

UNIVERSIDADE ESTADUAL PAULISTA “JÚLIO DE MESQUITA FILHO”
FACULDADE DE ENGENHARIA
CÂMPUS DE ILHA SOLTEIRA

JOÃO ÉDINO ROSSETTO

**INTERAÇÃO GENÓTIPOS POR ÉPOCAS DE SEMEADURA DE FEIJOEIRO
COMUM EM RELAÇÃO A DOENÇAS FOLIARES EM CERRADOS DE BAIXA
ALTITUDE**

Ilha Solteira

2018

UNIVERSIDADE ESTADUAL PAULISTA “JÚLIO DE MESQUITA FILHO”
FACULDADE DE ENGENHARIA
CÂMPUS DE ILHA SOLTEIRA

JOÃO ÉDINO ROSSETTO

**INTERAÇÃO GENÓTIPOS POR ÉPOCAS DE SEMEADURA DE FEIJOEIRO
COMUM EM RELAÇÃO A DOENÇAS FOLIARES EM CERRADOS DE BAIXA
ALTITUDE**

Dissertação apresentada à Faculdade de Engenharia do Campus de Ilha Solteira-UNESP, como parte dos requisitos para a obtenção do Título de Mestre em Agronomia. Especialidade: Sistemas de Produção.

Prof. Drº. BRUNO ETTORE PAVAN
Orientador

Ilha Solteira

2018

FICHA CATALOGRÁFICA

Desenvolvido pelo Serviço Técnico de Biblioteca e Documentação

R829i Rossetto, João Édino.
Interação genótipos por épocas de semeadura de feijoeiro comum em relação a doenças foliares em cerrados de baixa altitude / João Édino Rossetto.
-- Ilha Solteira: [s.n.], 2018
55 f. : il.

Dissertação (mestrado) - Universidade Estadual Paulista. Faculdade de Engenharia de Ilha Solteira. Especialidade: Sistemas de Produção, 2018

Orientador: Bruno Ettore Pavan
Inclui bibliografia

1. AMMI. 2. Distância de Mahalanobis. 3. *Phaseolus vulgaris* L. 4. *Phaeoisariopsis griseola* (Sacc.) Ferraris. 5. *Xanthomonas axonopodis*.


Raiane da Silva Santos

CERTIFICADO DE APROVAÇÃO

TÍTULO DA DISSERTAÇÃO: Interação genótipos por épocas de semeadura de feijoeiro comum em relação a doenças foliares em cerrados de baixa altitude

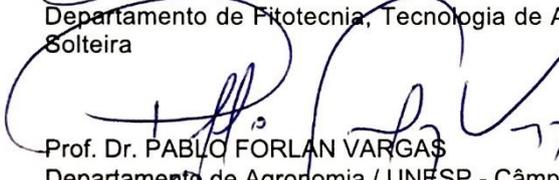
AUTOR: JOÃO ÉDINO ROSSETTO

ORIENTADOR: BRUNO ETTORE PAVAN

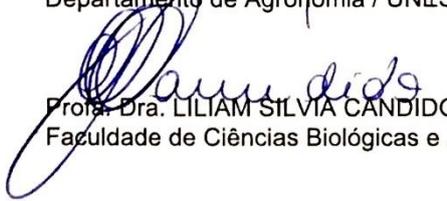
Aprovado como parte das exigências para obtenção do Título de Mestre em AGRONOMIA, especialidade: SISTEMAS DE PRODUÇÃO pela Comissão Examinadora:


Prof. Dr. BRUNO ETTORE PAVAN

Departamento de Fitotecnia, Tecnologia de Alimentos e Sócio Economia / Faculdade de Engenharia de Ilha Solteira


Prof. Dr. PABLO FORLAN VARGAS

Departamento de Agronomia / UNESP - Câmpus Experimental de Registro


Prof.ª Dra. LILIAM SILVIA CANDIDO

Faculdade de Ciências Biológicas e Ambientais - FCBA / Universidade Federal da Grande Dourados

Ilha Solteira, 22 de fevereiro de 2018

OFEREÇO

Aos Meus Pais, *Sônia Ap. Lobo Rossetto e Jaédino Rossetto;*

Meu Irmão, *Jainer Jacson Rossetto;*

Minha Filha, *Ana Luíza Tirelli Rossetto e*

Minha Noiva, *Stella Tosta Leal.*

Que estiveram sempre ao meu lado me ajudando e apoiando-me em todos os momentos.

Ofereço com carinho.

AGRADECIMENTO ESPECIAL

A Deus pelas oportunidades que tem me agraciado com a colaboração da realização do presente Mestrado. Ao Professor Dr. Bruno Ettore Pavan que acreditou em minha capacidade e me orientou com esplendor durante toda esta etapa de vida.

AGRADECIMENTOS

Agradeço a DEUS por ter me dado forças e ânimo para não desistir dos meus objetivos, proporcionando-me a conclusão de mais uma etapa da vida que se consuma neste trabalho.

À minha Família e meus amigos que foram de fundamental importância, mostrando-me o quanto a união e o amor ao próximo são essenciais para que tudo dê certo na vida, sempre me apoiando e amparando nas horas tristes e alegres nunca deixando que eu desistisse desse grande sonho e fazendo o máximo para que este se realizasse, com a cumplicidade e amor incondicional.

A Stella Tosta Leal, minha noiva, que foi fundamental nesta realização, com todo o seu companheirismo, sempre me apoiando e incentivando, com toda sua sabedoria e carisma, não me deixando desanimar.

Àqueles que me mostraram os grandes valores da vida, que formaram meu caráter, me educaram e sempre me mostraram o caminho da honestidade.

Em especial ao Silvelise Pupin por todo o ensinamento, auxílio e extensão de seu conhecimento, e ao grupo de pesquisa de Melhoramento do Prof. Bruno E. Pavan (orientados de graduação e pós-graduação), que foi de grande valia para a execução prática de todo projeto de pesquisa.

Aos colegas de turma que se tornaram companheiros de uma das etapas de minha vida.

Novamente ao Professor Dr. Bruno Ettore Pavan, orientador e amigo, pela dedicação e disponibilidade sempre em dedicação, pelo profissional que se demonstrou ser, orientando-me sempre para que atingisse um resultado positivo, com incentivo nas mais diversas decisões tomadas.

Aos membros das bancas examinadoras do exame de qualificação e defesa, Prof. Dr. Alan Rodrigo Panosso, Prof. Dr. Orivaldo Arf, Prof^a. Dra. Liliam Silvia Candido e Prof. Dr. Pablo Forlan Vargas, pelas valiosas contribuições diante da colaboração com o desenvolvimento da pesquisa e sugestões. Vocês contribuíram para o aperfeiçoamento desse trabalho e para meu crescimento acadêmico. Muitíssimo obrigado!

Gostaria também de deixar os meus agradecimentos à UNESP campus de Ilha Solteira pela possibilidade de realizar essa pesquisa e a toda equipe da FEPE (Fazenda de Ensino Pesquisa e Extensão), pois sem eles o presente trabalho não seria possível.

Gostaria também de deixar os meus agradecimentos à UNESP, Faculdade de Engenharia de Ilha Solteira, e a CAPES pela possibilidade de realizar essa pesquisa.

RESUMO

O Feijão comum (*Phaseolus vulgaris* L.) é uma das principais fontes alimentares no Brasil, agregado tanto por valores culturais como nutricionais. Seu cultivo pode ser encontrado pequenos e grandes produtores, e em diferentes níveis tecnológicos, e se estende por todo o território Nacional. O potencial produtivo do feijoeiro está em muito ligada a sanidade de plantas, tendo os patógenos como os principais responsáveis pelas quedas em produção. O trabalho objetivou verificar a interação genótipo x ambiente, procedendo com a estratificação ambiental de épocas de semeadura afim de recomendar a melhor época que possibilite a discriminação entre os genótipos e a seleção dos genótipos mais adaptados e estáveis em relação ao ataque de Mancha Angular e Crestamento Bacteriano Comum em cerrado de baixa altitude. Os experimentos foram conduzidos no período de: Junho, Agosto, Outubro e Dezembro de 2015 e Março e Abril de 2016, na Fazenda de Ensino, Pesquisa e Extensão da Faculdade de Engenharia de Ilha Solteira (FEIS), situada no município de Selvíria-MS. O delineamento experimental adotado foi em blocos casualizados, onde foram usados 20 genótipos, sendo 5 deles comerciais, IAC – Una, IAC – Imperador, IAC – Formoso, IAC – Milênio, IAC – Alvorada; e 15 provenientes do programa de melhoramento da FEIS. Para a fonte de variação “ambiente” foram utilizadas as seis épocas de semeadura. Os caracteres avaliados foram: incidência de Crestamento Bacteriano Comum e Mancha Angular. Os parâmetros genéticos e componentes de variância foram obtidos pelo procedimento REML/BLUP. As metodologias MHPRVG (Média Harmônica da Performance Relativa dos Valores Genéticos), AMMI (Additive Main effects and Multiplicative Interaction) e Dendograma baseado na distância de Mahalanobis foram utilizadas para estudo estratificação ambiental, estabilidade e adaptabilidade. Os resultados apontaram que houve interação entre genótipos e ambientes, gerando ambientes favoráveis e não favoráveis a incidência de Mancha Angular e Crestamento Bacteriano Comum. Foi possível detectar os ambientes (épocas) que proporcionaram boa discriminação dos genótipos (A1, junho de 2015 e A6, abril de 2016) e os melhores genótipos para estabilidade e tolerância simultânea (G11 e G5).

Palavras-chave: AMMI. Distância de Mahalanobis. *Phaseolus vulgaris* L. *Phaeoisariopsis griseola* (Sacc.) Ferraris. *Xanthomonas axonopodis*.

ABSTRACT

Common Bean (*Phaseolus vulgaris* L.) is one of the main food sources in Brazil, aggregated both by cultural and nutritional values. Its cultivation can be found both small and large producers, and at different technological levels, and extends throughout the national territory. The productive potential of the bean plant is closely related to plant health, with pathogens being the main cause of falls in production. The objective of this work was to verify the genotype x environment interaction, proceeding with the environmental stratification of sowing times in order to recommend the best season that allows discrimination between the genotypes and the selection of the most adapted and stable genotypes in relation to the attack of angular spot and blight bacterial in cerrado of low altitude.

The experiments were conducted in the period of: June, August, October and December of 2015 and March and April of 2016, in the Fazenda de Ensino, Pesquisa e Extensão da Faculdade de Engenharia de Ilha Solteira (FEIS), located in the municipality of Selvíria-MS . The experimental design was randomized blocks, where 20 genotypes were used, 5 of them commercial, IAC - Una, IAC - Imperador, IAC - Formoso, IAC - Milênio, IAC - Alvorada; and 15 from the FEIS breeding program. For the "environment" variation source, the six sowing times were used. The evaluated characters were: incidence of Bacterial and Angular Spotting. The genetic parameters and variance components were obtained by the REML / BLUP procedure. The methodologies MHPRVG (Harmonic Mean of Relative Performance of Genetic Values), AMMI (Additive Main effects and Multiplicative Interaction) and Dendrogram based on Mahalanobis distance were used to study environmental stratification, stability and adaptability. The results indicated that there was interaction between genotypes and environments, generating favorable environments and not favoring the incidence of Angular Spot and Bacterial Crust. It was possible to detect the environments (seasons) that provided good discrimination of the genotypes (A1, June 2015 and A6, April 2016) and the best genotypes for stability and simultaneous tolerance (G11 and G5).

Key words: AMMI. Mahalanobis distance. *Phaseolus vulgaris* L. *Phaeoisariopsis griseola* (Sacc.) Ferraris. *Xanthomonas axonopodis*.

LISTA DE TABELAS

Tabela 1	Efeito aleatórios: B, A, GA e Resíduo e fixo: G.....	25
Tabela 2	Resumo das análises de variância de seis épocas de semeadura e conjunta para incidência de Crestamento Bacteriano Comum (acima) e Mancha Angular (abaixo) em feijoeiro comum no período de junho de 2015 a abril de 2016, Selvíria MS.....	30
Tabela 3	Análise de variância e decomposição da interação G x A pelo modelo AMMI, para o caráter incidência de Crestamento Bacteriano Comum (acima) e Mancha Angular (abaixo) em Selvíria-MS.....	35
Tabela 4	Estimativas de parâmetros genéticos e componentes de variância em progênies de feijoeiro para incidência de Crestamento Bacteriano Comum e Mancha Angular, para análise conjunta de 20 genótipos de feijão avaliados em seis épocas.....	43
Tabela 5	Ordenação dos genótipos com base em Incidência de Crestamento Bacteriano Comum para: Ganho genético (g); Estabilidade (MHVG); Adaptabilidade (PRVG); Estabilidade e adaptabilidade (MHPRVG); Ganho de Seleção (GS (%)) para os 5 melhores genótipos. Para o agrupamento de 6 épocas.....	44
Tabela 6	Ordenação dos genótipos com base em Incidência de Mancha Angular para: Ganho genético (g); Estabilidade (MHVG); Adaptabilidade (PRVG); Estabilidade e adaptabilidade (MHPRVG); Ganho de Seleção (GS (%)) para os 5 melhores genótipos. Para o agrupamento de 6 épocas.....	46

LISTA DE FIGURAS

Figura 1	Localização geográfica da Fazenda de Ensino, Pesquisa e Extensão da FE/UNESP – Campus de Ilha Solteira, em Selvíria/MS, com proximidade a divisa entre os estados de Mato Grosso do Sul e São Paulo.....	22
Figura 2	Dados médios mensal de temperatura e precipitação no período de janeiro de 2015 a dezembro de 2016.....	23
Figura 3	Dados médios mensais de precipitação e umidade relativa do ar no período de janeiro de 2015 a dezembro de 2016.....	23
Figura 4	Dendograma do agrupamento de ambientes pelo método de Ward baseado na distância generalizada de Mahalanobis entre seis ambientes em relação a incidência de Crestamento Bacteriano Comum em 20 genótipos de feijoeiro comum. Ambientes: junho/15 (A1), agosto/15 (A2), outubro/15 (A3) e dezembro/15 (A4) e março/16 (A5) e abril/16 (A6).....	33
Figura 5	Dendograma do agrupamento de ambientes pelo método de Ward baseado na distância generalizada de Mahalanobis entre seis ambientes baseado em dados de doença Mancha Angular em 20 genótipos de feijoeiro comum. Ambientes: junho/15 (A1), agosto/15 (A2), outubro/15 (A3) e dezembro/15 (A4) e março/16 (A5) e abril/16 (A6).....	34
Figura 6	Biplot AMMI1 para incidência de Crestamento Bacteriano Comum em 20 genótipos, testados em seis ambientes: jun/15 (A1), ago/15 (A2), out/15 (A3) e dez/15 (A4) e mar/16 (A5) e abr/16 (A6).....	38
Figura 7	Biplot AMMI1 para incidência de Mancha Angular, em 20 genótipos, testados em seis ambientes: jun/15 (A1), ago/15 (A2), out/15 (A3) e dez/15 (A4) e mar/16 (A5) e abr/16 (A6).....	39
Figura 8	Biplot AMMI2 (IPCA1 x IPCA2) para incidência de Crestamento Bacteriano Comum, em 20 genótipos, testados em seis ambientes: jun/15 (A1), ago/15 (A2), out/15 (A3) e dez/15 (A4) e mar/16 (A5) e abr/16 (A6).....	41
Figura 9	Biplot AMMI2 (IPCA1 x IPCA2) para incidência de Mancha Angular, em 20 genótipos, testadas em seis ambientes: jun/15 (A1), ago/15 (A2), out/15 (A3) e dez/15 (A4) e mar/16 (A5) e abr/16 (A6).....	42

SUMÁRIO

1	INTRODUÇÃO.....	11
2	REVISÃO BIBLIOGRÁFICA.....	13
2.1	Aspectos gerais do feijoeiro (<i>Phaseolus vulgaris</i> L.)	13
2.2	Doenças de importância para a cultura do feijoeiro.....	14
2.3	Aspectos sobre o melhoramento do feijoeiro.....	16
2.3.1	Interação genótipo \times ambientes (G \times A)	17
2.3.2	Métodos para estratificação ambiental.....	18
2.3.3	Análises de adaptabilidade e estabilidade aplicadas ao feijoeiro.....	20
3	MATERIAL E MÉTODOS.....	22
3.1	Localização e caracterização do ambiente do experimento.....	22
3.2	Genótipos avaliados nos experimentos.....	24
3.3	Delineamento experimental.....	24
3.4	Características avaliadas.....	24
3.5	Análises estatísticas.....	25
4	RESULTADOS E DISCUSSÃO.....	29
5	CONCLUSÕES.....	47
	REFERENCIAS.....	48

1 INTRODUÇÃO

O feijão é um dos alimentos consumidos em maior escala pela população brasileira, sendo cultivado em quase todo o país. Sua importância social é devida sua constituição proteica, que pode ser um substituto da proteína animal. É também rico em lisina, um aminoácido considerado essencial ao ser humano, porém deficiente em outros aminoácidos como os sulfurados (ABREU, 2005), o que é facilmente suprida pela associação com o arroz, tornando-se complementares. Devido sua grande importância, faz-se necessário avanços em pesquisas, empenhadas em obter melhores níveis de produtividade além de garantir o abastecimento interno do produto (MESQUITA, 2005).

