

UNIVERSIDADE FEDERAL DA GRANDE DOURADOS – UFGD

**DIVERGÊNCIA GENÉTICA, ADAPTABILIDADE E
ESTABILIDADE DE GENÓTIPOS DE FEIJOEIRO COMUM NA
REGIÃO CENTRO SUL DE MATO GROSSO DO SUL**

PRISCILA CARVALHO DA SILVA

**DOURADOS
MATO GROSSO DO SUL
2022**

**DIVERGÊNCIA GENÉTICA, ADAPTABILIDADE E
ESTABILIDADE DE GENÓTIPOS DE FEIJOEIRO COMUM NA
REGIÃO CENTRO SUL DE MATO GROSSO DO SUL**

PRISCILA CARVALHO DA SILVA

Biotecnologista

Mestre em Agronomia

Orientador: Prof^o. Dr^o Manoel Carlos Gonçalves

Co-orientadora: Prof^a Dr^a Liliam Silvia Candido

Tese apresentada à Universidade Federal da Grande Dourados, como parte das exigências do Programa de Pós-Graduação em Agronomia - Produção Vegetal, para obtenção do título de Doutora.

**DOURADOS
MATO GROSSO DO SUL
2022**

Dados Internacionais de Catalogação na Publicação (CIP).

S586d Silva, Priscila Carvalho Da

Divergência genética, adaptabilidade e estabilidade de genótipos de feijoeiro comum na região Centro Sul de Mato Grosso do Sul [recurso eletrônico] / Priscila Carvalho Da Silva. -- 2023.

Arquivo em formato pdf.

Orientador: Manoel Carlos Gonçalves.

Coorientadora: Liliam Silvia Candido.

Tese (Doutorado em Agronomia)-Universidade Federal da Grande Dourados, 2022.

Disponível no Repositório Institucional da UFGD em:

<https://portal.ufgd.edu.br/setor/biblioteca/repositorio>

1. Phaseolus vulgaris L.. 2. interação genótipo x ambiente. 3. método de WAAS. 4. dissimilaridade genética. 5. mapas auto-organizáveis. I. Gonçalves, Manoel Carlos. II. Candido, Liliam Silvia. III. Título.

Ficha catalográfica elaborada automaticamente de acordo com os dados fornecidos pelo(a) autor(a).

©Direitos reservados. Permitido a reprodução parcial desde que citada a fonte.

DIVERGÊNCIA GENÉTICA, ADAPTABILIDADE E ESTABILIDADE DE GENÓTIPOS DE FEIJOEIRO COMUM NA REGIÃO CENTRO SUL DE MATO GROSSO DO SUL

Por:

Priscila Carvalho da Silva

Tese apresentada com parte dos requisitos exigidos para obtenção do título de
Doutora em Agronomia

Aprovada em: 21/02/2022



Prof^ª. Dr^ª. Liliam Silvia Candido

Co-orientadora - UFGD/FCBA

Presidente da banca

(participação remota)



Prof. Dr. João Antônio da Costa Andrade

Membro da banca - UNESP

(participação remota)



Prof^ª Dr^ª. Amanda Gonçalves Guimarães

Membro da banca - UFGD/FCA


(participação remota)



Dr^ª Nahara Gabriela Piñeyro Ferreira

Membro da banca

(participação remota)



Dr. Sanzio Carvalho Lima Barrios

Membro da banca – Embrapa Gado de Corte

(participação remota)

Nenhum obstáculo é tão grande, se sua fé e vontade de vencer for maior!

Dedico

À Deus, a Jesus e a nossa senhora Aparecida.

Aos meus pais, Sueli Nascimento Carvalho Silva e José Carlos da Silva, por terem dedicado suas vidas a me criarem e nunca medirem esforços em meu favor, em todos os momentos, para que eu pudesse concluir mais essa fase. Nunca terei palavras para agradecer tamanho amor, zelo, incentivo, esforço e dedicação.

Aos meus avós Tereza Maria Nascimento Carvalho e Sebastião Carvalho, pelo exemplo de carinho, humildade e generosidade.

A todos de minha família, o apoio e carinho de vocês foi essencial nessa caminhada.

Mãe, obrigada por sempre zelar e interceder por mim em suas orações!

AGRADECIMENTOS

À Deus, em primeiro lugar, pela oportunidade, por iluminar e abençoar essa caminhada, por seu amor incondicional, por me dar forças e resiliência em todos os momentos que mais precisei.

Aos meus pais, por me apoiarem incondicionalmente, por suas lutas, suas histórias de vida, por respeitarem minhas decisões, por serem o meu maior exemplo de amor, respeito e perseverança.

A Universidade Federal da Grande Dourados, ao programa de pós graduação em Produção Vegetal - FCA. A Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES) pelo auxílio financeiro concedido.

A todos os professores que compartilharam de seus conhecimentos e contribuíram para minha formação profissional. Aos técnicos dos laboratórios pelo auxílio e orientações.

Em especial ao meu orientador professor Dr. Manoel Carlos Gonçalves, pela confiança, paciência, ensinamentos, apoio e dedicação. Deixo o meu muito obrigada!

A professora Liliam Silvia Candido, por me acolher desde o primeiro ano que ingressei na universidade, por todos os ensinamentos profissionais e pessoais, sendo uma profissional, professora e amiga incrível. Pessoa na qual pra sempre vou me espelhar. Obrigada por tudo.

Aos membros da banca Prof^a. Dr^a Livia Davide, Prof^a. Dr^a Amanda Guimarães, Prof^o Dr^o João Andrade e Dr^o Sanzio Barros pela disponibilidade, correções, sugestões e contribuições.

A todos do grupo de pesquisa de Melhoramento e Biotecnologia Vegetal (GMBV), estes que se tornaram uma família, suas contribuições foram fundamentais para a realização deste trabalho. Aos funcionários da FAECA, em especial ao seu Jesus e Nenê, por todo o carinho, auxílio e prestatividade.

Aos meus colegas e amigos de pós graduação, em especial Gabriela Nahara pela amizade, carinho e auxílio; Vander Berres, Everson Rader, Paulo Henrique, Mailson de Jesus, Thamiris Barbizian, Euriann Yamamoto Ricardo Fachinelli e Hadassa de Abreu.

A todas as pessoas que direta ou indiretamente contribuíram para realização deste trabalho de tese, e em meu doutorado.

Deixo aqui registrada minha gratidão a todos vocês.

SUMÁRIO

	Página
LISTA DE FIGURAS	vii
LISTA DE TABELAS	ix
RESUMO GERAL	Xi
ABSTRACT	xii
1.INTRODUÇÃO GERAL	1
2.REVISÃO BIBLIOGRÁFICA	2
2.1 Cultura do feijoeiro e aspectos socioeconômicos.....	2
2.2 Interação Genótipo x Ambiente (GxA).....	3
2.3 Adaptabilidade e Estabilidade.....	5
2.4 Metodologias de avaliação de adaptabilidade e estabilidade.....	6
2.4.1 Método de Eberhart e Russell.....	6
2.4.2 Método de Lin e Binns (1988) modificado por Carneiro.....	7
2.4.3 Método de AMMI-biplot.....	8
2.4.4 Método GGE-biplot.....	9
2.4.5 Método de WAAS – WAASB e WAASBY.....	10
2.4.6 Método MHPRVG via REML/BLUP.....	11
2.5 Análise de divergência genética.....	13
2.5.1 Medidas de dissimilaridade e métodos para a estimação da divergência genética.....	15
2.5.2 Técnicas de agrupamento.....	16
2.5.2.1 Variáveis canônicas.....	17
2.5.2 Redes neurais artificiais.....	18
2.6 Importância relativa dos caracteres.....	21
3. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS	23
CAPÍTULO 1	30
RESUMO	30
ABSTRACT	31
1.INTRODUÇÃO	32
2.OBJETIVOS	33
3. MATERIAL E MÉTODOS	34
3.1 Material genético e condições ambientais dos experimentos.....	34
3.2 Condução experimental.....	36
3.3 Análises estatísticas dos dados.....	37
4. RESULTADOS E DISCUSSÃO	37
4.1 Análise de variância.....	37
4.2 Análise das Estimativas de Estabilidade e Adaptabilidade.....	39
4.2.1 Método de Eberhart e Russell (1966).....	39
4.2.2 Método de Lin e Binns (1988) modificado por Carneiro (1998).....	42
4.2.3 Método AMMI-biplot.....	44
4.2.4 Método GGE-biplot.....	48

4.2.5 Método de WAASB e WAASBY.....	54
4.2.6 Método MHPRVG via REML/BLUP.....	58
4.2.5 Considerações entre os métodos de adaptabilidade e estabilidade utilizados...	61
5. CONCLUSÕES.....	65
6. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS.....	66
7. ANEXOS.....	72
CAPÍTULO 2	74
RESUMO.....	74
ABSTRACT.....	75
1.INTRODUÇÃO.....	76
2.OBJETIVOS.....	77
3. MATERIAL E MÉTODOS.....	77
3.1 Material genético e condições ambientais dos experimentos.....	77
3.2 Condução experimental.....	79
3.3 Análises estatísticas dos dados.....	80
4. RESULTADOS E DISCUSSÃO.....	81
5. CONCLUSÕES.....	91
6. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS.....	92
7. ANEXOS.....	94

LISTA DE FIGURAS

PÁGINA

REVISÃO BIBLIOGRÁFICA

Figura 1. Modelo da estrutura de camadas de uma rede neural artificial.....	19
Figura 2. Modelo da estrutura de camadas de um mapa auto-organizável de Kohonen.....	20

CAPÍTULO I

Figura 1. Biplot AMMI1 (IPCA1, 48,90%) para variável produtividade de grãos (kg ha ⁻¹) de 20 genótipos (G) de feijoeiro comum avaliados em oito ambientes (A) no município de Dourados/MS, entre 2015 e 2019. A1: S2015-2; A2: S2016-3; A3: DS2016-1; A4: S2017-2; A5: S2018-3; A6: S2018-1; A7: S2019-2; A8: S2019-3. (1: 1 ^a época: águas; 2: 2 ^a época: seca; 3: 3 ^a época: inverno).....	46
Figura 2. Biplot da AMMI2 (IPCA1 vs IPCA2) para variável produtividade de grãos (kg ha ⁻¹) de 20 genótipos (G) de feijoeiro comum avaliados em oito ambientes (A) no município de Dourados/MS, entre 2015 e 2019. A1: S2015-2; A2: S2016-3; A3: DS2016-1; A4: S2017-2; A5: S2018-3; A6: S2018-1; A7: S2019-2; A8: S2019-3. (1: 1 ^a época: águas; 2: 2 ^a época: seca; 3: 3 ^a época: inverno).....	47
Figura 3. GGE-biplot “ <i>which-won-where</i> ” para a variável produtividade de grãos (kg ha ⁻¹) de 20 genótipos de feijão comum avaliados em oito ambientes no município de Dourados/MS, entre 2015 e 2019. Ambientes: A1:S2015-2; A2:S2016-3; A3:S2016-1; A4:S2017-2; A5:S2018-3; A6:S2018-1; A7:S2019-2; A8:S2019-3. (1: 1 ^a época: águas; 2: 2 ^a época: seca; 3: 3 ^a época: inverno).....	49
Figura 4. GGE-biplot média x estabilidade, para a variável produtividade de grãos (kg ha ⁻¹) de 20 genótipos de feijoeiro comum avaliados em oito ambientes no município de Dourados/MS, entre 2015 e 2019. Ambientes: 1:S2015-2; 2:S2016-3; 3:S2016-1; 4:S2017-2; 5:S2018-3; 6:S2018-1; 7:S2019-2; 8:S2019-3. (1: 1 ^a época: águas; 2: 2 ^a época: seca; 3: 3 ^a época: inverno).....	51
Figura 5. GGE-biplot da estimativa do genótipo ideal em relação a produtividade de grãos (kg ha ⁻¹) de 20 genótipos de feijão comum avaliados em oito ambientes no município de Dourados/MS, entre 2015 e 2019. Ambientes: 1:S2015-2; 2:S2016-3; 3:S2016-1; 4:S2017-2; 5:S2018-3; 6:S2018-1; 7:S2019-2; 8:S2019-3. (1: 1 ^a época: águas; 2: 2 ^a época: seca; 3: 3 ^a época: inverno).....	52
Figura 6. GGE-biplot discriminativo x representativo para a variável produtividade de grãos (kg ha ⁻¹) de 20 genótipos de feijão comum avaliados em oito ambientes no município de Dourados/MS, entre 2015 e 2019. Ambientes: 1:S2015-2; 2:S2016-3; 3:S2016-1; 4:S2017-2; 5:S2018-3;	

6:S2018-1; 7:S2019-2; 8:S2019-3. (1: 1 ^a época: águas; 2: 2 ^a época: seca; 3: 3 ^a época: inverno).....	53
Figura 7. Produtividade média de grãos preditas (BLUP) para 20 genótipos de feijoeiro comum. Barras de erro horizontais representam o intervalo de confiança de 95% da previsão considerando um teste t bicaudal.....	55
Figura 8. Biplot de WAASB para a produtividade de grãos de 20 genótipos de feijoeiro comum avaliados em oito ambientes no município de Dourados/MS, entre 2015 e 2019. Gen: genótipos; Env: ambientes. 1:S2015-2; 2:S2016-3; 3:S2016-1; 4:S2017-2; 5:S2018-3; 6:S2018-1; 7:S2019-2; 8:S2019-3. 1: 1 ^a época: águas; 2: 2 ^a época: seca; 3: 3 ^a época: inverno).....	56
Figura 9. Valores estimados da média ponderada da estabilidade (WAASB) e desempenho médio (Y) (WAASBY) para 20 genótipos de feijoeiro comum para produtividade de grãos e estabilidade.....	57

CAPÍTULO II

Figura 1. Dispersão de escores de 20 genótipos de feijoeiro comum em relação a três variáveis canônicas (VC1, VC2 e VC3), tendo como base em seis caracteres morfoagronômicos.....	86
Figura 2. Mapa auto-organizável de Kohonen para nove classes de classificação, formadas por meio de rede neural artificial.....	87
Figura 3, Mapa auto-organizável de Kohonen, classificação das observações dos agrupamentos das linhagens nas classes formadas por meio de rede neural artificial.....	88
Figura 4. Contribuição relativa de seis caracteres morfoagronômicos produtividade de grãos kg ha ⁻¹ (PROD), massa de cem grãos (M100), número de vagens por planta (NVP), número de grãos por vagem (NGV), altura de plantas (ALT) e inserção de vagem (ISV) avaliados para divergência (D2) entre 20 genótipos de feijoeiro comum avaliados em oito ambientes nos anos de 2015 a 2019 em Dourados/MS.....	91

LISTA DE TABELAS

PÁGINA

CAPÍTULO I

Tabela 1. Relação referente aos 20 genótipos de feijoeiro comum utilizados no experimento.....	34
Tabela 2. Caracterizações dos ambientes experimentais e informações meteorológicas referentes aos anos de 2015 á 2019.....	35
Tabela 3. Resumo da análise de variância individual para produtividade de grãos (kg ha ⁻¹), de 20 genótipos de feijoeiro comum avaliados em oito ambientes no município de Dourados/MS, entre os anos de 2015 e 2019.....	38
Tabela 4. Resumo da análise de variância conjunta para produtividade de grãos (kg ha ⁻¹) para 20 genótipos de feijoeiro comum avaliados em oito ambientes no município de Dourados/MS, entre 2015 e 2019.....	39
Tabela 5. Médias gerais (β_0), estimativas dos coeficientes de regressão (β_1), desvios de regressão (S^2d) e coeficientes de determinação (R^2), por meio da metodologia de Eberhart e Russell, referentes à produtividade de grãos (kg ha ⁻¹) para 20 genótipos de feijoeiro comum avaliados em oito ambientes no município de Dourados/MS, entre os anos de 2015 e 2019.....	40
Tabela 6. Médias gerais e índices ambientais, por meio da metodologia de Eberhart e Russell, referentes à produtividade de grãos (kg ha ⁻¹) para 20 genótipos de feijoeiro comum avaliados em oito ambientes no município de Dourados/MS, entre 2015 e 2019.....	42
Tabela 7. Estimativas dos parâmetros P_i gerais, favoráveis , desfavoráveis e valor genético (VG) , para o método Lin e Binns (1988) com decomposição, referentes à produtividade de grãos (kg ha ⁻¹) de 20 genótipos de feijoeiro comuns avaliados em oito ambientes no município de Dourados/MS, entre 2015 e 2019.....	43
Tabela 8. Resultado do teste de Gollob (1968) da análise AMMI para a variável produtividade de grãos (kg ha ⁻¹), para 20 genótipos de feijoeiro comum avaliados em oito ambientes no município de Dourados/MS, entre 2015 e 2019.....	45
Tabela 9. Estimativa de componentes de variância via REML referente à produtividade de grãos (kg ha ⁻¹) de 20 genótipos de feijoeiro comuns avaliados em oito ambientes no município de Dourados/MS, entre 2015 e 2019.....	58
Tabela 10. Adaptabilidade e estabilidade dos valores genotípicos (MHPRVG) preditos pela análise REML/BLUP referente à produtividade de grãos (kg ha ⁻¹) de 20 genótipos de feijoeiro comum avaliados em oito ambientes no município de Dourados/MS, entre 2015 e 2019.....	61
Tabela 11. Classificações de 20 genótipos de feijoeiro comum com base na produtividade média de grãos (kg ha ⁻¹) e nos parâmetros de estabilidade e	

adaptabilidade de diversos métodos de análise. Avaliação em oito ambientes no município de Dourados/MS, entre 2015 e 2019.....	62
--	----

CAPÍTULO II

Tabela 1. Relação referente aos 20 genótipos de feijoeiro comum utilizados no experimento.....	78
Tabela 2. Caracterizações dos ambientes experimentais e informações meteorológicas referentes aos anos de 2015 á 2019.....	78
Tabela 3. Resumo da análise de variância conjunta para produtividade de grãos kg ha ⁻¹ (PROD), massa de cem grãos (M100), número de vagens por planta (NVP), número de grãos por vagem (NGV), altura de plantas (ALT) e inserção de vagem (ISV) para 20 genótipos de feijoeiro comum avaliados em oito ambientes nos anos de 2015 á 2019 em Dourados/MS.....	81
Tabela 4. Agrupamento pelo método de otimização de Tocher, com base na distância generalizada de Mahalanobis de 20 genótipos de feijoeiro comum avaliados em oito ambientes nos anos de 2015 a 2019 em Dourados/MS.....	83
Tabela 5. Distâncias médias intergrupos estimadas pelo método de otimização de Tocher, com base na dissimilaridade de 20 genótipos de feijoeiro comum avaliados em oito ambientes nos anos de 2015 a 2019 em Dourados/MS.....	84
Tabela 6. Estimativas das variâncias (autovalores) e variâncias percentuais acumuladas das variáveis canônicas, visando estimar a dissimilaridade genética entre 20 genótipos de feijoeiro comum avaliados em oito ambientes nos anos de 2015 a 2019 em Dourados/MS.....	85

DIVERGÊNCIA GENÉTICA, ADAPTABILIDADE E ESTABILIDADE DE GENÓTIPOS DE FEJJOEIRO COMUM NA REGIÃO CENTRO SUL DE MATO GROSSO DO SUL

RESUMO GERAL

SILVA, P.C. **Divergência genética, adaptabilidade e estabilidade de genótipos de feijoeiro comum na região Centro sul de Mato Grosso do Sul.** 2022. Tese (Doutorado em Agronomia) - Universidade Federal da Grande Dourados, Dourados-MS.

Em programas de melhoramento genético de feijoeiro, devem ser utilizados procedimentos estatísticos acurados que auxiliem na seleção e recomendação de genótipos promissores. Diferentes metodologias podem ser empregadas no processo, destacando-se, dentre-elas a estimativa da divergência genética e da adaptabilidade e estabilidade dos genótipos. Nesse contexto, o primeiro capítulo teve como objetivo, estimar a adaptabilidade e estabilidade da produtividade de grãos de 20 genótipos de feijoeiro comum em oito ambientes no município de Dourados/MS, utilizando diferentes métodos estatísticos de estimação; e identificar genótipos de feijoeiro comum com bom potencial produtivo e com alta adaptabilidade e estabilidade para cultivo. Foram conduzidos oito experimentos entre os anos de 2015 e 2019. Realizou-se as análises estatísticas de adaptabilidade e estabilidade de Eberhart e Russell, Lin e Binns modificada por Carneiro (1998), AMMI-biplot, GGE-biplot, WASSB/WAASBY e MHPRVG. Por meio da análise de variância conjunta foi constatada significância da interação GxA para a produtividade de grãos. O método de Eberhart e Russell, apresentou a maior discrepância e a menor similaridade sobre o ordenamento dos genótipos. Os métodos de Lin e Binns modificada por Carneiro (1998), GGE-biplot e MHPRVG, apresentaram as maiores similaridades nas classificações. O método de WAASBY mostrou uma importante ferramenta, combinando precisão e facilidade de interpretação dos dados. Os genótipos 1, 2, 4 e 9 apresentaram os melhores parâmetros de adaptabilidade e estabilidade por meio dos métodos utilizados. Os genótipos 2 e 4 se destacaram por reunir adaptabilidade e estabilidade fenotípica aliada a produtividade, sendo recomendados para as condições de cultivo na região de Dourados/MS. O segundo capítulo teve como objetivo, estimar a divergência genética entre 20 genótipos de feijoeiro comum e identificar parentais promissores para processo de hibridação, por diferentes métodos e avaliar o relacionamento dos agrupamentos; e identificar os caracteres de maior contribuição para a dissimilaridade genética. Foram realizadas as análises de divergência genética com base na média dos 20 genótipos nos oito ambientes, por meio dos métodos de Tocher, dispersão gráfica das variáveis canônicas, e mapas auto-organizáveis de Kohonen, e estimada importância relativa dos caracteres. Evidenciou-se a existência de variabilidade genética entre os genótipos em estudo. Os métodos de agrupamentos apresentaram semelhanças para representar a divergência genética. Os métodos de Tocher e Kohonen, apresentaram a maior concordância entre si para os agrupamentos. Os genótipos mais divergentes e potenciais agronomicamente identificados foram o 1, 6 e 19, podendo ser indicados como genitores em processos de hibridação. Os caracteres que apresentaram a maior contribuição relativa para a divergência e diferenciação dos genótipos foram produtividade, massa de cem grãos e número de vagens por planta.

Palavras chaves: *Phaseolus vulgaris* L.; interação genótipo x ambiente; método de WAAS; dissimilaridade genética; métodos de agrupamento; mapas auto-organizáveis.

GENETIC DIVERGENCE, ADAPTABILITY AND STABILITY OF COMMON BEAN GENOTYPES IN THE CENTRO SOUTH REGION OF MATO GROSSO DO SUL

SILVA, P.C. **Genetic divergence, adaptability and stability of common bean genotypes in the Centro south region of Mato Grosso do Sul.** 2022. Tese (Doutorado em Agronomia) - Universidade Federal da Grande Dourados, Dourados-MS.

ABSTRACT

In common bean breeding programs, accurate statistical procedures must be used to help in the selection and recommendation of promising genotypes. Different methodologies can be used in the process, highlighting, among them, the estimation of the genetic divergence and the adaptability and stability of the genotypes. In this context, the first chapter aimed to estimate the adaptability and stability of grain yield of 20 common bean genotypes in eight environments in the municipality of Dourados/MS, using different statistical estimation methods; and to identify common bean genotypes with good yield potential and with high adaptability and stability for cultivation. Eight experiments were conducted between 2015 and 2019. Statistical analyzes of adaptability and stability by Eberhart and Russell, Lin and Binns modified by Carneiro (1998), AMMI-biplot, GGE-biplot, WASSB/WAASBY and MHPRVG were carried out. Through joint analysis of variance, the significance of the GxA interaction for grain yield was verified. The Eberhart and Russell method showed the greatest discrepancy and the least similarity regarding the ordering of the genotypes. The Lin and Binns methods modified by Carneiro (1998), GGE-biplot and MHPRVG, showed the greatest similarities in the classifications. The WAASBY method proved to be an important tool, combining precision and ease of data interpretation. Genotypes 1, 2, 4 and 9 showed the best adaptability and stability parameters through the methods used. Genotypes 2 and 4 stood out for bringing together adaptability and phenotypic stability combined with productivity, being recommended for growing conditions in the region of Dourados/MS. The second chapter aimed to estimate the genetic divergence between 20 common bean genotypes and to identify promising parents for the hybridization process, by different methods and to evaluate the relationship of the clusters; and to identify the characters with the greatest contribution to the genetic dissimilarity. Genetic divergence analyzes were performed based on the average of the 20 genotypes in the eight environments, using Tocher's methods, graphic dispersion of canonical variables, and Kohonen's self-organizing maps, and estimated relative importance of characters. The existence of genetic variability among the genotypes under study was evidenced. The clustering methods showed similarities to represent genetic divergence. The Tocher and Kohonen methods showed the highest agreement among themselves for the clusters. The most divergent and potential agronomically genotypes identified were 1, 6 and 19, which could be indicated as parents in hybridization processes. The characters that presented the greatest relative contribution to the divergence and differentiation of the genotypes were productivity, mass of one hundred grains and number of pods per plant.

Keywords: *Phaseolus vulgaris* L.; genotype x environment interaction; WAAS method; genetic dissimilarity; cluster methods; self-organizing map.

1. INTRODUÇÃO GERAL

O feijoeiro comum (*Phaseolus vulgaris* L.) é uma cultura de grande importância socioeconômica, sendo cultivado por pequenos e grandes produtores, em diversificados sistemas de produção e em diferentes regiões brasileiras. A cultura constitui um papel relevante na alimentação por ser uma excelente fonte de proteínas. Junto a isso, a mão de obra empregada durante o seu ciclo, faz com que o feijão seja um dos produtos de maior expressão nacional (Borém & Carneiro, 2015).

O Brasil é um dos maiores produtores e consumidores mundiais de feijão comum, com produção média anual de 3,1 milhões de toneladas e produtividade média 1.600 kg ha⁻¹ (Conab, 2021a). No estado de Mato Grosso do Sul, a área cultivada é de cerca de 24 mil hectares, com uma produção total de 44 mil toneladas e produtividade média de 1.388 kg ha⁻¹ (Conab, 2021a).

Contudo, a produtividade média nacional e regional do feijoeiro é baixa quando comparada com outras culturas produtoras de grãos. Fato que pode ser atribuído principalmente, ao desempenho, e estabelecimento dos genótipos em condições de campo, e as variações das condições edafoclimáticas (Borém & Carneiro, 2015; Ramalho et al., 2014).

Estudos referentes a interação genótipos x ambientes (GxA) fornecem informações importantes sobre o desempenho dos genótipos frente às variações do ambiente. Em diferentes fases de seleção nos programas de melhoramento genético de plantas, a constatação de interação GxA pode resultar em alteração no ordenamento dos genótipos em diferentes condições ambientais. Gerando assim, informações relevantes, principalmente para o desenvolvimento e recomendação de novas cultivares que sejam adaptadas às regiões de cultivo, e apresentem alta estabilidade e adaptabilidade produtiva de grãos (Barili et al., 2015).

Para a obtenção e desenvolvimentos de novas cultivares, nos programas de melhoramento de espécies autógamas, como o feijoeiro, em sua fase inicial, realiza-se a seleção de genitores para hibridação e formação de uma população de base genética ampla, em que os esforços devem ser concentrados nas combinações entre os genótipos mais divergentes e promissores (Correa & Gonçalves, 2012). Dessa forma, estudos sobre divergência genética podem auxiliar e direcionar os cruzamentos mais dissimilares e conseqüentemente a ocorrência de segregação em recombinações, aumentando as

chances de obtenção de linhagens superiores nas gerações segregantes (Borém & Carneiro, 2015; Cruz et al., 2014).

Desse modo, procedimentos estatísticos para o estudo da divergência genética e de adaptabilidade e estabilidade, podem servir de base para auxiliar na tomada de decisão nas fases de obtenção e seleção de genótipos de feijoeiro promissores, bem como influenciar diretamente na recomendação de genótipos específico para cada ambiente de cultivo, visando o aumento da produtividade da cultura nas lavouras.

Nesse contexto, este trabalho está dividido em dois capítulos que tem como objetivos: 1. Estimar a adaptabilidade e estabilidade da produtividade de grãos de 20 genótipos de feijoeiro comum em oito ambientes no município de Dourados/MS, utilizando diferentes métodos estatísticos de estimação; identificar genótipos de feijoeiro comum com bom potencial produtivo e com alta adaptabilidade e estabilidade para cultivo. 2. Estimar a divergência genética entre 20 genótipos de feijoeiro comum, visando à identificação de genótipos para recombinações promissoras, por diferentes métodos e verificar o relacionamento dos agrupamentos; e identificar os caracteres de maior contribuição para a dissimilaridade genética.

2. REVISÃO BIBLIOGRÁFICA

2.1 Cultura do feijoeiro e aspectos socioeconômicos

O feijoeiro-comum (*Phaseolus vulgaris* L.) é uma espécie pertencente à família Fabaceae, ordem Rosales e gênero *Phaseolus*, originária do continente americano (Gepts et al., 1986). O gênero *Phaseolus* compreende aproximadamente 55 espécies. As espécies de feijoeiro cultivadas em maior volume no Brasil são: *Phaseolus vulgaris*, feijoeiro comum, e o *Vignaun guiculata*, comumente chamado de feijoeiro de corda ou feijoeiro caupi (Conab, 2021a).

O feijoeiro-comum é a leguminosa mais importante para alimentação humana no mundo, constituindo umas das principais fontes de proteínas vegetais. No mundo são produzidas por ano, cerca de 12 milhões de toneladas de feijoeiro comum para suprir a demanda de 400 milhões de pessoas, seu consumo e produção estão concentrados na América Latina, sendo o Brasil, o maior produtor e maior consumidor mundial (Faostat, 2019). Estimativas apontam que Brasil possui uma área plantada de 1,67 milhões de hectares de feijoeiro, com produção média anual de 3,1 milhões de toneladas e produtividade média 1.600 kg ha⁻¹. O estado de Mato Grosso do Sul, possui uma produção

total de 44 mil toneladas, com uma produtividade média de 1.388 kg ha⁻¹ e a área cultivada de cerca de 24 mil hectares (Conab, 2021a).

O feijoeiro é produzido em todos os estados, sendo a terceira cultura de grãos em área semeada no país, atrás da soja e do milho (Conab, 2021b). O feijoeiro-comum é cultivado em diferentes sistemas de cultivo e épocas de semeadura no Brasil, podendo ser cultivado em até 3 safras (épocas e semeadura). A primeira denominada como “safra das águas”, a semeadura normalmente é realizada de julho a outubro e colheita de novembro a janeiro. A segunda safra, “safra da seca”, a semeadura é feita de janeiro a março e colheita de abril a julho. E terceira safra, “safra de inverno”, com semeadura de abril a julho e colheita de agosto a outubro, realizada principalmente na região sudeste do Brasil (Barbosa & Gonzaga, 2012).

Aproximadamente 70% do total de feijoeiro comum produzido no Brasil é proveniente da agricultura familiar, em plantios realizados principalmente na época das águas (primeira safra) e da seca (segunda safra) (Silva & Wander, 2013). De acordo com a Cona (2021), no estado de Mato Grosso do Sul, o cultivo do feijoeiro acontece principalmente na segunda época, em que na safra 20/21 ocorreu uma produção de 37.5 mil toneladas de grãos, valor muito maior de cultivo em relação a primeira e terceira época (1,1 mil toneladas para ambas épocas) (Conab, 2021b).

A cultura do feijoeiro apresenta grande importância socioeconômica para o estado de Mato Grosso do Sul, uma vez que se trata de cultivo sob o predomínio da agricultura familiar. Sendo que parte da produção é utilizada para o consumo familiar e o restante destinado à comercialização, representando significativa fonte de renda às famílias (Padovan et al., 2007).

Nesse contexto, o investimento em estudo de metodologias que possibilitem a identificação de genótipos promissores para obtenção de novas cultivares, torna-se de fundamental importância, podendo auxiliar, a obtenção de novas cultivares de feijoeiro, adaptadas às diferentes condições edafoclimáticas do Brasil, e particularmente para a região Sul do estado de Mato Grosso do Sul.

2.2 Interação Genótipo x Ambiente (GxA)

A produtividade de grãos é um caráter quantitativo altamente influenciado pelo ambiente em que o genótipo é cultivado. Sendo assim, a interação (GxA) é um dos principais fatores a serem estudados na seleção e recomendação de cultivares (Becker & León, 1988; Acciaresi & Chidichimo, 1999).

Diferentes condições ambientais, podem resultar em alteração no desempenho dos genótipos, como exemplo, locais, anos ou épocas de cultivo ou qualquer combinação destes. As plantas respondem a uma série de estímulos bióticos e abióticos, bem como a interação dos mesmos, dessa forma um genótipo pode ter um bom desempenho em um determinado ambiente, mas apresentar alterações em seu desempenho em condições divergentes (Borém et al., 2017).

Quando os testes de avaliação dos genótipos são conduzidos em apenas um ambiente, a variância genética e a média geral podem ficar superestimadas, ou seja, pode conter componentes da interação $G \times A$ (Resende & Duarte, 2007). Desse modo, o estudo da interação $G \times A$ tem inúmeras implicações em um programa de melhoramento de feijoeiro e, na etapa de avaliação de genótipos para indicação de novas cultivares aos agricultores, sua importância torna-se mais evidente. As avaliações das linhagens devem ser realizadas em diferentes condições de forma que viabilize sua indicação para cultivo nas regiões onde foram testadas (Pereira et al., 2010).

Nesse contexto, ao realizar a instalação de experimentos em diferentes ambientes, ou sob diferentes condições ambientais, são esperadas respostas diferenciadas dos genótipos em relação às variações impostas pelos ambientes. Quanto maior a diversidade genética entre os genótipos e entre os ambientes, maior importância terá a interação $G \times A$ (Borém et al., 2017). A importância da interação $G \times A$ é comprovada em vários trabalhos realizados com a cultura do feijoeiro no Brasil, especialmente para produtividade de grãos (Koundinya et al., 2021; Pereira et al., 2014; Souza et al., 2017).

