

**UNIVERSIDADE FEDERAL DA GRANDE DOURADOS - UFGD**

**CARACTERES TECNOLÓGICOS E DE PRODUÇÃO NA AVALIAÇÃO DA  
DIVERSIDADE GENÉTICA DE FEJÓEIROS POR TÉCNICAS  
MULTIVARIADAS E REDES NEURAIIS ARTIFICIAIS**

**EVERSON RADER**

**DOURADOS  
MATO GROSSO DO SUL  
2020**

CARACTERES TECNOLÓGICOS E DE PRODUÇÃO NA AVALIAÇÃO DA  
DIVERSIDADE GENÉTICA DE FEIJOEIROS POR TÉCNICAS  
MULTIVARIADAS E REDES NEURAIS ARTIFICIAIS

**EVERSON RADER**

Orientador: Prof. Dr. Manoel Carlos Gonçalves

Co-orientadora: Profa. Dra. Liliam Silvia Candido

Co-orientadora: Profa. Dra. Vanderleia Schoeninger

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

DOURADOS  
MATO GROSSO DO SUL  
2020

### **Dados Internacionais de Catalogação na Publicação (CIP).**

R127c Rader, Everson

Caracteres tecnológicos e de produção na avaliação da diversidade genética de feijoeiros por técnicas multivariadas e redes neurais artificiais [recurso eletrônico] / Everson Rader. -- 2021.

Arquivo em formato pdf.

Orientador: Manoel Carlos Gonçalves.

Coorientadoras: Liliam Silvia Candido, Vanderleia Schoeninger.

Dissertação (Mestrado em Agronomia)-Universidade Federal da Grande Dourados, 2020.

Disponível no Repositório Institucional da UFGD em:

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

1. Phaseolus vulgaris L. 2. dissimilaridade genética. 3. qualidade tecnológica. 4. Mapas auto-organizáveis de Kohonen. I. Gonçalves, Manoel Carlos. II. Candido, Liliam Silvia. III. Schoeninger, Vanderleia. IV. Título.

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

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

**CARACTERES TECNOLÓGICOS E DE PRODUÇÃO NA AVALIAÇÃO DA  
DIVERSIDADE GENÉTICA DE FEIJOEIROS POR TÉCNICAS MULTIVARIADAS  
E REDES NEURAIIS ARTIFICIAIS**

Por

**Everson Rader**

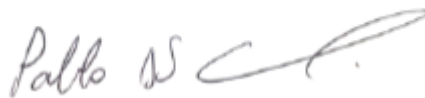
Dissertação apresentada como parte dos requisitos exigidos para obtenção do título de Mestre  
em Agronomia

Aprovado em: 01/09/2020



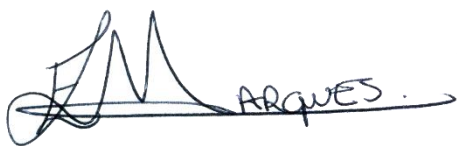
---

Prof<sup>ª</sup>. Dr<sup>ª</sup>. Liliam Silvia Candido  
Coorientadora - UFGD



---

Dr. Pablo Diego Silva Cabral  
Membro da banca – IF Goiano



---

Dr<sup>ª</sup>. Euriann Lopes Marques Yamamoto  
Membro da banca – UFGD/FCA

TABATA ZINGANO  
BISCHOFF  
SOARES:05539631  
986

Assinado de forma digital  
por TABATA ZINGANO  
BISCHOFF  
SOARES:05539631986  
Dados: 2021.02.23  
08:55:47 -04'00'

---

Dr<sup>ª</sup>. Tábata Zingano Bischoff Soares  
Membro da banca – Assist Consultoria e Experimentação Agrônômica

À Deus e a Nossa Senhora Aparecida.  
Aos meus pais, Celson e Rosimeri Rader.

**Dedico**

## AGRADECIMENTOS

À Deus pelo dom da minha vida e por ter me proporcionado chegar até aqui e a Nossa Senhora Aparecida por sempre estar intercedendo por mim.

Aos meus familiares, em especial aos meus pais, Celson e Rosimeri, que me incentivaram a cada momento, que não permitiram que eu desistisse e que não mediram esforços para que eu pudesse ter a oportunidade de estudar. Obrigado por todo amor, carinho, paciência e ensinamento que me proporcionaram.

A Universidade Federal da Grande Dourados, ao programa de pós-graduação em Produção Vegetal - FCA. A todos os professores que sempre estiveram dispostos a contribuir e ajudar para um melhor aprendizado.

Em especial ao meu orientador Prof. Dr. Manoel Carlos Gonçalves, pela orientação, ajuda e dedicação durante a realização desse trabalho.

A Profa. Dra. Liliam Silvia Candido pela coorientação, pela ajuda e dedicação na realização desse trabalho, por todos os conselhos, por sempre estar me cobrando, para que eu pudesse melhorar e principalmente por toda ajuda na parte estatística.

A Profa. Dra. Vanderleia Schoeninger pela coorientação, pela dedicação e ajuda no desenvolvimento desse trabalho, por todo aprendizado, principalmente na parte das análises laboratoriais e por estar me cobrando, para que eu pudesse melhorar.

Ao nosso grupo de pesquisa GMBV-Biotec, pela ajuda no campo, com as avaliações e estatística e pelo companheirismo de cada um. Sem vocês, esse trabalho não seria possível.

A MSc. Priscila Carvalho, que me auxiliou na instalação do experimento, nas avaliações, na elaboração desse trabalho e sanou minhas dúvidas, obrigado por toda ajuda. A Valeria Chaves por toda ajuda nas avaliações laboratoriais e por todo apoio concedido na elaboração desse trabalho.

Ao pessoal da Fazenda Experimental da UFGD, em especial, por sempre se mostrar disposto a ajudar durante os experimentos.

Aos membros da banca Profa. Dra. Euriann Yamamoto, Prof. Dr. Pablo Cabral e a Dra. Tábata Bischoff pelas considerações e observações que guiaram a confecção final deste trabalho.

Aos meus amigos, pela compreensão das ausências e por todo apoio concedido durante essa trajetória.

Por fim, sou grato a todos que de alguma forma, direta ou indiretamente, participaram da realização desse trabalho.

## SUMÁRIO

	PÁGINA
LISTA DE FIGURAS.....	I
LISTA DE TABELAS.....	III
RESUMO.....	V
ABSTRACT.....	VI
<b>1. INTRODUÇÃO</b> .....	1
<b>2.OBJETIVOS</b> .....	3
2.1 Objetivo Geral.....	3
2.2 Objetivos Específicos.....	3
<b>3. REVISÃO DE LITERATURA</b> .....	4
3.1 A cultura do feijoeiro: Aspectos gerais e importância econômica.....	4
3.2 Qualidade tecnológica em feijão.....	5
3.3 Divergência genética e aplicação no melhoramento vegetal.....	9
3.4 Medidas de dissimilaridade genética e técnicas de agrupamento.....	10
3.5 Redes neurais artificiais.....	12
3.6 Importância relativa dos caracteres.....	14
<b>4. MATERIAL E MÉTODOS</b> .....	15
4.1 Implantação dos experimentos.....	15
4.2 Avaliação das linhagens.....	17
4.2.1 Colorimetria .....	17
4.2.2 Determinação de Nitrogênio – Proteínas (PROT).....	18
4.2.3 Embebição de água antes do cozimento (PEANC) .....	18
4.2.4 Embebição de água após cozimento (PEAPC).....	18
4.2.5 Grãos danificados após cocção (GD).....	18
4.2.6 Sólidos solúveis no caldo (BRIX).....	19
4.2.7 Sólidos totais no caldo (ST).....	19
4.3 Análises estatísticas dos dados.....	19
4.3.1 Técnicas multivariadas.....	19
4.3.1.1 Estimativa da distância generalizada de Mahalanobis.....	20
4.3.1.2 Método de otimização de Tocher.....	20

4.3.1.3 Método hierárquico de ligação média não ponderada entre grupos (UPGMA) e vizinho mais distante.....	21
4.3.1.4 Dispersão gráfica de variáveis canônicas.....	21
4.3.2 Redes neurais artificiais.....	22
4.3.3 Importância relativa dos caracteres .....	23
<b>5 RESULTADOS E DISCUSSÃO.....</b>	<b>24</b>
<b>5.1 Experimento safra da seca (safra I).....</b>	<b>24</b>
5.1.1 Análises univariadas.....	24
5.1.2 Análises multivariadas.....	27
5.1.2.1 Importância relativa dos caracteres.....	27
5.1.2.2 Distância generalizada de Mahalanobis.....	28
5.1.2.3 Análises de agrupamentos pelos métodos de Tocher, ligação média não ponderada entre grupos (UPGMA) e ligação completa do vizinho mais distante (VMD).....	32
5.1.2.4 Dispersão gráfica de variáveis canônicas.....	39
5.1.2.5 Redes neurais artificiais.....	40
<b>5.2 Experimento safra de inverno (safra II).....</b>	<b>43</b>
5.2.1 Análises univariadas.....	43
5.2.2 Análises multivariadas.....	45
5.2.2.1 Importância relativa dos caracteres.....	45
5.2.2.2 Distância generalizada de Mahalanobis.....	46
5.2.2.3 Análises de agrupamentos pelos métodos de Tocher, ligação média não ponderada entre grupos (UPGMA) e ligação completa do vizinho mais distante (VMD).....	50
5.2.2.4 Dispersão gráfica de variáveis canônicas.....	56
5.2.2.5 Redes Neurais Artificiais.....	57
<b>5.3 Considerações finais.....</b>	<b>59</b>
<b>6. CONCLUSÕES.....</b>	<b>62</b>
<b>7. REFERÊNCIAS.....</b>	<b>63</b>
<b>8. ANEXOS.....</b>	<b>77</b>



## LISTA DE FIGURAS

	PÁGINA
<b>Figura 1.</b> Coordenadas colorimétricas no sistema CIELAB.....	8
<b>Figura 2.</b> Climograma representativo dos dados meteorológicos coletados em campo segundo a estação climatológica da Embrapa Agropecuária Oeste (CPAO) de Dourados/MS, para a safra da seca no período de março a junho do ano de 2019.....	15
<b>Figura 3.</b> Climograma representativo dos dados meteorológicos coletados em campo segundo a estação climatológica da Embrapa Agropecuária Oeste (CPAO) de Dourados/MS, para a safra de inverno no período de julho a outubro do ano de 2019....	16
<b>Figura 4.</b> Arquitetura da rede neural artificial Kohonen composta por n acessos e m caracteres na camada de entrada e por k neurônios na camada competitiva.....	23
<b>Figura 5.</b> Contribuição relativa dos caracteres produtividade de grãos (PROD), massa de 100 grãos (M100), parâmetro luminosidade (L*), componente vermelho-verde (a*), componente amarelo-azul (b*), teor de proteína (PROT), porcentagem de sólidos solúveis do caldo (BRIX), porcentagem de sólidos totais no caldo (ST), porcentagem de grãos danificados após cozimento (GD), porcentagem de embebição de água antes do cozimento (PEANC) e porcentagem de embebição de água após do cozimento (PEAPC), em 19 linhagens de feijão-comum na safra da seca 2018-2019, em Dourados/MS.....	27
<b>Figura 6.</b> Dendrograma representativo da dissimilaridade genética entre 19 linhagens de feijão-comum, obtidas pela ligação média não ponderada entre grupos (UPGMA), a partir da medida de dissimilaridade generalizada de Mahalanobis na safra da seca 2018-2019, em Dourados/MS. CCC=0,678.....	36
<b>Figura 7.</b> Dendrograma representativo da dissimilaridade genética entre 19 linhagens de feijão-comum, obtidas pela ligação completa do vizinho mais distante, a partir da medida de dissimilaridade generalizada de Mahalanobis na safra da seca 2018-2019, em Dourados/MS. CCC=0,541.....	38
<b>Figura 8.</b> Dispersão de escores de 19 linhagens de feijão-comum em relação a três variáveis canônicas (VC1, VC2 e VC3), tendo como base 11 caracteres s na safra da seca 2018-2019, em Dourados/MS.....	40
<b>Figura 9.</b> Mapa auto-organizável de Kohonen com a classificação de 19 linhagens de feijão-comum, na safra da seca 2018/219, em Dourados/MS.....	41

<b>Figura 10.</b> Contribuição relativa dos caracteres produtividade de grãos (PROD), massa de 100 grãos (M100), parâmetro luminosidade (L*), componente vermelho-verde (a*), componente amarelo-azul (b*), teor de proteína (PROT), porcentagem de sólidos solúveis do caldo (BRIX), porcentagem de sólidos totais no caldo (ST), porcentagem de grãos danificados após cozimento (GD), porcentagem de embebição de água antes do cozimento (PEANC) e porcentagem de embebição de água após do cozimento (PEAPC), em 19 linhagens de feijão-comum na safra de inverno 2018-2019, em Dourados/MS.....	46
<b>Figura 11.</b> Dendrograma representativo da dissimilaridade genética entre 19 linhagens de feijão-comum, obtidas pela ligação média não ponderada entre grupos (UPGMA), a partir da medida de dissimilaridade generalizada de Mahalanobis na safra de inverno 2018-2019, em Dourados/MS. CCC=0,624.....	53
<b>Figura 12.</b> Dendrograma representativo da dissimilaridade genética entre 19 linhagens de feijão-comum, obtidas pela ligação completa do vizinho mais distante, a partir da medida de dissimilaridade generalizada de Mahalanobis na safra de inverno 2018-2019, em Dourados/MS. CCC= 0,565.....	55
<b>Figura 13.</b> Dispersão de escores de 19 linhagens de feijão-comum em relação a três variáveis canônicas (VC1, VC2 e VC3), tendo como base 11 caracteres na safra de inverno 2018-2019, em Dourados/MS.....	57
<b>Figura 14.</b> Mapa auto-organizável de Kohonen com a classificação de 19 linhagens de feijão-comum, na safra de inverno 2018/219, em Dourados/MS.....	58

## LISTA DE TABELAS

PÁGINA

<b>Tabela 1.</b> Resumo das análises de variâncias para as variáveis produtividade de grãos (PROD), massa de 100 grãos (M100), parâmetro luminosidade ( $L^*$ ), componente vermelho-verde ( $a^*$ ), componente amarelo-azul ( $b^*$ ), teor de proteína (PROT), porcentagem de sólidos solúveis do caldo (BRIX), porcentagem de sólidos totais no caldo (ST), porcentagem de grãos danificados após cozimento (GD), porcentagem de embebição de água antes do cozimento (PEANC) e porcentagem de embebição de água após do cozimento (PEAPC), em 19 linhagens de feijão-comum na safra da seca 2018-2019, em Dourados/MS.....	24
<b>Tabela 2.</b> Correlação de Pearson para as variáveis produtividade de grãos (PROD), massa de 100 grãos (M100), parâmetro luminosidade ( $L^*$ ), componente vermelho-verde ( $a^*$ ), componente amarelo-azul ( $b^*$ ), teor de proteína (PROT), porcentagem de sólidos solúveis do caldo (BRIX), porcentagem de sólidos totais no caldo (ST), porcentagem de grãos danificados após cozimento (GD), porcentagem de embebição de água antes do cozimento (PEANC) e porcentagem de embebição de água após do cozimento (PEAPC), em 19 linhagens de feijão-comum na safra da seca 2018-2019, em Dourados/MS.....	25
<b>Tabela 3.</b> Matriz da divergência genética entre 19 linhagens de feijão-comum, na safra da seca 2018-2019, baseado na distância generalizada de Mahalanobis ( $D^2$ ).....	30
<b>Tabela 4.</b> Agrupamento pelo método de otimização de Tocher, com base na distância generalizada de Mahalanobis de 19 linhagens de feijão-comum, na safra da seca 2018-2019, em Dourados/MS.....	32
<b>Tabela 5.</b> Distâncias médias intra e intergrupos estimadas pelo método de otimização de Tocher, com base na dissimilaridade entre 19 linhagens de feijão-comum na safra da seca 208-209, em Dourados/MS.....	33
<b>Tabela 6.</b> Estimativas das variâncias (autovalores) e variâncias percentuais acumuladas das variáveis canônicas, visando estimar a dissimilaridade genética entre 19 linhagens de feijão-comum, na safra da seca 2018-2019, em Dourados/MS.....	39
<b>Tabela 7.</b> Resumo das análises de variâncias para as variáveis produtividade de grãos (PROD), massa de 100 grãos (M100), parâmetro luminosidade ( $L^*$ ), componente vermelho-verde ( $a^*$ ), componente amarelo-azul ( $b^*$ ), teor de proteína (PROT),	

porcentagem de sólidos solúveis do caldo (BRIX), porcentagem de sólidos totais no caldo (ST), porcentagem de grãos danificados após cozimento (GD), porcentagem de embebição de água antes do cozimento (PEANC) e porcentagem de embebição de água após do cozimento (PEAPC), em 19 linhagens de feijão-comum na safra de inverno 2018-2019, em Dourados/MS.....	43
<b>Tabela 8.</b> Correlação de Pearson para as variáveis produtividade de grãos (PROD), massa de 100 grãos (M100), parâmetro luminosidade (L*), componente vermelho-verde (a*), componente amarelo-azul (b*), teor de proteína (PROT), porcentagem de sólidos solúveis do caldo (BRIX), porcentagem de sólidos totais no caldo (ST), porcentagem de grãos danificados após cozimento (GD), porcentagem de embebição de água antes do cozimento (PEANC) e porcentagem de embebição de água após do cozimento (PEAPC), em 19 linhagens de feijão-comum na safra de inverno 2018-2019, em Dourados/MS.....	44
<b>Tabela 9.</b> Matriz da divergência genética entre 19 linhagens de feijão-comum, na safra de inverno 2018-2019 baseado na distância generalizada de Mahalanobis (D <sup>2</sup> )....	48
<b>Tabela 10.</b> Agrupamento pelo método de otimização de Tocher, com base na distância generalizada de Mahalanobis de 19 linhagens de feijão-comum, na safra de inverno 2018-2019, em Dourados/MS.....	50
<b>Tabela 11.</b> Distâncias médias intra e intergrupos estimadas pelo método de otimização de Tocher, com base na dissimilaridade entre 19 linhagens de feijão-comum na safra de inverno 2018-2019, em Dourados/MS.....	51
<b>Tabela 12.</b> Estimativas das variâncias (autovalores) e variâncias percentuais acumuladas das variáveis canônicas, visando estimar a dissimilaridade genética entre 19 linhagens de feijão-comum, na safra de inverno 2018-2019, em Dourados/MS.....	56

RADER, E. CARACTERES TECNOLÓGICOS E DE PRODUÇÃO NA AVALIAÇÃO DA DIVERSIDADE GENÉTICA DE FEIJOEIROS POR TÉCNICAS MULTIVARIADAS E REDES NEURAIIS ARTIFICIAIS. Dissertação (Mestrado em Agronomia) - Universidade Federal da Grande Dourados, Dourados-MS.

## RESUMO

O feijão comum (*Phaseolus vulgaris* L.) é um alimento rico em nutrientes e a principal fonte proteica na dieta dos brasileiros. A produtividade de grãos sempre é priorizada nos programas de melhoramento genético. No entanto, aspectos como a adequação dos genótipos a diferentes sistemas de produção e a qualidade tecnológica dos grãos também devem ser considerados durante o processo de desenvolvimento de novas cultivares. Tanto para a conservação de germoplasma quanto para o melhoramento, a análise da divergência genética entre os genótipos é útil, no qual são utilizadas com frequência diversos tipos de análises multivariadas. Recentemente também tem se utilizado para esse fim as técnicas de redes neurais artificiais, por meio do modelo dos mapas auto-organizáveis de Kohonen. O objetivo do presente estudo foi estimar a divergência genética entre linhagens de feijão-comum por métodos multivariados e redes neurais artificiais. Avaliou-se 19 linhagens durante as safras da seca e de inverno, em área localizada na fazenda experimental da Universidade Federal da Grande Dourados. O delineamento experimental adotado foi o de blocos casualizados com três repetições, no qual foram avaliados: produtividade de grãos (PROD), massa de 100 grãos (M100), parâmetros de cor luminosidade ( $L^*$ ), componente vermelho-verde ( $a^*$ ) e componente amarelo-azul ( $b^*$ ); teor de proteína (PROT), porcentagem de sólidos solúveis do caldo (BRIX), porcentagem de sólidos totais no caldo (ST), porcentagem de grãos danificados após cozimento (GD), porcentagem de embebição de água antes do cozimento (PEANC) e porcentagem de embebição de água após do cozimento (PEAPC). Foram utilizados os métodos de agrupamentos de Tocher, dendogramas por UPGMA e vizinho mais distante, dispersão gráfica das variáveis canônicas e a técnica de redes neurais artificiais utilizando os mapas de Kohonen. A avaliação da divergência foi realizada, de forma geral, de acordo com os agrupamentos obtidos em cada método e a contribuição de cada caráter para a composição da divergência entre as linhagens. As linhagens mais divergentes identificadas para a safra da seca foram as linhagens 6 (com menor  $a^*$ , ST e PEAPC) e 3 (com maior ST e menor PEANC e PROT) e, para a safra de inverno foram as linhagens 6 (maior PROD, M100 e menor  $a^*$ ), 5 (maior  $L^*$ , menor BRIX, PROT e ST) e 18 (maior  $b^*$  e PEAPC) Entre os métodos multivariados, as variáveis canônicas e o UPGMA, apresentaram a maior semelhança entre si para os agrupamentos realizados. Entre os agrupamentos dos métodos multivariados e de redes neurais artificiais dos mapas de Kohonen, o maior relacionamento ocorreu com os resultados obtidos pela metodologia do vizinho mais distante. Os caracteres que apresentaram a maior contribuição relativa para a divergência e diferenciação das linhagens na safra da seca foram a PEAPC,  $L^*$  e GD e na safra de inverno foram M100,  $L^*$  e GD.

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

**RADER, E. TECHNOLOGICAL AND PRODUCTION CHARACTERS IN ASSESSING THE GENETIC DIVERSITY OF BEANS BY MULTIVARIATED TECHNIQUES AND ARTIFICIAL NEURAL NETWORKS.** Dissertation (Master in Agronomy) - Federal University of Grande Dourados, Dourados-MS.

### **ABSTRACT**

Common beans (*Phaseolus vulgaris* L.) are a food rich in nutrients and the main source of protein in the Brazilian's diet. Grain productivity is always prioritized in breeding programs. However, aspects such as the adequacy of genotypes to different production systems and the technological quality of the grains must also be considered during the process of developing new cultivars. Both for the conservation of germplasm and for breeding, the analysis of genetic divergence between genotypes is useful, in which several types of multivariate analyzes are frequently used. Recently, artificial neural network techniques have also been used for this purpose, using the Kohonen self-organizing maps model. The aim of the present study was to estimate the genetic divergence between common bean strains by multivariate methods and artificial neural networks. Nineteen strains were evaluated during the dry and winter seasons, in an area located on the experimental farm of the Federal University of Grande Dourados. The experimental design adopted was randomized blocks with three replications, in which the following were evaluated: grain yield (PROD), mass of 100 grains (M100), color parameters as luminosity (L \*), red-green component (a \*) and component yellow-blue (b \*); protein content (PROT), percentage of soluble solids in the sauce (BRIX), percentage of total solids in the sauce (ST), percentage of grains damaged after cooking (GD), percentage of water soaking before cooking (PEANC) and percentage of water soaking after cooking (PEAPC). Tocher's clustering methods, dendograms by UPGMA and the most distant neighbor, graphic dispersion of canonical variables, and the technique of artificial neural networks using Kohonen maps were used. The divergence assessment was performed, in general, according to the groupings obtained in each method and the contribution of each character to the composition of the divergence between the strains. The most divergent strains identified for the dry season were lines 6 (with the lowest a \*, ST and PEAPC) and 3 (with the highest ST and the lowest PEANC and PROT) and, for the winter harvest, lines 6 (the highest PROD, M100 and less than \*), 5 (greater L \*, lesser BRIX, PROT and ST) and 18 (greater b \* and PEAPC) Among the multivariate methods, canonical variables and UPGMA, showed the greatest similarity among themselves for the groupings performed. Among the groupings of multivariate methods and artificial neural networks of Kohonen maps, the greatest relationship occurred with the results obtained by the methodology of the most distant neighbor. The characters that presented the greatest relative contribution to the divergence and differentiation of strains in the dry season were PEAPC, L \* and GD and in the winter season were M100, L \* and GD.

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

## 1. INTRODUÇÃO

A cultura do feijoeiro é uma das mais importantes do Brasil. Seu grão constitui uma das principais fontes proteicas na dieta dos brasileiros, além de possuir bom conteúdo de carboidratos e ser rico em ferro (Borém e Carneiro, 2015). Entretanto, a produtividade nacional ainda é baixa, (média 1.033,00 kg.ha<sup>-1</sup>), considerando as médias das safras de inverno, das águas e da seca (2018/2019) (Conab, 2020). Uma das alternativas para aumentar a produtividade das lavouras é o desenvolvimento de novas cultivares adaptadas especificamente às regiões de produção e que atendam às necessidades do consumidor e do produtor, ou seja, o aumento da produtividade e qualidade tecnológica dos grãos (Barili et al., 2011).

No melhoramento de espécies autógamas, como o feijão, é comum realizar a seleção de genitores para posterior hibridação e formação de uma população base. Finalmente, o avanço de gerações poderá ser realizado, efetuando seleção simultânea para mais de um caráter (Gonçalves et al., 2014).

Fatores como seleção natural, ação humana sobre o ambiente e a necessidade de seleção de cultivares mais uniformes e produtivas deixam a variabilidade genética sob pressão, levando à perda de alguns fenótipos. Tais fenótipos têm mais chances de serem encontrados em materiais crioulos devido à grande diversidade genética encontrada em tais genótipos (Cabral et al., 2011; Pereira et al., 2011; Gonçalves et al., 2014).

Nesse contexto, os estudos sobre divergência genética podem ajudar a direcionar os cruzamentos que possam resultar em combinações híbridas de maior heterozigose, de forma que nas gerações segregantes, tenha maior possibilidade de se selecionar genótipos superiores (Bordin et al., 2010).

A diversidade genética pode ser aferida basicamente por duas maneiras. Realizando as análises dialélicas, por meio dos cruzamentos entre os candidatos a genitores ou realizando-se análises preditivas, utilizando técnicas multivariadas. Neste caso, é necessário ter como base, diferenças morfológicas, moleculares ou fisiológicas, que possam ser quantificadas por alguma medida de dissimilaridade, expressando o grau de divergência genética presente entre os genótipos. Por dispensarem a onerosa obtenção dos híbridos em campo, os métodos preditivos de estimação da divergência genética têm sido preferidos (Cruz, et al., 2014).