No Brasil, o cultivo do feijão é normalmente dividido em três épocas, sendo a safra “das águas” que ocorre entre agosto a dezembro, a safra “da seca” que ocorre de janeiro a abril e a safra “de inverno” ocorrendo, dependendo do estado, entre os meses de abril a agosto. Devido a esta divisão e a grande diversidade ambiental no País, a produção do feijão ocorre durante todo o ano, em alguma região (MOREIRA, 2003). No entanto, a produção rentável de grãos, devido à grande diversidade de intempéries ambientais, distintos ambientes e incidência de pragas e doenças (RIBEIRO et al., 2010), limita o plantio em regiões quentes às safras seca e principalmente inverno.

Um das maiores limitações do cultivo do feijoeiro, nas diferentes épocas de regiões quentes, é a alta incidência de doenças causando grandes perdas e produtividade, podendo ser afetada por inúmeras pragas e doenças, sendo aproximadamente 108 fungos, 24 nematoides, 19 vírus e 17 bactérias são citados como patógeno do feijoeiro, desses uma pequena minoria é bastante importante em condições brasileiras (JASPER, 2010).

Em destaque, dentre as mais importantes doenças do feijoeiro, a Mancha Angular, causada por *Phaseoriopsis griseola* (Sacc.), que tem sido apontada como um dos principais patógenos da parte aérea, causando sérios prejuízos, especialmente de abril a julho, quando são observados, nas principais regiões produtoras, temperaturas amenas e orvalho (CAIXETA, 2002). Dependendo das condições ambientais, essa ocorrência pode ser observada em todas as safras (ITO et al., 2002). Outra doença relevante é o Crestamento Bacteriano Comum, causado pela *Xanthomonas axonopodis* pv. *phaseoli* que é a bacteriose mais importante do feijoeiro, ocorrendo principalmente em regiões úmidas e quentes. Provoca redução na colheita entre 10 a 70% em condições de ataque natural, e o agente pode ser transmitido por sementes com alta eficiência (DIAZ, 2000).

Para manter a oferta de grãos, é imprescindível que a cultura possa ser semeada em maior intervalo de tempo em diversas regiões. O feijoeiro necessita ter estabilidade e adaptabilidade fenotípica ao longo das épocas de plantio permitindo produtividades rentáveis ao produtor ao longo do ano, garantindo o abastecimento do mercado consumidor. Estudos de estabilidade e adaptabilidade têm sido realizados por meio de diversos métodos, em espécies de importância econômica, inclusive com o feijoeiro comum, e têm auxiliado na indicação de cultivares com alta capacidade produtiva, estabilidade e adaptabilidade (PEREIRA et. al., 2009).

Assim, faz-se necessário a seleção de genótipos que sejam produtivos e que possuam simultaneamente qualidade de grãos e resistência a doenças comuns em regiões tropicais. A principal dificuldade da seleção que atendam a todos requisitos é proceder com testes de resistência para as doenças em campo, sendo necessário a determinação de épocas ideais para a avaliação dos genótipos. O presente trabalho objetivou verificar a interação genótipo x ambiente, procedendo com a estratificação ambiental de épocas de semeadura afim de recomendar a melhor época que possibilite a discriminação entre os genótipos e a seleção dos genótipos mais adaptados e estáveis em relação ao ataque de Mancha Angular e Crestamento Bacteriano Comum em cerrado de baixa altitude.

2 REVISÃO BIBLIOGRÁFICA

2.1 Aspectos gerais do feijoeiro (*Phaseolus vulgaris* L.)

O feijão apresenta de 20 a 25% de proteína, possuindo elevada relevância socioeconômica, principalmente em conjunto com o arroz, visto que é um alimento muito importante na dieta da população brasileira. Constitui-se em uma das principais fontes de proteína para as populações de baixa renda, o qual é cultivado praticamente em todo o país, e apresenta ainda, como vantagem, a possibilidade de cultivo em três diferentes épocas do ano, definidos como, safras “das águas”, “da seca” e “de inverno”. A rentabilidade da cultura está relacionada diretamente com a produtividade e qualidade de grãos produzidos (BINOTTI et al., 2010).

O lançamento da cultivar Carioca, na década de 70, foi uma das transformações mais relevantes da cultura do feijoeiro comum, que atingiu o desenvolvimento de um novo grupo comercial de grãos no Brasil. Além das alterações nos padrões de consumo e grãos produzidos, fez com que a indústria processasse grãos com qualidades semelhantes para atender as exigências dos consumidores. Logo após, com o lançamento da cultivar Pérola, em 1996, o padrão de exigência foi alterado, a cor mais clara do tegumento e das rajas, os grãos maiores que a cultivar Carioca, o alto rendimento de peneiras durante o processamento e a excelente qualidade culinária, fizeram com que se tornasse o padrão de qualidade de grãos para indústria e pelos consumidores (SILVA, 2015).

Entretanto, a maior parte do mercado consumidor no Brasil ainda é representada pela cultivar carioca, e o feijão preto é o segundo grão mais comercializado no país. Grãos de tegumento de outras cores, como branco, creme, amarelo e vermelho, e com grãos de tamanho médio a grande e de distintos formatos, são denominados feijões de grãos especiais (FERNANDES et al., 2015).

O balanço nacional de feijão, através de consumo e estoque, é formado por produção nacional, importações e exportações (COMPANHIA NACIONAL DE ABASTECIMENTO-CONAB, 2018), variando de acordo com a qualidade dos grãos, momento da oferta/demanda e tipo.

O maior responsável pela variação da quantidade importada é a flutuação sazonal nas safras. Em média, foram importadas aproximadamente 100 mil toneladas nos últimos anos. De toda a importação, o maior destaque é para o feijão preto, seguido pelo feijão de cores (o feijão carioca é o principal representante) e menos que 1% é sendo destinado a outros tipos de feijões (FERREIRA, 2013).

É cultivado ao longo do ano, em quase todos Estados brasileiros, possibilitando constante oferta do grão no mercado. Cultivado tanto para subsistência (baixa tecnificação) quanto em cultivos altamente tecnificados. Alguns fatores são importantes para a obtenção de produto de qualidade, envolvendo cuidados que vão desde a fase de pré-produção, como a seleção da época mais adequada ao plantio, até a fase de comercialização, envolvendo questões relacionadas ao armazenamento (FERES, 2009).

A expectativa de produção nacional para a próxima safra 2017/2018, segundo oitavo levantamento, é de leve redução, com uma produção total de 3.307 mil toneladas (CONAB, 2018). No período atual, a safra 2016/17 apresenta uma significativa recuperação da produtividade e, conseqüentemente, do volume colhido em relação à safra 2015/16, a qual sofreu intensamente com problemas climáticos (CONAB, 2017).

Segundo dados da CONAB, 2018, é prevista uma produtividade média nacional de 1480kg/ha para o cultivo de feijão em cores, 1510kg/ha para feijão preto e 507kg/ha para o feijão caupi, para primeira e segunda safra. A previsão de produtividade para o Estado de São Paulo, é média de 2511kg/ha.

2.2 Doenças de importância para a cultura do feijoeiro

De comum ocorrência em todos os tipos de cultivos, as doenças de plantas são um dos fatores de maior importância associados à baixa produtividade, e sua manifestação é verdadeira em relação ao feijoeiro no Brasil.

De modo geral, no Brasil as doenças foliares mais importantes são a antracnose, a Mancha Angular, o crestamento bacteriano comum e o mosaico dourado, além do mofo branco e a murcha de fusarium, que atingem inicialmente o caule das plantas (BORÉM, 2005).

Como uma alternativa ao manejo integrado de doenças, a resistência genética possui grande importância, por sua característica ecologicamente segura, fácil adoção além de proporcionar até mesmo menores utilizações de defensivos agrícolas (COSTA et. al., 2008).

Apontada com um dos principais patógenos do feijoeiro comum, a Mancha Angular, causada por *Phaeoisariopsis griseola* (Sacc.) Ferraris, é causadora de sérios prejuízos a parte aérea da planta, especialmente nos meses que compreendem entre abril a julho, quando são observados, nas principais regiões produtoras, temperaturas amenas e orvalho (CAIXETA, 2002). Sua severidade tem aumentado no estado de São Paulo na maioria das lavouras, gerando enormes prejuízos em relação a produção. Dependendo das condições ambientais, essa ocorrência pode ser observada em todas as safras (ITO, et. al., 2002). Perdas nas grandezas de 7 a 70% podem ser observadas quando o triângulo das doenças se consolida, ou seja, há

condições favoráveis ao patógeno, ao ambiente e a suscetibilidade das culturas (EMPRESA BRASILEIRA DE PESQUISA AGROPECUÁRIA - EMBRAPA, 2006) neste contexto a região do Mato Grosso do Sul marginal com o estado de São Paulo, também é passível de desenvolvimento da doença.

Como forma de controle da Mancha Angular, pode se utilizar das técnicas de integração de práticas culturais, tanto como a utilização de defensivos agrícolas, que no caso são definidos por fungicidas no tratamento de sementes e aplicação na parte aérea, além da utilização de genótipos resistentes. A utilização de genótipos resistentes, é uma forma eficiente, prática, segura e economicamente mais viável de manejo a patógenos de maneira generalizada. Fontes de resistência ao patógenos foram identificadas diversas vezes (OLIVEIRA et. al., 2004), entretanto, a variabilidade patogênica apresentada pelo fungo, dificulta a obtenção das mesmas pelos programas de melhoramento, conseqüentemente, na maioria das vezes, o produtor não tem outra alternativa a não ser utilizar cultivares suscetíveis tornando assim obrigatório o emprego de produtos químicos (JASPER, 2010; EMBRAPA, 2006).

O Crestamento Bacteriano Comum (CBC), causado pela *Xanthomonas axonopodis* pv. *Phaseoli*, dentre as doenças de origem bacteriana que afetam a cultura do feijoeiro comum é a bacteriose mais importante. Seu desenvolvimento é favorecido em regiões com umidade e temperaturas elevadas, e seus maiores danos ocorrem a 28 °C (RAVA ocorre principalmente em regiões úmidas e quentes. Provoca redução na colheita entre 10 a 70% em condições de ataque natural, e o agente pode ser transmitido por sementes com alta eficiência (COSTA et. al, 2008; DIAZ, 2000).

O aspecto preventivo, deve-se ao crestamento bacteriano, uma vez que não há nenhum produto químico de eficiência comprovada para seu controle. O uso de sementes livres do patógeno é fundamental, sendo também importante evitar o plantio, sempre que possível, em campos que já tenham ocorrido a doença. O patógeno pode sobreviver até 15 anos, e sua sobrevivência é de ocorrência principalmente em plantas daninhas, algumas leguminosas e em sementes. A utilização de cultivares resistentes é uma medida, embora a grande maioria dos cultivares comerciais seja suscetível, e os resistentes apresentam apenas resistência parcial (CENTRO DE INTELIGÊNCIA DO FEIJÃO, 2015; BROETTO, 2017).

Embora em algumas situações a resistências genotípica não seja uma solução completa, ela é uma das mais eficientes e sustentáveis, visto que, minimiza a utilização de químicos, facilitando o manejo, e proporcionando produtividades elevadas, como consequência da condução de plantas saudáveis.

2.3 Aspectos sobre o melhoramento do feijoeiro

No Brasil, os programas de melhoramento de feijão comum, visa prioritariamente o aumento no rendimento de grãos/sementes, resistência a doenças e características das sementes de interesse comercial, como muito explorado pelos órgãos de pesquisa e desenvolvimento como IAC (Instituto Agrônomo de Campinas) e EMPRAPA (Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária). Além destes, existem também outros objetivos muito importantes, como o melhoramento para resistência a seca e colheita mecanizada, porém estes acabam em segundo plano ou são poucos explorados pelos melhoristas (BORÉM, 2005). Outro aspecto importante, porém, pouco explorado pelo melhoramento, é o melhoramento de cultivares adaptadas a condições de temperatura elevadas e altamente produtivas, o que proporcionaria um amplo aspecto de regiões climáticas aptas ao seu cultivo, alterando o dinamismo produtivo e consequentemente a relação econômica com o consumidor final, além de permitir a circulação de produto com menor tempo de prateleira e/ou distância de transporte inferior.

As médias em produtividade por área no Brasil nos últimos anos segundo CONAB, 2015 e CONAB, 2018 variam em torno de 1 ton/ha dependendo da safra, o que distancia em muito das produtividades obtidas em experimentos de monocultivo com alta tecnologia, onde é possível observar valores de 4 ton/ha com cultivares comerciais do IAC em diversos testes de Valor de Cultivo e Uso dispersos pelo Estado de São Paulo (IAC, 2015). Essa produtividade média comparada ao potencial produtivo do feijoeiro, pode ser justificada por vários fatores, incluindo alterações climáticas, como a ausência ou excesso de chuvas e, principalmente, a incidência de pragas e doenças, além de baixa tecnologia no caso de alguns modelos produtivos.

No melhoramento de feijão, os métodos empregados utilizam a variabilidade natural ou a variabilidade recombinada pelo cruzamento entre cultivares diferentes, ou seja, através da introdução de linhagens e/ou cultivares e a seleção de linhas puras, além daqueles que utilizam a hibridação entre duas ou mais linhagens diferentes gerando novas combinações alélicas (PARRELLA, 2006). A forma em que a variabilidade é explorada varia conforme a herdabilidade, de maneira que caracteres qualitativos possam ser explorados já em F₂ ou F₃, enquanto que para os quantitativos como produtividade de grãos somente poderão ser explorados com gerações mais próximas a homozigose no momento em que as linhagens serão avaliadas em experimentos de repetição (RAMALHO, 2001).

De acordo com a Embrapa (2011), para um desenvolvimento satisfatório nos programas de melhoramento, é fundamental o armazenamento da variabilidade em grandes coleções, como

é o caso de bancos de germoplasma, onde em nível mundial grande parte da variabilidade genética das espécies de feijão são mantidas e conservadas.

Tendo como um dos principais objetivos do melhoramento, a resistência a doenças é vista com diversas vantagens, sendo um modelo de menor custo em relação ao controle químico, além de proporcionar menores impactos ao meio ambiente e a população (agricultores e consumidores), devido principalmente sua a menor exposição aos próprios agroquímicos (BESPALHOK et. al., 2011).

Visando o melhoramento para resistência a doenças, as condições de pressão dos patógenos em foco deve ser equilibrada, pois quando está em busca de um genótipo com resistência, não é interessante estar em um ambiente com pouca ou muita pressão do patógeno, de forma que seja difícil a discriminação de genótipos, mas sim em condições satisfatórias em que haja diferenciação entre materiais para o alvo do melhoramento.

