também chamado de feijão tepari, desde que o feijoeiro comum seja utilizado como mãe nos cruzamentos sendo necessário recorrer ao cultivo de embriões para obtenção de plantas viáveis (ZIMMERMANN e TEIXEIRA, 1996). Há todo um procedimento delicado para a obtenção das linhagens a partir desse cruzamento, sendo que estas têm apresentado mais altos níveis de resistência ao cretamento bacteriano comum e certo grau de tolerância a altas temperaturas (ZIMMERMANN et al., 1996). *P. lunatus*, assim com *P. acutifolius*, possui resistência à seca, contudo, esta é a espécie filogeneticamente mais afastada de *P. vulgaris*, dificultando a obtenção de híbridos interespecíficos (ZIMMERMANN e TEIXEIRA, 1996.).

## 2.2. Divergência Genética no Feijoeiro

Ao se iniciar um programa de melhoramento genético de plantas, um dos pontos mais críticos é a escolha dos genitores que participarão dos cruzamentos, para que se obtenha uma população de base genética ampla em que a seleção atuará. Isso é conseguido quando se alia alta média com ampla variabilidade genética do caráter a ser selecionado. A divergência genética, ou seja, a diferença das frequências alélicas das populações tem uma importância fundamental na escolha das cultivares utilizadas como genitores, visando à obtenção de novas cultivares, geneticamente superiores.

Uma cultivar de feijoeiro deve atender a inúmeras características, tais como: (a) - produtividade de grãos; (b) - qualidade tecnológica dos grãos, como tempo de cozimento, qualidades nutricionais, densidade e coloração de caldo; (c) - qualidades comerciais dos grãos, envolvendo a coloração, tamanho e brilho e (d) - características

agronômicas, como resistência às principais doenças da cultura, arquitetura de planta, resistência ao acamamento e outras. A postulação de critérios racionais e eficientes para a identificação de tipos parentais, visando a síntese de populações que permitam ao melhorista atingir seus objetivos, é uma questão aberta no melhoramento de plantas.

Dias (1994) explica que existem duas possibilidades para atingir os objetivos acima mencionados. A primeira consiste em testar os genitores quanto à capacidade combinatória e, neste caso, os esquemas de cruzamentos dialélicos são conduzidos para avaliar a capacidade geral e específica de combinação. A segunda possibilidade, que se adapta melhor ao melhoramento do feijoeiro, baseia-se na premissa de que genitores altamente divergentes podem gerar linhagens superiores. Falconer e Mackay (1996) esclarecem que a expectativa de que pais divergentes proporcionem bons híbridos decorre do fato de a heterose, manifestada em híbridos, ser função dos efeitos da dominância dos genes para o caráter em questão e do quadrado da diferença das frequências gênicas de seus genitores, além de efeitos epistáticos que geralmente são negligenciados. A segunda possibilidade evita que grande número de cruzamentos sejam realizados.

Como as cultivares de feijoeiro são desenvolvidas pelos melhoristas utilizando métodos de seleção e adaptação de linhagens superiores, programas baseados na orientação de cruzamentos ou hibridações se tornaram comuns uma vez que o conhecimento da divergência genética entre genitores a serem cruzados é um parâmetro importante. Análises que estimam a divergência genética visando orientar o melhorista quanto à escolha de progenitores mais adequados aos cruzamentos vêm sendo realizadas por diversos pesquisadores na cultura do feijoeiro (BENIN et al., 2001; RODRIGUEZ et al., 2002; FERRÃO et al., 2002; EMYGDIO et al., 2003; TEIXEIRA et al., 2004; RIBEIRO et al., 2004; ABREU et al., 2004; CHIORATO, 2004; BONETT, 2006) e em outras culturas (RIBEIRO et al., 1999; NASCIMENTO FILHO et al., 2001; MARTINS et al., 2002; BERTAN et al., 2006).

Carbonell (1999) menciona que uma das razões da dificuldade encontrada pelos melhoristas no Brasil decorre do fato das cultivares com características andinas, devido ao tamanho da semente, ter pouca aceitabilidade no comércio, o que reduz o número de genitores para os cruzamentos. Voysest et al. (1994) relataram que novas fontes de germoplasma no Brasil aumentaram desde 1984, mas que até 1992 os níveis de diversidade genética entre as cultivares estavam baixos, isto porque, cultivares como Carioca comum e Cornell 49-242 eram sempre usadas como genitores na obtenção de

genótipos com tegumento com coloração carioca e resistentes à antracnose, reduzindo, dessa forma, a base genética da cultura.

Os marcadores morfológicos são tradicionalmente utilizados visando estudar a segregação dos genes a eles ligados, no entanto, possuem limitações devido ao número reduzido de marcadores por linhagem, ao seu baixo polimorfismo e à baixa correlação com características de interesse. Além disso, estão sujeitos a efeitos ambientais e fenotípicos, como a epistasia e pleiotropia sendo, na sua maioria, codificados por genes dominantes ou recessivos o que torna menos estáveis as suas caracterizações (FERREIRA e GRATTAPAGLIA, 1996).

O desenvolvimento dos marcadores moleculares permitiu um grande avanço neste tipo de trabalho, pois possuem um alto nível de polimorfismo, permitem o estudo de um grande número de locos/alelo em populações segregantes, são co-dominantes, contendo maior quantidade de informação genética por loco, além da ausência de efeitos epistáticos, pleiotrópicos e, para os marcadores baseados em DNA, independem de fatores ambientais e da idade da planta. Diversos autores (NIENHIUS et al., 1995; VASCONCELOS et al., 1995; CATTAN TOUPANCE et al., 1998; VERA et al., 1999; BEEBE et al., 2000; EICHENBERG, 2000) têm demonstrado que marcadores RAPD são capazes de separar genótipos de feijão de acordo com o centro de domesticação.

Bai et al. (1998) verificaram a eficiência de marcadores RAPD em detectar grau de parentesco entre genótipos de feijão, mediante análise de um esquema de cruzamentos e comparação com o coeficiente de parentesco. Mediante marcadores RAPD, Beebe et al. (1995) constataram que feijões com sementes pretas e vermelhas, intimamente aparentados, da América Central, formam dois grupos distintos. Da mesma forma, marcadores moleculares foram eficientes na distinção de cultivares locais de feijão oriundas de um mesmo local (Puebla) e na distinção entre estas e as populações selvagens de feijão (GONZÁLES, et al., 1998).

Emygdio et al. (2003) caracterizaram a diversidade genética dentro e entre cultivares locais e comerciais de feijão por meio de marcadores RAPD e avaliaram a capacidade desses marcadores em agrupar genótipos de feijão de acordo com a coloração de semente e centro de domesticação. Verificaram a existência de similaridade genética entre cultivares de origem andina e mesoamericana e observaram que a dissimilaridade dentro de cada um dos grupos foi relativamente restrita, que as cultivares do grupo andino apresentaram similaridade genética superior a 75% , enquanto que as mesoamericanas apresentaram índices superiores a 65%. Algumas

cultivares utilizadas no estudo, como Rio Tibagi, Guateiam, IAPAR-44, IAPAR-31, Macanaduro, FT-Nobre, FT 120 e Guapo Brilhante evidenciaram a recorrência às mesmas fontes de germoplasma.

McClellan et al. (1993) analisaram 143 acessos de feijoeiro derivados de introgressões, de raças locais, de linhagens melhoradas e de cultivares, mediante coeficiente de parentesco e análise de agrupamento. Constataram que 13 agrupamentos gerados foram relacionados com as características da semente, e os coeficientes de parentesco intraclases comerciais forneceram uma estreita base genética. De acordo com os referidos trabalhos, percebe-se que a coloração do grão é uma das principais características que diferenciam as cultivares devido as semelhanças nos demais descritores, sugerindo-se assim, certo grau de parentesco entre os genitores utilizados em cruzamentos nos principais programas de melhoramento no Brasil.

Machado et al. (2000) analisaram a divergência genética em cultivares de feijoeiro e constataram que o caráter mais importante no melhoramento, que é a produtividade de grãos, teve pequena contribuição para a divergência. Os autores justificaram tal fato pela homogeneidade entre as cultivares e linhagens estudadas, demonstrada pela análise conjunta. Por outro lado há de se considerar que a identificação de genitores menos divergentes pode ser de grande valia em retrocruzamentos quando se deseja recuperar características do parental recorrente.

Rodrigues (2001) utilizando-se exclusivamente de características morfológicas, verificou o agrupamento de cultivares com sementes de duas cores pertencentes tanto ao grupo local como ao grupo comercial, e de ambos os centros de domesticação. Cultivares tipo carioca, como FT-206 e IAPAR-31, mesoamericanas, com sementes de cor creme foram agrupadas com a cultivar Iraí, de origem andina e sementes creme/vinho claro.

Avaliando a dissimilaridade genética entre 58 genótipos de feijão preto, utilizando dados dos seus caracteres agrônômicos, Bennin et al. (2001) concluíram que o caráter massa de mil grãos foi o que mais contribuiu para a dissimilaridade genética entre os genótipos testados. Ferrão et al. (2002) estudando a diversidade genética de genitores de feijão tolerantes e não tolerantes às condições de inverno e de suas combinações híbridas, observaram que os caracteres produtividade de grãos e número de vagens por parcela apresentaram-se com os de menor importância relativa no estudo da divergência genética, consideraram, contudo, que pelo fato de serem tais

características as de maior importância no processo produtivo não devem ser descartadas.

Ribeiro e Storck (2003) avaliaram em dois anos agrícolas, em Santa Maria, RS, Brasil, 90 genótipos de feijão do tipo carioca a fim de definirem as características agromorfológicas que mais contribuem para a divergência genética. Dos vinte caracteres agromorfológicos avaliados concluíram que nove apresentam maior contribuição para a divergência genética, são eles: ferrugem nos legumes; acamamento de planta; nota geral; cor do tegumento; produtividade de grãos; massa de 100 grãos; altura de inserção do primeiro legume; altura de inserção do último legume e número de sementes por legume.

Bonett et al. (2006) ao avaliarem a divergência genética de 63 cultivares crioulas de feijão comum, coletadas no Estado do Paraná, no período de 2001 a 2002, concluíram ser os caracteres produtividade de grãos, ciclo da planta, produtividade média de grãos por planta e o período reprodutivo os que mais contribuem para a divergência genética.

Ghaderi et al. (1984), informam que é preciso cautela na avaliação da divergência genética de indivíduos, pois dois genótipos podem ser completamente distantes geneticamente – o melhor e o pior segregante de um cruzamento – e ainda serem estreitamente relacionados por serem membros de uma mesma população. Segundo os autores seria mais interessante selecionar, como pais, dois genótipos que apresentam bom desempenho, mas seja não-relacionados, isto é geneticamente distintos entre si, pois devido aos seus não relacionamentos, contribuiriam com um arranjo genético mais proveitoso.

### **2.3. Medidas de Dissimilaridade**

O sucesso de um programa de melhoramento reside na existência de variabilidade na população de trabalho (RAMALHO et al, 1993; CRUZ e CARNEIRO, 2003). Melhoristas têm recomendado, para a formação de população-base, o intercruzamento entre cultivares superiores e divergentes, sendo esta divergência avaliada a partir de características agronômicas, morfológicas, moleculares, entre outras. As informações múltiplas de cada cultivar são expressas em medidas de dissimilaridade que representam a diversidade existente no conjunto de acessos estudados. Essas medidas são de grande importância em estudos de diversidade genética

em que se procura identificar genitores a serem utilizados em programas de hibridação e/ou identificar grupos de cultivares com maior similaridade visando a formação de multilinhas. (CRUZ e CARNEIRO, 2003). Entre as medidas de dissimilaridade mais empregadas nas análises de divergência genética estão as distâncias Euclidianas e a distância generalizada de Mahalanobis ( $D^2$ ).

As estimativas das distâncias de Mahalanobis somente podem ser obtidas quando se dispõe de informações de ensaios experimentais que possibilitam a obtenção da matriz de dispersão residual ( $\psi$ ) e as médias das características. Cruz e Carneiro (2003) mencionam que uma crítica que se faz à distância Euclidiana está no fato dela não levar em consideração as variâncias e covariâncias residuais que existem entre as características mensuradas e que são possíveis de serem quantificadas quando as avaliações são realizadas em delineamentos experimentais.

A distância Euclidiana apresenta alguns inconvenientes quando comparada à distância de Mahalanobis, tal como o fato de ser alterada com a escala de medida, o que pode ser contornado pela padronização dos dados; de ser influenciada pelo número de caracteres estudados, daí ser preferível o uso da distância Euclidiana Média que atenua esta influência (CRUZ et al., 2004) e não levar em conta o grau de correlação entre os caracteres. Além de possibilitar o estudo da diversidade genética é possível quantificar, por meio das distâncias generalizadas de Mahalanobis, a contribuição relativa dos caracteres para a divergência genética.

Maluf e Ferreira (1983) estudaram a divergência genética entre dez cultivares de feijão-vagem por meio de técnicas de análise multivariada e observaram baixa correlação entre as distâncias Euclidianas e de Mahalanobis, entretanto, nos dendogramas oriundos da análise de conglomeração, quatro grupos puderam ser constituídos com os mesmos componentes em ambos os métodos. Por outro lado CRUZ (1997) preconiza alta correlação entre essas medidas.

#### **2.4. Técnicas de análise da divergência genética**

Há duas maneiras básicas de se inferir a diversidade genética, sendo a primeira de natureza quantitativa e a outra de natureza preditiva. Mais recentemente passaram também a ser utilizadas técnicas de análise multivariada e o uso de marcadores moleculares.

### **2.4.1. Técnicas quantitativas**

As técnicas de natureza quantitativa avaliam a divergência genética por meio de técnicas biométricas baseadas na quantificação da heterose manifestada nos híbridos. Dentro dos métodos fundamentados em modelos biométricos cita-se a análise dialélica, na qual se faz necessária a avaliação de  $p$  genitores e de todas (ou amostras de) as suas combinações híbridas, resultando num total de  $p(p-1)/2$  híbridos a serem avaliados (CRUZ e CARNEIRO, 2003). Assim, quando o valor de “ $p$ ” é elevado, a obtenção de material experimental pode ser impraticável e o estudo inviabilizado. No caso do feijoeiro há de se considerar ainda o fato da hibridação manual controlada ser dispendiosa, difícil de ser executada, exigindo habilidades manuais do operador e dependente de vários fatores ambientais.

### **2.4.2. Técnicas preditivas**

As técnicas preditivas, por dispensarem a obtenção prévia das combinações híbridas, têm merecido considerável ênfase na cultura do feijoeiro, uma vez que por serem obtidas antes que os cruzamentos sejam efetuados permitem ao melhorista concentrar esforços naquelas combinações que apresentem maiores chances de sucesso (MALUF e FERREIRA, 1983).

Esses métodos consideram as diferenças morfológicas, fisiológicas ou moleculares, quantificando-as em alguma medida de dissimilaridade que expressa o grau de diversidade genética entre os genitores (CRUZ e CARNEIRO, 2003). Vários modelos foram propostos para se estimar tais parâmetros (GRIFFING, 1956; GARDNER e EBERHART, 1966), mas todos possuem o inconveniente de requerer um grande número de cruzamentos que, em certas situações, são onerosos e de difícil realização. Miranda et al (1988) mencionam que os métodos preditivos de heterose são aqueles que relacionam a divergência dos progenitores com o desempenho dos híbridos.

Dias (1988) alerta que muitas distâncias genéticas são essencialmente medidas de distâncias geométricas, sem qualquer conteúdo genético, e por isso são denominadas de coeficientes de dissimilaridade ou divergência. Outro ponto considerado importante por alguns autores é a distância geográfica como indicadora de divergência genética. Ram e Panwar (1970) trabalhando com arroz, perceberam que os padrões de agrupamento foram relacionados com a distância geográfica.

A distância geográfica como indicadora de divergência genética tem recebido críticas (CRUZ e CARNEIRO, 2003) pelo fato de que, por este critério, não se quantifica a diversidade existente entre as populações e de que em muitos casos não se verifica relação entre diversidade genética e distância geográfica. Murty e Arunachlam (1966) relataram que a deriva genética e a seleção, em diferentes ambientes, podem causar maior diversidade que a distância geográfica e que a interferência humana pode contribuir para perdas de individualidade e de ocorrência de tipos particulares. Singh et al. (1991a) e Dias (1994) sugerem que a combinação de dados morfológicos com bioquímicos e moleculares devam ser indicados para estimar a divergência genética, pois na ausência de dados moleculares, divergência fenotípica e genética podem possuir alguma correspondência.

### **2.4.3. Técnicas de Análise Multivariada**

A maioria das análises realizadas em trabalhos científicos obtém os resultados apenas de uma variável aleatória, ou seja, os métodos estatísticos empregados são univariados. Análise multivariada é um conjunto de princípios e métodos elaborados com o objetivo de permitir a análise simultânea de dezenas ou centenas de variáveis aleatórias correlacionadas entre si, mensuradas sobre uma mesma unidade experimental, onde cada uma possui o mesmo grau de importância. O emprego da análise multivariada permite condensar, eliminando informações redundantes, um grande conjunto de dados, proporcionando melhor compreensão, visualização e interpretação dos mesmos. Moura et al. (1999) informam que a determinação da divergência genética, com o uso de análise multivariada, em que diversos caracteres avaliados podem ser analisados simultaneamente, apresenta-se bastante vantajosa e conveniente.

Maluf et al. (1983) em estudo com tomateiro (*Lycopersicon esculentum* L.) e Miranda et al (1988) utilizando técnicas de análise multivariada para estimar divergência genética, objetivando melhores combinações para obtenção de híbridos, encontraram concordância satisfatória entre as combinações mais divergentes e híbridos com desempenho superior. Diversos pesquisadores têm feito uso das análises multivariadas visando quantificar a divergência genética entre genótipos do gênero *Phaseolus* (OLIVEIRA, 1989; FONSECA, 1993; SANTOS et al., 1997; COIMBRA e CARVALHO, 1998.; FONSECA e SILVA, 1999; BENIN et al., 2001; RODRIGUES

et al., 2002; ABREU et al., 2004; BONETT et al., 2006). Entre as principais técnicas multivariadas empregadas na análise de divergência genética estão a Análise de Agrupamento, a Análise de Componentes Principais e a técnica de Variáveis Canônicas.

#### **2.4.3.1. Análise de Agrupamento**

A análise de agrupamento (Cluster analysis) trata da identificação de grupos de indivíduos similares após a estimação de uma matriz de dissimilaridade, de tal forma que exista homogeneidade dentro e heterogeneidade entre os grupos. Este método envolve basicamente duas etapas: (a) - estimação de uma medida de similaridade (ou dissimilaridade) entre os indivíduos a serem agrupados e; (b) – adoção de um método de agrupamento para a adoção dos grupos.

Há vários métodos de agrupamento que se diferenciam pelo tipo de resultado e pelas diferentes formas de definir a proximidade entre indivíduos ou grupos formados. Em todos os casos, não se conhece, a priori, o número de grupos a ser estabelecido, e diferentes métodos proporcionam diferentes resultados (CRUZ e CARNEIRO, 2003). Dos métodos de agrupamento, os mais utilizados são os de otimização e os hierárquicos.

Nos métodos de otimização os grupos são formados pela adequação de algum critério de agrupamento, ou seja, o objetivo é alcançar uma partição dos indivíduos que otimize (maximize ou minimize) alguma medida predefinida. Um dos métodos mais comumente utilizados na área de melhoramento genético é o proposto por Tocher, citado por Rao (1952).

Neste método de otimização, nos grupos formados, as médias das distâncias intragrupos são sempre menores que as distâncias médias intergrupos. O agrupamento é promovido em virtude das distâncias serem obtidas de  $n$  indivíduos aos pares, nas  $n(n-1)/2$  combinações possíveis. Se  $n$  for um número muito grande, a identificação de grupos homogêneos pela observação da matriz de distâncias se tornará, obviamente, impraticável (DIAS, 1994).

Nos métodos hierárquicos, os genótipos são agrupados por um processo que se repete em vários níveis, até que seja estabelecido o dendograma. Nesse caso não há preocupação com o número ótimo de grupos, uma vez que o interesse maior está na árvore e nas ramificações que são obtidas. As delimitações podem ser obtidas num exame visual do dendograma, em que se avaliam pontos de alta mudança de nível,

tomando-os em geral como delimitadores do número de genótipos para um determinado grupo (CRUZ e CARNEIRO, 2003).

Dentre estes métodos, o “método do vizinho mais próximo”, também denominado de “método da ligação simples” ou da “distância mínima (SLM)”, tem sido amplamente utilizado no melhoramento genético. Este método tem sido considerado um dos poucos que pode delinear grupos não-elipsóides, ou seja, o método evita estabelecer grupos únicos quando os genótipos se dispõem numa estrutura de filamento conhecida por encadeamento. A formação de um único grupo, neste caso, pode ser enganosa, se os indivíduos em extremidades opostas da cadeia são, de fato, completamente dissimilares (SNEATH e SOKAL, 1973; JOHNSON e WICHERN, 1992). Todavia o método tem a desvantagem de não discernir grupos pobremente separados (JOHNSON e WICHERN, 1992).

O método “do vizinho mais próximo” identifica os genitores mais similares na matriz de dissimilaridade, os quais são reunidos para formar a matriz inicial (CRUZ et al., 2004). A aplicação do método resulta num dendograma que permite identificar grupos homogêneos. Métodos hierárquicos se baseiam no princípio de que com “ $n$ ” indivíduos inicia-se a formação de  $n$  grupos, cada um contendo um elemento. Assim, combinam-se dois indivíduos mais semelhantes, ou seja, de menor distância para originar  $n-1$  grupos. Os grupos remanescentes são combinados para originar  $n-2$  grupos, e assim sucessivamente, até formar um único grupo contendo  $n$  indivíduos.

A utilização dos métodos de agrupamento requer medidas de similaridade ou dissimilaridade. A escolha de uma ou de outra é feita subjetivamente levando em consideração vários fatores como a natureza das variáveis ou as escalas das medidas (FERREIRA, 1993). As medidas de dissimilaridade para variáveis quantitativas são de grande importância em estudos de diversidade genética em que se procura identificar genitores a serem utilizados em programas de hibridação (CRUZ e CARNEIRO, 2003).

Na estruturação da matriz de dissimilaridade empregam-se as distâncias Euclidianas e a distância generalizada de Mahalanobis. Em estudos de divergência genética avaliam-se caracteres com grau significativo de correlação sendo mais indicado o emprego da distância generalizada de Mahalanobis, mais robusta para esta finalidade (ARUNACHALAM, 1981), desde que os dados obtidos sejam retirados de delineamentos estatísticos que possuam repetições, gerando a matriz de variâncias e covariâncias residual. Deve-se enfatizar que a distância Euclidiana é uma análise baseada no teorema de Pitágoras juntamente com a aplicação de múltiplos eixos

ortogonais e quando obtida de variáveis padronizadas ou estandardizadas, torna-se mais eficaz.

Método de otimização de Tocher e métodos hierárquicos têm sido utilizados por vários autores no estudo da diversidade genética em *Phaseolus vulgaris* L., como Coimbra e Carvalho (1998); Fonseca e Silva (1999); Ferrão et al. (2002); Benin et al. (2001); Rodrigues et al. (2002); Peixoto et al., 2002; Chiorato (2004); Abreu et al. (2004).

A consistência do padrão de agrupamento obtido pelo método de otimização pode ser avaliada aplicando-se a análise discriminante, geralmente baseada na metodologia proposta por Anderson (1948), aos dados obtidos. Para os métodos hierárquicos, a consistência do agrupamento é feita após a obtenção do dendograma, quando se faz uma nova leitura da dissimilaridade ou similaridade entre os genótipos avaliados. Os novos coeficientes de semelhança indicados nos eixos são estabelecidos de acordo com o método de agrupamento escolhido e podem ser utilizados no estabelecimento de uma nova matriz de dissimilaridade, denominada matriz de coeficientes de semelhança cofenéticos (CRUZ e CARNEIRO, 2003).

Segundo Sokal e Rohlf (1962) a adequação do método hierárquico é feita por meio do coeficiente de correlação cofenético (CCC). Explicam os autores que o CCC é um coeficiente de correlação momento-produto calculado entre os elementos da matriz de dissimilaridade e os elementos da matriz cofenética. É, pois, uma medida de concordância entre os valores originais de dissimilaridade e aqueles representados no dendograma, usando-se somente os valores encontrados acima da diagonal das referidas matrizes. Quanto maior o valor do CCC, menor será a distorção provocada ao agrupar os genótipos.

Cruz e Carneiro (2003) mencionam que uma maneira alternativa aos métodos de agrupamento, para avaliação da diversidade dentro de um conjunto de genótipos, é a análise da dispersão gráfica, normalmente utilizando o espaço bidimensional. Nesse gráfico, quando o grau de distorção entre as distâncias originais e as representadas for mínimo, poder-se-á inferir a dissimilaridade entre todos os genótipos considerados com relativa facilidade. Entretanto, deve-se tomar o cuidado de delinear os grupos com base na análise de agrupamento, evitando-se a subjetividade, uma vez que é admitido, um critério de otimização.

### 2.4.3.2 Análise por Componentes Principais

A análise de componentes principais (ACP) é um método estatístico multivariado que permite transformar um conjunto de variáveis iniciais, correlacionadas entre si, num outro conjunto de variáveis não correlacionadas, que resultam em combinações lineares ortogonais do conjunto inicial. Os componentes principais são apresentados por ordem decrescente de importância, isto é, o primeiro explica o máximo possível da variabilidade dos dados originais, já o segundo, o máximo possível da variabilidade ainda não explicada após o efeito do primeiro componente, e assim por diante. O último componente será o que menor contribuição dará para a explicação da variabilidade total dos dados originais (SILVA e PADOVANI, 2006).

Silva e Padovan (2006) esclarecem que o conjunto final das combinações envolvendo os coeficientes normalizados constitui uma solução única, pelo fato das mesmas explicarem a variabilidade total além de serem ortogonais a qualquer outra combinação já definida, de forma que, a soma das variâncias dos componentes principais corresponde à soma das variâncias das variáveis originais, não havendo, portanto, perda de informação na transformação das variáveis originais em componentes principais. Na prática a análise de componentes principais é utilizada com objetivo da redução do espaço paramétrico. Quanto maior for a retenção da variação total em um número menor de combinações lineares, melhor será a aplicação prática desse procedimento aos dados experimentais.