No melhoramento, o uso de técnicas de análise por redes neurais artificiais são relativamente recentes e vem se mostrando promissora. Tem sido empregada em estudos de predição de valores genéticos (Silva et al., 2014) e diversidade genética. Deste último, destaca-

se o modelo de mapas auto-organizáveis de Kohonen, que agrupa e identifica indivíduos (Barbosa et al., 2011, Silva, 2017).

A análise da divergência genética por meio de caracteres morfoagronômicos, utilizando medidas de dissimilaridades, pode apresentar-se como importante estratégia para obtenção de novas cultivares de feijão adaptadas a região sul do estado de Mato Grosso do Sul, direcionando os programas de melhoramento, diminuindo o tempo e o custo, podendo proporcionar aos produtores rurais a possibilidade de agregar valor com a comercialização do produto final gerado.

Para isso, a qualidade tecnológica dos grãos de feijão não deve ser descartada no momento da seleção dos genitores para a formação de uma população-base que servirá como fonte na seleção das futuras linhagens. A adoção de uma nova cultivar pelos produtores requer além da adequação dos sistemas de produção (Alves et al., 2009), avaliações da qualidade física, química e sensorial dessa leguminosa (Embrapa, 2012). Os consumidores prezam por grãos com melhor aptidão culinária, ou seja, devem reunir aspectos positivos, tais como facilidade de embebição, menor tempo de cocção, alta expansão volumétrica do grão e grãos inteiros após cozimento (Oliveira et al., 2012; Barros e Prudencio, 2015).

Nesse sentido, os programas de melhoramento genético vegetal apresentam importância estratégica no cenário da agricultura. O estudo da divergência genética por meio de caracteres morfoagronômicos e tecnológicos, dentro dos programas, pode auxiliar na identificação de linhagens de feijão promissoras, contribuindo para o aumento da produtividade e a competitividade no mercado agrícola regional (Ribeiro et al., 2009; Kloster et al., 2011).



## **2. OBJETIVOS**

### **2.1 Objetivo geral**

Estimar a divergência genética entre linhagens de feijão-comum, por métodos multivariados e redes neurais artificiais, em duas épocas distintas, visando identificar linhagens promissoras para cruzamentos e formação de uma população-base para condução de seleção de linhagens com alta produtividade e qualidade tecnológica dos grãos.

### **2.2 Objetivos específicos**

1) Avaliar a dissimilaridade genética entre 19 linhagens de feijão, com base em variáveis de produção e tecnológicas para as safras da seca e de inverno (ano 2019).

2) Relacionar os agrupamentos obtidos em cada metodologia avaliada: métodos multivariados de otimização de Tocher, hierárquico da ligação média não ponderada entre grupos (UPGMA), vizinho mais distante, dispersão gráfica de variáveis canônicas e redes neurais artificiais por meio dos mapas auto-organizáveis de Kohonen.

3) Identificar entre os caracteres avaliados os que mais contribuíram para a diferenciação das linhagens avaliadas e os caracteres passíveis de descarte para fins de detecção de divergência genética deste grupo de linhagens.

### 3. REVISÃO DE LITERATURA

#### 3.1 A cultura do feijoeiro: Aspectos gerais e importância econômica

O feijão comum (*P. vulgaris* L.) é uma das espécies agrícolas mais antigas em todo o mundo. Desde a sua domesticação até à atualidade, esta cultura conseguiu ser a base da alimentação humana em vários países, possuindo grande importância econômica. Essa espécie pertence à família Fabaceae, ordem Rosales e gênero *Phaseolus*. Admitem-se dois *pool* gênicos, ou seja, dois locais de domesticação para esta cultura. O primeiro localiza-se na região central das Américas, principalmente o México, origem das cultivares de grãos pequenos. O segundo localiza-se no sul dos Andes, originando cultivares com grãos grandes (Gepts et al. 1986; Coelho et al., 2017).

Seu ciclo varia de 90 a 110 dias, podendo ser cultivado tanto em sistemas agrícolas intensivos irrigados (altamente tecnificados) até aqueles com baixo uso tecnológico, principalmente de subsistência (Aidar, 2007).

O Brasil é o terceiro produtor mundial de feijão-comum, com área plantada de 2,92 milhões de hectares, produção média anual de 3,01 milhões de toneladas e produtividade média de 1033,00 kg.ha<sup>-1</sup> (Conab, 2020). A produção de feijão no Brasil se dá em três épocas distintas: a primeira é chamada “época das águas”, com semeadura entre outubro e novembro e colheita entre janeiro e fevereiro; a segunda época denominada “época da seca”, com semeadura entre fevereiro e março e colheita entre junho e julho; e, a terceira “época de inverno”, com semeadura entre junho e julho e colheita entre setembro e outubro. A segunda e terceira épocas são as que mais necessitam de irrigação como suplementação das necessidades hídricas da cultura (Oliveira et al., 2005).

No estado de Mato Grosso do Sul, o cultivo do feijão acontece principalmente na segunda época. Na safra 2018/2019 foi obtida produção de 24,5 mil toneladas de grãos, valor muito maior que o cultivo da primeira época (9 mil toneladas) e da terceira época, que não teve cultivo confirmado em Mato Grosso do Sul (Conab, 2020). Essa diferença de produção no estado provavelmente está relacionada aos dois principais fatores limitantes para a cultura, que são a temperatura e a precipitação pluviométrica (Dionet e Da Silva, 2004).

A faixa de temperatura ótima para o desenvolvimento do feijoeiro situa-se entre 15 e 27 °C, sendo a temperatura média ideal de 21 °C. Temperaturas médias acima de 35 °C ou inferiores a 12 °C provocam a redução no rendimento de grãos, resultando num elevado índice de abortamento de flores, vagens e menor formação de grãos (Marco et al., 2014).

A estimativa de consumo hídrico do feijoeiro varia de 300 a 400 mm, bem distribuídas ao longo do seu ciclo, sendo o consumo diário de 3 a 4 mm e disponibilidade mensal mínima de 100 mm. Quando a diminuição de água ocorre no período de floração, poderá haver redução no tamanho das vagens, no número de vagens e de sementes por vagem (Barbosa et al., 2012).

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

O feijão é um dos alimentos mais presentes na dieta dos brasileiros. Devido à sua importância na alimentação humana, merece destaque no cenário nacional e internacional por suprir as necessidades dos consumidores como fonte básica de proteínas e calorias. Este grão possui expressão econômica e social, visto que, juntamente com o arroz, é a base da alimentação nacional, pois fornece proteína vegetal e carboidratos, sendo a principal fonte proteica na alimentação da população menos favorecida. É ainda complementar em termos de aminoácidos essenciais, sendo considerado por especialistas, de excelente valor nutritivo. Além da importância do feijão na alimentação da população brasileira e mundial, a cadeia de produção, beneficiamento e comercialização, geram ocupação e renda no país (Fachini et al., 2006).

A cultura de feijão está sendo explorada numa amplitude muito grande de condições climáticas e por agricultores com diferentes níveis de tecnologia. Neste sentido, uma alternativa para obtenção de maior rentabilidade seria a busca por materiais genéticos adaptados às condições de cultivo e com alta produtividade de grãos, que atendam às características de qualidade tecnológica desejadas pelo consumidor (Carneiro et al., 2005).

A busca por cultivares de feijão adaptadas ao local de cultivo e com potencial produtivo é incessante nos estudos em melhoramento genético. Porém, no procedimento de registro de uma nova cultivar de feijão, certas exigências de mercado necessitam ser atendidas e, entre elas, tão importante quanto a produtividade e a resistência a doenças, está a qualidade tecnológica do produto (grão) comercializado (Carbonell et al., 2003; Costa et al., 2015).

### **3.2 Qualidade tecnológica em feijão**

Quando o consumidor procura comprar feijão no Brasil, ele busca grãos com bom aspecto e que tenham bom rendimento na hora do preparo. Essas características estão relacionadas à cor, ao tempo de cocção, índice de grãos inteiros e rendimento após cocção; qualidade do caldo e cor do produto após o cozimento. A qualidade proteica do grão é também característica importante tanto para consumidores quanto para os programas de melhoramento.

A junção dessas características, formam o que é conhecido como qualidade tecnológica do feijão (Oliveira et al., 2012; Aghkhani et al., 2012).

Essa qualidade é determinada, em parte, pelo genótipo e influenciada pelas condições do ambiente durante o desenvolvimento da planta. A qualidade dos grãos é afetada por fatores climáticos, como temperaturas acima de 35 °C no período de enchimento dos grãos, chuva no período de colheita e, por práticas de cultivo, beneficiamento, condições de armazenamento e tecnologia de processamento (Dalla Corte et al., 2003).

A qualidade dos grãos deve ser avaliada com base nas características comerciais, culinárias e nutricionais. A qualidade comercial pode ser definida como classe, tipo e grupo do feijão (Brasil, 2012), assim como também são avaliados, cor, brilho, forma e tamanho dos grãos no momento da classificação comercial (Knabben e Costa, 2012). Cor e tamanho são os primeiros atributos avaliados também pelos consumidores, desempenhando papel decisivo na aceitação do produto (Barros e Prudencio, 2015).

O feijão se apresenta como um alimento extremamente rico em proteínas, sendo a principal proteína deste grão, a faseolina (Wander et al., 2010). A concentração de proteínas varia entre 16 e 33% para vários tipos de feijões. Tais teores tornam-se importantes, pois as proteínas são componentes essenciais de todas as células vivas e estão relacionadas a diversas funções fisiológicas, sendo fundamental para o crescimento e desenvolvimento do organismo (Alves et al., 2012).

Há evidências de que fatores ambientais, como localização geográfica e estação do ano podem influenciar significativamente no conteúdo proteico de feijões. A variação do teor de nitrogênio e, conseqüentemente, de proteínas totais ocorre tanto em diferentes cultivares de mesma procedência, como em uma mesma cultivar de procedência diferente, mostrando, portanto, a influência do meio sobre a formação do grão (Raldí, 2019).

Apesar do feijão apresentar cerca da metade do teor de proteína se comparado com a soja, a proteína deste grão tem maior digestibilidade proteica (78,70%). Tal característica torna o feijão excelente aliado na alimentação humana, uma vez que sua proteína para ser considerada de boa qualidade ou de alto valor biológico, deve fornecer alta digestibilidade e quantidades adequadas de aminoácidos essenciais (Pires et al., 2006).

A qualidade culinária do feijão é tão decisiva quanto a qualidade comercial para uso futuro de uma nova cultivar. Os consumidores desejam que os grãos tenham hidratação rápida, baixo tempo de cozimento, produção de caldo espesso, sabor agradável, textura macia e grãos pouco partidos após o preparo. Os feijões que apresentam textura mais macia têm menor tempo

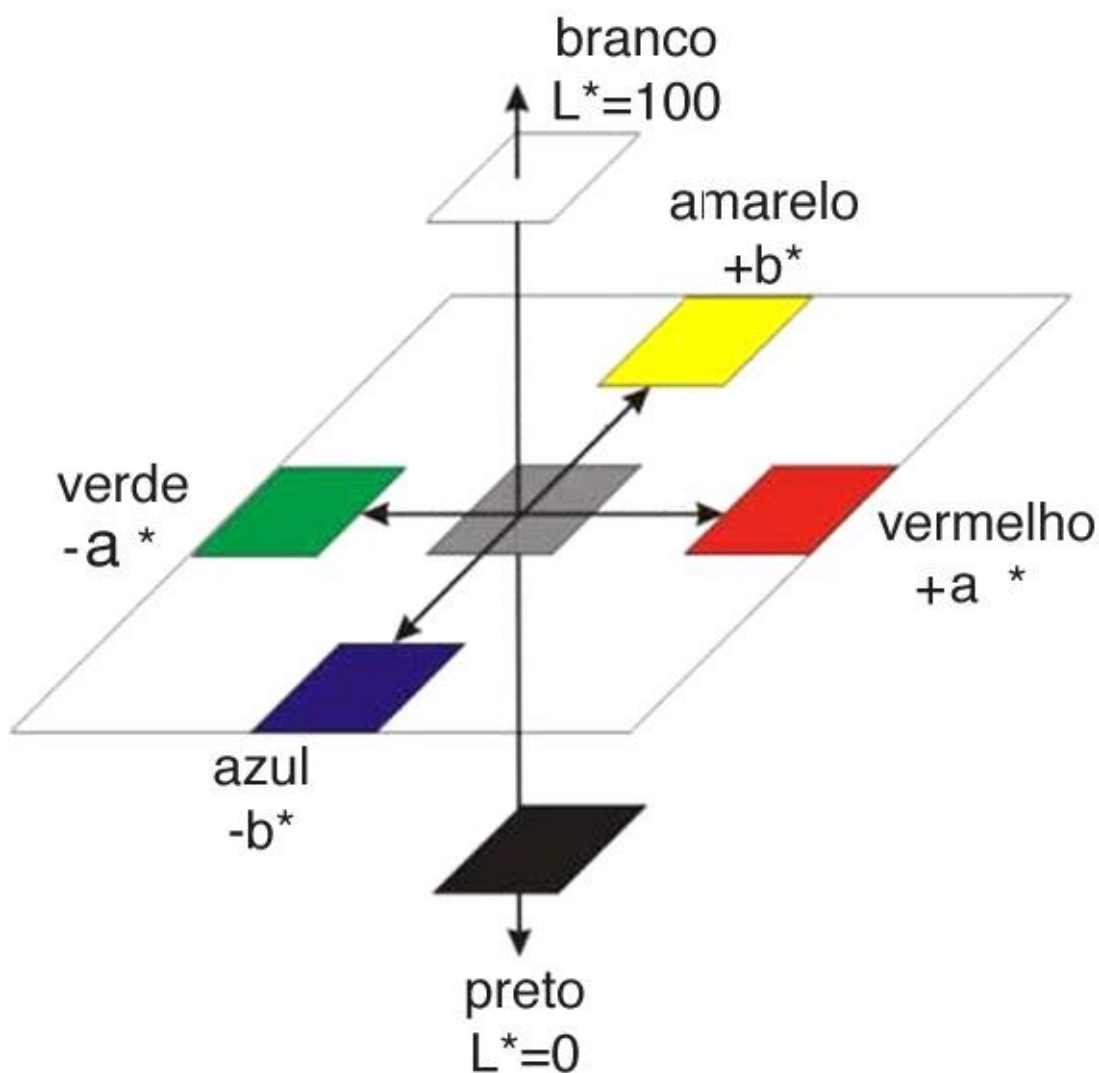
de cozimento, tornando-os mais aceitáveis pelo consumidor, uma vez que se tornam mais saborosos, além de representar menor custo para se obter o produto final (cozido) (Montoya et al., 2008; Aghkhani et al., 2012).

O processo de cozimento do feijão é necessário para gelatinizar o amido e melhorar a digestibilidade das proteínas, além de outros fatores, sendo importante o tempo de cozimento para os consumidores por dois principais motivos: disponibilidade de tempo e escassez de combustível. Os padrões de consumo dos consumidores mudaram de alimentos preparados em casa para alimentos mais fáceis e rápidos de preparar, e, atualmente os longos tempos de cozimento necessários para a preparação do feijão não são vistos como favoráveis pelos consumidores (Gathu et al., 2012).

O fator “hardshell” (casca dura) é uma condição em que os grãos maduros e secos não absorvem água dentro de um período razoavelmente longo quando umedecidas. O fator “hard-to-cook” (difícil de cozinhar), é uma condição em que os grãos requerem tempo de cozimento prolongado para amolecerem, ou não amolecem, mesmo depois de cozimento prolongado em água fervente. Esses fatores levam o feijão a perder seu valor comercial, devido a sua resistência ao cozimento. Esses grãos apresentam, de forma geral, baixa capacidade de embebição de água, elevado tempo de cocção e não são macios após a cocção (Oliveira et al., 2011).

A cor do tegumento do feijão carioca é um atributo importante na comercialização dos grãos. Isto porque é um dos primeiros atributos que o consumidor avalia, associando o grão de coloração clara ao produto recém-colhido. Já os grãos escuros, mais avermelhados, são associados a grãos resistentes ao cozimento e que possuem baixa qualidade sensorial (Bassinello et al., 2003; Siqueira et al., 2014).

A cor é o resultado da interação da luz com a matéria, mas sabe-se que a cor observada pelo olho humano poderá variar de acordo com o observador, portanto se faz necessário padronizações para a colorimetria e o uso de equipamentos para essa análise (Oliveira, 2006). Equipamentos responsáveis por analisar a cor de amostras são chamados de fotocolorímetros ou fotômetros. Os padrões analisados são de acordo com o sistema CIELAB, onde as cores são descritas por luminosidade ( $L^*$ ), coordenada  $a^*$  (conteúdo do vermelho ao verde) e coordenada  $b^*$  (conteúdo do amarelo ao azul), como ilustrado na figura 1.



**Figura 1.** Coordenadas colorimétricas no sistema CIELAB. Fonte: (Color, 2010).

No Brasil, 79% dos feijões comuns mais consumidos são da classe cores do tipo carioca (Carneiro et al., 2012). Por esse motivo, os programas de melhoramento priorizam o desenvolvimento de cultivares de feijão carioca, visando atender a demanda de produtores, comerciantes e consumidores. Os programas de melhoramento dão ênfase ao desenvolvimento de novas cultivares de feijão carioca com alta qualidade tecnológica e culinária, priorizando a seleção de linhagens de feijão carioca com grãos mais leves (Arns et al., 2018), massa de 100 grãos entre 25 e 30 g. (Carbonell et al., 2010; Santos et al., 2016), tempos de cozimento menores (Ribeiro et al., 2013; Santos et al., 2016; Steckling et al., 2017). Também foram realizados trabalhos para o desenvolvimento de linhagens com altas concentrações de proteínas e minerais nos grãos (Silva et al., 2012; Jost et al., 2013; Mingotte et al., 2013; Maziero et al., 2015; Steckling et al., 2017).

### **3.3 Divergência genética e a aplicação no melhoramento vegetal**

As escolhas dos genitores que serão utilizados para o desenvolvimento de populações ou híbridos, capazes de propiciarem os ganhos de seleção desejados, constitui uma das etapas mais críticas e importantes nos programas de melhoramento. Nesta escolha, o melhorista pode utilizar-se de algumas ferramentas que facilitem a escolha desses genitores, podendo destacar entre elas, o estudo da divergência genética (Hallauer et al., 2010).

A divergência genética possibilita o monitoramento dos bancos de germoplasmas, pois auxiliam no conhecimento da variabilidade genética presente na população, contribuindo para a identificação de possíveis duplicatas e na escolha de possíveis progenitores. Genitores estes que, ao serem cruzados, possibilitem maior restauração de heterose, aumentando assim, as chances de obter genótipos superiores (Cruz et al., 2014).

Estudos sobre a divergência genética podem ser de grande ajuda no melhoramento do feijoeiro no Brasil, pois esse se baseia, principalmente, na hibridação para gerar populações segregantes, nas quais se procede à seleção de linhagens superiores. Nesse contexto, os estudos de divergência fornecem estimativas para a identificação de genitores que, quando cruzados, aumentam as chances de seleção de genótipos superiores nas gerações segregantes (Santos et al., 2015).

No estudo da diversidade genética, podem ser utilizadas técnicas de agrupamentos, que verificam o grau de similaridade entre os genótipos, colaborando assim, no direcionamento dos cruzamentos que possam gerar maior variabilidade, podendo ser utilizada para combinar as múltiplas informações contidas na unidade experimental, afim de caracterizar os genótipos com base no conjunto de características, por meio de análises multivariadas (Missio et al., 2007).

A utilização de técnicas multivariadas nas análises permite unificar as informações. Desta forma, cada genótipo será representado por um único valor referente às suas características analisadas (Simon, 2012). Análises multivariadas têm por objetivo avaliar um conjunto de variáveis aleatórias relacionadas entre si, em que, inicialmente, cada uma possui o mesmo grau de importância, fornecendo coeficientes de distância genética entre os genótipos, proporcionando grande contribuição ao melhoramento genético.

A estatística multivariada permite estimar o grau de similaridade entre os genótipos, indicando para que não ocorra cruzamentos entre os genótipos pertencentes ao mesmo grupo de similaridade, economizando tempo com cruzamento entre genótipos similares (Destro, 1991).

As técnicas multivariadas para estimar a divergência vem sendo empregadas em diversas culturas pelos melhoristas de plantas, como é o caso do melhoramento de feijão (Sebim et al., 2016; Leite et al., 2015; Santos et al., 2015; Sofi et al., 2014), soja (Lopes et al., 2014; Santos et al., 2013; Santos et al., 2011), milho (Nadino et al., 2016; Coimbra et al., 2010) e cana-de-açúcar (Souza et al., 2013; Dultra Filho et al., 2011).

### **3.4 Medidas de dissimilaridade genética e técnicas de agrupamento**

A diversidade genética pode ser quantificada por meio de variáveis quantitativas, utilizando medidas de dissimilaridade, as quais podem ser enfatizadas a distância Euclidiana e a distância generalizada de Mahalanobis (Oliveira, 2015).

A distância Euclidiana é uma medida geométrica, sendo função da distância entre os dois pontos representativos da amostra no espaço n-dimensional (Neto e Moita, 1997). A distância de Mahalanobis é baseada nas correlações, entre os conjuntos de dados dos caracteres analisados por meio da matriz de variâncias e covariâncias residuais. Quanto maior o valor observado, mais similares serão os indivíduos do estudo, possibilitando estimar os genótipos mais próximos e os genótipos mais distantes na população divergente. A distância de Mahalanobis preferencialmente é empregada em experimentos com repetições (Khattree e Naik, 2000; Cruz et al., 2011) Essas medidas são amplamente utilizadas em análise de agrupamento e outras técnicas de classificação (Cruz et al., 2014).

A análise de agrupamentos tem por finalidade reunir os indivíduos em grupos, de forma que exista a máxima homogeneidade dentro do grupo e a máxima heterogeneidade entre os grupos. Dos métodos de agrupamento, os mais utilizados são os de otimização, os hierárquicos e as variáveis canônicas (Cruz et al., 2014).

Esses métodos permitem que o melhorista realize a avaliação do material genético por meio do conjunto de características que combinam as múltiplas informações contidas na unidade experimental, possibilitando selecionar os genótipos mais promissores, levando em consideração a contribuição relativa de cada caráter para a divergência genética presente na população (Oliveira, 1989).

Nos métodos de otimização, o método de Tocher é amplamente adotado. O método de Tocher, segue o critério de que a média das medidas de dissimilaridade dentro de cada grupo deve ser menor que as distâncias médias entre quaisquer grupos. O método requer a obtenção da matriz de dissimilaridade, sobre a qual é identificado o par de indivíduos mais similares.



Estes formarão o grupo inicial e a partir daí é avaliada a possibilidade de inclusão de novos indivíduos, adotando-se o critério citado (Rao, 1952).

O método de Tocher vem sendo amplamente utilizado em diversos trabalhos com feijão (Sulzbacher et al., 2017; Grigolo et al., 2018), cana-de-açúcar (Silva et al., 2005), aveia (Marchioro et al., 2003), dentre outros.

O método hierárquico de ligação média não ponderada entre grupos (UPGMA) utiliza a média das distâncias entre todos os pares de genótipos para formação de cada grupo. O algoritmo UPGMA constrói uma árvore com raiz (dendrograma), gerados por coeficientes, em que concede peso igual para grupos considerando seu tamanho, sendo adequado quando grupos de amostras semelhantes estão sendo comparados, que reflete a estrutura presente em uma matriz de similaridade. Em cada etapa, os dois grupos mais próximos são combinados em um grupo de nível mais alto (Legendre e Legendre, 1998). Esse método tem sido amplamente empregado em estudos de divergência genética, pois ele considera as médias aritméticas das medidas de dissimilaridade, o que evita caracterizar a dissimilaridade por valores extremos entre os genótipos (Cruz et al., 2014).

O método hierárquico do vizinho mais distante agrupa os dois genótipos mais similares, com menor distância e utiliza esse grupo para verificar a distância máxima deste grupo para com os demais, garantindo que um grupo guarde a máxima distância de outro grupo. O método do vizinho mais próximo busca os dois genótipos mais similares contidos na matriz e posteriormente calcula a distância desses em relação aos demais para formar os agrupamentos (Bussab et al., 1990).

O método de variáveis canônicas é um processo alternativo para a avaliação do grau de similaridade genética entre genitores, ao qual leva em consideração tanto a matriz de covariância residual quanto a de covariância fenotípica entre os caracteres avaliados. A análise por variáveis canônicas, quando utilizada em estudos de divergência genética, tem como propósito possibilitar a identificação e agrupamentos de indivíduos similares em gráficos de dispersão bi ou tridimensionais (Cruz et al., 2014). A divergência genética é avaliada pela dispersão gráfica dos escores relativos aos genótipos estudados em eixos cartesianos. Em geral, os pesquisadores têm optado pela representação gráfica, quando as duas primeiras variáveis canônicas explicarem acima de 80% da variabilidade total disponível (Cruz et al., 2011).

A técnica de variáveis canônicas vem sendo empregada em diversos trabalhos com feijão (Cabral et al., 2011; Correa e Gonçalves, 2012), soja (Santos et al., 2011), milho (Colombo et al., 2014); girassol (Vogt et al., 2012).

### 3.5 Redes neurais artificiais

As redes neurais artificiais (RNA's) consistem na abordagem diferenciada para solucionar problemas pertinentes a área da inteligência artificial. Fundamentam-se no sistema que tem elementos que simulam o cérebro humano, inclusive em seu comportamento, onde sejam capazes de apreender, errar e realizar descobertas. Assim, as RNA's englobam técnicas computacionais que apresentam um modelo inspirado na estrutura neural do cérebro humano e adquirem conhecimento através de experiência. As redes neurais artificiais podem ser capazes de tolerar falhas, se adaptar a novas condições e resolver problemas com base no conhecimento adquirido (Haykin, 2008; Cruz e Nascimento, 2018).

Quando se utiliza abordagem de RNA's para obter soluções de problemas experimentais, deve se ter em mente que está sendo utilizado conjunto complexo de elementos que tentam mimetizar o cérebro humano, havendo necessidade ainda de mecanismos de aprendizado para proporcionar solução satisfatória para o problema apresentado (Barbosa et al., 2011).

As RNA's apresentam algumas vantagens como captar propriedades complexas dos dados, devido a sua estrutura não linear, não são paramétricas e podem ser tolerantes a perda de dados, além de não requerem informações detalhadas sobre os processos físicos do sistema a ser modelado (Kavzoglu e Mather, 2003; Resende, 2007).