2.3.1 Interação genótipos x ambientes (G x A)

A variabilidade fenotípica dos genótipos em diversos ambientes conhecidos é caracterizada como interação de genótipos com ambientes (EBERHART; RUSSEL, 1966). O processo evolutivo, como resultado da interação, ocorre de forma natural nas plantas. Quando tratamos de genótipo e ambiente, tratamos diretamente com o fenótipo, visto que é dado pela soma da interação dos fatores positivos ou negativos do ambiente com o potencial genético do indivíduo (genótipo) em questão. Devido a isso, é possível verificar o aparecimento de genótipos estáveis ou aptos a um determinado ambiente, ou também relacionado ao comportamento geral apto a vários ambientes (LAVORANTI, 2003).

A resposta dos genótipos em relação à variação ambiental pode ser dividida em dois tipos: A previsível, que contempla as características gerais de clima, tipo de solo, comprimento do dia, data de plantio, densidade, método de preparo de solo, colheita entre outros. E a imprevisível, incluindo variáveis ambientais como quantidade e distribuição de chuvas, temperatura e outros fatores climáticos não previsíveis (ALLARD; BRADSHAW (1964, citado por RAMALHO et. al., 2012), porém nem sempre é constatado a existência de interações significativas de G x A nas diferenças genéticas entre os indivíduos ou do efeito dos locais (ZOBEL; TALBERT, 1984). Com relação a interação, esta pode dificultar a recomendação de genótipos com ampla adaptabilidade, influenciando diretamente o ganho de seleção, através de ampliadas e inadequadas estimativas (NAMKOONG et al., 1966). Com o intuito de minimizar os efeitos da interação G x A na escolha de genótipos, podemos identificar cultivares específicas

para cada ambiente; realizar o zoneamento ecológico – estratificação de ambientes e/ou identificar as cultivares com maior estabilidade fenotípica (RAMALHO et al., 2012).

Partindo do pressuposto que o principal objetivo de um programa de melhoramento é selecionar genótipos estáveis e de elevada produtividade, para os mais diversos ambientes (MATHESON; RAYMOND, 1986), o estudo da interação $G \times A$ é fundamental e não deve ficar de fora de um bom programa de melhoramento, garantindo estabilidade e adaptabilidade das novas cultivares.

2.3.2 Métodos para estratificação ambiental

A subdivisão de uma área heterogênea em sub-regiões mais uniformes pode ser descrita como estratificação de ambientes, em que não ocorra interação significativa entre os genótipos.

Diversos métodos podem ser empregados para investigação da estratificação ambiental, como o proposto por Lin (1982), que consiste em agrupar os ambientes cuja interação não é significativa, utilizando a estimativa da soma de quadrados entre genótipos e pares de ambientes; Cruz e Castoldi (1991), que decompõe a interação em parte simples e complexa (CRUZ et al. (2004).

A técnica de estratificação ambiental é fundamental para identificar padrões similares de resposta de genótipos em ensaios de avaliações finais. Desta forma é possível minimizar custos financeiros na redução de números de ambientes.

Additive Main effects and Multiplicative Interaction (AMMI) reúne um modelo aditivo e multiplicativo em busca de esclarecer a relação entre $G \times A$, o que justifica a abordagem ser multivariada. A análise dos componentes principais (ACP) que é uma técnica estatística multivariada, junto com a ANOVA, determina o método AMMI, permitindo um maior detalhamento da soma de quadrados da interação (RAMALHO et. al., 2012).

A análise AMMI obteve aplicabilidade nos últimos anos por explicar a interação $G \times A$ de maneira eficaz, quando comparada aos métodos univariados. A análise de variância, sendo um procedimento univariados por exemplo, possui limitação em encontrar interação entre os fatores. Em alguns casos a $SQ_{G \times A}$ atinge até 50% da SQ_{Total} e mesmo assim, a interação não atinge significância estatística. Segundo ainda o autor, há análises em que o método AMMI captou cerca de 71% da $SQ_{G \times A}$ enquanto que apenas 8% foi captado pelo método de regressão linear. Sendo assim, o método AMMI é mais eficiente quando o interesse é a recomendação de genótipos através da interação em ambientes que proporcionem produtividade promissora para determinada cultura. (GODOI, 2013)

A estratificação ambiental, por meio do agrupamento dos diversos ambientes em grupos de ambientes homogêneos pode ser verificado pelas técnicas multivariadas, calculando as distâncias entre pares de ambientes e posteriormente aplicando métodos de agrupamentos que permitam identificar ambientes similares. Uma das medidas de dissimilaridades mais empregadas é distância generalizada de Mahalanobis, quando as características mensuradas são realizadas em genótipos, em delineamento experimental, com repetições, tendo como principal vantagem por considerar as correlações entre os caracteres analisados através de matriz de variâncias e covariâncias residuais quando comparado as distancias euclidiana média padronizada. (REIS, 2007).

Prasanthha Chadra Mahalanobis foi o criador do método que leva o seu sobrenome, Mahalanobis, o qual foi criado em 1936. Essa metodologia multivariada pode ser considerada uma estatística muito rica em informações e independente de escala de medida (SARTORIO, 2008).

Santos (2005) aponta que a distância de Mahalanobis, é mais apropriada para o cálculo entre distancias do que o método de distância Euclidiana, em estudos de seleção de pré cultivares de soja.

Os métodos de Agrupamento, dentre os métodos preditivos, apresentam destaque por reunir via critério diverso de classificação, genitores ou ambientes (épocas), proporcionando homogeneidade dentro do grupo e heterogeidade entre os grupos, proporcionando a seleção de ambientes ou genótipos mais assertivos.

No método de Ward, baseado na distância generalizada de Mahalanobis, é um método hierárquico aglomerativo, apresentando resultados para diferentes níveis de agregação. A principal desvantagem é que sua alocação de um objeto em um cluster é irrevogável, o seja, uma vez incluído em um cluster ele nunca será removido e ligado a outro agrupamento. Devido a sua minimização de variação interna, esse método tende a resultar em tamanhos aproximadamente iguais, sendo que em cada estágio, é combinado os dois grupos que apresentarem menor aumento na soma global de quadrados dentro dos agrupamentos (CALLEGARO et. al., 2015; SEIDEL et. al., 2008).

2.3.3 Análises de adaptabilidade e estabilidade aplicadas ao feijoeiro

A cultura do feijão é delimitada por ciclo anual, apresentando desenvolvimento relativamente precoce, e isso é determinante quanto sua sensibilidade as condições ambientais (ROSSE; VENCCOVSKY, 2000).

Segundo Redden et al. (2000) e Dalla Corte et al. (2003), devido a diversidade ambiental na qual o cultivo é submetido, é verificável a existência tem alterações de desempenhos dos cultivares nos diversos ambientes. Contudo, é desejável um comportamento previsível, quanto as altas produtividades de grãos e precocidade. As plantas não devem apresentar somente alta capacidade de produtividade de grãos, mas também estabilidade produtiva para obter boas produtividades de grãos em diferentes ambientes (OMAR et al., 1999).

Devido ao cultivo do feijão ocorrer em três distintas safras no decorrer de um ano agrícola, o efeito safra pode ser analisado como previsível, devidos as condições distintas, quando em análise da interação G x A em face previsível e imprevisível.

Para a identificação de cultivares previsíveis, ou responsivos as variações ambientais, são de fundamental importância as análises de adaptabilidade e estabilidade (CRUZ; REGAZZI, 2003). Essas estimativas possibilitam a avaliação do real impacto de seleção e asseguram alto grau de confiabilidade na recomendação de genótipos para um determinado local ou grupo de ambientes (ROSADO et al., 2012).

De acordo com Carbonell et. al. (2007), as interpretações de estabilidade e adaptabilidade na cultura do feijão tem sido predita a partir das estatísticas média harmônica dos valores genéticos (MHVG), desempenho relativo dos valores genéticos (PRVG) e média harmônica do desempenho relativo dos valores genéticos (MHPRVG).

A MHVG, PRVG e MHPRVG preditos têm sido usadas como medidas para interpretação da estabilidade genotípica e da adaptabilidade de culturas como feijão (CARBONELL et al., 2007), sendo a MHPRVG, um método similar ao modelo proposto por Lin e Binns (1988), referente a genótipo, e não a fenótipo.

A metodologia de modelos mistos permite considerar erros correlacionados dentro de locais, bem como a estabilidade e a adaptabilidade na seleção de genótipos superiores; fornece valores genéticos já descontados da instabilidade; e pode ser aplicado a qualquer número de ambientes, resultando em três atributos: produtividade, estabilidade e adaptabilidade. Além disso, permite a seleção de genótipos específicos para cada local, seleção de genótipos responsivos e estáveis através dos determinados locais (ROSADO et. al., 2012).

Diversos autores têm utilizados esse método de modelos mistos MHPRVG, Figueiredo (2014) na cultura do milho, Mavungo (2014) em soja, Santos et. al. (2016) e Carbonell et al. (2007) em feijão, Bastos et al. (2007) em cana de açúcar. Diante disso, a predição implica na possibilidade da avaliação de produtividade, estabilidade e adaptabilidade de forma simultânea e de maneira direta dos valores genéticos, sendo esta uma vantagem em fornecer os resultados na própria escala de medição do caráter avaliado, além de assemelhar os materiais selecionados com outros métodos.

3 MATERIAL E MÉTODOS

3.1 Localização e caracterização do ambiente do experimento

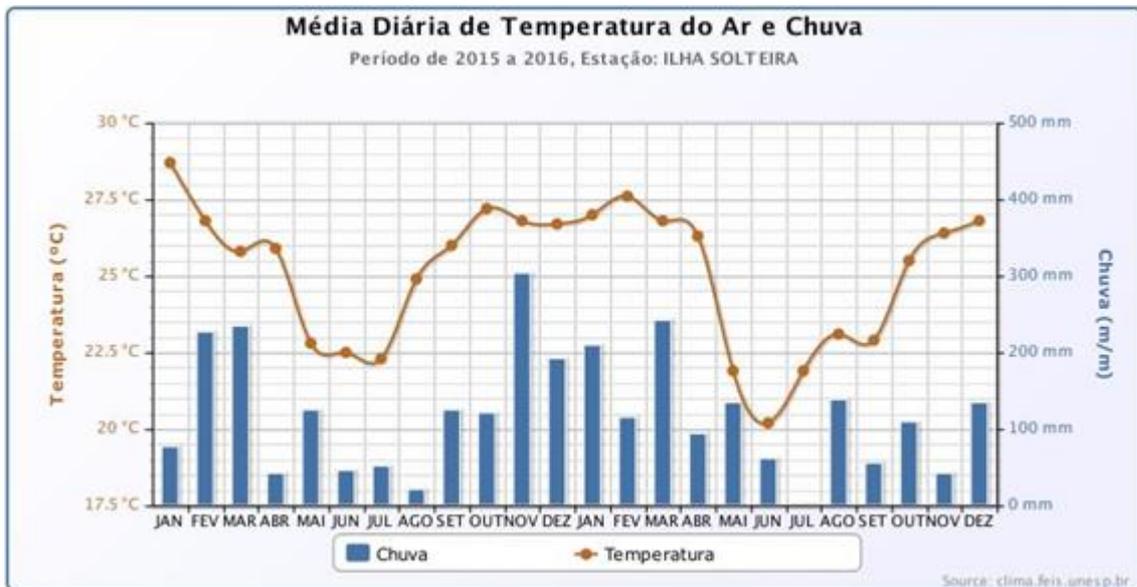
Os experimentos foram conduzidos na Fazenda de Ensino, Pesquisa e Extensão da FE/UNESP – Campus de Ilha Solteira, localizada no município de Selvíria/MS ($20^{\circ}20'29.3''S$ $51^{\circ}24'14.5''W$) (Figura 1), entre de abril de 2015 e abril de 2016. O solo do local é do tipo Latossolo Vermelho Distrófico típico argiloso com altitude de 335 metros e precipitação anual de 1.466 mm (Figuras 2 e 3), temperatura média anual de $25,5^{\circ}C$ (Figura 1) e umidade relativa do ar entre 70 a 80% (média anual) (Figura 2).

Figura 1. Localização geográfica da Fazenda de Ensino, Pesquisa e Extensão da FE/UNESP – Campus de Ilha Solteira, em Selvíria/MS, com proximidade a divisa entre os estados de Mato Grosso do Sul e São Paulo.



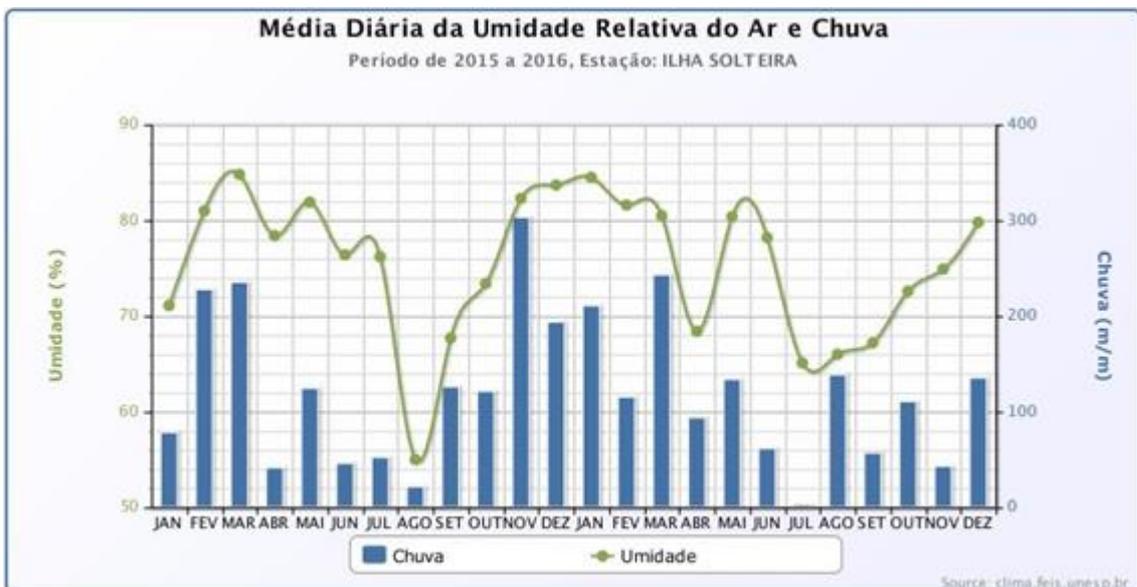
Fonte: Adaptado de Google Maps (2018)

Figura 2. Dados médios mensal de temperatura e precipitação no período de janeiro de 2015 a dezembro de 2016.



Fonte: Unesp (2017)

Figura 3: Dados médios mensais de precipitação e umidade relativa do ar no período de janeiro de 2015 a dezembro de 2016.



Fonte: Unesp (2017)

O preparo do solo foi realizado de forma convencional, a adubação de base 04-30-10 (NPK) e de cobertura com sulfato de amônia, de acordo com as recomendações agrônômicas para a cultura conforme metodologia descrita por Raji et al. (1996). Foi realizado o controle de plantas invasoras (FENOXAPROPE-P-ETÍLICO e HALOXIFOPE-P-METILÍCO) e pragas

(IMIDACLOPRIDO e DELTAMETRINA), conforme a necessidade da cultura por métodos químicos, e não foi realizado nenhum controle para as doenças.

Nos experimentos de inverno, quando necessário, foi utilizada irrigação suplementar via aspersão.

3.2 Genótipos avaliados experimentalmente

Os genótipos de feijão em estudos são provenientes do programa de melhoramento de plantas pela FE-UNESP, campus de Ilha Solteiras, derivadas do cruzamento entre as parentais linhagens FEIS-L113 e carioca branco, já previamente adaptado ao clima e enfermidades da região. Como testemunhas foram utilizadas as cultivares comerciais pertencentes ao IAC, sendo elas: Una (G16), Imperador (G17), Formoso (G18), Milênio (G19) e Alvorada (G20).