O método foi originalmente descrito por Karl Pearson, em 1901 (MORRISON, 1976) e posteriormente consolidado por Hotelling (1936), com o propósito de analisar estruturas de correlações. Baseia-se apenas nas informações individuais de cada acesso, sem a necessidade de dados com repetições.

A matriz de dados é constituída por  $n$  linhas que correspondem a  $n$  indivíduos, sobre os quais são medidos  $p$  variáveis “quantitativas”, dispostas em colunas. A definição dos indivíduos (linhas) e das variáveis (colunas) tem impacto sobre os resultados da ACP, sendo uma fase essencial do processo. Assim, os indivíduos podem ser representativos de uma população ou, ao contrário, bastante divergentes. Por sua vez as variáveis devem caracterizar da melhor forma possível os fenômenos que se pretende estudar, ou seja, simplificar os dados pela redução do número de variáveis (DROESBEKE e FINE, 1995; MANLY, 1986).

O coeficiente de cada variável original no componente principal representa a contribuição dessa variável para o componente principal e o valor desse coeficiente depende das outras variáveis que são incluídas na análise. Os coeficientes dos componentes principais são também denominados de elementos de autovalores e a variância associada a cada componente principal de autovalor de forma que, a variância associada ao primeiro componente corresponde ao autovalor  $\lambda_1$  da matriz R. A importância de cada componente é dada pela percentagem de variância total que ele absorve, Morrison (1976) sugere que é melhor obter o complexo multivariado logo nos primeiros componentes, desde que seja absorvido 75% ou mais da variância total.

Na técnica de componentes principais, as variáveis de maiores pesos nos últimos autovetores são consideradas de menor importância para estudo da diversidade genética. Normalmente consideram-se os últimos autovetores associados a autovalores da matriz de correlação inferior a 0,7. Por outro lado, as variáveis de maiores pesos nos primeiros autovetores são consideradas de maior importância para o estudo da diversidade genética quando o autovalor explica uma fração considerável de variação disponível, normalmente limitado em valor mínimo de 80%. (CRUZ e CARNEIRO, 2003).

Shing et al. (1991b) utilizaram componentes principais para diferenciar as características presentes em feijoeiro de origem mesoamericana e andina. A porcentagem da variância total acumulada nos três primeiros componentes foi de 43% e as características responsáveis pela segregação ao longo do primeiro componente (divergência), com as cargas absorvidas dentro dos parênteses, foram: comprimento do quinto internódio (23%), comprimento de semente (23%) e peso de 100 sementes (24%).

Rodrigues et al. (2002) analisaram 40 descritores de 37 cultivares de feijoeiro provenientes das regiões produtoras do Rio Grande do Sul. Na análise de divergência genética os quatro primeiros componentes explicaram 69,88% da variação e 25 descritores foram descartados por apresentarem alta correlação com outros mais importantes.

Chiorato (2004) empregou a análise de componentes principais com o objetivo de evidenciar a variabilidade genética existente entre 933 acessos de feijoeiro pertencentes ao banco de germoplasma do Instituto Agrônomo, Campinas-SP, e observou que os dois primeiros componentes principais absorveram 32,55% de toda a variação, 40,66% nos três primeiros e 48,09% nos quatro primeiros componentes. O

autor considerou que, apesar da absorção de variação parecer baixa nos dois primeiros componentes, a mesma foi superior à encontrada em trabalhos realizados por outros pesquisadores (CASTINEIRAS, 1990; RODRIGUES et al., 2002; MACHADO et al., 2002) que analisaram uma quantidade bem maior de acessos de feijoeiro.

Outra informação interessante que a análise de componentes principais propicia, em estudos de diversidade genética, é a identificação das variáveis que menos contribuem para a diferenciação dos genótipos, sendo possível o seu descarte em estudos futuros.

#### **2.4.3.3. Variáveis Canônicas**

A técnica de variáveis canônicas é similar à de componentes principais, pois permite a simplificação no conjunto de dados, resumindo as informações originalmente contidas em um grupo de  $n$  variáveis, em poucas variáveis, que apresentam a propriedade de reterem o máximo da variação originalmente disponível e serem independentes entre si. Entretanto, esta técnica baseia-se nas informações entre e dentro de acessos (ou entre indivíduos de cada acesso), havendo, portanto, necessidade de dados, em nível de acessos, com repetições (CRUZ e CARNEIRO, 2003). Esclarecem os autores que a análise de variáveis canônicas constitui-se em um procedimento alternativo à análise de componentes principais nas situações em que se dispõe de dados experimentais com informações de repetições, de modo que seja possível obter as médias e a matriz de dispersão (matriz de variâncias e covariâncias residuais) residual entre os dados.

Para a realização da análise, as médias originais dos caracteres são transformadas por um processo de condensação pivotal, originando novas variáveis, que se caracterizam por apresentarem covariâncias residuais nulas e variâncias residuais iguais a 1. Uma vez feita a transformação, os parâmetros são estimados da mesma maneira descrita para os componentes principais. Os coeficientes de ponderação associados às variáveis originais permitem avaliar a contribuição de cada característica para cada variável canônica.

Essa técnica, em estudo de divergência genética, além de possibilitar a identificação de grupos similares, à semelhança da técnica de componentes principais, apresenta a vantagem de manter o princípio de conglomeração com base na distância de Mahalanobis ( $D^2$ ), considerando ainda as correlações residuais existentes entre as

médias das populações (RESENDE, 1991). Diversos trabalhos envolvendo a técnica das variáveis canônicas no estudo da divergência genética, na cultura do feijoeiro comum, têm sido publicados (FONSECA e SILVA, 1999; FERRÃO et al., 2002; BENIN et al., 2001; RIBEIRO e STORCK, 2003; ABREU et al, 2004).

### **3. MATERIAL E MÉTODOS**

#### **3.1. Locais e Épocas**

Os experimentos foram conduzidos na Área Experimental da Faculdade de Ciências Agrárias da Universidade Federal da Grande Dourados, em Dourados-MS, e na Área Experimental da Universidade Estadual de Mato Grosso do Sul, Unidade Universitária de Aquidauana, Aquidauana-MS, no período de 2000/2001 a 2005/2006. Os locais onde os experimentos foram conduzidos, as épocas de cultivo, os genótipos utilizados, o delineamento experimental adotado bem como a maneira como os ensaios foram instalados e conduzidos encontram-se descritos no primeiro capítulo deste trabalho.

#### **3.2. Metodologia de Avaliação**

Foram empregados nas avaliações os descritores relativos à produção de grãos e seus componentes primários: (a) número médio de vagens por planta (VAG); (b) número de sementes por vagem (SEM); (c) massa de 100 sementes, em grama (MCS) e; (d) produtividade de grãos, em  $\text{kg ha}^{-1}$  (PRD). No primeiro capítulo deste trabalho encontra-se descrita a metodologia empregada na avaliação de cada um dos descritores adotados.

#### **3.3. Análises Univariadas**

Preliminarmente, os dados de cada ensaio (ambientes) foram submetidos à análise de variância a fim de se avaliar a existência de variabilidade genética entre tratamentos. O esquema utilizado nas análises de variância, para cada caráter, foi o de blocos ao acaso, considerando-se o efeito de genótipo e erros como aleatório e o de bloco como fixo. O esquema e o modelo estatístico adotados encontram-se especificados no capítulo primeiro deste trabalho. As características avaliadas tiveram as suas médias agrupadas pelo método de Scott-Knott (SCOTT e KNOTT, 1974), a 5% de probabilidade.

O teste de Scott-Knott, por separar os subconjuntos de genótipos que diferem significativamente entre si, eliminando a ambigüidade, é de grande utilidade aos melhoristas. Jolliffe et al. (1989) criticam os demais procedimentos de comparação múltipla, normalmente utilizados, por permitirem uma sobreposição dos grupos que acaba se constituindo numa dificuldade adicional para interpretação dos resultados.

### 3.4. Análises Multivariadas

A divergência genética entre os tratamentos foi determinada pelas técnicas multivariadas que se baseiam na análise de agrupamento, nas variáveis canônicas e nos componentes principais, realizando-se essas análises para cada um dos 12 ambientes experimentais avaliados, discriminados no capítulo primeiro (Quadro 1).

Na análise de agrupamento, utilizou-se a distância generalizada de Mahalanobis ( $D^2$ ) como medida de dissimilaridade, e, na delimitação dos grupos, o método hierárquico do vizinho mais próximo (JOHNSON e WICHERN, 1992). Na análise por variáveis canônicas e na análise por componentes principais a divergência genética foi evidenciada pela dispersão dos escores em gráficos dimensionais (bi ou tridimensionais). Em ambas as metodologias considerou-se o número de variáveis canônicas e de componentes principais necessários para explicarem no mínimo 80% da variação global existente entre as variáveis originais.

Devido as diferentes escalas de mensuração utilizadas, realizou-se, primeiramente, a padronização dos dados antes do início das análises. Assim, a média original  $X_{ij}$ , obtida no descritor  $j$  do genótipo  $i$ , foi dividida pelo desvio padrão ( $S_j$ ) do correspondente descritor  $j$ , gerando média reduzida  $Z_{ij}$ , de variância unitária.

$$Z_{ij} = \frac{X_{ij}}{S_j}$$

Em prosseguimento foram estimadas as distâncias de Mahalanobis ( $D^2$ ) entre os genótipos, obtidas por meio da expressão abaixo, pressupondo-se a existência de distribuição normal multidimensional e homogeneidade da matriz de covariâncias das unidades amostrais.

$$D_{ii'}^2 = \delta' \psi^{-1} \psi$$

onde:  $D_{ii'}^2$  é a distância de Mahalanobis entre os genótipos  $i$  e  $i'$ ;

$\psi$  : matriz de variâncias e covariâncias residuais;

$$\delta' = [d_1 d_2 \dots d_v], \text{ sendo } d_j = Y_{ij} - Y_{i'j'};$$

$Y_{ij}$  é a medida do  $i$ -ésimo genótipo em relação à  $j$ -ésima variável.

A partir das distâncias estimadas de Mahalanobis entre os genótipos foi feito o agrupamento dos mesmos pela similaridade empregando-se o método hierárquico do vizinho mais próximo. O dendograma foi estabelecido pelos genótipos com maior similaridade, sendo a distância entre um indivíduo  $k$  e um grupo, formado pelos indivíduos  $i$  e  $j$ , dada por:

$$d_{(ij)k} = \min \{d_{ik}; d_{jk}\}$$

ou seja,  $d_{(ij)k}$  é dada pelo menor elemento do conjunto das distâncias dos pares de indivíduos ( $i$  e  $k$ ) e ( $j$  e  $k$ ).

A distância entre dois grupos é dada por:

$$d_{(ij)(kl)} = \min \{d_{ik}; d_{il}; d_{jk}; d_{jl}\}$$

ou seja, a distância entre dois grupos formados, respectivamente, pelos indivíduos ( $i$  e  $j$ ) e ( $k$  e  $l$ ) é dada pelo menor elemento do conjunto, cujos elementos são as distâncias entre os pares de indivíduos ( $i$  e  $k$ ), ( $i$  e  $l$ ), ( $j$  e  $k$ ) e ( $j$  e  $l$ ) (CRUZ e CARNEIRO, 2003).

A importância relativa dos caracteres avaliados quanto à dissimilaridade genética foi feita por meio dos componentes de  $D^2$ , relativo a cada característica no total da dissimilaridade observada, utilizando-se do critério proposto por Singh (1981) baseado na estatística  $S_j$ , considerando, neste caso, que:

$$D_{ii'}^2 = \delta' \psi^{-1} \delta = \sum_{j=1}^n \sum_{j'=1}^n \omega_{jj'} d_j d_{j'}$$

onde:  $\omega_{jj'}$  é o elemento da  $j$ -ésima linha e  $j$ -ésima coluna da inversa da matriz de variâncias e covariâncias residuais.

A identificação da importância dos descritores para a divergência genética foi feita também com base na análise das variáveis canônicas e dos componentes principais, identificando-se os de menor importância, como sendo aqueles cujos coeficientes de ponderação (autovetores) foram os de maior magnitude, em valor absoluto, nas últimas variáveis canônicas e nos últimos componentes principais, pois os últimos componentes e as últimas variáveis canônicas são os que absorvem a menor parte da variância total (HAIR et al, 2005).

As variáveis canônicas foram obtidas a partir da análise de variância multivariada considerando as matrizes de soma de quadrados e produtos residuais (E) e

a soma de quadrados e produtos entre médias fenotípicas dos caracteres avaliados (H) relativa às populações. Essa técnica consiste em reduzir os p caracteres a um novo conjunto, que não são correlacionados entre si.

As variáveis canônicas podem ser representadas da seguinte forma:

$$Y_1 = a_{11}X_1 + a_{12}X_2 + \dots + a_{1p}X_p$$

$$Y_2 = a_{21}X_1 + a_{22}X_2 + \dots + a_{2p}X_p$$

.

.

.

$$Y_p = a_{p1}X_1 + a_{p2}X_2 + \dots + a_{pp}X_p$$

onde:  $a_{i1}$  é o elemento no primeiro autovetor associado a i-ésima variável canônica;

$X_i$  é a i-ésima variável dependente observada na unidade experimental;

p: é o número de variáveis dependentes observadas na unidade experimental;

$$i = 1, 2, \dots, p.$$

Para a realização da análise, as médias originais dos caracteres foram transformadas, por um processo de condensação pivotal, originando novas variáveis que se caracterizam por apresentar covariâncias residuais nulas e variâncias residuais iguais a um. O número de variáveis canônicas é igual ou menor ao valor mínimo entre o número de caracteres e o número de graus de liberdade de tratamentos. Um valor numérico (score) de cada variável foi calculado para cada um dos genótipos. Com esses scores se construiu, em cada um dos ambientes avaliados, gráficos de dispersão bidimensionais que permitem a visualização da divergência genética.

Para se determinar os autovalores ( $\lambda$ ) e os autovetores (a) associados, basta a resolução do sistema indeterminado de equações  $(H - \lambda E)a_i = 0$ .

A técnica da análise de Componentes principais (ACP) consiste em transformar as p variáveis quantitativas iniciais, todas com algum grau de inter-relacionamento, em um conjunto de novas K variáveis quantitativas, não correlacionadas, as quais passam a ser denominadas de componentes principais. Assim, seja  $X_{ij}$  a média do caráter j (j = 1, 2, ..., n) avaliadas no genitor i (i = 1, 2, ..., g)

formando o conjunto de variáveis  $X_{i1}, X_{i2}, \dots, X_{in}$ . Seja ainda  $R$ , a matriz de correlações fenotípicas entre os caracteres ou matriz de covariâncias entre caracteres cujos dados foram padronizados. Desse modo, obtêm-se um novo conjunto de variáveis  $Y_{i1}, Y_{i2}, \dots, Y_{in}$ , onde cada  $Y_{ij}$  é um componente principal que representa uma combinação linear de variáveis do primeiro conjunto, de tal forma que não haja correlações entre estes novos componentes. Em uma ACP, o primeiro componente é o de maior variância ( $\lambda_1$ ), seguido pelo segundo de maior variância ( $\lambda_2$ ) correspondendo ao segundo componente e, assim, sucessivamente.

A variância associada a cada componente foi obtida por meio das raízes características (autovalores) da matriz  $R$ , considerando que:

$$\det(R - \lambda I) = 0$$

Os coeficientes de ponderação dos componentes foram obtidos por meio dos vetores característicos (autovetores) associados à cada raiz característica de  $R$ . Cada vetor característico, ou autovetor ( $a$ ), foi calculado a partir da equação:

$$(R - \lambda I)a = \varphi$$

A importância relativa (IR) de cada componente foi calculada por meio da expressão:

$$IR_j = \frac{\lambda_j}{\text{Traço}(R)}$$

As análises estatísticas, uni e multivariadas, foram realizadas pelo aplicativo computacional em genética e estatística GENES (CRUZ, 2006).

## 4. RESULTADOS E DISCUSSÃO

### 4.1 Método do Vizinho mais próximo

Nos Quadros 5, 6, 7, e 8 do primeiro capítulo, encontram-se as médias obtidas para cada caráter, agrupadas pelo teste de Scott-Knott, em cada um dos ambientes avaliados. No Quadro 9 os resultados das análises de variâncias univariadas, ou seja, para cada um dos ambientes experimentais. Diferenças estatísticas significativas ( $p < 0,05$ ) foram observadas, pelo teste F, para todos os caracteres avaliados em todos os ambientes, exceção feita ao caráter “SEM” cujos efeitos não foram significativos nos ambientes EI e EK, razão pela qual se optou pela sua exclusão das análises nos referidos ambientes. Os valores relativamente baixos dos coeficientes de variação indicam boa precisão experimental (Quadro 9, primeiro capítulo)

As distâncias generalizadas de Mahalanobis em relação aos caracteres avaliados em cada um dos ambientes experimentais, encontram-se nos Quadros 1 a 12. Considerando o conjunto dos 12 ambientes constata-se que as menores distâncias foram encontradas entre os pares de genótipos: (Ouro Negro x Diamante Negro), (EMGOPA 201–Ouro x Ouro Negro) e (CNF 7135 Bambuí x IAPAR 14). Com exceção do primeiro par, cuja similaridade genética era esperada em função das semelhanças fenotípicas (ambos pertencentes ao grupo comercial preto), nos demais, pelo fato dos genótipos pertencerem a grupos comerciais distintos, por conseguinte mais distantes geneticamente, tais resultados, de certa forma, não eram esperados. Tais pares de genótipos, por possuírem mesmo padrão de similaridade genética, não são recomendados para utilização em programas de melhoramento genético por hibridação visando a obtenção de variabilidade genética superior nas progênes.

Os pares de genótipos mais divergentes foram: (Aporé x CNF 7135 Bambuí), (Aporé x CNF 4129 A 54), (Aporé x CNF 4999-Rio Tibagi) e (Aporé x Xamego). A identificação de progenitores com alta divergência com o objetivo da recomendação de seus cruzamentos, visando maximizar a heterose nas progênes e, aumentar a possibilidade da ocorrência de segregantes nas gerações avançadas (XAVIER, 1996) é de fundamental importância num programa de melhoramento genético.

Para Martins et al. (2002), a escolha dos progenitores com base apenas em suas divergências, sem levar em consideração seus desempenhos deve ser evitada. O

mais apropriado, segundo os autores, é a recomendação de cruzamentos entre progenitores divergentes que exibam, contudo, desempenho superior em relação aos principais caracteres agrônômicos da cultura. Neste contexto, as cultivares Aporé e Xamego, por preencherem ambos os requisitos, em função dos ótimos desempenhos quanto à produção de grãos (Quadro 5, primeiro capítulo) poderão ser utilizadas como genitores na população avaliada visando a obtenção de progênes segregantes de variabilidade superior.

Na comparação da divergência dos materiais genéticos não se observa analogia entre os resultados obtidos para um mesmo par de genótipos nos diferentes ambientes. Quando se analisa as distâncias genéticas dos pares de genótipos mais divergentes, observa-se que apenas os pares “Rio Tibagi x Pérola” (ambientes: EB, EE, EF, EJ, EK e EL), “Xamego x Aporé” (ambientes EG, EH e EI) e “Rio Tibagi x Aporé” (EG, EJ e EK) se mantiveram como os mais divergentes em mais de um ambiente.

QUADRO 1. Distâncias generalizadas de Mahalanobis em relação aos quatro caracteres obtidas por transformação via condensação pivotal para 13 genótipos de feijoeiro cultivados no ambiente EA

Genótipos	genótipos											
	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13
1	322,957	118,320	7,471	67,436	3,372	31,728	131,351	45,657	230,897	131,898	206,903	118,708
2		359,851	277,517	155,793	339,572	306,380	87,949	175,581	995,873	712,342	949,096	740,324
3			159,504	56,038	107,527	37,389	187,453	59,716	243,279	96,871	217,599	141,630
4				69,584	11,164	48,662	120,565	54,758	296,231	192,441	270,335	166,196
5					65,504	28,551	73,731	12,672	374,400	206,842	344,299	225,185
6						21,862	143,535	48,792	213,065	119,377	187,691	99,544
7							138,877	29,464	211,523	95,504	185,497	97,541
8								44,930	649,882	415,047	603,298	438,081
9									366,643	194,468	333,475	216,180
10										36,057	1,822	26,474
11											27,006	16,074
12												16,164

Tratamentos (genótipos): 1 = Rudá; 2 = Aporé; 3 = Xamego; 4 = Pérola; 5 = Ouro Negro; 6 = Diamante Negro; 7 = IAPAR 14; 8 = EMGOPA 201-Ouro; 9 = IAC Carioca Eté; 10 = CNF 7135 Bambuí; 11 = CNF 4999 Rio Tibagi; 12 = CNF 4129 A 54; 13 = CNFv 8025

QUADRO 2. Distâncias generalizadas de Mahalanobis em relação aos quatro caracteres obtidas por transformação via condensação pivotal para 13 genótipos de feijoeiro cultivados no ambiente EB.

Genótipos	genótipos											
	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13
1	34,853	69,778	145,135	165,348	92,150	100,950	17,148	67,708	189,049	32,476	59,647	22,021
2		121,473	38,937	68,060	60,221	65,604	48,829	29,453	106,702	83,758	41,156	35,010
3			226,485	155,443	50,835	66,482	40,167	74,991	138,732	9,422	51,752	32,101
4				29,556	80,157	79,512	150,598	49,974	70,087	194,464	82,274	111,687
5					29,886	42,365	141,055	37,033	11,672	153,044	44,099	87,744
6						9,65	65,100	14,587	26,184	55,386	14,206	30,830
7							74,845	9,929	38,904	65,591	37,622	46,796
8								47,162	166,656	25,220	55,623	24,528
9									53,822	64,423	31,134	34,971
10										146,055	45,154	93,262
11											43,262	14,830
12												11,500

Tratamentos (genótipos): 1 = Rudá; 2 = Aporé; 3 = Xamego; 4 = Pérola; 5 = Ouro Negro; 6 = Diamante Negro; 7 = IAPAR 14; 8 = EMGOPA 201-Ouro; 9 = IAC Carioca Eté; 10 = CNF 7135 Bambuí; 11 = CNF 4999 Rio Tibagi; 12 = CNF 4129 A 54; 13 = CNFv 8025

QUADRO 3. Distâncias generalizadas de Mahalanobis em relação aos quatro caracteres obtidas por transformação via condensação pivotal para 13 genótipos de feijoeiro cultivados no ambiente EC.

Genótipos	genótipos											
	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13
1	35,148	14,427	65,392	161,638	21,421	64,227	60,125	26,143	12,900	40,017	19,446	72,677
2		66,388	34,427	74,930	8,687	16,029	65,432	68,351	51,320	139,539	95,932	156,307
3			135,596	174,470	62,522	97,759	34,770	70,706	70,198	18,281	27,093	24,304
4				177,951	19,125	62,840	181,968	43,355	56,344	203,366	110,923	262,065
5					113,220	50,233	78,680	263,289	223,434	272,514	286,425	275,974
6						24,244	86,072	33,504	28,190	116,307	70,409	159,706
7							65,558	102,205	79,843	170,357	151,063	198,682
8								156,628	106,144	79,849	119,338	64,864
9									7,516	89,721	30,414	151,722
10										64,264	22,457	102,191
11											31,465	29,242
12												62,451

Tratamentos (genótipos): 1 = Rudá; 2 = Aporé; 3 = Xamego; 4 = Pérola; 5 = Ouro Negro; 6 = Diamante Negro; 7 = IAPAR 14; 8 = EMGOPA 201-Ouro; 9 = IAC Carioca Eté; 10 = CNF 7135 Bambuí; 11 = CNF 4999 Rio Tibagi; 12 = CNF 4129 A 54; 13 = CNFv 8025

QUADRO 4. Distâncias generalizadas de Mahalanobis em relação aos quatro caracteres obtidas por transformação via condensação pivotal para 13 genótipos de feijoeiro cultivados no ambiente ED.

Genótipos	genótipos											
	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13
1	5,583	9,436	22,012	5,951	7,120	26,983	3,121	18,094	33,758	27,128	19,735	15,786
2		29,241	11,896	9,679	10,999	27,541	11,479	18,123	30,996	34,635	23,809	20,091
3			52,866	20,585	21,513	49,072	10,489	39,359	60,420	40,249	36,165	31,660
4				17,477	17,349	27,370	25,084	14,931	22,722	34,592	21,225	28,245
5					0,435	8,603	2,549	4,143	12,471	8,398	6,390	4,669
6						10,124	2,274	4,815	13,292	7,995	8,174	7,127
7							19,411	2,354	1,585	4,095	2,948	2,802
8								12,605	25,469	14,863	14,864	11,718
9									2,579	5,054	1,759	3,995
10										6,318	4,512	7,716
11											5,668	6,650
12												2,734

Tratamentos (genótipos): 1 = Rudá; 2 = Aporé; 3 = Xamego; 4 = Pérola; 5 = Ouro Negro; 6 = Diamante Negro; 7 = IAPAR 14; 8 = EMGOPA 201-Ouro; 9 = IAC Carioca Eté; 10 = CNF 7135 Bambuí; 11 = CNF 4999 Rio Tibagi; 12 = CNF 4129 A 54; 13 = CNF 8025v

QUADRO 5. Distâncias generalizadas de Mahalanobis em relação aos quatro caracteres obtidas por transformação via condensação pivotal para 13 genótipos de feijoeiro cultivados no ambiente EE.

Genótipos	genótipos											
	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13
1	14,327	21,585	37,092	18,077	6,427	12,551	5,610	4,833	16,374	63,199	29,588	54,955
2		59,637	12,431	12,933	7,606	19,925	33,185	21,464	32,267	130,709	58,193	107,643
3			96,811	44,354	32,728	35,224	7,766	11,313	24,610	16,637	29,096	14,833
4				46,720	21,046	21,237	64,522	42,984	47,638	181,449	59,947	153,736
5					12,987	35,856	30,552	20,337	27,407	99,729	68,891	72,299
6						5,778	18,932	5,761	8,748	85,656	26,610	63,594
7							23,350	8,752	9,421	84,487	10,903	66,688
8								6,178	24,105	37,528	30,674	38,098
9									7,786	49,728	17,823	36,925
10										58,620	13,157	34,723
11											56,020	8,750
12												44,614

Tratamentos (genótipos): 1 = Rudá; 2 = Aporé; 3 = Xamego; 4 = Pérola; 5 = Ouro Negro; 6 = Diamante Negro; 7 = IAPAR 14; 8 = EMGOPA 201-Ouro; 9 = IAC Carioca Eté; 10 = CNF 7135 Bambuí; 11 = CNF 4999 Rio Tibagi; 12 = CNF 4129 A 54; 13 = CNF 8025v

QUADRO 6. Distâncias generalizadas de Mahalanobis em relação aos quatro caracteres obtidas por transformação via condensação pivotal para 13 genótipos de feijoeiro cultivados no ambiente EF.