Os modelos de redes neurais têm sido desenvolvidos através de modelos matemáticos inspirados na cognição humana ou na biologia neural, de forma que o processamento de informações ocorre em elementos simples chamados neurônios (Benite, 2003).

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

Uma das formas mais importantes de classificar as redes neurais é através da forma de aprendizagem dos parâmetros, que podem ser supervisionadas ou não supervisionadas. Na aprendizagem supervisionada, utiliza-se um direcionador externo que orienta a rede para as saídas desejadas. Na aprendizagem não supervisionada, não existe esse direcionador, fazendo

com que os resultados produzidos pela rede sejam considerados o melhor processamento possível obtido a partir dos dados disponíveis (Rauber, 2005; Braga et al., 2011).

A aprendizagem não supervisionada não possui nenhuma orientação externa, o que leva a rede a gerar as representações internas dos dados a partir de regularidades estatísticas detectadas nos dados de entrada. Desta forma, a própria RNA deve-se auto organizar em relação às particularidades existentes entre os elementos do conjunto total de amostras (Quintão, 2015).

Para uso no melhoramento genético de plantas pode-se destacar o modelo introduzido por Kohonen (1983), conhecido como rede de Kohonen, ou Mapas auto-organizáveis de Kohonen (SOM). Estes são conhecidos como uma classe de redes neurais capazes de detectar e organizar as similaridades entre os padrões de entrada, ou seja, são ferramentas computacionais indicadas para solucionar problemas de reconhecimento de padrões, de agrupamento e de organização de dados (Rauber, 2005).

Diferentemente das redes neurais que utilizam o treinamento supervisionado, o qual necessita de padrões de entrada e saída, os mapas auto-organizáveis detectam similaridades entre os padrões de entrada por meio de aprendizado competitivo (Cruz e Nascimento, 2018).

O processo de aprendizado competitivo da rede SOM consiste em uma prova entre os neurônios que compõem a camada de saída. Nesse processo de aprendizado, é realizado primeiramente a definição do mapa topológico, definindo o número de neurônios e sua disposição e o estabelecimento dos pesos aleatórios dos neurônios. Depois é realizado a apresentação dos valores (exemplos) e a identificação do neurônio vencedor. Após todas as entradas participarem da competição, completa-se uma rodada. Esse processo deve ser realizado até que não haja grandes mudanças entre os pesos iniciais e os atualizados (Haykin, 2008; Braga et al., 2011).

Com a inicialização do processamento dos dados, tem-se três procedimentos essenciais para a formação do mapa auto-organizável de Kohonen (Haykin, 2008; Cruz e Nascimento, 2018):

a) Competição: fenômeno que ocorre em todos os neurônios do mapa topológico, em que, após a apresentação de entrada, os neurônios apresentam valores de proximidade, estabelecidos por função discriminante, e, competem entre si. No final, haverá um neurônio vencedor.

b) Cooperação: o neurônio vencedor ocupa localização espacial definida de forma que seja possível estabelecer vizinhança e, então, proceder a cooperação com seus vizinhos.

c) Adaptação Sináptica: o neurônio excitado aumenta seus valores individuais da função discriminante em relação a entrada, com ajustes em seus pesos sinápticos.

Na área agrícola, tem-se utilizado a técnica de redes neurais artificiais para praticamente todas as culturas, devido a capacidade de avaliar grandes quantidades de dados com características desejadas, como por exemplo, na predição de produção (Soares et al., 2014), comportamento de doenças e pragas (Patil,2011), análise de estabilidade e adaptabilidade em feijão (Teodoro et al., 2015), dentre outros.

No melhoramento genético, essa técnica está sendo empregada em estudos de predição de valor genético (Peixoto et al., 2015), predição do volume de madeira (Bhering et al., 2015), análises de adaptabilidade e estabilidade (Teodoro et al., 2015; Barroso et al., 2013) e diversidade genética (Silva, 2018; Silva, 2017; Oliveira et al., 2013), destacando-se o modelo de mapas auto-organizáveis de Kohonen, visando agrupamentos e identificações de genótipos (Barbosa et al., 2011).

### **3.6 Importância relativa dos caracteres**

Pela análise da importância de caracteres de Singh (1981), é possível classificar as variáveis estudadas de acordo com sua contribuição para a divergência genética total e eliminar aquelas com menor contribuição. Ou seja, é possível avaliar dentro do conjunto de variáveis utilizadas, aquelas que tem a menor contribuição relativa sobre a divergência, sendo a de menor importância. Considera-se uma variável de passível de descarte quando a sua exclusão não altera o padrão de agrupamento anteriormente obtido (Cruz et al., 2014).

O estudo de diversidade genética entre um conjunto de acessos é feito a partir do conjunto de informações que, em alguns casos, necessita da avaliação de muitos caracteres, demandando grande mão-de-obra e custo. Nesses estudos, é necessário avaliar a importância de cada um deles para a diversidade, identificando-se aqueles que menos contribuem, sendo recomendável seu descarte em estudos futuros (Cruz, 2006).

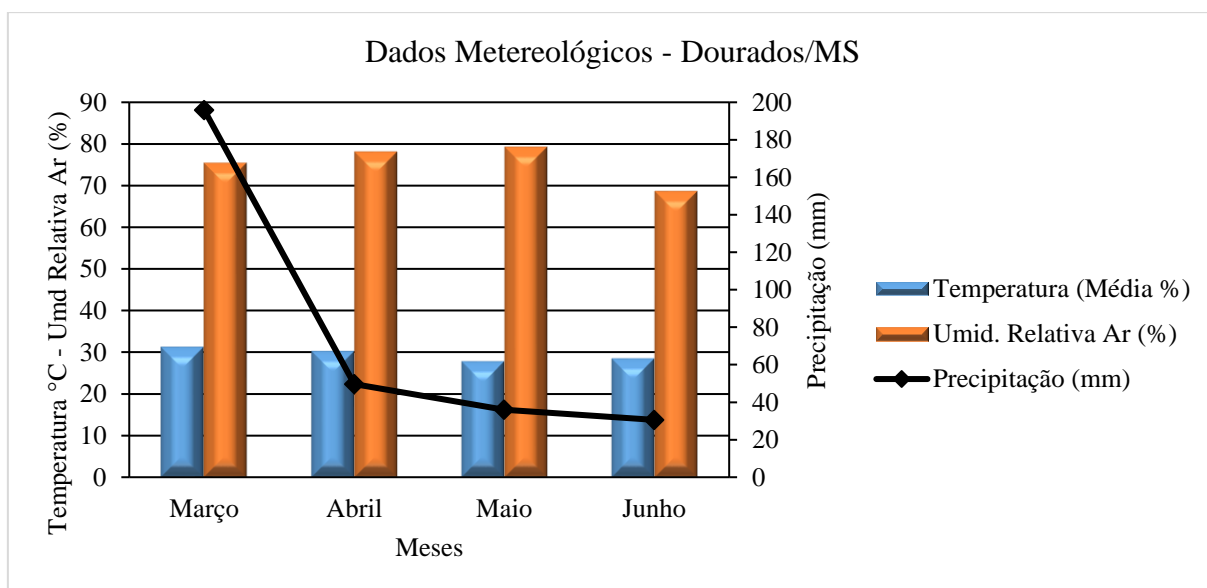
O estudo da importância relativa de cada caráter torna-se uma importante ferramenta no estudo da divergência genética, o que possibilita identificar os caracteres que possam ser descartados, diminuindo a quantidade de dados utilizados no estudo e indicando quais caracteres que mais contribuem para a divergência genética.

## 4. MATERIAL E MÉTODOS

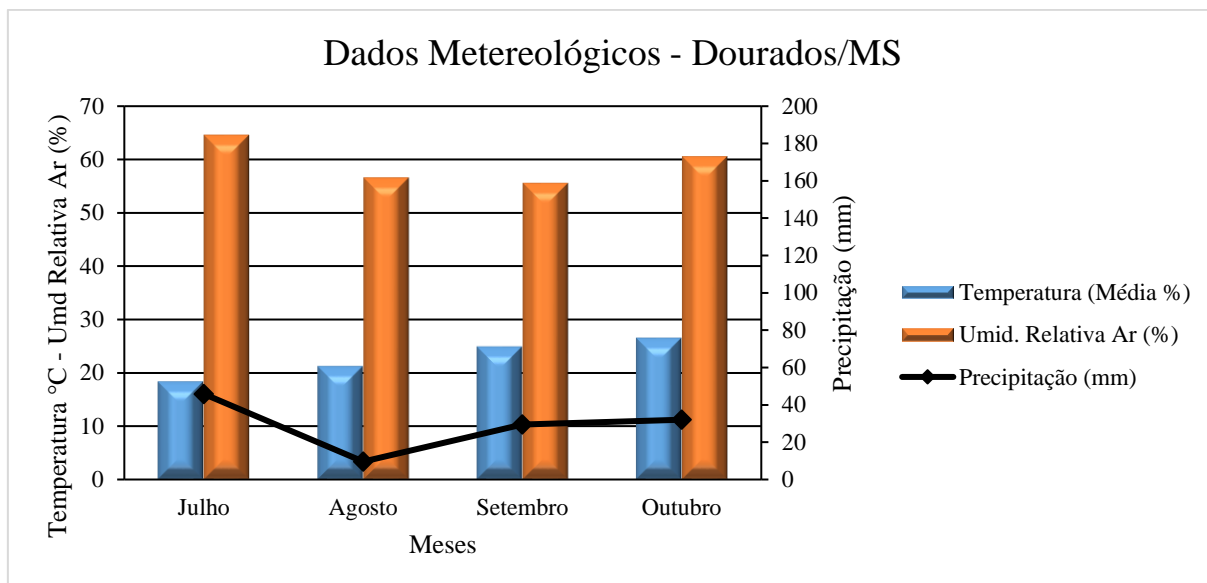
### 4.1 Implantação do experimento

Os experimentos em campo foram conduzidos nos períodos de março a junho de 2019 e julho a outubro de 2019, caracterizado respectivamente como “época da seca” e “época de inverno”, em área da Fazenda Experimental de Ciências Agrárias (FAECA), da Universidade Federal da Grande Dourados (UFGD), localizada no município de Dourados/MS, nas coordenadas de 22°13'60" de latitude Sul, 54°59'14" de longitude Oeste e 430 m de altitude, com o solo local do tipo Latossolo Vermelho distroférrico (LVdf) (Anexo 1). O clima da região de Dourados, segundo a classificação de Köppen é do tipo Cwa, com verões quentes e invernos secos, temperaturas máximas durante os meses de dezembro e janeiro e as temperaturas mínimas entre maio e agosto (Fietz e Fisch, 2008).

Informações meteorológicas das épocas de condução dos experimentos em campo foram obtidas da estação climatológica da Embrapa Agropecuária Oeste (CPAO)-Dourados/MS, no período de março a junho de 2019 para a safra I (Figura 2) e julho a outubro de 2019 para a safra de I (Figura 3).



**Figura 2.** Climograma representativo dos dados meteorológicos coletados em campo segundo a estação climatológica da Embrapa Agropecuária Oeste (CPAO) de Dourados/MS, para a safra da seca no período de março a junho do ano de 2019.



**Figura 3.** Climograma representativo dos dados meteorológicos coletados em campo segundo a estação climatológica da Embrapa Agropecuária Oeste (CPAO) de Dourados/MS, para a safra de inverno no período de julho a outubro do ano de 2019.

O primeiro experimento foi implantado em 28 de março de 2019 (safra I). Já o segundo experimento foi implantado em 24 de julho de 2019 (safra II).

Dezenove linhagens de feijão-comum foram utilizadas, sendo quinze linhagens pré-comerciais, oriundas do cruzamento dos genitores FEIS-L113 e carioca branco, identificadas por L1 a L15, e, quatro testemunhas (IAC Imperador, IAC Formos, IAC Milênio e IAC Alvorada) identificadas por C16 a C19, todas provenientes do banco de germoplasma do programa de melhoramento genético conduzido na Universidade Estadual Paulista “Júlio de Mesquita Filho” (UNESP), Campus Ilha Solteira, SP.

O delineamento experimental adotado foi o de blocos casualizados, com três repetições. A parcela experimental foi composta de quatro linhas de quatro metros, espaçadas em 0,5 metros entre si, considerando-se como área útil as duas linhas centrais.

Foi realizado o preparo mecanizado do solo, com abertura de sulcos para incorporação do adubo por meio da fórmula NPK 8-20-20 em dose de 300 kg.ha<sup>-1</sup>. Foram semeadas 15 sementes por metro linear, correspondendo a uma população de 300.000 plantas.ha<sup>-1</sup>. Após a semeadura, realizou-se o acompanhamento periódico das linhagens, verificando o desenvolvimento das plantas, proliferação de pragas e de vegetação espontânea, realizando o controle quando necessário, por meio de aplicação de controle químico para as pragas e capina com enxada entre as linhas para controle da vegetação espontânea. A colheita, em todos os experimentos, foi realizada aproximadamente 95 dias após a emergência, quando as plantas

estavam completamente secas. Posteriormente, as mesmas foram debulhadas em trilhadeira na própria fazenda experimental.

## **4.2 Avaliações das linhagens**

Avaliou-se no Laboratório de Melhoramento Vegetal da Faculdade de Ciências Biológicas e Ambientais (FCBA), localizada na Universidade Federal da Grande Dourados (UFGD), as características massa de 100 grãos (M100), dado pela contagem dos grãos que, posteriormente, foram pesados em balança semi-analítica, em gramas. Foram realizadas 8 repetições (Ribeiro et al., 2019) e produtividade de grãos por hectare (PROD), corrigido para o estande ideal em  $\text{kg}\cdot\text{ha}^{-1}$ . A correção da produtividade de grãos obtida nas parcelas, foi realizada pelo método de correção de estande da covariância com estande ideal (Steel e Torrie, 1980) e correção para o teor de água de 13%.

As características tecnológicas e nutricionais (cor dos grãos ( $L^*$ ,  $a^*$ ,  $b^*$ ), porcentagem de sólidos solúveis do caldo (BRIX), porcentagem de sólidos totais no caldo (ST), porcentagem de grãos danificados após cozimento (GD), porcentagem de embebição de água antes do cozimento (PEANC), porcentagem de embebição de água após do cozimento (PEAPC) e teor de proteína (PROT) foram realizadas no laboratório de Propriedades Físicas de Produtos Agrícolas da Faculdade de Ciências Agrárias (FCA), localizado na Universidade Federal da Grande Dourados (UFGD).

### **4.2.1 Colorimetria**

Os parâmetros de cor foram realizados em aproximadamente 50 gramas de cada linhagem. Os parâmetros luminosidade ( $L^*$ ), componente vermelho - verde ( $a^*$ ) e componente amarelo - azul ( $b^*$ ) dos grãos foram determinados usando um colorímetro (Konica Minolta CR410) utilizando-se o espaço de cor Cielab, com iluminante D65. Inseriu-se os grãos em placa de Petri, realizando-se três leituras, em três pontos distintos (Ribeiro et al., 2019).

O parâmetro  $L^*$  define a luminosidade da amostra e varia de 0 (preto) a 100 (branco); o componente  $a^*$  caracteriza a variação dos tons de verde e vermelho, variando de - 60 (verde escuro) a + 60 (vermelho escuro); e o componente  $b^*$  mede a variação dos tons de azul e amarelo, variando de - 60 (azul escuro) a + 60 (amarelo escuro) (Bernado, 2010).

#### **4.2.2 Determinação de Nitrogênio – Proteínas (PROT)**

A análise de proteína foi realizada de acordo com o método Kjeldahl, conforme descrito por Silva e Queiroz (2009). As amostras foram realizadas em duplicata. O valor total de nitrogênio obtido foi multiplicado por 6,25 para a conversão em proteína.

#### **4.2.3 Porcentagem de embebição de água antes do cozimento (PEANC):**

A análise de porcentagem de embebição de água antes do cozimento foi realizada de acordo com Carbonell et al. (2003). A porcentagem de embebição antes do cozimento foi determinada pela diferença entre a massa úmida e a massa seca, conforme equação abaixo:

$$PEANC = \frac{MU - MS}{MS} \times 100\%$$

em que:

PEANC: Embebição de água antes do cozimento;

MU: Massa úmida;

MS: Massa seca.

#### **4.2.4 Porcentagem de embebição de água após cozimento (PEAPC)**

A análise de porcentagem de embebição de água após o cozimento foi realizada de acordo com Carbonell et al. (2003). A porcentagem de embebição após o cozimento foi determinada pela diferença entre a massa úmida após cozimento e a massa seca, conforme equação abaixo:

$$PEAPC = \frac{MCU - MS}{MS} \times 100\%$$

em que:

PEAPC: Embebição de água após cozimento;

MCU: Massa úmida após cozimento;

MS: Massa seca.

#### **4.2.5 Grãos danificados após cocção (GD)**

A análise de porcentagem de grãos danificados foi realizada com as amostras de grãos utilizadas para a determinação da porcentagem de embebição após cozimento de acordo com Carbonell et al. (2003). O resultado foi expresso em percentual de grãos danificados.



#### **4.2.6 Sólidos solúveis no caldo (BRIX)**

O teor de sólidos solúveis (graus BRIX) foi determinado no caldo do feijão processado pela leitura direta da graduação em Brix, em um refratômetro digital portátil MOD. RTD-95 (Silva et al., 2016).

#### **4.2.7 Sólidos totais no caldo (ST)**

O teor de sólidos totais no caldo (ST) foi determinado, utilizando-se uma amostra de 10 mL de caldo drenado submetida à secagem em estufa, em temperatura de 80 °C por 24 horas (Matella et al., 2013).

### **4.3 Análises estatísticas dos dados**

Inicialmente, foi realizado o teste da normalidade dos erros por meio do teste de Lilliefors e verificado os pressupostos de normalidade. Os dados de cada caráter foram submetidos à análise de variância individual pelo teste F, de acordo com o modelo (Cruz et al., 2014):

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

Em que:

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

$\mu$ : média geral do ensaio;

$g_i$ : efeito do genótipo  $i$ ;

$b_j$ : efeito do bloco  $j$ ;

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

As médias de cada linhagem para cada caráter foram comparadas por meio do teste de Scott-Knott (valor de  $p = 0,05$ ). Também foi realizado a análise de correlação de Pearson entre todas as características avaliadas (valor de  $p = 0,05$ ).

#### **4.3.1 Análises multivariadas**

As análises multivariadas foram conduzidas utilizando-se os recursos computacionais do programa Genes (Cruz, 2016).

#### 4.3.1.1 Estimativa da distância generalizada de Mahalanobis

As estimativas da distância generalizada de Mahalanobis ( $D^2$ ) foram obtidas por meio da expressão:

$$D_{ii'}^2 = \delta' \varphi^{-1} \delta$$

Em que:

$D_{ii'}^2$ : é a distância de Mahalanobis entre os genótipos  $i$  e  $i'$ ;

$\varphi$ : matriz da variância e covariâncias residuais;

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

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

#### 4.3.1.2 Método de otimização de Tocher

O método de otimização de Tocher foi realizado a partir da matriz de distâncias de Mahalanobis, sobre a qual é identificado o par de linhagens mais similares. Essas linhagens formaram o grupo inicial (Cruz et al., 2014).

Para estabelecimento dos grupos a distância entre a linhagem  $k$  e o grupo formado pelas linhagens  $ij$  é dada por:

$$d_{(ij)k} = d_{ij} + d_{jk}$$

A inclusão, ou não, da linhagem  $k$  no grupo é, então, feita considerando:

Se  $\frac{d_{(grupos)k}}{n} \leq q$ , inclui-se a linhagem  $k$  no grupo;

Se  $\frac{d_{(grupos)k}}{n} > q$ , a linhagem  $k$  não é incluído no grupo.

Sendo  $n$  o número de linhagens que constitui o grupo original.

Para determinar a distância média intragrupo tem-se:

$$d_{ii1} = \frac{(2\sum_{j>}^n \sum_{j'}^n d_{jj'})}{n(n-1)}$$

E para determinar a distância média intergrupo temos:

$$d_{ii1} = \frac{(\sum_{j=1}^{n_1} \sum_{j'=1}^{n_2} d_{jj'})}{n_1 n_2}$$

Em que  $n_1$  e  $n_2$  são o número de genótipos dentro dos grupos  $i$  e  $i'$ , respectivamente.

A distância média dentro do grupo é a média das distâncias entre cada par de genitores que o constitui. Pelo critério adotado, esta distância é sempre menor que as distâncias médias

intergrupos, que são obtidas pela média das distâncias entre pares de genótipos pertencentes aos diferentes grupos (Cruz et al., 2014).

#### 4.3.1.3 Método hierárquico de ligação média não ponderada entre grupos (UPGMA) e vizinho mais distante

O método de agrupamento hierárquico UPGMA é um método não ponderado, e, promove o agrupamento dos genótipos avaliados aos pares por média aritmética, que consiste em atribuir pesos iguais a cada indivíduo do grupo, calculando a similaridade média do indivíduo que pretende ser alocado ao grupo já existente (Cruz et al., 2011).

O método identifica a distância de um grupo em relação aos demais indivíduos (Cruz et al., 2014), em que, a distância entre uma linhagem k e um grupo formado pelas linhagens i e j é dada por:

$$d_{(ij)k} = \frac{d_{ij} + d_{jk}}{2}$$

Em que,  $d_{(ij)k}$  é dado pela média das distâncias dos pares de linhagens (i e k) e (j e k), gerando uma nova matriz com esses valores reduzindo a dimensionalidade passo a passo. Com a construção do dendrograma, novas distâncias serão estimadas, de forma que, se uma linhagem k for incorporada a um grupo (ij), a distância deste novo grupo (ij.k) em relação a linhagem (l) ou a outro grupo (lm), é dada por:

$$d_{(ij)k} = \frac{d_{ij} + d_{jl} + d_{jk}}{2}$$

$$d_{(ij)k} = \frac{d_{ij} + d_{im} + d_{jl} + d_{jk}}{4}, \text{ e assim, sucessivamente.}$$

Para o método do vizinho mais distante, a expressão empregada é dada pela distância máxima entre os indivíduos:

$$d_{(ij)k} = \max (d_{ik}, d_{jk})$$

#### 4.3.1.4 Dispersão gráfica de variáveis canônicas

As variáveis originais (caracteres mensurados) foram transformadas em um novo conjunto, originando as variáveis canônicas, estabelecendo-se as seguintes propriedades (Cruz et al., 2014):

a) Se  $Y_{ij}$  é uma variável canônica, então,  $Y_j$  é uma combinação linear de  $X_j$  variáveis originais:

$$Y_{ij} = a_1X_{i1} + a_2X_{i2} + \dots + a_nX_{in}$$

b) Se  $Y_{ij}$  é outra variável canônica, então:

$$Y_{ij'} = b_1X_{i1} + b_2X_{i2} + \dots + b_nX_{in}$$

$$\sum_j \Sigma_j, a_j a_j, \sigma_{jj}, = \sum_j \Sigma_j, b_j b_j, \sigma_{jj1} = 1$$

$$\sum_j \Sigma_j, b_j b_j, \sigma_{jj}, = 0$$

Em que:

$\sigma_{jj}$ , é a covariância residual entre os caracteres  $j$  e  $j'$ .

c) Dentre todas as variáveis canônicas:

$$\text{Variância } Y_{i1} > \text{variância } Y_{i2} > \dots > \text{variância } Y_{in}$$

Segundo Rao (1952), as variâncias de cada variável canônica e os coeficientes de ponderação dos caracteres podem ser estimados pela solução dos sistemas de equações:

$$(T - \lambda_j E) \delta_j = \Phi$$

E a  $j$ -ésima variância, pela raiz característica de ordem correspondente, obtida pela solução de:

$$\det [T - \lambda_j E] = 0$$

Em que:

T: matriz de variâncias e covariâncias fenotípicas;

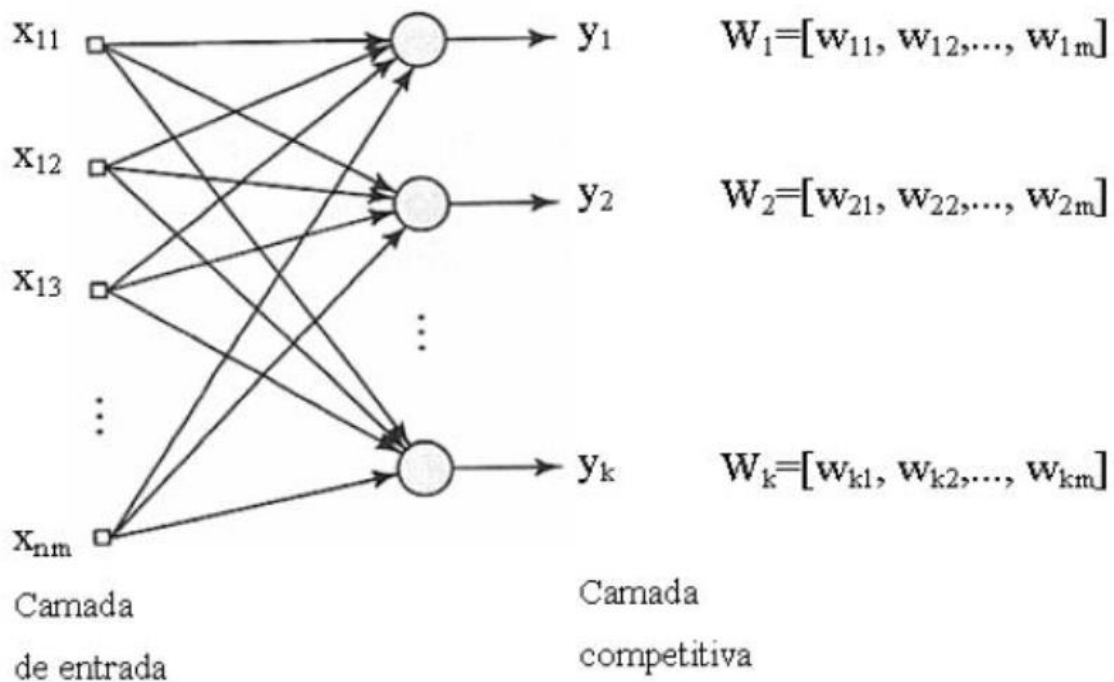
E: matriz de variâncias e covariâncias residuais;

$\delta_j$ : autovetor associado a cada estimativa das raízes características, cujos elementos são os coeficientes de ponderação; e

$\lambda_j$ : raízes características (autovalores) da matriz  $E^{-1}T$ .