3.3 Delineamento experimental

Foi utilizado o delineamento experimental de blocos casualizados contendo três repetições com 20 tratamentos (15 linhagens (G1; G2; G3; G4; G5; G6; G7; G8; G9; G10; G11; G12; G13; G15) e 5 cultivares comerciais (G16; G17; G18; G19; G20)). Os experimentos foram instalados em seis épocas (ambientes): junho (A1), agosto (A2), outubro (A3) e dezembro (A4) do ano de 2015 e março (A5) e abril (A6) do ano de 2016, com intervalo mínimo de 45 dias entre os ambientes. A parcela experimental foi constituída de quatro linhas de quatro metros, espaçadas de meio metro com densidade de semeadura de 15 sementes por metro linear, a parcela útil foi delimitada das duas linhas centrais, totalizando 4 m².

3.4 Características Avaliadas

As avaliações de incidência de Crestamento Bacteriano Comum e de Mancha Angular foram de acordo com metodologia proposta por EMBRAPA (2005) e adaptada em escala de 1 a 9, sendo realizada em cada um dos experimentos (épocas) em todos os genótipos, em escalas de notas variando de 1 a 9, sendo 1 planta sadia sem a presença da enfermidade e nota 9 planta enferma com folhas totalmente tomadas pela doença.

3.5 Análises estatísticas

De posse dos dados foram realizadas as análises individuais, testando a homogeneidade das variâncias residuais, teste anova e teste de Bartlett, sensível em relação à hipótese de normalidade dos dados.

Constatados os pressupostos para realização da ANOVA, foi realizada a análise conjunta dos dados, estimando os parâmetros genéticos e estatísticos conforme CRUZ et al., (2004).

O modelo estatístico para quantificação da interação G x A utilizado foi:

$$Y_{ijk} = \mu + G_i + A_j + GA_{ij} + B/A_{jk} + \varepsilon_{ijk}$$

Dado que: μ : Média Geral; G_i : Efeito do i-ésimo genótipo; A_j : Efeito do j-ésimo ambiente; GA_{ij} : Efeito da interação do i-ésimo genótipo com o j-ésimo ambiente; B/A_{jk} : efeito do k-ésimo bloco dentro do j-ésimo ambiente; ε_{ijk} : Erro aleatório.

Na análise conjunta dos dados verificamos a interação Genótipo x Ambiente (G x A) pelas Esperanças do Quadrado Médio E(QM), em que o efeito do Genótipo foi fixo e B, A, GA e Resíduo serão aleatórios conforme proposto por Cruz et al. E demonstrado na Tabela 1 abaixo:

Tabela 1. Efeitos aleatórios: B, A, GA e Resíduo e fixo: G.

FV	GL	E(QM)
Blocos/ambiente	a(r-1) (12)	$\sigma^2 + g\sigma_b^2$
Ambientes (A)	a-1 (5)	$\sigma^2 + g\sigma_b^2 + g\sigma_a^2$
Genótipo (G)	g-1 (19)	$\sigma^2 + r\sigma_{ga}^2 + gr\phi_g$
G x A	(a-1)(g-1) (95)	$\sigma^2 + r\sigma_{ga}^2$
Resíduo	a(r-1)(g-1) (228)	σ^2
TOTAL	agr-1 (359)	

Nota: B: bloco; A: ambiente.; GA: interação genótipo por ambiente; G: genótipo.

Fonte: Adaptado de Cruz et al. (2004).

As análises estatísticas foram efetuadas com auxílio dos programas genético estatístico Genes, (CRUZ, 2006).

De posse das análises de variância individuais considerando os ambientes como tratamentos e os genótipos como variáveis procedeu-se com os cálculos da distância generalizada de Mahalanobis, sendo obtida conforme proposto por Cruz et. Al. (2003). Comparada com a distância Euclidiana, a de Mahalanobis considera as correlações residuais entre os caracteres disponíveis, pois na maior parte das vezes, os caracteres não são totalmente independentes, apresentando certo grau de correlação.

As estimativas da distância generalizada de Mahalanobis $D_{ii'}^2$ foram obtidas através da expressão

$$D_{ii'} = \delta' \psi^{-1} \delta$$

em que:

$D_{ii'}$: é a distância de Mahalanobis entre os genótipos i e i' ;

ψ : matriz da variância e covariâncias residuais;

δ : [d_1, d_2, \dots, d_v], sendo $D_j = Y_{ij} - Y_{i'j}$;

Y_{ij} : é a média do i -ésimo genótipo em relação a j -ésima variável.

O método de agrupamento de Ward, proposto por Ward (1963), considera para a formação inicial do grupo, aqueles indivíduos com a menor soma de quadrado dos desvios, admitindo-se que há perdas de informação em qualquer estágio, e calculando a soma do quadrado total em relação a todos os indivíduos disponíveis para a análise de agrupamento. O agrupamento pode ser verificado pela soma de quadrados dos desvios entre os acessos, ou a partir do quadrado da distância euclidiana, de forma que:

$$SQD_{ii'} = \frac{1}{2} d_{ii'}^2$$

Em que:

$$SQD_{ii'} = \sum_{j=1}^n D_{j(ii')}$$

Sendo $SQD_{j(ii')}$ a soma de quadrados dos desvios, para a j -ésima variável, considerando os acessos i e i'

e

$$d_{ii'}^2 = \sum_{j=1}^n (X_{ij} - X_{i'j})^2$$

Em que:

$d_{ii'}^2$: quadrado da distância euclidiana entre os genótipos i e i' ,

n : número de caracteres avaliados;

X_{ij} : valor do caráter j para o genótipo i;

A soma de quadrados dos desvios total é dada por:

$$SQDT_{total} = \frac{1}{g} \sum_{i < v}^g \sum_{v}^g d_{ii}^2,$$

sendo g o número de acessos.

Posteriormente a estratificação ambiental pela metodologia multivariada procedeu com estudo simultâneo de estratificação ambiental e adaptabilidade e estabilidade pela metodologia AMMI.

Para correta leitura e análise dos dados, foi adotada constante invertendo os valores obtidos nas avaliações, de forma que quanto maior a severidade da doença, menor foi nova nota ajustada.

A metodologia AMMI em que consiste em desdobrar a interação genótipo por ambiente em autovalores de componentes principais tornando sua interpretação mais simples é dada pela equação:

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

Em que Y_{ij} : resposta média de um ambiente i num ambiente j; μ : média geral; g_i : efeito fixo genótipo i; a_j : efeito fixo do ambiente j; λ_k : raiz quadrada do k-ésimo autovalor das matrizes, $(\tau)(\tau)'$ ou $(\tau)'$ (τ) , de iguais autovalores não nulos, em que $(\tau) = [\tau_{ij}]$ é a matriz de interação obtida como resíduo do ajuste aos efeitos principais, por análise de variância, aplicada a matriz de médias; γ_{ik} : i-ésimo elemento (relacionado ao fator τ) do k-ésimo autovetor de $(\tau)(\tau)$; α_{jk} : j-ésimo elemento (relacionado ao fator ν) do k-ésimo autovetor de $(\tau)'$ (τ) ; ρ_{ij} : ruídos presentes nos dados; ε_{ij} : erro experimental médio; i :variações de genótipos, $i = (1, 2, \dots, g)$; j : variações de ambientes, $j = (1, 2, \dots, e)$; p: raízes características não nulas, $p = (1, 2, \dots, \min(g - 1, e - 1))$.

Para as análises de adaptabilidade e estabilidade, foi utilizado o software SELEGEN-REML/BLUP (modelo 54), com base no procedimento MHPRVG

De acordo com a metodologia, a Média Harmônica dos Valores Genotípicos corresponde a estabilidade nos locais (MHVG); a Performance Relativa dos Valores Genotípicos em relação à média de cada local (PRVG) corresponde a adaptabilidade enquanto que a adaptabilidade e estabilidade simultaneamente (Incidência de Crestamento Bacteriano

Comum e Mancha Angular), corresponde à Média Harmônica da Performance Relativa dos Valores Genotípicos (MHPRVG). Dessa forma, o modelo estatístico utilizado foi:

$$y = Xr + Zg + Wp + Ti + \varepsilon$$

em que: y , r , g , i e ε são os vetores de dados referentes aos efeitos de repetição (fixos), genotípico (aleatórios), parcelas (aleatórios), da interação genótipos \times ambientes (aleatórios) e do resíduo (aleatório), respectivamente. X , Z , W e T representam as matrizes de incidência para os referidos efeitos.

O ganho de seleção (GS) foi calculado através da ordenação proposta no procedimento MHPRVG para os 5 melhores genótipos e expresso em porcentagem (%).

4 RESULTADOS E DISCUSSÃO

Foi possível avaliar o comportamento individual de cada ambiente bem como conjuntamente por meio da análise conjunta dos fatores de variabilidade para Crestamento Bacteriano Comum e Mancha Angular (Tabela 2). Em relação ao Crestamento Bacteriano Comum, é possível verificar que os únicos ambientes que apresentaram significância pelo teste F, foram os ambientes A1, A5, A6; correspondendo respectivamente aos meses de junho de 2015, março e abril de 2016. Já para a incidência de Mancha Angular, o teste F, foi significativo para os ambientes A5 e A6, referente aos meses de março e abril de 2016, respectivamente. Isso demonstra que há interação entre os genótipos, ou seja, houve discriminação entre os ambientes

Ainda na Tabela 2, para análise conjunta é possível afirmar que a variação entre os genótipos para Crestamento Bacteriano Comum foi menor, relativamente aos efeitos de ambientes e da interação genótipo x ambiente. De acordo com Barros et al. (2013), isso indica que os efeitos de ambientes interagiram fortemente com os fatores macro ambientais (épocas e ano) ou micro ambientais (erros aleatórios); conseqüentemente, o efeito multiplicativo da interação genótipo x ambiente também foi bastante disperso e significativo. Em relação a Mancha Angular, a análise conjunta, verificou-se a ausência de variação entre os genótipos, e significativa na interação ambiente e na interação genótipo x ambiente.

Para Crestamento Bacteriano Comum, à época A6 (abril 2016) obteve uma incidência de doenças atípica para a época, média de 5,17, na qual, excepcionalmente neste ano foi marcada por um sobressalto na pluviometria no mês de abril, o que possivelmente colaborou para a média relativamente alta de doenças.

Para o mês de março de 2016, em relação a Crestamento Bacteriano Comum, era esperada alta incidência de patógenos, porém o mesmo não foi constatado, mesmo havendo fatores favoráveis como alta pluviosidade. Possivelmente o fator de predominate tenha sido o pousio da área entre os meses de janeiro e março de 2016, no qual não houve cultivo de feijão, e que segundo Paris et al. (2013) é uma medida que proporciona quebra do ciclo do patógeno, assim como a rotação de cultura, e a baixa pluviosidade, 115mm, no mês anterior (fevereiro de 2016).

Em relação a Mancha Angular, ainda na Tabela 2, é possível verificar que os ambientes A5 e A6 (março e abril 2016) obtiveram uma incidência de doenças significativa, quase a máxima incidência, enquanto os demais ambientes A1, A2, A3 e A4 (Junho, Agosto, Outubro e Dezembro de 2015, respectivamente) foram não significativos.

O coeficiente de variação (CV%), para Mancha Angular, observado na Tabela 2, foi alto nos ambientes A1 (Junho de 2015) e A4 (Dezembro de 2015), com 50,10% e 28,08% respectivamente, fazendo com que não fosse possível estimar a herdabilidade, não existindo valor para isso, com isso os ambientes A1 e A4 são desfavoráveis para o melhoramento genético a resistência de Mancha Angular, pois não existe herdabilidade neles, e os ambientes A2 e A3 não são favoráveis, visto que suas análises não foram significativas, enquanto que os ambientes A5 e A6 demonstram ser adequados para o melhoramento da resistência de Mancha Angular.

Tabela 2. Resumo das análises de variância de seis épocas de semeadura e conjunta para incidência de Crestamento Bacteriano Comum (acima) e Mancha Angular (abaixo) em feijoeiro comum no período de junho de 2015 a abril de 2016, Selvíria MS.

FV	GL	A1	A2	A3	A4	A5	A6	Conj
<i>Crestamento Bacteriano Comum</i>								
Bloco (B/A)	2 (12)	0,19	1,88	3,35	4,77	2,89	0,057	2,19
Gen. (G)	19	3,64*	1,45 ^{ns}	2,91 ^{ns}	1,18 ^{ns}	0,55*	2,96**	3,15 ^{ns}
Amb. (A)	5	-	-	-	-	-	-	84,90**
G x A	95	-	-	-	-	-	-	2,35**
Erro (EC)	38 (176)	1,63	0,96	2,15	0,69	0,25	1,16	1,48
CV%		54,19	37,26	30,99	17,51	13,48	20,86	31,23
h ²		55,09	33,59	25,84	41,16	54,39	60,72	25,24
Média		2,36	2,63	4,74	4,76	3,73	5,17	3,89
<i>Mancha Angular</i>								
Bloco (B/A)	2 (12)	2,09	3,57	0,53	0,51	1,02	2,85	21,15
Gen (G)	19	1,81 ^{ns}	1,80 ^{ns}	1,72 ^{ns}	1,05 ^{ns}	1,96*	5,09**	2,68 ^{ns}
Amb. (A)	5	-	-	-	-	-	-	176,71**
G x A	95	-	-	-	-	-	-	2,15**
Erro (EC)	38 (176)	2,10	0,90	1,37	1,31	0,68	2,09	1,41
CV%		50,10	23,28	19,62	28,08	11,92	20,65	23,02
h ²		-	50,18	20,47	-	65,09	58,86	19,67
Média		2,89	4,07	5,96	4,08	6,94	7,01	5,16

Nota: ^{ns},*,** não significativo, significativo a 5% e 1% pelo teste F, respectivamente. A1: junho de 2015; A2: agosto de 2015; A3: outubro de 2015; A4: dezembro de 2015; A5: março de 2016; A6: abr 2016; gen : genótipo; amb.:ambiente; G x A: interação genótipo ambiente; erro (EC): erro experimental ;CV%: coeficiente de variância; h²: herdabilidade.

Fonte: Próprio autor.

Quando se trata de épocas de semeadura visando melhoramento de plantas relacionadas com a incidência de doenças, é esperado que os experimentos sejam realizados em ambientes que apresentem incidência satisfatória da doença objeto do estudo para que assim possa haver discriminação entre os genótipos. Segundo Bertan et. al. (2006), a adoção de representações através de dendogramas em estudos de distancias multivariadas é adotada por grande escala de pesquisadores e em diversas áreas de atuação.

Desta forma, quando analisamos isoladamente os ambientes na Figura 4, segundo o Dendograma para incidência de Crestamento Bacteriano Comum, a principal divergência entre os ambientes foi compreendida pelo grupo A3 em relação a todos os demais (A1, A2, A4, A5 e A6), na qual nota-se grande dissimilaridade entre eles. No entanto, a escolha de ambientes adequados para experimentação de genótipos, não pode ser baseada exclusivamente pela dissimilaridade entre os ambientes. De acordo com Benin et. al (2003), o pesquisador pode utilizar uma ou mais técnicas experimentais, ou até mesmo simultaneamente para extrair o máximo das informações dos dados disponíveis.

Logo a utilização conjunta da análise de variância para genótipos como a multivariada para a estratificação dos ambientes possibilita uma melhor escolha dos ambientes favoráveis para a seleção de genótipos a incidência de doenças e a estudos da interação genótipo por ambientes. Analisando em conjunto informações da Figura 4 com os dados da Tabela 2, verifica-se que devido a significância somente nos ambientes A1, A5 e A6, estes são ambientes mais recomendáveis ao programa de melhoramento de feijão em relação a incidência de Crestamento Bacteriano Comum na localidade em questão, sendo os que simultaneamente apresentaram ambientes com incidência significativa possibilitando selecionar os genótipos. Sendo assim, a época A6 junto com os ambientes A1 ou A5, devem ser mantidos para futuros testes permitindo a identificação de interação e ao mesmo tempo selecionar os genótipos mais resistente.