Genótipos	genótipos											
	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13
1	72,578	24,440	94,222	50,047	14,706	62,224	34,737	47,083	119,221	53,505	16,002	32,255
2		19,840	28,205	28,725	28,667	20,453	21,554	9,799	17,189	140,367	81,931	41,828
3			63,878	39,512	5,630	24,165	3,145	10,951	61,648	62,118	40,802	10,414
4				18,673	55,6363	33,587	65,329	36,298	10,418	199,492	83,539	89,061
5					37,955	48,334	47,066	39,392	41,495	164,113	67,259	76,487
6						20,707	10,888	9,548	59,709	57,329	17,125	8,794
7							16,878	7,729	25,217	87,073	48,635	22,068
8								12,412	59,771	54,904	48,660	9,623
9									26,726	90,209	42,181	15,193
10										200,745	103,859	79,489
11											56,652	33,493
12												30,797

Tratamentos (genótipos): 1 = Rudá; 2 = Aporé; 3 = Xamego; 4 = Pérola; 5 = Ouro Negro; 6 = Diamante Negro; 7 = IAPAR 14; 8 = EMGOPA 201-Ouro; 9 = IAC Carioca Eté; 10 = CNF 7135 Bambuí; 11 = CNF 4999 Rio Tibagi; 12 = CNF 4129 A 54; 13 = CNF 8025v

QUADRO 7 Distâncias generalizadas de Mahalanobis em relação aos quatro caracteres obtidas por transformação via condensação pivotal para 13 genótipos de feijoeiro cultivados no ambiente EG

Genótipos	genótipos											
	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13
1	265,150	45,730	88,559	45,868	14,919	53,193	17,018	44,693	106,668	96,669	33,195	5,547
2		504,068	47,800	125,607	292,035	138,783	241,841	123,618	131,366	655,969	198,922	244,912
3			249,299	154,866	77,890	173,067	86,980	155,411	228,004	45,278	87,654	64,058
4				27,174	61,030	36,473	80,869	25,259	57,722	354,013	68,304	78,403
5					42,278	20,333	43,620	3,641	29,772	257,709	22,002	32,737
6						38,623	20,168	46,677	76,150	142,978	28,997	16,593
7							20,581	35,289	21,241	227,037	58,644	29,217
8								55,549	66,765	111,347	55,811	4,989
9									52,940	265,997	22,908	38,827
10										325,071	63,277	72,698
11											209,698	108,461
12												34,189

Tratamentos (genótipos): 1 = Rudá; 2 = Aporé; 3 = Xamego; 4 = Pérola; 5 = Ouro Negro; 6 = Diamante Negro; 7 = IAPAR 14; 8 = EMGOPA 201-Ouro; 9 = IAC Carioca Eté; 10 = CNF 7135 Bambuí; 11 = CNF 4999 Rio Tibagi; 12 = CNF 4129 A 54; 13 = CNF 8025v

QUADRO 8 Distâncias generalizadas de Mahalanobis em relação aos quatro caracteres obtidas por transformação via condensação pivotal para 13 genótipos de feijoeiro cultivados no ambiente EH

Genótipos	genótipos											
	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13
1	17,270	86,570	37,161	40,380	19,716	18,176	38,609	21,511	3,584	40,368	56,681	9,056
2		170,006	31,554	69,327	62,113	21,108	80,695	49,179	24,335	103,387	107,106	38,040
3			129,199	52,793	27,936	103,435	29,530	50,727	92,451	17,471	21,546	74,662
4				19,679	42,646	3,818	36,300	18,349	53,249	105,529	52,514	71,854
5					12,835	15,940	3,465	3,174	55,811	54,271	8,174	61,584
6						25,363	5,409	5,900	28,206	16,381	10,938	25,697
7							26,437	10,146	32,079	75,060	42,183	45,402
8								4,311	50,945	32,853	2,149	50,854
9									32,410	39,597	12,361	37,619
10										39,953	70,574	5,107
11											34,818	23,220
12												66,339

Tratamentos (genótipos): 1 = Rudá; 2 = Aporé; 3 = Xamego; 4 = Pérola; 5 = Ouro Negro; 6 = Diamante Negro; 7 = IAPAR 14; 8 = EMGOPA 201-Ouro; 9 = IAC Carioca Eté; 10 = CNF 7135 Bambuí; 11 = CNF 4999 Rio Tibagi; 12 = CNF 4129 A 54; 13 = CNF 8025v

QUADRO 9 Distâncias generalizadas de Mahalanobis em relação aos quatro caracteres obtidas por transformação via condensação pivotal para 13 genótipos de feijoeiro cultivados no ambiente EI

Genótipos	genótipos											
	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13
1	16,830	83,601	26,889	37,276	19,646	14,777	37,892	19,612	3,358	33,775	56,527	7,069
2		164,306	25,099	68,122	61,250	19,713	80,662	48,669	24,2995	92,940	107,032	33,738
3			104,911	40,648	25,809	90,713	22,924	41,110	87,621	16,758	17,073	74,563
4				17,595	30,605	1,964	30,740	15,010	45,793	72,202	44,600	50,556
5					8,728	15,933	2,628	3,027	54,154	35,526	6,298	51,526
6						20,917	4,173	3,201	27,659	11,078	10,507	24,386
7							25,444	9,929	30,204	55,599	40,075	34,817
8								4,029	50,806	21,191	1,942	45,761
9									31,594	24,029	11,389	29,848
10										30,697	70,567	1,557
11											26,058	21,879
12												63,093

Tratamentos (genótipos): 1 = Rudá; 2 = Aporé; 3 = Xamego; 4 = Pérola; 5 = Ouro Negro; 6 = Diamante Negro; 7 = IAPAR 14; 8 = EMGOPA 201-Ouro; 9 = IAC Carioca Eté; 10 = CNF 7135 Bambuí; 11 = CNF 4999 Rio Tibagi; 12 = CNF 4129 A 54; 13 = CNF 8025v

QUADRO 10. Distâncias generalizadas de Mahalanobis em relação aos quatro caracteres obtidas por transformação via condensação pivotal para 13 genótipos de feijoeiro cultivados no ambiente E J.

Genótipos	genótipos											
	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13
1	143,338	75,144	104,902	8,421	13,057	66,505	23,918	4,863	22,928	164,372	59,742	28,661
2		397,370	76,101	176,394	236,953	184,420	280,709	114,247	232,680	608,936	378,038	292,897
3			380,300	85,695	40,265	88,268	30,494	87,623	88,207	44,981	45,914	14,923
4				96,124	158,804	274,046	191,806	109,849	112,161	454,708	234,120	228,528
5					9,815	113,387	23,431	19,863	9,317	147,921	42,977	35,704
6						95,613	4,204	26,719	11,981	88,356	20,233	9,402
7							105,833	46,180	156,940	253,022	181,192	80,829
8								43,392	16,231	65,057	11,380	3,744
9									45,625	201,286	91,788	44,074
10										115,739	22,481	34,145
11											38,820	62,485
12												21,173

Tratamentos (genótipos): 1 = Rudá; 2 = Aporé; 3 = Xamego; 4 = Pérola; 5 = Ouro Negro; 6 = Diamante negro; 7 = IAPAR 14; 8 = EMGOPA 201-Ouro; 9 = IAC Carioca Eté; 10 = CNF 7135 Bambuí; 11 = CNF 4999 Rio Tibagi; 12 = CNF 4129 A 54; 13 = CNF 8025v

QUADRO 11. Distâncias generalizadas de Mahalanobis em relação aos quatro caracteres obtidas por transformação via condensação pivotal para 13 genótipos de feijoeiro cultivados no ambiente E K.

Genótipos	genótipos											
	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13
1	32,678	10,317	51,241	18,142	30,270	18,634	27,825	25,833	13,868	27,126	24,644	7,206
2		39,633	2,463	8,270	13,271	22,589	6,238	5,692	10,362	96,030	28,908	11,798
3			56,760	13,066	17,724	12,345	20,854	24,603	18,267	15,026	6,275	12,282
4				16,200	20,567	37,188	10,450	13,189	12,658	125,043	40,482	24,573
5					2,563	7,401	1,425	3,324	3,004	52,608	6,509	4,295
6						6,110	3,385	3,507	10,748	57,080	4,929	10,286
7							13,981	6,384	15,405	35,235	7,564	5,994
8								4,842	4,215	69,146	10,070	9,752
9									7,140	66,494	13,846	5,793
10										61,719	16,429	4,002
11											33,259	42,431
12												33,259

Tratamentos (genótipos): 1 = Rudá; 2 = Aporé; 3 = Xamego; 4 = Pérola; 5 = Ouro Negro; 6 = Diamante Negro; 7 = IAPAR 14; 8 = EMGOPA 201-Ouro; 9 = IAC Carioca Eté; 10 = CNF 7135 Bambuí; 11 = CNF 4999 Rio Tibagi; 12 = CNF 4129 A 54; 13 = CNF 8025v

QUADRO 12. Distâncias generalizadas de Mahalanobis em relação aos quatro caracteres obtidas por transformação via condensação pivotal para 13 genótipos de feijoeiro cultivados no ambiente E L.

Genótipos	genótipos											
	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13
1	82,933	39,215	196,923	188,202	88,204	99,985	33,702	70,623	19,071	55,009	3,181	14,524
2		198,931	28,712	24,028	10,423	10,179	28,143	33,611	24,524	248,034	94,965	157,400
3			330,097	331,767	176,593	202,607	84,661	121,296	87,581	5,378	26,188	15,289
4				3,029	25,663	13,562	82,187	60,248	95,957	396,700	209,048	299,080
5					28,629	18,271	84,314	62,595	92,495	393,839	202,968	294,805
6						9,583	20,060	15,129	28,439	225,353	96,621	156,709
7							31,570	17,455	39,393	248,548	108,108	180,561
8								11,448	6,661	122,517	32,698	71,943
9									29,819	190,916	68,309	123,941
10										121,311	24,615	58,004
11											42,823	24,330
12												10,373

Tratamentos (genótipos): 1 = Rudá; 2 = Aporé; 3 = Xamego; 4 = Pérola; 5 = Ouro Negro; 6 = Diamante Negro; 7 = IAPAR 14; 8 = EMGOPA 201-Ouro; 9 = IAC Carioca Eté; 10 = CNF 7135 Bambuí; 11 = CNF 4999 Rio Tibagi; 12 = CNF 4129 A 54; 13 = CNFV 8025.

Quanto aos pares de genótipos mais similares apenas os pares “Pérola x IAPAR 14” (EH e EI), “Rio Tibagi x Xamego” (EB e EL), “CNF 7135 Bambuí x EMGOPA 201-Ouro” (EH e EI), “Diamante Negro x IAC Carioca Eté” (EI e EE) e “EMGOPA 201-Ouro x CNFv 8025” (EG e EJ) permaneceram como os mais próximos, geneticamente, em mais de um ambiente, podendo-se, desta forma, inferir que o ambiente influencia as distâncias genéticas entre genótipos de uma mesma população, podendo tal fato se manifestar pela influência que o ambiente exerce sobre a contribuição dos caracteres morfoagronômicos para a dissimilaridade genética, uma vez que a expressão dos mesmos é marcadamente influenciada pelo ambiente. Ressalta-se que a maioria das combinações mais dissimilares envolveu os genótipos Aporé, Pérola e Rio Tibagi enquanto as mais similares, os genótipos Diamante Negro e IAC Carioca Eté.

A contribuição relativa de cada caráter para a divergência genética é de grande importância para se identificar os caracteres de maior contribuição e também auxiliar no descarte daqueles que contribuem pouco para a discriminação das progênies, reduzindo-se dessa forma, mão-de-obra, tempo e custo dispendido na experimentação. Os dados da contribuição relativa dos caracteres para a divergência genética dos 13 genótipos de feijoeiro comum, em cada um dos ambientes avaliados, baseados na estatística S (SINGH, 1981) encontram-se no Quadro 13. O caráter “MCS” é o que mais contribui para a dissimilaridade genética entre os genótipos testados.

Com exceção dos ambientes EA, EB e EC onde o caráter “PRD” é o mais importante, e o ambiente ED, onde o mais importante para a dissimilaridade genética é o caráter “SEM”, em todos os demais ambientes o caráter “MCS” é o que mais contribui variando a magnitude de sua participação de 21,58% no ambiente EA a 78,34% no ambiente EG. Resultados semelhantes foram obtidos por Coimbra e Carvalho (1999) e por Benin et al. (2001). Informação desta natureza é importante por ser forte indicativo de que seleção para este caráter deve ser priorizada em programas de melhoramento genético.

O caráter “SEM”, com exceção dos ambientes, ED, EE e EL, em todos os demais é o que menos contribui para a divergência genética entre os genótipos e pelo fato da população em estudo não ter apresentado variabilidade genética para este caráter nos ambientes EI e EK o mesmo foi excluído das análises nesses ambientes. Os caracteres “PRD” e “VAG” não são os mais importantes componentes primários da produção na contribuição para a divergência genética entre os genótipos, todavia, pelo

fato de serem tais características as de maior importância no processo produtivo não devem ser descartadas (FERRÃO et al, 2002). Estes caracteres oscilaram entre a segunda e a terceira importância na contribuição para a dissimilaridade genética na maioria dos ambientes avaliados. Percebe-se que a estimativa de contribuição dos caracteres avaliados para a divergência genética entre os genótipos, embora influenciada na magnitude pelo ambiente, manteve a participação de cada caráter relativamente estável nos diferentes ambientes.

Ramalho et al (1993) comentam que nas estimativas de contribuição dos caracteres é importante salientar que caracteres com herança qualitativa são bons marcadores genéticos, porque são pouco influenciados pelo ambiente e, provavelmente, controlados por poucos genes de grande efeito sobre o fenótipo. Por outro lado, a avaliação de caracteres morfológicos para a estimativa de relacionamento genético sofre a influência de fatores de ambiente, o que pode determinar desvios significativos nas estimativas realizadas (BARBOSA NETO e BERED, 1998). Segundo Cruz et al. (2004), os caracteres dispensáveis em estudo de divergência genética compreendem aqueles que são relativamente não variantes entre os indivíduos estudados, os que apresentam instabilidade com as mudanças das condições ambientais e os que são redundantes por estarem correlacionados com outros caracteres. Assim, segundo os autores, a matriz de correlação genotípica deve também ser analisada para auxiliar no descarte de características que são redundantes no estudo.

O agrupamento formado pelo método hierárquico do vizinho mais próximo, representado nas Figuras 1 a 12, estabelece que primeiramente é formado um grupo de genótipos similares e as distâncias dos demais são calculadas em relação aos grupos formados (CRUZ et al., 2004). Observa-se que não houve concordância, quanto aos grupos formados, em nenhum dos ambientes avaliados, fato que reforça a influência do ambiente na dissimilaridade genética entre genótipos de uma mesma população.

A cultivar Aporé, seguida das cultivares Pérola, CNF 4999-Rio Tibagi e Xamego, foram as que apresentaram as maiores distâncias genéticas em relação aos demais genótipos avaliados. Em quatro dos ambientes estudados (EA, EB, EG e, EI) o genótipo Aporé foi o que mais se distanciou geneticamente dos demais, Tais genótipos, portanto, poderão ser utilizados como genitores para a obtenção de populações segregantes de variabilidade superior, todavia, enquanto as cultivares Aporé e Xamego apresentaram também ótimos desempenhos quanto à produtividade de grãos, as cultivares Pérola e CNF 4999-Rio Tibagi tiveram apenas desempenho regular (Quadro

5, primeira capítulo) o que credencia, preferencialmente, as primeiras para trabalhos dessa natureza. A análise visual dos dendogramas, de forma subjetiva (Figuras 1 a 12), permitiu identificar a formação de três a quatro grupos, excepcionalmente mais que quatro e, nesses casos, geralmente genótipos isolados, em cada um dos ambientes avaliados, conforme Quadro 14.

#### 4.2 Variáveis Canônicas

As estimativas dos autovalores (variâncias), das variâncias percentuais e das variâncias acumuladas das variáveis canônicas, relativas aos 13 genótipos de feijoeiro, para cada um dos ambientes estudados, podem ser visualizadas no Quadro 15. Observa-se que as duas primeiras variáveis canônicas explicam mais de 80% da variação total contida no conjunto de dados originais, em cada um dos ambientes avaliados. Tal fato, possibilita às mesmas explicarem satisfatoriamente a variabilidade manifestada entre os genótipos avaliados, permitindo interpretar o fenômeno com considerável simplificação por meio de gráficos de dispersão bidimensionais dos escores obtidos. A viabilidade da utilização da técnica das variáveis canônicas está restrita à concentração da variabilidade disponível entre as primeiras variáveis, a qual é referenciada por Cruz et al., (2001) como acima de 80%.

A inspeção visual da dispersão dos escores nos gráficos bidimensionais (Figuras 13 a 24), em cada um dos ambientes avaliados, permitiu dividir os 13 genótipos em grupos que variaram de cinco a sete, de acordo com o grau de similaridade. Observa-se, também, que não houve analogia dos grupos formados nos diferentes ambientes reforçando a inferência de que as condições ambientais influenciam as distâncias genéticas entre genótipos de uma mesma população. Xavier (1996) considera um tanto questionável a avaliação da divergência e o estabelecimento de grupos de similaridade em análise gráfica por ser o processo bastante subjetivo, baseado em simples inspeção visual da dispersão, ficando a formação dos grupos dependente da escala utilizada.

QUADRO 13. Contribuição relativa de cada caráter, em cada ambiente, para a dissimilaridade genética (S.j') em 13 genótipos de feijoeiro comum.

caráter	E A			E B			E C			E D		
	S.j'	%	% acum	S.j'	%	% acum	S.j'	%	% acum	S.j'	%	% acum
VAG	1986,12	10,26	10,26	351,75	6,66	6,66	315,10	4,05	4,05	157,33	12,53	12,53
SEM	6,52	0,03	10,29	157,94	2,99	9,65	190,94	2,46	6,51	411,87	32,80	45,33
MCS	4174,66	21,58	31,87	1948,15	36,89	46,54	3572,19	45,96	52,47	388,60	30,95	76,28
PRD	13180,99	68,13	100,00	2822,52	53,46	100,00	3694,71	47,53	100,00	297,87	23,72	100,00

VAG = número de vagens por planta; SEM = número de sementes por vagem; MCS = massa de 100 sementes; PRD = produtividade de grãos; % acum = % de variância acumulada

“...Continua...”

QUADRO 13. “Continuação”

caráter	E E			E F			E G			E H		
	S.j'	%	% acum									
VAG	418,24	14,01	14,01	802,85	21,40	21,40	428,21	5,19	5,19	1049,72	32,62	32,62
SEM	824,71	27,63	41,64	88,20	2,35	23,75	421,49	5,11	10,30	227,58	7,07	39,69
MCS	1238,36	41,49	83,13	2691,38	71,74	95,49	6460,81	78,34	88,64	1632,86	50,75	90,44
PRD	503,45	16,87	100,00	169,22	4,51	100,00	936,05	11,36	100,00	307,06	9,56	100,00

VAG = número de vagens por planta; SEM = número de sementes por vagem; MCS = massa de 100 sementes; PROD= produtividade de grãos. % de variância acumulada

“...Continua...”

QUADRO 13. “Continuação”

caráter	E I			E J			E K			E L		
	S.j'	%	% acum									
VAG	979,87	34,69	34,69	580,24	6,65	6,65	219,87	13,33	13,33	351,30	4,63	4,63
SEM	-	-	-	394,00	4,51	11,16	-	-	-	1213,92	15,99	20,62
MCS	1511,91	53,53	88,22	6545,61	74,96	86,12	1065,64	64,58	77,91	4998,18	65,83	86,45
PRD	332,79	11,78	100,00	1212,03	13,88	100,00	364,49	22,09	100,00	1029,24	13,55	100,00

VAG = número de vagens por planta; SEM = número de sementes por vagem; MCS = massa de 100 sementes; PRD = produtividade de grãos. % de variância acumulada

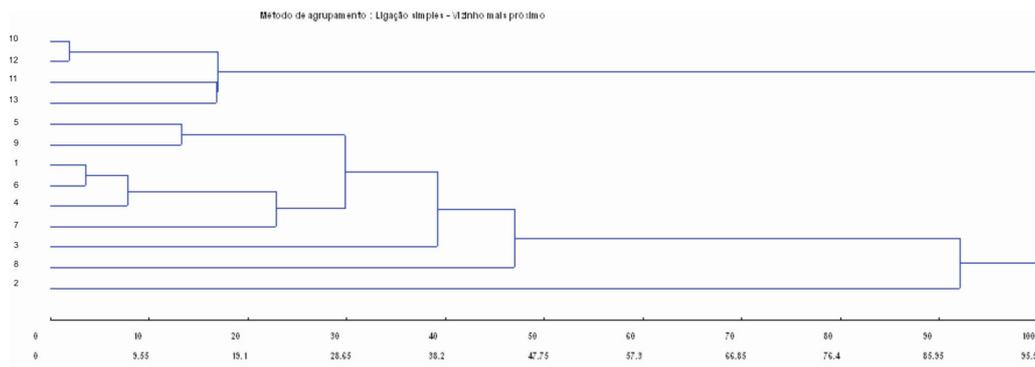


FIGURA 1. Dendrograma representativo da dissimilaridade genética entre os 13 genótipos estudados, obtidos pela técnica do vizinho mais próximo, no ambiente EA utilizando a distância generalizada de Mahalanobis como medida de dissimilaridade.

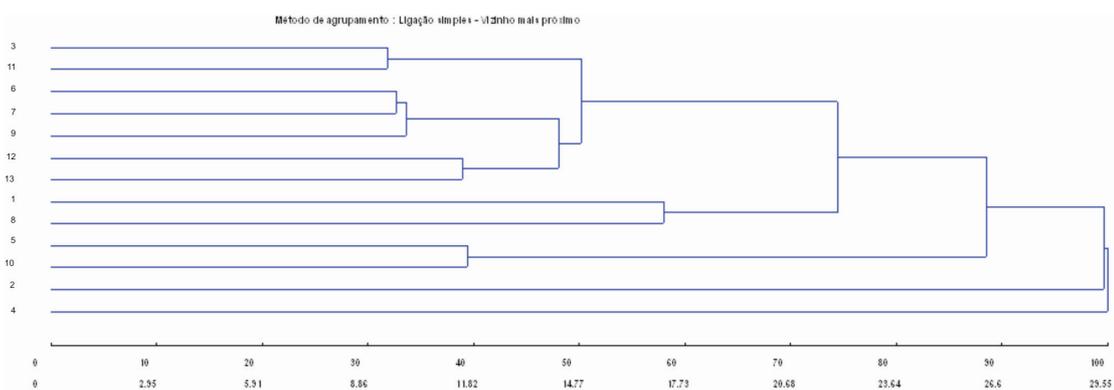


FIGURA 2. Dendrograma representativo da dissimilaridade genética entre os 13 genótipos estudados, obtidos pela técnica do vizinho mais próximo, no ambiente EB utilizando a distância generalizada de Mahalanobis como medida de dissimilaridade.

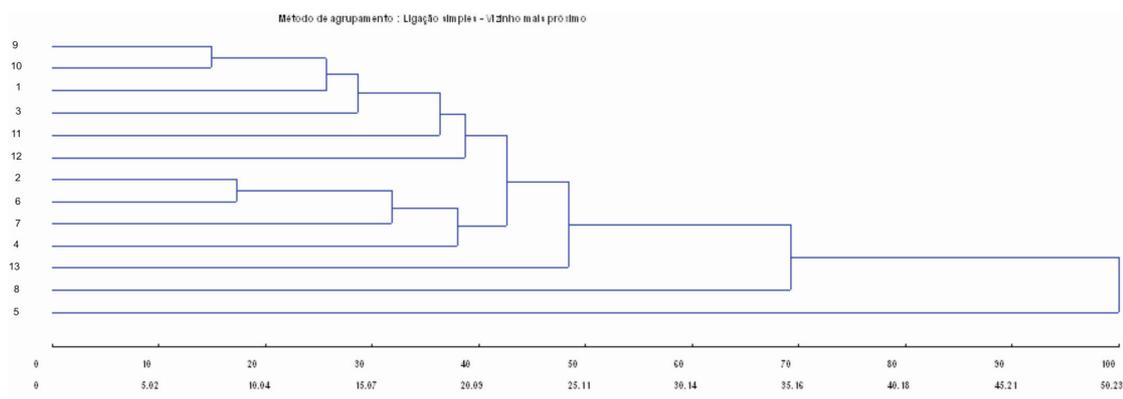


FIGURA 3. Dendrograma representativo da dissimilaridade genética entre os 13 genótipos estudados, obtidos pela técnica do vizinho mais próximo, no ambiente EC utilizando a distância generalizada de Mahalanobis como medida de dissimilaridade.

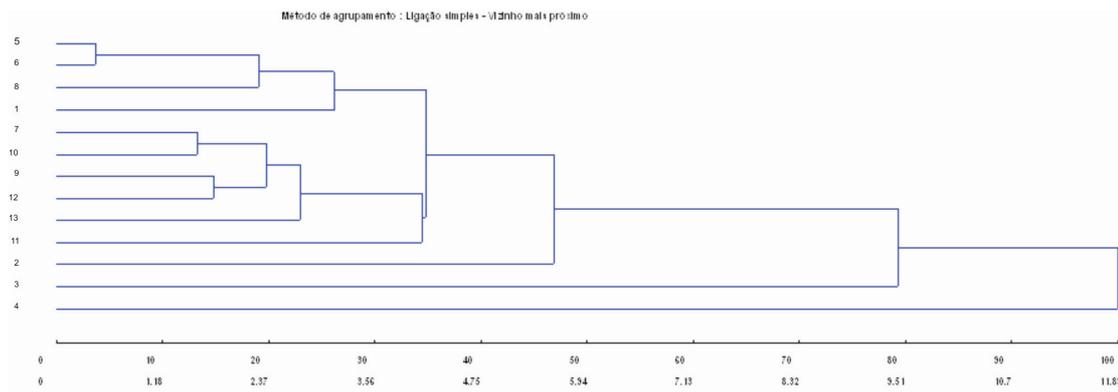


FIGURA 4. Dendrograma representativo da dissimilaridade genética entre os 13 genótipos estudados, obtidos pela técnica do vizinho mais próximo, no ambiente ED utilizando a distância generalizada de Mahalanobis como medida de dissimilaridade.