#### 4.3.2 Redes neurais artificiais

Foi aplicada a técnica de redes neurais artificiais utilizando programa Genes (Cruz, 2016). A metodologia baseada no modelo de Mapas auto-organizáveis de Kohonen (SOM) foi aplicada com a abordagem tradicional não supervisionada, de acordo com as características e necessidades do presente estudo. A arquitetura da rede neural baseada no modelo de Kohonen, de acordo com o contexto deste estudo, pode ser visualizada na Figura 4.



**Figura 4.** Arquitetura da rede neural artificial Kohonen composta por  $n$  acessos e  $m$  caracteres na camada de entrada e por  $k$  neurônios na camada competitiva. Fonte: ICMC-USP, 2009.

A metodologia apresentada é baseada nos conceitos propostos por Haykin (2008). Dada uma entrada, apenas um neurônio de saída deverá ser ativado, registrando assim, a classe à qual a linhagem pertence. As classes devem agrupar linhagens com características semelhantes. Então, é realizada a classificação de vizinhança por relacionamento de similaridade de valores.

### 4.3.3 Importância relativa dos caracteres

A importância relativa dos caracteres foi calculada utilizando-se o método proposto por Singh (1981), que se baseia na partição do total das estimativas das distâncias  $D^2$  considerando todos os possíveis pares de indivíduos, para a contribuição referente a cada caráter.

Considerando-se que:

$$D_{ii'}^2 = \delta'^{\varphi^{-1}} \delta = \sum_{j=i}^n \sum_{j'=i}^n \omega_{jj'} d_j d_{j'}$$

Em que  $\omega_{jj'}$  é o elemento da  $j$ -ésima linha e  $j'$ -ésima coluna da inversa da matriz de variâncias e covariâncias residuais.

## 5. RESULTADOS E DISCUSSÃO

### 5.1 Experimento safra da seca (safra I)

#### 5.1.1 Análises univariadas

Por meio da análise de variância (Tabela 1), foi constatado para a fonte de variação linhagens efeito significativo a 1% de probabilidade pelo teste F, para as características PROD, L\*, a\*, b\*, BRIX, GD, PEANC e PEAPC, e, significância de 5% de probabilidade para M100, PROT e ST, o que indica a existência de variabilidade entre as linhagens para essas características. A seleção de linhagens para cada característica pode trazer importantes atributos que diferenciam os indivíduos dentro de uma mesma população.

**Tabela 1.** Resumo das análises de variâncias para as variáveis produtividade de grãos (PROD), massa de 100 grãos (M100), parâmetro luminosidade (L\*), componente vermelho-verde (a\*), componente amarelo-azul (b\*), teor de proteína (PROT), porcentagem de sólidos solúveis do caldo (BRIX), porcentagem de sólidos totais no caldo (ST), porcentagem de grãos danificados após cozimento (GD), porcentagem de embebição de água antes do cozimento (PEANC) e porcentagem de embebição de água após do cozimento (PEAPC), em 19 linhagens de feijão-comum na safra da seca 2018-2019, em Dourados/MS.

Caráter	Quadrado Médio				
	Bloco(2) <sup>1</sup>	Linhagens(18) <sup>1</sup>	Resíduo(36) <sup>1</sup>	Média	CV
PROD	160893,45	297049,83**	101340,75	2299,93	13,84
M100	0,25	8,95*	3,66	12,95	14,78
L*	6,62	32,35**	4,15	56,40	3,61
a*	0,71	1,46**	0,36	8,72	6,92
b*	0,35	1,66**	0,41	17,34	3,73
PROT	23,08	3,75*	1,74	24,66	5,36
BRIX	0,03	0,28**	0,10	3,49	9,15
ST	0,19	0,19*	0,09	3,68	8,34
GD	92,49	228,14**	77,29	73,64	11,94
PEANC	20,37	15,98**	5,35	99,27	2,33
PEAPC	8,30	91,38**	11,19	135,09	2,48

<sup>1</sup> Grau de liberdade. \*\*, \*, Significativo a 1% e 5% de probabilidade respectivamente pelo teste F.

Em relação aos coeficientes de variação (CV), foi observado para as características L\*, a\*, b\*, PROT, BRIX, ST, PEANC e PEAPC valores inferiores a 10%, considerados baixos, indicando ótima precisão experimental (Pimentel Gomes, 2009). Já para as características PROD, M100 e GD foram encontrados valores entre 10 e 20%, indicando precisão experimental mediana.

**Tabela 2.** Correlação de Pearson para as variáveis produtividade de grãos (PROD), massa de 100 grãos (M100), parâmetro luminosidade (L\*), componente vermelho-verde (a\*), componente amarelo-azul (b\*), teor de proteína (PROT), porcentagem de sólidos solúveis do caldo (BRIX), porcentagem de sólidos totais no caldo (ST), porcentagem de grãos danificados após cozimento (GD), porcentagem de embebição de água antes do cozimento (PEANC) e porcentagem de embebição de água após do cozimento (PEAPC), em 19 linhagens de feijão-comum na safra da seca 2018-2019, em Dourados/MS.

	M100	L*	a*	b*	PROT	BRIX	ST	GD	PEANC	PEAPC
PROD	-0,34	-0,39	0,06	-0,51*	0,19	-0,05	-0,33	0,28	0,29	-0,25
M100		0,68**	-0,35	0,25	-0,36	0,33	0,42	0,23	-0,57**	0,58**
L*			-0,74**	0,53*	-0,20	0,14	0,13	-0,06	-0,72**	0,25
a*				-0,47*	-0,05	0,08	0,25	0,23	0,68**	0,03
b*					0,07	0,12	0,02	-0,18	-0,36	0,39
PROT						-0,39	-0,48*	-0,29	0,23	-0,28
BRIX							0,52*	0,21	-0,09	0,51*
ST								0,31	-0,37	0,51*
GD									0,09	0,45*
PEANC										-0,08

\*\* , \* . Significativo a 1 e 5% de probabilidade pelo teste t.

Foi verificado correlações positivas e significativas entre os pares de características M100 x L\* (0,68\*\*) e L\* x b\* (0,53\*), BRIX x ST (0,52\*), a\* x PEANC (0,68\*\*), M100 x PEAPC (0,58\*\*), BRIX x PEAPC (0,51\*), ST x PEAPC (0,51\*) e GD x PEAPC (0,45\*) (Tabela 2). Para o parâmetro de luminosidade L\*, a correlação positiva com o parâmetro b\* e com massa de cem grãos, indica que quanto maior a luminosidade, maior tende a ser o valor da coordenada componente de cor azul-amarelo; sendo valores desejáveis para o feijão carioca tegumentos mais claros. As maiores correlações positivas foram encontradas nos pares M100 x L\* e a\* x PEANC. A correlação positiva entre BRIX e ST, indica que quanto maior a porcentagem de sólidos solúveis no caldo, tende a ser maior a porcentagem de sólidos totais no caldo, ou vice-versa.

A característica porcentagem de embebição de água após cozimento apresentou correlações positivas com 4 outras características, indicando que quanto maior o volume de água absorvido pelo grão após o cozimento, menor será o número de grão inteiros após esse cozimento e assim irá aumentar a porcentagem de sólidos no caldo, devido a maior ruptura dos grãos durante o cozimento (Carbonell et al., 2003).

Foram verificadas correlações negativas significativas entre os pares de características PROD x b\*(-0,51\*), L\* x a\*(-0,74\*\*), a\* x b\* (-0,47\*), PROT x ST (-0,48\*), M100 x PEANC (-0,57\*\*), e L\* x PEANC (-0,72\*\*). O parâmetro a\* apresentou correlação negativa com as características L\* e b\*, indicando que quanto maior o valor da coordenada de cor verde-vermelho apresentada pelo grão, menor será a luminosidade do grão, tendo uma forte correlação negativa com o parâmetro de luminosidade (-0,74), e o valor da coordenada de cor azul-amarelo, indicando assim um grão de coloração mais escura, devido a maior presença de tons azuis e menor luminosidade. Os parâmetros de coloração do grão podem indicar a suscetibilidade dessas linhagens ao escurecimento do grão, não sendo uma característica desejável em grãos que serão comercializados, pois quanto maior a suscetibilidade, menor será o tempo de armazenamento e acarretar no risco desses grãos serem rejeitados pelos consumidores, porque eles podem associar grãos escurecidos a tempos de cozimento mais longos (Arns et al., 2018; Ribeiro et al., 2019).

A característica porcentagem de embebição de água antes do cozimento apresentou uma correlação negativa com as características massa de cem grãos (M100) e parâmetro L\*, indicando que quanto maior a PEANC, menor será a massa de cem grãos e a luminosidade do grão, ou vice-versa. A maior correlação negativa foi encontrada entre o par L\* x a\* (-0,74), indicando que quanto menor o valor de luminosidade, maior será a presença de tons

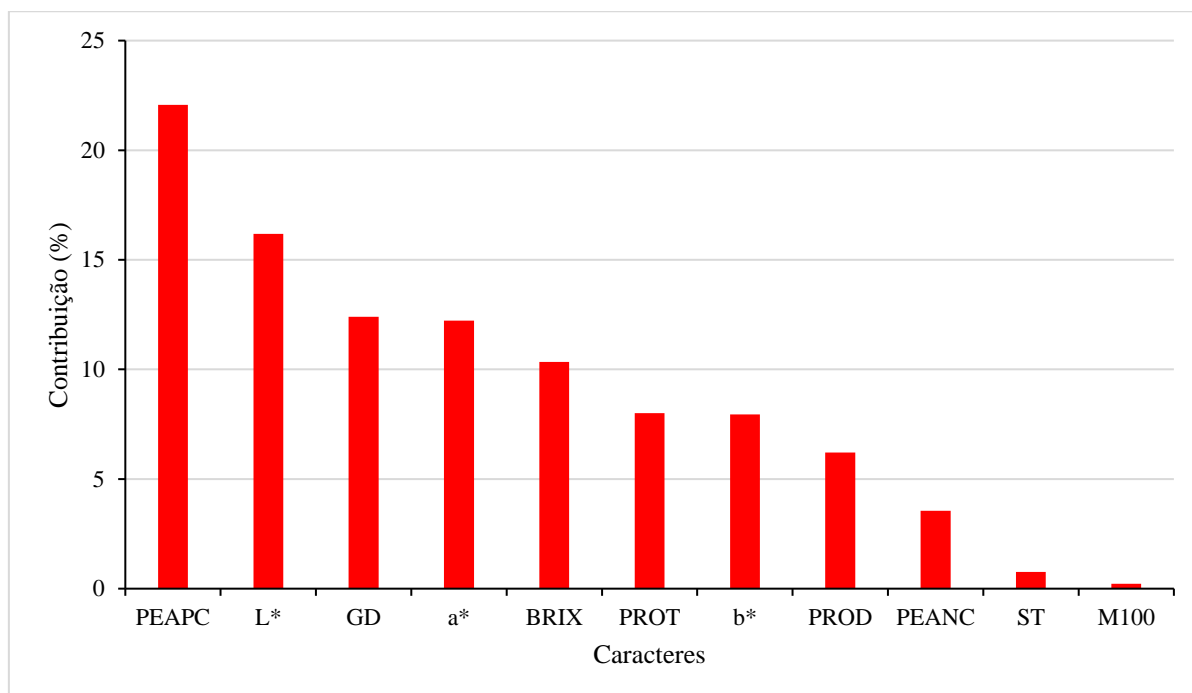


avermelhados no grão, indicando um grão mais escuro, sendo uma correlação esperada entre essas duas características, pois quanto maior a presença de luminosidade no grão, menor será a presença de tons avermelhados (tons escuros) no grão.

## 5.1.2 Análises multivariadas

### 5.1.2.1 Importância relativa dos caracteres

A análise da contribuição relativa de onze caracteres para a expressão da divergência genética, foi estimada segundo o método de Singh (1981) baseado na distância Generalizada de Mahalanobis, conforme apresentado na Figura 5.



**Figura 5.** Contribuição relativa dos caracteres produtividade de grãos (PROD), massa de 100 grãos (M100), parâmetro luminosidade (L\*), componente vermelho-verde (a\*), componente amarelo-azul (b\*), teor de proteína (PROT), porcentagem de sólidos solúveis do caldo (BRIX), porcentagem de sólidos totais no caldo (ST), porcentagem de grãos danificados após cozimento (GD), porcentagem de embebição de água antes do cozimento (PEANC) e porcentagem de embebição de água após do cozimento (PEAPC), em 19 linhagens de feijão-comum na safra da seca 2018-2019, em Dourados/MS.

Os caracteres PEAPC (22,07 %), L (16,18%) e GD (12,40%) apresentaram as maiores contribuições para a divergência total entre as 19 linhagens de feijão avaliadas. O componente a\* (12,23%) também apresentou contribuição relativamente importante sobre a divergência. As características PEAPC e L\* possuem importância significativa na qualidade nutricional, pois podem indicar quais grãos não serão aceitos para o consumo pela população, pois quanto menor o valor de PEAPC, maior será o tempo de cozimento e quanto menor o valor do parâmetro L\*,

mais escuro serão os grãos, sendo associados pelos consumidores a grãos mais velhos (Oliveira et al., 2011, Ribeiro et al., 2019).

A importância relativa dos caracteres auxilia no descarte de variáveis, possibilitando uma melhor escolha de variáveis a serem consideradas na avaliação de divergência genética entre populações ou linhagens (Cruz et al., 2014).

De acordo com o método de Singh, os caracteres M100 (0,22%) e ST (0,77%), apresentaram as menores contribuições para a divergência genética, sendo sugeridos como variáveis passíveis para descarte no presente estudo, pois seriam pouco informativas, devido às estimativas de contribuição relativa de pequenas magnitudes.

### **5.1.2.2 Distância generalizada de Mahalanobis**

As medidas de dissimilaridade genética (Tabela 3), estimadas a partir da Distância Generalizada de Mahalanobis ( $D^2$ ), apresentaram magnitude entre 10,17 a 164,79, com média de 44,01, indicando a presença de variabilidade genética para as linhagens avaliadas. Entretanto, foi possível observar que somente 38,59 % dessas combinações apresentaram estimativas acima da média, indicando que a maioria das combinações possuem a dissimilaridade genética baixa, sugerindo que se tenha baixa variabilidade genética entre as linhagens utilizadas.

A combinação entre as linhagens 3 x 6 (164,79), seguida pela combinação entre 6 x 19 (147,56), apresentaram as estimativas mais elevadas da distância generalizada de Mahalanobis, sendo os pares mais divergentes. A menor divergência foi observada entre os pares 9 x 10 (10,17) e entre as linhagens 13 e 15 (10,86).

Segundo Oliboni et al. (2012) o grau de distância entre as linhagens, com base no conjunto de caracteres genéticos que diferenciam uma população, está relacionado com a divergência genética, sendo, na maioria dos casos, a distância genética correlacionada, positivamente, com a heterose. De acordo com a distância genética entre as linhagens, é possível observar maior ou menor restauração da heterose com determinado cruzamento.

Para as combinações entre as linhagens 6 x 14 (107,22), 6 x 8 (106,11), 1 x 6 (96,93), e 11 x 19 (95,66), também foram encontrados valores elevados de dissimilaridade, indicando maior divergência genética entre essas linhagens. A formação destes grupos é de fundamental importância na escolha dos genitores, pois as novas combinações a serem estabelecidas devem ser baseadas na magnitude de suas dissimilaridades (Cruz et al., 2014).

Menores dissimilaridades também foram observadas entre as combinações 11 x 15 (11,06) 5 x 16 (12,43), 5 x 13 (12,47), 4 x 16 (12,64) e 4 x 15 (12,89), resultando em linhagens geneticamente similares. Isto indica, que possíveis cruzamentos entre esses pares, resultarão em progênies com baixa expressão heterótica.

A linhagem 6 obteve maior média das estimativas de dissimilaridade baseada na distância de Mahalanobis entre as linhagens, indicando ter os maiores pares de distância entre as linhagens. A linhagem 5 obteve a menor média, indicando ter as menores estimativas de dissimilaridade entre as linhagens.

A distância de Mahalanobis é empregada em diversos trabalhos de diversidade, como de feijão (Sulzbacher et al., 2017; Sebim et al., 2016; Sousa et al., 2016), girassol (Rigon et. al., 2012), sorgo (Oliveira, 2015), milho pipoca (Melo et al., 2017), dentre outras culturas, sendo essencial para aplicação de metodologias para estimação da divergência genética por agrupamento.

**Tabela 3.** Matriz da divergência genética entre 19 linhagens de feijão-comum na safra da seca 2018-2019, baseado na distância generalizada de Mahalanobis ( $D^2$ ).

Linhagem	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10
1	<u>50,52</u>	62,08	56,70	57,86	42,17	<b>96,93</b>	55,12	29,56	46,54	32,47
2		<u>37,60</u>	39,37	32,23	23,02	73,57	20,02	65,49	57,82	42,99
3			<u>62,27</u>	76,22	44,97	<b>164,79</b>	44,03	45,94	60,77	53,63
4				<u>37,08</u>	14,49	37,13	15,83	47,20	37,23	32,37
5					<u>28,60</u>	57,30	16,93	28,92	26,30	22,70
6						<u>78,52</u>	69,67	<b>106,11</b>	90,20	64,73
7							<u>31,83</u>	32,76	29,73	28,72
8								<u>47,11</u>	16,84	17,77
9									<u>45,21</u>	<b>10,17</b>
10										<u>35,91</u>
11										
12										
13										
14										
15										
16										
17										
18										
19										

**Tabela 3 ... Continuação**

Linagem	11	12	13	14	15	16	17	18	19
1	37,29	27,98	40,78	26,85	41,16	57,08	56,22	74,31	68,26
2	37,64	35,49	17,63	37,55	26,70	39,85	17,14	18,61	29,63
3	87,55	62,34	46,95	42,29	73,61	66,98	64,23	48,53	42,08
4	17,08	37,10	29,95	58,10	<b>12,89</b>	<b>12,64</b>	18,37	44,93	85,83
5	23,12	21,52	<b>12,47</b>	36,30	14,15	<b>12,43</b>	21,50	36,61	59,95
6	30,24	67,40	79,72	<b>107,22</b>	42,00	59,68	31,74	87,54	<b>147,56</b>
7	32,70	24,11	16,80	28,85	15,90	21,83	24,57	33,57	61,87
8	54,62	21,09	38,77	28,05	37,21	43,71	67,37	72,92	93,82
9	46,25	21,91	28,94	31,12	23,36	51,75	64,25	79,78	90,98
10	35,78	14,35	31,30	27,06	23,56	42,19	41,61	52,99	72,15
11	<u>40,69</u>	32,37	27,02	41,23	<b>11,06</b>	30,95	20,95	71,04	<b>95,66</b>
12		<u>33,39</u>	14,62	15,00	14,19	38,05	43,52	48,91	61,11
13			<u>31,75</u>	16,92	<b>10,86</b>	32,51	34,74	45,82	45,73
14				<u>42,76</u>	29,50	60,74	55,68	67,07	60,21
15					<u>31,15</u>	27,82	26,90	55,08	74,84
16						<u>41,58</u>	27,05	39,96	83,34
17							<u>38,93</u>	25,76	59,17
18								<u>51,56</u>	24,68
19									<u>69,82</u>

\* média das estimativas de distâncias de cada linagem na diagonal principal.

### 5.1.2.3 Análises de agrupamentos pelos métodos de Tocher, ligação média não ponderada entre grupos (UPGMA) e ligação completa do vizinho mais distante (VMD)

Utilizando o Método de otimização de Tocher, baseado na distância de Mahalanobis, foram obtidos nove grupos (Tabela 4). Essa metodologia utiliza-se do critério de que a média das medidas de dissimilaridade dentro de cada grupo formado deve ser menor que as distâncias médias entre grupos. Assim, ao final do processo obtém-se os agrupamentos e seus acessos contidos (Karasawa et al., 2005).

**Tabela 4.** Agrupamento pelo método de otimização de Tocher, com base na distância generalizada de Mahalanobis de 19 linhagens de feijão-comum, na safra da seca 2018-2019, em Dourados/MS.

Grupos	Linhagens	% linhagens
I	7 9 2	15,78
II	13 18 16	15,78
III	4 12 8	15,78
IV	3 11	10,52
V	15 19 6	15,78
VI	1 14	10,52
VII	17	5,26
VIII	5	5,26
IX	10	5,26

Os grupos I (7, 9, 2), II (13, 18, 16), III (4, 12, 8) e V (15, 19, 6) foram os mais numerosos, contemplando cada um 15,78% das linhagens de feijão avaliadas. Os grupos IV (3,11) e VI (1,14) apresentaram 10,52% das linhagens nesses agrupamentos.

Os grupos VII, VIII e IX reuniram apenas uma linhagem em cada grupo, sendo elas, linhagens 17, 5 e 10, respectivamente, sugerindo que estas sejam as mais divergentes em relação as demais. Ocorrência de grupos com apenas uma linhagem indica ampla divergência genética, o que facilita a projeção dos trabalhos de melhoramento e possibilita a identificação de linhagens distintas para futuros cruzamentos (Rotili et al., 2012, Silva et al., 2015).

Dessa forma, de acordo com o agrupamento de Tocher as linhagens 17, 5 e 10, podem ser utilizadas em cruzamentos com qualquer genótipo dos outros grupos obtendo-se assim, linhagens potencialmente superiores, já que são resultantes de genitores contrastantes.

As linhagens 6 e 19 foram agrupadas no grupo V pela metodologia de otimização de Tocher, indicando que elas possuem similaridade genética entre si, mas através da distância de Mahalanobis, a combinação dessas linhagens obteve uma das maiores estimativas de dissimilaridades (147,56) (Tabela 3), o que acaba contrapondo a metodologia de Tocher que agrupou as duas linhagens no mesmo grupo, podendo ser explicado devido a linhagem 6 obter a menor média de porcentagem embebição de água após cozimento (PEAPC) e a linhagem 19 obter a maior média para essa característica, sendo ela, a característica com a maior contribuição relativa dos caracteres para explicar a divergência genética (Figura 5).

A partir do método de otimização de Tocher foi estimada a dissimilaridade intra e intergrupos (Tabela 5). A menor distância média intragrupo foi observada no grupo VI (26,85), enquanto que a maior foi verificada no grupo V (88,13).

As maiores distâncias intergrupo encontradas, foram entre os grupos IV e V (69,58), V e VI (67,21), III e V (57,30), e VI e VII (55,95), correspondendo aos grupos que possuem as maiores dissimilaridades, entre si, indicando provavelmente as melhores combinações para cruzamentos.

As menores distâncias intergrupo foram obtidas entre os grupos II e VIII (20,50), VII e VIII (21,50), III e IX (21,50), e III e VIII (21,64). De acordo com Cruz et al. (2011), menores distâncias evidenciam que o intercruzamento das linhagens contidas nos respectivos grupos, podem não ser promissoras para a obtenção de linhagens superiores devido à similaridade genética, podendo apresentar baixa heterose, nas gerações segregantes.

**Tabela 5.** Distâncias médias intra e intergrupos estimadas pelo método de otimização de Tocher, com base na dissimilaridade entre 19 linhagens de feijão-comum na safra da seca 208-209, em Dourados/MS.

Grupos	I	II	III	IV	V	VI	VII	VIII	IX
I	35,86	34,31	31,32	43,46	53,54	43,53	35,32	22,09	27,29
II		39,43	38,28	48,58	52,72	52,82	29,19	<b>20,50</b>	42,16
III			35,13	48,09	<b>57,30</b>	36,09	43,09	<b>21,64</b>	<b>21,50</b>
IV				87,55	<b>69,58</b>	44,38	42,59	34,05	44,71
V					<b>88,13</b>	<b>67,21</b>	39,27	43,80	53,48
VI						<b>26,85</b>	<b>55,95</b>	39,24	29,77
VII							-	<b>21,50</b>	41,61
VIII								-	22,70
IX									-

- não apresenta distância intragrupo.

Em programas de melhoramento, recomenda-se a seleção de linhagens com a maior divergência possível e que possua as características de interesse, para maximizar a probabilidade de ocorrência de segregantes superiores e ampliar a base genética. Assim, deve-se levar em consideração as distâncias intergrupos, visando o cruzamento de indivíduos contidos entre os grupos mais distantes (Cruz et al., 2011).

Para o método de agrupamento UPGMA, o corte no dendrograma foi realizado considerando 50% de variabilidade genética, o que possibilitou a divisão das linhagens em cinco grupos distintos (Figura 6). Esse critério foi definido considerando o conhecimento que se tem sobre os dados através da observação da mudança de níveis de agrupamento, conforme sugerido por Barroso e Artes (2003).

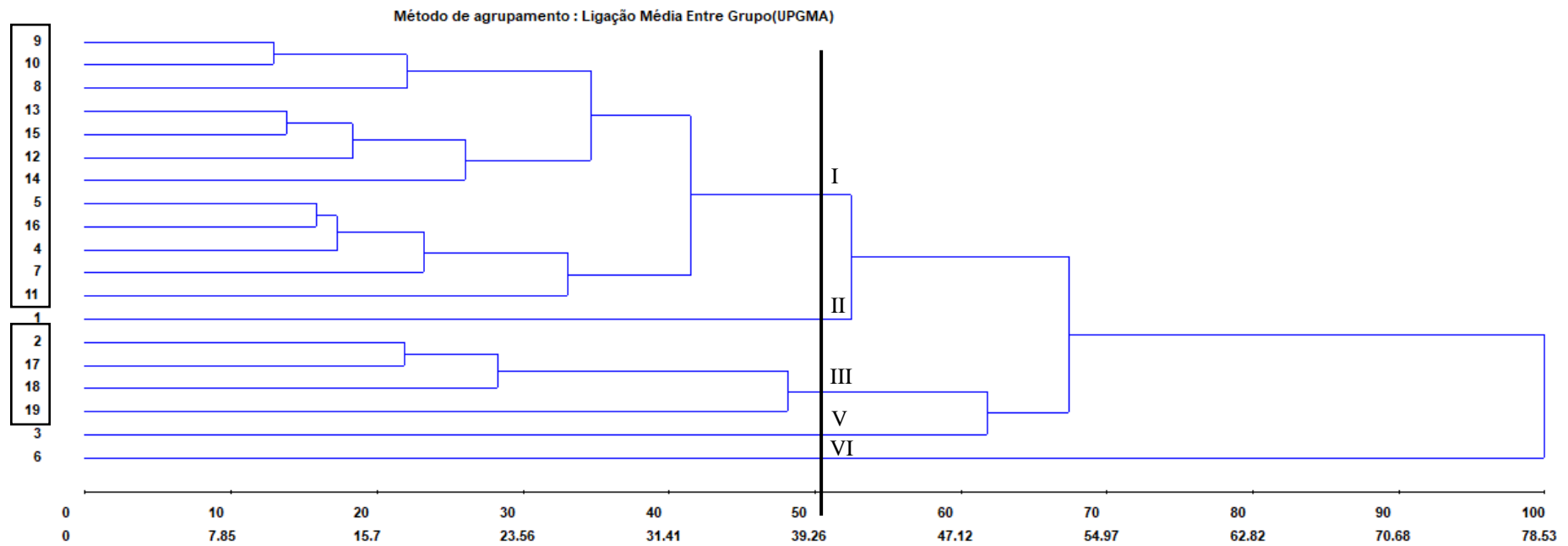
O grupo I foi formado por 12 das 19 linhagens analisadas, reunindo as linhagens 9, 10, 8, 13, 15, 12, 14, 5, 16, 4, 7 e 11. O grupo III reuniu as linhagens 2, 17, 18 e 19. O grupo V ficou constituído pela linhagem 6, que apresentou o menor valor do componente vermelho-verde ( $a^*$ ), a menor porcentagem de sólidos totais no caldo (ST), a menor porcentagem de embebição de água após cozimento (PEAPC) e o maior valor de teor de proteína (PROT). O menor valor do componente  $a^*$  indica que esse grão tem tonalidade levemente vermelha; o que implica em um tegumento mais claro. De acordo com Arns et al. (2018), o feijão carioca possui valor de tonalidade para esse parâmetro que é considerado padrão ideal, sendo ele,  $a^* \leq 7,00$ , que se assemelha muito com a média obtida para esse parâmetro no presente estudo (7,48).

