

Aplicação do modelo AMMI no valor de luminosidade de cultivares de feijão carioca

Jhessica Letícia Kirch¹, Acácia Mecejana Diniz Souza², Alisson Fernando Chiorato³, Carlos Tadeu dos Santos Dias⁴

1. Introdução

O feijão comum (*Phaseolus vulgaris*, L.) é o mais importante legume comestível, representando 50% do consumo mundial dentre as leguminosas de grão (MCCLEAN et al., 2004). No Brasil, o feijão tem grande importância na alimentação e na cultura popular, constituindo, conjuntamente com o arroz, a base da alimentação dos brasileiros. O feijão carioca foi lançado oficialmente no mercado em 1971, pelo Instituto Agronômico de Campinas - IAC e no mesmo ano se tornou o feijão mais cultivado e comercializado no estado de São Paulo (BULISANI, 2008; CONAB, 2018).

O feijoeiro-comum é cultivado em três safras durante o ano, sujeito, assim, às mais diferentes condições ambientais (Melo et al., 2007). No Estado de São Paulo, as semeaduras são efetuadas em agosto-setembro (denominada época das águas), janeiro-fevereiro (seca) e abril-maio (inverno) (PINZAN et al., 1994).

O desenvolvimento de linhagens superiores em relação à produtividade, qualidade, resistência de grãos, conjuntamente com sua adaptação e estabilidade são algumas das metas dos programas de melhoramento de plantas (MODA-CIRINO et al., 2012). Além dessas características, nos programas de melhoramento de feijoeiro comum, o escurecimento lento de grãos é uma característica desejada, porquanto o consumidor considera que o grão mais escuro exigirá mais tempo de cocção. Atualmente, a análise empregada para diferenciação da cor entre os genótipos leva 90 dias ou mais, no entanto, é possível obter resultados em 96h, submetendo os grãos à luz ultravioleta.

Neste contexto, o presente trabalho teve como objetivo efetuar a avaliação fenotípica de 19 genótipos de feijoeiro comum do tipo carioca em seis ambientes em relação ao escurecimento do grão pelo método de escurecimento acelerado com 96 horas de exposição à fonte de iluminação, com base no modelo aditivo com interação multiplicativa (*Additive Main-effects and Multiplicative Interaction* - AMMI).

2. Materiais e métodos

Os dados foram provenientes de experimentos de avaliação do escurecimento de grãos em feijoeiro pelo método de escurecimento acelerado instalado no delineamento experimental aleatorizados em três blocos no ano de 2016. Foram avaliados 19 genótipos de feijoeiros do tipo

¹ Programa de Pós-graduação em Estatística e Experimentação Agronômica, Universidade de São Paulo - ESALQ/USP. email: jhessicakirch@gmail.com

² Centro de Grãos e Fibras – Instituto Agronômico - IAC. email: acacia@hotmail.com.br

³ Centro de Grãos e Fibras – Instituto Agronômico - IAC. email: afchiorato@iac.sp.gov.br

⁴ Departamento de Ciências Exatas, Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Universidade de São Paulo - ESALQ/USP e Departamento de Ciências do Solo, Universidade Federal do Ceará - PPGCS/UFC. email: ctsdias@usp.br

carioca, em seis ambientes no Estado de São Paulo, sendo eles Campinas (A) e Tatuí (B) na época da “seca”, Votuporanga (C) e Ribeirão Preto (D), “inverno” e Mococa (E) e Campinas (F), “águas”. Os genótipos avaliados foram BRS Perola, CHC 01-175-1, CNFC 11-948, CNFC 11-954, Gen 4-1F-19P, Gen 12-2F-67, Gen 20-4F-129, Gen 45-2F-293P, Gen 78-1A-59, Gen 86-12A-122, Gen 90-4A-160, Gen 104-1A-291, Gen 106-4A-317, Gen 106-6A-319, Gen 107-14A-336, Gen 125-10A-510, IAC Milenio, IAC Sintonia e LP 11-363 rotulados sequencialmente de G1 a G18.