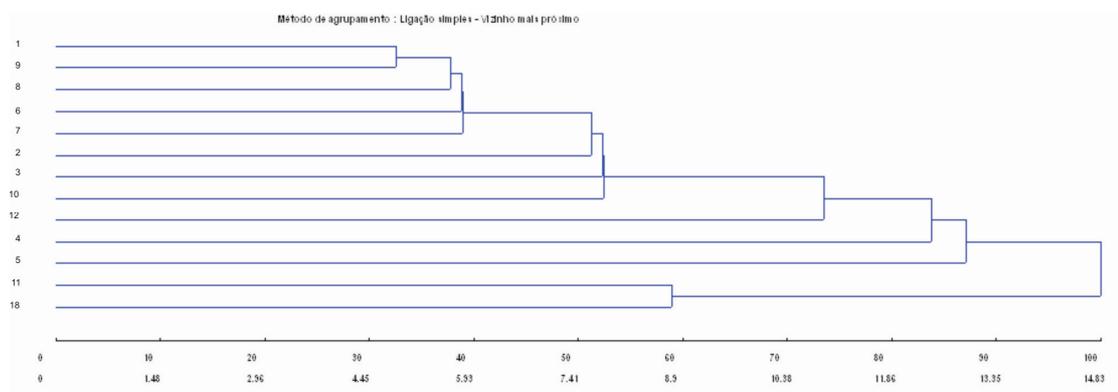


FIGURA 5. Dendrograma representativo da dissimilaridade genética entre os 13 genótipos estudados, obtidos pela técnica do vizinho mais próximo, no ambiente EE utilizando a distância generalizada de Mahalanobis como medida de dissimilaridade.

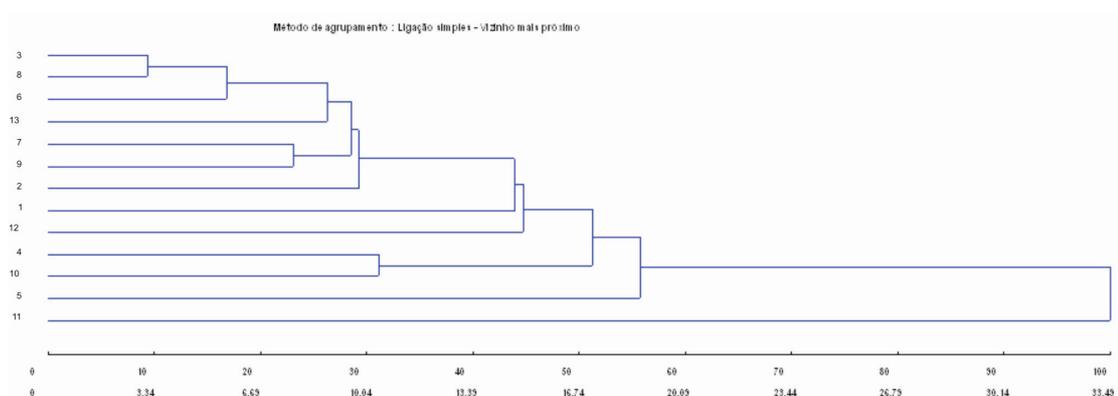


FIGURA 6. Dendrograma representativo da dissimilaridade genética entre os 13 genótipos estudados, obtidos pela técnica do vizinho mais próximo, no ambiente EF utilizando a distância generalizada de Mahalanobis como medida de dissimilaridade.

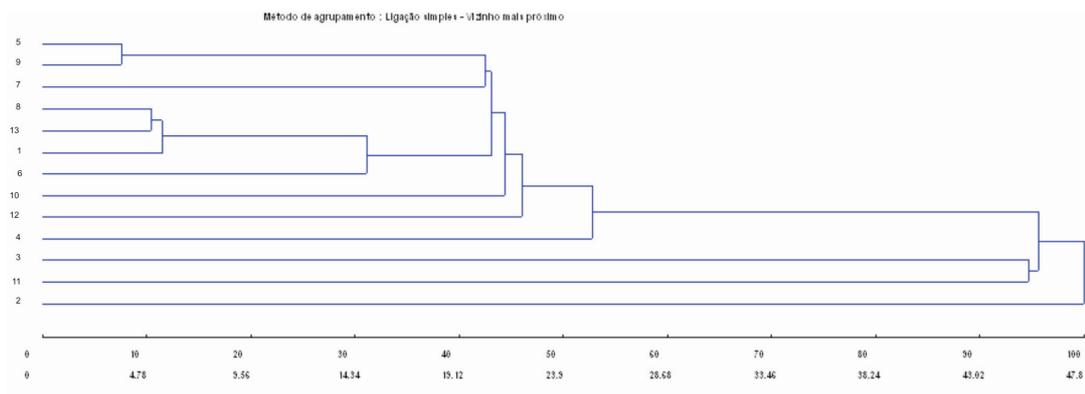


FIGURA 7. Dendrograma representativo da dissimilaridade genética entre os 13 genótipos estudados, obtidos pela técnica do vizinho mais próximo, no ambiente EG utilizando a distância generalizada de Mahalanobis como medida de dissimilaridade.

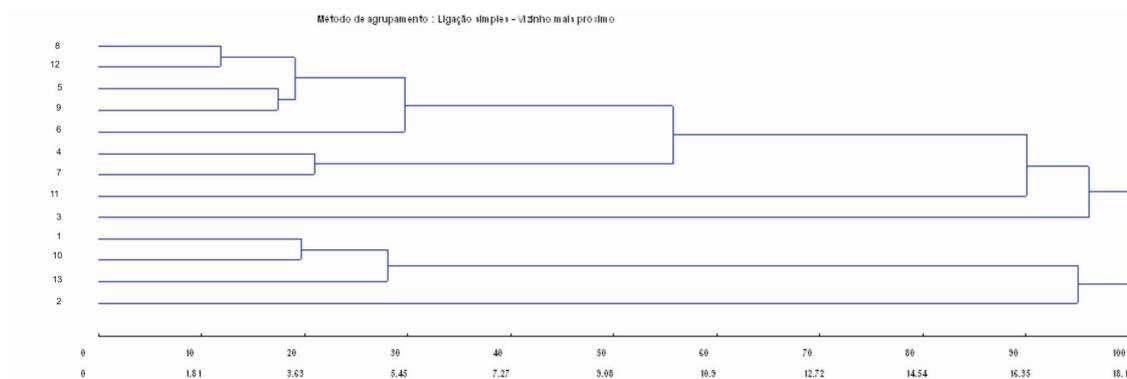


FIGURA 8. Dendrograma representativo da dissimilaridade genética entre os 13 genótipos estudados, obtidos pela técnica do vizinho mais próximo, no ambiente EH utilizando a distância generalizada de Mahalanobis como medida de dissimilaridade.



FIGURA 9 Dendrograma representativo da dissimilaridade genética entre os 13 genótipos estudados, obtidos pela técnica do vizinho mais próximo, no ambiente EI utilizando a distância generalizada de Mahalanobis como medida de dissimilaridade.

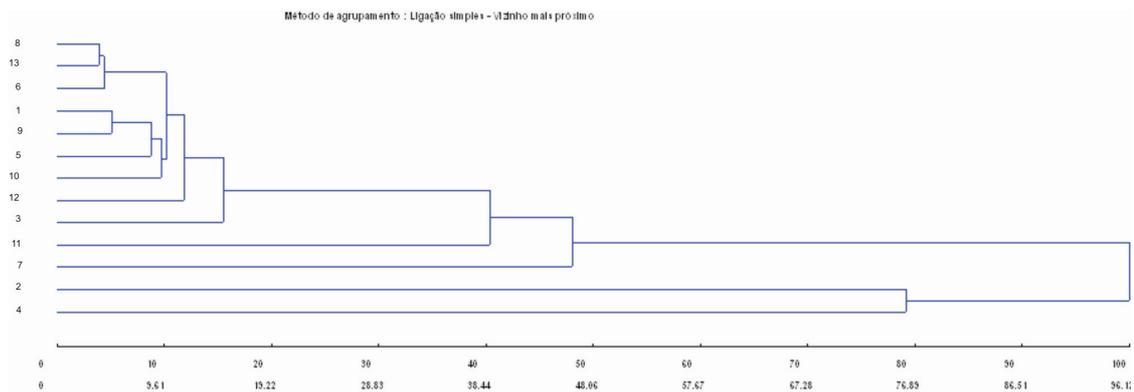


FIGURA 10 Dendrograma representativo da dissimilaridade genética entre os 13 genótipos estudados, obtidos pela técnica do vizinho mais próximo, no ambiente EJ utilizando a distância generalizada de Mahalanobis como medida de dissimilaridade.

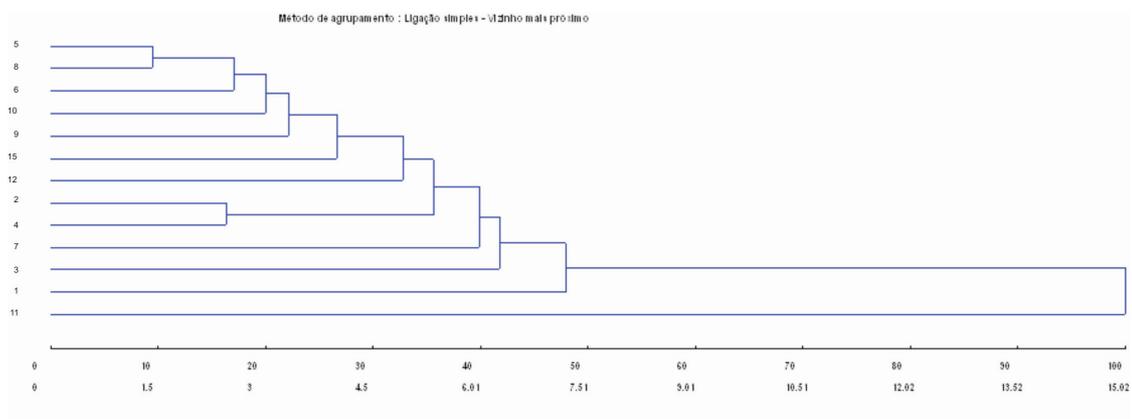


FIGURA 11 Dendrograma representativo da dissimilaridade genética entre os 13 genótipos estudados, obtidos pela técnica do vizinho mais próximo, no ambiente EK utilizando a distância generalizada de Mahalanobis como medida de dissimilaridade.

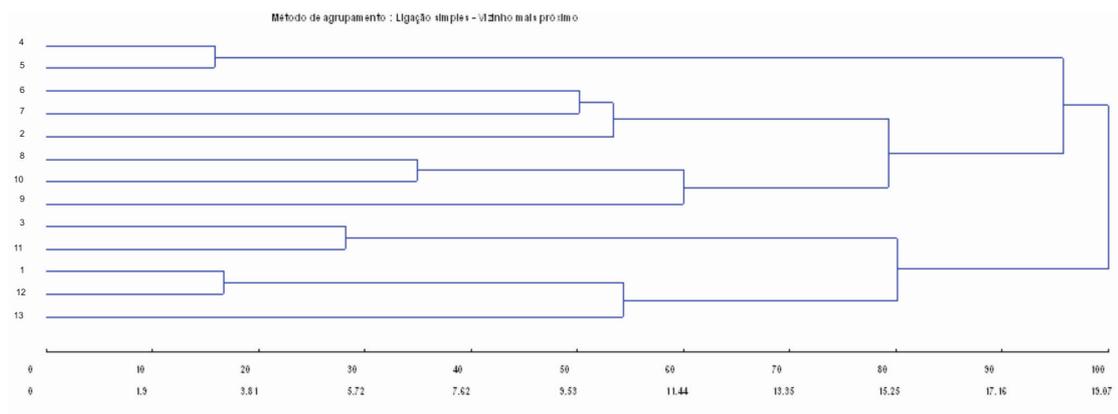


FIGURA 12 Dendrograma representativo da dissimilaridade genética entre os 13 genótipos estudados, obtidos pela técnica do vizinho mais próximo, no ambiente EL utilizando a distância generalizada de Mahalanobis como medida de dissimilaridade.

QUADRO 14 Grupos de genótipos estabelecidos nos ambientes pelo método do vizinho mais próximo, com base na dissimilaridade expressa pela distância de Mahalanobis ( $D^2$ )

Ambiente (E)	Grupo I	Grupo II	Grupo II	Grupo IV	Grupo V
EA	Rudá Pérola Diamante Negro CNF 7135 Bambuí CNF 4129 A 54	CNF 4999 R. Tibagi CNFv 8025 IAC Carioca Eté Ouro Negro	IAPAR 14	Xamego EMGOPA 201-Ouro	Aporé
EB	Xamego CNF 4999 R. Tibagi Diamante Negro IAPAR 14 IAC Carioca Eté CNF 4129 A 54 CNFv 8025 Ouro Negro CNF 7135 Bambuí	Rudá EMGOPA 201-Ouro	Aporé Pérola		
EC	IAC Carioca Eté CNF 7135 Bambuí Aporé Diamante Negro	Rudá Xamego IAPAR 14	CNF 4999 R. Tibagi CNFv 8025 CNF 4129 A 54 Pérola	EMGOPA 201-Ouro	Ouro Negro
E D	Ouro Negro Diamante negro	IAPAR 14 CNF 7135 Bambuí IAC Carioca Eté CNF 4129 A 54 EMGOPA 201-Ouro Rudá CNFv 8025	CNF 4129 A 54 Aporé	Xamego	Pérola

“...Continua...”

QUADRO 14. “Continuação”

Ambiente (E)	Grupo I	Grupo II	Grupo II	Grupo IV	Grupo V
EE	Rudá IAC Carioca Eté EMGOPA 201-Ouro Diamante Negro IAPAR 14	Xamego CNF 7135 Bambuí Aporé	CNF 4999 Rio Tibagi CNFv 8025	CNF 4129 A 54 Pérola Ouro Negro	
EF	Xamego EMGOPA 201 Ouro Diamante Negro	CNFv 8025 IAPAR 14 IAC Carioca Eté Aporé Pérola CNF 7135 Bambuí	Rudá CNF 4129 A 54	Ouro Negro	CNF 4999 Rio Tibagi
EG	Ouro Negro IAC Carioca Eté EMGOPA 201-Ouro CNFv 8025 Rudá	Diamante Negro	IAPAR 14 CNF 7135 Bambuí CNF 4129 A 54	Pérola	Xamego CNF 4999 Rio Tibagi Aporé
EH	Ouro Negro Bambuí Pérola IAPAR 14 IAC Carioca Eté Rudá	EMGOPA 201-Ouro CNF 4129 A 54	Diamante Negro CNFv 8025	CNF 4999 Rio Tibagi Xamego Aporé	

“...Continua...”

QUADRO 14. “Continuação”

Ambiente (E)	Grupo I	Grupo II	Grupo II	Grupo IV	Grupo V
EI	CNF 7135 Bambuí CNFv 8025 Pérola IAPAR 14 EMGOPA 201-Ouro CNF 4129 A 54	Ouro Negro IAC Carioca Eté Diamante Negro Rudá	CNF 4999 Rio Tibagi	Aporé Xamego	
EJ	EMGOPA 201-Ouro CNFv 8025 Diamante Negro Rudá IAC Carioca Eté Ouro Negro	CNF 7135 Bambuí CNF 4129 A 54 Xamego	CNF 4999 Rio Tigbagi IAPAR 14	Aporé Pérola	
EK	Ouro Negro EMGOPA 201-Ouro Aporé Pérola Diamante Negro	CNF 7135 Bambuí IAC Carioca Eté CNFv 8025 CNF 4129 A 54	IAPAR 14 Xamego Rudá	CNF 4999 Rio Tibagi	
EL	Pérola Ouro Negro Rudá CNF 4129 A 54	Xamego CNF 4999 Rio Tibagi Bambuí EMGOPA 201-Ouro	Diamante Negro IAPAR 14 Aporé IAC Carioca Eté CNFv 8025		

QUADRO 15. Variáveis (autovalores), variâncias percentuais e variâncias acumuladas das variáveis canônicas, em cada ambiente, para estimação da dissimilaridade entre 13 genótipos de feijoeiro comum.

V. C.	E A			E B			E C			E D		
	$\lambda I$	$\lambda I$ (%)	% acum.	$\lambda I$	$\lambda I$ (%)	% acum.	$\lambda I$	$\lambda I$ (%)	% acum.	$\lambda I$	$\lambda I$ (%)	% acum.
VC 1	85,164	86,478	86,478	21,176	62,562	62,562	25,776	56,296	56,296	4,763	59,175	59,175
VC 2	9,974	10,128	96,606	9,366	27,671	90,233	17,569	38,430	94,726	2,401	29,832	89,007
VC 3	2,633	2,673	99,281	2,470	7,327	97,561	1,330	2,906	97,633	0,488	6,071	95,079
VC 4	0,708	0,719	100,000	0,825	2,439	100,000	1,083	2,367	100,000	0,396	4,921	100,00

VC = variáveis canônicas;  $\lambda I$  = variância; % acum = % da variância acumulada.

..."Continua..."

QUADRO 15 "Continuação"

V. C.	E E			E F			E G			E H		
	$\lambda I$	$\lambda I$ (%)	% acum.	$\lambda I$	$\lambda I$ (%)	% acum.	$\lambda I$	$\lambda I$ (%)	% acum.	$\lambda I$	$\lambda I$ (%)	% acum.
VC 1	13,885	72,573	72,573	15,942	66,290	66,290	42,250	79,925	79,925	12,711	61,639	61,639
VC 2	3,455	18,059	90,633	4,721	19,632	85,923	5,118	9,682	89,607	7,506	36,396	98,035
VC 3	1,547	8,088	98,721	2,452	10,196	96,119	3,887	7,353	96,961	0,250	1,214	99,250
VC 4	0,244	1,278	100,00	0,933	3,880	100,00	1,606	3,038	100,00	0,154	0,749	100,000

VC = variáveis canônicas;  $\lambda I$  = variância; % acum = % da variância acumulada

.."Continua..."

QUADRO 15 "Continuação"

V. C.	E I			E J			E K			E L		
	$\lambda I$	$\lambda I$ (%)	% acum.	$\lambda I$	$\lambda I$ (%)	% acum.	$\lambda I$	$\lambda I$ (%)	% acum.	$\lambda I$	$\lambda I$ (%)	% acum.
VC 1	12,186	67,307	67,307	42,143	75,292	75,292	8,095	76,542	76,542	44,683	91,808	91,808
VC 2	5,758	31,802	99,109	13,236	23,648	98,940	1,754	16,586	93,129	2,985	6,135	97,943
VC 3	-	-	-	0,405	0,724	99,664	-	-	-	0,721	1,481	99,424
VC 4	0,161	0,890	100,00	0,187	0,335	100,000	0,726	6,870	100,000	0,279	0,575	100,000

VC = variáveis canônicas;  $\lambda I$  = variância; % acum = % da variância acumulada

Os grupos de genótipos similares constituídos em cada um dos ambientes estão descritos no Quadro 16. Observa-se que o genótipo Aporé distanciou-se nitidamente dos demais na maioria dos ambientes (exceto EC e EK), constituindo um grupo unitário bem característico, o que significa ser este genótipo geneticamente bem divergente dos demais. Comportamento um tanto semelhante pode ser observado com relação aos genótipos Pérola (EB, EC, ED, EE, EF e EJ), CNF 4999-Rio Tibagi (EF, EG, EH, EI e EK) e Xamego (ED, EG, EH e EI) que também se mantiveram distantes geneticamente dos demais genótipos estudados, constituindo grupos distintos isolados.

A análise comparativa das duas metodologias de agrupamento (método hierárquico do vizinho mais próximo e variáveis canônicas) vistas até aqui, indica uma maior eficiência discriminatória da segunda metodologia, porém a primeira mostra-se de aplicação mais fácil e mais precisa na visualização dos grupos. Pela maior eficiência das variáveis canônicas na formação de grupos de similaridade (maior número de grupos formados com menos elementos por grupo) em nenhum dos ambientes os grupos formados pelas técnicas até aqui adotadas foram semelhantes, contudo, em alguns (EC, ED, EI, EJ e EK) pode-se observar certa analogia uma vez que os grupos de genótipos formados pelas variáveis canônicas são, na realidade, sub-grupos daqueles constituídos pelo agrupamento do vizinho mais próximo, ocorrendo às vezes o contrário.

Assim é que os genótipos IAC Carioca Eté, IAPAR 14, CNF 4129 A 54 e Diamante Negro, que constituem o grupo I, no ambiente EB, estabelecido pelas variáveis canônicas é um sub-grupo do grupo I, no mesmo ambiente, estabelecido pelo método do vizinho mais próximo, o grupo II estabelecido no ambiente EL pelas variáveis canônicas, composto dos genótipos CNF Rio Tibagi e Xamego é sub-grupo do grupo II, estabelecido no mesmo ambiente pelo método do vizinho mais próximo. Situação inversa é observada nos grupo I do ambiente EF onde o grupo estabelecido pelo método do vizinho mais próximo, contendo os genótipos Xamego, EMGOPA 201-Ouro e Diamante Negro pode ser considerado como sub-grupo do grupo I estabelecido pelas variáveis canônicas no mesmo ambiente. Boa analogia entre as duas metodologias é observada em grupos estabelecidos nos ambientes EA; EC, EE, EF, EG e EK e ambas as técnicas identificaram os genótipos Aporé, Pérola, CNF 4999-Rio Tibagi e Xamego como os mais distante geneticamente dos demais genótipos, praticamente, nos mesmos ambientes.

A contribuição relativa dos caracteres para a divergência genética, em cada um dos ambientes, obtida pelas variáveis canônicas se encontra nos dados contidos no

Quadro 17. Os caracteres de menor importância são aqueles cujos coeficientes de ponderação (autovetores) são os de maior magnitude, em valor absoluto, nas últimas variáveis canônicas, que são aquelas que menos explicam a variabilidade global existente entre as variáveis originais (HAIR et al, 2005).

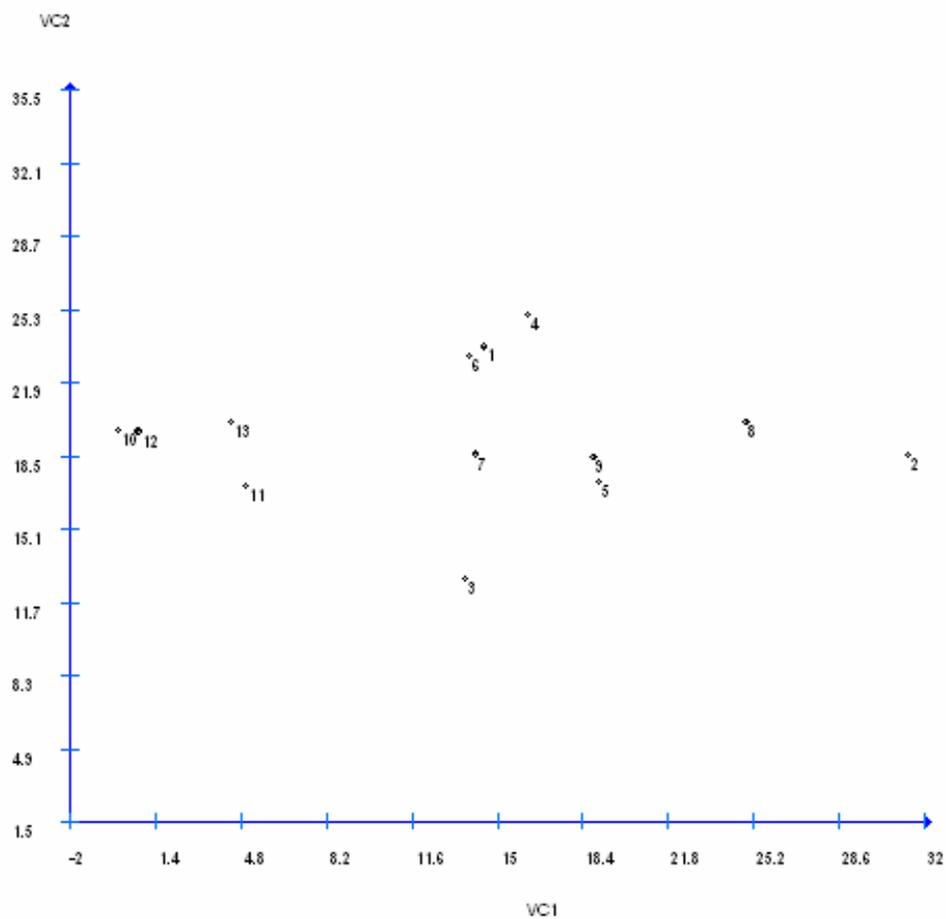


FIGURA 13. Dispersão gráfica dos escores dos 13 genótipos de feijoeiro comum utilizando-se as duas primeiras variáveis canônicas obtidos no ambiente EA.

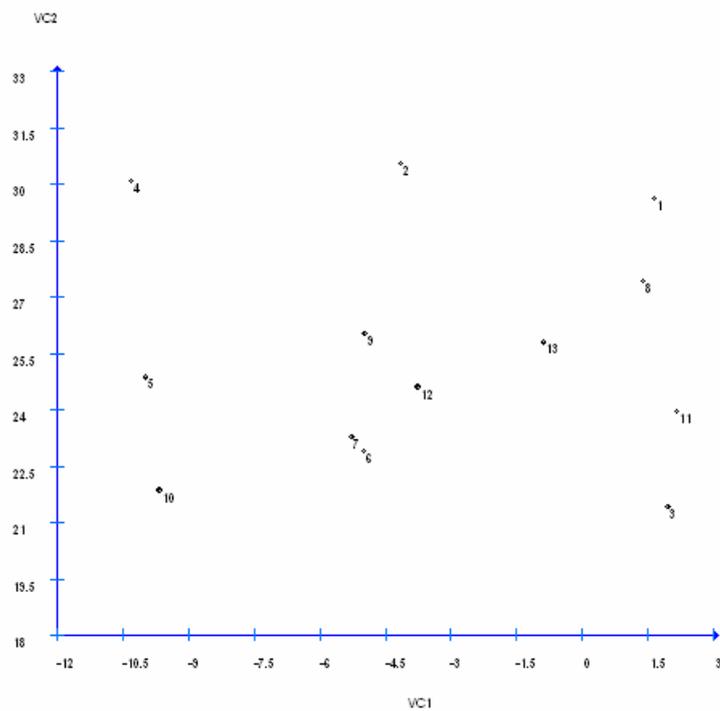


FIGURA 14. Dispersão gráfica dos escores dos 13 genótipos de feijoeiro comum utilizando-se as duas primeiras variáveis canônicas obtidos no ambiente EB.