A menor PEAPC indica que os grãos possuem uma tendência a ser mais duros, pois não absorvem a água, requerendo assim um maior tempo de cozimento para que eles amoleçam, produzindo o efeito “hard-to-cook” (difícil de cozinhar). Carbonell et al. (2003) verificou que quanto maior os valores de PEAPC, menor é o tempo de cozimento, resultados que corroboram com os do presente estudo.

O grupo II foi formado pela linhagem 1, que apresentou o menor valor do componente luminosidade ( $L^*$ ), maior valor componente vermelho-verde ( $a^*$ ) e a maior porcentagem de embebição de água antes do cozimento (PEANC). A linhagem 1 apresentou grãos mais escuros (componente  $L^*$ ), com maior valor para a coordenada verde-vermelho (componente  $a^*$ ). De acordo com Rios et al. (2002), os grãos que possuem um valor menor do parâmetro  $L^*$ , podem ser mais dificilmente aceitos pelos consumidores, pois estes relacionam a cor mais escura com o feijão mais velho, indicando um grão mais duro e que exigirá maior tempo de cocção. O grupo VI pela linhagem 3, que apresentou a menor porcentagem de embebição de água antes do cozimento



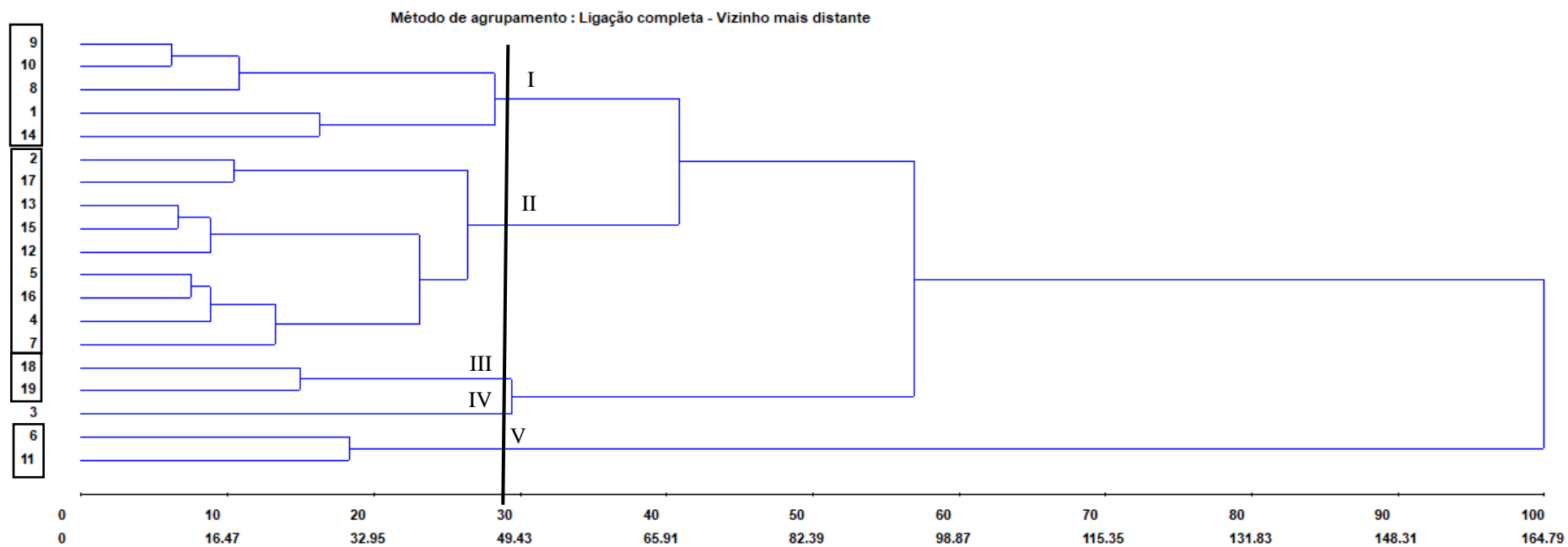
(PEANC), a maior porcentagem de sólidos totais do caldo (ST) e o menor teor de proteína (PROT). Os valores médios dos caracteres para cada linhagem dos grupos podem ser observados no Anexo 3.



**Figura 6.** Dendrograma representativo da dissimilaridade genética entre 19 linhagens de feijão-comum, obtidas pela ligação média não ponderada entre grupos (UPGMA), a partir da medida de dissimilaridade generalizada de Mahalanobis, na safra da seca 2018-2019, em Dourados/MS. CCC= 0,678.

Em relação ao dendrograma obtido pelo método do vizinho mais distante (Figura 7), com o corte realizado em 30% de variação, foram formados cinco grupos. Esse critério foi definido considerando o conhecimento que se tem sobre os dados através da observação da mudança de níveis de agrupamento, conforme sugerido por Barroso e Artes (2003). A linhagem 3 permaneceu em um grupo isolado. A linhagem 6 passou a constituir um grupo com a linhagem 11 (grupo V vizinho mais distante).

Pelo método UPGMA as linhagens 9, 10, 8, 13, 15, 12, 14, 5, 16, 4, 7 e 11 foram reunidas em um grande grupo (grupo I), contudo pelo vizinho mais distante as linhagens 9, 10, 8, 1 e 14 passaram a formar um novo grupo (grupo I) e as linhagens 2, 17, 13, 15, 12, 5, 16, 4 e 7 passaram a formar outro grupo (grupo II). O grupo três, formando no UPGMA, foi dividido e as linhagens 18 e 19 formaram um grupo, enquanto as linhagens 2 e 17 entraram no grupo II. Contudo, de maneira geral, é possível afirmar que os agrupamentos realizados pelo método de UPGMA foram consistentes aos encontrados pelo método do vizinho mais distante.



**Figura 7.** Dendrograma representativo da dissimilaridade genética entre 19 linhagens de feijão-comum, obtidas pela ligação completa do vizinho mais distante, a partir da medida de dissimilaridade generalizada de Mahalanobis, na safra da seca 2018-2019, em Dourados/MS. CCC= 0,541.

#### 5.1.2.4 Dispersão gráfica de variáveis canônicas

As estimativas dos autovalores ( $\lambda_i$ ) correspondentes as variáveis canônicas (VC<sub>i</sub>), estão apresentadas na Tabela 6. Dentre as 11 variáveis canônicas, observou-se que as três primeiras variáveis explicaram mais de 72% da variação total, sendo para a primeira 34,74%, a segunda 26,63% e para a terceira 11,11%. Para a descrição da divergência é desejável que as duas primeiras variáveis expliquem ao menos 80% da variação total (Cruz et al., 2011). Contudo, casos em que este limite não é atingido, a análise pode ser completada com a dispersão em relação a terceira e quarta variáveis canônicas (Cruz et al., 2014). Neste estudo, esta porcentagem (80%) só foi verificada na quarta variável canônica. Todavia, optou-se por manter as três primeiras variáveis canônicas, representado o valor de 72,48% da variação total, valor que já se pode ser representado em um espaço tridimensional para a interpretação geométrica, pois atinge mais da metade da variação contida.

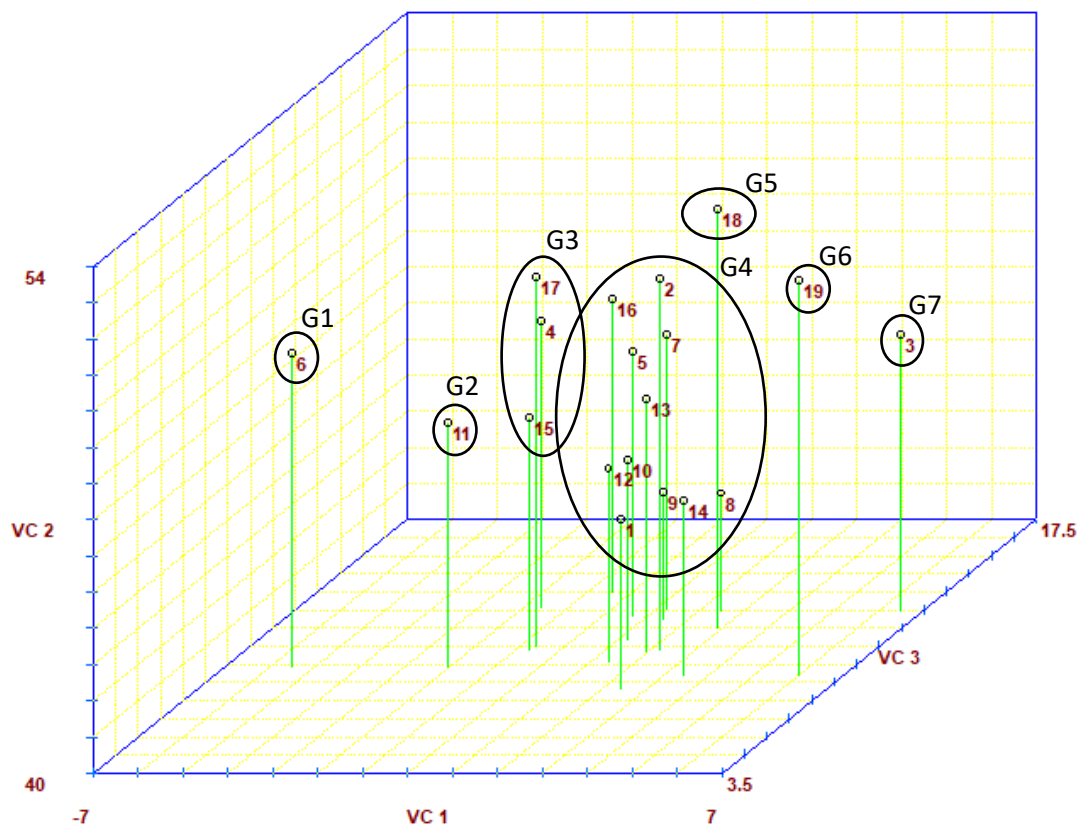
Por meio da representação gráfica tridimensional, as linhagens podem ser agrupadas de acordo com a distância no plano cartesiano, sendo assim, as linhagens dentro dos grupos apresentam maior similaridade do que as linhagens intergrupo (Miranda et al, 2003).

**Tabela 6.** Estimativas das variâncias (autovalores) e variâncias percentuais acumuladas das variáveis canônicas, visando estimar a dissimilaridade genética entre 19 linhagens de feijão-comum, na safra da seca 2018-2019, em Dourados/MS.

Variáveis Canônicas	Autovalores (Variância)	Variância acumulada (%)
VC1	34,74	34,74
VC2	26,63	61,37
VC3	11,11	72,48
VC4	8,17	80,65
VC5	7,00	87,66
VC6	4,75	92,41
VC7	3,44	95,85
VC8	2,10	97,96
VC9	0,99	98,96
VC10	0,77	99,73
VC11	0,26	100

No gráfico de dispersão das linhagens, elaborado com base nas três primeiras variáveis canônicas (Figura 8), observa-se a formação de sete grupos, sendo o grupo I formado pela linhagem 6; grupo II pela linhagem 11; o grupo III pelas linhagens 17, 15, 4; o grupo IV pelas linhagens 1, 2, 5, 7, 8, 9, 10, 12, 13, 14 e 16, sendo o grupo mais

numeroso; grupo V pela linhagem 18; grupo VI pela linhagem 19; grupo VII pela linhagem 3.



**Figura 8.** Dispersão de escores de 19 linhagens de feijão-comum em relação a três variáveis canônicas (VC1, VC2 e VC3), tendo como base 11 caracteres, na safra da seca 2018-2019, em Dourados/MS.

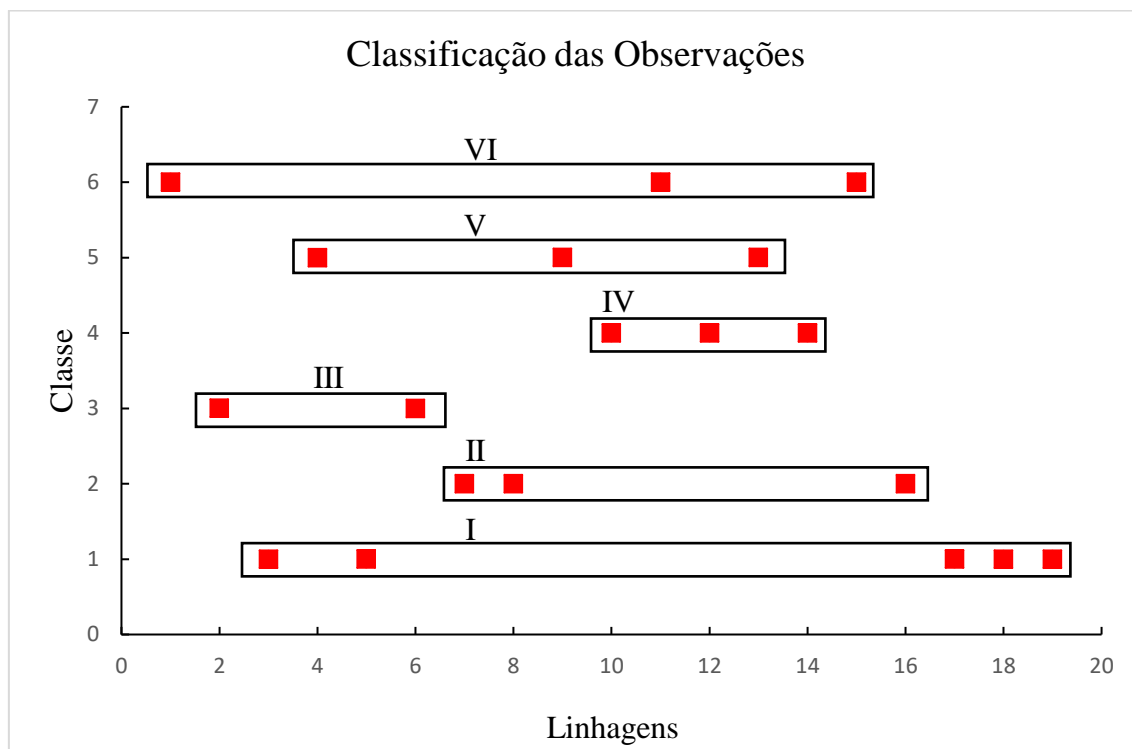
O método de variáveis canônicas teve maior concordância com o método UPGMA, concordando no agrupamento das linhagens 3 e 6 de forma unitária, indicando que essas duas linhagens apresentam as maiores dissimilaridades em relação as demais linhagens. Os genótipos mais divergentes foram colocados em grupos distintos, ou seja, os grupos formados por somente uma linhagem. Cruzamentos entre linhagens de grupos distintos resultarão em escolhas de genitores que apresentarão a maior exploração da heterose e a distância de um grupo para o outro contribuirá ainda mais para este resultado (Cruz et al., 2014).

### 5. .1.2.5 Redes neurais artificias

Na Figura 9 podemos observar a classificação das 19 linhagens de feijão em seis grupos, sendo o grupo I formado pelas linhagens 3, 5, 17, 18 e 19; o grupo II foi formado

pelas linhagens 7, 8 e 16; o grupo III pelas linhagens 2 e 6; o grupo IV com as linhagens 10, 12 e 14; grupo V linhagens 4, 9 e 13 e o grupo VI linhagens 1, 11 e 15.

A linhagem 2 obteve a segunda maior média do parâmetro luminosidade ( $L^*$ ), a segunda maior média do parâmetro  $b^*$  e a segunda menor média do teor de proteína. Essa linhagem foi agrupada juntamente com a linhagem 6, que nos demais métodos multivariados foi agrupada de forma unitária, possuindo médias similares para o parâmetro  $b^*$  ( $b^*$ ) e para embebição de água antes do cozimento (PEANC).



**Figura 9.** Mapa auto-organizável de Kohonen com a classificação de 19 linhagens de feijão-comum, na safra da seca 2018/219, em Dourados/MS.

Carneiro (2015), avaliou o potencial das redes neurais artificiais como ferramenta auxiliar no melhoramento da arquitetura de plantas do feijoeiro, gerando resultados confiáveis para predição da característica.

Os grupos encontrados neste trabalho por meio da rede de Kohonen, se diferiram em relação a maioria dos agrupamentos formados nos métodos de análise multivariada de otimização de Tocher, hierárquico UPGMA, vizinho mais distante e variáveis canônicas.

O método de Kohonen agrupou a linhagem 6 com a linhagem 2, mas nos métodos de variáveis canônicas e UPGMA, essa linhagem foi agrupada de forma unitária e no método do vizinho mais distante ela foi agrupada com a linhagem 11. A linhagem 2 parece ser muito similar com as linhagens 17 e 7, pois foi agrupada com a linhagem 17

pelos métodos do vizinho mais distante e UPGMA e com a linhagem 7 pelos métodos de otimização de Tocher e variáveis canônicas, podendo ser explicado devido a linhagem 2 apresentar medias parecidas para as variáveis PEAPC e componente a\* com a linhagem 17 e medias parecidas para as variáveis ST e PEANC para a linhagem 7.

As linhagens 3 e 6 foram agrupadas de forma unitária nos métodos de variáveis canônicas e UPGMA, além desses dois métodos se assemelharem na formação de um grande grupo, formado pela maioria das linhagens, ficando separado nos outros métodos. A classificação pelo método de Kohonen concordou parcialmente com o agrupamento das linhagens 18 e 19; 10, 12 e 14; com os métodos de UPGMA, vizinho mais distante e variáveis canônicas, ao ficarem contidos dentro de um mesmo agrupamento. Entretanto, o método de Kohonen não concordou em nenhum agrupamento em relação ao método de otimização de Tocher.

A explicação em relação a porcentagem de embebição de água após do cozimento (PEAPC) apresentar a maior contribuição relativa (Figura 5), pode ser dada em função que alguns métodos multivariados reuniram a linhagem 6 em grupo distinto, em que as variações em relação as médias foram contrastantes, variando de 140,09% (linhagem 3) a 129,46% (linhagem 6).

Os caracteres GD e parâmetro a\*, apresentaram importância semelhante em relação a contribuição relativa de caracteres, uma vez que apresentaram médias próximas para as linhagens 6 e 17, 1 e 8, 12 e 14 para as duas características.

Em relação a contribuição relativa da porcentagem de sólidos totais (ST), as médias das linhagens apresentaram uma variação de mais de 1%, apresentando valores de 4,27% (linhagem 3) a até 3,16% (linhagem 6), sendo as linhagens mais contrastantes entre si, com base nos métodos de divergência genética utilizados.

Em geral, o método de mapa auto-organizáveis de Kohonen, apresentou maior semelhança ao agrupamento realizados por meio do vizinho mais distante e maiores diferenças em relação ao método de Tocher.



## 5.2 Experimento safra de inverno (safra II)

### 5.2.1 Análises univariadas

Por meio da análise de variância (Tabela 7), foi constatado para a fonte de variação linhagens efeito significativo a 1% de probabilidade pelo teste F, para as características L\* e a\*, e significância de 5% de probabilidade para M100, PROT e GD, o que indica a existência de variabilidade entre as linhagens para essas características. Para PROD, BRIX, ST, PEANC e PEAPC, não foi verificado efeito significativo entre as linhagens, indicando a inexistência de variabilidade entre as médias para essas características.

**Tabela 7.** Resumo das análises de variâncias para as variáveis produtividade de grãos (PROD), massa de 100 grãos (M100), parâmetro luminosidade (L\*), componente vermelho-verde (a\*), componente amarelo-azul (b\*), teor de proteína (PROT), porcentagem de sólidos solúveis do caldo (BRIX), porcentagem de sólidos totais no caldo (ST), porcentagem de grãos danificados após cozimento (GD), porcentagem de embebição de água antes do cozimento (PEANC) e porcentagem de embebição de água após do cozimento (PEAPC), em 19 linhagens de feijão-comum na safra de inverno 2018-2019, em Dourados/MS.

Caráter	Quadrado Médio			Média	CV
	Bloco(2) <sup>1</sup>	Linhagens(18) <sup>1</sup>	Resíduo(36) <sup>1</sup>		
PROD	22237,47	8984,28 <sup>ns</sup>	16839,88	789,05	16,45
M100	0,82	14,57*	2,69	16,75	9,80
L*	6,66	29,08**	7,01	58,16	4,55
a*	1,59	2,12**	0,74	9,65	8,95
b*	0,98	1,53*	0,65	18,98	4,25
PROT	8,09	9,48*	4,02	30,71	6,53
BRIX	0,17	0,29 <sup>ns</sup>	0,22	3,35	14,23
ST	0,69	0,26 <sup>ns</sup>	0,17	3,45	12,19
GD	392,24	214,21*	89,39	63,33	14,93
PEANC	32,66	36,49 <sup>ns</sup>	31,51	104,10	5,39
PEAPC	828,54	26,00 <sup>ns</sup>	37,53	139,16	4,40

<sup>1</sup> Grau de liberdade. ns, \*\*, \*, Não significativo, Significativo a 1% e 5% de probabilidade, respectivamente pelo teste F.

Em relação aos coeficientes de variação (CV), foi observado para as características M100, L\*, a\*, b\*, PROT, PEANC e PEAPC valores inferiores a 10%, considerados baixos, indicando ótima precisão experimental (Pimentel Gomes, 2009). Já para as características PROD, BRIX, ST e GD foram encontrados valores entre 10 e 20%, indicando precisão experimental mediana.

**Tabela 8.** Correlação de Pearson para as variáveis produtividade de grãos (PROD), massa de 100 grãos (M100), parâmetro luminosidade (L\*), componente vermelho-verde (a\*), componente amarelo-azul (b\*), teor de proteína (PROT), porcentagem de sólidos solúveis do caldo (BRIX), porcentagem de sólidos totais no caldo (ST), porcentagem de grãos danificados após cozimento (GD), porcentagem de embebição de água antes do cozimento (PEANC) e porcentagem de embebição de água após do cozimento (PEAPC), em 19 linhagens de feijão-comum na safra de inverno 2018-2019, em Dourados/MS.

	M100	L*	a*	b*	PROT	BRIX	ST	GD	PEANC	PEAPC
PROD	0,16	0,32	-0,58**	0,15	0,09	0,10	0,02	-0,09	-0,22	-0,11
M100		-0,009	-0,19	0,39	0,51*	0,19	0,07	-0,10	0,004	-0,37
L*			-0,70**	0,48*	-0,26	0,27	0,14	-0,31	-0,34	-0,10
a*				-0,15	0,28	-0,17	0,07	0,07	0,29	-0,09
b*					0,10	0,05	0,16	-0,43	0,15	-0,52*
PROT						0,08	0,18	-0,03	-0,006	-0,50*
BRIX							0,85**	-0,15	-0,40	-0,17
ST								-0,03	-0,23	-0,34
GD									-0,32	0,48*
PEANC										-0,16

\*\* , \* . Significativo a 1 e 5% de probabilidade pelo teste t.

Foi verificado correlações positivas significativas entre os pares de características M100 x PROT (0,51\*) e L\* x b\* (0,48\*), BRIX x ST (0,85\*\*) e GD x PEAPC (0,48\*) (Tabela 8). A correlação positiva entre M100 e PROT indica que quanto maior a massa de cem grãos, maior tende a ser o teor de proteína no grão. De acordo com Barros e Prudencio (2015), algumas cultivares de feijão carioca podem apresentar concentrações de proteínas de até 25%, sendo valores similares aos encontrados no presente estudo, sendo uma correlação de interesse em programas de melhoramento genético, podendo ser utilizado na seleção de genótipos que favoreçam o aumento dessas características.

Para o parâmetro de luminosidade L\*, foi verificado uma correlação positiva com o parâmetro b\*, indicando que quanto maior a luminosidade, maior tende a ser o valor da coordenada de cor azul-amarelo; indicando um grão de tegumento mais claro. A maior correlação positiva foi encontrada no par BRIX x ST, indicando que quanto maior a porcentagem de sólidos solúveis no caldo, tende a ser maior a porcentagem de sólidos totais no caldo, ou vice-versa.

Foram verificadas correlações negativas significativas entre os pares de características PROD x a\*(-0,58), L\* x a\*(-0,70), b\* x PEAPC (-0,52) e PROT x PEAPC (-0,50). O parâmetro a\* apresentou correlação negativa com as características PROD e L\*, indicando que quanto maior a tonalidade vermelha no grão, tende a ser menor a produtividade de grãos e menor a luminosidade do grão. A característica porcentagem de embebição de água após cozimento apresentou uma correlação negativa com as características teor de proteína (PROT) e parâmetro b\*, indicando que quanto maior a PEAPC, menor tende a ser o teor de proteína no grão, ou vice-versa, se tornando uma correlação não desejável, devido a maior porcentagem de embebição de água após o cozimento, ser uma característica de interesse para o consumidor, também é interessante que o grão possua um alto teor de proteína, sendo difícil assim, através dessa correlação negativa, obter valores desejáveis na duas características simultaneamente.