Segundo Robertson (1959), para fins de caracterização, a interação $G \times A$ pode ser decomposta de duas formas de acordo com sua natureza, sendo elas simples e complexa. Na simples, as interações mantêm a classificação de desempenho entre os genótipos nas diversas condições ambientais, sendo acarretada pela diferença de variabilidade dos genótipos nos ambientes considerados (Moll et al., 1978). Por outro lado, a interação complexa é representada pela ausência de correlação entre o desempenho dos genótipos nos diferentes ambientes, alterando, deste modo, a classificação dos genótipos entre ambientes (Vencosky & Barriga, 1992)

Um dos objetivos centrais dos programas de melhoramento é estimar o quanto da variação fenotípica se deve à interação $G \times A$ (Ramalho et al., 2012). Como forma de quantificar a influência da $G \times A$ são efetuados procedimentos estatísticos específicos de adaptabilidade e estabilidade que permitem identificar com elevada precisão, genótipos

potenciais com comportamento previsível e que sejam responsivos às variações ambientais, em condições específicas ou amplas (Cruz et al., 2014).

2.3 Adaptabilidade e Estabilidade

De acordo com Mariotti et al. (1976) a adaptabilidade refere-se à capacidade do genótipo responder positivamente às melhorias ambientais, e a estabilidade é a habilidade de um genótipo apresentar comportamento previsível, independente do ambiente em que é cultivado. Deste modo, é de grande importância a identificação de genótipos que apresentem alta estabilidade fenotípica e também uma adaptabilidade as condições ambientais favoráveis, como exemplo, clima, adubação, entre outros fatores, além de alta produtividade de grãos.

A adaptabilidade e a estabilidade de uma cultivar dependem da constituição genética do genótipo. Desse modo, as características genotípicas permitem que os indivíduos se mantenham estáveis diante das condições limitantes, bem como responderem positivamente aos fatores ambientais favoráveis (Borém et al., 2017).

Diversas metodologias de análise de adaptabilidade e estabilidade são destinadas à avaliação de cultivares de grande importância para a agricultura em ambientes diversos, estudos estes desenvolvidos, inclusive, com o feijoeiro comum (Melo et al., 2017; Zanela et al., 2019). A diferença entre as metodologias se dá, basicamente, pelos parâmetros adotados em sua avaliação, nos procedimentos biométricos empregados para medi-la e na informação ou detalhamento de sua análise, uma vez que todas são fundamentadas na existência de interações genótipos x ambientes (Cruz et al., 2014; Vencovsky & BARRIGA, 1992).

Dentre as principais metodologias utilizadas, pode-se destacar: Eberhart e Russell (1966), Lin e Binns (1988) modificado por Carneiro (1998) de caráter univariado. Evidencia-se também o método multivariado, como exemplo, a análise de variância associada aos componentes principais (AMMI-biplot) (Zobel et al., 1988); análise gráfica GGE (genótipo + interação genótipo x ambiente) (Yan et al., 2016); e por modelos mistos via média harmônica da performance relativa dos valores genéticos (MHPRVG) (Resende et al., 2016). Mais recentemente tem-se empregado a metodologia WAASB (Olivoto et al., 2019a) derivada média ponderada de escores absolutos da decomposição de valores singulares da matriz de BLUP. Estas análises assumem um importante papel preditivo para o direcionamento de programas de melhoramento em relação ao processo seletivo de genótipos mais promissores.

2.4 Metodologias de avaliação de adaptabilidade e estabilidade

2.4.1 Método de Eberhart e Russell

O método de Eberhart e Russell (1966) possibilita a identificação de cultivares de feijoeiro com comportamento previsível. O processo é baseado em uma análise de regressão linear simples, em que o índice ambiental é a variável independente, e a média do caráter avaliado de cada cultivar, em cada ambiente, é a variável dependente. O método utiliza o índice ambiental para qualificar os ambientes e suas variações e classifica-los como favoráveis e desfavoráveis por meio de índices negativos e positivos, proporcionando dessa forma uma base para ordenar e avaliar a resposta de cada genótipo frente as variações do ambiente (Eberhart & Russell, 1966; Vencovsky & Barriga, 1992).

Esta metodologia considera que tanto os coeficientes de regressão dos valores fenotípicos de cada genótipo, em relação ao índice ambiental, quanto os desvios dessa regressão, proporcionam estimativas de parâmetros de adaptabilidade e estabilidade, respectivamente (Mato et al., 2021).

Considera-se três parâmetros na avaliação individual de cada genótipo, a produtividade média (β_0), coeficiente de regressão linear (β_1), e a variância dos desvio de regressão (S^2d). O coeficiente de regressão (β_1), estima a adaptabilidade dos genótipos podendo classifica-los em adaptabilidade ampla ou específica. Genótipos de adaptabilidade ampla são aqueles que apresentam coeficiente de regressão (β_1) igual a 1 (um), ou seja, este genótipo é capaz de apresentar média acima da média geral, tanto em ambientes favoráveis, quanto em ambientes desfavoráveis. Os genótipos de adaptabilidade específica são aqueles capazes de apresentar bons resultados apenas em ambientes específicos, de acordo com a exigência de cada genótipo. Existem genótipos específicos para ambientes desfavoráveis ($\beta_1 < 1$), bem como genótipos específicos para ambientes favoráveis ($\beta_1 > 1$) (Eberhart e Russell; Cruz et al., 2014).

A estabilidade está relacionada à previsibilidade de produção. Como parâmetro é tomada a estimativa da variância dos desvios da regressão ($S^2d = \sigma^2 S^2d$). Desse modo, genótipos que apresentam variância dos desvios estatisticamente iguais a zero ($S^2d = 0$), são considerados estáveis, e apresenta desempenho previsível. Genótipos com um alto valor para esse parâmetro, ($S^2d \neq 0$) são de baixa estabilidade, indicando que apresenta desempenho não previsível (Eberhart & Russell, 1966).

O coeficiente de determinação (R^2) é uma medida auxiliar que pode ser utilizada para a comparação da estabilidade dos genótipos, O R^2 superior a 80%, indica estabilidade tolerável (Cruz et al., 2014).

Um genótipo pode ser classificado como ideal quando apresenta o produtividade acima da média geral (β_{0i}), coeficiente de regressão igual à unidade (ampla adaptabilidade) ($\beta_{1i} = 1$), variância dos desvio da regressão igual a zero (estabilidade alta) ($S^2d = 0$), e coeficientes de determinação acima de 80% (Cruz et al., 2014; Eberhart & Russell, 1966).

2.4.2 Método de Lin e Binns (1988) modificado por Carneiro

O método de Lin e Binns (1988), modificado por Carneiro (1998), faz o uso da estatística não paramétrica. Tem como proposta identificar os genótipos com maior estabilidade com o uso de um único parâmetro de adaptabilidade e estabilidade. A classificação dos ambientes é realizada por meio do índice ambiental, assim como o método de Eberhart e Russell (1966).

O desempenho dos genótipos é quantificado pelo índice de estabilidade P_i , que corresponde ao quadrado médio da distância entre a média de um genótipo para um dado ambiente e a resposta máxima para o mesmo ambiente, em todos os ambientes avaliados (Lin & Binns, 1988). Dessa forma, o menor quadrado médio indica uma superioridade geral do genótipo em questão, pois quanto menor o valor de P_i , menor será o desvio em torno da resposta máxima; assim, maior estabilidade está relacionada, obrigatoriamente, com alta produtividade (Oda et al., 2019; Sousa et al., 2020).

Carneiro (1998) propôs a modificações do método de Lin e Binns (1988), com a estatística MAEC (Medida de Adaptabilidade e Estabilidade de Comportamento) por meio da decomposição do estimador P_i , em ambientes favoráveis (P_{if}) e desfavoráveis (P_{id}), visando identificar genótipos para a recomendações específicas para cada tipo de ambiente (Borém et al., 2017). Tornando esta metodologia mais adequada para a avaliação da performance genotípica, a fim de facilitar a recomendação e seleção de genótipos, visando o desempenho próximos do valor máximo para a produtividade de grãos em diferentes ambientes testados.

O método de Lin e Binns (1988) é uma boa alternativa na avaliação da estabilidade, pois não apresenta limitações do uso por causa da análise da regressão e possibilita a identificação de uma o mais cultivares com desempenho próximo do valor máximo de produtividade (Cruz et al., 2014).

2.4.3 Método de AMMI-biplot

O Método de efeitos aditivos e interação multiplicativa AMMI (Additive Main effect and Multiplicative Interaction), permite estimar a estabilidade de cultivares e classificar ambientes (Carbonell et al., 2004; Moreno & Ladino, 2021). O modelo combina as técnicas da análise de variância (parâmetros aditivos) e os componentes principais (parâmetros multiplicativos) em um único modelo, para ajustar a interação $G \times A$, e analisar os genótipos por ambientes (Rodríguez-González. et al., 2011).

De acordo com Crossa (1990) o método AMMI permite um detalhamento maior da soma de quadrados da interação $G \times A$. Garante a seleção de genótipos mais produtivos (capazes de capitalizar interações positivas com ambientes), propicia estimativas mais precisas das respostas genótípicas e possibilita uma fácil interpretação gráfica dos resultados da análise estatística.

O detalhamento da interação $G \times A$ é realizado via decomposição da soma dos quadrados originais ($SQG \times A$), em uma porção denominada padrão e outra ruído. A primeira possibilita a identificação de fatores ambientais e genotípicos mais diretamente relacionados à interação, sendo obtida após o descarte de ruídos adicionais ao erro experimental. Isso proporciona uma melhoria na capacidade preditiva das respostas genótípicas (Oliveira et al., 2003).

Com os resultados obtidos da análise AMMI, gera-se uma representação gráfica (biplot) dos genótipos e dos ambientes, plotados simultaneamente. A representação gráfica e simultânea de cada genótipo e ambiente fornece informações sobre a estabilidade e a adaptabilidade de ambos, cuja interpretação é realizada observando-se a dimensão da dispersão em relação aos eixos de origem (Zobel et al., 1988; Ferreira et al., 2006).

Os escores baixos (próximos de zero) são relacionados a genótipos e ambientes que apresentaram uma contribuição baixa para a interação, caracterizando-os como estáveis. Genótipos e ambientes com escores de mesmo sinal, interagem positivamente evidenciando um sinergismo adaptativo favorável para a seleção. Sinais opostos interagem negativamente, sugerindo antagonismo, ou seja, uma combinação desfavorável de genótipo e ambiente (Duarte & Vencovsky, 1999). Adicionalmente o método AMMI permite a realização de zoneamento agrônômico e a escolha de locais-chave para o processo de avaliação e seleção.

Na cultura do feijoeiro, a metodologia AMMI vem sendo usada amplamente para a análise de adaptabilidade e estabilidade, principalmente em conjuntos com as metodologias mais tradicionais (por exemplo, Eberhart Russel, Linn e Bins, entre outras). Entre os diversos trabalhos com o feijoeiro, podemos citar os de Bassa et al., (2019), Moreno & Ladino (2021), Pereira et al. (2009), relatam que obtiveram resultados satisfatórios em seus experimentos utilizando esta metodologia.

2.4.4 Método GGE-biplot

A metodologia GGE-biplot (Genotype main effects + Genotype environment interaction) proposta por Yan et al., (2000) dois conceitos que devem ser enfatizados. Sendo o primeiro, que o rendimento medido é o efeito combinado do genótipo (G), ambiente (E), e da interação de ambos (GxE), apenas G e GxE são relevantes, e devem ser considerados simultaneamente, na avaliação de genótipo, o que remete o termo GGE.

O segundo conceito engloba a técnica biplot, desenvolvido por Gabriel (1971), para representar graficamente resultados de análise de componentes principais ou de decomposição de valores singulares, no qual o valor de cada elemento de uma tabela de dupla entrada pode ser visualizado pelo produto de vetores e pelo coseno do ângulo entre dois vetores, é empregue para aproximar e exibir o GGE de ensaios multiambientes, denominando assim de GGE-biplot (Silva & Benin, 2012; Mattos et al., 2013)

A metodologia GGE biplot, busca agrupar o efeito de genótipo, efeito aditivo da análise AMMI, com a interação, efeito multiplicativo, e submeter estes efeitos as análises de componentes principais, chamada de “sites regression” ou SREG como sugerido por Cornelius et al. (1996) e Crossa e Cornelius (1997). Conforme descrito por Yan et al. (2000), seu SREG é um modelo multiplicativo de regressão para locais ou sítios e seu biplot é chamado de GGE-biplot. Esta técnica integra a análise de variância com componentes principais e demonstra eficiência superior na explicação da maior proporção da soma de quadrados da interação, quando comparada com a análise de variância e regressão conjunta (Yan et al., 2000).

Por meio dos gráficos gerados pelo GGE-biplot, é possível o melhorista extrair as seguintes informações: (i) classificação dos genótipos com base no seu desempenho em qualquer ambiente; (ii) classificação dos ambientes com base no desempenho relativo dos genótipos; (iii) comparar o desempenho de qualquer par de genótipos em ambientes diferentes, (iv) identificar o melhor genótipo em cada ambiente “Quem Ganha Onde”; (v) agrupamento dos ambientes baseados nos melhores genótipos; (vi) avaliação de genótipos

com base no seu rendimento médio e no seu padrão de adaptabilidade e estabilidade; (vii) avaliar os ambientes quanto a sua representatividade e sua capacidade de discriminação de genótipos superiores (Yan et al. 2011; Mattos et al., 2013).

No gráfico GGE-biplot, o genótipo ideal deve ter alto valor de CP1 (alta média de produtividade) e próximo de zero para o CP2 (mais estável). O ambiente de teste ideal é aquele com alto valor para CP1 (maior poder de discriminação de genótipos) e próximo de zero para o CP2 (mais representativo da média ambiental geral). Desse modo, o primeiro componente principal representa a produtividade e, o segundo componente principal, a estabilidade.

2.4.5 Método de WAAS – WAASB e WAASBY

A realização de estudos em ensaios multiambientes é uma prática comum em programas de melhoramento genético, especialmente quando se buscam genótipos mais adaptados, estáveis e produtivos. Para tanto, a análise AMMI mostra-se eficiente para a modelagem gráfica dos fatores da interação $G \times A$, embora falhe no aspecto da formação dos modelos lineares mistos (Olivoto et al., 2019a).

Nesse sentido, o método da média ponderada dos escores absolutos (WAAS, Weighted Average of Absolute Scores), pode ser utilizado como um índice quantitativo de estabilidade na análise AMMI. Devido a aplicação da técnica de decomposição por valores singulares, é possível gerar biplots semelhantes ao método AMMI, contudo, considerando um modelo de efeito misto (Santos & Marza, 2020; Sharifi et al., 2020).

A abordagem AMMI realiza a identificação conjunta de produtividade e estabilidade de um determinado genótipo por meio de um biplot caracterizado pela projeção do efeito principal (rendimento de grãos) no eixo da abcissa e do CP1 no eixo da ordenada. Contudo, quando a proporção da variância explicada no CP1 é relativamente baixa, pode haver um viés de interpretação em relação a estabilidade dos genótipos, pois os padrões da interação, ainda são explicados nos componentes restantes. Considerando que a média está livre do erro experimental, todos componentes principais estimados poderão ser utilizados para modelar a interação $G \times A$ e identificar a estabilidade genotípica. Assim, Olivoto et al. (2019b), propuseram um novo índice de estabilidade genotípica denominado média ponderada dos escores absolutos (WAASB, Weighted Average of absolute Scores) estimados com a matriz BLUP da interação $G \times A$ que combina as características do modelo AMMI junto ao REML/BLUP, além disso, atuar também na identificação de genótipos estáveis e produtivos.

O WAASB é baseado no modelo misto de AMMI, considerando genótipos como variáveis aleatórias e levando em consideração todos os eixos dos componentes principais (CPs) para análise de estabilidade. AMMI Stability Value (ASV), é o índice de estabilidade mais comumente utilizado, que tem como base os desvios dos quadrados. Em contrapartida, o índice WAASB é baseado em desvios absolutos, com base na decomposição de valor singular (SVD) de Efeitos de interação BLUP, resultando em maior robustez e impassibilidade a outliers (Olivoto et al 2019a). Outro índice de estabilidade comumente utilizado o SIPC, considera os valores absolutos de todos os eixos do CPs, por outro lado, WAASB considera as médias ponderadas de pontuações de CP, resultando em maior confiabilidade, em que os últimos CPs atribuem menor variância às estimativas, embora tenham pontuações de CPs altas (Olivoto et al 2019a). Sendo, que menores valores de WAASB, indica genótipos mais estáveis.

Segundo Olivoto et al. (2019a), algumas das vantagens dessa ferramenta são: ser uma medida de estabilidade quantitativa ao qual permite a classificação dos genótipos em termos de estabilidade da produção; a possibilidade da interpretação conjunta da produtividade e da estabilidade considerando todos os termos multiplicativos do modelo; e também a possibilidade da realização das análises com um banco de dados desbalanceado.

Olivoto et al. (2019b), também propuseram um índice de superioridade, denominado WAASBY, que permite ponderação entre desempenho médio e a estabilidade. Esses índices combinam as ferramentas gráficas do AMMI e a precisão preditiva do BLUP para análise de estabilidade. A maior relevância de se empregar estas novas abordagens estatísticas, se dá na vantagem da facilidade de interpretações gráficas do AMMI aliados a alta precisão preditiva do BLUP (Nataraj et al., 2021; Olivoto et al., 2019b; Sellami et al., 2021).

2.4.6 Método MHPRVG via REML/BLUP

A combinação da metodologia de melhor predição linear não-viesada (BLUP) proposta por Henderson (1974) com a da máxima variância restrita (REML) proposta por Patterson e Thompson (1971), compõem um método flexível e poderoso de predição de valores genéticos (Viana et al., 2011). O método REML corrige o vício da perda de graus de liberdade do método da máxima verossimilhança desenvolvido por Fisher (1922), que se fundamenta na obtenção do ponto de máximo de uma função de verossimilhança (função densidade de probabilidade conjunta dos pontos amostrais).

A metodologia de modelos mistos por meio do método REML/BLUP, considera apenas o desempenho genético do indivíduo, eliminado da expressão fenotípica o efeito ambiental e os ruídos da análise. Esta metodologia tem sido amplamente utilizada em programas de melhoramento animal e de espécies florestais, e recentemente em culturas anuais de interesse econômico, como exemplo, o feijoeiro (Rocha et al., 2017; Santos et al., 2016; Souza et al., 2018; Torres et al., 2016).

Em condições de experimentos balanceados e desbalanceados, essa abordagem permite a predição acurada e não viesada dos valores genéticos, propicia informações específicas sobre o mérito da progênie, de indivíduos nas progênies e considera até mesmo o ambiente da repetição onde está localizado um genótipo (Resende, 2007). Desde modo, as propriedades do BLUP permitem a maximização da acurácia seletiva, minimização do erro de predição, estimativa não viciada de valores genéticos, elevando os ganhos genético por ciclo de seleção e aumentando a probabilidade de seleção do melhor entre dois ou vários genótipos (Resende et al., 2016).

O BLUP permite comparações entre genótipos provenientes de diferentes populações em diferentes ensaios. O procedimento ajusta os dados para os efeitos ambientais identificáveis (tais quais os efeitos de bloco, ano de medição, local de plantio, dentre outros) e simultaneamente prediz os valores genéticos dos indivíduos. Apresenta ainda a vantagem de ser pouco limitante para análises de experimentos desbalanceados com delineamento experimental não ortogonal e com heterogeneidade de variância (Resende et al., 2016).

A metodologia de modelos mistos permite considerar erros correlacionados dentro de locais, fornece valores genéticos já descontados da instabilidade; e pode ser aplicado a qualquer número de ambientes. Os resultados são gerados na própria unidade ou escala do caráter avaliado, que podem ser interpretados diretamente como valores genéticos, o que os demais métodos não permitem. Além de possuir empregabilidade na seleção de genótipos específicos para cada local, seleção de genótipos estáveis e responsivos (com alta adaptabilidade) à melhoria do ambiente e favorece a seleção de genótipos considerando simultaneamente os três principais atributos (adaptabilidade, estabilidade e produtividade) (Santos & Marza, 2020; Souza et al., 2018).

Com base no método REML/BLUP, a seleção simultânea por produtividade, estabilidade e adaptabilidade, no contexto dos modelos mistos, pode ser realizada pelo método da média harmônica do desempenho relativo dos valores genéticos (MHPRVG) preditos. O método tem como princípio que quanto menor o valor do desvio-padrão do

comportamento genotípico entre os locais, maior será a média harmônica dos valores genotípicos. Assim, a seleção pelos maiores valores da média harmônica dos valores genotípicos (MHVG) determina, simultaneamente a produtividade e a estabilidade. Já o desempenho relativo associado aos valores genotípicos (PRVG) entre os ambientes exprime a adaptabilidade (Resende, 2007).

O modelo MHPRVG ajusta os efeitos de ambientes e blocos dentro de ambientes no vetor de efeitos fixos, contemplando todos os graus de liberdade disponíveis nas fontes de variação referentes a ambientes e blocos dentro dos ambientes. O método penaliza a instabilidade dos genótipos através dos ambientes e capitaliza a resposta (adaptabilidade) quando o ambiente apresenta melhorias. Dessa forma, para os valores genotípicos preditos obtidos para um dado genótipo, em cada ambiente, simultaneamente, são utilizados os dados de todos os ambientes. Assim sendo, os efeitos aleatórios (genótipos e interação genótipos x ambientes) são preditos com maior precisão, uma vez que todo o conjunto de dados é utilizado, bem como os ruídos da interação são eliminados quando se produzem os BLUP's (Resende, 2007).

2.5 Análise de divergência genética

A escolha de genitores para o desenvolvimento de populações, capazes de propiciar o ganhos de seleção desejados, ou ainda para direcionar cruzamentos dialélicos constitui uma das etapas mais importantes de um programa de melhoramento, em que o melhorista irá necessitar dispor do conhecimento da diversidade genética da população de trabalho, para facilitar a identificação dos genótipos promissores para a definição da estratégia e continuação do programa.

Existem duas maneiras de se inferir sobre a divergência genética. A primeira é quantitativamente, por meio das análises dialélicas, em que é necessário a realização dos cruzamentos entre os genitores para a posterior avaliação dos híbridos resultantes. Embora, amplamente utilizada, tem como desvantagem o grande trabalho envolvido na obtenção e sobretudo, nas avaliações, demandando mais tempo. A segunda maneira é a divergência genética preditiva, que é fundamentada em estatística multivariada baseada em diferenças morfológicas, fisiológicas ou moleculares, quantificadas em medidas de dissimilaridade.

A inferência preditiva leva em consideração a magnitude das variâncias e covariâncias residuais existentes entre os caracteres mensurados, fornecendo coeficientes de distância

genética entre os genótipos, úteis para a predição preliminar de cruzamentos que otimizem a heterose (Rao, 1952, Cruz et al., 2014).

Neste conceito, parte-se da hipótese de que quanto maior a distância genética entre dois genótipos, maiores são as chances de combinações mais promissoras, tornando-se interessante para diminuir o tempo e os cruzamentos desnecessários (Hallauer et al., 2010). Esses estudos auxiliam a identificação de possíveis duplicatas, e fornecem parâmetros para escolha de genitores, que ao serem cruzados, possibilitem maior efeito heterótico na progênie (ou híbrido), isto é, aumentam as chances de obtenção de genótipos superiores para as próximas gerações. Tais estimativas são de grande utilidade nos programas de melhoramento (Cruz et al., 2014).

Na seleção de genitores para a obtenção de novos híbridos, é recomendado que sejam observados sempre um conjunto de caracteres de interesse, ao invés de caracteres individuais. Os genitores também devem ser complementares para o maior número possível de características de importância agrônômica (Simon, 2012). Assim, o estudo de caracteres morfoagronômicos das plantas cultivadas, por meio de técnicas de análise multivariadas, torna-se fundamental para se conhecer a divergência genética do conjunto de germoplasma disponível para fins de utilização (Gonçalves et al., 2014).

A determinação da divergência genética, com o uso da análise multivariada, permite que diversos caracteres avaliados possam ser utilizados simultaneamente, possibilitando unificar as informações, desta forma cada genótipo será representado por um único valor referente às suas características analisadas, tornando-se bastante vantajosa, principalmente se o objetivo é o melhoramento de caracteres quantitativos, (Missio et al., 2007; Moura et al., 1999).

Por meio da análise de divergência, espera-se encontrar alto grau de similaridade dentre os genótipos contidos em um mesmo grupo, e alta dissimilaridade entre os grupos. Dessa forma, deve-se evitar cruzamentos dentro de um mesmo grupo (Cruz et al., 2011).

Diversos autores recomendam a utilização de genótipos parentais com a maior divergência possível para aumentar a probabilidade de ocorrência de segregantes superiores em gerações avançadas e ampliar a base genética (Borém et al., 2017; Cruz et al., 2011; Cruz et al., 2014). Portanto, essas informações devem ser utilizadas para recomendação de cruzamentos e combinação das informações contidas na unidade experimental.

A utilização de técnicas multivariadas para estimar a divergência genética, tem se tornado comum entre os melhoristas de plantas, em diferentes espécies, como é o caso do

melhoramento da soja (Santos et al., 2011; Lopes et al., 2014), milho (Rigon et al., 2015; Silva et al., 2016) e do feijoeiro (Correa e Gonçalves 2012; Sofi et al., 2014).

2.5.1 Medidas de dissimilaridade e métodos para a estimação da divergência genética

Os estudos de diversidade genética podem ser baseados em diversos métodos multivariados como, por exemplo, por variáveis canônicas, métodos de agrupamentos, além dos métodos por inteligência computacional. As análises de agrupamento têm o objetivo de reunir as observações em vários grupos, apresentando homogeneidade dentro do grupo e heterogeneidade entre os grupos formados. As metodologias baseadas nos modelos de agrupamentos dependem, fundamentalmente, de medidas de dissimilaridade estimadas previamente, dentre elas, destacam-se a distância Euclidiana e a generalizada de Mahalanobis, bem como por algoritmos como o de Gower, dentre outras (Cruz et al., 2014).

As medidas de dissimilaridade exercem grande importância em estudos de diversidade, pois visam a seleção de genitores com potencial para técnicas de hibridização. Genitores com menor distância genética ou geneticamente próximos tendem a não apresentar heterose, que é o fenômeno em que a geração F_1 do cruzamento entre dois genitores apresenta diferenças entre a média do híbrido e a média dos pais. Desse modo, as medidas de dissimilaridade realizam a assimilação de genitores que possam apresentar características genéticas que proporcionam, na F_1 , maior heterose por meio dos genes complementares, e que sejam repassados em posteriores gerações (Cruz et al., 2014; Vittorazzi, 2016).

A técnica de Gower permite a análise simultânea de dados quantitativos e qualitativos. Este método permite que valores da matriz de distância fiquem compreendidos entre 0 e 1, sendo necessário a padronização das variáveis quantitativas e qualitativas (Santos, 2010).

A distância Euclidiana é uma distância geométrica (física), ao qual quanto maior o valor observado, mais dissimilares serão os genótipos de estudo. É recomendável a padronização ou normalização das variáveis quando os dados não estão no mesmo padrão de medidas (Statística, 2017).

A distância de Mahalanobis (D^2) é baseada nas correlações, entre os conjuntos de dados dos caracteres analisados por meio da matriz de variâncias e covariâncias residuais,

no qual quanto maior o valor observado, mais similares serão os indivíduos de estudos. Sua escala é invariante, ou seja, não depende da escala de medida. Preferencialmente é empregada em experimentos com repetições (Cruz et al., 2011). Segundo Cruz et al. (2014), a técnica de distância de Mahalanobis permite quantificar a importância relativa de caracteres para a diversidade genética, por meio da avaliação da contribuição destes para os valores de D^2 .

Essas medidas são amplamente utilizadas em análise de agrupamento e outras técnicas de classificação. Dentre as técnicas mais utilizadas, estão as variáveis canônicas e os métodos de agrupamento, destacando os métodos de otimização e os hierárquicos (Cruz et al., 2014).

2.5.2 Técnicas de agrupamento

A análise de agrupamentos (ou análise de cluster), tem por finalidade reunir os indivíduos em grupos, de forma que exista a máxima homogeneidade dentro do grupo e a máxima heterogeneidade entre os grupos. Ao qual permite uma avaliação da similaridade (ou dissimilaridade) entre elementos, levando em consideração várias características concomitantemente (Sartorio, 2008). As técnicas de agrupamentos podem ser divididas em métodos otimização e hierárquico, destacando-se o método de otimização de Tocher e o hierárquico de ligação média não ponderada entre grupos (UPGMA), que são amplamente utilizados (Cruz et al., 2014).

No procedimento de otimização, ocorre à partição do conjunto de indivíduos em subgrupos não vazios e mutuamente exclusivos, permitindo a realocação dos objetos, por meio da maximização ou minimização de alguma medida pre estabelecida, ou seja, objetiva-se alcançar uma partição que otimize alguma medida pré-definida. Citam-se, os métodos de Tocher e Tocher modificado que correspondem aos mais utilizados na análise de divergência genética entre acessos (Cruz et al., 2014).

O método de Tocher requer a obtenção da matriz de dissimilaridade, sobre a qual é identificado o par de indivíduos mais similares. Estes formarão o grupo inicial e a partir daí é avaliada a possibilidade de inclusão de novos indivíduos, adotando-se que a distância média intragrupo deve ser menor que a distância média intergrupo. Sendo que, a entrada de um indivíduo em um grupo sempre aumenta o valor médio da distância dentro do grupo (Rao, 1952; Cruz et al., 2014). Em contrapartida, no Tocher modificado o processo de agrupamento é sequencial e não simultâneo, não existindo influência dos indivíduos já agrupados (Vasconcelos et al., 2007).

Nos métodos hierárquicos, os genótipos são agrupados por um processo que se repete em vários níveis até o estabelecimento de um dendrograma de alto conteúdo informativo. Dentre os métodos que vêm sendo comumente utilizados pode-se destacar a ligação média não ponderada entre grupos (UPGMA) (Cruz et al., 2014).

2.5.2.1 Variáveis canônicas

A técnica multivariada de variáveis canônicas é um processo alternativo para a avaliação do grau de similaridade genética entre genitores, que leva em consideração tanto a matriz de covariância residual quanto a de covariância fenotípica entre os caracteres avaliados. Esta técnica apresenta o princípio do processo de agrupamento com base na distância de Mahalanobis (D^2) (Cruz et al., 2014).

As variáveis canônicas, quando utilizada em estudos de divergência genética, tem como propósito possibilitar a identificação de indivíduos com maior semelhança, em gráficos. A genética é avaliada por meio da dispersão gráfica dos escores relativos aos genótipos estudados em eixos cartesianos, que geram os vetores canônicos, contendo a concentração da variabilidade disponível (Cruz et al., 2011).

A análise baseada em variáveis canônicas foi relatada primeiramente por Rao (1952). Sua utilização permite avaliar a importância relativa dos caracteres e promover o descarte daqueles que tem pouca contribuição na discriminação do material avaliado, reduzindo, assim, mão-de-obra, tempo e custo despendido na análise e interpretação dos dados experimentais; bem como, o propósito de agrupar indivíduos que possuam maior grau de similaridade, por meio de dispersões gráficas bi ou tridimensionais, ou seja, com a representação de dois ou três vetores canônicos. Em geral, para a interpretação satisfatória da variabilidade manifestada entre genótipos, os pesquisadores têm optado pela representação gráfica, quando os dois primeiros vetores canônicos estiverem próximo ou acima de 80% da variabilidade total disponível. Esta técnica baseia-se em informações entre e dentro de genótipos, havendo a necessidade de experimentos, com repetições (Cruz et al., 2014).

Camussi et al. (1985) relataram que as transformações por variáveis canônicas, permitem a otimização da visualização das diferenças existentes entre as populações, reduzindo as dimensões, preservando as informações que caracterizam a maior contribuição para a divergência.

A técnica de variáveis canônicas vem sendo empregada em diversos trabalhos, com milho (Colombo et al., 2014; Prazeres e Coelho, 2016); feijoeiro (Cabral et al., 2011; Correa e Gonçalves, 2012); soja (Santos et al., 2011); dentre outros.

2.5.2 Redes neurais artificiais

Redes neurais artificiais (RNA's) são técnicas computacionais que apresentam um modelo inspirado na estrutura neural do cérebro humano e que adquirem conhecimento por meio de experiência. As redes neurais artificiais possuem como características a tolerância a falhas, adaptabilidade a novas condições, resolução de problemas com base no conhecimento passado e reconhecimento de padrões (Haykin, 2008).

A solução de problemas por meio das redes neurais artificiais é bastante atrativa, já que a forma como estes são apresentados internamente pela rede cria a possibilidade de um desempenho superior ao dos modelos convencionais (Braga et al., 2011).

Uma das vantagens desta técnica está em sua estrutura não linear, que permite captar propriedades mais complexas dos dados (Galvão et al., 1999). Também destaca a sua capacidade de não requerer informação detalhadas sobre os processos físicos do sistema a ser modelado (Sudheer et al., 2003). Como método de classificação, as RNA's apresentam certas vantagens, como a de ser não paramétricas (Kavzoglu e Mather, 2003) e serem tolerantes a perda de dados (Bishop, 1995). Além disso, as RNA's se mostraram eficazes quando se deseja prever algo, reconhecer padrões ou estabelecer agrupamentos (Haykin, 2008).

As redes neurais são compostas por unidades de processamentos simples que calculam determinadas funções matemáticas. Na programação matemática ou otimização, a modelagem é feita pelo uso de relações lineares e/ou não-lineares. A modelagem em uma rede neural artificial é baseada em dados. Não existe a criação de restrições (Benite, 2003).

De forma geral, a estrutura de uma rede neural artificial (RNA) pode ser dividida em três camadas (Figura 1). A primeira delas é a camada de entrada, na qual os valores das variáveis das amostras são informados à RNA. A segunda são as camadas intermediárias, que possuem neurônios capazes de extrair as características associadas ao sistema a ser inferido. A terceira camada também constituída de neurônios é responsável pela obtenção dos resultados, por meio do processamento das amostras realizado pelos neurônios das camadas anteriores (Silva et al., 2010). Assim, baseado nessa divisão, as

arquitecturas de uma RNA apresentam uma estrutura base, porém apresentam particularidades próprias.

Existem diversos tipos de redes neurais e diferentes maneiras de classificá-las. Uma das formas mais importantes de classificação se dá pela forma de aprendizagem dos parâmetros, que pode ser supervisionada ou não supervisionada (Jang et al., 2012).

No aprendizado supervisionado a RNA utiliza um agente externo que assinala acertos e erros de acordo com o padrão de entrada e a resposta desejada (Braga et al., 2011). Desta forma, há então a necessidade de se disponibilizar amostras, com entradas e saídas desejadas, representativas do processo a ser mapeado (Quintão, 2015). Durante este processo, a rede realiza um ajustamento dos pesos sinápticos e os limiares mediante as aplicações de ações comparativas, entre os elementos de processamento, executadas pelo próprio algoritmo de aprendizagem, que realiza o supervisionamento, até que o erro entre os padrões de saída gerados pela rede alcance um valor mínimo aceitável (Braga et al., 2011). Dentre algumas redes com métodos de aprendizado supervisionado, podemos citar, Perceptrons, Adaline e Madaline e a Redes de Função de Base Radial.