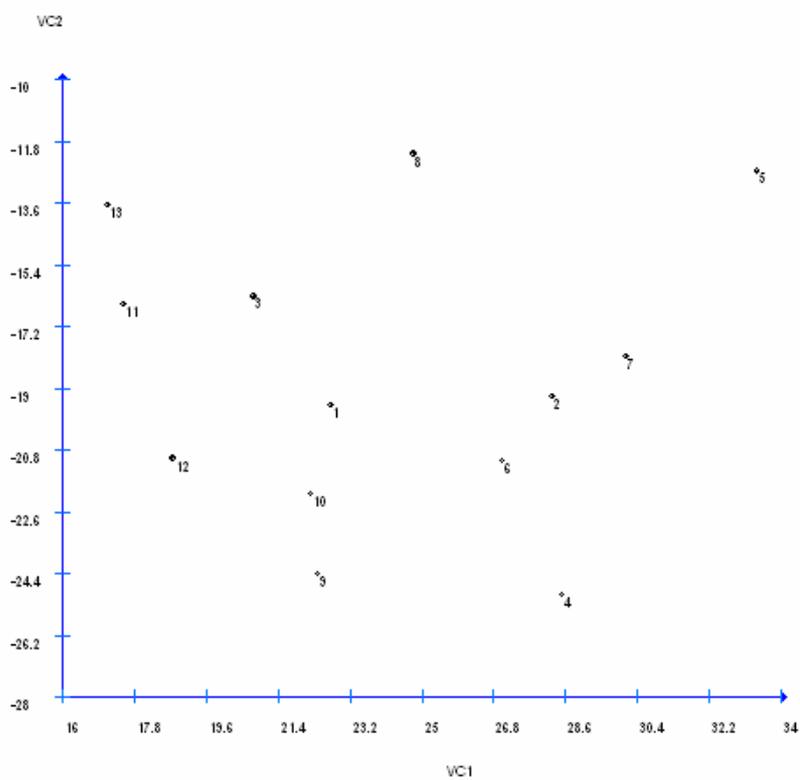


FIGURA 15. Dispersão gráfica dos escores dos 13 genótipos de feijoeiro comum utilizando-se as duas primeiras variáveis canônicas obtidos no ambiente EC.

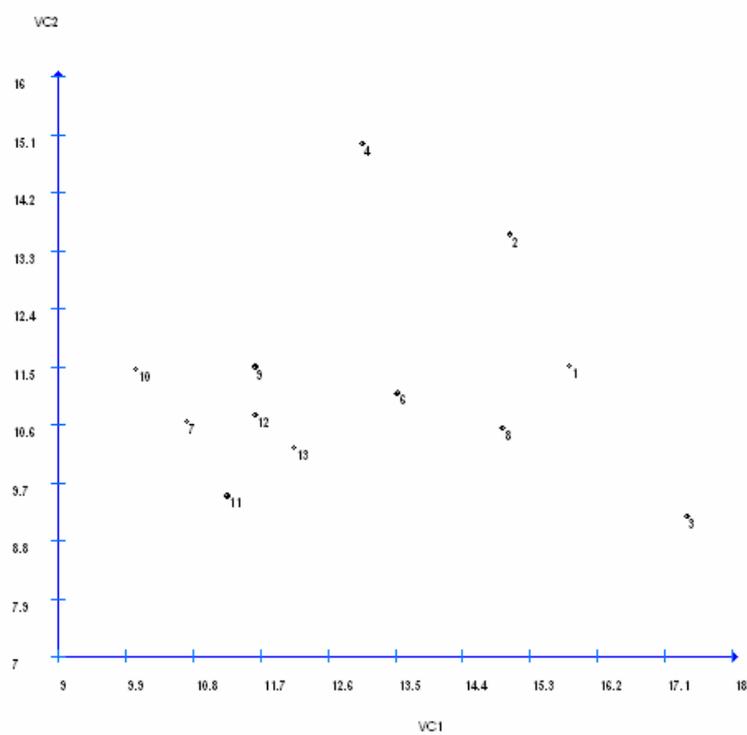


FIGURA 16. Dispersão gráfica dos escores dos 13 genótipos de feijoeiro comum utilizando-se as duas primeiras variáveis canônicas obtidos no ambiente ED.

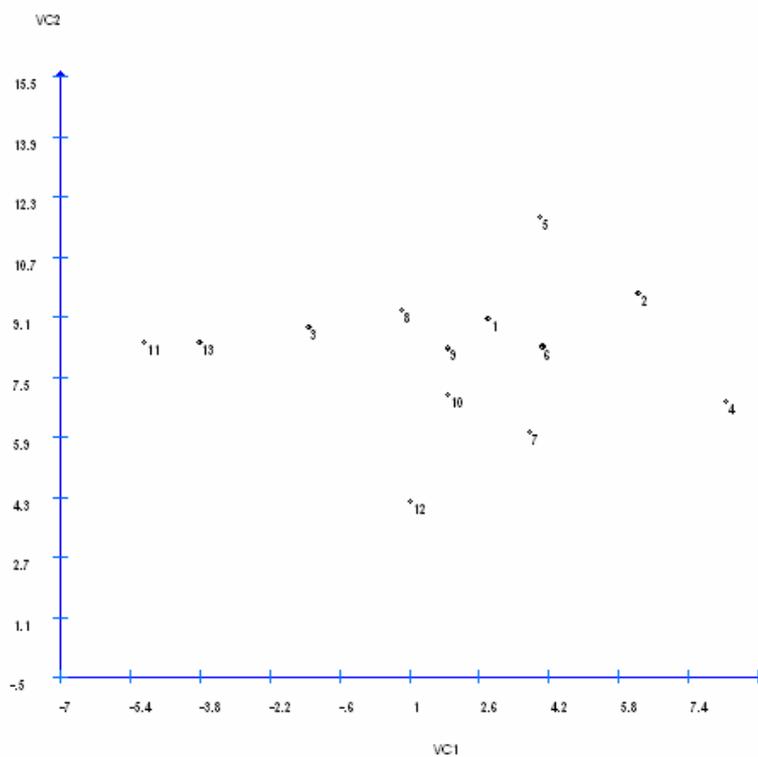


FIGURA 17. Dispersão gráfica dos escores dos 13 genótipos de feijoeiro comum utilizando-se as duas primeiras variáveis canônicas obtidos no ambiente EE.

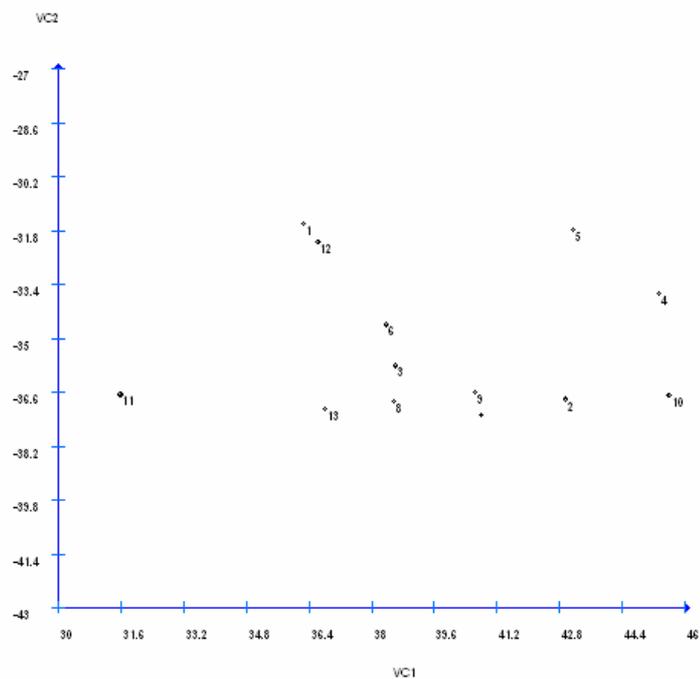


FIGURA 18. Dispersão gráfica dos escores dos 13 genótipos de feijoeiro comum utilizando-se as duas primeiras variáveis canônicas obtidos no ambiente EF.

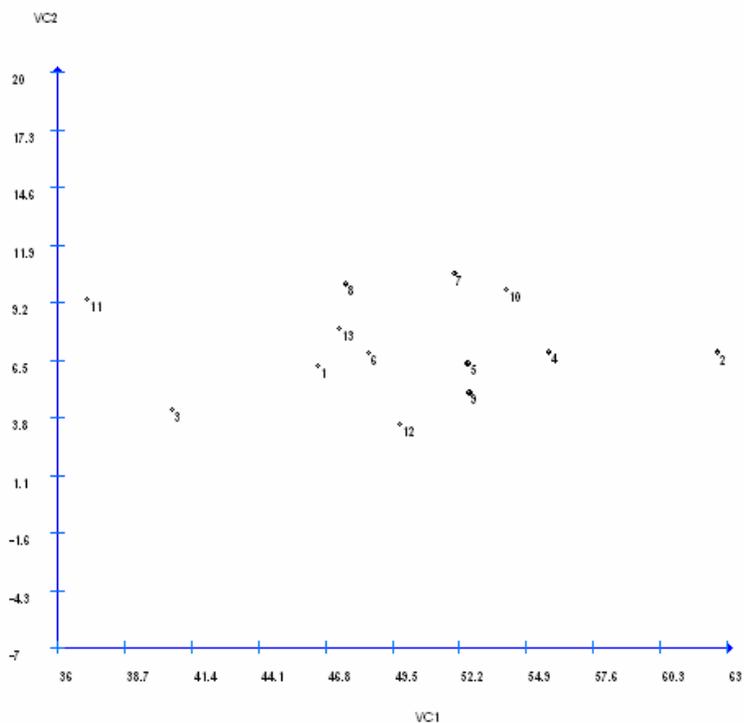


FIGURA 19. Dispersão gráfica dos escores dos 13 genótipos de feijoeiro comum utilizando-se as duas primeiras variáveis canônicas obtidos no ambiente EG

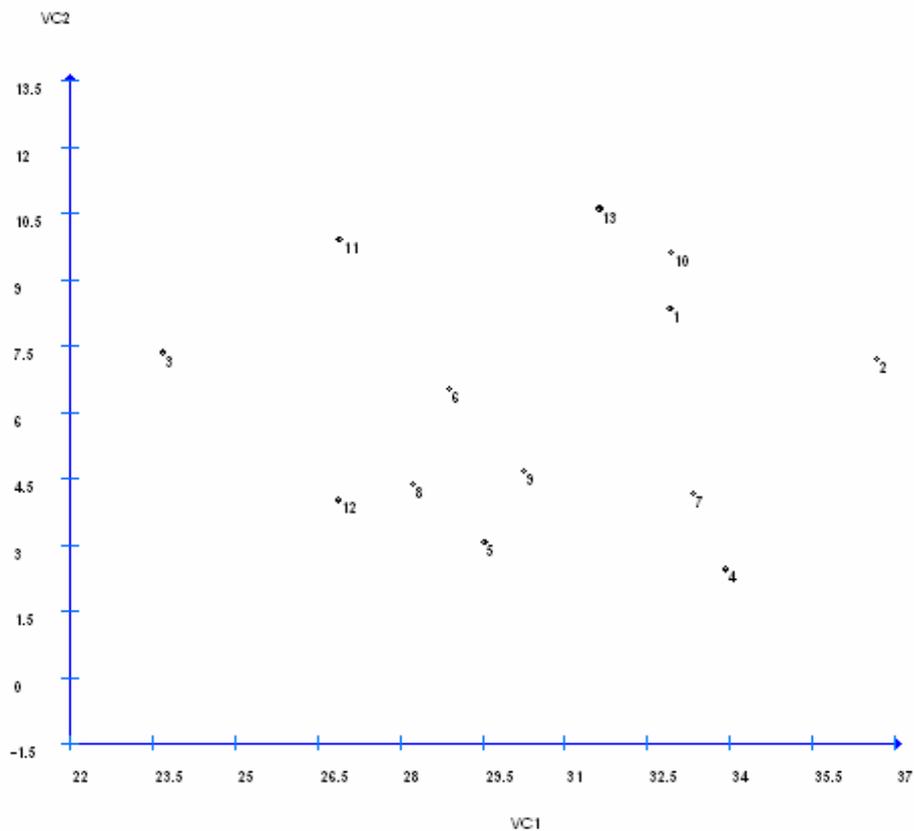


FIGURA 20. Dispersão gráfica dos escores dos 13 genótipos de feijoeiro comum utilizando-se as duas primeiras variáveis canônicas obtidos no ambiente EH.

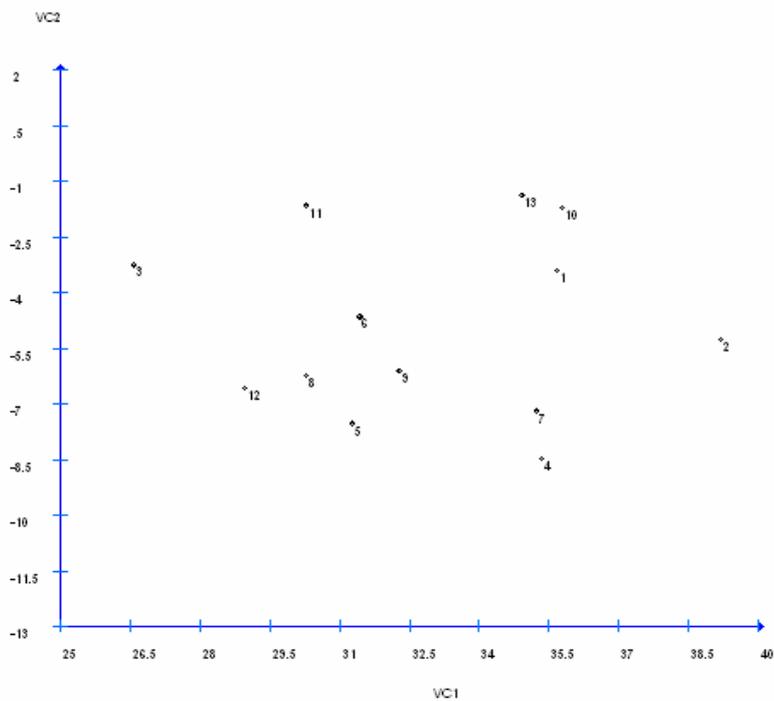


FIGURA 21. Dispersão gráfica dos escores dos 13 genótipos de feijoeiro comum utilizando-se as duas primeiras variáveis canônicas obtidos no ambiente EI.

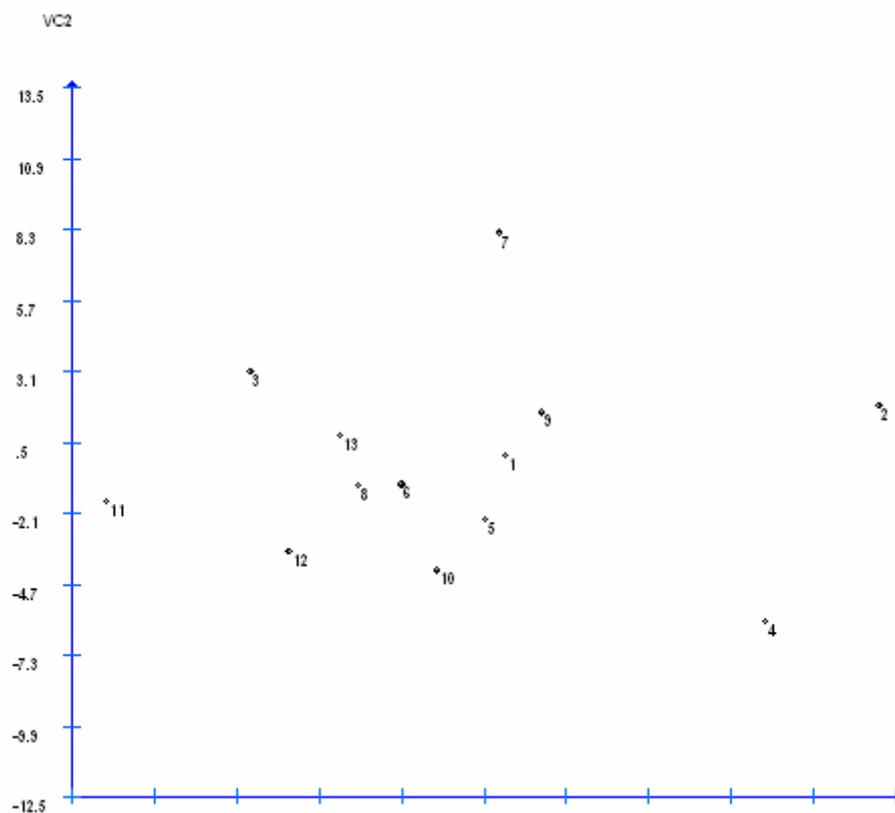


FIGURA 22. Dispersão gráfica dos escores dos 13 genótipos de feijoeiro comum utilizando-se as duas primeiras variáveis canônicas obtidos no ambiente EJ.

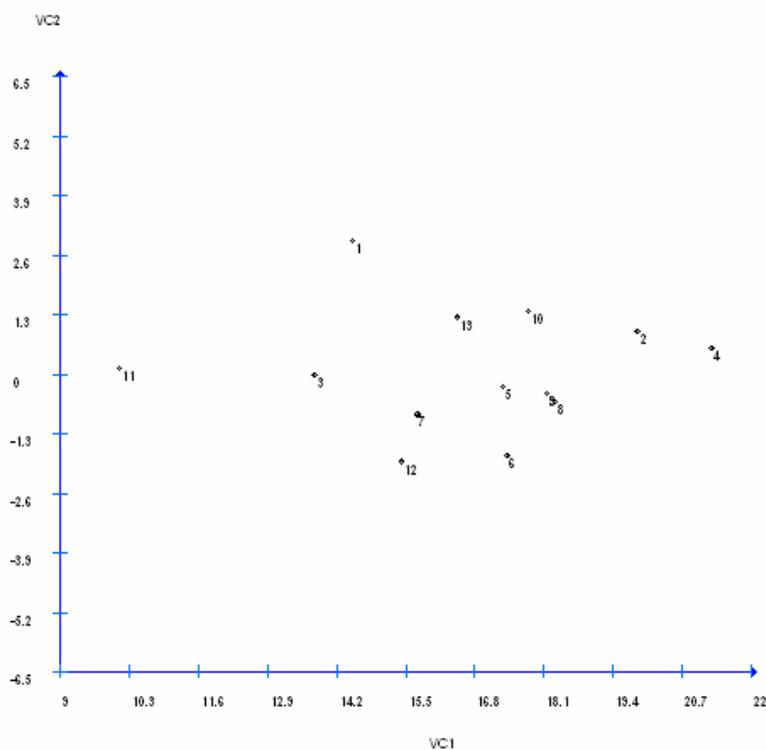


FIGURA 23. Dispersão gráfica dos escores dos 13 genótipos de feijoeiro comum utilizando-se as duas primeiras variáveis canônicas obtidos no ambiente EK

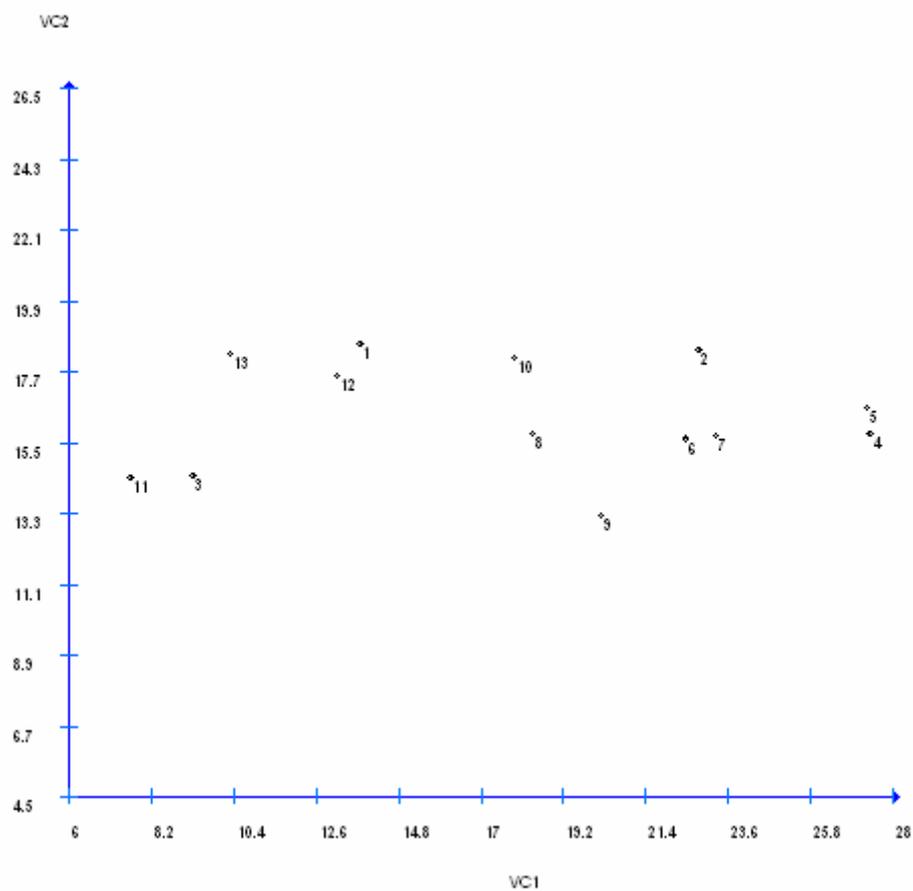


FIGURA 24. Dispersão gráfica dos escores dos 13 genótipos de feijoeiro comum utilizando-se as duas primeiras variáveis canônicas obtidas no ambiente E1.

QUADRO 16. Grupos de genótipos estabelecidos pelas variáveis canônicas nos 12 ambientes

Ambiente (E)	Grupo I	Grupo II	Grupo III	Grupo IV	Grupo V	Grupo VI	Grupo VII
E A	CNF Bambuí CNF 4129 A 54 CNFv 8025 CNF Rio Tibagi	Diamante Negro Rudá Pérola	IAPAR 14 IAC Carioca Eté Ouro Negro Xamego	EMGOPA 201	Aporé		
E B	IAC Carioca Eté IAPAR 14 CNF 4129 A 54 Diamante negro	Ouro Negro CNF Bambuí	CNFv 8025 EMGOPA 201 Rudá	CNF Rio Tibagi Xamego	Pérola	Aporé	
E C	CNF Rio Tibagi Xamego CNF 4129 A 54 CNF Bambuí Rudá	Diamante Negro Aporé IAPAR 14	CNFv 8025	EMGOPA 201	Ouro Negro	Pérola	IAC Carioca Eté
E D	CNF Bambuí IAPAR 14 IAC Carioca Eté CNF 4129 A 54 Ouro Negro CNF Rio Tibagi	Diamante Negro EMGOPA 201 Rudá	Pérola	Aporé	Xamego		

“...Continua...”

QUADRO 16. “Continuação”

Ambiente (E)	Grupo I	Grupo II	Grupo III	Grupo IV	Grupo V	Grupo VI	Grupo VII
E E	EMGOPA 201 IAC Carioca Eté Rudá Diamante Negro IAC Bambuí IAPAR 14	CNF Rio Tibagi CNFv 8025 Xamego	Pérola	CNF 4129 A 54	Aporé	Ouro Negro	
E F	Diamante Negro Xamego IAC Carioca Eté IAPAR 14 EMGOPA 201 CNFv 8025	Rudá CNF 4129 A 54	CNF Rio Tibagi	Ouro Negro	Pérola	CNF Bambuí	Aporé
E G	EMGOPA 201 CNFv 8025 Rudá Diamante Negro	CNF 4129 A 54 IAC Carioca Eté Ouro Negro Pérola	IAPAR 14 CNF Bambuí	CNF Rio Tibagi	Xamego	Aporé	
E H	CNF 4129 A 54 EMGOPA 201 Diamante Negro IAC Carioca Eté Ouro Negro	CNFv 8025 CNF Bambuí Rudá	IAPAR 14 Pérola	Xamego	CNF Rio Tibagi	Aporé	

“...Continua...”

QUADRO 16. “Continuação”

Ambiente (E)	Grupo I	Grupo II	Grupo III	Grupo IV	Grupo V	Grupo VI	Grupo VII
E I	CNF 4129 A 54 EMGOPA 201 Diamante Negro IAC Carioca Eté Ouro Negro	CNFv 8025 CNF Bambuí Rudá	Pérola IAPAR 14	Xamego	CNF Rio Tibagi	Aporé	
E J	CNFV 8025 EMGOPA 201 Diamante Negro CNF 4129 A 54	CNF Bambuí Rudá IAC Carioca Eté Ouro Negro	Xamego	CNF Rio Tibagi	Pérola	IAPAR 14	Aporé
E K	CNF Bambuí IAC Carioca Eté EMGOPA 201 Ouro Negro	Xamego CNF 4129 A 54 Diamante Negro	IAPAR 14 Xamego	Pérola Aporé	CNF Rio Tibagi	Rudá	
E L	CNFv 8025 Rudá CNF 4129 A 54	CNF Rio Tibagi Xamego	Pérola Ouro Negro	Diamante Negro IAPAR 14	Aporé	IAC Bambuí EMGOPA 201	Aporé

A contribuição dos caracteres para a dissimilaridade genética pelas variáveis canônicas, em cada um dos ambientes avaliados, apresentou boa concordância com a estimada pela estimativa S.j' de Singh (SINGH, 1981). O caráter "MCS" é, também, o que mais contribui para a divergência genética entre os genótipos tendo sido o mais importante em sete (EB, ED, EF, EH, EI, EJ e EL) dos 12 ambientes avaliados. Pela estimativa S.j' de Singh o referido caráter é o que mais contribui em oito dos 12 ambientes, concordando com a estimativa pelas variáveis canônicas, exceto quanto aos ambientes EB e ED o que ratifica a sua importância num programa de melhoramento para seleção de genótipos e corrobora resultados obtidos por outros pesquisadores, já citados.