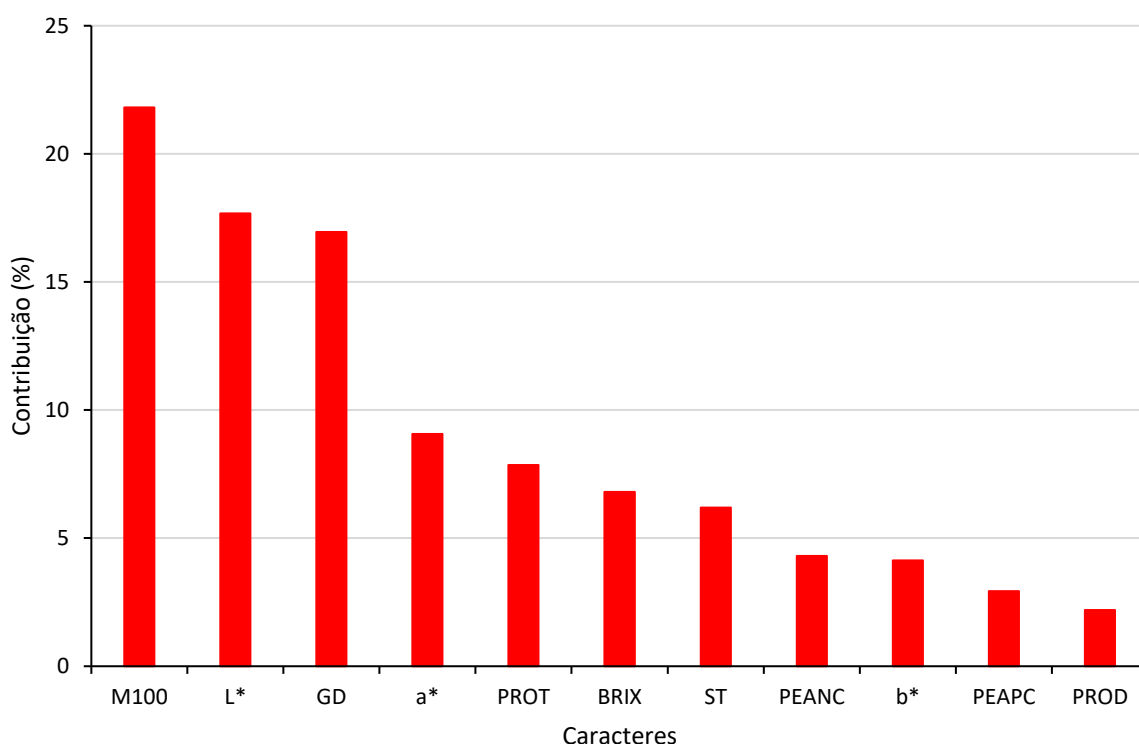
## **5.2.2 Análises Multivariadas**

### **5.2.2.1 Importância relativa dos caracteres**

A análise da contribuição relativa de onze caracteres para a expressão da divergência genética, foi estimada segundo o método de Singh (1981) baseado na distância Generalizada de Mahalanobis, conforme apresentado na Figura 10.

Os caracteres de M100 (21,81%), L\* (17,68%) e GD (16,95%) foram os que mais contribuíram para a divergência total entre as 19 linhagens de feijão avaliados. O parâmetro a\* (9,07%), também apresentou uma contribuição importante sobre a divergência.

De acordo com o método de Singh (1981), os caracteres PROD (2,20%) e PEAPC (2,93%), apresentaram as menores contribuições para a divergência genética, sendo sugeridos como variáveis passíveis para descarte no presente estudo, pois seriam pouco informativas, devido às estimativas de contribuição relativa de pequenas magnitudes.



**Figura 10.** Contribuição relativa dos caracteres produtividade de grãos (PROD), massa de 100 grãos (M100), parâmetro luminosidade (L\*), componente vermelho-verde (a\*), componente amarelo-azul (b\*), teor de proteína (PROT), porcentagem de sólidos solúveis do caldo (BRIX), porcentagem de sólidos totais no caldo (ST), porcentagem de grãos danificados após cozimento (GD), porcentagem de embebição de água antes do cozimento (PEANC) e porcentagem de embebição de água após do cozimento (PEAPC), em 19 linhagens de feijão-comum na safra de inverno 2018-2019, em Dourados/MS.

#### 5.2.2.2 Distância generalizada de Mahalanobis

As medidas de dissimilaridade genética (Tabela 9), estimadas a partir da Distância Generalizada de Mahalanobis ( $D^2$ ), apresentaram magnitude entre 2,85 á 70,48, com média de 44,44, indicando a presença de variabilidade genética para as linhagens avaliadas. Entretanto, é possível observar que somente 44,44 % dessas combinações apresentam estimativas acima da

média, indicando que a maioria das combinações possuem dissimilaridade genética baixa, sugerindo que se tenha uma baixa variabilidade genética entre as linhagens utilizadas.

A combinação entre as linhagens 1 x 6 (70,48), seguida pela combinação entre 5 x 6 (60,21) apresentaram as estimativas mais elevadas da distância generalizada de Mahalanobis, sendo os pares mais divergentes. A menor divergência foi observada entre os pares 14 x 15 (2,85), e entre as linhagens 13 e 15 (4,93).

Para as combinações entre as linhagens 6 x 9 (56,75), 6 x 18 (49,99), 4 x 6 (49,35), e 6 x 10 (48,11), também foram encontrados valores elevados de dissimilaridade, indicando maior divergência genética entre essas linhagens. A formação destes grupos é de fundamental importância na escolha dos genitores, pois as novas combinações a serem estabelecidas devem ser baseadas na magnitude de suas dissimilaridades (Cruz et al., 2014).

Menores dissimilaridades também foram observadas entre as combinações 3 x 4 (4,12) 7 x 16 (4,95) 9 x 15 (5,30), 8 x 14 (5,84), 1 x 14 (5,89), resultando em linhagens geneticamente similares. Isto indica, que possíveis cruzamentos entre esses pares, resultarão em progênes com baixa expressão heterótica.

A linhagem 6 obteve maior média das estimativas de dissimilaridade baseada na distância de Mahalanobis entre as linhagens, indicando ter os maiores pares de distância entre as linhagens. A linhagem 8 obteve a menor média, indicando ter as menores estimativas de dissimilaridade entre as linhagens.

**Tabela 9.** Matriz da divergência genética entre 19 linhagens de feijão-comum na safra de inverno 2018-2019, baseado na distância generalizada de Mahalanobis ( $D^2$ ).

Linhagem	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10
1	<u>28,22</u>	39,30	29,69	37,40	41,58	<b>70,48</b>	39,88	11,29	8,15	10,85
2		<u>20,45</u>	8,98	18,21	19,24	18,41	17,31	19,89	24,99	23,12
3			<u>17,94</u>	<b>4,12</b>	14,19	40,71	18,08	9,16	21,57	13,77
4				<u>24,21</u>	18,51	<b>49,35</b>	19,09	14,86	29,85	18,52
5					<u>31,92</u>	<b>60,21</b>	40,77	23,97	21,47	19,59
6						<u>40,55</u>	19,30	47,84	<b>56,75</b>	<b>48,11</b>
7							<u>22,11</u>	17,70	38,32	23,70
8								<u>15,48</u>	11,61	6,95
9									<u>23,28</u>	10,67
10										<u>17,57</u>
11										
12										
13										
14										
15										
16										
17										
18										
19										

**Tabela 9 ...** Continuação

Linagem	11	12	13	14	15	16	17	18	19
1	20,72	17,33	9,20	<b>5,89</b>	10,11	46,35	46,55	37,52	25,80
2	17,07	26,53	20,22	22,84	15,18	21,36	8,37	21,94	25,17
3	9,38	26,19	19,18	19,25	17,40	13,38	16,34	17,68	23,96
4	10,94	38,14	24,33	30,79	28,30	11,93	23,13	26,87	31,48
5	33,62	46,53	32,45	30,53	27,91	37,68	38,25	23,46	44,67
6	30,58	40,57	37,69	46,17	33,28	32,19	8,48	<b>49,99</b>	39,91
7	10,53	17,74	16,98	25,94	22,80	<b>4,95</b>	11,82	34,74	18,34
8	6,79	10,71	8,29	<b>5,84</b>	7,70	15,80	23,60	19,86	16,91
9	21,02	21,62	8,88	6,95	<b>5,30</b>	44,34	34,42	26,36	26,87
10	10,58	19,05	8,89	7,12	9,51	24,42	27,80	15,96	17,66
11	<u>15,95</u>	17,18	10,11	14,23	11,67	9,65	11,91	24,28	16,95
12		<u>23,15</u>	10,00	9,29	11,40	25,93	28,57	32,19	17,86
13			<u>16,58</u>	6,95	<b>4,93</b>	24,32	23,03	24,40	8,68
14				<u>18,40</u>	<b>2,85</b>	32,12	26,33	20,88	17,28
15					<u>16,32</u>	29,98	17,73	22,28	15,52
16						<u>24,64</u>	16,47	30,55	22,24
17							<u>23,04</u>	27,27	24,78
18								<u>26,65</u>	23,64
19									<u>23,20</u>

\* média das estimativas de distâncias de cada linagem na diagonal principal.

### 5.2.2.3 Análises de agrupamentos pelos métodos de Tocher, ligação média não ponderada entre grupos (UPGMA) e ligação completa do vizinho mais distante (VMD)

Pelo método de Tocher o grupo I foi o mais numeroso (Tabela 10), contemplando 21,05% das linhagens de feijão avaliadas. O grupo I foi constituído pelas linhagens 2, 3, 7 e 9. O grupo II apresentou 15,78% dos agrupamentos, formado pelas linhagens 14, 15 e 19; o grupo III foi formado com as linhagens 17 e 18, com valores semelhantes para percentagem de embebição de água após cozimento (PEAPC) com valores 138,55 e 136,64%, respectivamente. O grupo IV contemplou as linhagens 1 e 16, que apresentaram valores semelhantes para a massa de cem grãos (M100) com valores de 15,79 e 15,75 g, respectivamente. Os valores médios dos caracteres para cada linhagem dos grupos podem ser observados no Anexo 4.

**Tabela 10.** Agrupamento pelo método de otimização de Tocher, com base na distância generalizada de Mahalanobis de 19 linhagens de feijão-comum, na safra de inverno 2018-2019, em Dourados/MS.

Grupos	Linhagens	% linhagens
I	2 3 7 9	21,05
II	14 15 19	15,78
III	17 18	10,52
IV	1 16	10,52
V	4 12	10,52
VI	5 6	10,52
VII	10	5,26
VIII	11	5,26
IX	13	5,26
X	8	5,26

Os grupos V contemplou as linhagens 4 e 12, que apresentaram valores similares de grãos danificados (GD) com valores de 62,72 e 62,28% e o grupo VI as linhagens 6 e 5 que apresentaram valores similares de percentagem de embebição de água após cozimento (PEAPC), com valores de 103,65 e 103,27%. Os grupos VII, VIII, IX e X apresentaram agrupamentos contendo apenas uma única linhagem, sendo a 10, 11, 13 e a 8, respectivamente, indicando que estas, apresentam a maior dissimilaridade genética em relação as demais, para eventuais cruzamentos, segundo o método proposto por Tocher.

A partir do método de otimização de Tocher foi estimada a dissimilaridade intra e intergrupos (Tabela 11). A maior distância média contida intragrupo foi observada no grupo VI (60,21), enquanto que a menor foi verificada no grupo II (11,88).



**Tabela 11.** Distâncias médias intra e intergrupos estimadas pelo método de otimização de Tocher, com base na dissimilaridade entre 19 linhagens de feijão-comum na safra de inverno 2018-2019, em Dourados/MS.

Grupos	I	II	III	IV	V	VI	VII	VIII	IX	X
I	21,54	19,17	21,46	25,13	20,42	28,86	17,82	14,50	16,32	14,59
II		<b>11,88</b>	22,61	21,02	21,52	<b>37,08</b>	11,43	14,28	6,86	10,15
III			27,27	32,78	27,69	30,05	21,88	18,10	23,71	21,73
IV				46,35	23,15	<b>45,49</b>	17,64	15,19	16,76	13,55
V					38,14	<b>38,74</b>	18,78	14,06	17,17	12,78
VI						<b>60,21</b>	33,85	32,10	35,21	35,91
VII							-	10,58	<b>8,89</b>	<b>6,95</b>
VIII								-	10,11	<b>6,79</b>
IX									-	<b>8,30</b>
X										-

- Não possuem distâncias intragrupos.

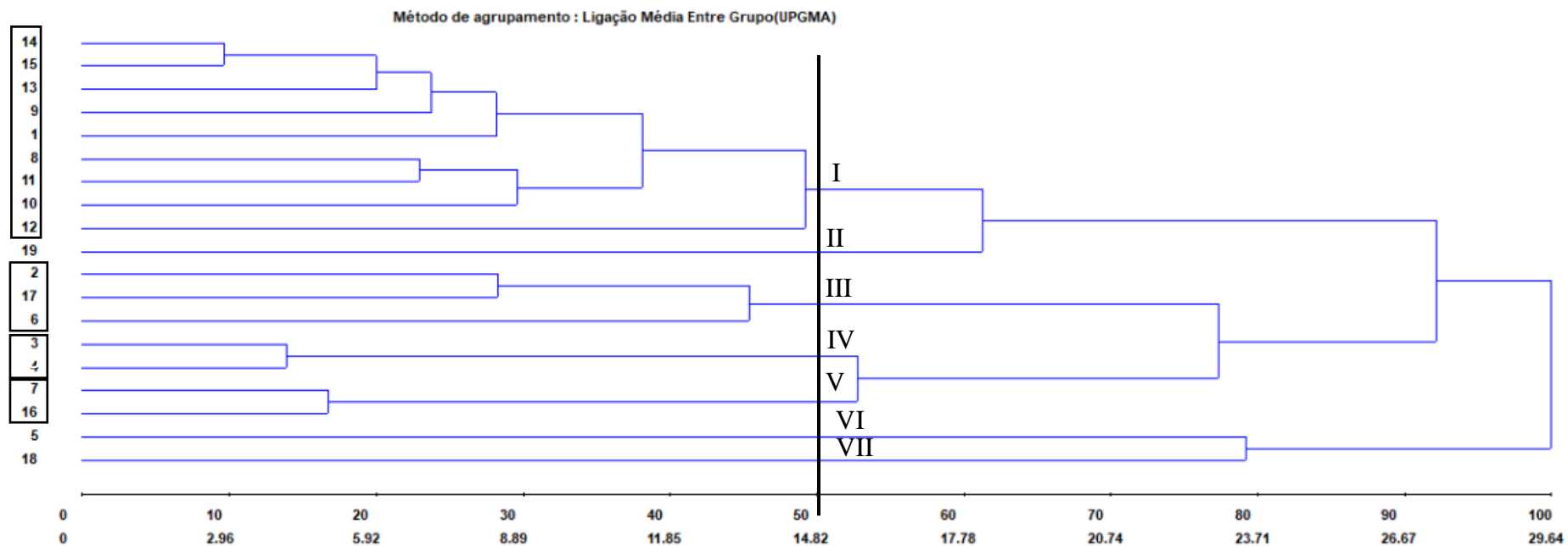
As maiores distâncias intergrupo encontradas foram entre os grupos IV e VI (45,49), V e VI (38,74) e II e VI (37,08), correspondendo aos grupos que possuem as maiores dissimilaridades genéticas, indicando provavelmente as combinações mais promissoras para cruzamentos. Segundo Barili et al. (2011), quanto maior o grau de divergência entre os genitores, maior será a variabilidade resultante na população segregante, e maior é a probabilidade de reagrupar os alelos em novas combinações favoráveis.

O grupo VI, que obteve a maior distância intragrupos, contém a linhagem 6, que foi indicada para os seis cruzamentos mais dissimilares, com base na distância de Mahalanobis, indicando que ela apresentou alta divergência genética em relação aos demais, sendo interessante para utilização como genitora, pois possivelmente contribuirá para uma maior restauração da heterose nos cruzamentos.

As menores distâncias intergrupo foram obtidas entre os grupos VIII e X (6,79), VII e X (6,95), IX e X (8,30) e VII e IX (8,89). O grupo X apresentou as menores distâncias em relação a três grupos, indicando possuir certa similaridade em relação aos caracteres. Cruzamentos entre linhagens de grupos que possuem baixa distância genética, podem levar a apresentar baixa heterose, não sendo recomendado a realização desses cruzamentos.

Pelo método de agrupamento UPGMA, o corte no dendrograma foi realizado considerando 50% da variabilidade, que possibilitou a divisão das linhagens em sete grupos distintos (Figura 11). Esse critério foi definido considerando o conhecimento que se tem sobre os dados através da observação da mudança de níveis de agrupamento, conforme sugerido por Barroso e Artes (2003). O grupo I foi formado por 9 das 19 linhagens analisadas, reunindo as linhagens 1, 8, 9, 10, 11, 12, 13, 14 e 15. O grupo II

agrupou a linhagem 19 de forma unitária. O grupo III pelas linhagens 2, 6 e 17. O grupo IV pelas linhagens 3 e 4, apresentando valores parecidos de porcentagem de embebição de água após o cozimento (PEAPC), valores de produtividade (PROD) e teores de proteína (PROT) similares. O grupo V pelas linhagens 7 e 16, apresentando valores similares de sólidos solúveis no caldo (BRIX). Os grupos VI e VII agruparam de forma unitária as linhagens 5 e 18, respectivamente. A linhagem 5 apresentou o maior valor do parâmetro  $L^*$ , menor teor de proteína (PROT), menor porcentagem de sólidos solúveis no caldo (BRIX), menor porcentagem de sólidos totais no caldo (ST). A linhagem 18 apresentou o maior valor do parâmetro  $b^*$  e a maior porcentagem de embebição de água após o cozimento (PEAPC). A linhagem 19 apresentou o maior teor de proteína (PROT), maior porcentagem de sólidos totais no caldo (ST) e a menor porcentagem de embebição de água após o cozimento (PEAPC).

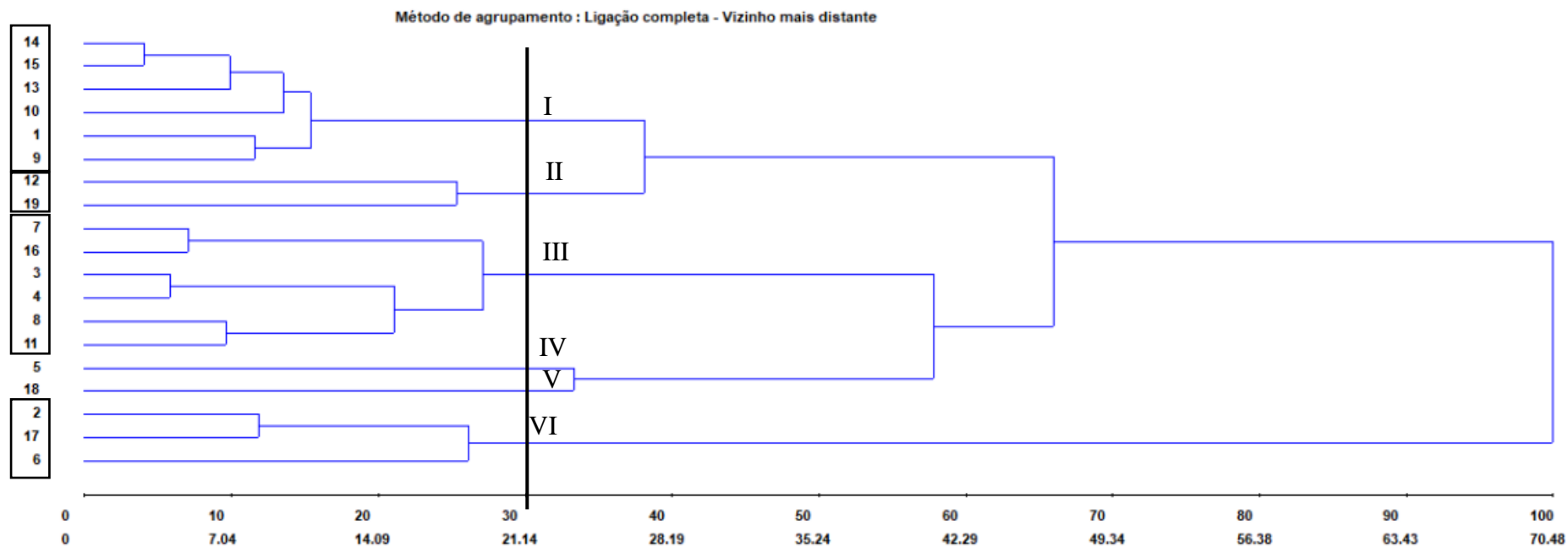


**Figura 11.** Dendrograma representativo da dissimilaridade genética entre 19 linhagens de feijão-comum, obtidas pela ligação média não ponderada entre grupos (UPGMA), a partir da medida de dissimilaridade generalizada de Mahalanobis, na safra de inverno 2018-2019, em Dourados/MS. CCC= 0,624.

Para o agrupamento pelo método do vizinho mais distante (Figura 12), com o corte realizado a cerca de 30% de variação, houve a formação de seis grupos distintos. As linhagens 5 e 18 permaneceram agrupadas de forma unitária, assim como os agrupamentos realizado pelo método de UPGMA. O grupo V do método do vizinho mais distante permaneceu igual ao agrupamento do método de UPGMA, formado pelas linhagens 2, 6 e 17. A linhagem 19 que foi agrupada de forma unitária no método de UPGMA, no método do vizinho mais distante foi agrupada com a linhagem 12 no grupo II. O grupo I foi formado pelas linhagens 1, 9, 10, 13, 14 e 15. O grupo III foi formado pelas linhagens 3, 4, 7, 8, 11 e 16. Os grupos IV e V do método de UPGMA passaram a formar um só grupo no método do vizinho mais distante, juntamente com as linhagens 8 e 11, que se encontram no grupo I do método de UPGMA. As linhagens do grupo I do método do vizinho mais distante, também ficaram agrupadas no mesmo grupo no método de UPGMA.

A diferença entre as duas metodologias se deu em relação a formação de um grupo, em que pelo método de UPGMA as linhagens 7 e 16, 3 e 4 formavam dois grupos, foram reunidas em um mesmo grupo (grupo III) pelo método do vizinho mais distante. A linhagem 19 que foi agrupada de forma unitária no método de UPGMA, foi agrupada com a linhagem 12 pelo método do vizinho mais distante, indicando assim, que os agrupamentos realizados pelos métodos de UPGMA foram consistentes aos encontrados pelo método do vizinho mais distante.

A única concordância encontrada entre os métodos de Tocher, UPGMA e vizinho mais distante foram o agrupamento das linhagens 14 e 15 no mesmo grupo, indicando assim, a presença de similaridade genética entre elas. Para as demais linhagens, não foi encontrado semelhanças entre os agrupamentos realizados pelo método de Tocher em relação aos métodos de UPGMA e vizinho mais distante.



**Figura 12.** Dendrograma representativo da dissimilaridade genética entre 19 linhagens de feijão-comum, obtidas pela ligação completa do vizinho mais distante, a partir da medida de dissimilaridade generalizada de Mahalanobis, na safra de inverno 2018-2019, em Dourados/MS. CCC= 0,565.

#### 5.2.2.4 Dispersão gráfica de variáveis canônicas

Dentre as 11 variáveis canônicas, as três primeiras variáveis explicaram mais de 74% da variação total, sendo a primeira 36,84%, a segunda 23,37% e para a terceira 14,77% (Tabela 12). De acordo com Cruz et al. (2014), é desejável que as duas primeiras variáveis canônicas expliquem pelo menos 80% da variação total, aonde em casos que esse valor não seja atingido, a variação pode ser completada com a dispersão em relação a terceira e quarta variável canônica.

No presente trabalho, a porcentagem de 80% só foi encontrada na quarta variável canônica. Contudo, optou-se por realizar a representação gráfica com as três primeiras variáveis canônicas, representando 74,98% da variação total. Os dados podem se adequar a uma representação gráfica tridimensional, quando as três primeiras variáveis canônicas explicarem mais de 70% da variação total (Bento et al., 2007).

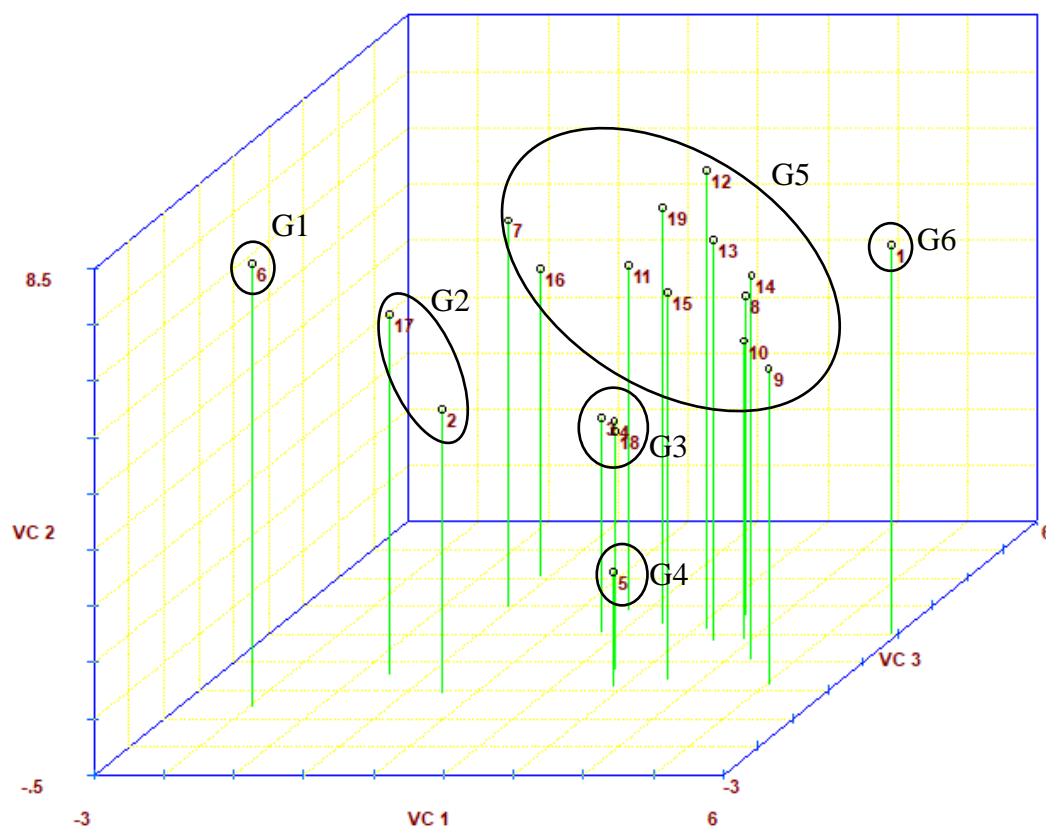
**Tabela 12.** Estimativas das variâncias (autovalores) e variâncias percentuais acumuladas das variáveis canônicas, visando estimar a dissimilaridade genética entre 19 linhagens de feijão-comum, na safra de inverno 2018-2019, em Dourados/MS.