O método de agrupamento de Ward formou dois grupos principais para a incidência de Mancha Angular nos ambientes, sendo o primeiro formado pelos ambientes A2, A4, A1, com o A2 e o A4 os mais próximos entre si e o segundo grupo, formado pelo grupo A5, A6 e A3, sendo o A5 e o A6 com menor distância dentro deste grupo (Figura 5). Logo, os ambientes recomendados para futuros estudos de incidência de Mancha Angular devem ser de um representante de ambiente de cada grupo (Figura 5). Para melhor escolha dos representantes dentro dos grupos, é necessário defrontar com os resultados demonstrados na Tabela 2, sendo que dentro do grupo 1 nenhum dos ambientes foi significativo estatisticamente discriminando os genótipos, e o no grupo 2 os ambientes A5 e A6. Logo, tanto a escolha dos ambientes A5

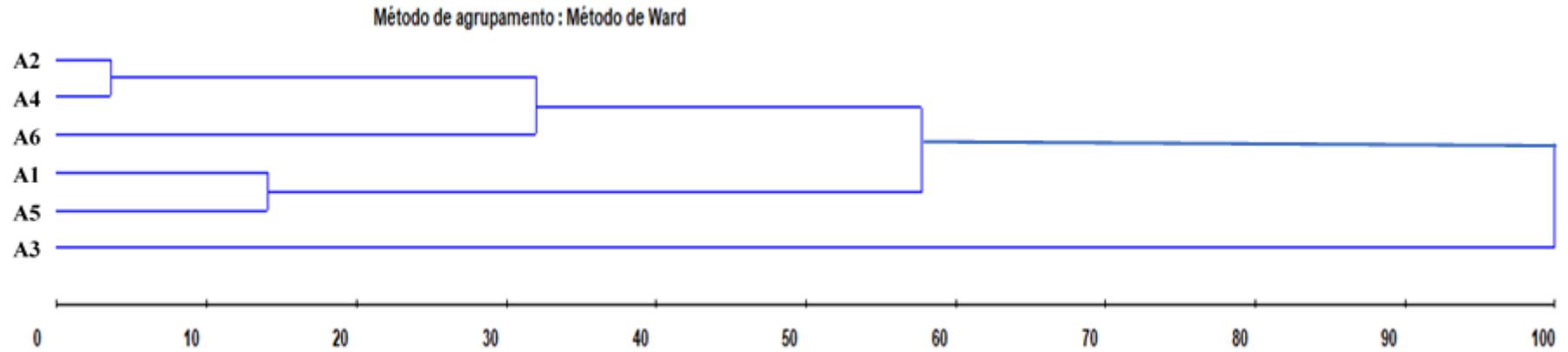
ou A6 podem ser escolhidos para seleção de genótipos resistentes a Mancha Angular, ficando a época de semeadura condicionada a conveniência do pesquisador.

Para o estudo de interação é necessária a escolha de um dos ambientes do grupo 1, dentro destes ambientes o A1 parece ser o mais favorável para estudos da interação genótipo por ambientes x ambientes A5 ou A6, devido ele ter uma menor incidência média da doença, podendo causar grande interação.

Permitindo selecionar genótipos estáveis, que apresentam baixa incidência de Mancha Angular tanto em ambientes favoráveis como os não favoráveis para a doença.

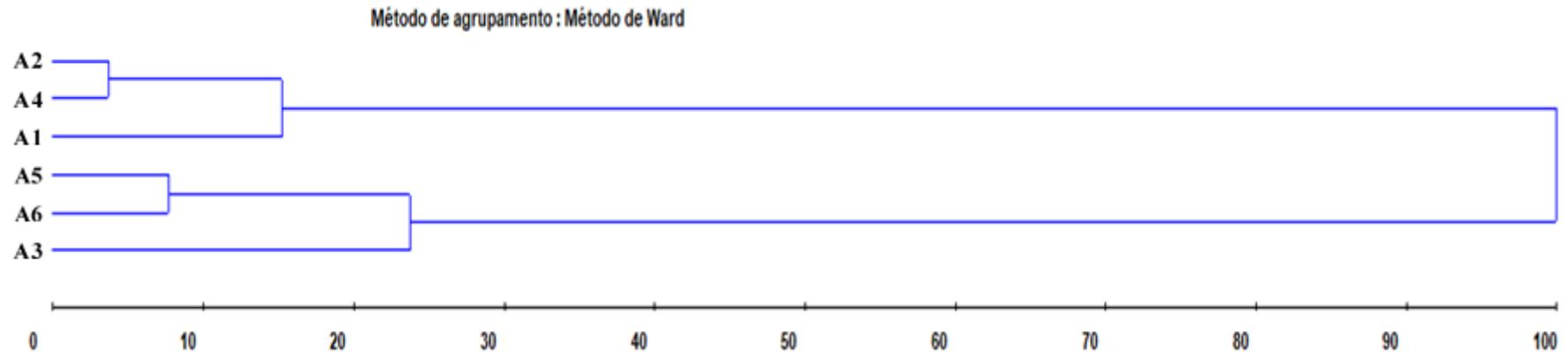
Visando um programa de melhoramento mais completo, em que ambas as doenças em questão possam ser objeto do estudo simultaneamente, os ambientes conformes dados da tabela 2 e figuras 4 e 5 que mais discriminam os genótipos foram os ambientes 5 e 6 para seleção. No entanto para futura recomendação de genótipos com amplo aspecto de semeadura é necessário o estudo de interação e seleção dos materiais, desta forma os ambientes mais recomendados são o A1 x (A5 ou A6), acrescentando mais informações além da ANOVA.

Figura 4. Dendograma do agrupamento de ambientes pelo método de Ward baseado na distância generalizada de Mahalanobis entre seis ambientes em relação a incidência de Crestamento Bacteriano Comum em 20 genótipos de feijoeiro comum. Ambientes: junho/15 (A1), agosto/15 (A2), outubro/15 (A3) e dezembro/15 (A4) e março/16 (A5) e abril/16 (A6).



Fonte: Próprio autor.

Figura 5. Dendograma do agrupamento de ambientes pelo método de Ward baseado na distância generalizada de Mahalanobis entre seis ambientes baseado em dados de doença Mancha Angular em 20 genótipos de feijoeiro comum. Ambientes: junho/15 (A1), agosto/15 (A2), outubro/15 (A3) e dezembro/15 (A4) e março/16 (A5) e abril/16 (A6).



Fonte: Próprio autor.

Trabalhos conduzidos em diferentes espécies, que comparam a análise AMMI e a regressão linear, mostraram que a primeira é mais eficiente em explicar a interação genótipo x ambiente. Em dois estudos realizados com feijão-caupi no Brasil, e que utilizaram o modelo AMMI para analisar a adaptabilidade e estabilidade de genótipos e ambientes foi possível verificar resultados em que a análise forneceu informações mais detalhadas quanto aos efeitos de genótipos, ambientes e da interação genótipo x ambiente (FREIRE FILHO et al., 2005).

Na Tabela 3, verifica-se a análise AMMI, para ambas as doenças, desmembrada em 5 eixos de componentes principais (IPCA's). O resultado significativo da interação foi verificado pelo teste F de Gollob (1968) a 1%. Para Crestamento Bacteriano Comum, o primeiro componente principal (IPCA1) concentrou 37,22% e o segundo (IPCA2) capturou 30,54%. O acumulado entre os dois foi de 67,76. Para atingir esse valor, o IPCA3 (14,37%) poderia ser utilizado e o acumulado chegaria a 82,13%. Já para Mancha Angular, foi detectada interação significativa pelo teste F, sendo identificada no desdobramento da interação do IPCA1 e do IPCA2, os demais foram não significativos, não sendo indicados para o uso. O primeiro componente principal (IPCA1) capturou 46,97% e o segundo (IPCA2) capturou 19,27%. O acumulado entre os dois foi de 66,24%, também não atingindo o valor recomendado de 70% nos dois primeiros eixos para explicar a interação. Para atingir esse valor, seria necessário o IPCA3 (15,16%) poderia ser utilizado e o acumulado chegaria a 81,40%. Segundo Duarte e Vencovsky (1999) e Borges et al., (2000), a utilização de um terceiro IPCA geraria um gráfico de difícil compreensão (triplot), por isso não recomendável, e devido a isto, optou-se por trabalhar apenas com dois eixos.

Pereira (2009), estudando a interação com ambientes e estabilidade de genótipos de feijoeiro-comum na região centro-sul do Brasil, utilizou a metodologia AMMI, e definiu como melhor opção a adoção de dois eixos, concordando também com a interpretação visual proporcionada por apenas dois eixos, devido à complexidade exigida com três eixos. Neste caso, como se pode observar, é preferível a utilização de apenas os dois primeiros IPCA's, pois acumulados garantem quase 70% de interação.

Sendo assim, os 32,24% restantes da soma de quadrados da interação referente aos demais eixos para o Crestamento Bacteriano Comum e 33,78% para Mancha Angular (Tabela 3), continuam provavelmente pouca informação relevante, sendo considerado por Verissimo et al. (2012), como ruídos da interação, por apresentar respostas imprevisíveis e não interpretáveis.

Tabela 3. Análise de variância e decomposição da interação G x A pelo modelo AMMI, para o caráter incidência de Crestamento Bacteriano Comum (acima) e Mancha Angular (abaixo) em Selvíria-MS.

Fonte de Variação	GL	SQ	QM	% Var. total	Acumulado
<i>Crestamento Bacteriano Comum</i>					
Genótipos	19	19,959	1,05*	-	
Ambientes	5	141,51	28,30**	-	
Interação	95	60,472	0,637**	-	
IPCA1	23	22,505	0,978**	37,22	37,22
IPCA2	21	18,462	0,879**	30,54	67,76
IPCA3	19	8,694	0,458 ^{ns}	14,37	82,13
IPCA4	17	7,581	0,446 ^{ns}	12,53	94,66
IPCA5	15	3,232	0,215 ^{ns}	5,34	100
Erro Médio	182	62,467	0,343	-	-
<i>Mancha Angular</i>					
Genótipos	19	16,952	0,892 ^{ns}	-	
Ambientes	5	294,509	58,902**	-	
Interação	95	68,084	0,717**	-	
IPCA1	23	31,979	1,390**	46,97	46,97
IPCA2	21	13,121	0,625*	19,27	66,24
IPCA3	19	10,320	0,543 ^{ns}	15,16	81,40
IPCA4	17	6,753	0,397 ^{ns}	9,91	91,31
IPCA5	15	5,920	0,395 ^{ns}	8,69	100
Erro Médio	182	182	70,329	-	-

Nota: Graus de liberdade (GL); soma de quadrados (SQ); quadrado médio (QM); porcentagem de explicação da variância (Exp.); porcentagem acumulada (Ac.); ** Significativo a 1% de probabilidade pelo teste F de Gollob.

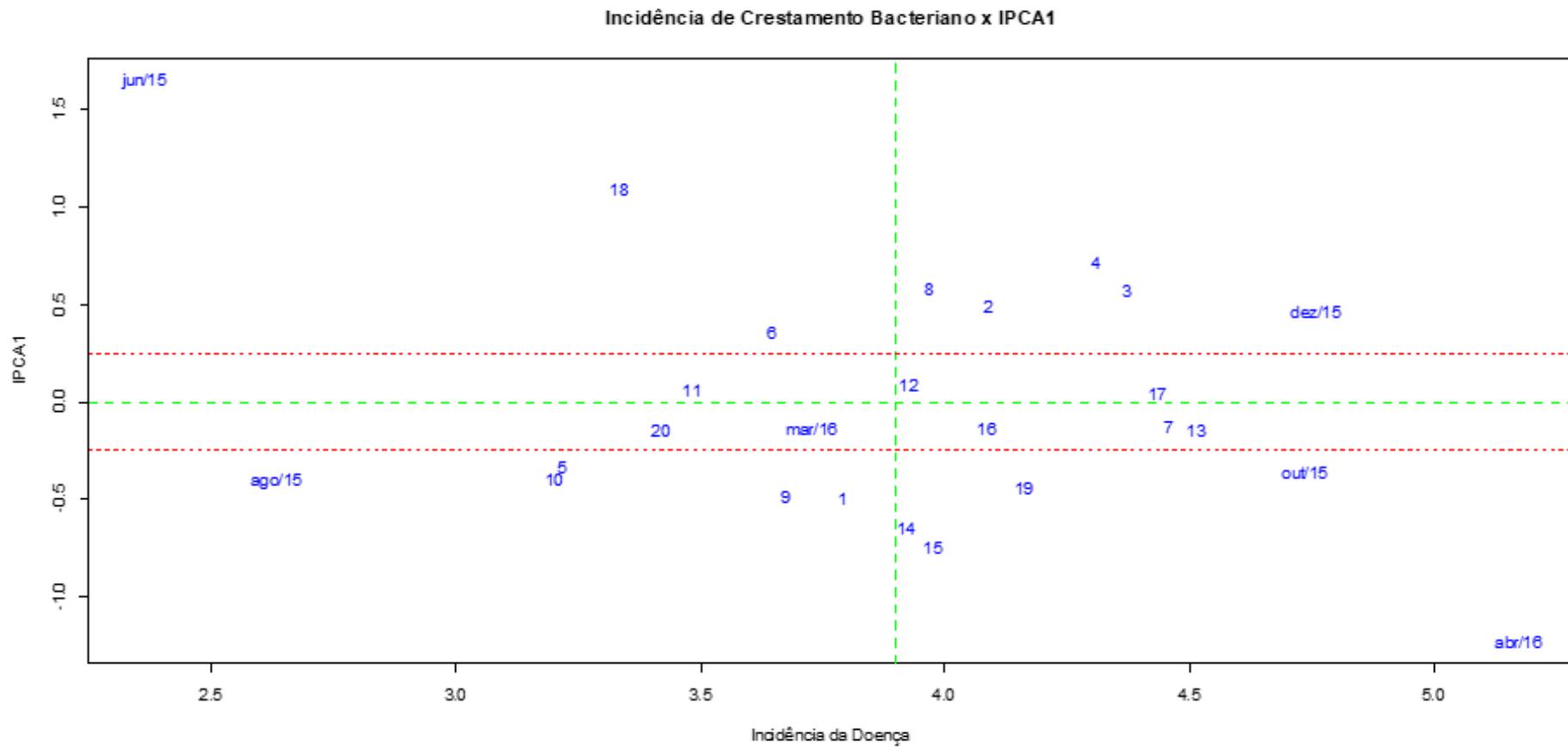
Fonte: Próprio autor.

Nas Figuras 6 e 7, o eixo das abcissas representam as médias dos genótipos para incidência de doenças e a ordenada os valores de componente principal 1 da interação genótipo por ambiente.