O caráter "PRD", considerando o conjunto de ambientes, é o segundo caráter que mais contribui para a dissimilaridade genética pelas variáveis canônicas, também concordando com a estimativa S.j' de Singh. Em quatro ambientes (EA, EF, EJ e EK) é o caráter de maior importância para a contribuição da divergência e em outros quatro é o segundo mais importante (EB, EE, EG e EL). O caráter "VAG" foi o mais importante para a dissimilaridade genética apenas no ambiente EA, oscilando a sua posição entre a terceira e a quarta nos demais ambientes avaliados enquanto que o caráter "SEM" pode ser considerado como o que menos contribui para a divergência genética estimada pela técnica das variáveis canônicas. No Quadro 17 encontram-se os coeficientes de ponderação (autovetores) das características avaliadas, para cada variável canônica, em cada um dos ambientes avaliados.

### **4.3 Componentes Principais**

Quanto a análise da divergência genética pelos componentes principais, Morrison (1976), relata que devem ser absorvidos nos dois primeiros componentes um mínimo de 75% de toda variação existente entre os genótipos. Cruz (1990) complementa a idéia de que quando não obtido 70 a 80% da variação nos dois primeiros componentes, a dispersão gráfica deve ser realizada até os componentes que absorverem esta porcentagem o que pode, às vezes, ser impraticável. A análise dos dados contidos no Quadro 18 revela que em apenas dois ambientes (EB e EF) foram necessários os três primeiros componentes para explicar um mínimo de 80% da variação total, em todos os demais, os dois primeiros componentes principais foram suficientes, absorvendo uma porcentagem que variou, em magnitude, de 80,77% (EG) a 96, 86% (EI) da variância

global entre as variáveis originais, permitindo interpretar o fenômeno de forma simplificada através da dispersão dos escores em gráficos bidimensionais, exceto nos ambientes EB e EF, onde os gráficos são tridimensionais (Figuras 25 a 37).

QUADRO 17. Coeficientes de ponderação (autovetores) associados às variáveis canônicas das características avaliadas nos ambientes.

V.C.	E A caracteres				EB caracteres				E C caracteres			
	VAG	SEM	MCS	PRD	VAG	SEM	MCS	PRD	VAG	SEM	MCS	PRD
VC 1	-1,183	-0,757	0,468	1,786	0,326	-0,243	-0,595	1,029	-0,420	-0,389	0,783	0,693
VC 2	0,685	0,287	0,866	-0,976	0,251	-0,058	0,839	0,462	-0,461	-0,944	-0,697	1,491
VC 3	1,270	0,501	0,079	-0,435	-0,350	0,919	0,183	-0,142	-0,546	1,242	0,387	-0,343
VC 4	-0,203	0,997	0,184	-0,120	0,921	0,742	0,149	-0,335	1,181	0,076	0,175	-0,563

VAG = número de vagens por planta; SEM = número de semente por vagem; MCG = massa de 100 sementes; PRD = produtividade de grãos

QUADRO 17. “Continuação”

V.C.	E D caracteres				EE caracteres				E F caracteres			
	VAG	SEM	MCS	PRD	VAG	SEM	MCS	PRD	VAG	SEM	MCS	PRD
VC 1	0,392	0,817	0,066	0,551	-0,947	-1,079	0,729	0,119	0,958	0,420	1,192	-0,470
VC 2	0,579	-0,050	1,218	-0,638	0,056	-0,354	-0,013	1,068	-3,079	-1,354	-0,439	1,942
VC 3	0,998	-0,298	0,082	-0,312	1,210	1,322	0,765	-0,703	-0,470	0,164	-0,142	1,308
VC 4	-0,505	-0,578	-0,005	0,896	0,590	-0,428	-0,087	-0,172	-0,422	-1,144	-0,040	0,446

VAG = número de vagens por planta; SEM = número de sementes por vagem; MCG = massa de 100 sementes; PRD = produtividade de grãos

“...Continua...”

QUADRO 17. “Continuação”

V.C.	E G caracteres				EH caracteres				E I caracteres			
	VAG	SEM	MCS	PRD	VAG	SEM	MCS	PRD	VAG	SEM	MCS	PRD
VC 1	0,295	-0,229	1,063	-0,225	0,667	-0,269	1,025	0,369	0,837	-	0,952	0,380
VC 2	-0,625	-0,385	0,031	1,273	0,851	0,528	-0,345	0,419	-	-	-	-
VC 3	1,532	0,757	0,135	-0,490	0,192	0,934	0,228	-0,612	0,615	-	-0,526	0,524
VC 4	-0,117	0,913	0,097	0,207	-0,386	0,255	0,047	0,002	-0,424	-	-0,012	0,807

VAG = número de vagens por planta; SEM = número de sementes por vagem; MCS = massa de 100 sementes; PRD = produtividade de grãos  
 “...Continua...”

QUADRO 17. “Continuação”

V.C.	E J caracteres				EK caracteres				E L caracteres			
	VAG	SEM	MCS	PRD	VAG	SEM	MCS	PRD	VAG	SEM	MCS	PRD
VC 1	0,126	0,427	1,090	-0,151	-0,565	-	0,627	0,364	-0,351	-1,077	1,472	-0,669
VC 2	0,547	0,289	-0,249	0,885	-	-	-	-	0,176	-0,065	0,270	0,886
VC 3	0,846	-0,109	0,022	-0,417	-0,002	-	-0,280	0,990	-0,747	0,738	0,046	-0,059
VC 4	0,036	0,933	0,011	-0,397	0,110	-	0,249	-0,219	0,616	0,485	0,222	-0,258

VAG = número de vagens por planta; SEM = número de sementes por vagem; MCS = massa de 100 sementes; PRD = produtividade de grãos

QUADRO 18. Estimativas dos autovalores associados aos componentes principais (Raiz), importância relativa (R%) e acumulada (% acumulada) referente a quatro caracteres avaliados em 13 genótipos de feijoeiro comum em 12 ambientes.

C.P.	E A			E B			E C			E D		
	Raiz	Raiz (%)	% acum									
CP 1	2,377	59,448	89,448	1,909	47,748	47,748	1,995	49,884	49,884	2,463	61,591	61,591
CP 2	1,242	31,050	90,499	1,165	29,126	76,875	1,610	40,257	90,141	1,020	25,501	87,092
CP 3	0,281	7,046	97,545	0,793	19,834	96,709	0,329	8,231	98,372	0,387	9,685	96,778
CP 4	0,098	2,455	100,000	0,131	3,290	100,000	0,065	1,628	100,000	0,129	3,222	100,000

C.P = componentes principais; % acum = % acumulada da variação

“...Continua...”

QUADRO 18 “Continuação”

C.P	E E			E F			E G			E H		
	Raiz	Raiz (%)	% acum									
CP 1	2,268	56,713	56,714	1,948	48,700	48,700	1,884	47,124	47,124	2,147	53,699	53,699
CP 2	1,292	32,317	89,031	1,131	28,282	76,983	1,346	33,651	80,776	1,551	38,793	92,493
CP 3	0,301	7,531	96,562	0,833	20,846	97,829	0,532	13,317	94,094	0,211	5,295	97,788
CP 4	0,137	3,438	100,000	0,086	2,171	100,000	0,236	5,906	100,000	0,088	2,212	100,000

C.P = componentes principais; % acum = % acumulada da variação

“...Continua...”

QUADRO 18 “Continuação”

C.P	E I			E J			E K			E L		
	Raiz	Raiz (%)	% acum									
CP 1	1,904	63,495	63,495	2,921	73,025	73,025	1,441	48,045	48,045	2,518	62,951	62,951
CP 2	-	-	-	0,859	21,481	94,506	-	-	-	0,810	20,253	83,204
CP 3	1,001	33,366	96,862	0,165	4,142	98,649	1,174	39,133	87,179	0,500	12,507	95,711
CP 4	0,094	3,137	100,000	0,054	1,351	100,000	0,384	12,820	100,000	0,171	4,289	100,000

C.P = componentes principais; % acum = % acumulada da variação

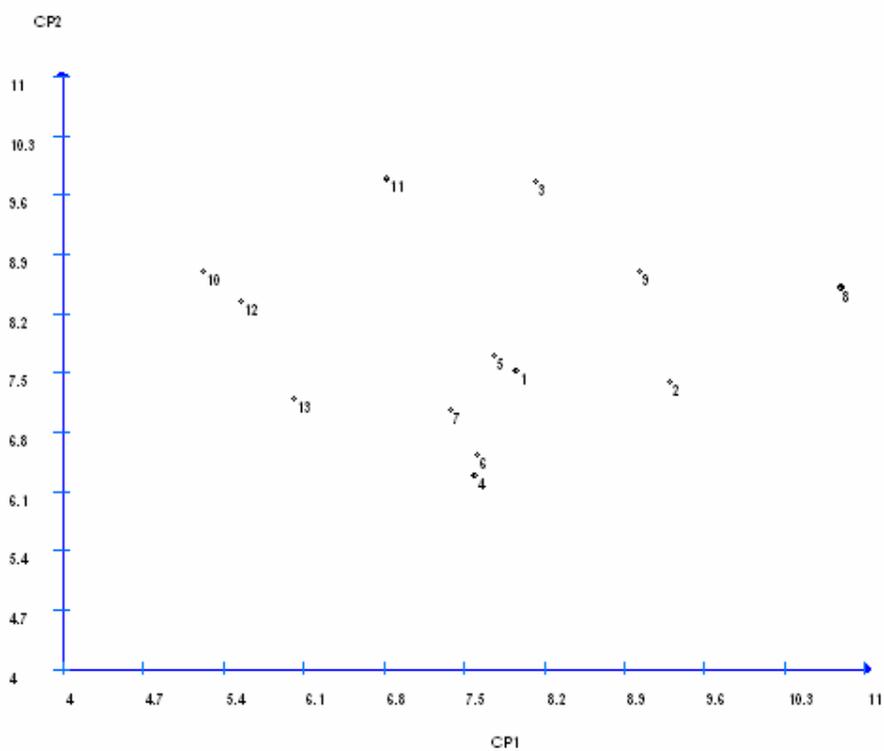


FIGURA 25. Dispersão gráfica dos escores dos 13 genótipos de feijoeiro comum utilizando-se os dois primeiros componentes obtidos no ambiente EA.

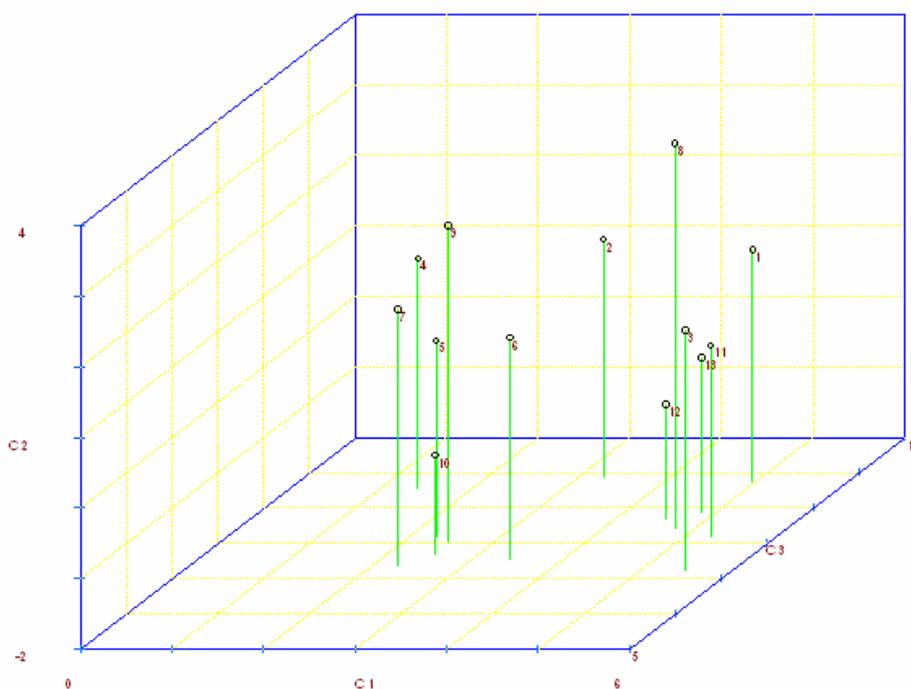


FIGURA 26. Dispersão gráfica dos escores dos 13 genótipos de feijoeiro comum utilizando-se os três primeiros componentes obtidos no ambiente EB.

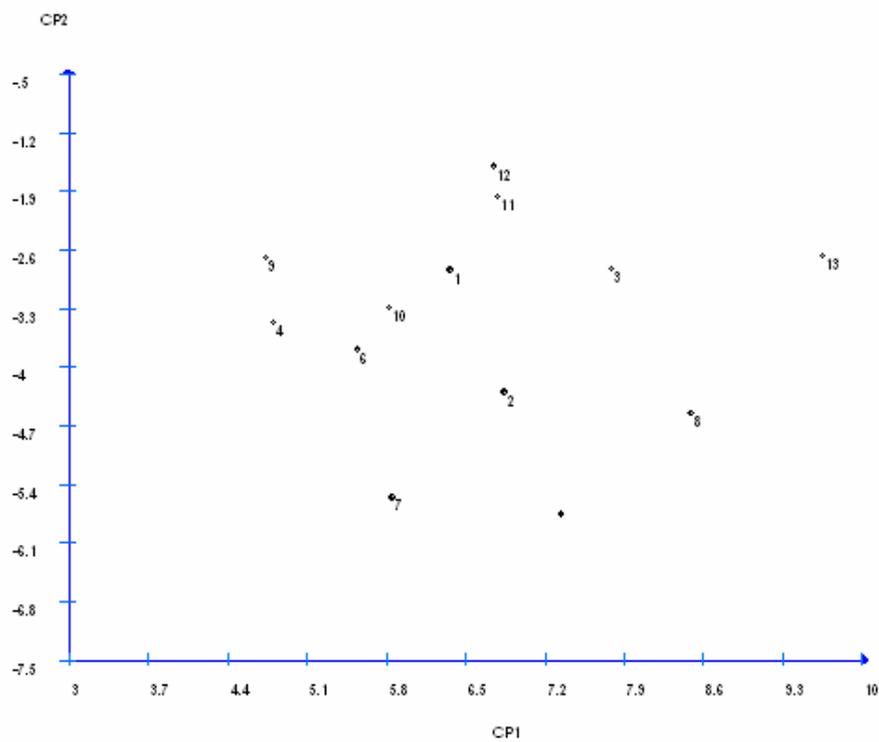


FIGURA 27. Dispersão gráfica dos escores dos 13 genótipos de feijoeiro comum utilizando-se os dois primeiros componentes obtidos no ambiente EC.

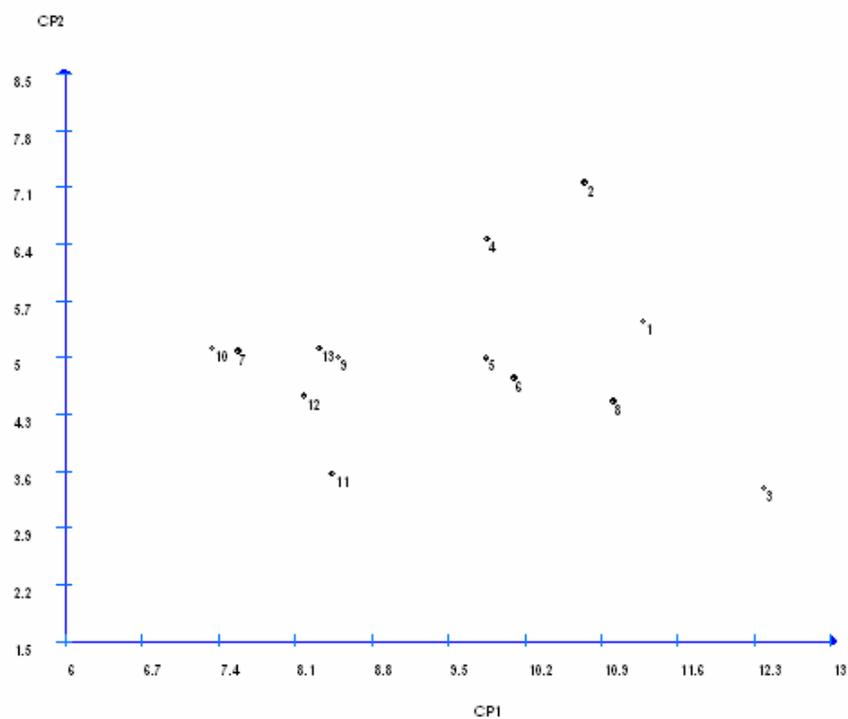


FIGURA 28. Dispersão gráfica dos escores dos 13 genótipos de feijoeiro comum utilizando-se os dois primeiros componentes obtidos no ambiente ED.

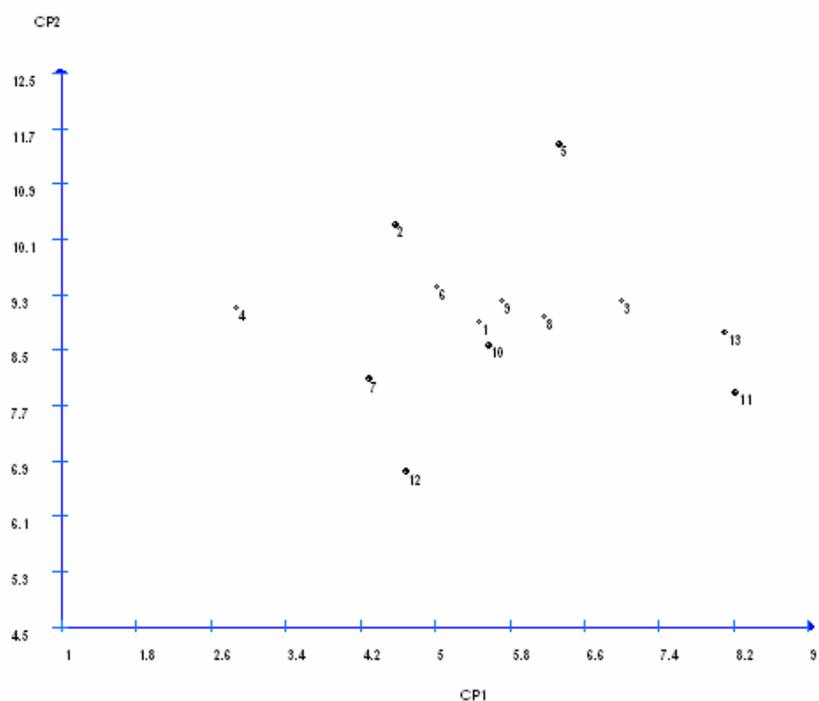


FIGURA 29. Dispersão gráfica dos escores dos 13 genótipos de feijoeiro comum utilizando-se os dois primeiros componentes obtidos no ambiente EE.

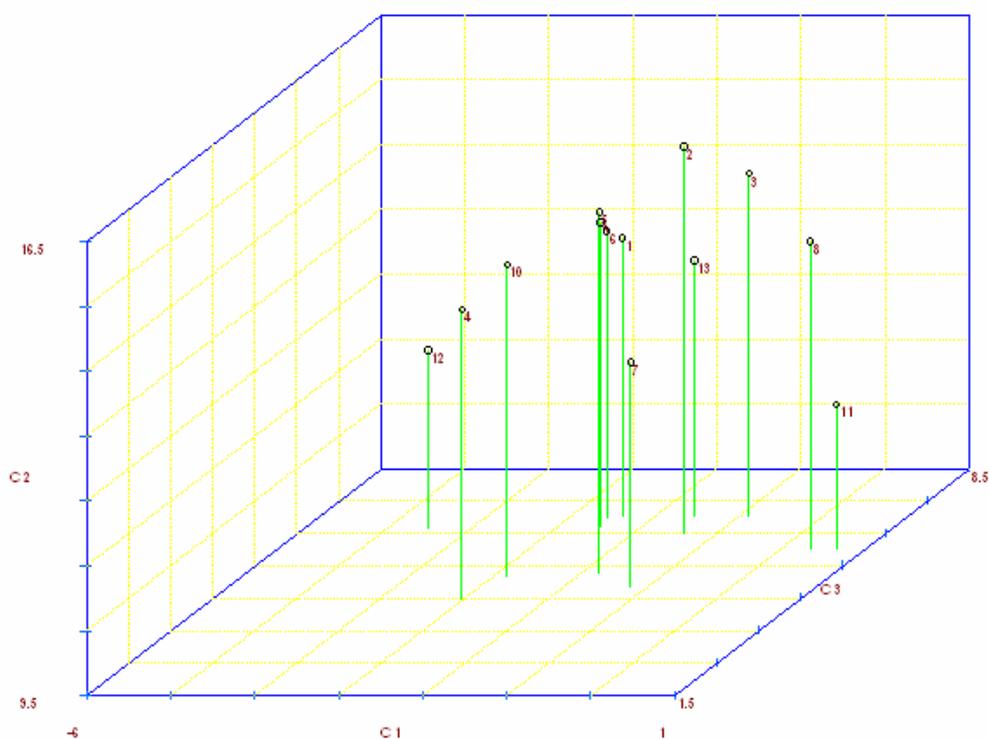


FIGURA 30. Dispersão gráfica dos escores dos 13 genótipos de feijoeiro comum utilizando-se os três primeiros componentes obtidos no ambiente EF.

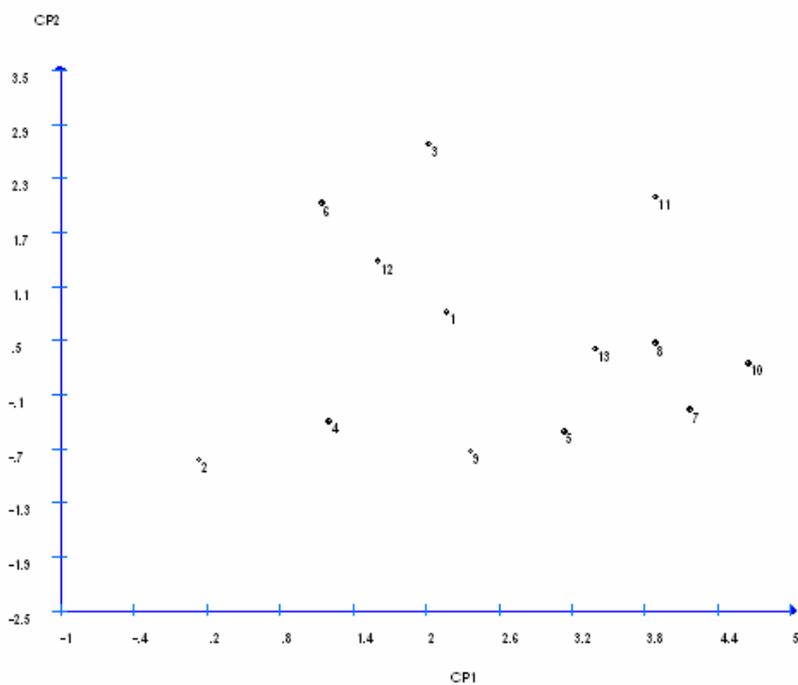


FIGURA 31. Dispersão gráfica dos escores dos 13 genótipos de feijoeiro comum utilizando-se os dois primeiros componentes obtidos no ambiente EG.

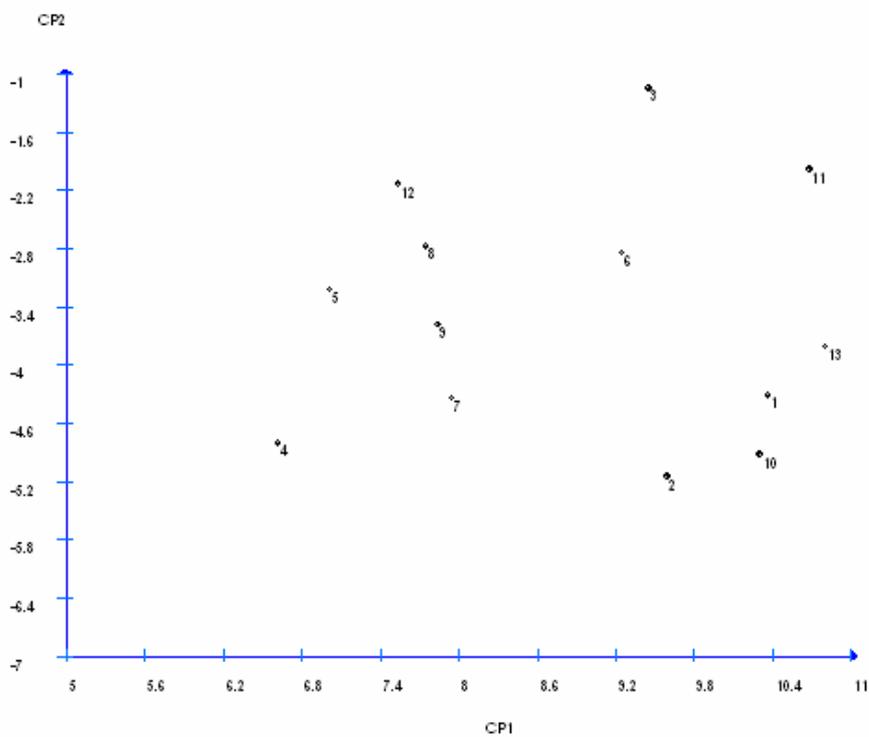


FIGURA 32. Dispersão gráfica dos escores dos 13 genótipos de feijoeiro comum utilizando-se os dois primeiros componentes obtidos no ambiente EH.

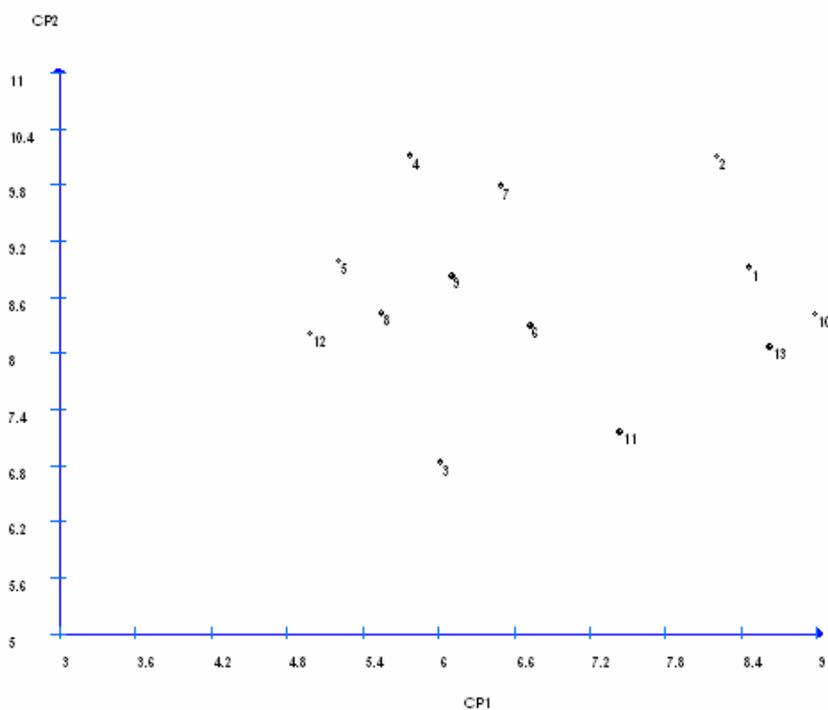


FIGURA 33. Dispersão gráfica dos escores dos 13 genótipos de feijoeiro comum utilizando-se os dois primeiros componentes obtidos no ambiente EI.