Os genótipos foram avaliados quanto a cor do tegumento dos grãos em função do valor de luminosidade pelo método de escurecimento acelerado, para o qual foram instaladas duas lâmpadas ultravioletas e duas lâmpadas fluorescentes, de forma alternada, na câmara. Os grãos foram colocados em placas de Petri abertas, de 90 mm de diâmetro, a dezoito centímetros abaixo das lâmpadas por 96 horas.

Os valores de luminosidade (L^*), que representa a escala de luminosidade de 0 (preto) a 100 (branco) pelo sistema CIELAB, das amostras foram registrados utilizando-se colorímetro (modelo CR-410, Konica Minolta, Osaka, Japão) e foram expressos pela média de cinco aferições para cada amostra.

Para avaliação da variabilidade genética entre os tratamentos (genótipos) foram realizadas as análises de variância de cada ambiente e, em seguida, a análise conjunta de variância. Constatada a presença de interação genótipo-ambiente ($G \times A$), procedeu-se à análise da adaptabilidade e estabilidade genotípica em relação ao valor de luminosidade, por meio do modelo de efeitos principais aditivos e interação multiplicativa (AMMI). A equação do modelo para o i -ésimo genótipo no j -ésimo ambiente em r blocos é (GAUCH, 1992)

$$y_{ijr} = \mu + g_i + e_j + b_r(e_j) + \sum_{k=1}^p \lambda_k \alpha_{ik} \gamma_{jk} + \rho_{ij} + \varepsilon_{ij}$$

em que y_{ijr} é o valor observado no i -ésimo genótipo, j -ésimo ambiente e r -ésimo bloco, μ é a média geral do experimento, g_i e e_j são os efeitos principais do genótipo e ambiente, respectivamente, $b_r(e_j)$ é o efeito do bloco r dentro do ambiente j , λ_k é o valor singular para os Componentes Principais da Interação - IPC, com $\lambda_1 \geq \lambda_2 \geq \dots \geq \lambda_p$, α_{ik} e γ_{jk} são os escores dos IPC's para os genótipos e ambientes, ρ_{ij} é o resíduo contendo todos os termos multiplicativos não incluídos no modelo e ε_{ij} é o resíduo para o i -ésimo genótipo e j -ésimo ambiente assumindo $\varepsilon_{ij} \sim N(0, \frac{\sigma^2}{r})$ em que r é o número de repetições (YAN, 2011; HONGYU et al., 2014). Os graus de liberdade do modelo AMMI foram atribuídos pelo método de Gollob (1968), sendo sua expressão dada por $GL_{PC_k} = g + e - 1 - 2k$ em que g e e são o número de genótipos e de ambientes, respectivamente e $k = 1, 2, \dots, p$ com $p = \min(g - 1, e - 1)$.

3. Resultados e discussões

A interação dos genótipos com os ambientes mostrou-se altamente significativa com base na análise de variância conjunta (Tabela 1) para o valor de luminosidade, indicando que os genótipos apresentam comportamento diferente em cada ambiente, justificando um estudo do comportamento dos genótipos para identificar a magnitude da interação com os ambientes (GAUCH, 1992; HONGYU et al., 2014).

A soma de quadrado da interação corresponde à soma de todos os autovalores. Assim, os dois primeiros componentes principais foram significativos com $p < 0,001$. O PC1 (componente

principal 1) explicou 41,26% da variabilidade, enquanto o componentes principal 2 (PC2) explicou 33,90%, portanto o PC1 e o PC2 juntos explicam 75,16% da variabilidade.

Tabela 1. Análise de variância conjunta do valor de luminosidade (L^*) e decomposição da soma de quadrado da interação.