No aprendizado não supervisionado não existe um agente externo indicando a resposta desejada para os padrões de entrada. Utiliza-se, portanto, exemplos semelhantes para que a rede calcule as correlações entre eles e responda corretamente (Braga et al., 2011). Desta forma, a própria RNA deve se auto organizar em relação às particularidades existentes entre os elementos do conjunto total de amostras (Quintão, 2015).

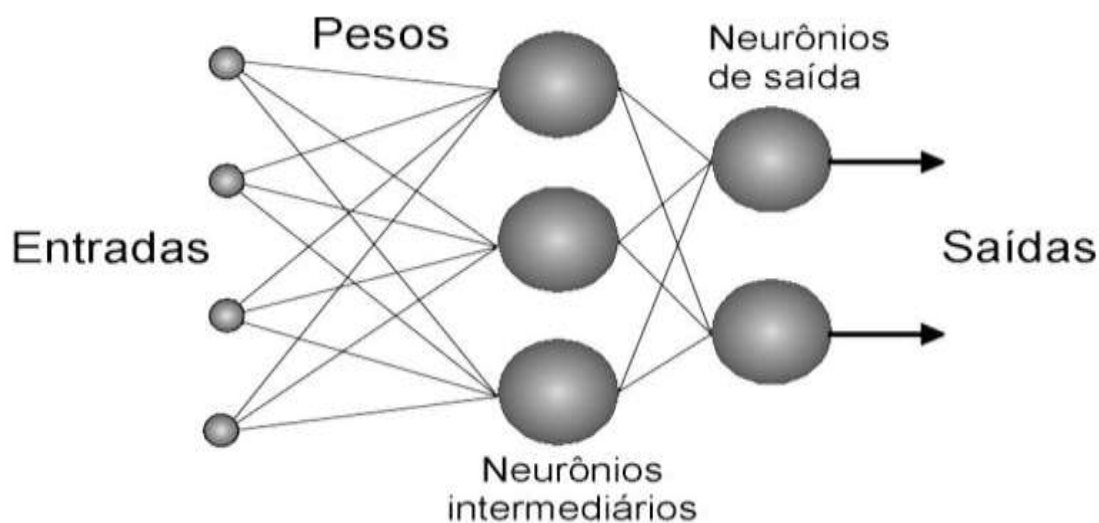


Figura 1. Modelo da estrutura de camadas de uma rede neural artificial. Fonte: ICMC-USP, 2009.

A rede irá analisar os conjuntos de dados apresentados, determinar algumas propriedades dos conjuntos de dados e aprender a refletir estas propriedades na sua saída. A rede utiliza padrões, regularidades e correlações para agrupar os conjuntos de dados em classes. As propriedades que a rede vai aprender sobre os dados podem variar em função do tipo de arquitetura utilizada e da lei de aprendizagem (Braga et al., 2011). Algumas das redes com métodos de aprendizado não supervisionado, são os Mapas auto-organizáveis de Kohonen, Redes de Hopfield e Memória Associativa Bidirecional.

Podemos destacar para uso no melhoramento genético de plantas o modelo introduzido por Kohonen (1982), conhecido como rede de Kohonen, ou Mapas auto-organizáveis de Kohonen (SOM), que é indicado para agrupamento de acessos e reconhecimento de padrões. Possui a vantagem de não exigir do pesquisador a aplicação de um conhecimento prévio (origem e organização) dos materiais em estudo, e pode fornecer subsídios para a atualização ou mesmo formulação de novas teorias acerca do problema (Barbosa, 2011).

O modelo de Kohonen é uma rede de duas camadas que pode organizar os dados de entrada em um mapa topológico a partir de um início aleatório (Figura 2). A rede combina uma camada de entrada com uma camada competitiva de unidades processadoras e é treinada pelo algoritmo de aprendizagem não supervisionado (Haykin, 2008).

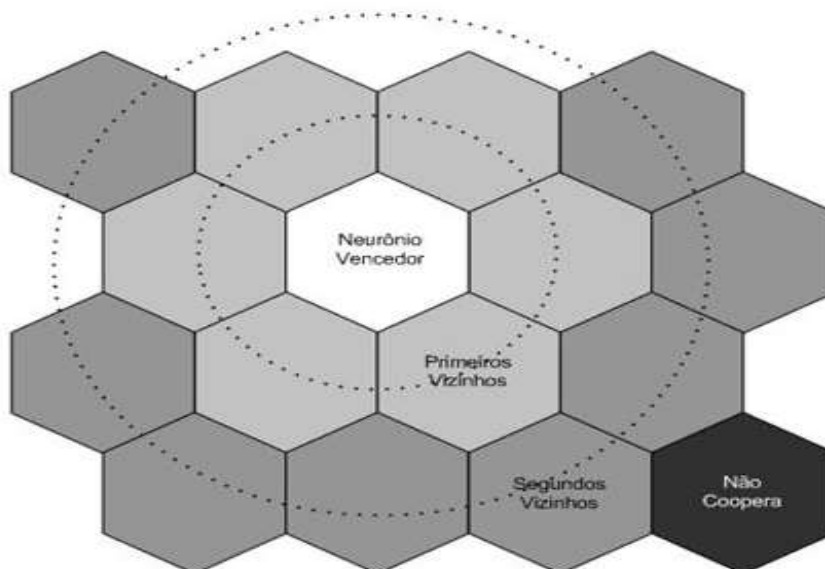


Figura 2. Modelo da estrutura de camadas de um mapa auto-organizável de Kohonen. Fonte: ICMC – USP, 2009.

Os padrões são classificados pelas unidades que eles ativam na camada competitiva, as similaridades entre os padrões são mapeadas em relacionamento de proximidades sobre a grade da camada competitiva. Depois que o treino está completo, os relacionamentos entre os padrões são observados na camada competitiva (Kovacs, 1997).

Com a inicialização do processamento dos dados, tem-se dois procedimentos essenciais envolvidos na implementação do modelo de Kohonen (Haykin, 2008):

a) **Competição:** para cada padrão de entrada, os neurônios da grade calculam seus respectivos valores de uma função discriminante. Essa função discriminante fornece a base para a competição entre os neurônios. O neurônio particular com o maior valor da função discriminante é declarado vencedor da competição.

b) **Adaptação Sináptica:** este mecanismo permite que os neurônios excitados aumentem seus valores individuais da função discriminante, em relação ao padrão de entrada, por meio de ajuste dos seus pesos sinápticos.

O uso das técnicas de redes neurais artificiais na agricultura, tem-se mostrado uma tecnologia promissora, pois possibilitam, por exemplo, a predição de produção das culturas (Kaul et al., 2005; Ji et al., 2007), comportamento de doenças e pragas (Batchelor et al., 1997), retenção de água no solo (Schaap e Bouten, 1996), dentre outros. No melhoramento genético, tem sido empregadas em estudos de predição de valor genético (Silva et al., 2014), análises de adaptabilidade e estabilidade (Barroso et al., 2013) e diversidade genética, destacando-se o modelo de mapas auto-organizáveis de Kohonen, visando agrupamentos e identificações de genótipos (Barbosa et al., 2011).

Dentre os trabalhos realizados no melhoramento vegetal, podemos citar a classificação e diferenciação de bananeira (Oliveira et al., 2013), seleção de genótipos de algodoeiro (Junior, 2017), eficiência da estimativa da área foliar de couve (Azevedo et al., 2017), seleção de caracteres complexos em alfafa (Santos, 2017), classificação de tipologias florestais (Gonçalves, et al., 2016), dentre outros.

2.6 Importância relativa dos caracteres

A importância relativa dos caracteres estimada pelo método de Singh (1981) avalia a importância dos caracteres na determinação dos valores da distância entre pares de acessos. Para identificar a variável de menor importância pelo método de Singh ou das variáveis canônicas, dentre aquelas contidas na análise, realiza-se então novas análises, excluindo-se, passo a passo, dentro do conjunto de variáveis, aquelas de menor

contribuição relativa sobre a divergência, sendo a de menor importância. Considera-se uma variável de passível de descarte quando a sua exclusão não altera o padrão de agrupamento anteriormente obtido (Cruz et al., 2014).

Sendo assim, o estudo da importância relativa de cada caráter, torna-se uma importante contribuição para a seleção, uma vez que indica caracteres que possam ser descartados, diminuindo a quantidade de dados e salientando quais descritores apresentaram maior contribuição dentro do estudo, como exemplo, para a divergência genética.

3. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

ACCIARESI, H. A.; CHIDICHIMO, H. O (1999). Genotype environment interaction in Avena sativa L-employing AMMI and factorial correspondence models. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 34, n. 10, p. 1823-1830.

AZEVEDO, A. M.; JÚNIOR, V. C. A.; JÚNIOR, A. S. S.; SANTOS, A. A.; CRUZ, C. D.; PEREIRA, S. L.; OLIVEIRA, A. J. M (2017). Eficiência da estimação da área foliar de couve por meio de redes neurais artificiais. **Horticultura Brasileira**, Vitoria da Conquista, v. 35, n. 1.

BARBOSA, C. D., VIANA, A. P., SILVA, S., QUINTAL, R., & PEREIRA, M. G (2011). Artificial neural network analysis of genetic diversity in Carica papaya L . **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, Viçosa, 11(3) p. 224–231.

BARBOSA, F. R., GONZAGA, A. C. O (2012). **Informações técnicas para o cultivo do feijoeiro comum na Região Central-Brasileira: 2012-2014**. Embrapa Arroz e Feijão, p.248 (Documento 272).

BARILI, L. D., VALE, N. M. DE, AMARAL, R. DE C., CARNEIRO, J. E. DE S., SILVA, F. F. E, CARNEIRO, P. C. S. (2015) Adaptabilidade e estabilidade e produtividade de grãos em cultivares de feijão preto recomendadas no Brasil nas últimas cinco décadas. **Ciência Rural**, v.45, n.11, p.1980-1986.

BARROSO, L. M. A., NASCIMENTO, M., NASCIMENTO, A. C. C., SILVA, F. F., & FERREIRA, R. DE P (2013) Uso do método de Eberhart e Russell como informação a priori para aplicação de redes neurais artificiais e análise discriminante visando a classificação de genótipos de alfafa quanto à adaptabilidade e estabilidade. **Revista Brasileira de Biometria**, Jaboticabal, 31(2), 176–188.

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

BATCHELOR, W. D., YANG, X. B., & TSCHANZ, A. T. (1997). Development of a neural network for soybean rust epidemics. **Transactions of the ASAE**, 40(1), 247– 252.

BENITE, M. **Aplicação de modelos de redes neurais na elaboração e análise de cenários macroeconômicos (2003)**. Dissertação (Mestrado em Engenharia), São Paulo, Escola de Engenharia de São Carlos – Universidade de São Paulo, p.123.

BERRES, V.A. **Comparação entre métodos de adaptabilidade e estabilidade de genótipos de feijão-comum para cultivo na mesorregião do sudoeste sul-matogrossense (2018)**. 54f. Dissertação (Mestrado em Agronomia) – Universidade Federal da Grande Dourados.

BISHOP, C. M.(1995). **Neural networks for pattern recognition**. Oxford, New York: Oxford University Press, p.482.

BORÉM, A., CARNEIRO, J.E.S. (2015). A cultura. In: CARNEIRO et al. **Feijão: do plantio à colheita**. Viçosa: UFV, p.9-15.

BORÉM, A., MIRANDA, G. V., FRITSCHÉ-NETO, R. (2017) **Melhoramento de Plantas**. 7. ed. Viçosa: UFV.

BRAGA, A. DE P.; CARVALHO, A. C. P.; LUDEMIR, T. B. (2011) **Redes Neurais Artificiais - Teoria e Aplicações**. Rio de Janeiro: LTC, 2ª ed., p. 25.

CABRAL, P. D. S.; SOARES, T. C. B.; LIMA, A. B. de P.; ALVES, D. de S.; NUNES, J. A. (2011). Diversidade genética de acessos de feijão comum por caracteres agronômicos. **Revista Ciência Agronômica**, v.42, p 898 - 905.

CARBONELL, S.A.M.; CHIORATO, A.F.; RESENDE, M.D.V.; DIAS, L.A.S.; BERALDO, A.L.A.; PERINA, E.F. Estabilidade de cultivares e linhagens de feijoeiro em diferentes ambientes no Estado de São Paulo. **Bragantia**, Campinas, v.66, n.2, p.193-201, 2007.

CARBONELL, S. A. M., FILHO, J. A. A., DIAS, L. A. S., GARCÍA, A. F. F., & MORAIS, L. K. (2004). Common bean cultivars and lines interactions with environments. **Scientia Agricola**, v.61, n.2, p. 69–177.

CARNEIRO, P.C.S. **Novas metodologias de análise da adaptabilidade e estabilidade de comportamento**. (1998). 155f. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento) - Universidade Federal de Viçosa.

CCIARESI, H. A., CHIDICHIMO, H.O. (1999). Genotype environment interaction in Avena sativa L-employing AMMI and factorial correspondence models. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 34, n. 10, p. 1823-1830.

COLOMBO, G. A.; VAZ-DE-MELO, A.; TAUBINGER, M.; FARIA, E. A.; TAVARES, R. C. (2014) Fenotipagem de genótipos de milho em condições de estresse por alumínio e sua correlação com produtividade de grãos. **Revista Agrarian**, Dourados, V. 7, p. 60-71.

CONAB - Companhia Nacional de Abastecimento. **Acompanhamento da safra brasileira de grãos | v.9 – safra 2021/22, nº2 – Segundo levantamento**. (2021a). Disponível em: <[E-book BoletimZdeZSafrazZ-Z2oZlevantamento 1.pdf](#)>. Acesso em: 21 nov. 2021.

CONAB – Companhia Nacional de Abastecimento. **Series históricas** (2021b). Disponível em: <<https://www.conab.gov.br/info-agro/safraz/serie-historica-das-safraz?start=20>> . Acesso em: 20 nov. 2021

CORNELIUS, P.L., CROSSA, J., SEYEDSADER, M.S. (1996). Statistical tests and estimators of multiplicative models for genotype-by-environment interaction. In: KANG, M.S., GAUCH, H.G. (Ed). **Genotype-by-environment interaction**. Boca Raton: CRC Press, p.199-234.

CORREA, A. M.; GONÇALVES, M. C. (2012) Divergência genética em genótipos de feijão comum cultivados em Mato Grosso do Sul. **Revista Ceres**, v.59, n.2, p.206-212.

CROSSA, J., CORNELIUS, P.L. (1997) Sites regression and shifted multiplicative model clustering of cultivar trial sites under heterogeneity of error variances. **Crop Science**, v. 37, p. 405-415.

CROSSA, J. (1990). Statistical analysis of multilocation trials. **Advance em Agronomy**, v. 44, p. 55-85.

CRUZ, C.D., CARNEIRO, P.C.S., REGAZZI, A.J. (2014) **Modelos biométricos aplicado ao melhoramento genético**. Viçosa: UFV, 3. ed., v. 2, p. 668.

CRUZ, C.D., FERREIRA, F.M., PESSONI, L.A (2011). **Biometria aplicada ao estudo da diversidade genética**. Visconde do Rio Branco, MG. Suprema, p. 620.

DUARTE, J. B., VENCOVSKY, R. (1999). **Interação genótipos x ambientes: uma introdução à análise “AMMI”**. Ribeirão Preto: Sociedade Brasileira de Genética. p. 60.

EBERHART, S. A., RUSSELL, W. A. (1966) Stability parameters for comparing varieties. **Crop Science**, v. 6, n.1, p. 36-40.

FAOSTAT. Food and Agriculture Organization of the United Nations. **Statistics Division**. (2019). Disponível em: <www.fao.org/3/av015e/av015e.pdf> Acesso em: 05 set. 2021

FERREIRA, D.F., DEMETRIO, C.G.B., MANLY, B.F.J., MACHADO, A.A., VENCOVSKY, R. (2006). Statistical models in agriculture: biometrical methods for evaluating phenotypic stability in plant breeding. **Cerne**, v. 12, p. 373–388.

GALVÃO, C. O., VALENÇA, M. J. S., VIEIRA, V. P. P. B., DINIZ, L. S., LACERDA, E. G. M., CARVALHO, A. C. P. L. F, LUDERMIR, T. B.(1999). **Sistemas inteligentes: Aplicações a recursos hídricos e ciências ambientais**. Porto Alegre: UFRGS/ABRH, p. 246.

GEPTS, P., OSBORN T.C., RASHKA, K., BLISS, F.A. (1986) Phaseolin-protein variability in wild forms and landraces of the common bean (*Phaseolus vulgaris*): evidence for multiple centers of domestication. **Econ Botanic**, v.40, p. 451–468.

GONÇALVES, D. L.; AMBROZIO, V. C.; BARELLI, M. A. A. (2014). Divergência genética de acessos tradicionais de feijoeiros através de características da semente. **Bioscience Journal**, Uberlândia, v. 30, n. 6, p. 1671- 1681.

GONÇALVES, W. G. G.; RIBEIRO, H. M. C.; SÁ, J. A. S.; MORALES, G. P.; FILHO, H. R. F.; ALMEIDA, A. C (2016). Classification of forest types using artificial neural networks and remote sensing data. **Revista Ambiente e Água**, Tabaté, v.11, n.3.

HALLAUER, A. R., CARENA, J. M., FILHO, J. B. M.(2010) **Quantitative genetics in maize breeding**. Iowa: The Iowa State University Press, 663p.

HAYKIN, S. (2008) **Neural Networks and Learning Machines**. 3rd ed. Pearson - Prentice Hall, Hamilton, p. 938.

HENDERSON, C. R. (1974). Best linear unbiased estimation and prediction under a selection 30 model. *Biometrics*, v. 31, p. 423-447.

HOSENEY, R.C., Zeleznak, K., Abdelrahman, A. Mechanism of Popcorn popping. *Jornal of Cereal Science*, London, V. 1, p. 43-52, 1983.

HONGYU, K., GARCIA-PEÑA, M., ARAÚJO, L. B., Dias, C. T. S (2014) . Statistical analysis of yield trials by AMMI analysis of genotype x environment interaction. *Biometrical Letters*, Poznan, v.51, p.89-102.

IBRAFE – Instituto Brasileiro do Feijão e dos Pulses. Preço Nacional do Feijão. (2021). Disponível em: <<https://www.ibrafe.org/boletim-so-feijao/>>. Acesso em: 22 nov. /2021

JANG, J.S. C.T. SUN, AND E. MIZUTANI. (2012) **Neuro-Fuzzy and Soft Computing – A computacional Approach to Learning and Machine Intelligence**. PHI Learning Private Limited, p. 614.

Jl, B., Y. SUN, S. YANG, AND J. WAN (2007). Artificial neural networks for rice yield prediction in mountainous regions. *J. Agricultural Science*, v. 145(03), p.249.

JÚNIOR, E. G. S. **Seleção de genótipos de algodoeiro utilizando redes neurais artificiais** (2017). Trabalho de Conclusão de Curso (Graduação em Agronomia) Universidade Federal de Uberlândia, UFU, Uberlândia, p. 20.

KARIMIZADEH, R., GHOJOGH, T., HOSSEINPOUR, M., ARMION, K., SHAHBAZI, P. (2021). Evaluation of the efficiency of AMMI and BLUP Models and their integration for the identification of high-yielding durum wheat (*Triticum turgidum L. var. Durum*) genotypes adapted to the warm rainfed regions of Iran. *Iranian Journal of Crop Sciences*, v.23, n.1, p.30-48.

KAUL, M., R.L. HILL, AND C. WALTHALL. (2005) Artificial neural networks for corn and soybean yield prediction. *Agricultural Systems*, Essex, V. 85(1), p.1–18.

KAVZOGLU, T, MATHER, P. M. (2003) The use of backpropagation artificial neural networks in land cover classification. *International Journal of Remote Sensing*, v.24 (13): 4907-4938, 2003.

KOHONEN, T. (1983). Self-organized formation of topologically correct feature maps. *Biological Cybernetics*, 43: 59-69.

KOUNDINYA, A.V.V., AJEESH, B.R., HEGDE, V., SHEELA, M.N., MOHAN, C., ASHA, K.I. (2021). Genetic parameters, stability and selection of cassava genotypes between rainy and water stress conditions using AMMI, WAAS, BLUP and MTSL. *Scientia Horticulture*. v.281, p.100-112.

KOVACS, Z. L (1997). **Redes neurais artificiais: fundamentos e aplicações**. São Paulo: Collegium Cognitio, p. 174.

LIN, C. S., BINNS, M. R. A. (1998). superiority measure of cultivar performance for cultivar x location data. *Canadian Journal of Plant Science*, v. 68, p.193-198.

LOPES, L. A.; PELUZIO, J. M.; AFFÉRI, F. S.; CARVALHO, E. V. (2014). Variabilidade genética entre cultivares de soja, quanto ao rendimento de óleo, no estado do Tocantins. **Comunicata Scientiae**, Teresina, v.5 (3), p. 279-285..

MARIOTTI, J.A.; OYARZABAL, E.S.; OSA, J.M.; BULACIO, A.N.R.; ALMADA, G.H (1976). Análisis de estabilidad y adaptabilidad de genotipos de cana de azúcar. I. Interacciones dentro de un localidad experimental. **Revista Agronómica del Noroeste Argentino**, San Miguel de Tucumán, v.13, n.14, p.105-127.

MATTOS, P. H. C., OLIVEIRA, R. A., BESPALHOK, J. C., DAROS, E., VERÍSSIMO, M. A. A. (2013). Evaluation of sugarcane genotypes and production environments in Paraná by GGE biplot and AMMI analysis. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v.13, p. 93-90.

MELO, A. V.; COLOMBO, G. A.; VALE, J. C. V.; SANTANA, W. D.; FERNANDES, M. S. Estratégias de seleção entre progênies meios-irmãos de milho pipoca no cerrado Tocantinense **Brazilian Journal of Applied Technology for Agricultural Science**, Guarapuava-PR, v.10, n.1, p.41-50, 2017.

MINGOTI, A.S. **Análise de dados através de métodos de estatística multivariada**. Belo Horizonte, Editora UFMG, p. 295, 2007.

MIRANDA, G.V.; COIMBRA, R.R.; GODOY, C.L.; SOUZA, L.V.; GUIMARÃES, L.J.M.; MELO, A.V. Potencial de melhoramento e divergência genética de cultivares de milho pipoca. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v.38, n.6, p.681-688, 2003.

MIRANDA FILHO, J.B.; VIÉGAS, G.P. Milho híbrido. IN: PATERNIANI, E.; VIÉGAS, G.P. (Eds). **Melhoramento e produção do milho**. 2. ed. Campinas: Fundação Cargill, v. 1, p.277-326, 1987.

MISSIO, R. F.; MORAES, M. L. T.; DIAS, L. A. S. Efeito do desbaste seletivo sobre a divergência genética em progênies de *Pinus caribaea* Morelet var. bahamensis. **Scientia Forestalis**, São Paulo, v. 73,. p. 27-36. 2007.

MOLL, R. C., COCKERHAM, C. C., STUBER, C. W., WILLIAMS, W. P. (1978) Selection responses, genetic-environments interaction, and heterosis with recurrent selection for yield in maize. **Crop Science**, v.18, p.641-645.

MORENO, G.L, LADINO, C.P. (2021). Grain yield and genotype x environment interaction in bean cultivars with different growth habits, **Plant Production Science**, v.1, p.1-10.

MONTEIRO, P. F. C., FILHO, R. A., MONTEIRO, R. O. C. Efeitos da irrigação e da adubação nitrogenada sobre as variáveis agrônômicas da cultura do feijão. **Irriga**, v.15, n.4, p. 386-400, 2010.

MOTO, E.L.M., GONÇALVES, M.C., DAVIDE, L.M.C., SANTOS, A., CANDIDO, L.S. (2021). Adaptability and stability of maize genotypes in growing regions of central Brazil. **Revista Ceres**, v.68, n.3, p.201-211.

MOURA, W.M.; CASALI, V.W.D.; CRUZ, C.D.; Lima, P.C. (1999). Divergência genética em linhagens de pimentão em relação à eficiência nutricional de fósforo. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v.34, n.2, p.217-224.

NATARAJ V., BHARTIYA, A., SINGH, C.P., DEVI, H.N., DESHMUKH, M.P., VERGHESE, P. (2021) WAASB based stability analysis and simultaneous selection for grain yield and early maturity in Soybean. **Agronomy Journal**, v.113, v.4, p.3089-3099.

ODA, M.C, SEDIYAMA, T., MATSUO, E., NASCIMENTO, M., CRUZ, C.D. (2019) Estabilidade e adaptabilidade de produção de grãos de soja por meio de metodologias tradicionais e redes neurais artificiais. **Scientia Agraria Paranaensis** 18: 117-124.

OLIVEIRA, A.B., DUARTE, J.B., PINHEIRO, J.B. (2003) Emprego da análise AMMI na avaliação da estabilidade produtiva em soja. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.38, p.357-364.

OLIVEIRA, A. C. DE L.; PASQUAL, M.; PIO, L. A. S.; LACERDA, W. S.; SILVA, O. S (2013). Use of mathematical modeling (artificial neural networks) in classification of banana autotetraploid (musa acuminata colla). **Bioscience Journal**, v. 29, n. 3, p. 617-622.

OLIVOTO, T., A.D.C. LÚCIO, J.A.G. DA SILVA, B.G. SARI AND M.I. DIEL, (2019a). Mean performance and stability in multi-environment trials ii: Selection based on multiple traits. **Agronomy Journal**, v.111, n.6, p.2961-2969.

OLIVOTO, T., A.D.C. LÚCIO, J.A.G. DA SILVA, V.S. MARCHIORO, V.Q. DE SOUZA AND E. JOST, (2019b). Mean performance and stability in multi-environment trials i: Combining features of ammi and blup techniques. **Agronomy Journal**, v.111, n.6, p. 2949-2960.

PADOVAN, M. P., LEONEL, L. A. K., CESAR, M. N. Z., OTSUBO, A. A., DE OLIVEIRA, F. L., MARIANI, M. A., & CAVICHIONI, I. (2007). Potencial da cultura do feijoeiro, submetido a manejo orgânico, na região de Dourados-MS. **Revista Brasileira de Agroecologia**, v.2, n.1, v. 2, p. 688-691.

PATTERSON, H. D., THOMPSON, R. Recovery of inter-block information when block sizes are unequal. **Biometrika**, v. 58, p. 545-554, 1971.

ROBERTSON, A. (1959) The sampling variance of the genetic correlation coefficient. **Biometrics**, v.15, p.469-485.

PEREIRA, H. S.; BUENO, L. G.; DEL PELOSO, M. J.; ABREU, A. F. B.; MOREIRA, J. A. A.; MARTINS, M.; WENDLAND, A.; FARIA, L. C.; SOUZA, T. L. P. O.; MELO, L. C (2014). Agronomic performance and stability of andean common bean lines with white grains in Brazil. **Bragantia**, v.73, p.130-137.

PEREIRA, H. S., MELO, L. C., FÁRIA, L. C., DEL PELOSO, M. J., COSTA, J. G. C., RAVA, C. A., WENDLAND, A. (2009) Adaptabilidade e Estabilidade de genótipos de

feijoeiro comum com grãos tipo carioca na Região Central do Brasil. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.1, p.29-37.

PRAZERES, C. S.; COELHO, C. M. M. (2016) Divergência genética e heterose relacionada à qualidade fisiológica em sementes de milho. *Bragantia*, Campinas v.75 n.4, p. 411-417.

QUINTÃO, V. Q. **Rede neural e lógica fuzzy aplicadas no melhoramento do feijoeiro**. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento). Universidade Federal de Viçosa, p.91, 2015

RAMALHO, M.A.P., SANTOS, J.B., ABREU, A.F.B., NUNES, J.A.R (2012) **Aplicações da Genética Quantitativa no Melhoramento de Plantas Autógamas**. Lavras: Editora UFLA. 522p.

RAO, C. R. (1952). **Advanced statistical methods in biometric research**. New York: J. Wiley, p. 390.

RESENDE, M. D. V., DUARTE, J. B. (2007). Precisão e controle de qualidade em experimentos de avaliação de cultivares. **Pesquisa Agropecuária Tropical**, v. 37, p. 182-194, 2007.

RIGON, J. P. G.; CAPUANI, S.; CHERUBIN, M. R.; ROSA, G. M.; WASTOWSKI, A. D.(2012). Dissimilaridade genética de girassol por meio de caracteres quantitativos. *Ciência Rural*, Santa Maria, 42:1954-1959.

RODRÍGUEZ-GONZÁLEZ., R., PONCE-MEDINA, J., RUEDA-PUENTE, E., AVENDAÑO-REYES, L., HERNÁNDEZ, P., SANTILLANO-CAZARES, J., & CRUZ-VILLEGAS, M. (2011). Interacción genotipo-ambiente para la estabilidad de rendimiento en trigo en la región de Mexicali, B.C., México. **Tropical and Subtropical Agroecosystems**, v.14, n.2,p.543–558.

SANTOS, D. B. **Análise multivariada para o agrupamento de genótipos de maracujazeiro com o uso de dados morfológicos, agronômicos e moleculares** (2010). Dissertação (Mestrado em Ciências Agrárias). Universidade Federal do Recôncavo da Bahia. p. 58.

SANTOS, F., MARZA, F. (2020). Selection of forage oat genotypes through GGE Biplot and BLUP. **BioRxiv**, v.1–n.9, p.20-31.

SANTOS, H.P, ALVARES, R.C, SILVA, F.C, FARIA, L.C, LEONARDO, C.M. (2017). Genetic, environmental and genotype x environment interaction effects on the common bean grain yield and commercial quality. **Semina: Ciências agrárias**, v.38, n.3, p.1241-1250.

SANTOS, V. S., MARTINS FILHO, S., ALVES, R. M., RESENDE, M. D. V. AND SILVA, F. F. (2015). Genetic divergence among cupuaçu accessions by multiscale bootstrap resampling. *Bragantia*, Campinas, 74, 169-175.

SARTORIO, S. D. **Aplicações de técnicas de análise multivariada em experimentos agropecuários usando o software R**. Dissertação (Mestrado em estatística e experimentação agrônômica) - Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz - ESALQ, Piracicaba. p.131, 2008.

SCHAAP, M. G., & BOUTEN, W (1996). Modeling water retention curves of sandy soils using neural networks. *Water Resources Research*, 32(10), 3033–3040.

SELLAMI, M.H., PULVENTO, C., LAVINI, A. (2021) Selection of Suitable Genotypes of Lentil (*Lens culinaris Medik.*) under Rainfed Conditions in South Italy Using Multi-Trait Stability Index (MTSI). *Agronomy*, v.11, n.9, p.1807-1812

SHARIFI, P., ERFANI, A., ABBASIAN, A., MOHADDESI, A. (2020) Stability of some of rice genotypes based on WAASB and MTSI indices. *Iranian Journal of genetics and plant breeding*, Vol. 9, No. 2, p. 1-11.

SILVA, D. F. G.; DE JESUS COELHO, C.; ROMANEK, C.; GARDINGO, J. R.; DA SILVA, A. R.; GRACZYKI, B. L.; OLIVEIRA, E. A. T.; MATIELLO, R. R. (2016). Dissimilaridade Genética E Definição De Grupos De Recombinação Em Progênes De Meios-Irmãos De Milho-Verde. *Bragantia*, Campinas, 75 (4): 401-410.

SILVA G. O., E BENIN, G. (2012). Análises Biplot: conceitos, interpretações e aplicações. *Ciência Rural*, 42, 1404-1412.

SILVA, I.N. DA, D.H (2010). Spatti, and R.A. Flauzino. **Redes neurais Artificiais para engenharias e ciências Aplicadas**. 1st ed. São Paulo: Artliber, p.399.

SILVA, O. F., WANDER, A. E. (2013). **O feijão-comum no Brasil: passado, presente e futuro**. Santo Antônio de Goiás: Embrapa Arroz e Feijão, p.63 (Embrapa Arroz e Feijão. Documentos, 287).

SIMON, G. A.; KAMADA, T.; MOITEIRO, M.(2012) Divergência genética em milho de primeira e segunda safra. **Semina: Ciências Agrárias**, Londrina, v. 33, n. 2, p. 449-458.

SOFI, P. A.; ZARGAR, M. Y.; SHEIKH, F.A.; IRAM, S., SHAFI, T. Genetic variability and factor analysis in common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) germplasm collection for yield related traits. **Electronic Journal of Plant Breeding**, Coimbatore, v.5, n.2, p.254-259, 2014.

SOUSA, A.M.C.B., SILVA, V.B., LOPES, A.C.A, FERREIRA-GOMES, R.L., CARVALHO, L.C.B. (2020) Prediction of grain yield, adaptability, and stability in landrace varieties of lima bean (*Phaseolus lunatus* L.) **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v.20, p.101-116.

SOUZA, M.B., SILVA, K.J.D., ROCHA, M.M, JUNIOR, J.A.N.M., LIMA, L.R.L. (2017). Adaptability and yield stability of cowpea elite lines of semi-prostrate growth habit in the Cerrado biome. **Revista Ciência Agrônômica**, v. 48, n. 5, p. 832-839.

STATISTICA. **Cluster Analysis**. Disponível em <<<http://www.statsoft.com/textbook/cluster-analysis/#d>>> Acessado em: 12 out. 2021.

SUDHEER, K. P., GOSAIN, A. K., RAMASASTRI, K. S (2003). Estimating actual evapotranspiration from limited climatic data using neural computing technique. **Journal of Irrigation and Drainage Engineering**, Califórnia, v.129, p. 214-218.

TAMoor, H., ZAHID, A., SHABBIR, G., MANAF, A., AHMED, M. (2021). Identification of drought tolerant Chickpea genotypes through multi trait stability index. **Saudi Journal of Biological Sciences**, v.1, p.1-12.

VASCONCELOS, E. S.; CRUZ, C. D.; BHERING, L. L.; RESENDE JÚNIOR, M. F. R (2007). Método alternativo para análise de agrupamento. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v.42, n.10, p.1421-1428, 2007.

VENCOVSKY, R., BARRIGA, P. (1992). **Genética Biométrica no Fitomelhoramento**, Sociedade Brasileira de Genética, Ribeirão Preto, 496p.

VIANA, J. M. S. et al. (2011). BLUP for genetic evaluation of plants in non-inbred families of annual crops. **Euphytica**, v. 174, p. 31-39.

VITTORAZZI, C (2016). **Grupos heteróticos em germoplasma de milho pipoca**. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Planta) Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro, p. 68.