Variáveis Canônicas	Autovalores (Variância)	Variância acumulada (%)
VC1	36,84	36,84
VC2	23,37	60,21
VC3	14,77	74,98
VC4	8,58	83,57
VC5	4,79	88,37
VC6	4,43	92,81
VC7	3,23	96,05
VC8	1,46	97,51
VC9	1,33	98,84
VC10	0,68	99,53
VC11	0,46	100

No gráfico de dispersão das linhagens, elaborado com base nas três primeiras variáveis canônicas (Figura 13), foi possível observar a formação de seis grupos distintos. Os grupos I, IV e V foram formados por uma linhagem, sendo elas 6, 5 e 1, respectivamente. O grupo II foi formado pelas linhagens 17 e 2 e o grupo III pelas linhagens 3, 4, 18. O grupo V foi formado pelas linhagens 7, 8, 9, 10, 11, 12, 13, 14, 15, 16 e 19, sendo o grupo mais numeroso.

A linhagem 5, manteve-se em um grupo isolado por meio das metodologias das variáveis canônicas, UPGMA e vizinho mais distante, sendo estas concordantes em relação ao mantê-la em um grupo unitário. Houve concordância em relação aos métodos de variáveis canônicas, UPGMA e vizinho mais distante em manter as linhagens 3 e 4,

17 e 2, 9, 10, 13, 14 e 15, 8 e 11 no mesmo grupo. O método de Tocher e de variáveis canônicas concordaram em agrupar as linhagens 14, 15 e 19 no mesmo grupo.



**Figura 13.** Dispersão de escores de 19 linhagens de feijão-comum em relação a três variáveis canônicas (VC1, VC2 e VC3), tendo como base 11 caracteres, na safra de inverno 2018-2019, em Dourados/MS.

O método de variáveis canônicas apresentou uma maior semelhança nos resultados dos agrupamentos com o método do vizinho mais distante. O método de Tocher apresentou poucas semelhanças em relação aos agrupamentos realizados pelo método de variáveis canônicas.

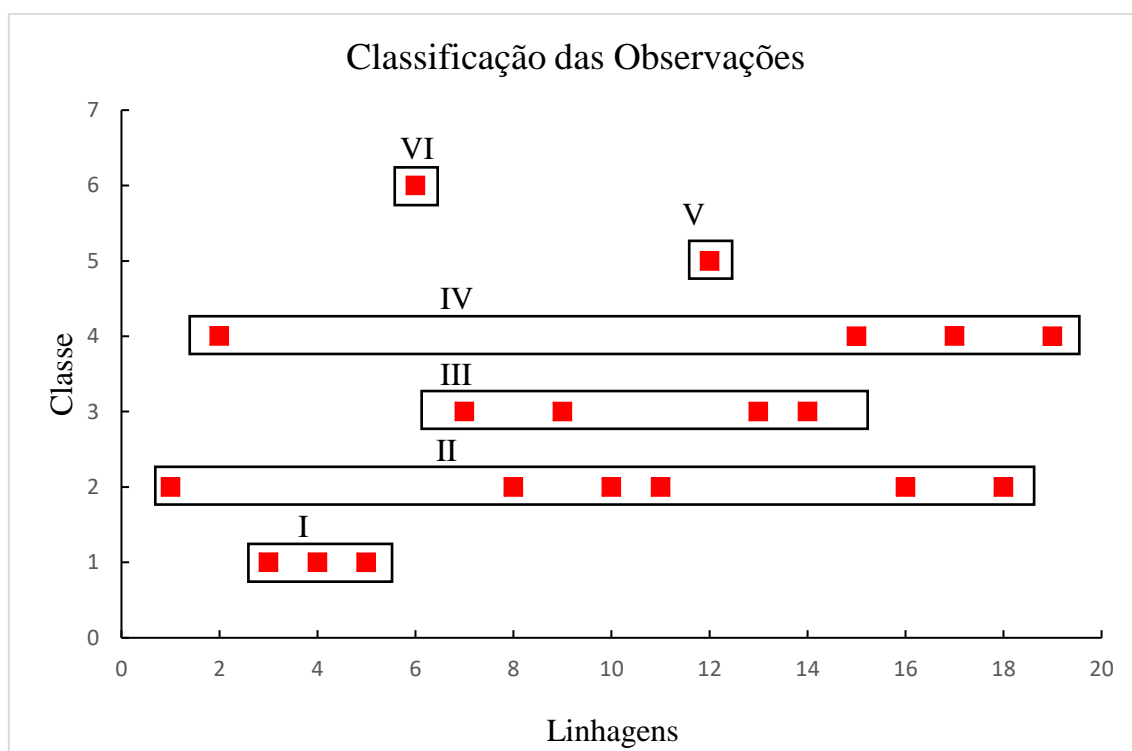
#### 5.2.2.5 Redes Neurais Artificiais

Por meio da técnica de redes neurais artificiais, empregando o método de mapa auto-organizáveis de Kohonen, foi possível observar a classificação das 19 linhagens de feijão em 6 grupos distintos (Figura 14). O grupo I foi formado pelas linhagens 3, 4 e 5. O grupo II foi constituído pelas linhagens 1, 8, 10, 11, 16 e 18. O grupo III pelas linhagens 7, 9, 13 e 14. O grupo IV pelas linhagens 2, 15, 17 e 19. Os grupos V e VI agruparam as linhagens 12 e 6, respectivamente, de forma unitária. A linhagem 6 apresentou a maior média de produtividade de grãos (PROD), maior peso de 100 sementes (M100) e o menor

valor do componente a\*. A linhagem 12 apresentou a menor média de produtividade de grãos (PROD) e o maior valor do componente a\*.

O restabelecimento da heterozigose nos locus gênicos é de fundamental importância em programas de melhoramento genético, nesse sentido, a escolha de genitores contrastantes faz-se necessário, sendo assim, a escolha das linhagens 12 e 6 mostram-se uma estratégia eficiente para se obter maior êxito nos cruzamentos, ou seja, maior vigor híbrido e a manifestação das características de interesse nas linhagens.

As linhagens 12 e 6 apresentam características contrastantes interessantes, como por exemplo, a produtividade e o componente a\* de colorimetria, que ao serem utilizadas em um programa de melhoramento, podem resultar em uma linhagem com uma maior produtividade de grãos e uma menor tonalidade vermelha (componente a\*).



**Figura 14.** Mapa auto-organizável de Kohonen com a classificação de 19 linhagens de feijão-comum, na safra de inverno 2018/219, em Dourados/MS.

A classificação pelo método de Kohonen concordou parcialmente com o agrupamento das linhagens 3 e 4; 17 e 2; 13 e 14; com os métodos de UPGMA, vizinho mais distante e variáveis canônicas, ao ficarem contidos dentro de um mesmo agrupamento.



O método de Kohonen não concordou em nenhum agrupamento em relação ao método de otimização de Tocher.

Em geral, o método de mapa auto-organizáveis de Kohonen, apresentou maior semelhança ao agrupamento realizado por meio do vizinho mais distante e maiores diferenças em relação ao método de Tocher.

A explicação em relação a massa de 100 grãos (M100) apresentar a maior contribuição relativa (Figura 10), pode ser dada em função que alguns métodos multivariados reuniram a linhagem 6 em grupo distinto, em que as variações em relação as médias foram contrastantes, variando de 12,96 gramas (linhagem 5) a 21,99 gramas (linhagem 6).

### **5.3 Considerações finais**

É possível constatar diferenças entre os experimentos realizados, principalmente em relação a dissimilaridade entre as linhagens. De acordo com a distância generalizada de Mahalanobis a maior dissimilaridade para a safra da seca (safra I) foi dada entre as linhagens 3 x 6, 6 x 19, enquanto para a safra de inverno (safra II) a maior divergência ocorreu entre as linhagens 1 x 6, 5 x 6.

Para as linhagens da safra da seca (safra I), os genitores selecionados como os mais divergentes foram as linhagens 6 que apresentou o menor  $a^*$ , a menor ST, a menor PEAPC e a maior PROT e linhagem 3, que apresentou a menor PEANC, a maior ST e a menor PROT.

Para as linhagens da safra de inverno (safra II), os genitores selecionados como os mais divergentes foram as linhagens 6 que apresentou a maior PROD, maior M100 e o menor  $a^*$ , a linhagem 5, que apresentou o maior  $L^*$ , menor PROT, menor BRIX, menor ST e a linhagem 18, que apresentou o maior  $b^*$  e a maior PEAPC.

Para as linhagens da safra da seca (safra I), os métodos de variáveis canônicas, UPGMA e vizinho mais distante a linhagem 3 foi agrupada em grupo isolado, enquanto a linhagem 6 foi agrupada com a linhagem 11 pelo método do vizinho mais distante, ficando agrupada de forma unitária nas outras duas metodologias.

A classificação das linhagens 8, 9, 10 e 14 foram concordantes nos métodos de UPGMA, vizinho mais distante e variáveis canônicas, ao ficarem contidos dentro de um mesmo agrupamento. Por meio do método de Kohonen as linhagens 7, 8 e 16 formaram um grupo, concordando parcialmente com as variáveis canônicas, UPGMA e o vizinho mais distante, em que as linhagens ficaram contidos em um grande grupo. O método de

Kohonen concordou parcialmente com o agrupamento das linhagens 10 e 14 com o método de UPGMA, vizinho mais distante e variáveis canônicas, ficando contidos dentro do mesmo agrupamento.

Para as linhagens da safra de inverno (safra II), os métodos de variáveis canônicas, UPGMA e vizinho mais distante a linhagem 5 foi agrupada em grupo isolado, enquanto a linhagem 18 foi agrupada com a linhagem 3 e 4 pelo método das variáveis canônicas, ficando agrupada de forma unitária nas outras duas metodologias. A classificação das linhagens 17 e 2, 3 e 4 foram concordantes nos métodos de UPGMA, vizinho mais distante e variáveis canônicas, ao ficarem contidos dentro de um mesmo agrupamento. Por meio do método de Kohonen as linhagens 3, 4 e 5 formaram um grupo, concordando parcialmente com as variáveis canônicas, UPGMA e o vizinho mais distante, onde as linhagens 4 e 5 foram agrupadas no mesmo grupo.

A indicação da linhagem 6 pode ser interessante, apesar dos valores médios baixos para PEAPC, uma vez que nos cruzamentos divergentes, existe a maior probabilidade de restabelecimento da heterozigose nos diversos locus gênicos. A escolha de genitores que possivelmente apresentem genes com locus homozigotos recessivos é uma maneira estratégica, para se obter o maior êxito nos cruzamentos com linhagens que apresentem a maioria de alelos dominantes e assim, obter o vigor híbrido e manifestação das características de interesse na descendência.

Os caracteres mais importantes para a discriminação das linhagens na safra da seca (safra I), foram PEAPC (22,07 %), GD (12,40%) e L\* (16,18%). Já para as linhagens da safra de inverno (safra II), os caracteres de M100 (21,81%), L\* (17,68%), GD (16,95%) e a\* (9,07%) foram os que mais contribuíram para a divergência total entre as 19 linhagens de feijão avaliados.

Para as linhagens da safra da seca (safra I) no período da semeadura (mês de março), ocorreu uma precipitação regular, fornecendo uma boa disponibilidade hídrica favorecendo a germinação e desenvolvimento da cultura (Figura 2). Para as linhagens da safra de inverno (safra II) no período da data de semeadura (mês de julho), ocorreu uma baixa precipitação (Figura 3) durante todo o mês, fase em que ocorreu a germinação e desenvolvimento das plântulas. A baixa disponibilidade hídrica pode ocasionar estresse hídrico nas plântulas, afetando seu desenvolvimento, em alguns casos são ocasionados danos que influenciam sob as características em todo seu ciclo vegetativo.

Pode-se observar que ao decorrer de uma safra para outra, houve a redução dos valores médios para os caracteres, principalmente em relação a produtividade, que para

as linhagens da safra da seca (safra I) obtiveram média de 2299,3 kg.ha<sup>-1</sup>, apresentando queda na produtividade para as linhagens na safra de inverno (safra II) onde as linhagens passaram a apresentar queda de 1510,10 kg.ha<sup>-1</sup>, significando redução de cerca de 35% da produtividade. Essa redução pode ser associada a menor precipitação hídrica na safra II, ficando muito abaixo da faixa de consumo hídrico dessa cultura e a faixa de temperatura para essa safra também teve uma variação muito grande no decorrer da safra, apresentando temperaturas baixas na fase inicial de desenvolvimento e temperaturas elevadas na fase final de desenvolvimento, influenciando o desenvolvimento inicial das plântulas e afetando o fase de florescimento, devido ao estresse hídrico e altas temperaturas, levando ao abortamento das flores e redução do enchimento dos grãos, fator que é ocasionado devido à redução do metabolismo da planta e diminuição do acúmulo de metabólitos nos grão.

## 6. CONCLUSÕES

As linhagens de feijão mais divergentes e potenciais identificadas foram a 6 e 3 para a primeira safra e as linhagens 6, 18 e 5 para a segunda safra, podendo ser indicadas como genitoras em futuros cruzamentos.

Entre os métodos multivariados, a dispersão gráfica de variáveis canônicas e o UPGMA, apresentaram a maior semelhança entre si para os agrupamentos.

Entre os agrupamentos dos métodos multivariados e o de redes neurais de Kohonen, o maior relacionamento ocorreu com os resultados apresentados pela ligação completa do vizinho mais distante e as maiores diferenças em relação ao método de Tocher.

Os caracteres que apresentaram a maior contribuição relativa para a divergência e diferenciação das linhagens foram para a primeira safra foram porcentagem de embebição de água após cozimento, luminosidade de grão e porcentagem de grãos danificados e para a segunda safra foram massa de cem grãos, luminosidade de grão e porcentagem de grãos danificados.

A menor contribuição relativa foi dos caracteres massa de cem grãos e porcentagem de sólidos totais do caldo para a primeira safra e para a segunda safra foram produtividade de grãos e porcentagem de embebição de água após cozimento.

## 7. REFERENCIAS

- AGHKHANI, M. H.; ASHTIANI, S. H. M.; MOTIE, J. B.; ABBASPOUR-FARD, M. H. Physical properties of Christmas Lima bean at different moisture content. **International Agrophysis**, Mashhad, v. 26, n. 4, p. 341- 346, 2012.
- ALVES, A. F.; ANDRADE, M. J. B.; RODRIGUES, J. R. M.; VIEIRA, N. M. B. Densidades populacionais para cultivares alternativas de feijoeiro no norte de Minas Gerais. **Ciência e Agrotecnologia**, Lavras, v. 33, n. 6, p. 1495-1502, 2009.
- ALVES, T.O.; SILVA, E.B.; CARDOSO, F.T.; SOUZA, G.G.; BARBOSA, K.V.S. Estimativa do consumo de proteínas e suplementos por praticantes de musculação em uma academia da baixada fluminense, Rio de Janeiro. **Corpus Et Scientia**, Rio de Janeiro, v. 8, n. 1, p.1-10, jun. 2012.
- ARNS, F. D.; RIBEIRO, N. D.; MEZZOMO, H. C.; STECKLING, S. de M.; KLÄSENER, G. R.; CASAGRANDE, C. R. Combined selection in carioca beans for grain size, slow darkening and fast-cooking after storage times. **Euphytica**, Wageningen, v. 214, n. 4, p. 1-12, 2018.
- BARBOSA, C. D., VIANA, A. P., SILVA, S., QUINTAL, R., & PEREIRA, M. G. Artificial neural network analysis of genetic diversity in *Carica papaya* L. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, Viçosa, 11(3) p. 224–231, 2011.
- BARBOSA, F.R.; GONZAGA, A.C.O. Informações técnicas para o cultivo do feijoeiro-comum na Região Central-Brasileira: 2012-2014. **Embrapa Arroz e Feijão**, Santo Antônio de Goiás, p.247, 2012.
- BARILI, L. D.; DO VALE, N. M.; MORAIS, P. P. P.; BALDISSERA, J. N. C.; ALMEIDA, C. B.; ROCHA, R.; VALENTINI, G.; BERTOLDO, J. G.; COIMBRA, J. L. M.; GUIDOLIN, A. F. Correlação fenotípica entre componentes do rendimento de grãos de feijão comum (*Phaseolus vulgaris* L.) **Semina: Ciências Agrárias**, Londrina, v. 32, n. 4, p. 1263-1274, 2011.
- BARROS, M.; PRUDENCIO, S.H. Características físicas e químicas de diferentes variedades de feijão comum. **Semina: Ciências Agrárias**, Londrina, v. 37, n. 2, p. 751-762, 2015.
- BARROSO, L. M. A., NASCIMENTO, M., NASCIMENTO, A. C. C., SILVA, F. F., & FERREIRA, R. DE P. Uso do método de eberhart e russell como informação a priori para aplicação de redes neurais artificiais e análise discriminante visando a classificação de genótipos de alfafa quanto à adaptabilidade e estabilidade. **Revista Brasileira de Biometria**, Jaboticabal, v.31, n. 2, p. 176–188, 2013.
- BARROSO, L.P., ARTES, R. **Análise multivariada**. Lavras: UFLA, p. 151, 2003.
- BASSINELLO, P. Z.; COBUCCI, R. M. A.; UCHÔA, V. G.; MELO, L. C.; DEL PELOSO, M. J. Aceitabilidade de três cultivares de feijoeiro comum. **Comunicado Técnico**, Santo Antonio de Goiás, v. 66, n. 2, p. 1-2, 2003.
- BENITE, M. **Aplicação de modelos de redes neurais na elaboração e análise de cenários macroeconômicos**. Dissertação (Mestrado em Engenharia), São Paulo, Escola de Engenharia de São Carlos – Universidade de São Paulo, p.123, 2003.
- BENTO, CS; SUDRE, CP; RODRIGUES, R.; RIVA, EM; PEREIRA, MG. Descritores qualitativos e multicategóricos na estimativa da variabilidade fenotípica entre acessos de pimentas. **Scientia Agraria**, Curitiba, v. 8, n. 2, p. 149-156, 2007.

BORDIN, L.C.; COELHO, C.M.M.; SOUZA, C.A.; ZILIO, M. Diversidade genética para a padronização do tempo e percentual de hidratação preliminar ao teste de cocção de grãos de feijão. **Revista Ciência e Tecnologia de Alimentos**, Campinas, 2010.

BORÉM, A.; CARNEIRO, J.E.S. A cultura. In: CARNEIRO, J.E.S.; PAULA JÚNIOR, T.J.; BORÉM, A. (Ed). Feijão: do plantio à colheita. Viçosa: UFV, 2015.p.9-15.

BRAGA, A.P.; CARVALHO, A. C. P; LUDEMIR, T. B. **Redes Neurais Artificiais - Teoria e Aplicações**. Rio de Janeiro: LTC, 2a ed., p. 251, 2011.

BRASIL. Instrução Normativa, nº 12, de 28 de março de 2008. Estabelece o Regulamento Técnico do Feijão, 2012. Disponível em: [http://sistemasweb.agricultura.gov.br/sislegis/action/detalhaAto.do?method=visualizarAtoPortalMapa&chave=294660055#:~:text=I%20%2D%20Grupo%20I%3A%20Feij%C3%A3o%20Comum,Vigna%20unguiculata%20\(L\)%20Walp](http://sistemasweb.agricultura.gov.br/sislegis/action/detalhaAto.do?method=visualizarAtoPortalMapa&chave=294660055#:~:text=I%20%2D%20Grupo%20I%3A%20Feij%C3%A3o%20Comum,Vigna%20unguiculata%20(L)%20Walp). Acesso em 16/11/2020.

BUSSAB, W. D. O., MIAZAKI, É. S., & ANDRADE, D. F. Introdução à Análise de Agrupamentos. **Associação Brasileira de Estatística**.1990.

CABRAL, P.D.S., SOARES, T.C.B., LIMA, A.B.P., ALVES, D.S., NUNES, J.A. Diversidade genética de acessos de feijão comum por caracteres agrônômicos. **Revista Ciência Agronômica**, v. 42, n. 4, p. 898-905, 2011.

CARBONELL, S. A.; CARVALHO, C. R. L.; PEREIRA, V. R. Qualidade tecnológica de grãos de genótipos de feijoeiro cultivados em diferentes ambientes. **Bragantina**, Campinas, v. 62, n. 3, p. 369-379, 2003.

CARBONELL, S. A. M.; CHIORATO, A. F.; GONÇALVES, J. G. R.; PERINA, E. F.; CARVALHO, C. R. L. Tamanho de grão comercial em cultivares de feijoeiro. **Ciência Rural**, Santa Maria, v. 40, n. 10, p. 2067-2073, 2010.

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

CARNEIRO, J. E. S.; ABREU, A. F. B.; RAMALHO, M. A. P.; PAULA JÚNIOR, T. J.; DEL PELOSO, M. J.; MELO, L. C.; PEREIRA, H. S.; PEREIRA FILHO, I. A.; MARTINS, M.; VIERA, R. F.; MARTINS, F. A. D.; COELHO, M. A. de O.; CARNEIRO, P. C. de S.; MOREIRA, J. A. A.; SANTOS, J. B. dos; FARIA, L. C. de; COSTA, J. G. C. da; TEIXEIRA, H. Cultivar realease - BRSMG Madrepérola: common bean cultivar with late-darkening Carioca grain. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, Viçosa, v. 12, n. 4, p. 281-284, 2012.

CONAB. Acompanhamento da safra brasileira. V. 7 - SAFRA 2019/2020- N. 9 - Nono levantamento, junho 2020 Monitoramento agrícola – Safra 2019/2020 grãos. Disponível em: <file:///C:/Users/Acer/Downloads/BoletimZGraosZjunho Z2020.pdf>. Acesso em 14/06/2020.

COIMBRA, R. R.; MIRANDA, G. C.; CRUZ, C. D.; MELO, A. V.; ECKERT, F. R. Caracterização e divergência genética de populações de milho resgatadas do Sudeste de Minas Gerais. **Revista Ciência Agronômica**, Ceará v. 41, n. 1, p. 159-166, 2010.

COLOMBO, G. A.; VAZ-DE-MELO, A.; TAUBINGER, M.; FARIA, E. A.; TAVARES, R. C. Fenotipagem de genótipos de milho em condições de estresse por alumínio e sua correlação com produtividade de grãos. **Revista Agrarian**, Dourados, v. 7, n. 23, p. 60-71, 2014.

- CORREA, A. M.; GONÇALVES, M. C. Divergência genética em genótipos de feijão comum cultivados em Mato Grosso do Sul. **Revista Ceres**, Viçosa, v.59, n.2, p.206-212, mar./abr. 2012.
- CRUZ, C. D., CARNEIRO, P. C. S., REGAZZI, A.J. Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético. Viçosa: UFV, 3. ed., v. 2, p.668, 2014.
- CRUZ, C. D.; FERREIRA, F. M.; PESSONI, L.A. Biometria aplicada ao estudo da diversidade genética. Visconde do Rio Branco, MG. Suprema, p.620, 2011.
- CRUZ, C.D.; NASCIMENTO, M. Inteligência computacional aplicada ao melhoramento genético. Viçosa-MG. Editora UFV, 2018.
- CRUZ, C. D.; Genes Software – extended and integrated with the R, Matlab and Selegen **Acta Scientiarum**, Maringá, v.38, n.4, p.547-552, 2016.
- DALLA CORTE, A.; MODA-CIRINO, V.; SCHOLZ, M.B.S.; DESTRO, D. 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.
- DESTRO, D. **Capacidade de combinação de genótipos de soja (*Glycine max* (L.) Merrill) apropriados para o consumo humano**. (Tese de Doutorado) Piracicaba: ESALQ, p.158, 1991.
- DIDONET, A. D.; DA SILVA, S. C. Elementos climáticos e produtividade do feijoeiro. **Embrapa Arroz e Feijão-Artigo em periódico indexado (ALICE)**, 2004.
- DULTRA FILHO, J.A.; MELO, L.J.O.T.; RESENDE, L.V.; FILHO, C.J.A.; BASTOS, G.Q. Aplicação de técnicas multivariadas no estudo da divergência genética em cana-de-açúcar. **Revista. Ciência. Agrônômica.**, v. 42, n. 1, p. 185-192, 2011.
- EMPRESA BRASILEIRA DE PESQUISA AGROPECUÁRIA – EMBRAPA. Qualidade tecnológica dos grãos- feijão caupi. 2012. Disponível em: <[http://www.agencia.cnptia.embrapa.br/gestor/feijao-caupi/arvore/CONTAG01\\_](http://www.agencia.cnptia.embrapa.br/gestor/feijao-caupi/arvore/CONTAG01_)
- FACHINI, C.; BARROS, V. L. N. P. de.; RAMOS JUNIOR, E. U.; ITO, M. A.; CASTRO, J. L. de. Importância do feijão no agronegócio brasileiro. **Anais. Dia de campo de feijão**. 22/11/2006, p.1-7, 2006.
- FIETZ, R. C.; FISCH, G. F.; **O clima da região de Dourados, MS**. Documentos: Embrapa Agropecuária Oeste, ISSN 1679-043X, ed.2, p.32, 2008.
- GATHU, W. E.; NJAGE, P. M. K. Physical characterization of new advanced drought tolerant common bean (*Phaseolus vulgaris*) lines for canning quality. **American Journal of Food Technology**, Nairob, v. 7, n. 2, p. 22-28, 2012.
- GEPTS, P., OSBORN, T. C., RASHKA, K., & BLISS, F. A. Phaseolin-protein variability in wild forms and landraces of the common bean (*Phaseolus vulgaris*): evidence for multiple centers of domestication. **Economic botany**, v. 40, n. 4, p. 451-468, 1986.
- GONÇALVES, D.L.; AMBROZIO, V.C.; BARELLI, M.A.A.; NEVES, L.G.; SOBRINHO, S.P.; LUZ, P.B.; SILVA, C.R. Divergência genética de acessos tradicionais de feijoeiros através de características da semente. **Bioscience Journal**, Uberlândia, v. 30, n. 6, p. 1671-1681, 2014

- GRIGOLO, S.; FIOREZE, A.C.C.L.; DENARDI, S.; VACARI, J. Implicações da análise univariada e multivariada na dissimilaridade de acessos de feijão comum. **Revista de Ciências Agroveterinárias**. Lages, v. 17, n. 3, 2018
- HALLAUER, A.R.; CARENA, J.M.; FILHO, J.B.M. **Quantitative genetics in maize breeding**. Iowa: The Iowa State University Press, p. 663, 2010.
- HAYKIN, S. **Neural Networks and Learning Machines**. 3rd ed. Pearson - Prentice Hall, Hamilton, p. 938, 2008.
- JOST, E.; RIBEIRO, N. D.; MAZIERO, S. M.; POSSOBOM, M. T. D. F.; ROSA, D. P.; DOMINGUES, L. da S. Comparison among direct, indirect and index selections on agronomic traits and nutritional quality traits in common bean. **Journal of the Science of Food and Agriculture**, London, v. 93, n. 5, p. 1097-1104, 2013.
- KARASAWA, M.; RODRIGUES, R.; SUDRÉ, C. P.; SILVA, M.P.; RIVA, E.M.; AMARAL JÚNIOR, A.T. Aplicação de métodos de agrupamento na quantificação de divergência genética entre acessos de tomateiro. **Horticultura Brasileira**, Brasília, v.23, n.4, p.1000-1005, 2005.
- KAVZOGLU, T, MATHER, P. M. The use of backpropagation artificial neural networks in land cover classification. **International Journal of Remote Sensing**, Germany, v.24, p. 4907-4938, 2003.
- KHATTREE, R.; NAIK, D.N. **Multivariate data reduction and discrimination with SAS software**. Cary, NC, USA: SAS Institute Inc., v. 1, p. 558, 2000.
- KLOSTER GS, BARELLI MAA, SILVA CR, NEVES, LG, PAIVA SOBRINHO S & LUZ PB. Análise da divergência genética através de caracteres morfológicos em cultivares de feijoeiro. **Revista Brasileira de Ciências Agrárias**, v. 6, n. 3, p.452-459, 2011.
- KNABBEN, C.C.; COSTA, J.S. Manual de classificação do feijão- instrução normativa nº 12, 28 de marco de 2008. **Embrapa**, Brasília, p.25, 2012.
- KOHONEN, T. Self-organized formation of topologically correct feature maps. **Biological Cybernetics**, Germany, v.43, p.59-69, 1983.
- LOPES, L. A.; PELUZIO, J. M.; AFFÉRI, F. S.; CARVALHO, E. V. Variabilidade genética entre cultivares de soja, quanto ao rendimento de óleo, no estado do Tocantins. **Comunicata Scientiae**, Teresina, v.5, n.3, p.279-285, 2014.
- LEGENDRE, P.; LLEGENDRE, L. **Numerical Ecology**, 2nd English, ed. Elsevier, p.853, 1998.
- MATELLA, N.J. et al. Hidration, blanching and thermal processing of dry beans. In: SIDDIQ, M.; UEBERSAX, M.A. Dry beans and pulses: production, processing and nutrition. Ames: Jonh Wiley & Sons, 2013. p.129-154.
- MARCHIORO, V.S.; CARVALHO, F.I.F.; DE OLIVEIRA, A.C.; CRUZ, P.J.; LORENCETTI, C.; BENIN, G.; DA SILVA, J.A.G.; SCHMIDT, D.A.M. Dissimilaridade genética entre genótipos de aveia. **Ciência. Agrotecnica.**, Lavras. v.27, n.2, p.285-294, 2003.
- MARCO, K.; DALLACORT, R.; JUNIOR, S.S.; JUNIOR, C.A.F.; SILVA, E.S. Aptidão Agroclimática do Feijoeiro-Comum às Regiões Produtoras do Estado de Mato Grosso. **Revista Brasileira de Geografia Física**, v.7, n.3, p 558-571, 2014.