Em um gráfico biplot AMMI os genótipos e ambientes localizados próximos à origem dos eixos são considerados como mais estáveis do que aqueles mais afastados, sendo os que menos contribuem para interação, segundo relatos de Duarte e Vencovsky, (1999). Diante dos dados (Figura 6) pode-se afirmar que 7 dos 20 genótipos apresentam estabilidade, sendo os

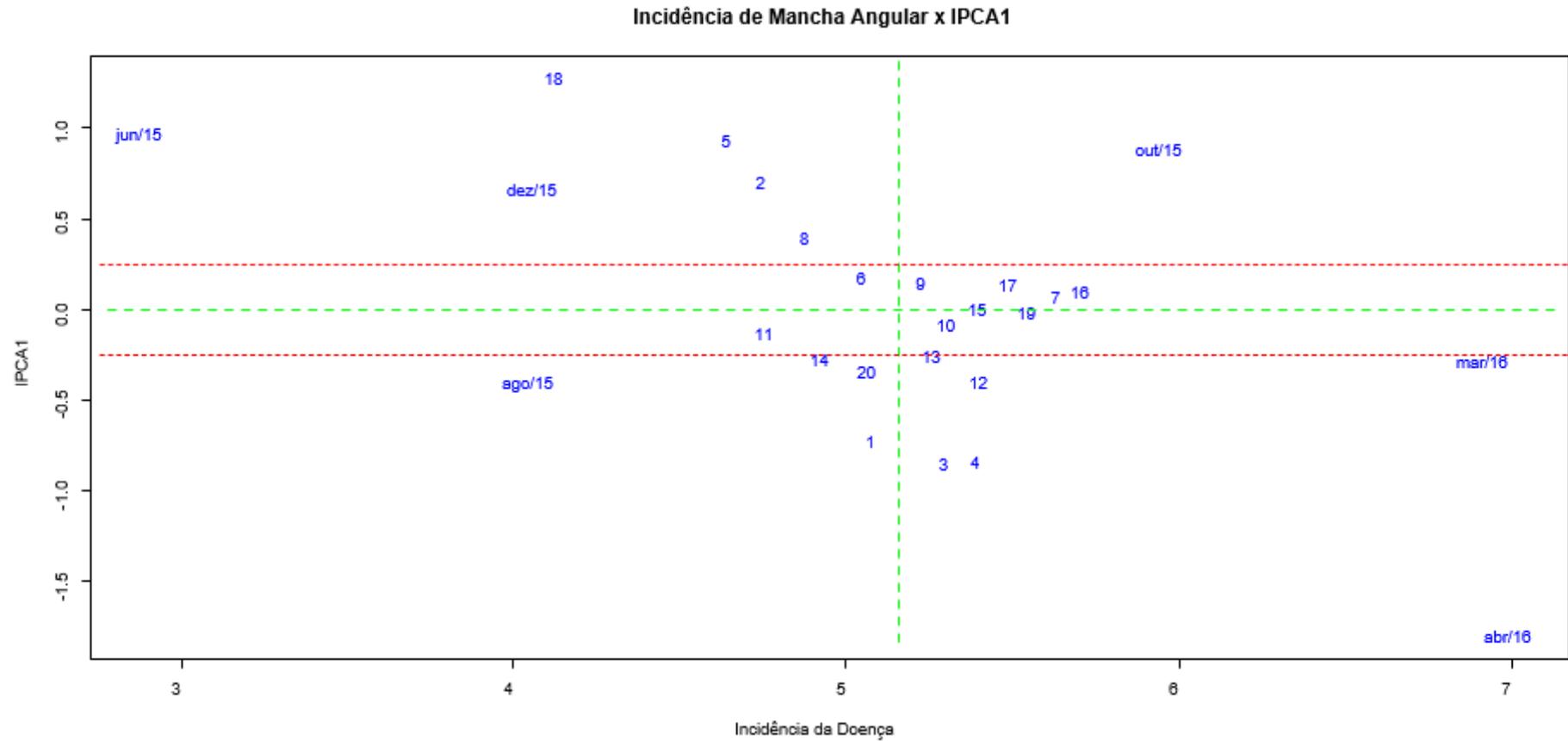
genótipos mais estáveis: G7, G11, G12, G13, G16, G17, G20. Porém, do ponto de vista do melhoramento, para recomendar uma nova cultivar devemos analisar seu desempenho em relação ao ataque de doenças, e neste caso os genótipos G20 e G11, são os mais apropriados para a recomendação, pois ao mesmo tempo se apresentaram estáveis e tiveram menor ataque em relação ao Crestamento Bacteriano Comum. Já para Mancha Angular, na Figura 7, pode-se concluir que 9 dos 20 genótipos apresentam alta estabilidade sendo os genótipos mais estáveis: G6, G7, G9, G10, G11, G15, G16, G17 e G19. Todavia, neste estudo devido ter apresentado menor incidência de doenças nos ambientes avaliados, os genótipos G6 e G11, são os mais apropriados para a recomendação, pois ao mesmo tempo apresentaram-se estáveis e tiveram pouco ataque de doença. Tem-se também o genótipo G18 que foi o que apresentou menor suscetibilidade à doença da Mancha Angular.

Figura 6. Biplot AMMI1 para incidência de Crestamento Bacteriano Comum em 20 genótipos, testados em seis ambientes: jun/15 (A1), ago/15 (A2), out/15 (A3) e dez/15 (A4) e mar/16 (A5) e abr/16 (A6).



Fonte: Próprio autor.

Figura 7. Biplot AMMI1 para incidência de Mancha Angular, em 20 genótipos, testados em seis ambientes: jun/15 (A1), ago/15 (A2), out/15 (A3) e dez/15 (A4) e mar/16 (A5) e abr/16 (A6).



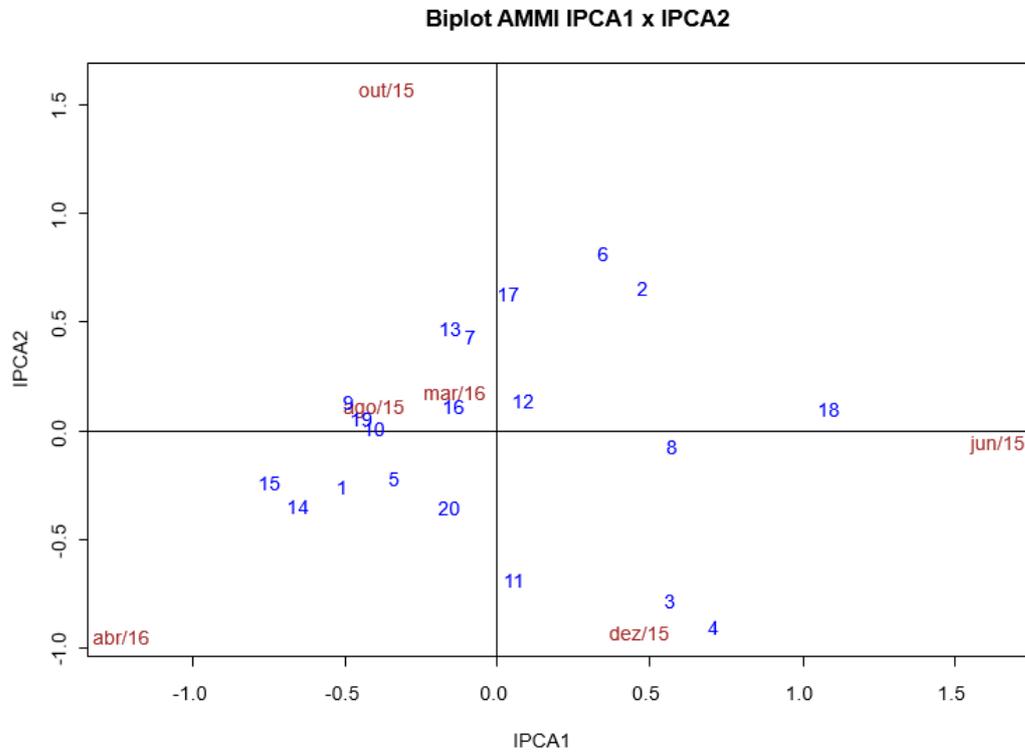
Fonte: Próprio autor.

Em relação aos ambientes, na Figura 8, Crestamento Bacteriano Comum, pode-se concluir que o A5 foi o que mais contribuiu para a estabilidade dos genótipos, pois apresentaram médias aproximadas e os ambientes A1 e A6 são os que mais promoveram instabilidade aos genótipos, ou seja, mais discrepantes, visto que, os ambientes mais próximos a origem são considerados dentre eles os mais estáveis. Para a Mancha Angular, na Figura 9, pode-se concluir que o A5 e A2 foram os que mais contribuíram para a estabilidade dos genótipos, porém o A5 obteve maior índice de doenças, e o A2 o menor índice. O e A6 foram os que mais promoveram instabilidade aos genótipos.

Defrontando pelo agrupamento de Ward com o método AMMI, houve semelhanças entres os agrupamentos dos ambientes, porém quando se junta as informações para as duas doenças constata-se que os ambientes A1 e A6, devido ambas serem instáveis a incidência de doenças e divergentes entre grupos de ambientes, o que indica ser os mais recomendados para os estudos da interação de genótipo x épocas de semeaduras do feijoeiro em cerrado de baixa altitude, possibilitando as recomendações de genótipos em que se tenha estabilidade de incidência de doenças, através do contraste dos genótipos em ambientes com baixa incidência e também com alta incidência, na qual é possível verificar com mais segurança a resistência as doenças estudadas.

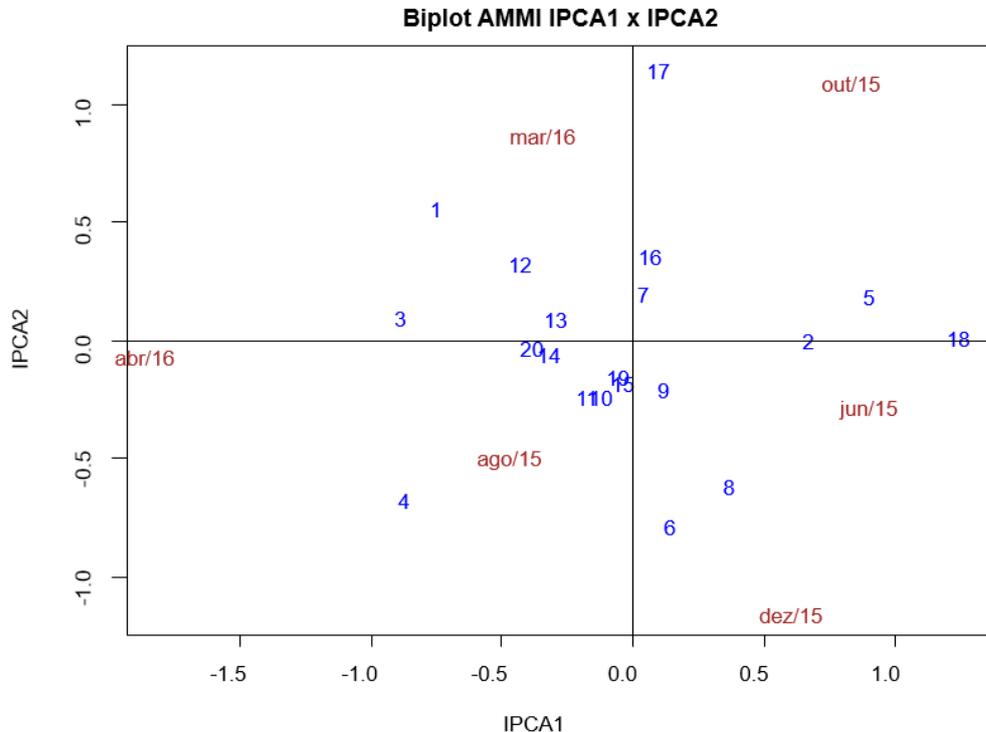
Em uma análise comparativa de IPCA1 com IPCA2, é possível determinar interações específicas positivas quando as combinações entre genótipos e ambientes apresentarem escores IPCA de mesmo sinal, ou seja, pode-se determinar quais são os genótipos mais adaptadas a determinados ambientes pela proximidade que se encontram do mesmo, sendo assim, é possível observar na Figura 8, que os genótipos mais adaptadas a determinados ambientes pela proximidade, sendo o ambiente A2 com os genótipos G9, G10 e G19, o ambiente A4 com os genótipos G3 e G4, e o ambiente A5 com o genótipo G16. As demais combinações entre genótipos e ambientes possuem baixa interação específica. Visando a seleção de genótipos via melhoramento, a interação específica em relação a doenças é desfavorável, uma vez que, o interesse é selecionar genótipos que não possuam interação com as doenças. Na Figura 9, referente a Mancha Angular, pode-se observar que quanto mais perto da junção do eixo Y (IPCA1) com o eixo X (IPCA2) mais estável é o genótipo, com por exemplo G7, G9, G10, G11, G13, G14, G15, G19 e G20. Como dito anteriormente, se tiver genótipos perto de um determinado ambiente, este pode ser um bom genótipo adaptado para o ambiente, como por exemplo, na Figura 9, no ambiente A1 (Junho de 2015), os genótipos G2, G5 e G18 estão próximos a ele, mas se for comparado com a Figura 7, nota-se que eles são menos estáveis, mas tiveram baixa incidência de doenças.

Figura 8. Biplot AMMI2 (IPCA1 x IPCA2) para incidência de Crestamento Bacteriano Comum, em 20 genótipos, testados em seis ambientes: jun/15 (A1), ago/15 (A2), out/15 (A3) e dez/15 (A4) e mar/16 (A5) e abr/16 (A6).



Fonte: Próprio autor.

Figura 9. Biplot AMMI2 (IPCA1 × IPCA2) para incidência de Mancha Angular, em 20 genótipos, testadas em seis ambientes: jun/15 (A1), ago/15 (A2), out/15 (A3) e dez/15 (A4) e mar/16 (A5) e abr/16 (A6).



Fonte: Próprio autor.

Visando o melhoramento genético, a herdabilidade média dos genótipos \hat{h}_{mg}^2 é uma estimativa muito apreciada entre os pesquisados, visando a seleção de genótipos, sendo possível verificar o quanto é esperado nas próximas gerações. A herdabilidade apresentada para incidência de Crestamento Bacteriano Comum pode ser considerada média, visto que seu valor foi de 0.394 na média dos genótipos para todos os ambientes (Tabela 4). Seguindo o mesmo raciocínio, para incidência de Mancha Angular, se verifica uma menor herdabilidade em comparação a doença citada anteriormente, sendo assim, pode se esperar que em um programa de melhoramento com os genótipos em questão teria um maior avanço para Crestamento Bacteriano Comum do que para o que para Mancha Angular. Silva et. al. (2009), em estudo de seleção de linhagens de feijão rosinha, encontrou valores de herdabilidade conjunta para 99 linhagens em 3 ambientes de 94.5%, para Mancha Angular. Em estudo de melhoramento de feijão, visando resistência à antracnose e à Mancha Angular, Couto et. al. (2009) relacionou herdabilidade em média aproximada de 49% em duas épocas para Mancha Angular.

A correlação genotípica entre o desempenho dos genótipos nos ambientes (\hat{r}_{gloc}), foi de 0.213 e 0.107, para Crestamento Bacteriano Comum e Mancha Angular respectivamente. Com isso é possível verificar, que devido o valor ser baixo, que há ocorrência de muita interação genótipo por ambiente. Esse valor baixo confirma o que já tínhamos observado em outros dados do trabalho.

Analisando os valores obtidos pelo coeficiente de variação genotípica (CV_{gi}) e coeficiente de variação experimental (CV_e), é possível verificar uma maior variação ambiental, 17.534 e 12.060, do que genotípica, 4.306 e 1.750, para Crestamento Bacteriano Comum e Mancha Angular respectivamente. Esta verificação pode ser considerada desvantajosa ao melhoramento de genótipos.

Tabela 4. Estimativas de parâmetros genéticos e componentes de variância em progênies de feijoeiro para incidência de Crestamento Bacteriano Comum e Mancha Angular, para análise conjunta de 20 genótipos de feijão avaliados em seis épocas.

Estimativas	Inc. Crestamento Bacteriano Comum	Inc. Mancha Angular
V_g	0,069	0,030
V_{int}	0,255	0,247
V_e	1,144	1,409
V_f	1,468	1,685
\hat{h}_g^2	0,047 +- 0,032	0,018 +- 0,020
\hat{h}_{mg}^2	0,394	0,199
Ac_{gen}	0,628	0,446
C_{int}^2	0,174	0,146
\hat{r}_{gloc}	0,213	0,107
CV_{gi}	4,306	1,750
CV_e	17,534	12,060
Media	6,101	9,843

Nota: V_g variância genotípica; V_{int} variância entre parcelas; V_e variância residual; V_f variância fenotípica; \hat{h}_g^2 herdabilidade individual no sentido amplo; \hat{h}_{mg}^2 herdabilidade da média de genótipos; Ac_{gen} estimativa de acurácia; C_{int}^2 coeficiente de determinação dos efeitos da interação GxA; \hat{r}_{gloc} correlação genotípica entre o desempenho dos genótipos nas épocas; CV_{gi} coeficiente de variação genotípica; CV_e coeficiente de variação experimental e média geral das 6 épocas.

Fonte: Próprio autor.