YAN, W, TINKER, A. (2006). Biplot analysis of multi environment trial data: principles and applications. **Canadian Journal of Plant Science**, v. 86, n. 3, p. 623-645.

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

YAN, W., L.A. HUNT, Q. SHENG AND Z. SZLAVNICS, (2000). Cultivar evaluation and mega-environment investigation based on the GGE biplot. *Crop Science.*, 40: 597-605.

ZANELA, R. MEIRA, DANIELA, ZDZIARSKI, A. D., BRUSAMARELLO, A. P., OLIVEIRA, P.H., BENIN, G. (2019). Performance of common bean genotypes as a function of growing seasons and technological input levels. **Pesquisa Agropecuária Tropical**, vol. 49, pp. 1-10.

CAPITULO I

SILVA, P.C. **Adaptabilidade e estabilidade produtiva de grãos de genótipos de feijoeiro comum na região Centro-sul de Mato Grosso do Sul**, 2022. Tese (Doutorado em Agronomia) - Universidade Federal da Grande Dourados, Dourados-MS.

RESUMO

O Brasil é um dos maiores produtores e consumidores mundiais de feijão. A cultura pode ser cultivada em sistemas e épocas de semeaduras distintas. Sabe-se que diferentes genótipos de feijoeiro tendem a responder de maneira divergente às alterações ambientais. Essas diferenças são atribuídas a interação GxA, que pode ser estudada por meio de testes de adaptabilidade e estabilidade fenotípica, que irão auxiliar na escolha dos melhores genótipos para os ambientes testados. Nesse contexto, esse trabalho tem com o objetivo estimar a adaptabilidade e estabilidade da produtividade de grãos de 20 genótipos de feijoeiro comum em oito ambientes no município de Dourados/MS, utilizando diferentes métodos estatísticos de estimação; e identificar genótipos de feijoeiro comum com bom potencial produtivo e com alta adaptabilidade e estabilidade para cultivo. Foram conduzidos oito experimentos entre os anos de 2015 e 2019 em três épocas de plantio (água, seca e inverno) em área de campo, na fazenda experimental da Universidade Federal da Grande Dourados, em Dourados/MS. Vinte genótipos de feijoeiro comum foram instalados no delineamento em blocos casualizados, com três repetições. Os ambientes consistiram da combinação dos fatores local, ano e época. Foram realizadas as análises estatísticas de adaptabilidade e estabilidade por meio das metodologias de Eberhart e Russell, Lin e Binns modificado por Carneiro (1998), AMMI-biplot, GGE-biplot, WASSB/WAASBY e MHPRVG. Por meio da análise de variância conjunta foi constatada significância da interação genótipos x ambientes para a produtividade de grãos. O método de Eberhart e Russell, apresentou a maior discrepância e a menor similaridade sobre o ordenamento dos genótipos em relação aos demais métodos. Os métodos de Lin e Binns modificada por Carneiro (1998), GGE-biplot e MHPRVG, apresentaram as maiores similaridades nas classificações dos genótipos. O método de WAASBY mostrou uma importante ferramenta de adaptabilidade e estabilidade, combinando alta precisão e facilidade de interpretação dos dados. Os genótipos 1, 2, 4 e 9 apresentaram os melhores parâmetros de adaptabilidade e estabilidade por meio dos métodos utilizados. Os genótipos 2 e 4 se destacaram por reunir adaptabilidade e estabilidade fenotípica aliada a produtividade, sendo recomendados para as condições de cultivo da região de Dourados/MS.

Palavras-Chaves: *Phaseolus vulgaris* L.; interação genótipo x ambiente; método de WAAS; REML/BLUP.

SILVA, P.C., 2022. **Adaptability and stability of grain yield of common bean genotypes in the Center-South region of Mato Grosso do Sul**. Tese (Doutorado em Agronomia) - Universidade Federal da Grande Dourados, Dourados-MS

ABSTRACT

Brazil is one of the world's largest producers and consumers of beans. The crop can be grown in different sowing systems and times. It is known that different bean genotypes tend to respond differently to environmental changes. These differences are attributed to the GxA interaction, which can be studied through adaptability and phenotypic stability tests, which will help in choosing the best genotypes for the tested environments. In this context, this work aimed to estimate the adaptability and stability of grain yield of 20 common bean genotypes in eight environments in the municipality of Dourados/MS and to compare different study methodologies. Eight experiments were carried out between 2015 and 2019 in three planting seasons (water, drought and winter) in a field area, at the experimental farm of the Federal University of Grande Dourados, in Dourados/MS. Twenty common bean genotypes were installed in a randomized block design, with three replications. The environments consisted of the combination of location, year and season factors. Statistical analyzes of adaptability and stability were performed using the methodologies of Eberhart and Russell, Lin and Binns modified by Carneiro (1998), AMMI-biplot, GGE-biplot, WASSB/WAASBY and MHPRVG. By means of the joint analysis of variance, the significance of the interaction genotypes x environments for grain yield was verified. The Eberhart and Russell method presented the greatest discrepancy and the least similarity regarding the ordering of the genotypes in relation to the other methods. The Lin and Binns methods modified by Carneiro (1998), GGE-biplot and MHPRVG, showed the greatest similarities in the classifications of genotypes. The WAASBY method proved to be an important adaptability and stability tool, combining high precision and ease of data interpretation. Genotypes 1, 2, 4 and 9 showed the best adaptability and stability parameters through the methods used. Genotypes 2 and 4 stood out for bringing together adaptability and phenotypic stability combined with productivity, being recommended for cultivation conditions in the region of Dourados/MS.

Keywords: *Phaseolus vulgaris* L; interaction genotypes x environments; WAAS method; REML/BLUP.

1. INTRODUÇÃO

O Brasil é um dos maiores produtores e consumidores mundiais de feijão, com produção média anual de 3,1 milhões de toneladas e produtividade média 1.600 kg ha⁻¹ (Conab, 2021a). No estado de Mato Grosso do Sul, a área cultivada é de cerca de 24 mil hectares, com uma produção total de 44 mil toneladas e produtividade média de 1.388 kg ha⁻¹ (Conab, 2021a).

O feijoeiro comum (*Phaseolus vulgaris* L.) é uma cultura de grande importância econômica e social (Borém & Carneiro, 2015). Podendo ser cultivado em diferentes sistemas de cultivo e épocas de semeadura no Brasil, inclusive nas regiões de Cerrado, condições em que se encontra o MS, podendo ser cultivado em até 3 safras (épocas). A primeira denominada como “safra das águas”, semeadura de julho a outubro e colheita de novembro a janeiro. A segunda, “safra da seca”, semeadura de janeiro a março e colheita de abril a julho. E terceira, “safra de inverno”, com semeadura de abril a julho e colheita de agosto a outubro, realizada principalmente na região sudeste do Brasil (Barbosa & Gonzaga, 2012).

No estado de Mato Grosso do Sul, o cultivo do feijoeiro acontece principalmente na segunda época, tendo obtido na safra 20/21 uma produção de 37.5 mil toneladas de grãos, valor muito maior de cultivo em relação a primeira e terceira época (1,1 mil toneladas para ambas épocas) (Conab, 2021b). Essa diferença de produção das safras no estado, pode estar relacionada ao desempenho, e estabelecimento dos genótipos a campo (Borém & Carneiro, 2015; Ramalho et al., 2012),

Sabe-se que diferentes genótipos tendem a responder de maneira diferenciada às alterações ambientais, sejam elas alterações feitas pelo manejo, como a utilização de diferentes áreas de cultivo, fórmulas e doses de fertilizantes, defensivos e métodos de irrigação, ou inerentes à natureza, como a precipitação, épocas agrícolas ou temperatura. Essa diferença na resposta dos genótipos aos ambientes é dada a interação genótipo x ambiente (GxA).

O estudo da interação GxA é de suma importância para a seleção e recomendação de genótipos, sendo realizado por meio de testes de adaptabilidade e estabilidade fenotípica, que irão auxiliar na escolha das melhores cultivares para os ambientes testados (Ramalho et al., 2012). A adaptabilidade refere-se a capacidade do genótipo responder positivamente as melhorias ambientais, e a estabilidade a capacidade dos genótipos apresentarem comportamento previsível, independente do ambiente em que é cultivado (Mariotti et al., 1976). Deste modo, é de grande importância a identificação de genótipos

que apresentem alta estabilidade fenotípica e também adaptabilidade as condições ambientais favoráveis, como exemplo, clima, adubação, entre outros fatores, além de alta produtividade de grãos.

Diversas metodologias de análise de adaptabilidade e estabilidade são destinadas à avaliação de cultivares de importância econômica para a agricultura em ambientes diversos, estudos estes desenvolvidos, inclusive, com o feijoeiro comum (Melo et al., 2018; Zanela et al., 2019). Dentre as principais metodologias, pode-se destacar: Eberhart e Russell (1966), e Lin e Binns (1988) modificado por Carneiro (1998) de caráter univariado. Evidencia-se também o método multivariado, como exemplo, AMMI-biplot (Zobel et al., 1988); a análise gráfica GGE (Yan et al., 2006); e por modelos mistos via MHPRVG (Resende, 2004). Mais recentemente, tem-se empregado a metodologia WAASB (Olivoto et al., 2019a) derivada da média ponderada de escores absolutos da decomposição de valores singulares da matriz de BLUP.

Nesse sentido, estas análises assumem um importante papel preditivo para o direcionamento de programas de melhoramento do feijoeiro em relação ao processo seletivo de genótipos mais promissores frente aos ambientes de cultivo. Assim pode auxiliar, a indicação de novas cultivares, adaptadas às diferentes condições edafoclimáticas do Brasil, e particularmente para a região Sul do estado de Mato Grosso do Sul.

A rentabilidade da cultura pode variar de acordo com os anos, porém estudos comparando a produção de feijoeiro com a do milho, a cultura mais comum na safrinha (mesmo período da época da seca e de inverno), indicam que o cultivo do feijoeiro (preço saca R\$250,00) pode ser até 3,3 vezes mais rentável que o cultivo do milho safrinha (saca R\$75,00) (Ibrafe, 2021). Desse modo, a maior disponibilidade de cultivares pode propiciar aos produtores rurais locais a possibilidade de agregar valor com a comercialização do produto final gerado, e conseqüentemente contribuir para o aumento da economia estadual.

2. OBJETIVOS

2.1 Objetivo geral

Estimar a adaptabilidade e estabilidade da produtividade de grãos de 20 genótipos de feijoeiro comum em oito ambientes no município de Dourados/MS.

2.2 Objetivos específicos

Comparar a análise de adaptabilidade e estabilidade fenotípica por diferentes metodologias.

Identificar genótipos de feijoeiro comum com bom potencial produtivo e com alta adaptabilidade e estabilidade para cultivo.

3. MATERIAL E MÉTODOS

3.1 Material genético e condições ambientais dos experimentos

Foram utilizados 20 genótipos de feijoeiro comum, sendo 15 linhagens pré-comerciais, e cinco testemunhas. As linhagens pré comerciais são oriundas do cruzamento dos genitores FEIS-L113 e carioca branco, provenientes do banco de germoplasma do programa de melhoramento genético da Universidade Estadual Paulista “Júlio de Mesquita Filho” (UNESP), Campus Ilha Solteira, SP (Tabela 1).

Foram conduzidos oito experimentos, entre os anos de 2015 e 2019, em área da Fazenda Experimental de Ciências Agrárias (FAECA), da Universidade Federal da Grande Dourados (UFGD), localizada no município de Dourados/MS. A FAECA está localizada com as coordenadas de 22°13’15” de latitude Sul, 54°48’21” de longitude Oeste e 430 m de altitude. Sendo o solo do local do tipo latossolo vermelho distroférico (LVdf) (informações sobre os atributos químicos do solo se encontram no anexo 1).

Tabela 1. Relação dos 20 genótipos de feijoeiro comum utilizados no experimento.

	Genótipos	Cultivar
1	1	Linhagem
2	2	Linhagem
3	3	Linhagem
4	4	Linhagem
5	5	Linhagem
6	6	Linhagem
7	7	Linhagem
8	8	Linhagem
9	9	Linhagem
10	10	Linhagem
11	11	Linhagem
12	12	Linhagem
13	13	Linhagem
14	14	Linhagem
15	15	Linhagem
16	IAC Una	Cultivar
17	IAC Imperador	Cultivar
18	IAC Formoso	Cultivar
19	IAC Milênio	Cultivar
20	IAC Alvorada	Cultivar

O clima da região de Dourados, segundo a classificação de Köppen é do tipo Cwa classe climática caracterizada como clima temperado úmido, com verões quentes e invernos secos, temperaturas máximas durante os meses de dezembro e janeiro e as temperaturas mínimas entre maio e agosto (Fietz & Fisch, 2008).

As informações meteorológicas de temperatura média e pluviosidade acumuladas das épocas de condução dos experimentos em campo foram obtidas da estação climatológica da Embrapa Agropecuária Oeste (CPAO) - Dourados/MS, no período de 2015 a 2019 (Tabela 2). Os experimentos de acordo com a disponibilidade da FAECA receberam irrigação durante o ciclo da cultura.

Os ambientes compreenderam a combinação entre anos e épocas. Sendo: 1) 2015 durante a 2ª época do feijoeiro (época da seca) (S2015-2); 2) 2016 na 3ª época do feijoeiro (época inverno) (S2016-3); 3) 2016, na 1ª época de feijoeiro (época das águas) (S2016-1); 4) 2017 na 2ª época (S2017-2); 5), 2018 na 3ª época (S2018-3); 6) 2018 na 1ª época (S2018-1); 7) 2019 na 2ª época (S2019-2); e 8) 2019 na 3ª época (S2019-3) (Tabela 2).

Tabela 2. Caracterizações dos ambientes experimentais e informações meteorológicas referentes aos anos de 2015 á 2019.

Ambiente	Épocas	Ano	Temp. média ¹	Pluviosidade Acumulada ²
S2015-2	2ª época: seca	2015	22,0°C	492mm
S2016-3	3ª época: inverno	2016	20,3°C	179mm
S2016-1	1ª época: águas	2016	25,4°C	434mm
S2017-2	2ª época: seca	2017	21,4°C	368mm
S2018-3	3ª época: inverno	2018	22,8°C	650mm
S2018-1	1ª época: águas	2018	26,2°C	388mm
S2019-2	2ª época: seca	2019	22,4°C	111mm
S2019-3	3ª época: inverno	2019	24,3 °C	124mm

Temperatura média durante o ciclo da cultura; ² Precipitação pluviométrica acumulada durante o ciclo da cultura, nos anos de 2015 a 2019 (CPAO, 2021).

3.2 Condução experimental

O delineamento experimental adotado para os 20 genótipos de feijoeiro comum nos oito experimentos foi o de blocos casualizados, com três repetições. Foram semeadas manualmente 15 sementes por metro, correspondendo a uma população de 300.000 plantas ha⁻¹. Cada parcela foi composta por quatro linhas de 4 metros, com espaçamento de 0,45 metros entre linhas e 0,90 metros entre parcelas, considerando-se como área útil as duas linhas centrais.

O preparo do solo e a abertura de sulcos de plantio foi dado de maneira mecanizada. A adubação foi efetuada manualmente com a fórmula 0-20-20 em dose de 280 kg.ha⁻¹.

Após os plantios, foram realizados os acompanhamentos periódicos das linhagens, verificando o desenvolvimento das plantas, proliferação de pragas e de vegetação espontânea, realizando o controle quando necessário por meio de aplicação de controle químico para as pragas, e capina com enxada entre as linhas para controle da vegetação espontânea.

A colheita dos experimentos, foi realizada a partir dos 90 dias após a emergência, quando as plantas e as vagens estavam completamente secas, sendo debulhadas em uma trilhadeira experimental.

Posteriormente, foi realizada no laboratório de Melhoramento Vegetal da Faculdade de Ciências Biológicas e Ambientais da UFGD a avaliação da produtividade de grãos, em kg ha⁻¹ (PROD), com a pesagem da produção dos grãos de cada parcela em balança semi-analítica.

Para a análise estatística, a produtividade foi corrigida para estande ideal pelo método de covariância e para a umidade uniforme de 13,0%, utilizando-se a metodologia da covariância média proposta por Vencovsky e Barriga (1992) por meio da expressão:

$$PROD = \frac{P(1-U)}{(1-0,13)}$$

Em que,

PROD = produtividade corrigida para a umidade ideal de 13%;

P = produtividade observada;

U = umidade observada.

3.3 Análises estatísticas

Os dados coletados foram compilados e posteriormente submetidos às análises estatísticas. Os procedimentos estatísticos constituíram-se inicialmente da análise de variância individual (ambientes separados) e conjunta dos experimentos nos oito ambientes, para verificar a existência de variabilidade e interação dos genótipos nos diferentes ambientes.

Posteriormente, foram realizadas as análises estatísticas de adaptabilidade e estabilidade por meio das metodologias de Eberhart e Russell, Lin e Binns modificada por Carneiro (1998), AMMI-biplot, GGE-biplot, WASSB/WAASBY e MHPRVG (modelo 54). Os dados foram computados utilizando as funções dos programas computacionais Genes (Cruz, 2016) e Rbio (Bhering, 2017) e Selegen (Resende, 2006), respectivamente.

4. RESULTADOS E DISCUSSÃO

4.1 Análises de variâncias

Por meio da análise de variâncias individuais, foram constatadas diferenças estatísticas significativas ($p < 0,01$ e $< 0,05$) entre as médias dos genótipos para a característica produtividade de grãos em todos os ambientes, exceto para o terceiro (S2016-1) e o oitavo ambiente (S2019-3), em que não constatou-se diferença estatística entre si (Tabela 3). Dessa maneira, a média de produtividade de grãos de $1.456,70 \text{ kg ha}^{-1}$ e $719,38 \text{ kg ha}^{-1}$, representam respectivamente a média dos 20 genótipos para esses ambientes (S2016-1 e S2019-3).

A produtividade média variou entre $1.456,70 \text{ kg ha}^{-1}$ (S2016-1) a $719,38 \text{ kg ha}^{-1}$ (S2019-3), sendo S2016-1 ($1.456,70 \text{ kg ha}^{-1}$) e S2019-2 ($1.320,83 \text{ kg ha}^{-1}$) os mais favoráveis na expressão da produtividade de grãos para os genótipos avaliados (Tabela 3).

Os valores de coeficiente de variação (CV) variaram de 9,33% a 18,44%, indicando uma boa precisão experimental para a característica de produtividade de grãos na cultura do feijoeiro (Lúcio et al., 1999). A precisão foi confirmada pelas estimativas da acurácia seletiva dos oito locais, que em geral, foram boas e de elevada magnitude, com valores entre 0.65 á 0.96, com exceção de S2016-1 (0.45), apontando uma boa precisão experimental na avaliação genotípica de acordo com os limites de classes estabelecidos em Cargnelutti Filho e Storck (2009).

Tabela 3. Resumo das análises de variâncias individuais para produtividade de grãos (kg ha⁻¹), de 20 genótipos de feijoeiro comum avaliados em oito ambientes no município de Dourados/MS, entre os anos de 2015 e 2019.

F.V.	QM (Bloco)	QM (Genótipo)	QM (Resíduo)	Média	CV(%)	A.S
S2015-2	329095.98	261217.56**	41485.88	1081.00	18.84	0.91
S2016-3	73224.52	96985.62**	18630.41	941.50	14.50	0.89
S2016-1	532801.86	68084.56 ^{ns}	53907.71	1456.70	15.94	0.45
S2017-2	108340.17	34888.20**	11768.35	750.56	14.45	0.81
S2018-3	21989.07	11932.57*	5484.07	794.04	9.33	0.73
S2018-1	316103.51	359387.96**	27195.49	1134,55	14.54	0.96
S2019-2	34292.20	142321.88**	35091.93	1320.83	14.18	0.86
S2019-3	70433.83	11731.47 ^{ns}	6621.49	719.38	11.31	0.65
G.L.	2	19	38	-	-	

1: 1ª época: águas; 2: 2ª época: seca; 3: 3ª época: inverno. **, *, ^{ns}: Significativo a 1 e 5% de probabilidade, e não significativo pelo teste F, respectivamente. CV%: coeficiente de variação; A.S: acurácia seletiva.

A relação entre o maior e o menor quadrado médio do resíduo apresentou valor menor que sete (6,39), indicando relativa homogeneidade das variâncias, o que permite a realização da análise conjunta dos locais, conforme critério de Pimentel Gomes (2009).

Pela análise de variância conjunta foram observadas diferenças significativas entre os genótipos e entre os ambientes, bem como efeitos significativos para a interação genótipos x ambientes (GxA) em nível de 1% de probabilidade pelo teste F (Tabela 4). A acurácia seletiva (0.92) e o coeficiente de variação ambiental (14.52%), indicaram uma boa condução experimental em todos os ambientes avaliados.

O efeito significativo dos genótipos indica que existe variabilidade genética, possibilitando a seleção de linhagens promissoras. A significância para o fator “ambientes” relata a heterogeneidade das condições ambientais nas quais foram realizados os experimentos, como exemplo, os volumes pluviométricos acumulados que variaram de 111mm a 650mm, e a temperatura média de 20,3°C a 26.2°C, durante o ciclo do feijoeiro nos diferentes ambientes (Embrapa CPO, 2021), resultando em diferenças climáticas acentuadas.

Tabela 4. Resumo da análise de variância conjunta para produtividade de grãos (kg ha⁻¹) para 20 genótipos de feijoeiro comum avaliados em oito ambientes no município de Dourados/MS, entre 2015 e 2019.

F.V.	G.L.	Quadrados Médios
Blocos/Ambiente	16	111886.43
Blocos	2	215497.15
Blocos x Ambientes	14	97084.90
Genótipos (G)	19	226984.11*
Ambientes (A)	7	2652946.02**
G x A	133	133551.79**
Resíduo	304	19386.45
Média	958.36	-
C.V.(%)	14.52	-
AS	0.92	-

**, *, ns: Significativo a 1 e 5% de probabilidade, e não significativo pelo teste F, respectivamente. CV%: coeficiente de variação. AS: acurácia seletiva.

A produtividade de grãos é uma característica de herança complexa e altamente influenciada por fatores não controláveis no ambiente, a ponto de suas relações resultarem em desempenho genotípico divergente decorrente das interferências ambientais (Barili et al., 2015; Batista et al., 2018)

Nesse contexto, no presente trabalho, foi identificado o efeito significativo da interação GxA, ressaltando a diferença de comportamento dos genótipos de acordo com o ambiente de cultivo. A interação GxA tem sido relatada em diversos estudos com feijoeiro comum (Barili et al., 2015; Pereira et al., 2014; Moreno & Ladino 2021).

Quando se observa interação GxA significativa, indica-se realizar análises complementares de adaptabilidade e estabilidade de produtividade para a identificação de genótipos com previsibilidade de desempenho (Cruz et al., 2014). Essas análises são ferramentas estatísticas que proporcionam um estudo detalhado sobre o desempenho dos genótipos frente às variações ambientais específicas ou amplas, possibilitando uma indicação de cultivares de maneira mais precisa (Domingues et al., 2013).

4.2 Análise das Estimativas de Estabilidade e Adaptabilidade

4.2.1 Método de Eberhart e Russell (1966)

Pelo método de Eberhart e Russell (1966), oito genótipos (1, 2, 4, 9, 10, 11, 13 e 15), apresentaram adaptação específica a ambientes favoráveis ($\beta_1 > 1$), sugerindo que possuem a capacidade de explorar vantajosamente a melhoria do ambiente, podendo assim aumentar suas produtividades médias (Tabela 5). Destaca-se que os oito genótipos

são provindos de linhagens experimentais, demonstrando melhor desempenho em relação as testemunhas (cultivares comerciais).

Tabela 5. Médias gerais (β_0), estimativas dos coeficientes de regressão (β_1), variâncias dos desvios de regressão (S^2d) e coeficientes de determinação (R^2), pela metodologia de Eberhart e Russell, referentes à produtividade de grãos (kg ha^{-1}) para 20 genótipos de feijoeiro comum avaliados em oito ambientes no município de Dourados/MS, entre 2015 e 2019.

Genótipo	Média (β_0)	β_1	S^2d	$R^2(\%)$
1	1184.66	1.28**	67781.30**	52.95
2	1105.92	1.47**	12789.71**	85.15
3	1010.03	1.00 ^{ns}	72517.42**	39.43
4	1079.40	1.25**	43574.95**	61.43
5	941.52	0.97 ^{ns}	22437.59**	62.59
6	821.95	0.87 ^{ns}	8770.32*	71.84
7	902.70	0.95 ^{ns}	8682.29*	75.44
8	1009.84	1.10 ^{ns}	79219.25**	42.07
9	1022.49	1.40**	6088.34 ^{ns}	88.78
10	923.62	1.21**	10795.52*	81.13
11	966.91	1.38**	7272.76 ^{ns}	87.65
12	948.85	0.79**	7236.38 ^{ns}	70.15
13	953.63	1.26**	29805.56**	69.21
14	848.35	0.37**	8720.95*	31.20
15	1022.67	1.36**	66727.77**	56.53
16	854.70	0.45**	-341.72 ^{ns}	62.45
17	1020.40	0.87 ^{ns}	108092.58**	25.27
18	863.68	0.70**	29317.14**	41.41
19	837.16	0.36**	66257.14**	8.41
20	864.83	0.94 ^{ns}	84062.65**	33.44
Média geral	959.16			

** , * , ^{ns}: significativo ($p < 0,01$), significativo ($p < 0,05$) e não significativo, respectivamente.

Os genótipos 12, 14, 16, 18 e 19, demonstraram adaptação específica a ambientes desfavoráveis ($\beta_1 < 1$) (Tabela 5). Sendo, genótipos que não responderam as melhorias do ambiente e, conseqüentemente, ao incremento na produtividade de grãos, podendo ser recomendados para áreas com menores investimentos e de baixo nível tecnológico (Domingues et al., 2013). Sete genótipos no presente trabalho, possuíram adaptação ampla às condições de cultivo ($\beta_1 = 1$), ou seja, os mesmos mantiveram seu desempenho de modo regular conforme as mudanças do ambiente.

Quanto a previsibilidade, os genótipos 9, 11, 12 e 16 apresentaram variância dos desvios de regressão não significativos, indicando estabilidade de comportamento, e que

estes têm baixa variação na sua produtividade média ao longo dos anos e locais, sendo pouco influenciado pelas condições ambientais (Duarte & Vencovsky, 1999) (Tabela 5). Contudo, a estabilidade terá valia para o melhoramento, quando estiver associada a altas produtividades (Ramalho et al., 2012). Observou-se que o modelo de regressão obteve uma baixa explicativa em relação as variações ocorridas nos experimentos, já que apenas 20% dos genótipos apresentaram o coeficiente de determinação (R^2) maior que 80%, indicando alta dispersão dos dados (Cruz et al., 2014).

De acordo com os preceitos do método o genótipo ideal deve apresentar produtividade acima da média geral, coeficiente de regressão igual à unidade (ampla adaptabilidade) e desvio da regressão igual a zero (estabilidade alta) e coeficientes de determinação acima de 80% (Cruz et al., 2014). Contudo, nenhum dos genótipos reuniu todos os atributos necessários que a classifica como cultivar ideal. Desse modo, os genótipos que mais se aproximaram para atender os atributos foram os genótipos 9 e 11, pois apresentaram produtividade ($1.022,49 \text{ kg ha}^{-1}$ e $966,91 \text{ kg ha}^{-1}$) acima da média geral ($959,16 \text{ kg ha}^{-1}$), adaptabilidade a ambientes favoráveis e alta estabilidade fenotípica e coeficiente de determinação acima de 80%.

Resultados obtidos por Domingues et al. (2013) e Pereira et al. (2009) corroboraram com os obtidos no presente trabalho. Ao qual relataram que pelo método de Eberhart e Russell (1966), também não foram identificadas cultivares de feijão com estabilidade produtiva, pois nenhuma cultivar estudada apresentou simultaneamente as premissas de comportamento ideal.

Os genótipos cultivados nos ambientes S2015-2 ($1.084,33 \text{ kg ha}^{-1}$), S2018-1 ($1.134,55 \text{ kg ha}^{-1}$) e S2019-2 ($1.320,83 \text{ kg ha}^{-1}$), alcançaram produtividade de grãos superior à média geral ($959,16 \text{ kg ha}^{-1}$). Dessa maneira, esses ambientes podem ser classificados como favoráveis ao desenvolvimento dos genótipos avaliados, em que as condições ambientais propiciaram a expressão dos genes, resultando em bom desempenho produtivo, fato confirmado pelos índices ambientais positivos (Tabela 6).

Os ambientes S2016-3, S2016-1, S2017-2, S2018-3 e S2019-3, foram classificados como desfavoráveis, pois os genótipos apresentaram médias inferiores à média geral e índice ambiental negativo. Fator que pode ser atribuído a possíveis variações ambientais, como as oscilações na precipitação, em termos de quantidade e distribuição, e outros fatores abióticos como temperatura desfavoráveis ao desenvolvimento das plantas, ocorrência de pragas, entre outros fatores.

Tabela 6. Médias gerais e índices ambientais, pelo método de Eberhart e Russell, referentes à produtividade de grãos (kg ha^{-1}) para 20 genótipos de feijoeiro comum avaliados em oito ambientes no município de Dourados/MS, entre 2015 e 2019.

Ambiente	Média (kg ha^{-1})	Índice Ambiental
S2015-2	1084.33	125.17
S2016-3	941.50	-17.67
S2016-1	928.15	-31.01
S2017-2	750.56	-208.61
S2018-3	794.04	-165.13
S2018-1	1134.55	175.39
S2019-2	1320.83	361.66
S2019-3	719.38	-239.79
Média geral	959.16	

1: 1ª época: águas; 2: 2ª época: seca; 3: 3ª época: inverno.

4.2.2 Método de Lin e Binns (1988) modificado por Carneiro (1998)

Por meio do método de Lin e Binns (1988) modificado por Carneiro (1998), foram obtidos os valores do parâmetro Pi das diferentes safras e seu desdobramento para ambientes favoráveis e desfavoráveis. Neste método o genótipo mais estável apresenta o menor desvio em relação à produtividade máxima de cada ambiente, ou seja, menor valor de Pi, indicando desempenho próximo ao máximo maioria na maioria das safras.

Para ambiente geral, os genótipos 1, 2, 4, 9, e 3 (ordenados do menor valor de Pi ao maior valor) foram identificados com as maiores estabilidades de produção, junto a uma média de produtividade maior que a média geral (Tabela 7), indicando que os mesmos mantêm seu desempenho mesmo diante de mudanças do ambiente (Melo et al., 2018).

Para ambientes favoráveis, o genótipo 2, foi o mais estável/adaptado, seguido pelo 1, 9, 10 e 15, apresentando os menores valores de Pi. Contudo, os genótipos 9, 10 e 15 apresentaram altos valores de Pi para os ambientes desfavoráveis, podendo gerar uma problemática de comportamento do genótipo conforme os fatores ambientais não previsíveis.

Tabela 7. Estimativas dos parâmetros Pi gerais, favoráveis, desfavoráveis, para o método Lin e Binns (1988) com decomposição, referentes à produtividade de grãos (kg ha⁻¹) de 20 genótipos de feijoeiro comuns avaliados em oito ambientes no município de Dourados/MS, entre 2015 e 2019.

Genótipos	Média	Pi (Geral)	Pif (favorável)	Pid (desfavorável)
1	1184.67	33274.15	48032.01	24419.43
2	1105.92	46912.31	30768.34	56598.70
3	1010.03	94833.37	153834.75	59432.54
4	1079.40	68064.20	128814.27	31614.16
5	941.53	144603.03	209412.71	105717.22
6	821.95	197017.46	268661.03	154031.31
7	902.70	137525.21	144006.55	133636.40
8	1009.85	111552.17	133572.70	98339.85
9	1022.49	84694.05	57885.77	100779.02
10	923.62	130781.38	100195.79	149132.73
11	966.92	121943.35	133850.45	114799.09
12	948.85	119134.07	148942.84	101248.81
13	953.63	134112.53	149627.50	124803.54
14	848.36	187062.42	334181.16	98791.17
15	1022.67	121146.38	121739.46	120790.53
16	854.70	175400.84	287782.42	107971.89
17	1020.40	114500.46	158269.31	88239.16
18	863.68	188536.06	284063.90	131219.35
19	837.17	215042.06	329535.78	146345.83
20	864.83	200837.38	273586.17	157188.11
Média	959.16			

De acordo com Lin e Binns (1988), conceitualmente, o efeito do ambiente sobre o genótipo depende de dois elementos principais: solo e clima. O solo é persistente de ano para ano e pode ser considerado como elemento fixo. Contudo, o clima mostra-se mais complexo, uma vez que este é constituído por uma parte persistente (zona climática) e outra parte imprevisível, representada por variações do tempo de ano para ano, como exemplo, estresse hídricos e oscilações de temperaturas.

Para ambientes desfavoráveis, destacaram-se os genótipos 1, 4, 2, 3 e 17. O cultivo dos genótipos 3, 4 e 17, é recomendado apenas para ambientes desfavoráveis, pois os mesmos apresentaram altos valores de Pi em ambientes favoráveis, fazendo que não ocorra a expressão de ganhos significativos. Melo et al. (2018), destacam que embora o rendimento de grãos dos genótipos não supere a média geral, estes apresentam potencial para ambientes de baixa tecnologia, o que se mostra interessante para produtores de baixo a médio investimento.

Oda et al. (2019) e Sousa et al. (2020) em seus trabalhos ressaltaram que os genótipos identificados como mais estáveis e adaptados, geralmente estarão entre os mais produtivos de acordo com a metodologia de Lin e Binns (1988). Desse modo, os genótipos 1 e 2 se destacaram pelos maiores valores médios de produtividade de grãos, baixos valores de Pi geral, e ambientais favoráveis e desfavoráveis, sendo considerados genótipos de ampla adaptação e alta estabilidade, podendo ser recomendado para diversas condições de cultivo e investimentos.

Os genótipos 6, 18, 19 e 20 apresentaram as menores produtividades, maiores valores Pi geral, favorável e desfavorável, entre os demais genótipos, sendo o 18,19 e 20 cultivares comerciais. Neste sentido, pode-se inferir que esses genótipos foram instáveis e naturalmente pouco produtivos nos ambientes avaliados.

O método de Lin e Binns (1988), modificado por Carneiro (1998), é amplamente empregado na cultura do feijoeiro em análises de adaptabilidade e estabilidade devido a sua simplicidade, praticidade e facilidade de interpretação (Melo et al., 2018; Pereira et al., 2009). Mostra-se eficiente para a seleção de linhagens de feijão com alta produtividade de grãos, adaptadas a ambientes específicos e com alta estabilidade fenotípica (Domingues, et al., 2013; Sousa et al., 2017; Sousa et al., 2020).