Fonte de variação	G.L.	S.Q.	Q.M.	Valor-F	Valor-p
Ambiente (A)	5	355,37	71,08	26,48	< 0,001
Bloco/Ambiente	12	32,21	2,68	4,42	< 0,001
Genótipo (G)	18	101,93	5,66	9,33	< 0,001
Interação GxA	90	97,94	1,09	1,79	< 0,001
PC1	22	40,41	1,84	3,03	< 0,001
PC2	20	33,20	1,66	2,73	< 0,001
PC3	18	13,29	0,74	1,22	0,2467 ^{NS}
PC4	16	6,46	0,40	0,67	0,8218 ^{NS}
PC5	14	4,58	0,33	0,54	0,9074 ^{NS}
Resíduo	216	131,14	0,61	-	-

Fonte: Elaborado pelos autores.

A Figura 1 apresenta o *biplot* para o modelo AMMI, com o valor de luminosidade no eixo das abscissas e PC1 para genótipos e ambientes na ordenada. Os genótipos com maior L^* médio foram $G8 > G12 > G6 > G5$. Os genótipos G8 (Gen 45-2F-293P), G12 (Gen 104-1A-291), G6 (Gen 12-2F-67) e G5 (Gen 4-1F-19P) apresentaram valor de luminosidade L^* de 45,69, 45,47, 45,46 e 45,44, respectivamente. Dentre esses genótipos, o G8 e G12 apresentaram a maior estabilidade, considerando a proporção dos dois eixos de variabilidade explicada na Figura 2.

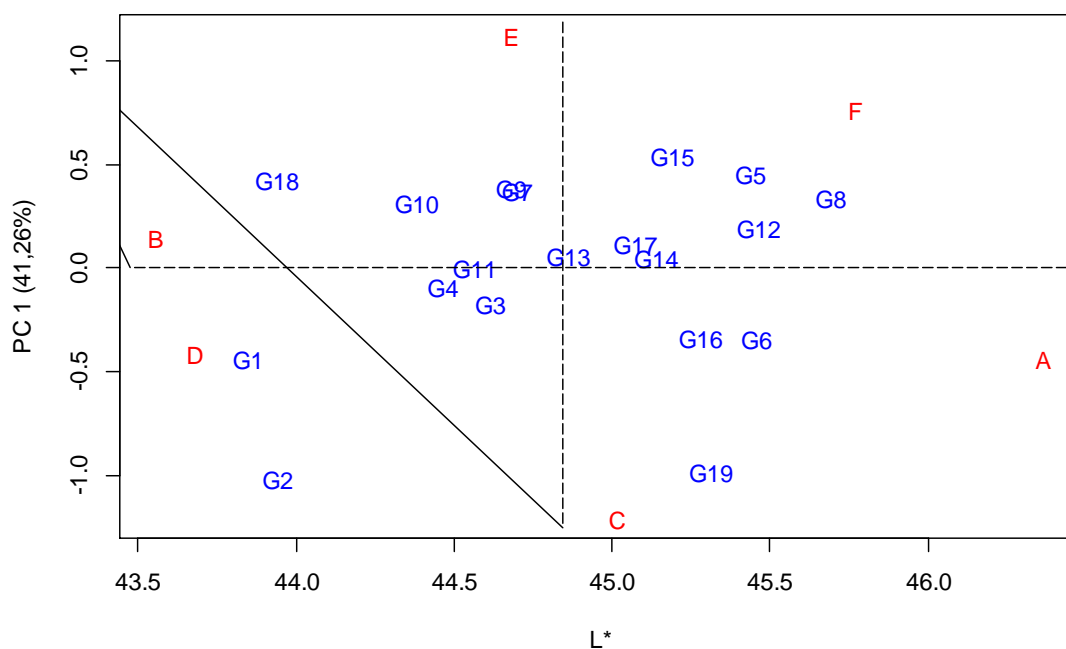


Figura 1. *Biplot* AMMI (PC1 vs. L^*) para os dados de escurecimento de feijão com 19 genótipos e 6 ambientes.

Fonte: Elaborado pelos autores.