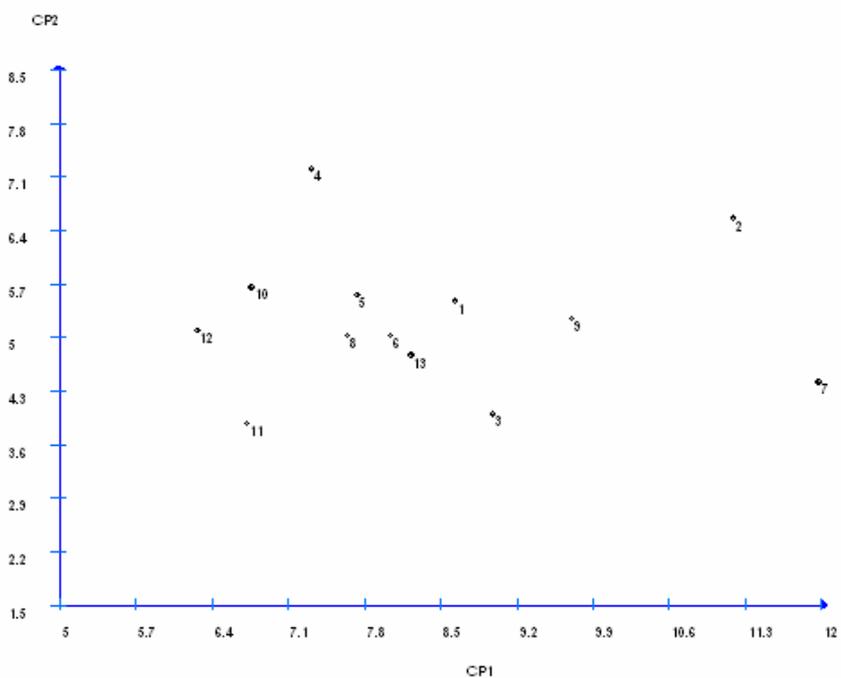


FIGURA 34. Dispersão gráfica dos escores dos 13 genótipos de feijoeiro comum utilizando-se os dois primeiros componentes obtidos no ambiente EJ.

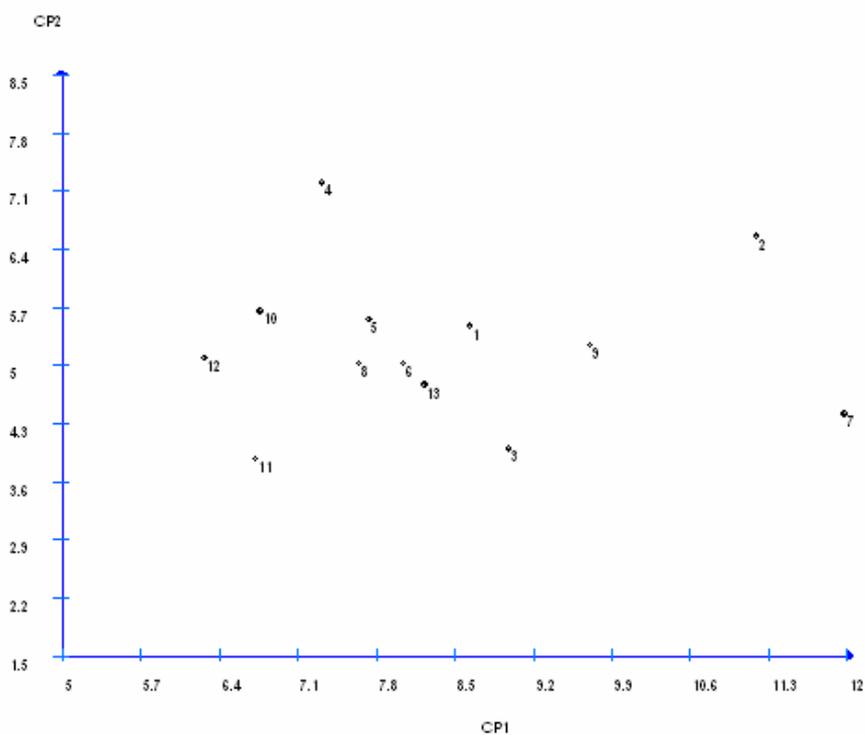


FIGURA 35. Dispersão gráfica dos escores dos 13 genótipos de feijoeiro comum utilizando-se os dois primeiros componentes obtidos no ambiente EK

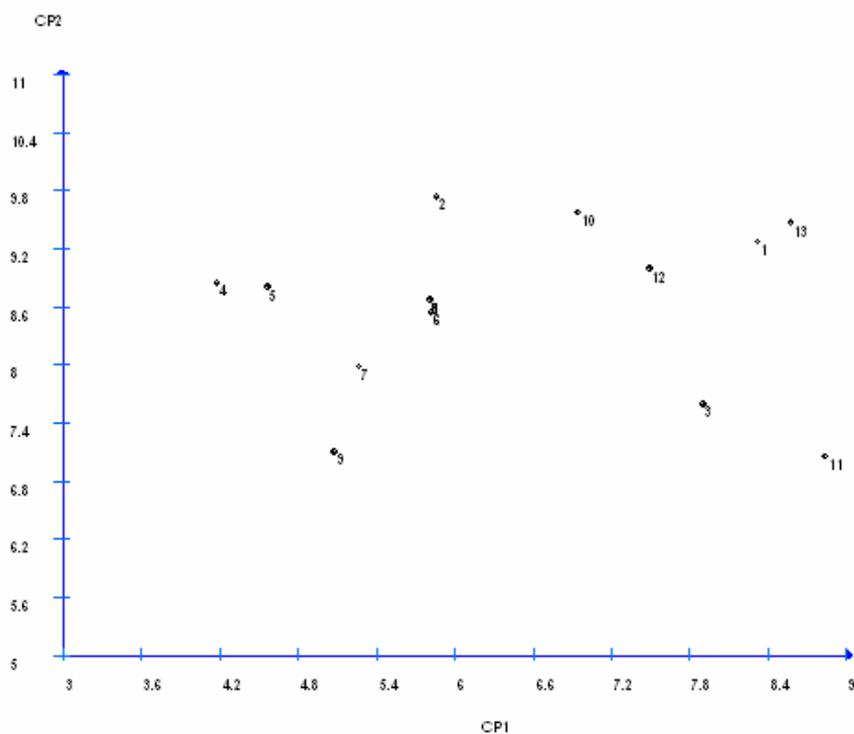


FIGURA 36: Dispersão gráfica dos escores dos 13 genótipos de feijoeiro comum utilizando-se os dois primeiros componentes obtidos no ambiente EL.

Os grupos de genótipos similares estabelecidos pela técnica dos componentes principais, em cada um dos ambientes, estão no Quadro 19. Observa-se, também, que não houve analogia entre os grupos formados nos ambientes, variando a constituição e o número de grupos estabelecidos, que oscilou entre cinco e sete, de um ambiente para outro. Os genótipos CNF 4999-Rio Tibagi, Aporé, Xamego e Pérola foram os que mais se distanciaram geneticamente dos demais genótipos constituindo grupos isolados na maioria dos ambientes estudados, concordando com os métodos do vizinho mais próximo e o das variáveis canônicas, não se observando, contudo, similaridade nos grupos formados pelas três técnicas multivariadas nos ambientes estudados.

A análise comparativa dos grupos de genótipos estabelecidos nos doze ambientes pelas três metodologias mostra que apenas nos ambientes ED, EE, EK e EL as mesmas foram relativamente concordes quanto ao agrupamento dos genótipos com base na divergência genética. A maior concordância, contudo, é observada no ambiente EI entre as técnicas das variáveis canônicas e dos componentes principais. Nesse ambiente os genótipos, com base na divergência genética, foram reunidos em sete grupos pela técnica dos componentes principais e em seis grupos pela técnica das variáveis canônicas havendo total analogia entre cinco dos grupos estabelecidos. A única diferença observada está no fato do genótipo Diamante Negro ter se mantido isolado pela técnica dos componentes principais e ter sido incluído no grupo I pela técnica das variáveis canônicas (Quadros 16 e 19). A análise conjunta dos grupos de genótipos estabelecidos pelas três técnicas aponta, ainda, que há uma ligeira superioridade de similaridade entre grupos estabelecidos pelas variáveis canônicas x componentes principais em relação aos grupos estabelecidos por estas técnicas x método hierárquico do vizinho mais próximo.

Nenhuma das três técnicas multivariadas estudadas foi eficiente na discriminação dos genótipos tomando-se como base o tipo comercial do grão. Em todas as metodologias os grupos estabelecidos apresentaram genótipos do grupo carioca, do grupo preto e do grupo em cores (diversos). Uma possível explicação para genótipos do grupo carioca ou do grupo em cores, ser incluídos num mesmo grupo com cultivares do grupo preto pode estar na genealogia dessas cultivares onde um dos progenitores pode possuir sementes de cor preta. A similaridade observada, em alguns casos, entre cultivares denominadas “Cariocas” é explicada por Voysest (2000) como consequência

do fato de ter havido uma predominância de hibridação entre genótipos da mesma raça que têm envolvido um reduzido número de ancestrais da raça mesoamericana, entre os quais se encontram as cultivares Carioca, Jamapa, Porrilho Sintético e Turrialba, fato que pode justificar a freqüente reunião das cultivares cariocas estudadas num mesmo grupo estabelecido.

A análise de componentes principais permitiu identificar, com base nos coeficientes de ponderação (autovetores) associados aos últimos componentes principais, o caráter “MCS” como o que mais contribui para a divergência genética. O referido caráter é o mais importante nos ambientes: (EB, ED, EG, EI e EJ), seguido pelos caracteres “VAG” (EA, EC, EF e EH), “SEM” (EE e EK) e “PRD” (EL). Observa-se que esta técnica foi um tanto divergente em relação às outras estudadas quanto a estimativa de contribuição de cada caráter para a dissimilaridade genética, identificando como menos importante o caráter “PRD” em desacordo com as variáveis canônicas e as estimativas de Singh (SINGH, 1981) que identificaram este caráter como o segundo mais importante, foi, contudo, concordante em apontar o caráter “MCS” como sendo o que mais contribui para a divergência.

A estimativa da contribuição dos caracteres na dissimilaridade genética feita pelas variáveis canônicas e pelos componentes principais, baseada nos coeficientes de ponderação (autovetores), semelhante à estimativa  $S_j'$  de Singh, foram influenciadas em suas magnitudes pelo ambiente sem contudo acarretarem alterações significativas nas posições dos caracteres de um ambiente para outro. Os dados da contribuição de cada caráter associado aos componentes principais, em cada ambiente, se encontram no Quadro 20.

QUADRO 19. Grupos de genótipos estabelecidos pelos componentes principais nos 12 ambientes.

Ambiente (E)	Grupo I	Grupo II	Grupo III	Grupo IV	Grupo V	Grupo VI	Grupo VII
EA	Rudá Ouro Negro Diamante negro IAPAR 14 Pérola	BambuÍ CNF 4129 CNFv 8025	CNF Rio Tibagi Xamego	IAC Carioca Eté Aporé	Emgopa-201		
	E B	Ouro Negro Pérola Diamante Negro IAPAR 14 IAC Carioca Eté	Xamego CNF Rio Tibagi CNFv 8025 CNF 4129 A 54	EMGOPA 201	Rudá	Aporé	CNF Bambuí
E C		Iac Carioca Eté IAPAR 14 Rudá Pérola Diamante Negro	CNF Bambuí Aporé Ouro Negro	CNF Rio Tibagi CNF 4129 A 54 Xamego	EMGOPA 201	CNFv 8025	
	E D	IAC Bambuí IAPAR 14 CNFv 8025 IAC Carioca Eté CNF 4129 A 54	Ouro Negro Diamante Negro EMGOPA 201 Rudá	Pérola	Aporé	Xamego	CNF Rio Tibagi

“...Continua...”

QUADRO 19. “Continuação”

Ambiente (E)	Grupo I	Grupo II	Grupo III	Grupo IV	Grupo V	Grupo VI	Grupo VII
EE	Aporé Diamante Negro Rudá IAC Carioca Eté CNF Bambuí EMGOPA 201	IAPAR 14 CNF 4129 A 54	CNFv 8025 CNF Rio Tibagi	Pérola	Ouro Negro	Xamego	
E F	CNF 4129 A 54 Ouro Negro CNF Bambuí	CNFv 8025 Rudá Diamante Negro Ouro Negro IAC Carioca Eté	Aporé Xamego EMGOPA 201	CNF Rio Tibagi	IAPAR 14		
E G	CNFv 8025 CNF Bambuí IAPAR 14 EMGOPA 201	IAC Carioca Eté Diamante Negro CNF 4129 A 54	Rudá Ouro Negro	Aporé	Pérola	Xamego	CNF Rio Tibagi
E H	CNF 4129 A 54 EMGOPA 301 IAC Carioca Eté Ouro Negro IAPAR 14	CNFv 8023 Rudá CNF Bambuí Aporé	Pérola	Diamante Negro	CNF Rio Tibagi	Xamego	

“...Continua...”

QUADRO 19. “Continuação”

Ambiente E	Grupo I	Grupo II	Grupo III	Grupo IV	Grupo V	Grupo VI	Grupo VII
E I	Ouro Negro EMGOPA 201 IAC Carioca Eté CNF 4129 A 54	Rudá CNF 8025 CNF Bambuí	Pérola IAPAR 14	Xamego	Diamante Negro	CNF Rio Tibagi	Aporé
E J	CNFv 8025 EMGOPA 201 Diamante Negro Rudá Ouro Negro CNF 4129 A 54 CNF Bambuí	Xamego	IAPAR 14	CNF Rio Tibagi	Aporé	Pérola	IAC Carioca Eté
E K	Xamego Diamante Negro CNF 4129 A 54 Ouro Negro EMGOPA 201	IAC Carioca Eté Pérola Aporé CNF Bambuí	Rudá IAPAR 14 CNFv 8025	CNF Rio Tibagi			
E L	CNF Bambuí CNF v 8025 Rudá CNF 4129 A 54	Diamante Negro IAC Carioca Eté EMGOPA 201	Pérola Ouro Negro	Xamego CNF Rio Tibagi	IAC Carioca Eté	Aporé	

QUADRO 20. Estimativa dos coeficientes de ponderação (autovetores) relacionados aos componentes principais referentes aos quatro caracteres avaliados nos 12 ambientes.

C.P	E A caracteres				EB caracteres				E C caracteres			
	VAG	SEM	MCS	PRD	VAG	SEM	MCS	PRD	VAG	SEM	MCS	PRD
CP 1	0,585	0,177	0,481	0,627	0,155	0,627	-0,472	0,603	0,587	0,503	-0,407	0,485
CP 2	0,147	0,832	-0,532	0,035	0,888	-0,389	0,076	0,231	-0,367	0,466	-0,595	-0,540
CP 3	-0,716	0,448	0,513	0,148	-0,121	0,183	0,838	0,498	0,479	-0,641	-0,497	-0,332
CP 4	-0,348	-0,271	-0,470	0,763	-0,414	-0,653	-0,260	0,577	-0,538	-0,341	-0,481	0,601

VAG = número de vagens por planta; SEM = número de sementes por vagem; MCS = massa de 100 sementes; PRD = produtividade de grãos  
 “...Continua...”

QUADRO 20 “Continuação”

C.P	E D caracteres				EE caracteres				E F caracteres			
	VAG	SEM	MCS	PROD	VAG	SEM	MCS	PROD	VAG	SEM	MCS	PROD
CP 1	0,532	0,554	0,193	0,609	0,535	0,569	-0,493	0,381	0,697	-0,391	-0,50	0,487
CP 2	-0,372	0,080	0,923	-0,041	0,385	-0,339	0,541	0,665	0,078	0,441	0,594	0,668
CP 3	-0,570	0,758	-0,301	-0,094	-0,697	0,479	0,184	0,499	0,043	0,754	-0,650	0,075
CP4	-0,501	-0,334	-0,138	0,786	-0,279	-0,574	-0,655	0,402	-0,711	-0,288	-0,317	0,556

VAG = número de vagens por planta; SEM = número de sementes por vagem; MCS = massa de 100 sementes; PRD = produtividade de grãos  
 ...”Continua...”

QUADRO 20. “Continuação”

C.P	E G				EH				E I			
	caracteres				caracteres				caracteres			
	VAG	SEM	MCS	PRD	VAG	SEM	MCS	PRD	VAG	SEM	MCS	PROD
CP 1	0,676	-0,196	-0,290	0,647	0,580	0,490	-0,301	0,575	0,706	-	0,021	0,707
CP 2	-0,085	0,735	-0,672	0,011	-0,375	0,492	-0,677	-0,396	-	-	-	-
CP 3	-0,029	0,579	0,646	0,496	0,292	-0,701	-0,649	-0,037	-0,428	-	0,999	0,013
CP 4	-0,730	-0,291	-0,216	0,578	-0,660	-0,158	-0,167	-0,714	-0,706	-	-0,039	0,706

VAG = número de vagens por planta; SEM = número de grãos por vagem; MCS = massa de 100 sementes; PRD = produtividade de grãos  
 “...Continua...”

QUADRO 20. “Continuação”

C.P	E J				EK				E L			
	caracteres				caracteres				caracteres			
	VAG	SEM	MCS	PRD	VAG	SEM	MCS	PRD	VAG	SEM	MCS	PRD
CP 1	0,543	0,553	0,267	0,571	-0,435	-	0,763	0,478	0,519	0,538	-0,561	0,418
CP 2	-0,210	-0,165	0,959	-0,088	-	-	-	-	-0,201	0,101	0,552	0,802
CP 3	0,763	-0,630	0,046	-0,135	0,725	-	-0,017	0,688	-0,719	0,658	-0,161	-0,152
CP 4	-0,280	-0,518	-0,076	0,804	-0,533	-	-0,646	0,545	-0,415	-0,516	-0,634	0,397

VAG = número de vagens por planta; SEM = número de sementes por vagem; MCG = massa de 100 sementes; PRD = produtividade de grãos.

## 5. CONCLUSÕES

1 As técnicas multivariadas utilizadas são eficientes na identificação de genótipos dissimilares e no estabelecimento de grupos de similaridade, contudo, são divergentes quanto aos grupos formados em diferentes ambientes;

3 O ambiente influencia a distância genética entre os genótipos induzindo a formação de diferentes grupos de similaridade nos diferentes ambientes;

4. As técnicas mostram boa concordância nas estimativas da contribuição dos caracteres para a divergência genética e o caráter massa de 100 sementes (MCS) é o que mais contribui para a dissimilaridade genética no grupo;

5 Os genótipos Aporé, Xamego, Pérola e CNF 4999-Rio Tibagi são os mais distantes geneticamente do grupo e os dois primeiros apresentam potencial para ser empregados como genitores em cruzamentos nos ambientes estudados;

6 Os pares de genótipos mais divergentes são (Aporé x CNF 7135 Bambuí) , (Aporé x CNF 4129 A 54), (Aporé x CNF 4999 Rio Tibagi) e (Aporé x Xamego) e os mais similares: (Diamante Negro x Ouro Negro), (EMGOPA 201-Ouro x Ouro Negro) e (CNF 7135 Bambuí x IAPAR 14).

## 6. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

ABREU, F. B.; LEAL, N. R.; RODRIGUES, R.; AMARAL JÚNIOR, A. T. do; SILVA, D. J. H. da. Divergência genética entre acessos de feijão-de-vagem de hábito de crescimento indeterminado. **Horticultura brasileira**, Brasília, v.22, n. 3, jul.-set. 2004.

ANDERSON, T.W. **An introduction to multivariate statistical analysis**. New York: John Wiley & Sons, 1948. 242 p.

ARUNACHALAM, V. Genetic distance in plant breeding. **The Indian Journal of Genetics & Plant Breeding**, v. 41, n.2, p. 226-236, 1981.

ATTAN-TOUPANCE, I.; MICHALAKIS, Y.; NEEMA, C. Genetic structure of wild bean populations in their South-Andean center of origin. **Theoretical and Applied Genetics**, New York, v. 96, p. 944-851, 1998.

BAI, Y.; MICHALS, T. E.; PAULS, P. Determination of genetic relationships among *Phaseolus vulgaris* L. populations in a conical cross from RAPD marker analyses. **Molecular Breeding**, Dordrecht, v 4, p. 395-406, 1998.

BARBOSA NETO, I.T.; BERED, E.E. Marcadores moleculares e diversidade genética no melhoramento de plantas. In: UFRGS (Ed) **Marcadores moleculares em plantas**: Porto Alegre: UFRGS, 1998. p. 29-41.

BECERRA VELÁSQUES, V. L.; GEPTS, P. RFPL diversity of common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) in its centers of origin. **Genome**, Ottawa, v.3, p. 253-263, 1994..

BEEBE, S.E.; OCHOA, I.; SKROACK, P.; NIENHUIS, J.; TIVANG, J. Genetic diversity among common bean breeding lines developed for Central America. **Crop Science**, Madison, v. 35, p. 1178-1183, 1995.

BEEBE, S. E.; RENGIFO, J.; CAITAN, E.; DUQUE, M. C.; THOME, J. Diversity and origin of Andean landraces of common bean. **Crop Science**, Madison, v. 41, p. 854-862, 2001.

BEEBE, S. E.; SKROACK, P.; THOME, J.; DUQUE, M. C.; PEDRAZA, F.; NIENHUIS, J.; Structure of genetic diversity among common bean landraces of Middle American origin based on correspondence analysis of RAPD. **Crop Science**, Madison, v. 40, p. 264-273, 2000.

BELELE, C. L. **Análise bioquímica e molecular da diversidade genética entre cultivares mesoamericanos e andinos de feijoeiro comum (*Phaseolus vulgaris* L.)**. 1997. 66 p. Dissertação (Mestrado) – Universidade Federal de Uberlândia, Uberlândia-MG.

BENIN, G.; CARVALHO, F. I. F.de.; ASSMANN, I. C.; CIGOLINI, P. J. C.; MARCHIORO, V. S.; LORENCETTI, C.; SILVA, S. A. S. Dissimilaridade genética

em feijão (*Phaseolus vulgaris* L.) com grão tipo carioca. **Pesquisa Agropecuária Gaúcha**, Porto Alegre, v.7, n.2, p. 237-244, 2001.

BERTAN, I.; CARVALHO, F. I. F. C. de.; OLIVEIRA, A. C. de.; SILVA, J. A. G. da.; BENIN, G.; VIEIRA, E. A.; SILVA, G. O. da.; HARTWIG, I.; VALÉRIO, I. P.; FINATTO, T. Dissimilaridade genética entre genótipos de trigo avaliados em cultivo hidropônico sob estresse por alumínio. **Bragantia**, Campinas, v. 65, n. 1, p. 55-63, 2006.

BONETT, L. P.; GONÇALVES-VIDIGAL, M. C.; SCHUELTER, A. R.; VIDIGAL FILHO, P. S.; GONELA, A.; LACANALLO, G. F. Divergência genética em feijoeiro comum coletado no Estado do Paraná, Brasil. **Semina: Ciência Agrárias**, Londrina, v. 27, n.4, p. 547-560, 2006.

BRUCHER, H. The wild ancestor of *Phaseolus vulgaris* in South América. In: GEPTS, P. (ed.) **Genetic resourch of Phaseolus beans**. Dordrecht: Kluwer, 1988. p. 185-214.  
CARBONELL, S. A. M.; ITO, M. F. AZEVEDO FILHO, J.A.; FRANCISCO, F.G.; RAVAGNANI, S.; ALMEIDA, A. L. L. Raças fisiológicas de *Colletotrichum lindemuthianum* e reação de linhagens e cultivares de feijoeiro no Estado de São Paulo. **Fitopatologia Brasileira**, Brasília, v. 24, n. 1, p. 60-65, 1988.

CARBONELL, S.A.M. a cultura do feijão no Brasil: tendências do melhoramento. In: FANCELLI A.L.; DOURADO, D (ed.). **Feijão irrigado: estratégias básicas de manejo**. Piracicaba: ESALQ, 1999, p. 9-23.

CASTINEIRAS, L. Analisis de descriptors del frijol comum (*Phaseolus vulgaris* L.) mediante métodos multivariados. **Ciência de la Agricultura**, Havana. V. 39, p. 108-113, 1990.

CATTAN-TOUPANCE. I.; MICHALAKIS, Y.; NEEMA, C. Genetic structure of wild bean populations in their South-Andean center of origin. **Theoretical and Applied Genetics**, New York, v. 96, p. 944-951, 1988.

CHIORATO. A. F. **Divergência genética em acessos de feijoeiro (*Phaseolus vulgaris* L.) do banco de germoplasma do Instituto Agrônômico – IAC**. 2004. 83. Dissertação (Mestrado em Melhoramento Vegetal) – Instituto Agrônômico de Campinas, Campinas-SP.

COIMBRA, J.L.M.; CARVALHO, F.I.F. Divergência genética em feijão (*Phaseolus vulgaris* L.) com grão tipo carioca. **Revista Brasileira de Agrociência**, Pelotas-RS, v. 4, n. 3, p. 211-217, set-dez. 1998.

COIMBRA, J.L.M; CARVALHO, F.I.F.; Divergência genética em genótipos de feijão preto (*Phaseolus vulgaris* L.) predita através de variáveis quantitativas . **Revista Científica Rural**, Bagé, v. 4, n. 1, p.47-53, 1999.

CRUZ,C.D. **Aplicações de algumas técnicas multivariadas no melhoramento de plantas**. 1990. 188p. Tese (Doutorado) – Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, USP/Piracicaba.