4.2.3 Método AMMI-biplot

Utilizando o método multivariado AMMI, a interação genótipo x ambiente foi decomposta em sete componentes principais da interação (IPCA). Contudo, verificou-se que apenas os três primeiros componentes principais foram significativos pelo teste F de Gollob (1968) em nível de 0,01 e 0,05, juntos explicaram 82.10% da soma dos quadrados da interação entre os genótipos e ambiente (Tabela 8). Melo et al. (2018) estudando a interação GxA com 15 genótipos de feijão, também verificaram significância apenas nos três primeiros componentes principais, corroborando com o presente trabalho. Em relação ao nível de significância, a utilização de 1% ao invés de 5%, reduz-se a probabilidade de ocorrer o erro tipo I, isto é, de aceitar o modelo AMMI com maior número de eixos (Pereira et al., 2014).

Tabela 8. Resultado do teste de Gollob (1968) da análise AMMI para a variável produtividade de grãos (kg ha^{-1}), para 20 genótipos de feijoeiro comum avaliados em oito ambientes no município de Dourados/MS, entre 2015 e 2019.

F.V	G.L	S.Q	Q.M	Variância (%)	F _c
G	19	1469378.32	77335.70	-	1.75*
A	7	6135606.42	876515.20	-	19.79**
G x A	133	5891173.44	44294.54	-	1.84**
IPCA1	25	2881578.36	115263.14	48.90	4.78**
IPCA2	23	1137427.92	49453.39	68.20	2.05**
IPCA3	21	820503.90	39071.61	82.10	1.62*
IPCA4	19	660828.34	34780.44	93.30	1.44 ^{ns}
IPCA5	17	260199.81	15305.87	97.70	0.63 ^{ns}
IPCA6	15	85046.20	5669.75	99.20	0.24 ^{ns}
IPCA7	13	45588.91	3506.84	100	0.15 ^{ns}
Erro médio	252	6078195	24119.82	-	-

O primeiro e segundo eixos (IPCA1 e IPCA2) apresentaram significância de 1% ($p < 0,01$), e explicaram 68,20% da SQGxA total, sendo suficientes para avaliar estabilidade e adaptabilidade dos genótipos e o efeito da interação utilizando o biplot AMMI (Silva et al., 2021). No presente estudo, foram utilizados dois gráficos, biplots (AMMI1 e AMMI2), para analisar a dispersão da variação dos genótipos, ambientes e da interação GxA.

Os genótipos que menos contribuíram para a interação GxA e apresentaram produtividade acima da média ($966,16 \text{ kg ha}^{-1}$) foram 2, 4, 9, e 11, sendo dessa maneira os mais estáveis por estarem mais perto da linha horizontal de referência (produtivos e estáveis) (Figura 1). O genótipo 2 se destacou apresentando a maior produtividade ($1.105,92 \text{ kg ha}^{-1}$) e estabilidade do grupo produtivos e estáveis, sendo o mais recomendado. Os ambientes mais favoráveis para a produtividade dos genótipos foram 7 e 6. Os ambientes menos favoráveis foram 1 e 2. A identificação de genótipos estáveis e instáveis, e ambientes favoráveis e desfavoráveis, utilizando o AMMI-biplot foi relatada por diversos autores em trabalhos com a cultura do feijoeiro, como por exemplo, Abel (2017), Bassa et al. (2019), e Ashango et al. (2016), mostrando-se um método de confiabilidade para o auxílio dos estudos da interação GxA.

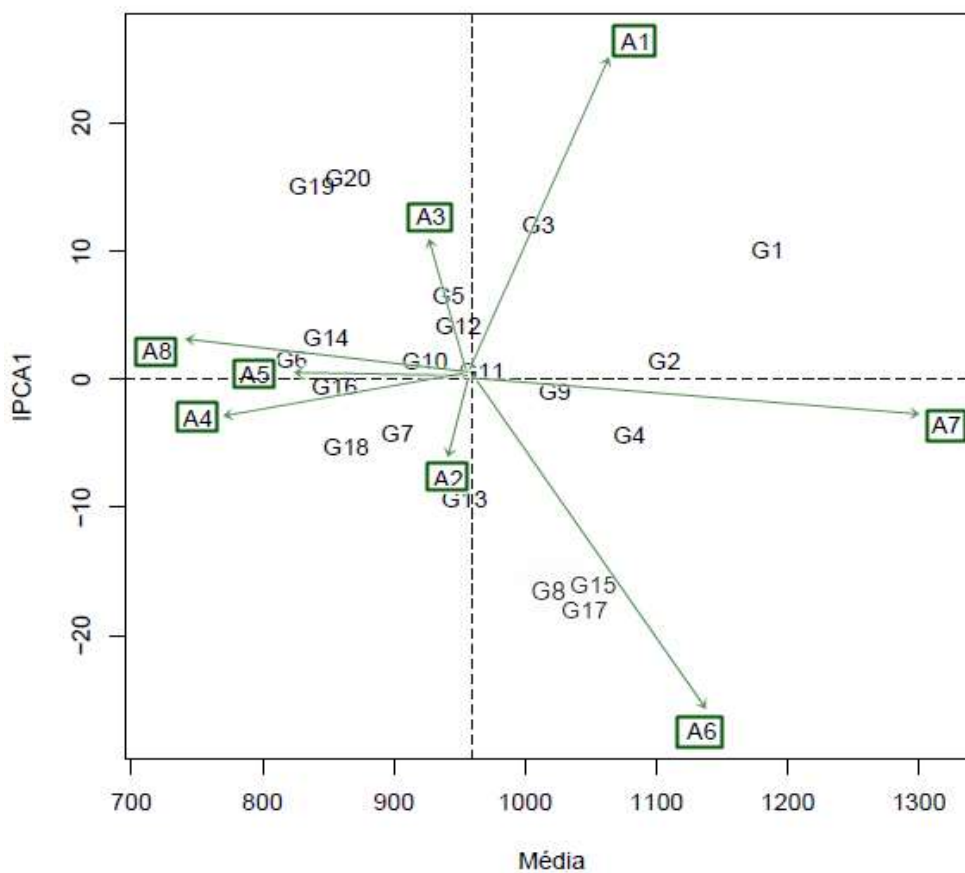


Figura 1. Biplot AMMI1 (IPCA1, 48,90%) para variável produtividade de grãos (kg ha^{-1}) de 20 genótipos (G) de feijoeiro comum avaliados em oito ambientes (A) no município de Dourados/MS, entre 2015 e 2019. A1: S2015-2; A2: S2016-3; A3: S2016-1; A4: S2017-2; A5: S2018-3; A6: S2018-1; A7: S2019-2; A8: S2019-3. (1: 1ª época: águas; 2: 2ª época: seca; 3: 3ª época: inverno).

O biplot AMMI2 representa os dois primeiros IPCAs oriundos da decomposição por valor singular da matriz dos efeitos da interação e é utilizado para realizar inferências quanto aos padrões da interação genótipo x ambiente (Olivoto & Sari, 2018) Portanto, o AMMI2 permite explorar a adaptabilidade específica dos genótipos de feijão (Zelege & Berhanu, 2016). Para o biplot AMMI2 (IPCA1 vs. IPCA2) (Figura 2), a interpretação da adaptabilidade dos genótipos em cada ambiente de cultivo foi realizada tomando como base os sinais dos escores para genótipos e ambientes. Assim, quando estão afastados da origem e próximos entre si, com escores de mesmo sinal, mostram interação positiva, o que evidencia adaptabilidade específica e indica em qual época os genótipos devem ser preferencialmente cultivados (Duarte & Vencovsky, 1999).

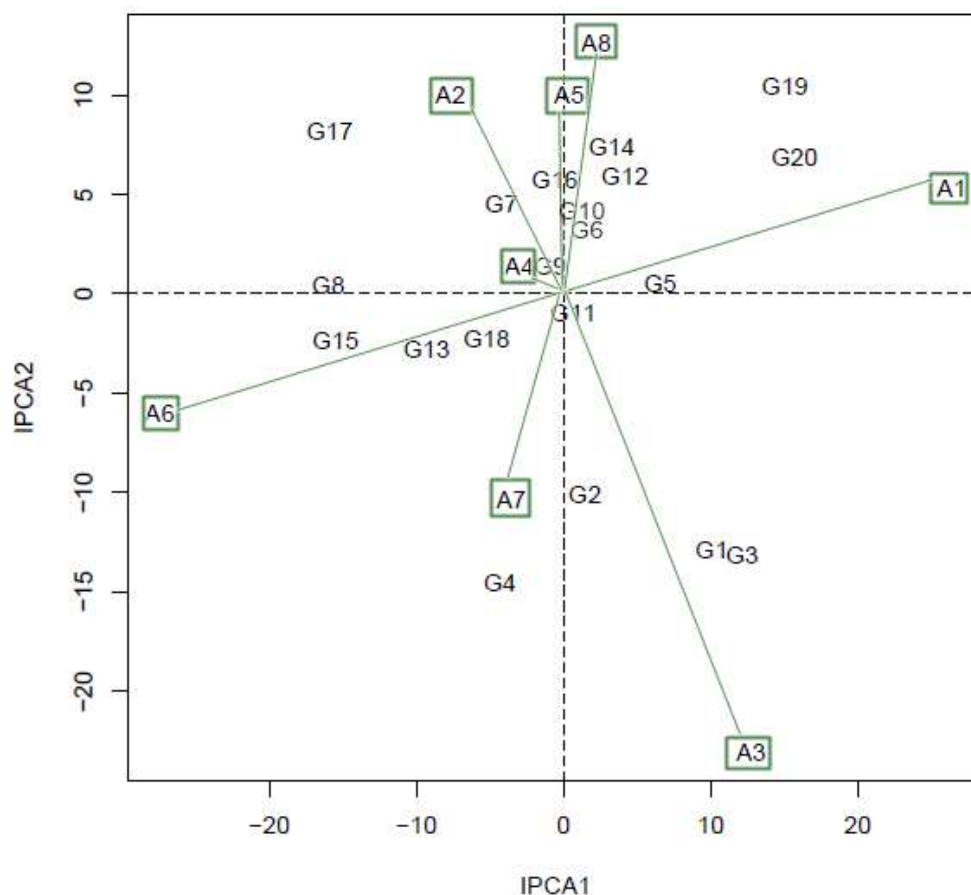


Figura 2. Biplot da AMMI2 (IPCA1 vs IPCA2) para variável produtividade de grãos (kg ha^{-1}) de 20 genótipos (G) de feijoeiro comum avaliados em oito ambientes (A) no município de Dourados/MS, entre 2015 e 2019. A1: S2015-2; A2: S2016-3; A3: DS2016-1; A4: S2017-2; A5: S2018-3; A6: S2018-1; A7: S2019-2; A8: S2019-3. (1: 1ª época: águas; 2: 2ª época: seca; 3: 3ª época: inverno).

Por meio do AMMI2, os genótipos mais estáveis foram 9, 11, 5 e 6, tendo o comportamento previsível de acordo com variações ambientais (Figura 2). O 9 se destacou apresentando a maior produtividade ($1.022,49 \text{ kg ha}^{-1}$) acima da média ($959,16 \text{ kg ha}^{-1}$), sendo o mais estável e produtivo. Os genótipos 5 e 6, apesar da alta estabilidade, as produtividades ficaram abaixo da média, podendo não apresentar respostas positivas as melhorias do ambiente. Entre os ambientes o A4 e A5 foram os mais estáveis para a produtividade dos genótipos.

A estabilidade de um dado genótipo determina, também, a confiabilidade nos parâmetros estimados de adaptabilidade (Keba, 2018; Moreno et al., 2021). O 9 apresentou alta adaptabilidade positiva ao ambiente A4. Os Genótipos 7, 16 e 17, demonstraram interação específica positiva com os ambientes A2 e A5. O genótipo 1 e 3 com o A3. Os genótipos 16, 10, 12 e 14, evidenciaram interação com os ambientes A5 e A8. Observa-se ausência de adaptação dos genótipos 19 e 20 com os ambientes A6 e A7 em ambos os biplots (marcadores apontando em direções opostas).

4.2.4 Método GGE-biplot

Para a método GGE-biplot, foram utilizados os dois primeiros componentes principais (PC1 e PC2), derivados da decomposição dos valores singulares dos efeitos de genótipos (G) + interação (GxA). Estes, explicaram 72% da variação total para a produtividade de grãos, indicando elevado nível de confiança dos resultados obtidos por esse método (Yan & Tinker, 2006). A porcentagem obtida neste trabalho está dentro do intervalo (58,74% - 85,10%) apresentado por outros autores avaliando genótipos de feijão (Bassa et al., 2019; Iqbal et al. 2021).

O primeiro componente principal (PC1) (41.47%), indica a adaptabilidade dos genótipos, que é diretamente correlacionada com a produtividade, o segundo componente principal (PC2) (30.58%), está relacionado com a estabilidade fenotípica, em que os genótipos mais próximos de zero seriam os mais estáveis (Yan, 2011; Zelek & Berhanu, 2016).

Por meio do GGE biplot, pode-se realizar a estratificação dos ambientes com base nos genótipos superiores. No GGE Biplot “which-won-where” (quem vence onde), os vetores (linhas vermelhas) que partem do centro do biplot, delimitam o gráfico em setores. O gráfico também permite agrupar os ambientes avaliados em mega-ambientes, que representa o conjunto entre os ambientes mais semelhantes entre si (Yan, 2011). Nos vértices do polígono ficam localizados os genótipos mais distantes da origem do biplot, esses são classificados como mais responsivos aos estímulos do ambiente, podendo apresentar baixo ou alto desempenho em um ou mais ambientes. Os genótipos alocados no interior do polígono possuem menor responsividade.

Observa-se que os vértices do polígono foram delimitados pelos genótipos 1, 20, 19, 6, 17 e 15 (Figura 3). Os genótipos 1, 17 e 15 apresentaram bom desempenho produtivo, consequentemente as maiores médias. Em contrapartida, os genótipos, 20, 19 e 6 apresentaram baixo desempenho, com as menores médias de produtividade.

O agrupamento dos ambientes alocados em uma mesma região do polígono respectivamente, configuram a formação de mega-ambientes. A análise do gráfico indicou a existência de dois mega-ambientes: I) A5, A2, A4, A6 e A7. II) A1 e A3 (Figura 3). Segundo Yan & Tinker (2006), um mega-ambiente pode ser definido como um grupo de ambientes ou sub-regiões correlacionadas positivamente, em que um genótipo ou um grupo de genótipos são especificamente adaptados e atingem melhor desempenho.

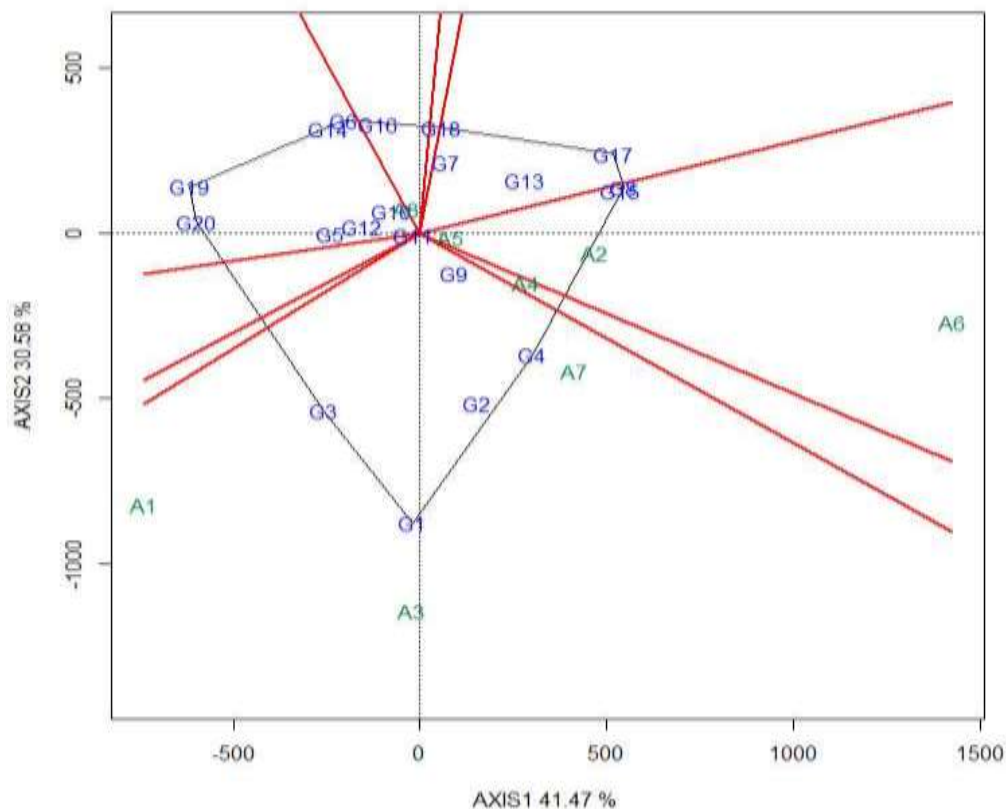


Figura 3. GGE-biplot “which-won-where” para a variável produtividade de grãos (kg ha^{-1}) de 20 genótipos de feijão comum avaliados em oito ambientes no município de Dourados/MS, entre 2015 e 2019. Ambientes: A1:S2015-2; A2:S2016-3; A3:S2016-1; A4:S2017-2; A5:S2018-3; A6:S2018-1; A7:S2019-2; A8:S2019-3. (1: 1ª época: águas; 2: 2ª época: seca; 3: 3ª época: inverno).

O ambiente A8 demonstrou ser o mais divergente em relação aos demais, ficando localizado de forma isolado no quadrante 1 do biplot. O A8 apresentou a menor média de produtividade ($719.38 \text{ kg ha}^{-1}$) e foi classificado como desfavorável pelo método de Eberhart e Russell neste trabalho, desse modo, os genótipos (20, 19, 5, 12, 16, 14, 6 e 10) alocados nesse ambiente foram os que apresentaram as menores médias de produtividade. Os experimentos foram conduzidos sobre sistema de irrigação, contudo no período que compreendeu esta safra (A8:S2019-3) a fazenda experimental (local de implantação do experimento) estava passando por manutenção e o sistema de irrigação ficou prejudicado durante o início do ciclo. A precipitação acumulada durante os 30 primeiros dias após o plantio (24/07/2019 a 24/08/2019), foi de apenas 9.2mm (Embrapa, 2021).

Em um contexto geral, para o bom desenvolvimento das plantas, a disponibilidade de água é um fator de suma importância. Estudos realizados por Francisco et al. (2016) e Viçosi et al. 2017, relataram a sensibilidade do feijão ao estresse hídrico, principalmente em virtude da baixa capacidade de recuperação após a deficiência hídrica e sistema radicular pouco desenvolvido.

O genótipo 1 se destacou sendo alocado no vértice do polígono do mega ambiente II, apresentando a maior média de produtividade dentre todos os genótipos avaliados, onde três (A1, A3 e A7) dos oito ambientes foram agrupados no setor 7 (Figura 3), sendo considerado o genótipo mais adaptado para esses ambientes. No setor 7, foram alocados os genótipos 1, 3, 2, 4 e 9 com as maiores médias de produtividade e alta responsividade, com exceção do 9.

Os genótipos 19 e 20 deram origem a vértices, contudo nenhum ambiente foi contido em seus setores, demonstrando desempenho adverso em todos os ambientes, ou seja, não demonstraram adaptação específica nos ambientes avaliados neste trabalho. Segundo Karimizadeh et al. (2013) quando genótipos dão origem a vértices do polígono, mas não contêm nenhum ambiente agrupado, são considerados desfavoráveis aos grupos de ambientes testados, tendo baixa produtividade.

O gráfico GGE Biplot “média x estabilidade” (Figura 4), é definido pela média das duas primeiras interações do componente principal de todos os ambientes de teste e, consiste em uma ferramenta eficiente para a avaliação de genótipos de feijão em relação aos aspectos de produtividade e estabilidade (Tolessa & Gela, 2014; Yan et al., 2007). A linha verde contínua com uma única seta, é denominada “eixo do ambiente-médio” (EAM), de modo que a seta aponta para os genótipos que apresentaram maior desempenho médio produtivo. A segunda linha verde contínua, é perpendicular ao EAM, e aponta para uma maior variabilidade (menor estabilidade) em qualquer direção, de modo que, quanto maior o comprimento da linha verde pontilhada, mais instável é o genótipo (Yan & Tinker, 2006). Além disso, ela permite a separação dos genótipos que estão abaixo ou acima da média (Yan, 2011).

Em relação a produtividade de grãos, os genótipos com valores superiores à média foram, em ordem decrescente, 1, 2, 4, 3, 15, 8, 9, 17 e 13 (Figura 4). Em contrapartida, 11, 10, 12, 5, 7, 18, 16, 20, 6, 14 e 19, foram os menos produtivos, com desempenho inferior à média. Destaca-se 1 e 19 como sendo o de melhor e pior rendimento, respectivamente, em relação aos vinte genótipos de feijão em estudo.

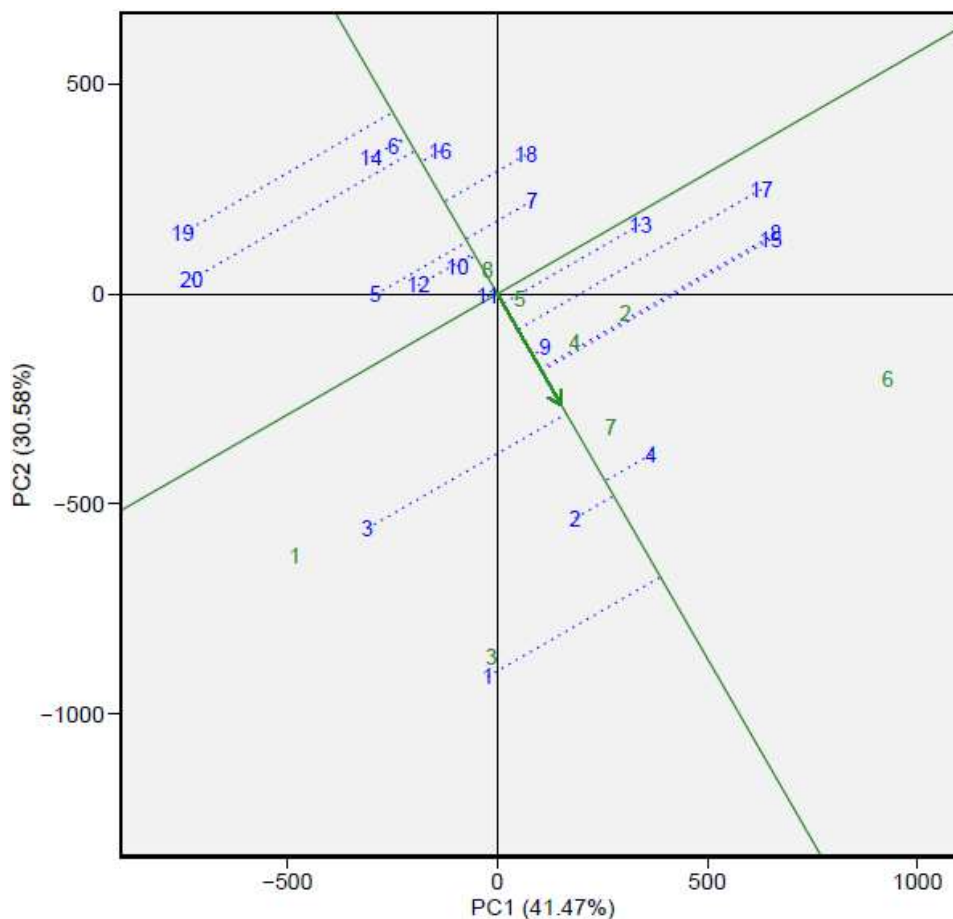


Figura 4. GGE-biplot média x estabilidade, para a variável produtividade de grãos (kg ha^{-1}) de 20 genótipos de feijoeiro comum avaliados em oito ambientes no município de Dourados/MS, entre 2015 e 2019. Ambientes: 1:S2015-2; 2:S2016-3; 3:S2016-1; 4:S2017-2; 5:S2018-3; 6:S2018-1; 7:S2019-2; 8:S2019-3. (1: 1ª época: águas; 2: 2ª época: seca; 3: 3ª época: inverno).

Com relação a estabilidade dos genótipos 11, 9, 10, 6 e 16 foram os mais estáveis, respectivamente. Em contrapartida o genótipo 17 foi o mais instável, seguido do 20, 19, 3, 15 e 8 (Figura 4). De acordo com Yan e Tinker (2006), o genótipo que detém um melhor desempenho em termos de produtividade não é necessariamente o mais estável. No presente estudo isto pode ser observado no genótipo 1, que apesar de ter obtido a maior produtividade média de grãos, apresentou estabilidade relativamente baixa.

Fato corroborado por Sousa (2018) e Santos et al., (2019), que ao estudar a adaptabilidade e estabilidade de feijoeiro, observaram que o genótipo de maior produtividade também apresentou baixa estabilidade, indicando que seu desempenho produtivo poderá variar de acordo com as condições do ambiente. Ao considerar de maneira simultânea a produtividade e a estabilidade, os genótipos 9, 2 e 4, apresentaram-se como os mais estáveis e produtivos entre os genótipos avaliados.

De acordo com Yan (2011), o genótipo ideal deve apresentar tanto alta performance produtiva quanto alta estabilidade fenotípica (Figura 5). Isso é representado no biplot pela seta no sentido positivo presente no centro dos círculos concêntricos. Desse modo, os genótipos posicionados próximos ao centro dos círculos concêntricos são os mais desejáveis (Zanela et al., 2019).

Os genótipos 4 e 2 foram os que mais se aproximaram do genótipo de feijoeiro ideal, em termos de alta produtividade de grãos e alta estabilidade fenotípica, neste conjunto de dados (Figura 5). Observa-se também que os genótipos 19, 20, 14 e 6, mostraram-se com o pior desempenho e se colocam como os mais distantes do genótipo ideal.

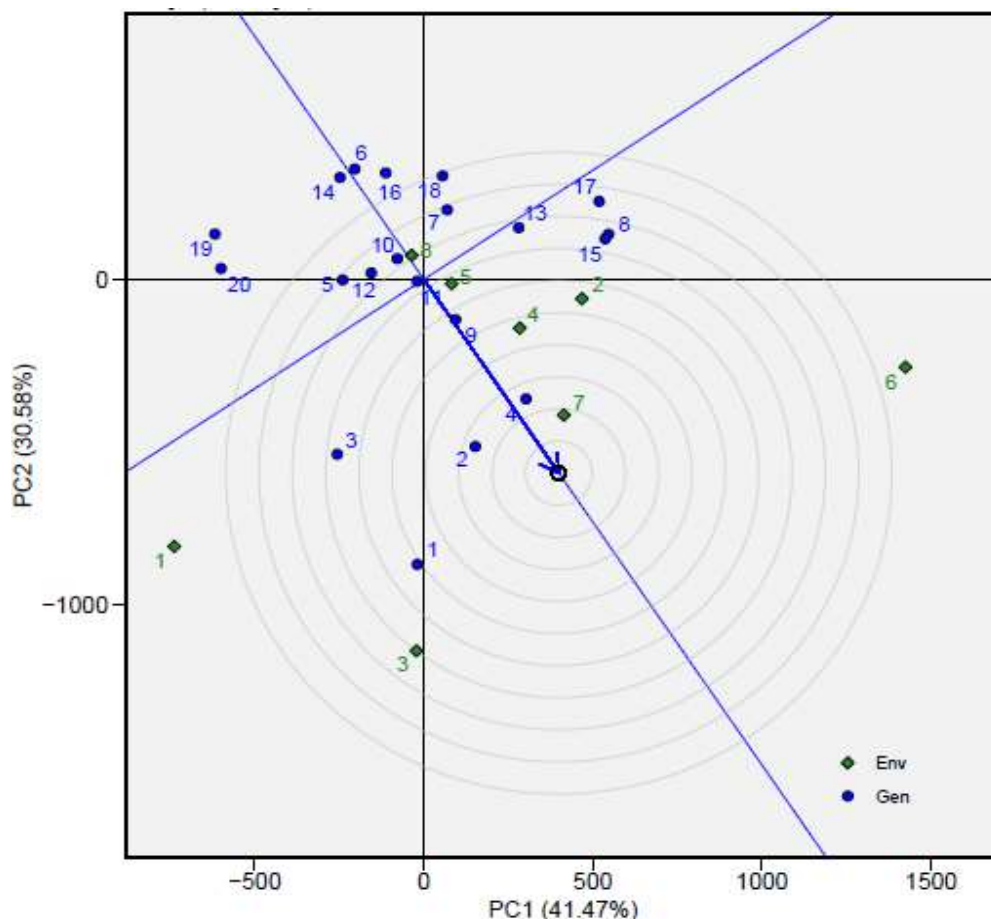


Figura 5. GGE-biplot da estimativa do genótipo ideal em relação a produtividade de grãos (kg ha^{-1}) de 20 genótipos de feijão comum avaliados em oito ambientes no município de Dourados/MS, entre 2015 e 2019. Ambientes: 1:S2015-2; 2:S2016-3; 3:S2016-1; 4:S2017-2; 5:S2018-3; 6:S2018-1; 7:S2019-2; 8:S2019-3. (1: 1ª época: águas; 2: 2ª época: seca; 3: 3ª época: inverno).

Ambientes discriminativos e representativos, são úteis para selecionar genótipos com adaptação específica a um ambiente, como exemplo, o A7 que se enquadra nos preceitos. Ambientes discriminativos, mas não representativos, como o A6, A1, são úteis para a seleção de genótipos especificamente adaptados em mega-ambientes, ou para identificação de genótipos instáveis se o ambiente teste for um único mega-ambiente. Por outro lado, ambientes não discriminativos e não representativos podem ser descartados, pois não são úteis em redes de experimentos (Yan & Tinker, 2006). Esse método tem a vantagem de fazer essa diferenciação entre os ambientes e proporcionar melhor resultado ao caracterizar os ambientes (Yamamoto, 2018).

4.2.5 Método de WAASB e WAASBY

O gráfico das previsões BLUP permite um processo de seleção de fácil interpretação, com os marcadores azuis e vermelhos representando os genótipos que tiveram BLUP acima e abaixo das médias, respectivamente (Figura 7).

Os genótipos 1, 2 e 4 se destacaram por apresentarem as maiores médias de produtividade de grãos preditas pelo BLUP entre os 20 genótipos testados (Figura 7). Os genótipos 15, 9, 17, 3, 8 e 11 demonstraram um bom desempenho, acima da média geral, contudo, com uma alta similaridade de produtividade entre si. Os genótipos, 6, 19, 14, 16, 18 e 20, tiveram as menores médias preditas.

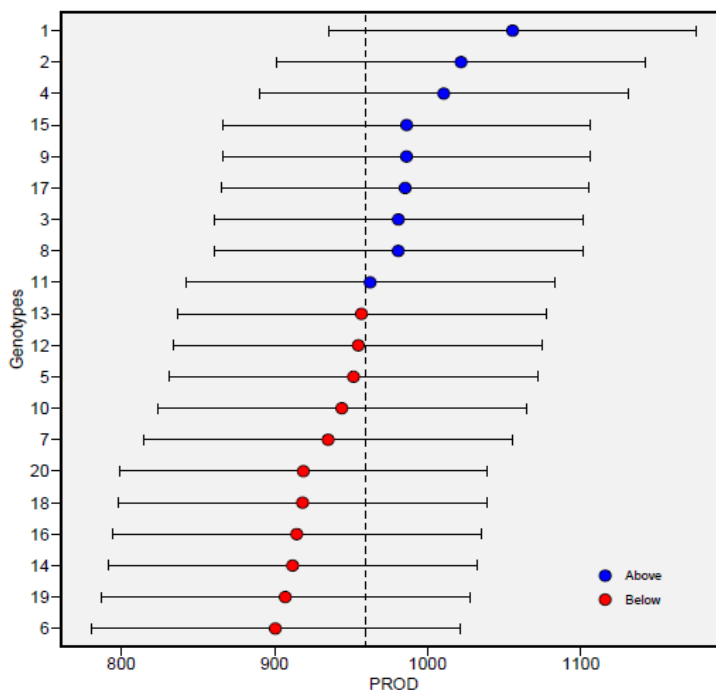


Figura 7. Produtividade média de grãos preditas (BLUP) para 20 genótipos de feijoeiro comum. Barras de erro horizontais representam o intervalo de confiança de 95% da previsão considerando um teste t bicaudal.

O WAASB biplot, explica a estabilidade com base em todas as pontuações do IPCA, ao contrário do AMMI que considera dois ou três (IPCA) (Figura 8). Desse modo, o WAASB considera a variação total da interação GxA na identificação dos genótipos estáveis. Genótipos com valores WAAS zero ou próximos de zero são considerados como o mais estáveis (Olivoto et al., 2019b). Contudo, os genótipos ideais para cultivo seriam aqueles com valor WAASB zero ou próximo de zero e valor de produtividade acima da média geral.

De acordo com Olivoto et al. (2019a) o índice de WAASB permite a quantificação da estabilidade genotípica e a identificação de grupos de genótipos com diferentes padrões de estabilidade e desempenho médio. Por meio do biplot de WAASB os genótipos foram organizados em quatro quadrantes que representam as classes de genótipos/ambiente para a interpretação conjunta de desempenho e estabilidade.