Os genótipos que apresentaram L^* razoavelmente próximo a média foram $G10 < G4 < G11 < G3 < G9 < G7 < G13 < G17 < G14 < G15 < G16 < G19$, enquanto o grupos dos genótipos com valor de luminosidade abaixo de média foram $G1 < G2 < G18$, ambos em ordem crescente. No grupo de genótipos com L^* médio, aqueles com maior estabilidade foram G11, G13, G17, sendo eles Gen 90-4A-160, Gen 106-4A-317 e IAC Milenio, respectivamente. E no grupo com menores valores de luminosidade, o único genótipo com estabilidade foi G1 (BRS Perola). Considerando que o PC1 explica a maior parte da variabilidade, os genótipos que exibiram maior valor de luminosidade em média e estabilidade foram Gen 104-1A-291 e Gen 45-2F-293P.

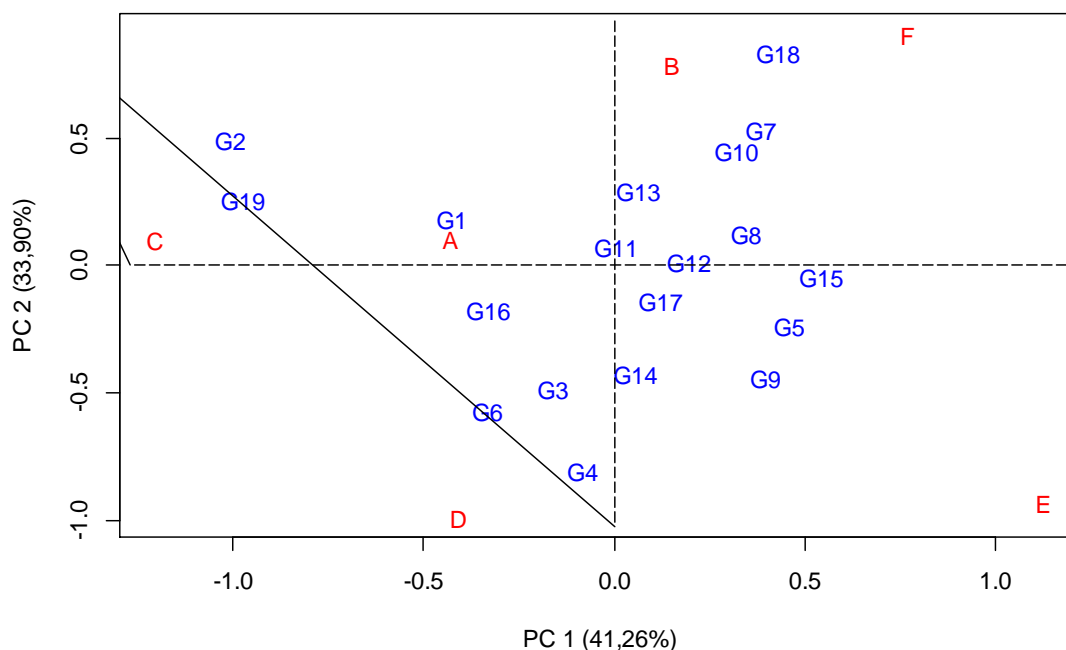


Figura 2. Biplot AMMI (PC1 vs. PC2) para os dados de escurecimento de feijão com 19 genótipos e 6 ambientes.

Fonte: Elaborado pelos autores.

Os ambientes com menores valores de L^* foram $B < D < E < C < F < A$ (Figura 1). Portanto, Tatuí/seca (B) e Ribeirão Preto/inverno (D) apresentaram valores de luminosidade menores que a média geral do experimento, sendo estes iguais a 43,56 e 43,68, respectivamente. Mococa/águas (E) e Votuporanga/inverno (C) apresentaram valores próximos a média geral (44,68 e 45,02, respectivamente). E Campinas/águas (F) e Campinas/seca (A) apresentaram valores maiores que a média geral, sendo estes iguais a 45,77 e 46,36, respectivamente.

Quanto as adaptações específicas, tem-se, pela Figura 2, que os genótipos G8 e G12 apresentaram baixa adaptabilidade aos ambientes Votuporanga/inverno (C) e Campinas/seca (A), ambos ambientes com valores de luminosidade acima da média geral. Os genótipos G1(BRS Perola) e G2 (CHC 01-175-1) apresentaram alta adaptabilidade aos ambientes Votuporanga/inverno (C) e Campinas/seca (A) e baixa adaptabilidade ao ambiente Mococa/águas (E) e o genótipo G1 apresentou alta adaptabilidade aos ambientes C e A.