Com base nos parâmetros de estabilidade (MHVG), adaptabilidade (PRVG) e simultaneamente para incidência de doenças (Mancha Angular e Crestamento Bacteriano Comum), estabilidade e adaptabilidade (MHPRVG) foram ordenados os 20 genótipos objeto

do estudo, de acordo com o ordenamento obtido pelo modelo 54 do programa Selegen (Tabela 5 e 6).

Na Tabela 5, de acordo com os parâmetros analisados, foi possível selecionar segundo os critérios ordenados, os cinco melhores genótipos para Incidência de Crestamento Bacteriano Comum. Sendo que, para a maioria dos genótipos, a classificação manteve-se inalterada para adaptabilidade, estabilidade e simultaneamente estabilidade e estabilidade. Sendo que para os cinco melhores genótipos (G10, G5, G18, G20 e G11) a coincidência foi de 100% entre os parâmetros MHVG, PRVG e MHPRVG, apresentando ganho de seleção de 3.68%.

Tabela 5. Ordenação dos genótipos com base em Incidência de Crestamento Bacteriano Comum para: Ganho genético (g); Estabilidade (MHVG); Adaptabilidade (PRVG); Estabilidade e adaptabilidade (MHPRVG); Ganho de Seleção (GS (%)) para os 5 melhores genótipos. Para o agrupamento de seis épocas.

Crestamento Bacteriano Comum								
Genótipo	Ordem	g	Ordem	MHVG	Ordem	PRVG	Ordem	MHPRVG
1	8	0,042	8	5,938	8	1,008	8	1,007
2	14	-0,075	11	5,825	13	0,984	14	0,981
3	17	-0,188	17	5,579	17	0,950	17	0,945
4	16	-0,163	16	5,661	16	0,960	16	0,955
5	2	0,269	2	6,356	2	1,073	2	1,072
6	6	0,100	6	6,092	6	1,030	6	1,026
7	19	-0,220	18	5,576	18	0,943	19	0,941
8	11	-0,029	9	5,928	9	0,999	11	0,996
9	7	0,088	7	6,014	7	1,020	7	1,019
10	1	0,276	1	6,381	1	1,077	1	1,075
11	5	0,164	5	6,168	5	1,044	5	1,042
12	10	-0,011	10	5,895	10	0,997	10	0,996
13	20	-0,242	20	5,505	20	0,935	20	0,932
14	9	-0,008	12	5,818	11	0,994	9	0,989
15	12	-0,030	13	5,765	12	0,985	12	0,982
16	13	-0,073	14	5,746	14	0,976	13	0,975
17	18	-0,211	19	5,555	19	0,943	18	0,940
18	3	0,223	3	6,317	3	1,066	3	1,061
19	15	-0,103	15	5,698	15	0,969	15	0,967
20	4	0,190	4	6,191	4	1,049	4	1,048
GS (%)				0,224 (3,68)				

Fonte: Próprio autor.

O ganho de seleção para Mancha Angular (G18, G5, G2, G11 e G8) (Tabela 6) diferiu do Crestamento Bacteriano Comum (G10, G5, G18, G20, G11) (Tabela 5), porém ainda há predominância de três genótipos em comum (G5, G11 e G18), ou seja, concordância de 60%, sendo assim para ambas as doenças. Dado essa correlação entre as doenças para os mesmos

genótipos, é possível proceder com um programa de melhoramento simultâneo para Crestamento Bacteriano Comum e Mancha Angular na localidade em questão.

É possível aferir também nos dados da Tabela 6 que não há variação entre a ordenação dos cinco genótipos selecionados para todos os parâmetros analisados, o que implica que ambos são estáveis e adaptados individualmente e simultaneamente.

Comparando os genótipos selecionados pelas médias harmônicas com a análise multivariada (AMMI) (Figuras 4 e 5), houve 60% de coincidência para estabilidade de Crestamento Bacteriano Comum (G5, G11 e G20) e 20% para Mancha Angular (G11), em relação aos dados das Tabelas 5 e 6. No entanto o G5, apesar de não ter sido identificado como o mais estável pela metodologia AMMI, ele foi altamente adaptado ao ambiente A1, que tem a menor incidência de doença, demonstrando que é um genótipo com alta resistência a mancha angular, também podendo ser selecionado. Esses resultados demonstram que os genótipos coincidentes são mais estáveis, de maior adaptabilidade e apresentando menor incidência de doença, o que é favorável ao programa de melhoramento, pois apresenta um ganho superior. A utilização simultânea de vários métodos para adaptabilidade e estabilidade, favorece o programa de melhoramento, devido principalmente a maior precisão da identificação dos genótipos superiores.

Para uma seleção conjunta dos materiais em relação as duas doenças, os genótipos que mantiveram classificado como os mais estáveis, mais adaptáveis e resistentes foram os genótipos G5, G18 e G11, de acordo com o método MHPRVG (Tabelas 5 e 6). Entre os três melhores genótipos identificados, vale ressaltar que dois são provenientes do programa de melhoramento de plantas da FE-UNESP, demonstrando que os genótipos são promissores para continuidade dos estudos.

Tabela 6. Ordenação dos genótipos com base em Incidência de Mancha Angular para: Ganho genético (g); Estabilidade (MHVG); Adaptabilidade (PRVG); Estabilidade e adaptabilidade (MHPRVG); Ganho de Seleção (GS (%)) para os 5 melhores genótipos. Para o agrupamento de 6 épocas.

Mancha Angular								
Genótipo	Ordem	g	Ordem	MHVG	Ordem	PRVG	Ordem	MHPRVG
1	9	0,014	10	9,532	9	0,999	9	0,998
2	3	0,080	3	9,830	3	1,022	3	1,021
3	12	-0,030	15	9,429	14	0,989	14	0,987
4	14	-0,049	14	9,437	15	0,987	15	0,985
5	2	0,100	2	9,877	2	1,028	2	1,026
6	7	0,020	6	9,675	7	1,007	7	1,006
7	19	-0,097	19	9,363	19	0,976	19	0,976
8	5	0,054	5	9,791	5	1,017	5	1,016
9	10	-0,016	9	9,557	10	0,996	10	0,996
10	13	-0,032	11	9,524	12	0,993	12	0,993
11	4	0,077	4	9,798	4	1,020	4	1,020
12	16	-0,051	17	9,405	16	0,985	16	0,984
13	11	-0,023	12	9,508	11	0,993	11	0,993
14	6	0,044	7	9,675	6	1,010	6	1,009
15	15	-0,050	13	9,501	13	0,989	13	0,989
16	20	-0,112	20	9,302	20	0,972	20	0,971
17	17	-0,069	18	9,365	18	0,981	18	0,979
18	1	0,203	1	10,128	1	1,054	1	1,051
19	18	-0,080	16	9,411	17	0,981	17	0,981
20	8	0,016	8	9,602	8	1,003	8	1,002
GS (%)				0,103 (1,04)				

Fonte: Próprio autor.

5 CONCLUSÕES

De acordo com os resultados obtidos neste trabalho pode-se concluir que:

- Há interação entre genótipos e ambientes, gerando ambientes favoráveis e não favoráveis a incidência de Mancha Angular e Crestamento Bacteriano Comum, sendo possível observar o comportamento dos genótipos em diferentes épocas (ambientes) de semeadura;
- A época que proporcionou boa discriminação dos genótipos para todas as metodologias utilizadas foi a abril de 2016 para Mancha Angular e Crestamento Bacteriano Comum, sendo que para estudos de estabilidade e adaptabilidade é importante manter também o ambiente junho de 2015.
- O genótipo G11 seguido pelo G5, considerando todos as metodologias utilizadas, foram os melhores em termo de estabilidade e tolerância a simultânea a Mancha Angular e Crestamento Bacteriano Comum;

REFERÊNCIAS

- ABREU, A. F. B. **Doenças e métodos de controle**. Lavras: EMBRAPA, 2005. (Sistemas de produção, 6.) Disponível em: <<http://sistemasdeproducao.cnptia.embrapa.br/FontesHTML/Feijao/FeijaoPrimSegSafrasulMG/doencas.htm>> Acesso em: 18 abr. 2016.
- AGÊNCIA EMBRAPA DE INFORMAÇÃO TECNOLÓGICA - AGEITEC. **Vírus do Mosaico Comum**. Brasília, DF, 2015. Disponível em: <http://www.agencia.cnptia.embrapa.br/gestor/feijao/arvore/CONTAG01_105_1311200215105.html> Acesso em: 10 abr. 2016.
- ALLARD, R. W.; BRADSHAW, A. D. Implications of genotype-environment interaction in applied plant breeding. **Crop Science**, Madison, v. 4, n. 5, p. 503-508, 1964.
- ANNICCHIARICO, P. Cultivar adaptation and recommendation from alfalfa trials in Northern Italy. **Journal of Genetics and Plant Breeding**, New Delhi, v. 46, p. 269-278, 1992
- BARROS, M. A. Adaptabilidade e estabilidade produtiva de feijão-caupi de porte semiprostrado. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, DF, v. 48, n. 4, p.403-410, abr. 2013.
- BASTOS, I. T.; BARBOSA, M. H. P.; RESENDE, M. D. V.; PETERNELLI, L. A.; SILVEIRA, L. C. I.; DONDA, L. R.; FORTUNATO, A. A.; COSTA, P. M. A.; FIGUEIREDO, I. C. R. Avaliação da interação genótipo x ambiente em cana-de-açúcar via modelos mistos. **Revista Pesquisa Agropecuária Tropical**, Goiânia, v. 37, n. 4, p. 195-203, dez. 2007.
- BENIN, G.; CARVALHO, F. I. F.; OLIVEIRA, A. C.; MARCHIORO, V. S.; LORENCETTI, C.; KUREK, A. J.; SILVA, J. A. G.; CRUZ, P. J.; HARTWIG, I.; SCHMIDT, D. A. M. Comparações entre medidas de dissimilaridade e estatísticas multivariadas como critérios no direcionamento de hibridações em aveia. **Ciência Rural**, Santa Maria, v. 33, n. 4, p. 657-662, jul-ago, 2003. Disponível em: <<http://www.scielo.br/pdf/cr/v33n4/6685.pdf>> Acesso em: 20 dez. 2017.
- BERTAN, I.; CARVALHO, F. I. F.; OLIVEIRA, A. C.; VIEIRA, E. A.; HARTWING, I.; SILVA, J. A. G.; SHIMIDT, D. A. M.; VALÉRIO, I. P.; BUSATO, C. C.; RIBEIRO, G. Comparação de métodos de agrupamento na representação da distância morfológica entre genótipos de trigo. **Revista Brasileira Agrociência**, Pelotas, v. 12, n. 3, p. 279-286. jul-set, 2006. Disponível em: <<https://periodicos.ufpel.edu.br/ojs2/index.php/CAST/article/viewFile/4554/3465>> Acesso em: 20 out. 2017.
- BESPALHOK, F. J. C.; GUERRA, E. P.; OLIVEIRA, R. **Melhoramento para resistência a doenças**. Curitiba: Universidade Federal do Paraná, 2011. Disponível em: <<http://www.bespa.agrarias.ufpr.br/paginas/conteudo.htm>> Acesso em: 16 out. 2017.

BINOTTI, F. F. S.; ARF, O.; CARDOSO, E. D.; SÁ, M. E.; BUZETTI, S.; NASCIMENTO, V. Fontes e doses de nitrogênio em cobertura no feijoeiro de inverno irrigado no sistema plantio direto. **Bioscience Journal**, Uberlândia, v. 26, n. 5, p.770-778, 2010. Disponível em: <<http://www.seer.ufu.br/index.php/biosciencejournal/article/view/7189>> Acesso em: 17 dez. 2017.

BORÉM, A. **Melhoramento de espécies cultivadas**. 2. ed. Viçosa, MG: Ed. UFV, 2005. 967 p.

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

BROETTO, L. **Indução de resistência a *Xanthomonas axonopodis* pv. *phaseoli* mediada por diferentes espécies de *Trichoderma* na cultura do feijoeiro**. 2017. 76 f. Tese (Doutorado em Agronomia). Universidade Estadual do Oeste do Paraná. Marechal Cândido Rondon, PR. 2017. Disponível em: <http://tede.unioeste.br/bitstream/tede/3201/5/Laline_Broetto_2017> Acesso em: 05 jan. 2018.

CAIXETA, E. T. **Caracterização da resistência genética à mancha-angular e desenvolvimento de marcadores microssatélites para regiões específicas do genoma do feijoeiro**. 2002. 90 f. (Doutorado) - Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, MG, 2002.

CALLEGARO, R. M.; LONGHI, S. J.; ANDRZEJEWSKI, C. Variações estruturais entre grupos florísticos de um remanescente de floresta ombrófila mista montana em Nova Prata – RS. **Ciência Florestal**, Santa Maria, v. 25, n. 2, p. 337-349, abr-jun, 2015. Disponível em: <<http://www.scielo.br/pdf/cflo/v25n2/0103-9954-cflo-25-02-00337.pdf>> Acesso em: 18 jan. 2018.

CARBONELL, S. A. M.; CHIORATTO, 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, p. 193-201, 2007. Disponível em: <<http://dx.doi.org/10.1590/S0006-87052007000200003>> Acesso em 05 Dez. 2017.

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

CENTRO DE INTELIGÊNCIA DO FEIJÃO - CIF. **Pragas e doenças**. [S. l.], 2015. Disponível em: <http://www.cifeijao.com.br/index.php?p=pragas_doencas> Acesso em: 10 abr. 2015.

COMPANHIA NACIONAL DE ABASTECIMENTO – CONAB. **Observatório agrícola: acompanhamento da safra brasileira (grãos): safras 2017/2018**. Brasília, DF, 2017. v. 5. Disponível em: <http://www.conab.gov.br/OlalaCMS/uploads/arquivos/17_10_16_16_34_39_graos_outubro_2017.pdf> Acesso em: 10 dez. 2017.

COMPANHIA NACIONAL DE ABASTECIMENTO – CONAB. **Acompanhamento da safra brasileira: grãos 2017/2018**. Brasília, DF, 2015. v. 5, n. 6. Disponível em: <http://www.conab.gov.br/OlalaCMS/uploads/arquivos/18_03_13_14_15_33_grao_marco_2018.pdf>. Acesso em: 29 mar. 2018.

COSTA, J. G.; RAVA, C. A.; PURÍSSIMO, J. D. Reação de acessos de feijoeiro comum à antracnose, ao crestamento bacteriano comum e a Mancha Angular. **Revista Ceres**. Viçosa, MG, v. 55, p. 28-33, 2008.

COUTO, M. A; SANTOS. J. B; FERREIRA, J. L. Melhoramento do Feijoeiro Comum com Grão Tipo Carioca Visando Resistência à Antracnose e à Mancha Angular. **Ciência e Agrotecnologia**., Lavras, v. 32, n. 5, p. 1643-1648, 2009. Disponível em: <https://www.researchgate.net/publication/234139032_COMUNICACAO_MELHORAMENTO_DO_FEIJOEIRO_COMUM_COM_GRAO_TIPO_CARIOCA_VISANDO_RESISTENCIA_A_A_ANTRACNOSE_E_A_MANCHA_ANGULAR_Breeding_of_common_bean_with_carioca_type_grain_for_the_resistance_to_anthrachnose_?enrichId=rgreq-3cbb60db3982c254425b1ad5297d35e9-XXX&enrichSource=Y292ZXJQYWdlOzIzNDUzOTAzMjtBUzoxMDQ2NDMxNDUyNDA1ODVAMTQwMTk2MDI3ODc1OQ%3D%3D&el=1_x_2&_esc=publicationCoverPdf> Acesso em: 18 jan. 2018.

CRUZ, C. D.; TORRES, R. A. A.; VENCOVSKY, R. An alternative approach to the stability analysis proposed by Silva and Barreto. **Revista Brasileira de Genética**, Ribeirão Preto, v. 12, n. 2, p. 567-580, 1989.

CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. 2. ed. rev. Viçosa, MG: Ed. UFV, 2003.

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

CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. 3. ed. Viçosa, MG: Ed. UFV, 2004.

CRUZ, C. D. **Programa genes: biometria**. Viçosa, MG: Ed. UFV, 2006. 382 p. v. 1.