CRUZ, C.D. **Programa Genes**: aplicativo computacional em genética e estatística. Viçosa, UFV, 1997. 442 p.

CRUZ, C.D. **Programa GENES**: Biometria. Viçosa: Editora UFV, 2006, 382 p.

CRUZ, C. D.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. Viçosa: UFV, 2003. 585 p.

CRUZ, C.D.; REGAZZI, J. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. Viçosa: Editora UFV, 2001, 390 p.

DE CANDOLLE, A. **Origine des plantes cultivées**. Paris: Librairie Germer Baillière, 1883. 377 p.

DEBOUCK, D.G. *Phaseolus* germplasm exploration. In: GEPTS, P. (ed.) **Genetic resources of *Phaseolus* beans**. Dordrecht. Kluwer, p. 3-29, 1988.

DEBOUCK, D. G.; THOME, J. Implications for bean breeders of studies on the origins of common beans, *Phaseolus vulgaris* L. In: BEEBE, S. (ed.) **Current topics in breeding of common beans**. Cali: CIAT, 1989. p. 3-42. (CIAT, Working Document, 47).

DELGADO SALINAS, A.; BONET, A.; GEPTS, P. The wild relative of *Phaseolus vulgaris* in middle America. In: GEPTS, P. (ed.). **Genetic resources of *Phaseolus* beans**. Dordrecht. Kluwer, 1988. p. 163-184.

DIAS, L.A.S. **Divergência genética e fenética multivariada na predição de híbridos e preservação de germoplasma de cacau (*Theobroma cacao* L.)**. 1994. Tese (Doutorado) – Escola Superior de Agricultura “Luis de Queiroz”/USP, Piracicaba.

DIAS, L.A.S. Análises multidimensionais. In: ALFENAS, A. C. (ed.) **Eletroforese de isoenzimas e proteínas afins**: fundamentos e aplicações em plantas e microorganismos. Viçosa: UFV. 1998.

DROESBEKE, J.J.; FINE, J. Analisis en componentes principales. In: II Seminário de docentes. 1995. Bruxelas. **Anais...** Bruxelles: Universidade Central de Venezuela. 1995.

EICHENBERG, K.; GUGERLI, F.; SCHNELLER, J.J. Morphological and molecular diversity of Swiss common bean cultivars (*Phaseolus vulgaris* L. Fabaceae) and their origin. **Botanica Helvetica**, Besel, v. 110, n. 1, p. 61-67, 2000.

EMYGIDIO, B. M.; ANTUNES, I. F.; NEDEL, J. L.; CHOER, E. Diversidade genética em cultivares locais e comerciais de feijão baseada em marcadores RAPD. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 38, n. 10, p. 1165-1171, out. 2003.

FALCONER, D.S.; MACKAY, T.F. **Introduction to quantitative genetics**. 4 ed. Londres: Longman Group, 1996. 464 p.

FERRÃO, M. A. G.; VIEIRA, C.; CRUZ, C. D.; CARDOSO, A. A.. Divergência genética em feijoeiro em condições de inverno tropical. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 37, n. 8, p. 1089-1098, 2002.

FERREIRA, D.F. **Métodos de avaliação da divergência genética em milho e suas relações com os cruzamentos dialélicos**. 1993. Dissertação (Mestrado) – Escola Superior de Agricultura de Lavras, Lavras-MG.

FERREIRA, M.E. e GRATTAPACLIA, D. **Introdução ao uso de marcadores RAPD e RFLP em análise genética**. Brasília: EMBRAPA CENARGEM, 1996. 220p. (EMBRAPA CENARGEM. Documento, 20).

FONSECA, J.R. **Emprego da análise multivariada na caracterização de germoplasma de feijão (*Phaseolus vulgaris* L.)**. 1993. Tese (Doutorado). Escola Superior de Agricultura de Lavras-ESAL. Lavras- MG.

FONSECA, J.R.; SILVA, H.T. Identificação de duplicidades de acessos de feijão por meio de técnicas multivariadas. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 3, n. 3, p. 409-414, 1999.

GARDNER, C.O.; EBERHART, S.A. Analysis and interpretation of variety cross diallel and related populations. **Biometrics**, v. 22, p. 439-452, 1966.

GEPTS, P.L. **Nutritional and evolutionary implicatrions of phaseolin seed protein variability in common bean (*Phaseolus vulgaris* L.)**. 1984. 229 p. Tese (Doutorado) – University of Wisconsin, Madison.

GEPTS, P. L. Phaseolin as an evolutionary marker In: GEPTS, P. L. (ed.) **Genetics resources, domestication and evolution of *Phaseolus* beans**. Dordrecht: Kluwer, 1988. p. 215-241.

GEPTS, P. L. Biochemical evidence bearing on the domestication of *Phaseolus* (Fabaceae) beans. **Economic Botany**, New York, v. 44 (Supplement), p. 28-38, 1990.

GEPTS, P.L. Evolution of genetic diversity during the domestication of common bean (*Phaseolus vulgaris* L.). **Theoretical and Applied Genetics**, v. 89, n. 5, nov. 1994.

GEPTS, P. L.; BLISS, F. A. Phaseolin variability among wild and cultivated common beans (*Phaseolus vulgaris* L.) from Colombia. **Economic Botany**, v. 40, p. 469-478, 1986.

GEPTS, P. L.; DEBOUCK, D. Origin, domestication and evolution of tehe common bean (*Phaseolus vulgaris* L.). In: SCHOONHOVEN, A.V. e VOYSEST, O. (eds.) **Common beans: Research for crop improvement**. Cali-Colômbia: CIAT, 1991. p. 7-53.

GEPTS, P.L.; KMIECIK, K.; PEREIRA, P.A.A.; BLISS, F.A. Dissemination pathways of common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) deduced from phaseolin eletrophoretic variability. I. The Americas. **Economic Botany**, New York, v.42, n.1, p. 73-85, 1988.

GEPTS, P.L.; OSBORN, T.C.; RASHKA, K. Phasesolin seed protins variability in wild forms and landraces of the common bean (*Phaseolus vulgaris* L.): evidence for multiple centers of domestications. **Economic Botany**, New York, v. 40, p. 451-456, 1986.

GHADERI, A.; ADAMS, M.W.; NASSIB, A.M. Relationship between genetic distance and heterosis for yield and morphological traits in dry edible bean and faba bean. **Crop Science**, Madison, v. 23, p. 24-27, 1984.

GONZÁLES, A.; LEÓN, J.A.W.; SALINAS, A. D.; GEPTS, P. L. Determination of genetic diversity among wild and domesticated beans using inter simple sequence repeats (ISSRs). **Annual Report of Bean Improvement Cooperative**, East Lansing, v. 4, p. 99-100, 1998.

GRIFFING, B. Concept of general and specific combining ability in relation to diallel crossing systems. **Australian Journal of Biological Sciences**, v. 9, p. 463-493, 1956.

HAIR, I.F.; ANDERSON, R.F.; TATHAN, R.I.; BLACK, W.C. **Análise multivariada de dados**. 5 ed. Porto Alegre: Bookman, 2005. 593 p.

HARLAN, J. R. Agricultural origin: centers and no centers. **Science**, Washington, v. 174, p. 468-474, 1971

HARLAN, J.R. Geographic patterns of variation in some cultivated plants. **Journal of Heredity**, Baltimore, v. 66, p. 184-191, 1975.

HOTELLING, H.S. Calculation of principal components. **Psychometrika**, Williamsburg, v 1, p. 27-35, 1936.

HU, J.; QUIROS, C.F. Identification of broccoli and cauliflower cultivars with RAPD markers. **Plant Cell Report**, v. 10, p. 501-511, 1991.

JOHNSON, R.A.; WICHERN, D.W. **Applied multivariate statistical analysis**. New Jersey-USA: Englewood Cliffs, 1992. 642 p.

JOLLIFFE, I.T.; ALLEN, O.B.; CHRISTIE, B.R. Comparison of variety means using cluster analysis and dendrograms. **Experimental Agriculture**, Great Britain, n. 25, p. 259-269, 1989.

KHAIRALLAH, M. M.; SEARS, B. B.; ADANS, M. W. Mitochondrial restriction fragment length polymorphisms in wild *Phaseolus vulgaris* L. In: Insights on the domestication of the common bean. **Theoretical and Applied Genetic**. V. 84, p. 915-922, 1992.

KLEIM, P.; DIERS, B.W.; OLSON, T.C.; SHOEMAKER, R.C. RFLP mapping in soybean: Association between marker loci and variation in quantitative traits. **Genetics**, v. 126, p. 735-742, 1990.

KOENING, R. L.; SINGH, S. P.; GEPTS, P. Novel phaseolin types in wild and cultivated common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) **Economic Botany**, v. 11, n.4, p. 929-937, 1990.

LOARCE, Y.; GALLEGO, R.; FERRER, E. A comparative analyses of the genetic relationship between rye cultivars using RFLP and RAPD markers. **Euphytica**, Wageninngenn, v.88, p. 107-115, 1994.

MA, Y. e BLISS, F. A. Seed protein of common bean. **Crop Science**, v. 18, p. 431-437, 1978.

MACHADO, C.F.; NUNES, G.H.S; FERREIRA, D.F.; SANTOS, J.B. Genetic divergence among genotype of common bean through of multivariate techniques. **Santa Maria**. Ciência Rural, v. 32, p. 251-258, 2002.

MACHADO, C.F.; SANTOS, J.B.; NUNES, G.H.S. Escolha de genitores de feijoeiro por meio da divergência avaliada a partir de caracteres morfo-agronômicos. **Bragantia**, Campinas, v. 59, n. 1, p. 11-20, 2000.

McCLEAN, P.E.; MYERS, J.R.; HAMMOND, J.J. Coefficient of parentage and cluster-analysis of North-American dry bean cultivars. **Crop Science**, Madison, v. 33, n. 1, p. 190-197, 1993.

MALUF, W.R.; FERREIRA, P.E. Análise multivariada da divergência genética em feijão-de-vagem (*Phaseolus vulgaris* L.) . **Horticultura Brasileira**, Brasília, v. 1, n. 2, p. 31-34, 1983.

MALUF, W.R.; FERREIRA, P.E.; MIRANDA, J.E.C. Genetic divergence in tomatoes and relationship with heterosis for yield in F<sub>1</sub> hybrids. **Revista Brasileira de Genética**, Ribeirão Preto, v. 6, n. 3, p. 453-460, 1983.

MANLY, B.F.J. **Multivariate statistical methods**. London: Chapman and Hall. 1986.

MARIOT, E.J. Ecofisiologia do feijoeiro. In: **O feijão no Paraná**. Fundação Instituto Agrônomo do Paraná, Londrina, Paraná, 303 p. IAPAR, Circular, 63. p.. 25-41, 1989.

MARTINS, I. S.; PIRES, I. E.; OLIVEIRA, M. C. de. Divergência genética em progênies de uma população de *Eucalyptus camaldulenses* DEHNH. **Floresta e Ambiente**, Seropédica, v. 9, n. 1, p. 81-89, 2002.

MIRANDA, J.E.C.; CRUZ, C.D.; COSTA, C.P. Predição do comportamento de híbridos de pimentão (*Capsicum annuum* L.) pela divergência genética dos progenitores. **Revista Brasileira de Genética**, Ribeirão preto, v.11, n. 9, p. 929-939, 1988.

MORRISON, D.E. **Multivariate statistical methods**. New York: McGraw-Hill. 1976.

MOURA, W.M.; CASALI, V.W.D.; CRUZ, C.D.; LIMA, P.C. Divergências genéticas em linhagens de pimentão em relação à eficiência nutricional de fósforo. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 34, n. 2, p. 217-224, 1999.

MURTY, B.R. e ARUNACHALM, V. The mature of divergence in relation to breeding system in some crop plants. **The Indian Journal of Genetics & Plant Breeding**, v. 26, n. 2, p. 188-198, 1966.

NASCIMENTO FILHO, F. J. do.; ATROCH, A. L.; SOUSA, N. R. de.; GARCIA, T. B.; CRAVO, M. da. S.; COUTINHO, E. F. Divergência genética entre clones de guaranazeiro. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 36, n. 3, p. 501-506, mar. 2001.

NIENHUIS, J.; TIVANG, J.; SKROCH, P.; SANTOS, J. B. Genetic relationships among cultivars and landraces of lima bean (*Phaseolus lunatus* L.) as measured by RAPD markers. **Journal of the America Society for Horticultural Science**, Alexandria, v. 120, n. 2, p. 300-306, 1995.

NODARI, R. O.; KOINANGE, E.M.K.; KELLY, J.D.; GEPTS, P. Towards an integrated linkage map of common bean. 1. Development of genomic DNA probes and levels of restriction fragment length polymorphism. **Theoretical Applied Genetics**, New York, v. 84, p. 186-192, 1992.

OLIVEIRA, E. J. de. **Análise multivariada no estudo da divergência genética entre cultivares de feijão** (*Phaseolus vulgaris* L.). 1989. Dissertação (Mestrado) – Universidade Federal de Viçosa, Viçosa-MG.

OSBORN, T.C. Genetic control of bean seed protein. **Critical Reviews in Plant Sciences**, 7: 93-115, 1988.

PEIXOTO, N.; BRAZ, L.T.; BANZATTO, D.A.; MORAES, E.A.; MOREIRA, F.M. Características agronômicas, produtividade, qualidade de vagens e divergência genética em feijão-vagem de crescimento indeterminado. **Horticultura Brasileira**, Brasília, v. 20, n. 3, p. 447-451, set. 2002.

PEREIRA, P. A. A. Evidências de domesticação e disseminação do feijoeiro comum e conseqüências para o melhoramento genético da espécie. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 25, n. 1, p. 19-23, 1990.

PEREIRA, P. A. A. e SOUZA, C. R. B. Tipos de faseolina em raças “crioulas” de feijão no Brasil. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 27, n.8, p. 1219-1221, 1992.

RAM, J. PANWAR, D.V.S. Intraspecific divergence in rice. **The Indian Journal of Genetics and Plant Breeding**, v. 30, n. 1, p. 1-10, 1970.

RAMALHO, M.A.P.; SANTOS, J.B.; ZIMERMANN, M.J. O. de. **Genética quantitativa em plantas autógamas: aplicações ao melhoramento do feijoeiro**. Goiânia:UFG, 1993. 271 p.

RAO, C.R. **Advanced statistical methods in biometric research**. New York. John Wiley, 1952.

RESENDE, R.M.S. **Aplicação de técnicas de análise multivariada e eletroforese de isoenzimas em estudos de relações genéticas no gênero *Laelia* seção *Parviflorae***.

1991. 130 p. Dissertação (Mestrado) – Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz/USP- Piracicaba-SP.

RIBEIRO, F. E.; SOARES, A. R.; RAMALHO, M. A. P. Divergência genética entre populações de coqueiro-gigante-do-Brasil. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 34, n. 9, p. 1615-1622, set. 1999.

RIBEIRO, N. D.; HOFFMAN JÚNIOR, L.; POSSEBON, S. B. Variabilidade genética para ciclo em feijão dos grupos preto e carioca. **Revista Brasileira de Agrociência**, Pelotas-RS, v.10, n.1, p. 19-29, jan-mar. 2004.

RIBEIRO, N. D.; STORCK, L. Genitores potenciais para hibridações identificados por divergência genética. **Ciência Rural**, Santa Maria, v. 32, n. 9, 2003.

RODRIGUES, L.S. **Caracterização e divergência genética de cultivares de feijão** (*Phaseolus vulgaris* L.). 2001. Dissertação (Mestrado) – Universidade Federal de Pelotas, Pelotas-RS.

RODRIGUES, L. S.; ANTUNES, I. F.; TEIXEIRA, M. G.; SILVA, J. B. da. Divergência genética entre cultivares locais e cultivares melhoradas de feijão. **Pesquisa Agropecuária Brasileira, Brasília**, v. 37, n. 9, p. 1275-1284, 2002.

SANTOS, C.A.F.; MENEZES, E.A.; ARAÚJO, F.P. Divergência genética em genótipos de feijão-de-corda avaliados em dois ambientes. **Revista Ceres**, Viçosa, v. 44, n. 251, p. 35-42, 1997.

SCOTT, A.J.; KNOTT, M.A. A cluster analysis method for grouping means in the analysis of variance. **Biometrics**, Raleigh, v. 30, n. 3, p. 507-512, 1974.

SHII, C. T.; MOK, M. C.; TEMPLE, S. R.; MOK, D. W. S. Expression of developmental abnormalities in hybrids of *Phaseolus vulgaris* L.; Interaction between temperature and allelic dosage. **Journal of Heredit.** V. 71, p. 218-222, 1980.

SHING, D. The relative importance of characters affecting genetics divergence. **The Indian Journal of Genetics & Plant Breeding**. New Delhi, v. 41, p. 237-245, 1981.

SINGH, S. P. Patterns of variation in cultivated common bean (*Phaseolus vulgaris*, Fabaceae). **Economic Botany**, New York, v. 43, p. 39-57, 1989.

SINGH, S. P.; GEPTS, P.; DEBOUCKJ, D. G. Races of common bean (*Phaseolus vulgaris*, Fabaceae). **Economic Botany**, New York, v. 45, p. 379-396, 1991a.

SINGH, S. P. ; GUTIÉRREZ, J. A. Geographical distribution of the DL-1 and DL-2 genes causing hybrid dwarfism in *Phaseolus vulgaris* L., their association and with seed size, and their significance to breeding. **Euphytica**, v. 33, p. 337-345, 1984

SINGH, S. P.; GUTIÉRREZ, J. A.; MOLINA, A.; URREA, C.; GEPTS, P. Genetic diversity in cultivated *Phaseolus vulgaris*. II. Marker-based analysis of morphological and agronomic traits. **Crop Science**, Madison, v.31, p. 23-29, 1991b.

SILVA, N.R.; PADOVANI, C.R. Utilização de componentes principais em experimentação agrônômica. **Energia na Agricultura**, Botucatu, v. 21, n. 4, p. 98-113, 2006.

SMARTT, J. Morphological, physiological and biochemical changes in *Phaseolus* beans under domestication. In: GEPTS, P. (ed.) **Genetic resource of *Phaseolus* beans**. Dordrecht: Kluwer Academic Publisher, 1998. p. 143-161.

SNEATH, P.H.; SOKAL, R.R. **Numerical taxonomy: the principles and practice of numerical classification**. San Francisco: W.H. Freeman, 1973. 573 p.

SOKAL, R.R.; ROHLF, F.J. The comparison of dendograms by objective methods. **Taxonomy**, Berlin, v. 11, p. 33-40, 1962.

SONNANTE, G.; STOCKTON, T.; NODARI, R.O. Evolution of genetic diversity during the domestication of common-bean (*Phaseolus vulgaris* L.) **Theoretical Applied Genetic**, New York, v. 89, p. 629-635, 1994.

STRALIOTTO, R.; TEIXEIRA, M.G. **A variabilidade genética do feijoeiro (*Phaseolus vulgaris* L): aplicações nos estudos das interações simbióticas e patogênicas**. Seropédica-RJ: EMBRAPA Agrobiologia, 2000. 59 p. (EMBRAPA Agrobiologia. Documento nº 126).

SUN, S. N.; MUTSCHLER, M. A.; BLISS, F. A.; HALL, T. C. Protein synthesis and accumulation in bean cotyledons during growth. **Plant Physiology**, v. 61, p. 918-923, 1979.

TEIXEIRA, A. B.; AMARAL JÚNIOR, A. T. do.; RODRIGUES, R.; PEREIRA, T. N. S.; BRESSAN-SMITH, R. E. Genetic divergence in snap-bean (*Phaseolus vulgaris* L.) evaluated by different methodologies. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 4, p. 57-62, 2004.

TOHME, J.; GONZALEZ, D. O.; BEEBE, S.; DUQUE, M. C. AFLP analysis of gene pools of a wild bean core collection. **Crop Science**, Madison, v. 36, p. 1375-1384, 1996.

TORO, O.; JOSEPH, T.; DEBOUCK, D. G. **Wild bean (*Phaseolus vulgaris* L.): Description and distribution**. Cali, Colômbia: International Board for Plant Genetic Resources (IBPGR) and Centro Internacional de Agricultura Tropical (CIAT). 106 p. 1990.

VASCONCELOS, M.J.V.de. Avaliação da variabilidade de cultivares de feijão (*Phaseolus vulgaris* L.) pelo uso de marcadores moleculares RAPD. 1995. 54p. Tese ("Magister Scientiae") – Universidade Federal de Viçosa, Viçosa-MG.

VASCONCELOS, M. J. V.; BARROS, E. G.; MOREIRA, M. A.; VIEIRA, C. Genetic diversity of the bean *Phaseolus vulgaris* L. determined by DNA based molecular markers. **Revista Brasileira de Genética**, Ribeirão Preto, v. 19, p. 447-451, 1996.

VAVILOV, N. I. The Origin, variation, immunity and breeding of cultivated plants. **Chronicle Botanic**, New York, v. 13, p. 13-54, 1949/50.

VERA, C.M.; PAREDES, M.C.; BECERRA, V.V. Estudio comparativo de diversidad morfológica, isoenzimática y RAPDs dentro y entre clases comerciales de fréjol chileno (*Phaseolus vulgaris* L.) **Agricultura Técnica**, Santiago, v.59, n. 4, p. 247-259, 1999.

VIEIRA, Q. L.; RAMALHO, M. A. P.; SANTOS, J. B. dos. Crossing incompatibility in some beans cultivars utilized in Brazil. **Revista Brasileira de Genética**, Ribeirão Preto, v. 12, p. 169-171, 1989.

VIEIRA, C.; BORÉM, A.; RAMALHO, M. A. P. Melhoramento do feijão. In: BORÉM, A. (ed) **Melhoramento das plantas cultivadas**. Viçosa: UFV, 1999, p. 273-349.

VOYSEST, O. **O melhoramento genético del frijol (*Phaseolus vulgaris* L.): legado de variedad de América Latina 1930-1999**. Cali. Colômbia.: CIAT, 2000. 195p.

VOYSEST, O.; VALENCIA, M.C.; AMEZQUITA, M.C. Genetic diversity among Latin American Andean and Mesamerican common bean cultivars, **Crop Science**, Madison, v. 34, p. 1100-1110, 1994.

XAVIER, A. **Aplicação da análise multivariada da Divergência genética ni melhoramento de *Eucalyptus* spp.** 1996.129p. Tese (Doutorado Ciências Florestais) – Universidade Federal de Viçosa, Viçosa-MG.

WELSH, J.; McCLELLAND, M. Finger printing genomes using PCR with arbitrary primers. **Nucleic Acids Research**, v. 18, n. 24, p. 7213-7218, 1990.

WILLIAMS, J.G.K.; KUBELIK, A.R.; LIVAK, K.J.; RAFALSKI, J.A.; TINGEY, S.V. DNA polymorphism amplified by arbitrary primers are useful as genetic markers. **Nucleic Acids Research**, v. 18, n. 22, p. 6531-6535, 1990.

ZIMMERMANN, M. J.; CARNEIRO, J. E.; DEL PEDROSO, M. J.; COSTA, J. G. C.; RAVA, C. A.; SARTORATO, A.; PEREIRA, P. A. A. Melhoramento genético e cultivares. In: ARAÚJO, R. S.; RAVA, C. A.; STONE, L. F.; ZIMMERMANN, M. J. O. de. **Cultura do Feijoeiro Comum no Brasil**. Associação Brasileira para Pesquisa da Potassa e do Fosfato (POTAFOS), Piracicaba, p. 223-262. 1996.

ZIMMERMANN, M.J.O. de.; TEIXEIRA, M. G. Bancos de Germoplasma. In: ARAÚJO, R. S.; RAVA, C. A.; STONE, L. F.; ZIMMERMANN, M.J.O. de (eds.) **Cultura do Feijoeiro Comum no Brasil**. Associação Brasileira para pesquisa da Potassa e do Fosfato (POTAFOS), Piracicaba, p. 65-66. 1996.

## 7. CONSIDERAÇÕES FINAIS

Este trabalho teve por objetivo estudar dois aspectos fundamentais dentro do melhoramento genético do feijoeiro por promoverem a racionalização no uso dos recursos genéticos e estabelecerem estratégias eficientes na condução dos programas. A interação genótipos por ambientes, quando presente, impede que se consigam progressos com a seleção de genótipos e compromete a eficácia do programa enquanto que a utilização de genitores não divergentes ou similares reduz consideravelmente as chances de obtenção de progressos na seleção diminuindo a probabilidade de desenvolvimento de cultivares superiores.

Técnicas de análise multivariadas foram empregadas ao lado de técnicas tradicionais procurando-se comparar os resultados e a eficiência dessas metodologias, quer na discriminação de genótipos face as variações do ambiente, quer na formação de grupos de genótipos com base na distância genética entre eles.

Foi possível discriminar genótipos com bom desempenho, adaptação ampla, previsibilidade de comportamento, que poderão ser recomendados de forma generalizada para os locais e épocas de cultivos avaliados como, por exemplo, a cultivar Rudá, sendo tais genótipos mais indicados para produtores que fazem uso de pouco tecnologia, daqueles outros que, embora de desempenho superior, são de comportamento menos previsíveis e específicos para certas condições de cultivo, como a cultivar EMGOPA 201-Ouro.

O estudo da divergência genética permitiu identificar grupos dissimilares de genótipos cujas que em função de seus caracteres de interesse agrônomo/econômico, poderão ser empregadas em hibridações em programas de melhoramento que visem a obtenção de híbridos com maior efeito heterótico que, em combinações, gerem populações de base genética ampla.

Procurou-se também, ainda que de forma empírica, observar, no grupo de genótipos avaliados, a existência de alguma forma de relacionamento entre a adaptabilidade/estabilidade dos genótipos, face às variações do ambiente, e as suas distâncias genéticas, por meio do qual fosse possível racionalizar ainda mais o uso dos recursos genéticos pela adoção de novas e mais eficientes estratégias na condução dos programas. Neste sentido, pode-se observar que alguns dos genótipos geneticamente mais distantes dentro do grupo (Pérola, Aporé e Xamego) são também aqueles que se mostram mais adaptáveis, todavia, o mesmo não ocorre com a cultivar Diamante Negro

que, estando no grupo dos mais estáveis é um dos genótipos que mantém a menor distância em relação aos demais.

Novos estudos neste sentido serão necessários e oportunos, já que a constatação de alguma forma de relacionamento entre os parâmetros que definem esses dois aspectos importantíssimos do melhoramento genético será, sem dúvida alguma, extremamente útil às estratégias que maximizam a eficiência dos programas de melhoramento do feijoeiro.