5. Conclusão

Em termos de ajuste de modelo, dois componentes principais foram capazes de reter 75,16% da variabilidade original 19 genótipos em 6 ambientes diferentes com o modelo AMMI.

Os genótipos G11, G12, G13 e G17 apresentam maior adaptabilidade e estabilidade, sendo assim recomendados para serem usados em todos os ambientes do estudo. Os genótipos G1, G2 e G18 apresentam, em média, menores valores de L^* e são considerados instáveis. Os genótipos G8 e G12 apresentam alta adaptabilidade aos ambientes e os maiores valores de L^* .

O ambiente B fornece a média mais baixa de escurecimento (43,56) e o ambiente A tem a maior média (46,36). Estes podem ser considerados exemplos de ambientes favoráveis e desfavoráveis, respectivamente.

Entre as análises estatísticas baseadas na decomposição de valor singular, o modelo AMMI é o único que separa completamente o genótipo, ambiente e a interação genótipo-ambiente conforme necessário para a maioria dos propósitos de pesquisa agrícola (GAUCH, 1992; HONGYU et al., 2014).

6. Agradecimentos

O presente trabalho foi realizado com apoio do Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq) e da Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior - Brasil (CAPES) - Código de Financiamento 001.

7. Referencias Bibliográficas

BULISANI, E. A. **Feijão carioca: uma história de sucesso**, 2008. Disponível em: < http://www.infobibos.com/artigos/2008_4/feijaocarioca/index.htm >. Acesso em: março 2019.

COMPANHIA NACIONAL DE ABASTECIMENTO - CONAB. **A cultura do feijão**. Brasília: CONAB, 2018, 202 p. ISBN 978-85-62223-12-9.

GAUCH, H.G. **Statistical analysis of regional yield trials: AMMI analysis of factorial designs**. Amsterdam: Elsevier, 1992.

GOLLOB, H.F. A statistical model which combines feature of factor analytic and analysis of variance techniques. **Psychometrika**, v.33, p. 73–115, 1968.

HONGYU, K., GARCÍA-PEÑA, M., ARAÚJO, L.B., DIAS, C.T.S. Statistical analysis of yield trials by AMMI analysis of genotype \times environment interaction. **Biometrical Letters**, v.51, n.2, p. 89-102, 2014.

MCCLEAN, P. E.; KAMI, J., GEPTS, P. Genomics and Genetic Diversity in Common Bean. In: WILSON, R. F., STALKER, H. T., BRUMMER, E. C. **Legume Crop Genomics**: Champaign: AOCS Press, 2004, p. 60-82.

MELO, L. C., MELO, P. G.S., FARIA, L. C., DIAZ, J. L. C., DEL PELOSO, M. J., RAVA, C.A., COSTA, J. G. C. Interação com ambientes e estabilidade de genótipos de feijoeiro-comum na

Região Centro-Sul do Brasil. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 42, n. 5, p. 715-723, maio 2007.

MODA-CIRINO, V., GERAGE, A. C., RIEDE, C. R., SERA, G., TAKAHASHI, M., ABBUD, N. S., NAZARENO, N. R. X., ARAÚJO, P. M., AULER, P. M., YAMAOKA, R. S., SERA, T., ALMEIDA, W.P. Plant breeding at Instituto Agronômico do Paraná - IAPAR. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, Viçosa, v.12, p. 25-30, 2012.

PINZAN, N.R.; BULISANI, E.A.; BERTI, A.J. **Feijão: Zoneamento ecológico e épocas de semeadura para o Estado de São Paulo**. Campinas: CATI, 1994, 19 p. (Boletim Técnico 218)

YAN, W. GGE Biplot vs. AMMI Graphs for Genotype-by-Environment Data Analysis. **Journal of the India Society of Agricultural Statistics**, v. 65, n. 2, p. 181-193, 2011.