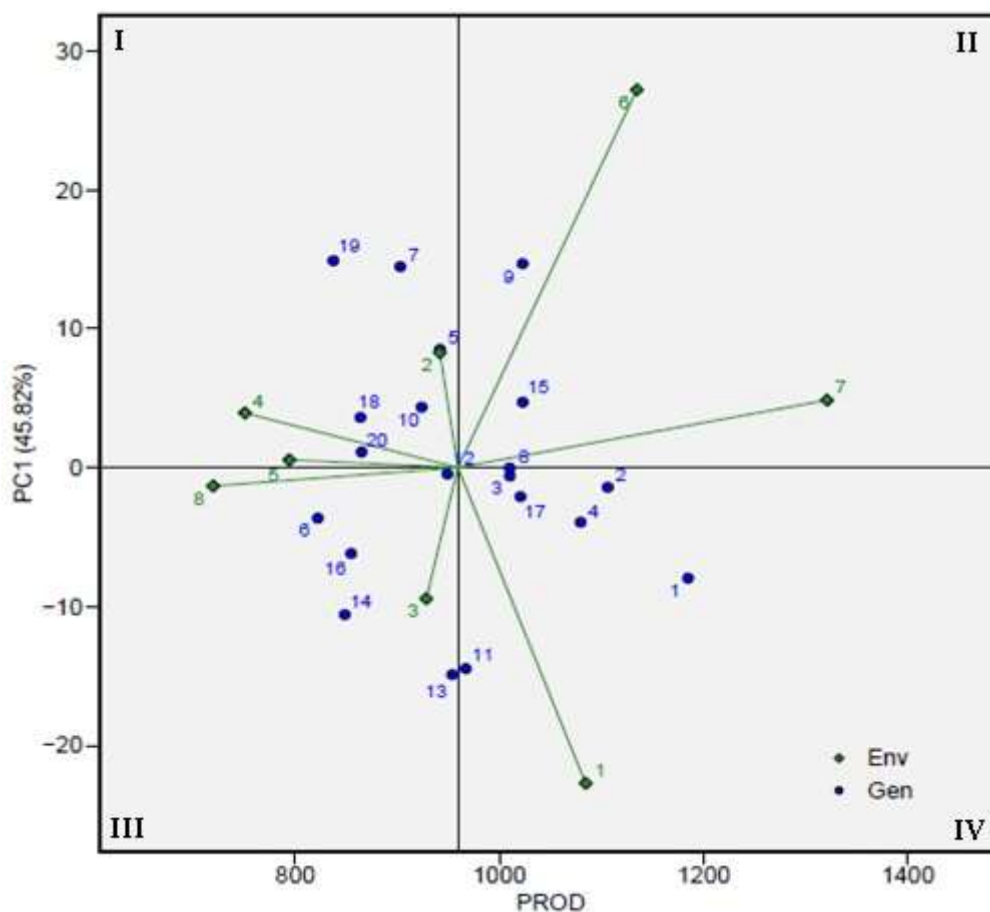


Figura 8. Biplot de WAASB para a produtividade de grãos de 20 genótipos de feijoeiro comum avaliados em oito ambientes no município de Dourados/MS, entre 2015 e 2019. Gen: genótipos; Env: ambientes. 1:S2015-2; 2:S2016-3; 3:S2016-1; 4:S2017-2; 5:S2018-3; 6:S2018-1; 7:S2019-2; 8:S2019-3. 1: 1ª época: águas; 2: 2ª época: seca; 3: 3ª época: inverno).

O quadrante II e IV (lado direito da linha divisória) englobaram os ambientes que possibilitaram a melhor expressão e desempenho produtivo dos genótipos (acima da média) (Figura 8). No segundo (II) quadrante, são incluídos genótipos altamente produtivos, contudo instáveis (alto valor de WAASB). Os ambientes incluídos neste quadrante merecem atenção, pois, além de proporcionarem grandes magnitudes da variável resposta, apresentam uma boa capacidade de discriminação dos genótipos (Koundinya et al., 2021). Desse modo, foram incluídos os ambientes 6 e 7, aos quais se enquadraram os genótipos 9, 15 e 8, que podem ser altamente responsivos sob condições favoráveis.

Os genótipos do quarto (IV) quadrante têm produtividade acima da média e amplamente adaptado (menor valores de WAASB). Os ambientes incluídos neste quadrante, podem ser considerados produtivos, mas com baixa capacidade de discriminação. O quadrante IV englobou o ambiente 1 e os genótipos 1, 2, 4, 17,3 e 11. O genótipo 11 ficou localizado próximo a linha divisória do quadrante IV e III, o que condiz com os resultados da figura, em que este ficou entre o limite da média geral.

O primeiro (I) quadrante incluiu os ambientes 4 e 2, sendo considerados os mais instáveis e com produtividade abaixo da média geral, enquadrando os genótipos 20, 10, 18, 5, 7 e 19. No terceiro (III) quadrante, foram englobados os ambientes 3, 5 e 8, e os genótipos 13, 14, 16 e 6. Os ambientes incluídos podem ser considerados pouco produtivos e com baixa capacidade de discriminação, e os genótipos contidos também apresentam baixo desempenho e são adaptados a ambientes desfavoráveis. Dessa maneira, que estes dois últimos quadrantes, enquadraram os ambientes e genótipos abaixo da média geral de produtividade de grãos (lado esquerdo do gráfico)

Singamsetti et al. (2021), Koundinya et al (2021), e Olivotto et al. (2019b), estudando a interação GxA com as culturas do milho, mandioca e aveia, respectivamente, relataram que o método WAASB biplot por meio da organização dos quadrantes, apresentou facilidade e boa precisão na identificação de genótipos ideótipos ao considerar variação total da interação GxA.

O índice WAASBY (razão WAASB/GY) é baseado em um modelo de efeitos mistos, ou mesmo em uma estrutura de modelo de efeitos aleatórios, que pesa entre produtividade média dos grãos (GY) e a estabilidade (Figura 9). Permite assim a análise dos genótipos em rankings e o quanto os mesmos variam em resposta aos pesos atribuídos ao desempenho (GY) e a estabilidade (índice WAASB) (Olivoto et al., 2019a, Sellami et al., 2021).

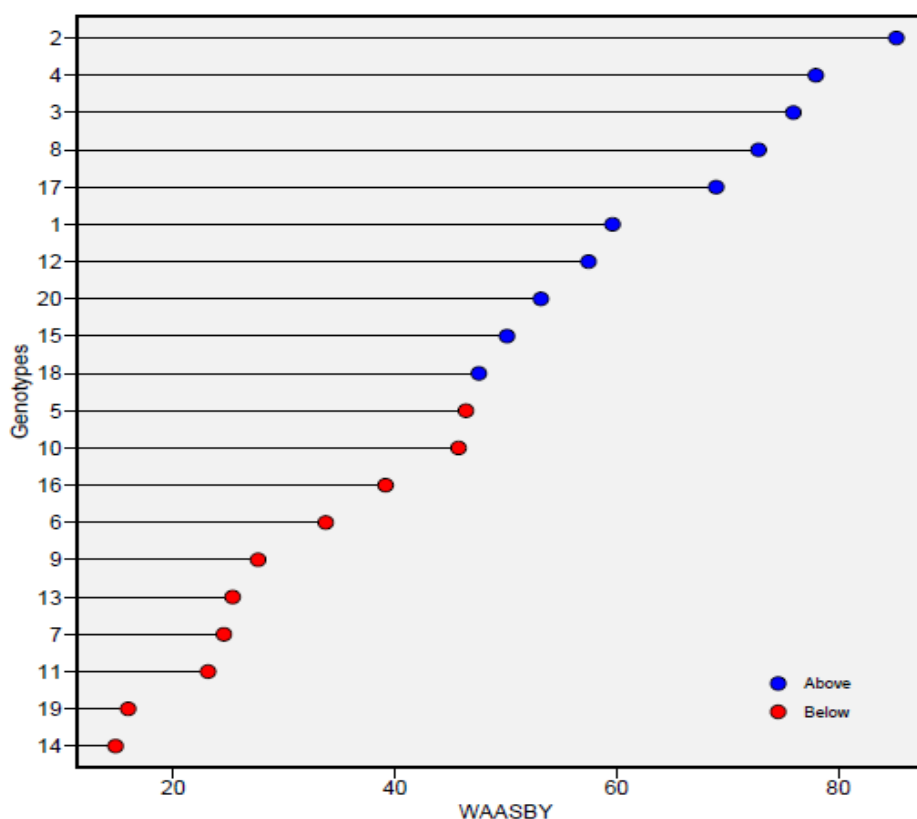


Figura 9. Valores estimados da média ponderada da estabilidade (WAASB) e desempenho médio (Y) (WAASBY) para 20 genótipos de feijoeiro comum para produtividade de grãos e estabilidade.

O WAASBY assume valores no intervalo 0–100, sendo 100 atribuído ao ideótipo, ou seja, o genótipo mais estável e com o melhor desempenho médio dentre os considerados nos ambientes de teste (Olivoto et al., 2019b). O peso atribuído aos valores de intervalo no presente estudo foi de 50:50. Valores corroboram com os atribuídos por Sharifi et al (2020) ao analisar a estabilidade de 10 genótipos de arroz, pois remete igual importância para o desempenho do genótipo em relação ao desempenho produtivo de grãos e a estabilidade.

Os genótipos que apresentaram os maiores valores de índice WAASBY foram 2 (83), 4 (78), 3 (75), 8 (72) e 17 (70) (Figura 9). Esses combinam, simultaneamente, alto desempenho e estabilidade de rendimento. Os genótipos 2 e 4 também se destacaram no biplot de WAASB, pois se enquadraram no quadrante IV de produtividade acima da média e ampla adaptação (Figura 8), e apresentaram as maiores médias de produtividade de grãos preditas pelo BLUP (Figura 7).

Os índices de WAASB e WAASBY combinam as ferramentas gráficas do AMMI e a precisão preditiva do BLUP para análise de estabilidade. Os resultados obtidos por meio do uso desses índices tem se mostrado altamente eficazes e de fácil interpretação para a seleção e recomendação de genótipo superiores, além de identificar grupos com

desempenho médio e estabilidade semelhantes, como exemplo, nos trabalhos com as culturas da aveia (Olivoto et al., 2019b; Santos & Marza, 2020), lentilha (Sellami et al., 2021), arroz (Mohaddesi et al., 2020; Sharifi et al., 2020), grão de bico (Hussain et al., 2021), soja (Nataraj et al., 2021), trigo (Karimizadeh e al., 2021) e milho (Singamsetti et al., 2021), entre outros.

4.2.6 Método MHPRVG via REML/BLUP

Por método REML/BLUP foram estimados os componentes de variância (REML individual) dos efeitos aleatórios para o conjunto de genótipos e ambientes avaliados (Tabela 9). Em função do maior ou menor grau de adaptabilidade/estabilidade genética dos indivíduos, a variância da interação genótipos versus ambientes pode inflacionar a expressão fenotípica de um caráter (Bastos et al. 2007). Essa medida quantifica a fração da variação total devido à interação G×A.

O valor fenotípico corresponde aos valores obtidos nas avaliações de campo, que são influenciadas pelo efeito genotípico, efeito do ambiente e da interação entre genótipos e ambientes. Nesse último, o somatório da variância genotípica, da variância residual entre parcelas e da variância da interação G×A resulta na variância fenotípica individual (Carvalho et al., 2016). Os pressupostos dos efeitos das contribuições da variância fenotípica total, indicaram que a variância genotípica (V_g) correspondeu a 6,74%, variância ambiental (V_e) a 31,65% e a variância da interação (V_{int}) a 61,61% (Tabela 9).

Tabela 9. Estimativa de componentes de variância via REML referente à produtividade de grãos (kg ha^{-1}) de 20 genótipos de feijoeiro comum avaliados em oito ambientes no município de Dourados/MS, entre 2015 e 2019.

Parâmetros	Estimativa
Variância genotípica (V_g)	4133.37
Variância interação GxA (V_{int})	37817.64
Variância residual (V_e)	19426.10
Variância fenotípica (V_f)	61377.12
Herdabilidade individual no sentido amplo (h^2_g)	0.06+-0.03
Herdabilidade média (h^2_{mg})	0.42
Acurácia da seleção de genótipos (r_{gg})	0.65
Correlação genotípica do desempenho em vários ambientes (r_{gloc})	0.09
Coefficiente de determinação dos efeitos da interação GxA (R^2_{GxA})	0.61
Coefficiente de variação Genotípica ($CV_{gi}\%$)	6.70
Coefficiente de variação Residual ($CV_e\%$)	14.53
Média geral (kg ha^{-1})	959.16

Altas magnitudes (V_{int}) indica que a interação genótipos versus ambientes exerce grande influência no valor fenotípico (Maia et al., 2009). Resultados com magnitudes semelhantes foram observados, por Pereira et al, (2014), Rocha et al. (2017) e Souza et al. (2020) em estudos com diferentes genótipos de feijão, via modelos mistos, constatando variância da interação acima de 60% da variância fenotípica individual.

A herdabilidade com base em médias dos genótipos (h^2_{mg}) é estimada quando se utilizam médias dos blocos como critério de avaliação e/ou seleção (Resende, 2007). Verificou-se uma baixa herdabilidade (42%) (Tabela 9), confirmando que a produtividade de grãos, é uma característica de herança complexa, influenciada por um conjunto de genes, e sendo significativamente influenciada pelas características edafoclimáticas de cada ambiente.

A herdabilidade individual no sentido amplo (h^2_g) foi estimada em $0,06 \pm 0,03$. Este parâmetro se refere ao valor genotípico livre da interação GxA e explora toda a variância genética entre os genótipos de feijão. A magnitude do desvio registrado (0,06) não permitiu que a estimativa assumisse o valor zero, o que seria favorável. Torres et al. (2016) e Souza et al. (2020) encontraram magnitudes de h^2_g semelhantes às observadas no presente estudo.

O coeficiente de variação experimental ($CV_e\%$) foi de 14,53% (Tabela 9), sendo esse valor considerado satisfatório e coerente aos encontrados por Domingues et al., 2013 e Pereira et al. (2018) com a cultura do feijoeiro. O valor do coeficiente de variação genotípico (CV_{gi}) atingiu 6,70%, indicando que uma fração mediana da variância genética faz parte da variação fenotípica total.

Desse modo, o CV_{gi} quantifica a magnitude da variação genética disponível para seleção (Carvalho et al., 2016). Resultados semelhantes de CV_{gi} também foram relatados por Souza et al (2018) com a feijão comum e Torres et al. (2016) e Rocha et al. (2017) com feijão-caupi avaliados a múltiplos ambientes. A avaliação conjunta dos parâmetros CV_e e CV_g é de grande relevância para programas de melhoramento baseados na seleção, uma vez que tem efeito direto na precisão seletiva, que é refletida na acurácia da seleção genotípica (r_{gg}) (Resende & Duarte, 2007). A acurácia (r_{gg}) apresentada foi de 67%, o que indica uma qualidade experimental satisfatória, conferindo credibilidade na seleção de genótipos superiores quanto ao caráter produtividade de grãos em feijão comum.

A correlação genotípica média do desempenho dos genótipos nos ambientes (r_{gloc}), indica a confiabilidade do ordenamento dos melhores genótipos de feijão comum nos diversos ambientes testados. No presente trabalho, o valor obtido (r_{gloc}) de 9% indicou

que a interação do tipo complexa foi predominante neste experimento. O coeficiente de determinação dos efeitos da interação genótipo x ambiente ($R^2_{G \times A}$) (61%), informa o quanto da variância fenotípica foi explicada pela interação GxA, confirmando a ocorrência da interação do tipo complexa, favorecendo a seleção de genótipos de adaptação mais específica, e, conseqüentemente, a ocorrência de alterações significativas no ordenamento dos genótipos.

Os três genótipos mais produtivos considerando os oito ambientes, foram o 1, 2 e 4, apresentando as melhores estimativas de ganho com a seleção em todos os ambientes (Anexo 2). Os ganhos genéticos obtidos com a seleção dos referidos genótipos foram 96%, 79% e 70%, respectivamente. O método de modelos mistos penaliza os valores genotípicos preditos. Sendo assim, o mesmo comportamento das médias genéticas ($\mu + g$) da produtividade de grãos é esperada, quando os genótipos supracitados forem utilizados em ambientes com características similares ao padrão deste estudo (Carvalho et al., 2016; Torres et al., 2016 e Rocha et al., 2017).

O método da média harmônica do desempenho relativo dos valores genéticos (MHPRVG), realiza a seleção simultânea quanto a produtividade, a estabilidade e a adaptabilidade dos genótipos, não conferindo contudo, informações sobre os ambientes de cultivos (Santos et al., 2016) (Tabela 10).

Ao comparar os resultados do método MHPRVG (Tabela 10) com a médias de valores genotípicos (V_G) (anexo 2), nota-se que não houve alteração no ordenamento dos três primeiros genótipos colocados. Indicando que os respectivos genótipos de feijoeiro apresentaram adaptabilidade e estabilidade fenotípica em meio aos oito ambientes analisados, além de possuírem alta produtividade de grãos, possibilitando a manutenção dessa característica frente a ambientes diversos. Esses resultados corroboram com os de Souza et al (2018), Santos et al. (2016) e Rocha et al. (2017), Carvalho et al. (2016), que verificaram a manutenção no ordenamento de genótipos de feijão comum, feijão caupi e algodoeiro respectivamente, pelos métodos do valor genotípico para a média dos anos ($\mu + g$) e MHPRVG.

Tabela 10. Adaptabilidade e estabilidade dos valores genotípicos (MHPRVG) preditos pela análise REML/BLUP referente à produtividade de grãos (kg ha⁻¹) de 20 genótipos de feijoeiro comum avaliados em oito ambientes no município de Dourados/MS, entre 2015 e 2019.

Ordem	Genótipo	MHPRVG*MG
1	1	1129.23
2	2	1069.00
3	4	1040.11
4	9	994.56
5	15	976.62
6	8	973.45
7	17	971.23
8	3	970.27
9	11	949.69
10	12	948.15
11	5	931.30
12	13	927.44
13	10	905.66
14	7	898.19
15	16	868.27
16	14	856.91
17	18	854.72
18	20	828.57
19	6	825.32
20	19	817.07

5.3 Considerações entre os métodos de adaptabilidade e estabilidade utilizados

De maneira resumida e de acordo com cada método de forma individual, os genótipos foram classificados das seguintes formas: o método Eberhart e Russell considerou como ideótipos os genótipos 9 e 11. Lin e Binns destacou os 1 e 2 com ampla estabilidade e adaptabilidade a ambientes favoráveis. Para AMMI o 2, 4 e 9 foram os mais produtivos e estáveis. Pela método GGE os ideótipos foram 4 e 2, contudo o 9 foi considerado o mais estável. De acordo com o WAASBY os genótipos 2, 4 e 3 apresentaram os melhores índices conjuntos de produtividade e estabilidade. O MHPRVG selecionou o 1, 2, 4 e 9, simultaneamente quanto a produtividade, estabilidade e a adaptabilidade.

Tabela 11. Classificações de 20 genótipos de feijoeiro comum com base na produtividade média de grãos (kg ha^{-1}) e nos parâmetros de estabilidade e adaptabilidade de diversos métodos de análise. Avaliação em oito ambientes no município de Dourados/MS, entre 2015 e 2019.

Genótipos	Prod. ¹	E&R ²	L&B ³	AMMI	GGE	WAASBY	MHPRVG
1	1°	13°	1°	5°	3°	6°	1°
2	2°	3°	2°	1°	1°	1°	2°
3	7°	16°	7°	8°	4°	3°	8°
4	3°	11°	3°	2°	2°	2°	3°
5	12°	9°	12°	11°	13°	11°	11°
6	20°	6°	19°	20°	18°	14°	19°
7	14°	5°	14°	13°	14°	17°	14°
8	8°	14°	6°	7°	6°	4°	6°
9	5°	1°	4°	3°	7°	15°	4°
10	13°	4°	13°	12°	11°	12°	13°
11	9°	2°	9°	4°	10°	18°	9°
12	11°	7°	11°	9°	12°	7°	10°
13	10°	8°	19°	10°	9°	16°	12°
14	18°	18°	18°	17°	19°	20°	7°
15	4°	12°	5°	5°	5°	9°	5°
16	17°	10°	16°	16°	16°	13°	15°
17	6°	19°	8°	6°	8°	5°	7°
18	16°	15°	15°	15°	15°	10°	17°
19	19°	20°	20°	19°	20°	19°	20°
20	15°	17°	17°	14°	17°	8°	18°

Prod¹.: produtividade média de grãos; E&R²: classificação de acordo o método de Eberhart e Russell (1966); L&B³: classificação de acordo o método de Lin e Binns (1988) modificado por Carneiro (1998).

De forma unânime, na comparação conjunta entre os métodos, os genótipos 2 e 4 se classificaram na primeira e segunda colocação, respectivamente, em termos de estabilidade e produtividade para ambientes favoráveis, pelo método de AMMI, GGE-biplot e WAASBY (Tabela 11). Indicando que estes métodos tendem a classificar como mais estáveis e adaptáveis os genótipos mais produtivos (Oda et al., 2019; Sousa et al., 2020). Para Lin e Binns, MHPRVG e a classificação de produtividade, os

genótipos que se destacaram foram 1 (1^o) e 2 (2^o). No entanto, quando se compara com a classificação de Eberhart e Russell, os 9 e 11 ocuparam as respectivas posições, apresentando a maior dissimilaridade no ordenamento entre os métodos.

O genótipo 19 foi considerado o mais instável e com a menor produtividade (20^o posição) de forma concordante por Eberhart e Russell, Lin e Binns, GGE e MHPRVG. Para os demais métodos, o mesmo também foi classificado com desempenho inferior em relação aos demais genótipos, ficando na 19^a posição.

De modo geral, os seis métodos de adaptabilidade e estabilidade utilizadas no presente estudo, apresentaram certas similaridades em seu ordenamento/classificação dos 20 genótipos de feijoeiro comum nos oito ambientes avaliados (Tabela 11). O método Lin e Binns (1988) com decomposição, apresentou similaridade de 0.4 (escala 0 a 1) na ordem de classificação e caracterização dos genótipos com o método de GGE-biplot (8 classificações: genótipos 7, 8, 15, 16, 17, 18, 19 e 20) e MHPRVG de 0.45 (9 classificações: genótipos 1, 3, 6, 7, 8, 9, 10, 15 e 19). Em contrapartida, não houve igualdade em nenhuma das classificações quando comparado com o método de WAASBY.

A similaridade entre os métodos de Lin e Binns, GGE-biplot e MHPRVG, foram relatadas em diferentes trabalhos, como exemplo, por Yamamoto et al. (2021) com a cultura do milho; Silva et al., (2021) trigo; Melo et al. (2018) com feijão, entre outros.

O método de Lin e Binns (1988) é baseado em estatística não paramétrica, na qual o genótipo é comparado a performance máxima em cada ambiente. O Método de MHPRVG conduz a resultados semelhantes aos obtidos pelos métodos descritos por Lin e Binns (1988) e Annicchiarico (1992). Contudo, métodos como o de Lin e Binns fornecem resultados que não são interpretados diretamente como valores genéticos e, portanto, não permitem computar o ganho genético no caráter composto pela produtividade, estabilidade e adaptabilidade (Carbonel et al., 2007; Santos et al., 2016; Silva et al., 2021).

O GGE-biplot considera o efeito principal multiplicativo de genótipo mais a interação genótipo e ambiente. De modo geral, o CP1 está correlacionado com o efeito do genótipo, sendo possível alta precisão na visualização gráfica do escore. Assim, o seu emprego possibilita inferências quanto ao desempenho dos materiais genéticos e aos ambientes, com facilidade na visualização dos dados (Yan et al., 2000).

O método AMMI-biplot, apresentou similaridade (0.25), com os métodos de GGE-biplot (5 classificações: genótipos 2, 4, 15, 16 e 18) e WAASBY (5 classificações: genótipos 2, 4, 5, 10 e 19), e apenas 3 classificações semelhante ao MHPRVG (Tabela 12). Os índices do WAASBY combinam as ferramentas gráficas do AMMI e a precisão preditiva do BLUP para análise de estabilidade, sendo uma importante ferramenta.

O método AMMI-biplot separa o efeito do genótipo e do ambiente da interação GxA e o GGE-biplot considera simultaneamente a seleção de plantas com base no genótipo e na GxA. Yan et al. (2007) e Yamamoto et al. (2021), afirmam que esses dois últimos efeitos devam ser considerados simultaneamente para a seleção de genótipos superiores, já que melhoristas buscam entender o desempenho do genótipo associado a interação GxA,

Em relação às distinções do AMMI quanto as estimativas de ranqueamento via MHPRVG (REML/BLUP), Bornhofen et al. (2017) também relatou diferenças nas classificações, corroborando com as diferenciações no ordenamento dos genótipos testados no presente estudo.

De maneira geral, Eberhart e Russell, apresentou a maior discrepância e a menor concordância (0.05) na ordenação dos genótipos em comparativos com os demais métodos, principalmente em relação ao método AMMI, WAASBY e MHPRVG (1 classificação). A alta dissimilaridade pode ser atribuída devido aos métodos utilizarem diferentes critérios de adaptabilidade e estabilidade. Eberhart e Russell (1966) utiliza regressão linear simples; o AMMI-biplot faz o uso da análise multiplicativa dos efeitos da interação GxA; MHPRVG se baseia em valores genotípicos preditos via metodologia de modelos mistos; e o WAASBY realiza a ponderação entre desempenho médio e a estabilidade.

O método de Eberhart e Russell, é indicado com o intuito de informar sobre o comportamento de cada genótipo, de acordo com a melhoria ambiental. Caso contrário, o modelo de regressão linear para estimar a estabilidade pode não ser apropriado. O método de regressão linear simples pode ser substituído por outros métodos mais informativos como, exemplo, o AMMI-biplot, GGE-biplot, WAASBY e MHPRVG. Observa-se que WAASBY se manifestou de maneira distinta dos métodos de MHPRVG (REML/BLUP) e Lin e Binns. Apesar dos genótipos possuírem mesma base genética, WAASBY realiza a predição por um modelo linear misto para quantificar a estabilidade de cada genótipo.

O uso de métodos de adaptabilidade e estabilidade com diferentes cálculos estatísticos, funciona como estratégia para obter maior confiança para avaliar a classificação dos genótipos de acordo com a caracterização de cada método, com o propósito de realizar a seleção de genótipos superiores, para posterior recomendação de cultivos em diferentes condições ambientes e áreas produtivas do país (Vasconcelos et al., 2015; Yamamoto et al., 2021).

5. CONCLUSÕES

De maneira geral, os métodos de adaptabilidade e estabilidade utilizados apresentam similaridades no ordenamento dos genótipos.

O método de Eberhart e Russell, apresentou a maior discrepância sobre o ordenamento dos genótipos em relação aos demais métodos.

Os métodos de Lin e Binns modificado por Carneiro (1998), GGE-biplot e MHPRVG, apresentaram as maiores similaridades nas classificações dos genótipos.

O método de WAASBY mostrou uma importante ferramenta, combinando boa precisão e facilidade de interpretação dos dados.

Os genótipos 1, 2, 4 e 9 apresentaram os melhores parâmetros de adaptabilidade e estabilidade pelos métodos utilizados.

Os genótipos 2 e 4 se destacaram por reunir adaptabilidade e estabilidade fenotípica aliada a produtividade, sendo recomendados para as condições de cultivo da região de Dourados/MS.

6. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICA

- ABEL, M.F. (2017). Genotype by Environment Interaction on yield and micronutrient concentration bio fortified common bean (*Phaseolus Vulgaris L.*) in Ethiopia. **Haramaya University**, v.10, p. 1-129.
- ASHANGO, Z., AMSALU, B., TUMISA, K., NEGASH, K., FIKRE, A. (2016) Seed Yield Stability and Genotype x Environment Interaction of Common Bean (*Phaseolus vulgaris L.*) Lines in Ethiopia. **Int Journal Plant Breed Crop Science**, v.3, p.135-144.
- BARBOSA, F. R., GONZAGA, A. C. O (2012). **Informações técnicas para o cultivo do feijoeiro comum na Região Central-Brasileira: 2012-2014**. Embrapa Arroz e Feijão, p.248 (Documento 272).
- BARILI, L. D., VALE, N. M. DE, AMARAL, R. DE C., CARNEIRO, J. E. DE S., SILVA, F. F E, CARNEIRO, P. C. S. (2015) Adaptabilidade e estabilidade e produtividade de grãos em cultivares de feijão preto recomendadas no Brasil nas últimas cinco décadas. **Ciência Rural**, v.45, n.11, p.1980-1986.
- BASSA, D., GURMU, F., MOHAMMED, H. (2019) Comparison of Univariate and Multivariate Models to Analyze Stability of Common Bean (*Phaseolus vulgaris L.*) Genotypes in Ethiopia. **Agrotechnology**, v.8, p.80 - 188.
- BATISTA, M.C., SANTOS, J.P.O., FILHO, J.A.S., SOUSA, J.I. (2018). Influence of rainfall variability on bean production (*Phaseolus vulgaris L.*) in a municipality of Brazilian semiarid. **Journal of Environmental Analysis and Progress**, v.3, n.1, p.1-7.
- BHERING, L.L (2017). Rbio: A Tool For Biometric And Statistical Analysis Using The R Platform. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v.17: 187-190p.
- Bornhofen, E.; Benin, G.; Storck, L.; Woyann, L. G.; Duarte, T.; Stoco, M. G.; Marchioro, S. V. (2017). Métodos estatísticos para estudar a adaptabilidade e estabilidade de genótipos de trigo. **Bragantia**, v.76, p.1-10.
- BORÉM, A., CARNEIRO, J.E.S. (2015). A cultura. In: CARNEIRO et al. **Feijão: do plantio à colheita**. Viçosa: UFV, p.9-15.
- CARBONELL, S.A.M.; CHIORATO, A.F.; RESENDE, M.D.V.; DIAS, L.A.S.; BERALDO, A.L.A.; PERINA, E.F (2007). Estabilidade de cultivares e linhagens de feijoeiro em diferentes ambientes no Estado de São Paulo. **Bragantia**, Campinas, v.66, n.2, p.193-201.
- CARGNELUTTI FILHO, A.; STORCK, L. (2009). Medidas do grau de precisão experimental em ensaios de competição de cultivares de milho. **Revista Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, 44: 111-117.
- CARVALHO, L. C. B.; DAVASCENO-SILVA, K. J.; ROCHA, M. M.; OLIVEIRA, G. C. X. (2016). Evolution of methodology for the study of adaptability and stability in cultivated species. **African Journal of Agricultural Research**, v. 11, n. 12, p. 990-1000.

CONAB - Companhia Nacional de Abastecimento. **Acompanhamento da safra brasileira de grãos | v.9 – safra 2021/22, nº2 – Segundo levantamento.**(2021a). Disponível em: <[E-book_BoletimZdeZSafrasZ-Z2oZlevantamento_1.pdf](#)>. Acesso em: 21 nov. 2021.

CONAB – Companhia Nacional de Abastecimento. **Series históricas** (2021b). Disponível em: <<https://www.conab.gov.br/info-agro/safras/serie-historica-das-safras?start=20>> . Acesso em: 20 nov. 2021.

CRUZ, C. D (2016). Genes: a software package for analysis in experimental statistics and quantitative genetics. **Acta Scientiarum Agronomy**, v. 35, n. 3, p. 271-276.

DUARTE, J. B., VENCOVSKY, R. (1999). **Interação genótipos x ambientes:** uma introdução à análise “AMMI”. Ribeirão Preto: Sociedade Brasileira de Genética. p. 60

DOMINGUES, L.S., RIBEIRO, N.D., MINETTO, C., SOUZA, J.F. & ANTUNES, I.F. (2013). Metodologias de análise de adaptabilidade e de estabilidade para a identificação de linhagens de feijão promissoras para o cultivo no Rio Grande do Sul. **Semina: Ciências Agrárias**, vol. 34, p. 1065 -1076.

DUARTE, J. B., VENCOVSKY, R. (1999). **Interação genótipos x ambientes:** uma introdução à análise “AMMI”. Ribeirão Preto: Sociedade Brasileira de Genética. p. 60.

EBERHART, S. A., RUSSELL, W. A. (1966) Stability parameters for comparing varieties. **Crop Science**, v. 6, n.1, p. 36-40.

EMBRAPA - ESTAÇÃO CLIMATOLÓGICA EMBRAPA AGROPECUÁRIA OESTE (CPAO) DE DOURADOS-MS. **Guia e Clima**, 2021. Disponível em: <<http://www.cpa.o.embrapa.br/clima/?lc=site/estatisticas/estatisticas-ver-dados>>. Acesso em: 20 nov. 2021.

FIETZ, R. C., FISCH, G. F. (2008). **O clima da região de Dourados, MS.** Documentos: Embrapa Agropecuária Oeste, ISSN 1679-043X, ed.2, p.32.

FRANCISCO, P. R. M., BANDEIRA, M. M., SANTOS, D., PEREIRA, F. C., GONÇALVES, J. L. G. (2016). Aptidão climática da cultura do feijão comum (*Phaseolus vulgaris*) para o estado da Paraíba. **Revista Brasileira de Climatologia**, v. 19, n. 1, p. 366-378.

HALLAUER, A. R., CARENA, J. M., FILHO, J. B. M. (2010). **Quantitative genetics in maize breeding.** Iowa: The Iowa State University Press, 663p.

HUSSAIN, T., AKRAM, Z., SHABBIR, G., MANAF, A., AHMED, M. (2021). Identification of drought tolerant Chickpea genotypes through multi trait stability index. **Saudi Journal of Biological Sciences**, v28, n.1, p.1-11.

IBRAFE – Instituto Brasileiro do Feijão e dos Pulses. Preço Nacional do Feijão. (2021). Disponível em: <<https://www.ibrafe.org/boletim-so-feijao/>>. Acesso em: 22 nov. /2021.

IQBAL, J., SHABBIR, G., SHAH, HASSAN, F., QAYYUM, A. (2021). Deciphering of Genotype \times Environment Interaction to Identify Stable Heat-Tolerant Mung Bean Genotypes by GGE Biplot. **Journal of Soil Science and Plant Nutrition**, v. 21, p.2551–2561.

KARIMIZADEH, R., MOHAMMADI, M., SABAGHNI, N., MAHMOODI, A. A., ROUSTAMI, B., SEYYEDI, F., AKBARI, F. (2013) GGE Biplot analysis of yield stability in multienvironment trials of lentil genotypes under rainfed condition. **Notulae Scientia Biologica**, v.6, p.256-262.

KEBA, H.A. (2018) Adaptability evaluation of common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) genotypes at Western Ethiopia. **Journal of Agricultural Biotechnology and Sustainable Development**, v.10, n.7, p.140-146.

KOUNDINYA, A.V.V., AJEESH, B.R., HEGDE, V., SHEELA, M.N., MOHAN, C., ASHA, K.I. (2021). Genetic parameters, stability and selection of cassava genotypes between rainy and water stress conditions using AMMI, WAAS, BLUP and MTSI. **Scientia Horticulture**. v.281, p.100-112.

LIN, C. S., BINNS, M. R. A. (1988). superiority measure of cultivar performance for cultivar \times location data. **Canadian Journal of Plant Science**, v. 68, p.193-198.

LÚCIO, A. D.; STORCK, LINDOLFO; BANZATTO, DAVID ARIIVALDO (1999). Classificação dos experimentos de competição de cultivares quanto a sua precisão. **Pesquisa Agropecuária Gaúcha**, v. 5, n. 1, p. 99-103.

MARIOTTI, J.A.; OYARZABAL, E.S.; OSA, J.M.; BULACIO, A.N.R.; ALMADA, G.H (1976). Análisis de estabilidad y adaptabilidad de genotipos de cana de azúcar. I. Interacciones dentro de un localidad experimental. **Revista Agronómica del Noroeste Argentino**, San Miguel de Tucumán, v.13, n.14, p.105-127.