DALLA CORTE, A.; MODA-CIRINO, V.; SCHOLZ, M.B.S.; et al. Environment effect on grain quality in early common bean cultivars and lines. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, Maringá, v. 3, n. 3, p. 193-202, 2003.

DIAZ, C. G. **Avaliação de danos causados por *Xanthomonas axonopodis* pv. *phaseoli* em feijoeiro (*Phaseolus vulgaris* L.)** 2000. 79 f. (Doutorado) - Universidade de São Paulo, Piracicaba, 2000.

DUARTE, J. B.; VENCOVSKY, R. **Interação genótipos x ambientes: uma introdução à análise "AMMI"**. 9. ed. Ribeirão Preto: Série Monografias, 1999. 60 p.

EBERHART, S. A.; RUSSEL, W. A. Stability parameters for comparing varieties. **Crop Science**, Madison, v. 1, n. 1, p. 36-40, 1966. Disponível em: <<https://dl.sciencesocieties.org/publications/cs/abstracts/6/1/CS0060010036>> Acesso em: 27 jul. 2015.

EMPRESA BRASILEIRA DE PESQUISA AGROPECUÁRIA – EMBRAPA. **Manejo Fitossanitário do feijoeiro**. Santo Antônio de Goiás, 2005. (Circular Técnica, n. 73) Disponível em: <<http://www.bdpa.cnptia.embrapa.br/consulta/busca?b=ad&id=193134&biblioteca=vazio&busca=193134&qFacets=193134&sort=&paginaacao=t&paginaAtual=1>> Acesso em: 05 dez. 2017.

EMPRESA BRASILEIRA DE PESQUISA AGROPECUÁRIA – EMBRAPA. **Controle químico da mancha angular do feijoeiro comum**. Santo Antônio de Goiás, GO. Novembro de 2006. (Circular Técnica, n. 118). Disponível em: <https://ainfo.cnptia.embrapa.br/digital/bitstream/CNPAF/25027/1/comt_118.pdf>. Acesso em: 05 dez. 2017.

EMPRESA BRASILEIRA DE PESQUISA AGROPECUÁRIA - EMBRAPA. **Rede nacional de recursos genéticos vegetais: PA4 – Banco Ativo de Germoplasma de Feijão (*Phaseolus vulgaris*)**. Brasília, DF, 2011. Disponível em: <<http://plataformarg.cenargen.embrapa.br/pnrg/rede-vegetal/projetos-componentes/pc3-bancos-ativos-de-germoplasma-de-especies-leguminosas-oleaginosas-e-fibrosas/planos-de-acao/pa4-banco-ativo-de-germoplasma-de-feijao-phaseolus-vulgaris>>. Acesso em: 20 dez. 2017.

FARIA, J. C.; ANJOS, J. R. N.; COSTA, A. F.; SPERÂNCIO, C. A.; COSTA, C. L. Doenças causadas por vírus e seu controle. In: ARAUJO, R. S.; RAVA, C. A.; STONE, L. F.; ZIMMERMANN, M. J. O. (Coord.). **Cultura do feijoeiro comum no Brasil**. Piracicaba: Potafos, 1996. p. 731-760.

FERES, A. L. G. **Análise estatística espacial na avaliação de produtividade no melhoramento genético do feijoeiro**. 2009. 89 f. Dissertação (Magister Scientiae) – Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, MG, 2009. Disponível em: <<http://www.locus.ufv.br/bitstream/handle/123456789/4021/texto%20completo.pdf?sequence=1&isAllowed=y>> Acesso em: 15 jan. 2018.

FERNANDES, R. C; GUERRA, J. G. M; ARAUJO, A. P. Desempenho de cultivares de feijoeiro-comum em sistema orgânico de produção. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, DF, v. 50, n. 9, p. 797-806, 2015. Disponível em: <http://www.scielo.br/scielo.php?pid=S0100-204X2015000900797&script=sci_abstract&tlng=pt>. Acesso em: 27 jan. 2018.

FERREIRA, C. M. **Mercado de feijão**. Brasília, DF: Embrapa, 2013. Disponível em: <<http://www.agencia.cnptia.embrapa.br>>. Acesso em: 10 abr. 2015.

FREIRE FILHO, F. R.; LIMA, J. A. A.; RIBEIRO, V. Q. **Feijão-caupi: avanços tecnológicos**. Brasília, DF: Embrapa Informação Tecnológica. 2005. 519 p.

FIGUEIREDO, A. G. **Aplicação de modelos mistos na avaliação de estabilidade e adaptabilidade em milho utilizando dados desbalanceados**. 2014. 67 f. Dissertação (Mestrado) - Universidade Federal de Lavras, Lavras, 2014.

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

GODOI, D. R. **Estabilidade em análise de agrupamento via modelo AMMI com reamostragem “bootstrap”**. 2013. 91 f. (Mestrado) – Universidade de São Paulo Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Piracicaba, 2013. Disponível em: <http://www.teses.usp.br/teses/disponiveis/11/11134/tde-13112013-143342/publico/Debora_Robert_de_Godoi.pdf> Acesso em: 16 nov. 2017.

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

GOOGLE. **Google maps**. [S. l.], 2018. Disponível em: <<https://www.google.com.br/maps/@-20.3671575,-51.3756722,32867m/data=!3m1!1e3?hl=pt-BR>> Acesso em: 11 jan. 2018.

INSTITUTO AGRONÔMICO. CULTIVARES DE FEIJOEIRO - IAC. **Centro de Grãos e Fibras**. Brasília, DF, 2015. Disponível em: <<http://www.iac.sp.gov.br/areasdepesquisa/graos/feijao.php>>. Acesso em: 27 jul. 2015.

ITO, M. F. I; CARBONELL, S. M.; CASTRO, J. L.; DUDIENAS, M. C. A Cultura do feijoeiro comum e a Mancha Angular no Estado de São Paulo. In: EMPRESA BRASILEIRA DE PESQUISA AGROPECUÁRIA – EMBRAPA. **Memórias da participação brasileira no "I Taller Internacional sobre la Mancha Angular del frijol"**. Santo Antônio de Goias, 2002. p. 5-9. Disponível em: <<http://ainfo.cnptia.embrapa.br/digital/bitstream/item/59146/1/Doc-132.pdf>>. Acesso em: 26 jul. 2015.

JASPER, M. **Comparativo de diferentes grupos de fungicidas no controle de doenças do feijoeiro**. 2010. 65 f. (Mestrado) – Universidade Estadual de Ponta Grossa, Ponta Grossa, 2010.

LAVORANTI, O. J. **Estabilidade e adaptabilidade fenotípica através da reamostragem “bootstrap” no modelo AMMI**. 2003. 166 f. Tese (Doutorado em Estatística e Experimentação Agronômica) - Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Universidade de São Paulo, Piracicaba, 2003.

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

MATHERSON, A. C.; RAYMOND, C. A. A review of provenance x environment interaction: its practical importance and use with particular reference to the tropics. **The Commonwealth Forestry Review**, Shropshire, v. 65, n. 4, p. 283-302, 1986.

MAVUNGO JÚNIOR, F. **Adaptabilidade e estabilidade de produtividade em progênies de soja**. 2014. 21 f. Dissertação (Magister Scientiae) - Universidade Federal de Viçosa, Rio Paranaíba, 2014.

MESQUITA, F. R. **Linhagens de feijão: composição química e digestibilidade proteica.** 2005. 54 f. Dissertação (Mestrado) - Universidade Federal de Lavras, Lavras, 2005.

MOREIRA, J. A. A.; STONE, L. F.; BIAVA, M. **Embrapa informações tecnológicas.** Brasília, DF, 2003. (Coleção 500 Perguntas, 500 Respostas).

NAMKOONG, G.; SNYDER, E. B.; STONECYIPHER, R. Heritability and gain concepts for evaluating breeding systems such as seedling orchards. **Silvae Genetica.** Frankfurt, v. 15, p. 76-84, 1966.

OLIVEIRA, E. J.; ALZATE-MARIN, A. L.; BORÉM, A.; MELO, C. L. P.; BARROS, E. G.; MORIEL, M. A. Reação de Cultivares de Feijoeiro Comum a Quatro Raças de *Phaeoisariopsis griseola*. **Revista Fitopatologia Brasileira**, [S. l.], 2004. Disponível em: <<http://www.scielo.br/pdf/fb/v29n2/19570.pdf>> Acesso em: 05 dez. 2017.

OMAR, M. A.; ABDEL-HAKIM, A. M.; EL-HADY, M. M. Stability parameters for faba bean genotypes as criteria for response to environmental conditions. **Annals of Agricultural Science**, Hadayek Shoubra, v. 44, n. 1, p. 173-188, 1999.

PARIS, C. A.; KLEIN, E. DEBONI, M.; GONÇALVES, G. J.; LONGO, G. Práticas de manejo agroecológico na produção de moranginho. **Cadernos de Agroecologia**, Porto Alegre, v. 8, n. 2, p.1-5, nov. 2013.

PARRELLA, N. N. L. D. **Seleção de famílias de feijão com resistência à antracnose, produtividade e tipo de grão carioca.** 2006. 60 f. Dissertação (Genética e Melhoramento de Plantas) – Universidade Federal de Lavras, Lavras, 2006.

PEREIRA, H. S.; MELO, L. C.; FARIA, L. C.; DEL PELOSO, M. J.; COSTA, J. G. C.; RAVA, C. A.; WENDLAND, A. Adaptabilidade e estabilidade de genótipos de feijoeiro-comum com grãos tipo carioca na Região Central do Brasil. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, DF, v. 44, n. 1, p. 29-37, 2009.

PEREIRA, H. S.; MELO, L. C.; DEL PELOSO, M. J.; FARIA, L. C.; COSTA, J. G. C.; CABRERA DIAZ, J. L.; RAVA, C. A.; WENDLAND, A. Comparação de métodos de análise de adaptabilidade e estabilidade fenotípica em feijoeiro-comum. **Revista Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, DF, v. 44, n. 4, p. 374-383, abr. 2009. Disponível em: <<https://www.embrapa.br/arroz-e-feijao/busca-de-publicacoes/-/publicacao/217227/comparacao-de-metodos-de-analise-de-adaptabilidade-e-estabilidade-fenotipica-em-feijoeiro-comum>> Acesso em: 02 dez. 2017.

RAIJ, B. Van; CANTARELLA, H.; QUAGGIO, J. A.; FURLANI, A. M. C. **Recomendações de adubação e calagem para o Estado de São Paulo.** 2. ed. Campinas: Instituto Agrônomo, 1996. 285 p. (Boletim Técnico, 100).

RAMALHO, M. A. P.; ABREU, A. F. B.; SANTOS, J. B. **Melhoramento de espécies autógamas.** Rondonópolis: Fundação MT, 2001. 1183 p.

RAMALHO, M. A. P.; ABREU, A. F. B.; SANTOS, J. B.; NUNES, J. A. R. **Aplicações da genética quantitativa no melhoramento de plantas autógamas.** Lavras: Ed. UFLA, 2012. 522 p.

REDDEN, R. J.; DELACY, I. H.; BUTLER, D. G.; USHER, T. Analysis of line x environment interactions for yield in navy beans. 2. Pattern analysis of lines and environment within years. **Australian Journal of Agricultural Research**, Clayton, v. 51, n. 5, p. 607-617, 2000.

REIS, R. C. P. **Comparação de métodos de agrupamento para o estudo da diversidade genética em cultivares de feijão**. 2007. 25 f. Trabalho de Conclusão de Curso (Graduação em Estatística) - Universidade Federal do Rio Grande do Sul, 2007. Disponível em: <<http://www.lume.ufrgs.br/bitstream/handle/10183/130823/000639675.pdf?sequence=1>> Acesso em: 20 dez. 2017.

RIBEIRO, N. D.; SOUZA, J. F.; ANTUNES, I. F.; BEVILAQUE, G. A. P.; MAZIERO, S. M. Estabilidade de produção de linhagens-elite de feijão em diferentes ambientes no Estado do Rio Grande do Sul. **Pesquisa Agropecuária Gaúcha**, Porto Alegre, v. 16, n. 1-2, p. 39-44, 2010.

ROSADO, A. M.; ROSADO, T. B.; ALVES, A. A.; LAVIOLA, B. G.; BHERING, L. L. Seleção simultânea de clones de eucalipto de acordo com produtividade, estabilidade e adaptabilidade. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, DF, v. 47, p. 964-971, 2012. Disponível em: <http://www.scielo.br/scielo.php?script=sci_arttext&pid=S0100-204X2012000700013> Acesso em: 02 dez. 2017.

ROSSE, L. N.; VENCOSKY, R. Modelo de regressão não linear aplicado ao estudo da estabilidade fenotípica de genótipos de feijão no Estado do Paraná. **Bragantia**, Campinas, v. 59, n. 1, p. 99-107, 2000.

SANTOS, V. S. **Seleção de pré-cultivares de soja baseada em índices**. 2005. 104 f. Tese (Doutorado) – Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Universidade de São Paulo, Piracicaba, 2005. Disponível em: <<http://www.teses.usp.br/teses/disponiveis/11/11137/tde-18072005-154840/en.php>> Acesso em: 20 Nov. 2017.

SANTOS, A.; CECCON, G.; TEODORO, P. E.; CORREA, A. M.; ALVAREZ, R. C. F.; SILVA, J. F.; ALVES, V. B. Adaptabilidade e estabilidade de genótipos de feijão caupi ereto via REML/BLUP e GGE Biplot. **Bragantia**, Campinas, p. 6-8, 2016. Disponível em: http://www.scielo.br/pdf/brag/2016nahead/pt_0006-8705-brag-1678-4499280.pdf. Acesso em: 02 dez. 2017.

SARTORATO, A.; RAVA, C. A. Mancha Angular. In: (Ed.). **Principais doenças do feijoeiro comum e seu controle**. Brasília, DF: EMBRAPA, SPI, 1994. p. 41-68.

SEIDEL, E. J.; MOREIRA JÚNIOR, F. J.; ANSUIJ, A. P.; NOAL, M. R. C. Comparação entre o método ward e o método k-médias no agrupamento de produtores de leite. **Ciência e Natura**, [S. l.], p. 07-15, July 2008. ISSN 2179-460X. Disponível em: <<https://periodicos.ufsm.br/cienciaenatura/article/view/9737>>. Acesso em: 18 Jan. 2018.

SILVA, F. C. **Interação de genótipos com ambientes para qualidade de grãos carioca e caracteres agronômicos em feijoeiro-comum**. 2015. 194 f. Tese (Doutorado) - Universidade Federal de Goiás, Goiânia, 2015. Disponível em: <[https://pgmp.agro.ufg.br/up/237/o/Tese_Fernanda_de_C%C3%A1ssia_Silva_\(1\).pdf](https://pgmp.agro.ufg.br/up/237/o/Tese_Fernanda_de_C%C3%A1ssia_Silva_(1).pdf)> Acesso em: 15 Jan. 2018.

SILVA, D. V. F.; SANTOS, J. B.; ABREU, A. F. B.; PARRELLA, R. A. C. Seleção de Linhagens de Feijão Rosinha de Boa Cocção Resistentes à Antracnose e Mancha Angular. **Bragantia**, Campinas, v. 68, n. 3, p. 583-591, 2009. Disponível em: <<http://www.scielo.br/pdf/brag/v68n3/a04v68n3.pdf>> Acesso em: 29 jan. 2018.

UNIVERSIDADE ESTADUAL PAULISTA - UNESP. Área de Hidráulica e Irrigação. **Canal Clima da Unesp Ilha Solteira**. Disponível em: <<http://clima.feis.unesp.br>> Acesso em: 25 Jan. 2017.

VERISSIMO, M. A. A.; SILVA, S. D. A.; AIRES, R. F.; DAROS, E.; PANZIERA, W. Adaptabilidade e estabilidade de genótipos precoces de cana-de-açúcar no Rio Grande do Sul. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, DF, v. 47, n. 4, p. 561-568, 2012.

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

ZOBEL, B.; TALBERT, J. **Applied forest tree improvement**. New York: John Wiley & Sons. 1984. 496 p.