MELO, P.G.S., ALVARES, R.C., PEREIRA, H.S., BRAZ, A.J.B.P., FARIA, L.C. MELO, L.C. (2018) Adaptability and stability of common bean genotypes in family farming systems. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.53,p.189-196.

MOHADDESI, A., ABBASIAN, A., ERFANI, A., SHARIFI, P. (2020). Stability of some rice genotypes based on the waasb and mtsi indices. **Iranian Journal of Genetics and Plant Breeding**, V. 9, n.2, p.1-11

MORENO, G.L, LADINO, C.P. (2021). Grain yield and genotype \times environment interaction in bean cultivars with different growth habits, **Plant Production Science**, v.1, p.1-10.

NATARAJ V., BHARTIYA, A., SINGH, C.P., DEVI, H.N., DESHMUKH, M.P., VERGHESE, P. (2021) WAASB based stability analysis and simultaneous selection for grain yield and early maturity in Soybean. **Agronomy Journal**, v.113, v.4, p.3089-3099.

ODA, M.C, SEDIYAMA, T., MATSUO, E., NASCIMENTO, M., CRUZ, C.D. (2019) Estabilidade e adaptabilidade de produção de grãos de soja por meio de metodologias tradicionais e redes neurais artificiais. **Scientia Agraria Paranaensis** 18: 117-124.

OLIVOTO, T., SARI, B. G., LÚCIO, A.D. (2018). **Software R para avaliação de dados experimentais: um foco em experimentos agrônômicos**. Santa Maria: UFSM, 1. ed., v. 2, p. 273.

OLIVOTO, T., LÚCIO, A.D.C. (2020). Metan: An R package for multi-environment trial analysis. **Methods in Ecology Evolution**, v.11, p.783–789.

OLIVOTO, T., A.D.C. LÚCIO, J.A.G. DA SILVA, B.G. SARI AND M.I. DIEL, (2019a). Mean performance and stability in multi-environment trials ii: Selection based on multiple traits. **Agronomy Journal**, v.111, n.6, p.2961-2969.

OLIVOTO, T., A.D.C. LÚCIO, J.A.G. DA SILVA, V.S. MARCHIORO, V.Q. DE SOUZA AND E. JOST, (2019b). Mean performance and stability in multi-environment trials i: Combining features of ammi and blup techniques. **Agronomy Journal**, v.111, n.6, p. 2949-2960.

PEREIRA, H. S.; BUENO, L. G.; DEL PELOSO, M. J.; ABREU, A. F. B.; MOREIRA, J. A. A.; MARTINS, M.; WENDLAND, A.; FARIA, L. C.; SOUZA, T. L. P. O.; MELO, L. C (2014). Agronomic performance and stability of andean common bean lines with white grains in Brazil. **Bragantia**, v.73, p.130-137.

PEREIRA, H. S., MELO, L. C., FÁRIA, L. C., DEL PELOSO, M. J., COSTA, J. G. C., RAVA, C. A., WENDLAND, A. (2009) Adaptabilidade e Estabilidade de genótipos de feijoeiro comum com grãos tipo carioca na Região Central do Brasil. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.1, p.29-37.

PIMENTEL GOMES, F (2009). **Curso de estatística experimental**. 15.ed. Piracicaba: FEALQ, 451p.

RAMALHO, M.A.P., SANTOS, J.B., ABREU, A.F.B., NUNES, J.A.R (2012) **Aplicações da Genética Quantitativa no Melhoramento de Plantas Autógamas**. Lavras: Editora UFLA. 522p.

RAO, C. R. (1952). *Advanced statistical methods in biometric research*. New York: J. Wiley, p. 390.

RESENDE, M. D. V., DUARTE, J. B. (2007). Precisão e controle de qualidade em experimentos de avaliação de cultivares. **Pesquisa Agropecuária Tropical**, v. 37, p. 182-194, 2007.

RESENDE, M.D.V., MAGNO, A.P., RAMALHO, P.C.S., CARNEIRO, J.E.S., CARNEIRO, P.C.S. (2016) Selection Index with Parents, Populations, Progenies, and Generations Effects in Autogamous Plant Breeding. **Crop science**, v. 56, p.530-546.

RESENDE, M.D.V. (2004). **Métodos estatísticos ótimos na análise de experimentos de campo**. Colombo: Embrapa Florestas,57p. (Embrapa Florestas. Documentos, 100).

RESENDE, M. D. V (2006). **O software Selegen-REML/BLUP**, Colombo: Embrapa Florestas, 305 p.

ROCHA, M. M. et al (2017). Yield adaptability and stability of semi-erect cowpea genotypes in the Northeast region of Brazil by REML/BLUP. **Revista Ciência Agronômica**, v. 48, n. 5, p. 862-871.

SANTOS, A., CECCON, G., TEODORO, P.E., CORREA, A.M., ALVAREZ, R.C.F., SILVA, J.F., ALVES, V.B. (2016). Adaptabilidade e estabilidade de genótipos de feijão caupi ereto via REML/BLUP e GGE Biplot Adaptability and stability of erect cowpea genotypes via REML/BLUP and GGE Biplot. **Bragantia**, v. 75, n. 3, p.299-306.

SANTOS, F., MARZA, F. (2020). Selection of forage oat genotypes through GGE Biplot and BLUP. **BioRxiv**, v.1–n.9, p.20-31.

SANTOS, H.P, ALVARES, R.C, SILVA, F.C, FARIA, L.C, LEONARDO, C.M. (2017). Genetic, environmental and genotype x environment interaction effects on the common bean grain yield and commercial quality. **Semina: Ciências agrárias**, v.38, n.3, p.1241-1250.

SANTOS, P. R., OLIVEIRA, T. R. A., SKEEN, P., NASCIMENTO, M. R., COSTA, K. D.S., ARAÚJO, E. R., PEREIRA, H. S., COSTA, A. F. da (2019). GGE biplot and REML/BLUP based- analysis of yield stability and adaptability for common beans in multi-environment trials. **Brazilian Journal of Agricultural Sciences**, v. 14, n. 2, p. 1-8.

SELLAMI, M.H., PULVENTO, C., LAVINI, A. (2021) Selection of Suitable Genotypes of Lentil (*Lens culinaris Medik.*) under Rainfed Conditions in South Italy Using Multi-Trait Stability Index (MTSI). **Agronomy**, v.11, n.9, p.1807-1812.

SHARIFI, P., ERFANI, A., ABBASIAN, A., MOHADDESI, A. (2020) Stability of some of rice genotypes based on WAASB and MTSI indices. **Iranian Journal of genetics and plant breeding**, Vol. 9, No. 2, p. 1-11.

SILVA, C.M., C.M., MEZZOMO, H.C., CASAGRANDE, C.R., NARDINO, M. (2021) Selection of tropical wheat lines based on classical and modern parameters of adaptability and stability. **Bulgarian Journal of Agricultural Science**, v.27, n.5, p.933–941.

SINGAMSETTI, A., SHAHI, J. P., ZAIDI, P. H., SEETHARAM, K., VINAYAN, M. T., KUMAR, M., MADANKAR, K. (2021). Genotype × environment interaction and selection of maize (*Zea mays L.*) hybrids across moisture regimes. **Field Crops Research**, v.27, n.1, p-1-13.

SOUSA, A.M.C.B., SILVA, V.B., LOPES, A.C.A, FERREIRA-GOMES, R.L., CARVALHO, L.C.B. (2020) Prediction of grain yield, adaptability, and stability in landrace varieties of lima bean (*Phaseolus lunatus L.*) **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v.20, p.101-116.

SOUSA, M.B., SILVA, K.J.D., ROCHA, M.M, JUNIOR, J.A.N.M., LIMA, L.R.L. (2017). Adaptability and yield stability of cowpea elite lines of semi-prostrate growth habit in the Cerrado biome. **Revista Ciência Agronômica**, v. 48, n. 5, p. 832-839.

SOUZA, T.J.F. (2018). **Seleção de genótipos de feijão-caupi para adaptabilidade e estabilidade produtiva de grãos verdes**. Dissertação (mestrado) Universidade Federal do Piauí, Programa pós graduação em genética e melhoramento, f.92.

TORRES, F. E.; TEODORO, P. E.; CARGNELUTTI FILHO, A.; SANTOS, A.; ROCHA, M. M.; SAGRILO, E (2016). Adaptability and phenotypic stability of semi-prostate cowpea genotypes in Mato Grosso do Sul. **Bioscience Journal**, Uberlândia, p. 1435-1441.

VASCONCELOS, F. M. T.; VASCONCELOS, R. A.; LUZ, L.N.; CABRALI, N. T.; OLIVEIRA JÚNIOR, J. O. L.; SANTIAGO, A. D.; SGRILLO, E.; FARIAS, F. J. C.; FILHO, P. A. M.; SANTOS, R.C. (2015) Adaptabilidade e estabilidade de genótipos eretos de amendoim cultivados nas regiões Nordeste e Centro-Oeste. **Ciência Rural**, v.45, p.1375-1380.

VENCOVSKY, R.; BARRIGA, P (1992). **Genética biométrica no fitomelhoramento**. Ribeirão Preto: Sociedade Brasileira de Genética, p. 496.

VIÇOSI, K. A., FERREIRA, A. A. S., OLIVEIRA, L. A. B., RODRIGUES, F. (2017) Estresse hídrico simulado em genótipos de feijão, milho e soja. **Revista de Agricultura Neotropical**, , v. 4, n.1, p. 36-42

YAMAMOTO, E.L.M., Gonçalves, M.C., Davide, L.M.C., SANTOS, A., CANDIDO, L.S. (2021). Adaptability and stability of maize genotypes in growing regions of central Brazil. **Revista Ceres**, v.3 v. 68, p. 201-211

YAN, W, TINKER, A. (2006). Biplot analysis of multi environment trial data: principles and applications. **Canadian Journal of Plant Science**, v. 86, n. 3, p. 623-645.

YAN, W. (2016). Analysis and handling of $G \times E$ in a practical breeding program. **Crop Science**, v. 56, n. 5, p. 2106-2118.

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

ZANELA, R. MEIRA, DANIELA, ZDZIARSKI, A. D., BRUSAMARELLO, A. P., OLIVEIRA, P.H., BENIN, G. (2019). Performance of common bean genotypes as a function of growing seasons and technological input levels. **Pesquisa Agropecuária Tropical**, vol. 49, pp. 1-10.

ZELEKE, A. A., BERHANU, F.A. (2016). AMMI and GGE Models Analysis of Stability and GEI of Common Bean (*Phaseolus vulgaris* L.) Lines in Ethiopia. **Journal of Biology, Agriculture and Healthcare**, vol.6, n..9, p.127-135.

ZOBEL, R. W., MADISON, J. W., GAUCH, H.G. (1988). Statistical analysis of a yield trial. **Agronomy Journal**, v.80, p.388-393.

7. ANEXOS

Anexo 1. Análise de solo (00-20cm) referente a área do experimento localizado na Fazenda Experimental da UFGD em Dourados/MS. Amostra realizada pelo laboratório

de análise de solo da Universidade Federal da Grande Dourados (UFGD) em Dourados/MS.

Analíticos	Valor	Interpretação
pH (CaCl ₂)	5.28	
pH (H ₂ O)	5.95	
P (mg/dm ³)	7.75	
K (mg/dm ³)	0.43	Médio
Ca (cmolc/dm ³)	4.07	Médio
Mg (cmolc/dm ³)	1.60	Médio
Al+H (cmolc/dm ³)	2.96	Médio
CTC (cmolc/dm ³)	15.39	Alta
SB (cmolc/dm ³)	6.10	Média
Valor V (%) = V1	67.32	Médio
m.o% (g/dm ³)	29.24	Alta
Granulometria %		
Areia	22.50	
Silte	18.75	
Argila %	58.75	
Classificação do solo	Tipo 3	

Anexo 2. Médias de valores genotípicos (V_G) referente à produtividade de grãos (kg ha⁻¹) de 20 genótipos de feijoeiro comum avaliados em oito ambientes no município de Dourados/MS, entre 2015 e 2019.

Ordem	Genótipo	1	2	3	4	Média dos ambiente
-------	----------	---	---	---	---	--------------------

1	1	1550.74	1071.17	1556.52	824.86	1055.56
2	2	1333.84	931.4	1234.39	799.24	1021.90
3	4	905.68	1054.37	1347.15	869.45	1010.56
4	15	819.89	925.17	773.58	875.45	986.31
5	9	1300.03	1047.24	828.53	829.46	986.23
6	17	840.69	1446.55	762.64	770.27	985.34
7	3	1304.86	856.95	1446	778.18	980.91
8	8	853.31	1032.15	825.82	759.95	980.83
9	11	1110.62	911.47	838.63	743.83	962.48
10	13	841.06	914.21	785.31	901.08	956.8
11	12	1253.53	962.44	865.45	706.82	954.75
12	5	1126.91	848.08	917.64	768.03	951.62
13	10	1241.05	833.17	763.19	596.9	943.97
14	7	1033.05	928.15	746.63	671.33	935.03
15	20	1455.12	771.77	758.11	693.64	918.84
16	18	660.8	771.77	876.71	776.37	918.34
17	16	883.45	983.12	805.04	801.18	914.51
18	14	922.39	1013.37	838.54	707.39	911.79
19	19	1352.8	750.12	840.64	559.05	907.01
20	6	896.73	814.55	752.46	578.67	900.51

CAPÍTULO 2

Ordem	Genótipo	5	6	7	8	Média dos ambientes
1	1	913.22	1283.14	1430.97	695.68	1055.56
2	2	750.6	1416.87	1508.35	774.37	1021.9
3	4	810.56	1305.05	1575.94	686.47	1010.56
4	15	861.13	1589.43	1556.49	737.66	986.31
5	9	770.01	1283.49	1438.64	737.66	986.23
6	17	832.68	1539.98	1176.53	752.85	985.34
7	3	733.73	961.96	1313.62	650.84	980.91
8	8	849.55	1694.47	1262.28	767.17	980.83
9	11	750.49	1056.54	1595.65	722.87	962.48
10	13	738.86	1283.68	1522.59	645.92	956.8
11	12	791.31	1074.45	1156.38	787.27	954.75
12	5	803.86	832.88	1475.82	770.76	951.62
13	10	823.64	1186.89	1276.76	691.15	943.97
14	7	815.05	1253.5	1154.36	657.35	935.03
15	20	686.85	640.53	1274.38	701.32	918.84
16	18	787.32	1038.42	1329.82	769.49	918.34
17	16	737.87	928.45	1070.44	697.97	914.51
18	14	856.14	780.44	1063.15	679.57	911.79
19	19	830.43	690.75	936.08	819.11	907.01
20	6	737.87	850.06	1298.19	739.58	900.51

DIVERGÊNCIA GENÉTICA ENTRE GENÓTIPOS DE FEJOEIRO COMUM CULTIVADOS NA REGIÃO CENTRO SUL DE MATO GROSSO DO SUL

SILVA, P. C. **Divergência genética entre genótipos de feijoeiro comum cultivados na região Centro sul de Mato Grosso do Sul.** Tese (Doutorado em Agronomia) - Universidade Federal da Grande Dourados, Dourados-MS.

RESUMO

Em programas de melhoramento genético do feijoeiro, um dos aspectos mais importantes se dá na escolha dos genitores que participarão dos cruzamentos, para que se obtenha uma população de base genética ampla. Os esforços devem ser concentrados nas combinações entre os genótipos mais divergentes e promissores, aumentando as chances de obtenção de linhagens superiores nas gerações segregantes. Dessa forma, este trabalho teve como objetivo, estimar a divergência genética entre 20 genótipos de feijoeiro comum e identificar parentais promissores para processo de hibridação, por diferentes métodos e avaliar o relacionamento dos agrupamentos; e identificar os caracteres de maior contribuição para a dissimilaridade genética. Foram conduzidos oito experimentos entre os anos de 2015 e 2019 em área de campo, na fazenda experimental da Universidade Federal da Grande Dourados, em Dourados/MS. Vinte genótipos de feijoeiro comum foram instalados no delineamento em blocos casualizados, com três repetições. Foram realizadas as análises de divergência genética com base na média dos 20 genótipos nos oito ambientes, por meio dos métodos de Tocher, dispersão gráfica das variáveis canônicas, e mapas auto-organizáveis de Kohonen, e estimada importância relativa dos caracteres. Evidenciou-se a existência de variabilidade genética entre os genótipos em estudo. De forma geral, os métodos de agrupamentos apresentaram semelhanças para representar a divergência genética entre os genótipos avaliados. Os métodos de Tocher e Kohonen, apresentaram a maior concordância entre si para os agrupamentos. Os genótipos mais divergentes e potenciais identificados foram o 1, 6 e 19, podendo ser indicadas como genitoras em futuros processos de cruzamentos artificiais. Os caracteres que apresentaram a maior contribuição relativa para a divergência e diferenciação dos genótipos foram a produtividade, massa de cem grãos e número de vagens por planta.

Palavras chaves: *Phaseolus vulgaris* L.; dissimilaridade genética; métodos de agrupamento; mapas auto-organizáveis de Kohonen.

SILVA, P. C. **Genetic divergence between common bean genotypes cultivated in the south Central region of Mato Grosso do Sul.** Tese (Doutorado em Agronomia) - Universidade Federal da Grande Dourados, Dourados-MS.

ABSTRACT

In common bean breeding programs, one of the most important aspects is the choice of parents who will participate in the crosses, in order to obtain a population with a broad genetic base. Efforts should be concentrated on combinations between the most divergent and promising genotypes, increasing the chances of obtaining superior lines in segregating generations. Thus, this work aimed to estimate the genetic divergence between 20 common bean genotypes and to identify promising parents for the hybridization process, by different methods and to evaluate the relationship of the clusters; and to identify the characters with the greatest contribution to the genetic dissimilarity. Eight experiments were conducted between 2015 and 2019 in a field area, at the experimental farm of the Federal University of Grande Dourados, in Dourados/MS. Twenty common bean genotypes were installed in a randomized block design, with three replications. Genetic divergence analyzes were performed based on the average of the 20 genotypes in the eight environments, using Tocher's methods, graphic dispersion of canonical variables, and Kohonen's self-organizing maps, and estimated relative importance of characters. The existence of genetic variability among the genotypes under study was evidenced. In general, the clustering methods showed similarities to represent the genetic divergence between the evaluated genotypes. The Tocher and Kohonen methods showed the highest agreement among themselves for the clusters. The most divergent and potential genotypes identified were 1, 6 and 19, which could be indicated as parents in future processes of artificial crosses. The characters that presented the greatest relative contribution to the divergence and differentiation of the genotypes were productivity, mass of one hundred grains and number of pods per plant.

Keywords: *Phaseolus vulgaris* L; genetic dissimilarity; cluster methods; self-organizing maps of Kohonen.

1. INTRODUÇÃO

Em programas de melhoramento genético de plantas, um dos aspectos mais importantes se dá na escolha dos genitores que participarão dos cruzamentos, para que se obtenha uma população de base genética ampla na qual a seleção atuará. O melhoramento do feijoeiro baseia-se, principalmente, na hibridação de cultivares e linhagens superiores,

para a obtenção de populações segregantes, sendo de grande importância o conhecimento da dissimilaridade entre os genitores para a indicação dos cruzamentos, visando maximizar a heterose e a possibilidade de ocorrência de segregação em recombinações (Borém & Carneiro, 2015; Correa & Gonçalves, 2012; Cruz et al., 2014).

Para a determinação da divergência genética, podem ser utilizados métodos biométricos, para estimar a dissimilaridade, por meio de técnicas de análise multivariadas. Dentre os métodos destacam-se, as variáveis canônicas e os métodos de agrupamento, como o de otimização de Tocher. A dissimilaridade pode ser quantificada por variáveis quantitativas pela distância Euclidiana e distância generalizada de Mahalanobis (Cruz et al., 2014).

Recentemente, também se tem empregado o uso de técnicas de redes neurais artificiais para realizar a classificação de genótipos. Redes neurais artificiais (RNA's) são técnicas computacionais que apresentam um modelo inspirado na estrutura neural do cérebro humano e que adquirem conhecimento por meio de experiência (Haykin, 2008).

No melhoramento genético de plantas, entre os modelos de RNA, pode-se destacar para uso o modelo de rede do Mapas auto-organizáveis de Kohonen (SOM), que é indicado para agrupamento de genótipos e reconhecimento de padrões. Possui a vantagem de não exigir do pesquisador a aplicação de um conhecimento prévio (origem e organização) dos genótipos, e poder fornecer subsídios para a atualização ou mesmo formulação de novas teorias acerca do problema (Barbosa et al., 2011).

Nesse sentido, o investimento em estudo de metodologias que possibilitem a identificação de genótipos de feijoeiro divergentes e promissores, para potenciais cruzamentos, torna-se de fundamental importância para o melhoramento genético da cultura, podendo auxiliar, a obtenção de novas cultivares, adaptadas às diferentes condições edafoclimáticas do Brasil, e particularmente para a região Sul do estado de Mato Grosso do Sul. A maior disponibilidade de cultivares de feijoeiro pode propiciar aos produtores rurais locais a possibilidade de agregar valor com a comercialização do produto final gerado, e conseqüentemente contribuir para o aumento da economia estadual.

2. OBJETIVOS

2.1 GERAL

Estimar a divergência genética entre 20 genótipos de feijoeiro comum, visando à identificação de genótipos promissores para recombinações superiores, por métodos multivariados e redes neurais artificiais.

2.2 ESPECÍFICOS

Verificar o relacionamento dos agrupamentos, entre os métodos de análise multivariada de otimização de Tocher, dispersão gráfica de variáveis canônicas e redes neurais artificiais pelos mapas auto-organizáveis de Kohonen.

Identificar entre os caracteres avaliados, aqueles que mais contribuíram para a diferenciação dos genótipos avaliados.

3. MATERIAL E MÉTODOS

3.1 Material genético e condições ambientais dos experimentos

Vinte genótipos de feijoeiro comum, sendo 15 linhagens pré-comerciais, e cinco testemunhas, foram utilizados no presente estudo. Sendo as linhagens pré comerciais oriundas do cruzamento dos genitores FEIS-L113 e carioca branco, provenientes do banco de germoplasma do programa de melhoramento genético da Universidade Estadual Paulista “Júlio de Mesquita Filho” (UNESP), Campus Ilha Solteira, SP (Tabela 1).

Foram conduzidos oito experimentos, entre os anos de 2015 e 2019, em três épocas distintas de plantio (dados apresentados tabela 2), em área da Fazenda Experimental de Ciências Agrárias (FAECA), da Universidade Federal da Grande Dourados (UFGD), localizada no município de Dourados/MS. A FAECA está localizada com as coordenadas de 22°13'15" de latitude Sul, 54°48'21" de longitude Oeste e 430 m de altitude. Sendo o solo do local do tipo latossolo vermelho distroférico (LVdf) (informações sobre os atributos químicos do solo se encontram no anexo 1).

O clima da região de Dourados, segundo a classificação de Köppen é do tipo Cwa classe climática caracterizada como clima temperado úmido, com verões quentes e invernos secos, temperaturas máximas durante os meses de dezembro e janeiro e as temperaturas mínimas entre maio e agosto (Fietz & Fisch, 2008).

Tabela 1. Relação dos 20 genótipos de feijoeiro comum utilizados no experimento.

Genótipos	Cultivar
-----------	----------

1	1	Linhagem
2	2	Linhagem
3	3	Linhagem
4	4	Linhagem
5	5	Linhagem
6	6	Linhagem
7	7	Linhagem
8	8	Linhagem
9	9	Linhagem
10	10	Linhagem
11	11	Linhagem
12	12	Linhagem
13	13	Linhagem
14	14	Linhagem
15	15	Linhagem
16	IAC Una	Cultivar
17	IAC Imperador	Cultivar
18	IAC Formoso	Cultivar
19	IAC Milênio	Cultivar
20	IAC Alvorada	Cultivar

As informações meteorológicas de temperatura média e pluviosidade acumuladas das épocas de condução dos experimentos em campo foram obtidas da estação climatológica da Embrapa Agropecuária Oeste (CPAO) - Dourados/MS, no período de 2015 a 2019 (Tabela 2). Os experimentos de acordo com a disponibilidade da FAECA receberam irrigação durante o ciclo da cultura.

Tabela 2. Caracterizações dos ambientes experimentais e informações meteorológicas referentes aos anos de 2015 a 2019.

Ambiente	Épocas feijão	Ano	Temp. média ¹	Pluviosidade Acumulada ²
S-2015-2	2 ^a época: seca	2015	22,0°C	492mm
S-2016-3	3 ^a época: inverno	2016	20,3°C	179mm
S-2016-1	1 ^a época: águas	2016	25,4°C	434mm
S-2017-2	2 ^a época: seca	2017	21,4°C	368mm
S-2018-3	3 ^a época: inverno	2018	22,8°C	650mm
S-2018-1	1 ^a época: águas	2018	26,2°C	388mm
S-2019-2	2 ^a época: seca	2019	22,4°C	111mm
S-2019-3	3 ^a época: inverno	2019	24,3 °C	124mm

Temperatura média durante o ciclo da cultura; ² Precipitação pluviométrica acumulada durante o ciclo da cultura, nos anos de 2015 a 2019 (Embrapa CPAO, 2021).

Os ambientes compreenderam a combinação dos fatores local (Dourados), ano e época sendo: 1) 2015 durante a 2^a época do feijoeiro (época da seca) (S2015-2); 2) 2016

na 3ª época do feijoeiro (época inverno) (S2016-3); 3) 2016, na 1ª época de feijoeiro (época das águas) (S2016-1); 4) 2017 na 2ª época (S2017-2); 5), 2018 na 3ª época (S2018-3); 6) 2018 na 1ª época (S2018-1); 7) 2019 na 2ª época (S2019-2); e 8) 2019 na 3ª época (S2019-3) (Tabela 2).

3.2 Condução experimental

Foi adotado o delineamento experimental de blocos casualizados com três repetições para os 8 experimentos. A semeadura foi realizada de forma manual com 15 sementes por metro, correspondendo a uma população de 300.000 plantas ha⁻¹. Cada parcela foi composta por quatro linhas de 4 metros, com espaçamento de 0,45 metros entre linhas e 0,90 metros entre parcelas, considerando-se como área útil as duas linhas centrais.

O preparo do solo e a abertura de sulcos de plantio foi de maneira mecanizada. A adubação foi efetuada manualmente com a fórmula 0-20-20 em dose de 280 kg.ha⁻¹. Após os plantios, foram realizados os acompanhamentos periódicos dos genótipos, verificando o desenvolvimento das plantas, proliferação de pragas e de vegetação espontânea, realizando o controle quando necessário por meio de aplicação de controle químico para as pragas, e capina com enxada entre as linhas para controle da vegetação espontânea.

A colheita dos experimentos, foram realizadas a partir dos 90 dias após a emergência, quando as plantas e as vagens estavam completamente secas, sendo debulhadas em uma trilhadeira experimental.

Foram avaliadas em campo as características de altura média de plantas (ALT), utilizando para as mensurações uma régua métrica, posicionada em nível do solo até a inserção da primeira folha trifoliolada superior, em dez plantas competitivas da parcela, em cm; altura média de inserção de vagem (ISV), utilizando para as mensurações régua métrica posicionada em nível do solo até a inserção da primeira vagem, nas mesmas plantas em que foi mensurada a AP, em cm.

Posteriormente, as características de pós-colheita, foram mensuradas no laboratório de Melhoramento Vegetal da Faculdade de Ciências Biológicas e Ambientais da UFGD, sendo elas: número de vagem por plantas (NVP), obtida pela média de vagens de dez plantas, tomadas aleatoriamente na parcela no momento da colheita; número de grãos por vagens (NGV) média de grãos de cinco vagens por plantas (as mesmas utilizadas para NVP); massa de cem grãos (M100), dada pela contagem dos grãos que posteriormente foram

pesados em balança semi-analítica; e produtividade de grãos, em kg ha^{-1} (PROD), com a pesagem da produção dos grãos de cada parcela em balança semi-analítica.

Para a análise estatística, a produtividade foi corrigida para estande ideal pelo método de covariância e para a umidade uniforme de 13,0%, utilizando-se a metodologia da covariância média proposta por Vencovsky e Barriga (1992) por meio da expressão:

$$\text{PROD} = \frac{P(1-U)}{(1-0,13)}$$

Em que,

PROD = produtividade corrigida para a umidade ideal de 13%;

P = produtividade observada;

U = umidade observada.

3.3 Análises estatísticas

Os dados coletados foram compilados e posteriormente submetidos às análises estatísticas. Os procedimentos estatísticos constituíram-se inicialmente da análise de variância conjunta dos experimentos nos oito ambientes, para avaliar a existência de variabilidade associada aos genótipos e a interação genótipo x ambiente; e o teste de média de Scott Knott a 95%.

Posteriormente, com base na média dos genótipos nos oito ambientes, foram realizadas as análises estatísticas multivariadas para os métodos de agrupamentos de Tocher e dispersão gráfica das variáveis canônicas, a partir da matriz de distâncias de Mahalanobis. A importância relativa dos caracteres foi calculada utilizando-se o método proposto por Singh (1981).

A técnica de redes neurais artificiais foi baseada no modelo de mapas auto-organizáveis (SOM) proposto por Teuvo Kohonen (1981). O modelo de Kohonen é uma rede de duas camadas, uma de entrada e outra de saída competitiva de unidades processadoras com uma abordagem tradicional não supervisionada. A camada de saída, organiza os dados em um mapa topológico, organizando os neurônios em relacionamento de vizinhança, a partir de um início aleatório (Kohonen 1998). Foram preestabelecidas 9 classes organizacionais para o SOM, com a função de ativação utilizando a distância euclidiana. Os dados foram computados utilizando as funções dos programas computacionais Genes (Cruz, 2016) e R (R Development Core Team, 2018).

4. RESULTADOS E DISCUSSÃO

Por meio da análise de variância conjunta, para a fonte de variações dos genótipos, foram constatadas diferenças estatísticas significativa pelo teste F para todas características avaliadas (1%: M100, NVP, NGV e 5%: PROD e ISV), exceto ALT, o que indica a existência de variabilidade entre os genótipos para essas características (Tabela 3).

A variação significativa associada aos genótipos, ambientes e genótipos x ambientes (GxA), indica que o comportamento entre os mesmos diferiu em função das variações ambientais existentes entre os ambientes de cultivo, possibilitando a identificação de constituições genéticas de melhor desempenho *per se* para as características analisadas (Tabela 3). As acurácias estimadas, em geral, foram boas e de elevada magnitude, com valores entre 56% á 92%, apontando boa precisão experimental (Resende & Duarte, 2007). Dessa forma, com a rejeição da hipótese de igualdades dos valores associados as médias das características, justifica-se o uso de técnicas multivariadas, objetivando estudos de dissimilaridade genética e a seleção de genótipos promissores (Nardino et al., 2017).

Tabela 3. Resumo da análise de variância conjunta para produtividade de grãos kg ha⁻¹ (PROD), massa de cem grãos (M100), número de vagens por planta (NVP), número de grãos por vagem (NGV), altura de plantas (ALT) e inserção de vagem (ISV) para 20 genótipos de feijoeiro comum avaliados em oito ambientes nos anos de 2015 á 2019 em Dourados/MS.

F.V	Quadrados Médios			
	G.L	PROD	M100	NVP
Gen. (G)	19	226984.11*	72.95**	69.51**
Amb.(A)	7	2652946.02**	584.29**	945.20**
G x A	133	133551.79**	27.27**	31.38**
Resíduo	304	19386.45	11.36	13.04
Média	.	958.36	19.31	12.01
AS (f _g)	.	0.92	0.79	0.73
F.V	G.L	NGV	ALT	ISV
Gen. (G)	19	1.33**	129.09 ^{ns}	51.85*
Amb.(A)	7	37.21**	4334.80**	1178.77**
G x A	133	0.56**	87.51*	30.57**
Resíduo	304	0.40	63.66	14.45
Média	.	4.43	49.40	15.51
AS (f _g)	.	0.75	0.56	0.63

F.V: fonte de variação; GL: Grau de liberdade. ^{ns}, **, *, não significativo, Significativo a 1% e 5% de probabilidade respectivamente, pelo teste F. Gen.: genótipo; Amb.: ambiente; AS: acurácia seletiva.

As medidas de dissimilaridade genética (Anexo 2), estimadas a partir da Distância Generalizada de Mahalanobis (D^2) apresentaram magnitude de 0.07 a 3.55 evidenciando amplitude na variabilidade genética para os genótipos avaliados. Segundo Oliboni et al. (2012) a divergência genética está relacionada com o grau de distância entre as linhagens no conjunto de caracteres genéticos que diferem entre as populações. Em que, na maioria dos casos a distância genética é positivamente correlacionada com a heterose.

As combinações entre os genótipos 1 x 19 (3.55) e 17 x 19 (3.02), apresentaram estimativas de D^2 mais elevadas, sendo os pares mais divergentes, e recomendados para cruzamentos quando se visa a maximizar a heterose nas progênes, destacando-se a combinação entre 1 (linhagem experimental) x 19 (cultivar) visando a PROD, NVP e NGV, com os maiores e menores valores, respectivamente (Anexo 2).

A menor divergência foi observada entre os pares 11 x 13 (0.07), e 8 x 15 (0.07) (Anexo 2). Tais pares de genótipos, por apresentarem mesmo padrão de similaridade, não são recomendados para utilização em programas de melhoramento genético por hibridação, para que a variabilidade genética, não seja restrita, de modo a inviabilizar os ganhos a serem obtidos por seleção (Correa & Gonçalves, 2012).

Nesse contexto, a identificação e formação de grupos é de fundamental importância na escolha dos genitores, pois as novas combinações a serem estabelecidas devem ser baseadas na magnitude de suas dissimilaridades e no potencial *per se* dos genitores (Cruz et al., 2014).

O método de otimização de Tocher, utilizando as médias dos genótipos nos oito ambientes (análise conjunta), proporcionou a formação de seis grupos distintos (Tabela 4). O grupo I contemplou 55% dos genótipos de feijão (11, 13, 15, 8, 4, 17, 10, 12, 14, 9 e 16); o grupo II apresentou 20% dos genótipos (5, 18, 3 e 6) e o grupo III 10% dos genótipos (19 e 20), com as maiores médias de M100 e ISV (Tabela 4).

Os demais grupos foram formados cada um com um único genótipo, sendo: grupo IV (7) com a maior ALT; grupo V (2); e grupo VI (1), que apresentou a maior PROD, NVP e NGV. Os valores médios dos caracteres para cada genótipo dos grupos podem ser observados no anexo 3.

Tabela 4. Agrupamento pelo método de otimização de Tocher, com base na distância generalizada de Mahalanobis de 20 genótipos de feijoeiro comum avaliados em oito ambientes nos anos de 2015 a 2019 em Dourados/MS.

Grupos	Genótipos											% genótipos
I	11	13	15	8	4	17	10	12	14	9	16	55
II	5	18	3	6								20
III	19	20										10
IV	7											5
V	2											5
VI	1											5

A ocorrência de genótipos agrupados isoladamente indica uma ampla divergência genética, de modo que estes divergem mais em relação aos agrupados nos demais conjuntos formados em relação as características mensuradas (Cruz et al., 2014; Vaz et al., 2017). Santos et al. (2015) em seu trabalho do estudo da divergência genética de feijoeiro comum visando a seleção de genitores, também observaram pelo método de Tocher a ocorrência de genótipos em grupos isolados, indicando a dissimilaridade destes em relação aos demais.

O método de Tocher geralmente reuni um maior número de genótipos nos primeiros grupos e os indivíduos agrupados isoladamente nos últimos grupos, o que facilita a projeção dos trabalhos de melhoramento, fato corroborado nos trabalhos de Gonçalves et al. (2019) e Tavares et al. (2018), avaliando a divergência genética na cultura do feijoeiro.

A partir do método de otimização de Tocher foi estimada a dissimilaridade intergrupos. As maiores distâncias encontradas, foram entre os genótipos dos grupos I e III (43.48) e para os grupos I e II (33.21) (Tabela 5). A seleção de genótipos contidos em grupos contratantes, podem maximizar a probabilidade da recombinação de alelos favoráveis e ampliar a base genética (Santos et al., 2019). Outro fator que deve ser levado em consideração para a orientação nos cruzamentos, além das distâncias, é o desempenho dos genótipos, principalmente, quando são envolvidas as características de maior interesse da cultura, como a produtividade e o peso da massa de grãos do feijoeiro.

Tabela 5. Distâncias médias intergrupos estimadas pelo método de otimização de Tocher, com base na dissimilaridade de 20 genótipos de feijoeiro comum avaliados em oito ambientes nos anos de 2015 a 2019 em Dourados/MS.

Grupos	I	II	III	IV	V	VI
I	-	33.21	43.48	14.79	8.61	8.47
II			11.10	5.05	2.93	7.71
III				2.33	3.89	6.08
IV					1.71	2.36
V						1.37
VI						-

*Em negrito estão destacadas as maiores distâncias médias intergrupos.

Atendido estes requisitos, tem-se grande possibilidade de seleção de genótipos transgressivos, devido à ocorrência de heterose e a ação de genes complementares (Falconer & Mackay, 1996). Sendo assim, tornam-se interessante os cruzamentos entre o grupo III e I para a massa de cem grãos (M100), uma vez que estes que contém os genótipos de maiores e de menor valor para esse caráter, respectivamente.

As menores distancias foram observadas entre os genótipos dos grupos IV e V (1.31), V e VI (1.71), II e IV (2.33) e IV e VI (2.36), indicando possuírem certas similaridades em relação aos caracteres (Tabela 5). De acordo com Cruz et al. (2014) menores distâncias evidenciam que o intercruzamento dos genótipos contidos nos respectivos grupos, podem não ser indicado para a obtenção de progênes superiores devido a similaridade genética, podendo apresentar baixa heterose, nas gerações segregantes.

Para as estimativas dos autovalores (λ_i) correspondentes as variáveis canônicas (VC_i), dentre as 6 variáveis, para os 20 genótipos de feijoeiro, observou-se que as três primeiras variáveis explicaram 84,57% da variação total, sendo para a primeira 53,53%, a segunda 18,15% e para a terceira 12,89% (Tabela 6). Atendendo o critério que para a descrição da divergência é desejável que as duas ou três primeiras variáveis expliquem ao menos 80% da variação total (Cruz et al., 2014). Resultados semelhantes foram obtidos por Cabral et al. (2011), em que também verificaram que as três primeiras variáveis explicaram mais de 80% da variação total (82,16%) estudando a diversidade genética entre acessos de feijão comum.

Tabela 6. Estimativas das variâncias (autovalores) e variâncias percentuais acumuladas das variáveis canônicas, visando estimar a dissimilaridade genética entre 20 genótipos de feijoeiro comum avaliados em oito ambientes nos anos de 2015 a 2019 em Dourados/MS.

Variáveis Canônicas	Autovalores λ_i (Variância)	Variância acumulada (%)
VC ₁	53.53	53.53
VC ₂	18.15	71.68
VC ₃	12.89	84.57
VC ₄	8.14	92.72
VC ₅	5.26	97.99
VC ₆	2.00	100.0

No gráfico de dispersão das linhagens, elaborado com base nas três primeiras variáveis canônicas (Figura 1), observa-se a formação de seis grupos, sendo o grupo I formado pelos genótipos 19 e 20; grupo II genótipos 7 e 18; grupo III: 6; Grupo IV: 1; Grupo V: 11, 12, 13, 14, 16, 3 e 5; Grupo VI: 2, 9, 17, 15, 10, 4 e 8, sendo estes últimos os grupos mais numerosos.

O genótipo 1, manteve-se em um grupo isolado por meio das variáveis canônicas, sendo concordante com o método de Tocher. Para o agrupamento dos genótipos 19 e 20, também houve concordância entre os métodos, mantendo as mesmas em um mesmo grupo. O genótipo 7 em que no método de Tocher ficou de forma isolada, pelas variáveis canônicas foi agrupado junto ao 18. O genótipo 2 que também havia sido isolado pelo método de Tocher, pelas variáveis canônicas foi incorporado ao grande grupo (grupo VI) junto a outros seis genótipos. O genótipo 6 que fazia parte do segundo maior grupo (grupo II) pelo método de Tocher, foi alocado de forma isolada pelas variáveis canônicas, apresentando os menores valores de PROD e ALT em relação aos demais genótipos.

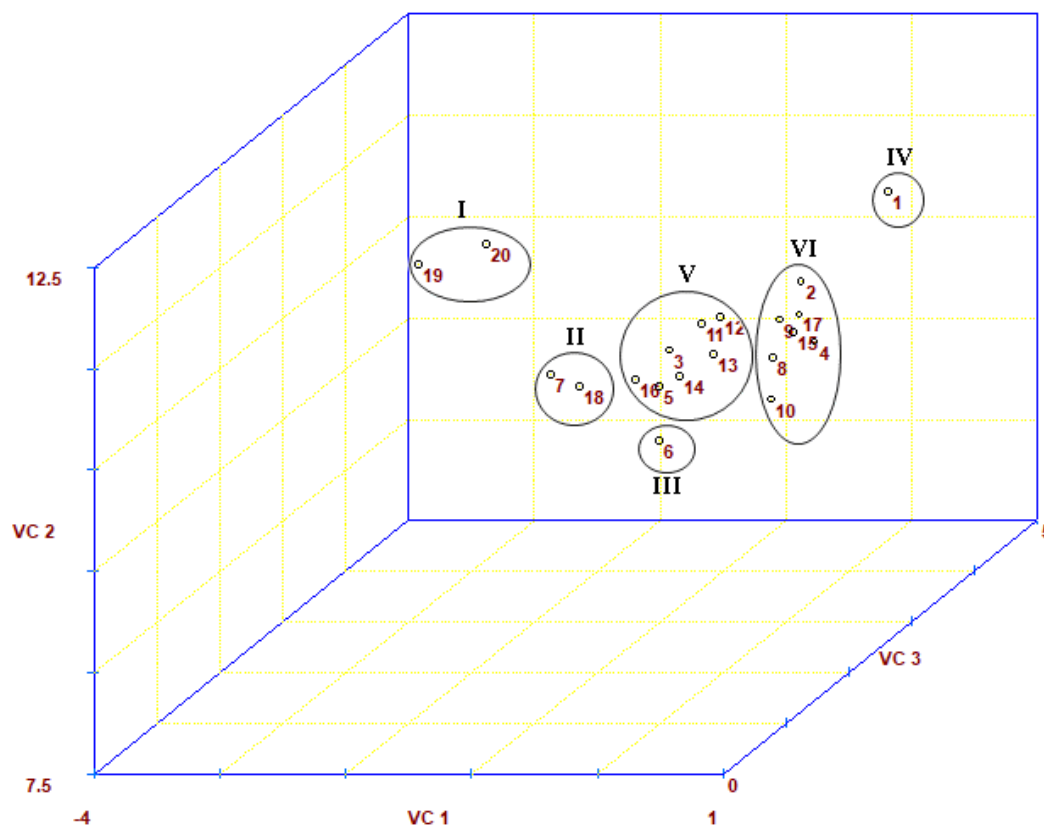


Figura 1. Dispersão de escores de 20 genótipos de feijoeiro comum em relação a três variáveis canônicas (VC1, VC2 e VC3), tendo como base em seis caracteres morfoagronômicos.

Essas diferenças podem ser explicadas em função da metodologia de estimação dos agrupamentos. O método das variáveis canônicas avalia o grau de similaridade genética entre genitores, levando consideração tanto a matriz de covariância residual quanto a de covariância fenotípica entre os caracteres avaliados (Cruz et al. 2014). Enquanto o método de Tocher requer a obtenção da matriz de dissimilaridade, sobre a qual é identificado o par de indivíduos mais similares que darão início aos agrupamentos, preconizando sempre as maiores distâncias entre grupos em relação à distância dentro dos grupos (Rao, 1952; Cruz et al., 2014).

De forma geral, os métodos de agrupamento de Tocher e variáveis canônicas concordaram parcialmente, destacando o genótipo 1 de forma isolada e a alocação do 19 e 20 em um mesmo grupo. Sulzbacher et al. (2017) e Ferrão et al. (2002), em seus estudos de análise da divergência genética em genótipos de feijão comum também observaram concordâncias parciais em seus estudos entre os respectivos métodos de aferição.

Por meio da técnica de redes neurais artificiais, empregando o método de Mapa auto-organizáveis de Kohonen, dos nove grupos pré estabelecidos, seis classes foram preenchidas, formando seis grupos (Figura 2). Os genótipos foram organizados em diferentes classes. A classe 1 (linha 1 coluna 1), foi constituída por três genótipos; classe 2 foram alocados três genótipos; para a classe 3 e 4 não ocorreu a classificação de genótipos; para a classe 5 quatro genótipos; classe 6 por oito genótipos; classe 7 sem a presença de genótipos; classe 8 e 9 por um genótipo, destacando-se pela dissimilaridade em relação as demais classes.

As classes onde os genótipos são classificados no mapa, são consideradas regiões de organização da diversidade genética. As classes contêm indivíduos que possuem certa similaridade com a classe vizinha (primeiro vizinho), as classes mais divergentes constituem as regiões dos extremos (não cooperam) e as classes intermediárias ficam constituídas ao centro do mapa (segundo vizinho). Desse modo, genótipos contidos nas classes que não cooperam, apresentam maior dissimilaridade, podendo ser consideradas as mais distantes geneticamente. As formações das classes/grupos podem ser observadas na Figura 3.

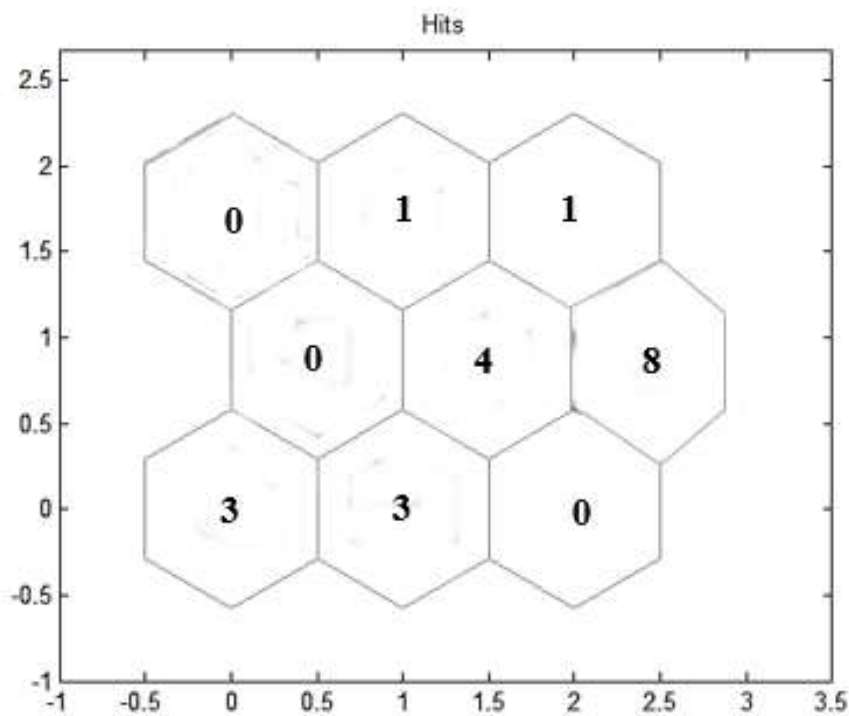


Figura 2. Mapa auto-organizável de Kohonen para nove classes de classificação, formadas por meio de rede neural artificial.

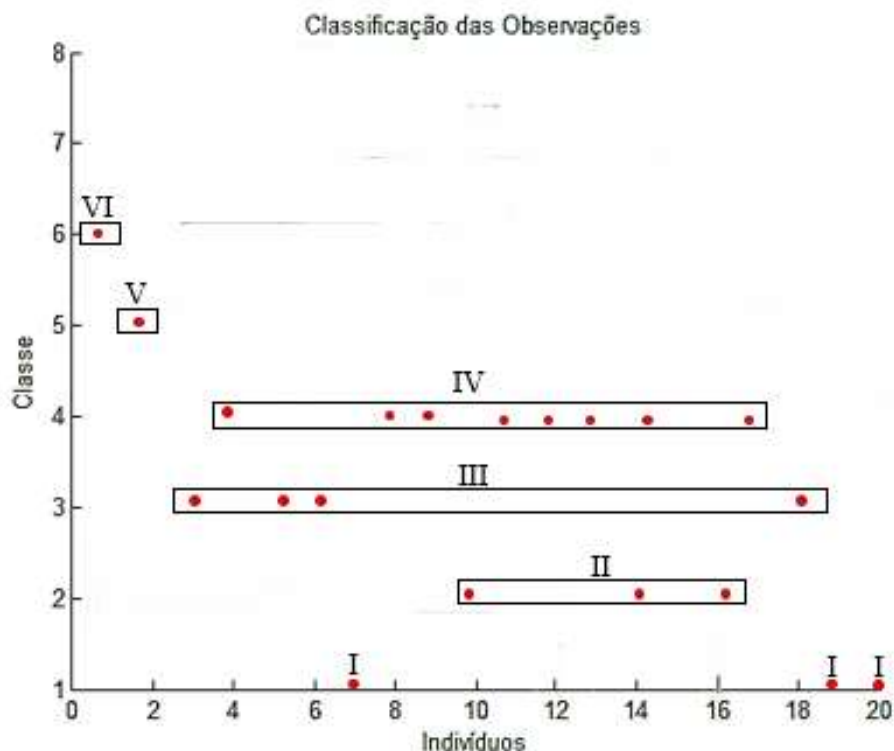


Figura 3. Mapa auto-organizável de Kohonen, classificação das observações dos agrupamentos dos genótipos nas classes formadas por meio de rede neural artificial.

O grupo I foi constituído com os genótipos 7, 19 e 20 (maiores ALT e ISV); grupo II pelos genótipos 10, 14 e 16; grupo III pelos genótipos 3, 5, 6 e 18; grupo IV pelos genótipos 4, 8, 9, 11, 12, 13, 15 e 17; grupo V com o genótipo 2 (segunda maior média de PROD); e grupo VI pelo 1 (maior PROD, NVP e NGV) (Figura 3).

Os genótipos 2 e 1, foram alocados em grupos isolados (grupos V e VI, respectivamente), indicando serem os mais divergentes em relação aos demais de acordo com o método de Kohonen (concordando com o método de Tocher). O grupo II tem como vizinho mais próximo (segundo vizinho) o grupo III, indicando baixa dissimilaridade genética entre os mesmos. Os grupos III e IV são intermediários ao grupo VI apresentando certo grau de similaridade.

Em relação aos cruzamentos intergrupos, os genótipos do grupo I (7, 19, 20) são os mais indicados para cruzamentos com o genótipo do grupo VI (1), devido a distância organizacional (não cooperam) entre os grupos no mapa (Figura 2). O genótipo 1 (grupo VI) apresenta os maiores valores para PROD, NVP, NGV, no entanto, os genótipos 7, 19 e 20 (grupo I) contrastam com os menores valores para essas características, contudo, tem as melhores média de M100, apresentando complementariedade em relação as principais características de interesse da cultura do feijoeiro.

Os métodos de Tocher, variáveis canônicas e Kohonen, concordaram em relação ao isolamento do genótipo 1 em um grupo. Também ocorreu concordância pelo método de Tocher e Kohonen em relação ao isolamento do genótipo 2, enquanto que para variáveis canônicas este foi alocado em um grande grupo. Variáveis canônicas isolou o 6, para os demais métodos 6 foi agrupado junto aos genótipos 5, 3 e 18. O genótipo 7 por Kohonen foi agrupado como 19 e 20, enquanto que para variáveis canônicas o agrupamento foi realizado com o 18, e pelo método de Tocher o genótipo 7 ficou isolado. Os genótipos 14, 16 e 10 que constituíam um agrupamento por Kohonen, passaram a fazer parte dos grandes grupos pelo método de Tocher e variáveis canônicas.

Em geral, o método de mapa auto-organizáveis de Kohonen, apresentou maior semelhança aos agrupamentos realizados pelo do método de Tocher e as maiores diferenças em relação ao método das variáveis canônicas. O método SOM de Kohonen, se baseia na distância Euclidiana para o cálculo de dissimilaridade, enquanto o método de Tocher e variáveis canônicas são baseados no cálculo de distância de Mahalanobis. A distância Euclidiana é uma distância geométrica, que possibilita maiores inferências sobre a dissimilaridade fenotípica, enquanto a distância generalizada de Mahalanobis é baseada nas correlações e quantifica a dissimilaridade genética (Cargnelutti Filho & Storck, 2009; Cruz et al. 2014), fator este provavelmente responsável pelas diferenças observadas entre as técnicas avaliadas.

Ressalta-se a importância da aplicação e associação dos resultados apresentados por diferentes metodologias, uma vez que cada uma apresenta uma particularidade na análise dos dados e na discrepância genética. Desse modo, o que um método não consegue captar o outro pode vir a identificar e complementar a análise, conferindo maior segurança na discriminação e seleção dos genótipos em estudo, como exemplo, o isolamento do genótipo 6 pelo método das variáveis canônicas.

A escolha de genitores para cruzamentos deve ser baseada na dissimilaridade genética aferida pelos diferentes métodos, bem como suas características biológicas. Os genótipos mais divergentes e potenciais foram 6 apresentando as menores PROD, M100 e ALT; 19 com as maiores M100, ALT, contudo menores NVP e NGV; 1 com as maiores PROD, NVP e NGV.

A indicação do genótipo 6 e 19, pode ser interessante, apesar dos valores médios baixos do genótipo 6 para PROD, M100 e ALT, e do 19 para NVP e NGV. A escolha de genitores que possivelmente apresentem genes com *locus* homozigotos recessivos é uma maneira estratégica, para se obter o maior êxito nos cruzamentos com linhagens de alelos

dominantes e assim, obter o vigor híbrido e manifestação das características de interesse na descendência.

A análise para estimar a contribuição relativa dos seis caracteres morfoagronômicos para a expressão da divergência genética, foi estimada segundo o método de Singh (1981) baseado na distância Generalizada de Mahalanobis. Os caracteres de PROD (32.68%), M100 (28.13%) e NVP (13,27%) foram os que mais contribuíram para a divergência total entre os 20 genótipos de feijoeiro avaliados (Figura 4). Benin et al. (2002) avaliando a diversidade genética entre genótipos de feijoeiro, também concluíram que as variáveis de maior importância para a dissimilaridade genética foram a produtividade e a massa de cem grãos.

São justificáveis os caracteres de produtividade proporcionarem a maior contribuição relativa, visto que a análise reuniu genótipos distintos, entre genótipos provindos de cruzamentos e cultivares comerciais, em que as variações foram contrastantes, em relação à produtividade. As médias variaram entre 1184.66 kg ha⁻¹ (genótipo 1) a 821,95 kg ha⁻¹ (genótipo 6). Para a massa de cem grãos ocorreram variações entre 23.96 gramas (genótipo 19) a 17.19 gramas (genótipo 10) .

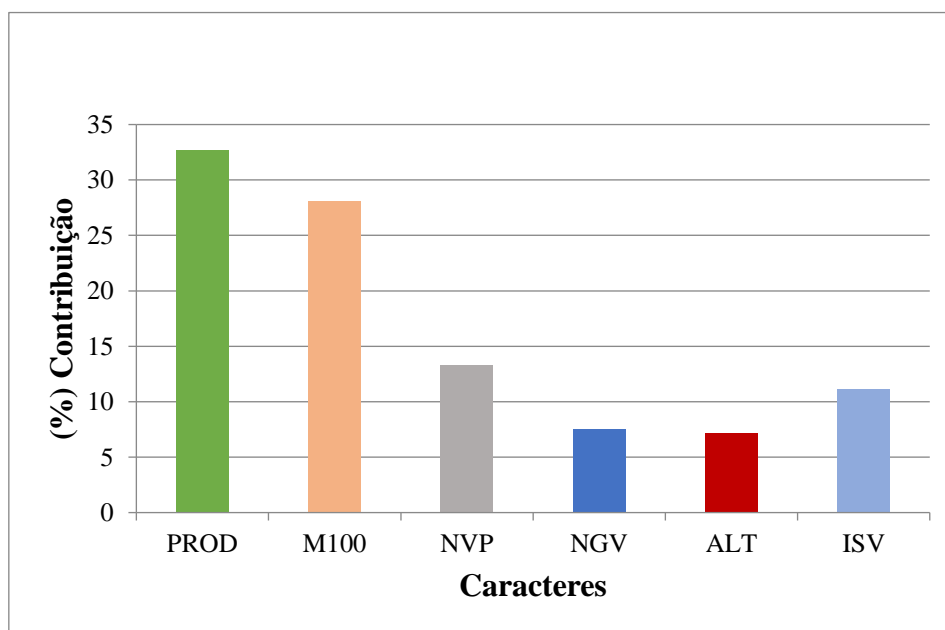


Figura 4. 4. Contribuição relativa dos caracteres morfoagronômicos produtividade de grãos (PROD em kg ha⁻¹), massa de cem grãos (M100), número de vagens por planta (NVP), número de grãos por vagem (NGV), altura de plantas (ALT) e inserção de vagem (ISV) para a expressão da divergência genética baseada na distância Generalizada de Mahalanobis (D^2), entre 20 genótipos de feijoeiro comum avaliados em oito ambientes nos anos de 2015 a 2019 em Dourados/MS

De acordo com Coelho et al. (2007), em trabalhos desenvolvidos com a cultura do feijoeiro, os caracteres relacionados à produtividade apresentam alta discriminação em populações mais uniformes, o que corrobora com as características dos genótipos no presente estudo, pois dentre os 20 genótipos, 15 são linhagens pré comerciais oriundas do cruzamento entre os genitores FEIS-L113 e carioca branco, que apesar da segregação, progenitores em comum, podem gerar uniformidade em seus descendentes.

5. CONCLUSÕES

Pelas metodologias empregadas, foi possível evidenciar a existência de diversidade genética entre os 20 genótipos de feijoeiro comum em estudo.

De forma geral, os métodos de agrupamentos apresentaram semelhanças para representar a divergência genética entre os genótipos avaliados.

Os métodos de Tocher e mapas auto-organizáveis de Kohonen, apresentaram a maior concordância entre si para os agrupamentos.

Os genótipos mais divergentes e potenciais identificados foram o 1, 6 e 19, podendo ser indicados como genitores em futuros processos de cruzamentos artificiais.

Os caracteres que apresentaram a maior contribuição relativa para a divergência e diferenciação dos genótipos foram a produtividade, massa de cem grãos e número de vagens por planta.

6. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICA

- ARDINO, M.; BARETTA, D.; CARVALHO, I.R.; FOLLMANN, D.N.; FERRARI, M.; PELEGRIN, A.J.D.; SOUZA, V.Q.D.(2017). Divergência genética entre genótipos de milho (*Zea mays* L.) em ambientes distintos. **Revista de Ciências Agrárias**, v.40, n.1, p.164-174.
- BARBOSA, C. D., VIANA, A. P., SILVA, S., QUINTAL, R., & PEREIRA, M. G.(2011) Artificial neural network analysis of genetic diversity in *Carica papaya* L . **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v.11, n.3, p. 224–231.
- BENIN, G.; CARVALHO, F. I. F. de; ASSMANN, I C.; CIGOLINI, J.; CRUZ, P. J.; MARCHIORO, V. S.; LORENCETTI, C; SILVA, J. A. G. (2022) Identificação da dissimilaridade genética entre genótipos de feijoeiro comum (*Phaseolus vulgaris* L.) do grupo preto. **Revista brasileira Agrociência**, v. 8, p .179 -184.
- BORÉM, A., CARNEIRO, J.E.S. (2015). A cultura. In: CARNEIRO et al. **Feijão: do plantio à colheita**. Viçosa: UFV, p.9-15.
- CABRAL, P. D. S.; SOARES, T. C. B.; LIMA, A. B. de P.; ALVES, D. de S.; NUNES, J. A.(2011). Diversidade genética de acessos de feijão comum por caracteres agronômicos. **Revista Ciência Agronômica**, v.42, p 898 - 905.
- CARGNELUTTI FILHO, A.; STORCK, L. (2009). Medidas do grau de precisão experimental em ensaios de competição de cultivares de milho. **Revista Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, 44: 111-117.
- COELHO, C.M.M.; COIMBRA, J.L.M.; SOUZA, C.A.; BOGO, A.; GUIDOLIN, A.F. (2007). Diversidade Genética em acessos de feijão (*Phaseolus vulgaris* L.). **Ciência Rural**, v.37, n.5, p.1241-1247.
- CORREA, A. M.; GONÇALVES, M. C. (2012) Divergência genética em genótipos de feijão comum cultivados em Mato Grosso do Sul. **Revista Ceres**, v.59, n.2, p.206-212.
- CRUZ, C.D., CARNEIRO, P.C.S., REGAZZI, A.J. (2014) **Modelos biométricos aplicado ao melhoramento genético**. Viçosa: UFV, 3. ed., v. 2, p. 668.
- CRUZ, C. D. (2016). Genes Software – extended and integrated with the R, Matlab and Selegen **Acta Scientiarum**, Maringá, v.38, n.4, p.547-552.
- EMBRAPA - ESTAÇÃO CLIMATOLÓGICA EMBRAPA AGROPECUÁRIA OESTE (CPAO) DE DOURADOS-MS. **Guia e Clima**, 2021. Disponível em: <<http://www.cpa.o.embrapa.br/clima/?lc=site/estatisticas/estatisticas-ver-dados>>. Acesso em: 20 nov. 2021.
- FALCONER, D.S., MACKAY, T.F. (1996) **Introduction to quantitative genetics**. 4^a ed. Londres, Longman Group. 464 p.

FERRÃO, M. A. G.; VIEIRA, C.; CRUZ, C. D.; CARDOSO, A. A. (2002). Divergência genética em feijoeiros em condições de inverno tropical. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, n. 38, p.1089 -1098.

FIETZ, R. C., FISCH, G. F. (2008). **O clima da região de Dourados, MS**. Documentos: Embrapa Agropecuária Oeste, ISSN 1679-043X, ed.2, p.32.

GONÇALVES, G.M.C., MEDEIROS, A.M., LOPES, A.C.A., GOMES, R.L.F. (2019). Genetic dissimilarities between fava bean accessions using morphoagronomic characters. **Revista Caatinga**, v. 32, n. 4, p. 1125 – 1132.

HAYKIN, S. (2008). **Neural Networks and Learning Machines**. 3rd ed. Pearson - Prentice Hall, Hamilton, p. 938.

KOHONEN, T (1998). Self-organized formation of topologically correct feature maps. **Biological Cybernetics**, v43, p.59-69.

NARDINO, M., BARETTA, D., CARVALHO, I. R., FOLLMANN, D. N., FERRARI, M., PELEGRIN, A. J. D., ... & SOUZA, V. Q. D. (2017). Divergência genética entre genótipos de milho (*Zea mays* L.) em ambientes distintos. **Revista de Ciências Agrárias**, 40(1), 164-174.

OLIBONI, R.; FARIA, M. V.; NEUMANN, M.; BATTISTELLI, G. M.; TEGONI, R. G.; RESENDE, J. T. V. (2012). Genetic divergence among maize hybrids and correlations with heterosis and combining ability. **Acta Scientiarum**, v. 34, n. 1, p. 37-44.

R Development Core Team (2018) **R: A language and environment for statistical computing**. Vienna, R Foundation for Statistical Computing. 2673p.

RAO, C. R. (1952). **Advanced statistical methods in biometric research**. New York: J. Wiley, p. 390, 1952.

RESENDE, M. D. V.; DUARTE, J. B. (2007). Precisão e controle de qualidade em experimentos de avaliação de cultivares. **Pesquisa Agropecuária Tropical Brasileirs**, v. 37, n. 03, p. 182-194.

SANTOS, A. DOS.; BRAGA, D. C.; CORREA, A. M.; MELO, C. L. P. DE.; SILVA, J. A. DOS.; LIMA, A. R. S.; Y RODRIGUES, E. V. (2015). Escolha de genitores de feijão-comum baseado na divergência genética. **Revista Agrarian**, v.8, n.29, p.235-245.

SANTOS P.R.J., BARELLI M.A.A., FELIPIN-AZEVEDO R.V.P., GILIO T.A.S. (2019). Genetic divergence among landraces and improved common bean genotypes in the central-southern region of Mato Grosso state in Brazil. **Genetic Molecular Research**, n.18, v.2.

SINGH, D. (1981). The relative importance of characters affecting genetic divergence. **The Indian Journal of Genetics e Plant Breeding**, v.41, p.237-245.

SULZBACHER, L. J.; SILVA, V. P.; ZAGO, B. W.; CORRÊA, C. L.; DUARTE, A. V. M.; BARELLI, M. A. A. Análise da divergência genética através de caracteres

agronômicos em genótipos de feijão comum. **Revista Espacios**, v. 38, n.23, p. 26-38, 2017.

TAVARES, T. C. O., SOUSA, S. A., VELOSO, D.A. (2018). Divergência genética entre cultivares de feijão comum cultivados no estado do Tocantins. **Revista de Agricultura Neotropical**, v. 5, n. 3, p. 76-82.

VAZ DE MELO, A., COLOMBO, G.A., DO VALE, J.C., SANTANA, W.D. & FERNANDES, M.S. (2017). Estratégias de seleção entre progênies meios-irmãos de milho-pipoca no cerrado Tocantinense. **Brazilian Journal of Applied Technology for Agricultural Science**, n. 10, p. 41-50.

VENCOVSKY, R., BARRIGA, P. (1992). **Genética Biométrica no Fitomelhoramento**, Sociedade Brasileira de Genética, Ribeirão Preto, 496p.

7. ANEXOS

Anexo 1. Análise de solo (00-20cm) referente a área do experimento localizado na Fazenda Experimental da UFGD em Dourados/MS. Amostra realizada pelo laboratório de análise de solo da Universidade Federal da Grande Dourados (UFGD) em Dourados/MS.

Analíticos	Valor	Interpretação
pH (CaCl ₂)	5.28	.
pH (H ₂ O)	5.95	.
P (mg/dm ³)	7.75	.
K (mg/dm ³)	0.43	Médio
Ca (cmolc/dm ³)	4.07	Médio
Mg (cmolc/dm ³)	1.60	Médio
Al+H (cmolc/dm ³)	2.96	Médio
CTC (cmolc/dm ³)	15.39	Alta
SB (cmolc/dm ³)	6.10	Média
Valor V (%) = V1	67.32	Médio
m.o% (g/dm ³)	29.24	Alta
Granulometria %		
Areia	22.50	
Silte	18.75	
Argila %	58.75	
Classificação do solo	Tipo 3	

Anexo 3. Agrupamento de média para 20 genótipos de feijoeiro comum, referente as médias dos oito experimentos, pelo teste de Scott-Knott, para produtividade de grãos (PROD em kg ha⁻¹), massa de cem grãos (M100), número de vagens por planta (NVP), número de grãos por vagem (NGV), altura de plantas (ALT) e altura de inserção de vagem (ISV), para 20 genótipos de feijoeiro comum avaliados em oito ambientes nos anos de 2015 á 2019 em Dourados/MS.

	PROD	M100	NVP	NGV	ALT	ISV
1	1184.66 a	19.80 b	14.92 a	4.79 a	47.66 b	15.63 b
2	1105.92 b	18.45 c	12.27 b	4.11 b	51.43 b	14.15 b
3	1010.03 c	19.33 b	8.67 c	4.32 b	48.43 b	14.22 b
4	1079.40 b	17.39 c	11.56 b	4.64 a	48.90 b	14.70 b
5	941.52 d	18.32 c	10.04 c	4.16 b	49.83 b	15.35 b
6	821.95 e	18.15 c	12.05 b	4.19 b	45.78 b	14.88 b
7	902.70 d	19.58 b	8.80 c	4.65 a	54.49 a	17.62 a
8	1009.84 c	18.21 c	11.77 b	4.63 a	47.80 b	13.92 b
9	1022.49 c	18.26 c	13.34 a	4.65 a	52.48 a	15.14 b
10	923.62 d	17.19 c	13.79 a	4.52 a	47.13 b	15.49 b
11	966.91 d	19.90 b	12.05 b	4.50 a	49.01 b	14.39 b
12	948.85 d	19.78 b	13.68 a	4.66 a	47.80 b	15.99 b
13	953.63 d	18.72 c	12.27 b	4.39 a	49.67 b	14.96 b
14	848.35 e	19.67 b	13.62 a	4.64 a	47.27 b	14.72 b
15	1022.67c	18.25 c	13.01 a	4.61 a	48.60 b	14.72 b
16	854.70 e	18.90 b	12.91 a	4.46 a	51.20 a	17.34 a
17	1020.40 c	19.15 b	13.32 a	4.54 a	46.27 b	13.45 b
18	863.68 e	19.42 b	10.29 c	4.10 b	49.86 b	16.59 a
19	837.16 e	23.96 a	10.01 c	4.02 b	52.60 a	18.54 a
20	864.83	23.77 a	11.82 b	4.18 b	51.84 a	18.39 a