- MAZIERO, S. M.; RIBEIRO, N. D.; STORCK, L. Simultaneous selection in beans for architecture, grain yield and minerals concentration. **Euphytica**, Wageningen, v. 205, n. 2, p. 369-380, 2015.
- MELO, A. V.; COLOMBO, G. A.; VALE, J. C. V.; SANTANA, W. D.; FERNANDES, M. S. Estratégias de seleção entre progênies meios-irmãos de milho pipoca no cerrado Tocantinense **Brazilian Journal of Applied Technology for Agricultural Science**, Guarapuava-PR, v.10, n.1, p.41-50, 2017.
- MISSIO, R.F.; MORAES, M.L.T; DIAS, L.A.S. Efeito do desbaste seletivo sobre a divergência genética em progênies de *Pinus caribaea* Morelet var. bahamensis. **Scientia Forestalis**, São Paulo, n.73, p.27-36, 2007.
- MINGOTTE, F. L. C.; GUARNIERI, C. C. de O.; FARINELLI, R.; LEMOS, L. B. Desempenho produtivo e qualidade pós-colheita de genótipos de feijão do grupo comercial carioca cultivados na época de inverno-primavera. **Bioscience Journal**, Uberlândia, v. 29, n. 5, p. 1101-1110, 2013.
- MIRANDA, G.V.; COIMBRA, R.R.; GODOY, C.L.; SOUZA, L.V.; GUIMARÃES, L.J.M.; MELO, A.V. Potencial de melhoramento e divergência genética de cultivares de milho-pipoca. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 38, n. 6, p. 681-688, 2003.
- MONTOYA, C. A.; LETERME, P.; VICTORIA, N. F.; TORO, O.; SOUFFRANT, W. B.; BEEBE, S.; LALLES, J. P. Susceptibility of phaseolin to in vitro proteolysis is highly variable across common bean varieties (*Phaseolus vulgaris*). **Journal Agricultural of Food Chemistry**, v. 56, n. 6, p. 2183-2191, 2008.
- NETO, J.M.M.; MOITA, G.C. Uma introdução à análise exploratória de dados multivariados. **Química Nova**. Teresina, v. 21, n. 4, 1997.
- OLIBONI, R.; FARIA, M. V.; NEUMANN, M.; BATTISTELLI, G. M.; TEGONI, R. G.; RESENDE, J. T. V. Genetic divergence among maize hybrids and correlations with heterosis and combining ability. **Acta Scientiarum**, Maringá, v. 34, n. 1, p. 37-44, 2012.
- OLIVEIRA, A. C. DE L.; PASQUAL, M.; PIO, L. A. S.; LACERDA, W. S.; SILVA, O. S. Use of mathematical modeling (artificial neural networks) in classification of banana autotetraploid (*Musa acuminata* colla). **Bioscience Journal**, Uberlândia, v. 29, n. 3, p. 617-622, 2013.
- OLIVEIRA, D. M.; N. M. B. VIEIRA.; SOUZA, H. C.; MORAIS, A. R.; PEREIRA, J.; MESSIAS ANDRADE, M. J. B. Qualidade tecnológica de grãos de cultivares de feijão-comum na safra das águas. **Semina: Ciências Agrárias**, Londrina, v. 33, n. 5, p. 1831-1838, 2012.
- OLIVEIRA, D.F. **Confiabilidade Metrológica e Validação de Procedimentos Espectroradiométricos para Medição de Fontes Luminosas**. 2006. 166 f. Dissertação (Metrologia) – Pontifícia Universidade Católica do Rio de Janeiro, Rio de Janeiro, 2006.
- OLIVEIRA VRO, RIBEIRO ND, MAZIEIRO SM, CARGNELUTTI FILHO A, JOST E. Cooking quality and nutritional composition of common bean genotypes which and without stored refrigeration. **Ciência Rural**, 2011.
- OLIVEIRA, A. D. D.; FERNANDES, E. J.; RODRIGUES, T. D. J. Condutância estomática como indicador de estresse hídrico em feijão. **Engenharia Agrícola**, v. 1, n. 1, p. 86-95, 2005.

- OLIVEIRA, E.J. **Análise multivariada no estudo da divergência genética entre cultivares de feijão (*Phaseolus vulgaris* L.)**. (Dissertação de Mestrado) Viçosa: UFV, p.91, 1989.
- OLIVEIRA, T. C. **Divergência genética e correlação entre caracteres de genótipos de sorgo sacarino na região de Cáceres**. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas) Universidade do Estado de Mato Grosso, Cáceres (MT), Brasil, 90 f., 2015.
- PADOVAN, M. P., LEONEL, L. A. K., CESAR, M. N. Z., OTSUBO, A. A., DE OLIVEIRA, F. L., MARIANI, M. A., & CAVICHIONI, I. Potencial da cultura do feijoeiro, submetido a manejo orgânico, na região de Dourados-MS. **Revista Brasileira de Agroecologia**, v. 2, n. 1, 2007.
- PATIL, J.K.; KUMAR, R. Advances in image processing for detection of plant diseases. **Journal of advanced bioinformatics applications and research**, v.2, p.135-141, 2011.
- PEREIRA, T.; COELHO, C.M.M.; SANTOS, J.C.P.; BOGO, A.; MIQUELLUTI, D.J. Diversidade no teor de nutrientes em grãos de feijão crioulo no Estado de Santa Catarina. **Acta Scientiarum Agronomy**, Maringá, v. 33, n. 3, p. 477-485, 2011.
- PEIXOTO, L.A.; BHERING, L.L.; CRUZ, C.D. Artificial neural networks reveal efficiency in genetic value prediction. **Genetics and Molecular research**, v.14, n.2, p.6769-6807, 2015.
- PIRES, C.V.; OLIVEIRA, M.G.A.; ROSA, J.C.; COSTA, N.M.B. Qualidade nutricional e escore químico de aminoácidos de diferentes fontes protéicas. Ciência e Tecnologia dos Alimentos. **Corpus et Scientia**, v.26, p.179-187, 2006.
- PIMENTEL-GOMES, F. **Curso de estatística experimental**. 15. ed. Piracicaba: Fealq, p. 451, 2009.
- RALDI, R.V. **Teores de proteína em feijão carioca comum dessecado em diferentes épocas e princípios ativos**. 2019, f.30-34. Monografia (Trabalho de Conclusão de Curso) - Universidade Tecnológica Federal do Paraná. Pato Branco, 2019.
- RAUBER, T.W. Redes neurais artificiais. Vitória - ES, Universidade Federal do Espírito Santo. 2005.
- RESENDE, M. D. V.; DUARTE, J. B. Precisão e controle de qualidade em experimentos de avaliação de cultivares. **Pesquisa Agropecuária Tropical**, Goiás, v. 37, n. 03, p. 182-194, 2007.
- RIBEIRO, E.H.; PEREIRA, M.G.; COELHO, K.S.; JÚNIOR, S.P.F. Estimativas de parâmetros genéticos e seleção de linhagens endogâmicas recombinantes de feijoeiro comum (*Phaseolus vulgaris* L.). **Revista Ceres**, Viçosa, v. 56, n.5, p. 580-590, 2009.
- RIBEIRO, N. D.; DOMINGUES, L. da S.; ZEMOLIN, A. E. M.; POSSOBOM, M. T. D. F. Selection of common bean lines with high agronomic performance and high calcium and iron concentrations. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 48, n. 10, p. 1368-1375, 2013.
- RIBEIRO, N.D.; CASAGRANDE, C.R.; MEZZOMO, H.C.; KLASENER, G.R.; STECKLING, S.M. Consumer preference and the technological, cooking and nutritional quality of carioca beans. **Ciências Agrárias**, Londrina, v. 40, n. 2, p. 651-664, mar./abr. 2019.

- RIGON, J. P. G.; CAPUANI, S.; CHERUBIN, M. R.; ROSA, G. M.; WASTOWSKI, A. D. Dissimilaridade genética de girassol por meio de caracteres quantitativos. **Ciência Rural**, Santa Maria, 42:1954-1959, 2012.
- RIOS, A. O.; ABREU, C. M. P.; CORRÊA, A. D. Efeitos da época de colheita e o tempo de armazenamento no escurecimento do tegumento de feijão (*Phaseolus vulgaris* L.). **Ciência e Agrotecnologia**, Lavras, v. 26, n. 3, p. 550-558, 2002.
- ROTILI, E. A.; CANCELLIER, L. L.; DOTTO, M. A.; CARVALHO, E. V.; PELUZIO, J. M. Divergência genética em genótipos de milho, no Estado do Tocantins. **Revista Ciência Agrônômica**, v. 43, n. 3, p. 516-521, 2012.
- SANTOS, V. S., MARTINS FILHO, S., ALVES, R. M., RESENDE, M. D. V. AND SILVA, F. F. Genetic divergence among cupuaçu accessions by multiscale bootstrap resampling. **Bragantia**, Campinas, 74, 169-175, 2015.
- SANTOS ER, BARROS HB, FERRAZ E DE C, CAPONE A, SANTOS AF DOS & FIDELIS RR. Divergência entre genótipos de soja, cultivados em várzea irrigada. **Revista Ceres**, Viçosa, 58:755-764, 2011.
- SANTOS, G. G. dos; RIBEIRO, N. D.; MAZIERO, S. M. Evaluation of common bean morphological traits identifies grain thickness directly correlated with cooking time. **Pesquisa Agropecuária Tropical**, Goiânia, v. 46, n. 1, p. 35-42, 2016.
- SEBIM, D.E.; OLIVEIRA, P.H.; BRUSAMARELLO, A.P.; BARETTA, D.R.; BRUM, B. Diversidade genética entre populações de feijão crioulo através da análise multivariada de caracteres morfoagronômicos. **Revista Espacios**, v.37, n.16, p.19, 2016.
- SILVA, C. A.; ABREU, A. F. B.; RAMALHO, M. A. P.; MAIA, L. G. S. Chemical composition as related to seed color of common bean. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, Viçosa, v. 12, n. 2, p. 132-137, 2012.
- SILVA, J. D.; QUEIROZ, A. C. **Análise de alimentos: métodos químicos e biológicos**. 3. ed. Viçosa: UFV, p.235, 2009.
- SILVA, I.N., SPATTI, D.H., FLAUZINO, R.A. **Redes neurais artificiais para engenharias e ciências aplicadas**. 1st ed. São Paulo: Artliber, p.399, 2010.
- SILVA, M.M.; SOUZA, H.R.T.; DAVID, A.M.S.S.; SANTOS, L.M.; SILVA, R.F.; AMARO, H.T.R. Qualidade fisiológica e armazenamento de sementes de feijão-comum produzidas no norte de Minas Gerais. **Revista Agroambiente**, v. 8, n. 1, p. 97-103, 2014.
- SILVA, M.B.O.; CARVALHO, A.J.; CARNEIRO, J.E.S.; ASPIAZU, I.; ALVES, E.E.; DAVID, A.M.S.S.; BRITO, O.G; ALVES, P.F.S. Technological quality of grains of common beans selected genotypes from the carioca group. **Ciências Agrárias**, Londrina, v. 37, n. 4, p. 1721-1732, 2016.
- SILVA, P.C. **Divergência genética entre linhagens parcialmente endogâmicas de milho pipoca por métodos multivariados e redes neurais artificiais**. 2017. 86 f. Dissertação (Mestrado em Agronomia) - Universidade Federal da Grande Dourados. Dourados, 2017.
- SIMON, G.A.; KAMADA, T.; MOITEIRO, M. Divergência genética em milho de primeira e segunda safra. **Semina: Ciências Agrárias**, Londrina, v.33, n.2, p.449-458, 2012.
- SINGH, D. The relative importance of characters affecting genetic divergence. **The Indian Journal of Genetics e Plant Breeding**, New Delhi, v. 41, n. 2, p.237-245, 1981.

- SIQUEIRA, B. S.; PEREIRA, W. J.; BATISTA, K. A.; OOMAH, B. D.; FERNANDES, K. F.; BASSINELLO, P. Z. Influence of storage on darkening and hardening of slow- and regular-darkening carioca bean (*Phaseolus vulgaris* L.) genotypes. **Journal Agricultural Studies**, Las Vegas, v. 2, n. 1, p. 87-104, 2014.
- SOARES, F.C.; ROBAINA, A.D.; PEITER, M.X.; RUSSI, J.L. Predição da produtividade da cultura do milho utilizando rede neural artificial. **Ciência rural**, v.45,n. 11, p.1987-1993, 2014.
- SOFI, P. A.; ZARGAR, M. Y.; SHEIKH, F.A.; IRAM, S., SHAFI, T. Genetic variability and factor analysis in common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) germplasm collection for yield related traits. **Electronic Journal of Plant Breeding**, Coimbatore, v.5, n.2, p.254-259, 2014.
- SOUZA, J. R. DE; BOIÇA JÚNIOR, A. L.; PERECIN, D.; CARGNELUTTI FILHO, A.; COSTA, J. T. DA. Divergência genética de cultivares de cana-de-açúcar quanto à resistência a *Diatraea saccharalis*. **Semina: Ciências Agrárias**, Londrina, v.34, n.6, p.3367-3376, 2013.
- STECKLING, S. de M.; RIBEIRO, N. D.; ARNS, F. D.; MEZZOMO, H. C. Genetic diversity and selection of common bean lines based on technological quality and biofortification. **Genetics and Molecular Research**, Ribeirão Preto, v. 16, n. 1, p. 1-13, 2017.
- STEEL, R. G. D.; TORRIE, J. H. **Principles and procedures of statistics**. McGraw-Hill, 1980. 633 p.
- SULZBACHER, L. J.; SILVA, V. P.; ZAGO, B. W.; CORRÊA, C. L.; DUARTE, A. V. M.; BARELLI, M. A. A. Análise da divergência genética através de caracteres agronômicos em genótipos de feijão comum. **Revista Espacios**, Caracas, v. 38, n.23, p. 26-38, 2017.
- TEODORO, P. E.; BARROSO, L. M. A.; NASCIMENTO, M.; TORRES, F. E.; SAGRILO, E.; SANTOS, A.; RIBEIRO, L. P. Redes neurais artificiais para identificar genótipos de feijão-caupi semiprostrado com alta adaptabilidade e estabilidade fenotípicas. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 50, p. 1054- 1060, 2015.
- VOGT, G. A.; BALBINOT JUNIOR, A. A.; SOUZA, A. M. Divergência fenotípica em genótipos de girassol. **Revista de Ciências Agroveterinárias**, Campinas, V.11, p.26-34, 2012.

## 8. ANEXOS

**Anexo 1.** Análise de solo em área da fazenda experimental da UFGD nas safras da seca (safra I) e de inverno (safra II) (2018-2019), em, Dourados/MS.

Analíticos	Valor safra I	Valor safra II
pH CaCl <sub>2</sub>	5,26	5,28
pH H <sub>2</sub> O	5,94	5,95
P (mg/dm <sup>3</sup> )	14,64	7,75
K (cmolc/dm <sup>3</sup> )	0,49	0,43
Al (cmolc/dm <sup>3</sup> )	0	0
Ca (cmolc/dm <sup>3</sup> )	4,98	4,07
Mg (cmolc/dm <sup>3</sup> )	1,75	1,6
H+Al (cmolc/dm <sup>3</sup> )	3,91	2,96
pH SMP	6,33	6,59
SB (cmolc/dm <sup>3</sup> )	7,22	6,1
T (cmolc/dm <sup>3</sup> )	11,13	9,07
V%	64,90	67,32

**Anexo 2.** Resumo da análise de variância conjunta (safra I e safra II - 2018-2019) para os caracteres de produtividade de grãos (PROD), massa de 100 grãos (M100), parâmetro luminosidade (L\*), componente vermelho-verde (a\*), componente amarelo-azul (b\*), teor de proteína (PROT), porcentagem de sólidos solúveis do caldo (BRIX), porcentagem de sólidos totais no caldo (ST), porcentagem de grãos danificados após cozimento (GD), porcentagem de embebição de água antes do cozimento (PEANC) e porcentagem de embebição de água após do cozimento (PEAPC); interação linhagens x ambiente (L x Amb), em, Dourados/MS..

Caracter	Quadrado Médio					
	Linhagens (18) <sup>1</sup>	Ambiente (1) <sup>1</sup>	L x Amb (18) <sup>1</sup>	Resíduo (72) <sup>1</sup>	Média	CV
PROD	156801,69 <sup>ns</sup>	65059128,88 <sup>**</sup>	149232,41 <sup>**</sup>	59090,31	1544,49	15,73
M100	8,07 <sup>ns</sup>	409,41 <sup>**</sup>	15,45 <sup>**</sup>	3,17	14,85	12,0
L*	58,93 <sup>**</sup>	88,26 <sup>*</sup>	2,50 <sup>ns</sup>	5,58	57,28	4,12
a*	3,35 <sup>**</sup>	24 <sup>*</sup>	0,23 <sup>ns</sup>	0,55	9,18	8,11
b*	3,08 <sup>**</sup>	75,77 <sup>**</sup>	0,12 <sup>ns</sup>	0,53	18,16	4,02
PROT	9,67 <sup>*</sup>	1041,20 <sup>**</sup>	3,55 <sup>ns</sup>	2,88	27,68	6,13
BRIX	0,40 <sup>*</sup>	0,58 <sup>ns</sup>	0,17 <sup>ns</sup>	0,16	3,42	11,85
ST	0,31 <sup>ns</sup>	1,47 <sup>ns</sup>	0,14 <sup>ns</sup>	0,13	3,56	10,32
GD	419,01 <sup>**</sup>	3029,67 <sup>*</sup>	23,34 <sup>ns</sup>	83,34	68,48	13,30
PEANC	36,80 <sup>*</sup>	664,51 <sup>**</sup>	15,67 <sup>ns</sup>	18,43	101,68	4,22
PEAPC	53,11 <sup>ns</sup>	470,68 <sup>ns</sup>	64,26 <sup>**</sup>	24,36	137,12	3,59

<sup>1</sup> Grau de liberdade. ns, \*\*, \*, Não significativo, Significativo a 1% e 5% de probabilidade respectivamente pelo teste F

**Anexo 3.** Médias das características produtividade de grãos (PROD), massa de 100 grãos (M100), parâmetro luminosidade (L\*), componente vermelho-verde (a\*), componente amarelo-azul (b\*), teor de proteína (PROT), porcentagem de sólidos solúveis do caldo (BRIX), porcentagem de sólidos totais no caldo (ST), porcentagem de grãos danificados após cozimento (GD), porcentagem de embebição de água antes do cozimento (PEANC) e porcentagem de embebição de água após do cozimento (PEAPC) em 19 linhagens de feijão-comum na safra da seca 2018-2019, em Dourados/MS.

<b>Linhagem</b>	<b>PROD</b>	<b>M100</b>	<b>L*</b>	<b>a*</b>	<b>b*</b>	<b>PROT</b>
1	2742,04a	12,84a	49,43d	10,08a	16,39b	25,50a
2	2366,26b	13,42a	60,07a	8,01c	18,50a	23,04a
3	2015,61b	15,45a	57,78b	9,12b	17,27b	21,95a
4	2477,14a	13,36a	59,31a	8,33c	17,05b	25,71a
5	2141,01b	15,85a	59,75a	8,04c	16,93b	23,41a
6	2328,52b	12,25a	56,78b	7,48c	18,31a	26,77a
7	2061,27b	11,40a	56,70b	8,95b	17,30b	25,88a
8	2086,34b	12,62a	51,86d	10,01a	16,84b	24,88a
9	2507,57a	12,56a	55,79b	8,87b	16,32b	25,13a
10	2233,17b	11,14a	54,62c	8,86b	17,39b	24,36a
11	2857,24a	11,96a	55,07c	8,31c	16,71b	24,53a
12	2334,30b	10,28a	52,44d	9,55a	17,73a	25,15a
13	2531,73a	13,35a	57,43b	8,47c	16,80b	23,84a
14	2313,34b	9,79a	50,89d	9,29b	16,72b	23,83a
15	2836,42a	11,98a	56,11b	8,75b	17,21b	25,54a
16	1974,85b	13,13a	58,74a	8,89b	17,02b	24,30a
17	2029,20b	14,47a	58,78a	7,69c	17,86a	25,17a
18	1623,29b	14,34a	60,26a	8,51c	19,11a	24,96a
19	2239,42b	15,92a	59,75a	8,59c	18,07a	24,58a
<b>Linhagem</b>	<b>BRIX</b>	<b>ST</b>	<b>GD</b>	<b>PEANC</b>	<b>PEAPC</b>	
1	3,65a	3,74a	75,68a	103,30a	140,43b	
2	3,81a	3,88a	76,40a	96,76b	137,47c	
3	3,75a	4,27a	77,53a	94,84b	140,09b	
4	3,40a	3,81a	69,44b	98,48b	132,39c	
5	3,48a	3,59a	77,99a	97,91b	133,31c	
6	3,00b	3,16a	61,87b	97,49b	129,46c	
7	3,68a	3,86a	66,22b	97,85b	131,35c	
8	3,45a	3,92a	76,14a	100,98a	130,96c	
9	2,98b	3,67a	88,08a	98,91b	132,32c	
10	2,76b	3,57a	74,75a	100,46a	134,42c	
11	3,48a	3,51a	66,82b	99,38b	131,05c	
12	3,38a	3,30a	74,67a	103,27a	132,38c	
13	3,81a	3,52a	82,65a	99,92a	134,30c	
14	3,80a	3,76a	72,93a	102,32a	134,16c	
15	3,53a	3,50a	79,14a	99,4b	130,82c	
16	3,30a	3,37a	54,88b	100,74a	130,46c	
17	3,58a	3,73a	64,43b	95,59b	136,75c	
18	3,63a	3,86a	69,12b	98,98b	142,85b	
19	3,90a	3,85a	90,35a	99,57b	151,81a	

\* médias seguidas de mesma letra não diferem pelo teste de Scott-knott a 5% de probabilidade.

**Anexo 4.** Médias das características produtividade de grãos (PROD), massa de 100 grãos (M100), parâmetro luminosidade (L\*), componente vermelho-verde (a\*), componente amarelo-azul (b\*), teor de proteína (PROT), porcentagem de sólidos solúveis do caldo (BRIX), porcentagem de sólidos totais no caldo (ST), porcentagem de grãos danificados após cozimento (GD), porcentagem de embebição de água antes do cozimento (PEANC) e porcentagem de embebição de água após do cozimento (PEAPC) em 19 linhagens de feijão-comum na safra de inverno 2018-2019, em Dourados/MS.

<b>Linhagem</b>	<b>PROD</b>	<b>M100</b>	<b>L*</b>	<b>a*</b>	<b>b*</b>	<b>PROT</b>
1	788,26a	15,79c	52,22b	10,73a	18,06a	31,55a
2	832,92a	17,80b	61,52a	8,92b	19,63a	27,87b
3	729,04a	14,55c	59,58a	9,55b	19,01a	28,02b
4	755,73a	13,52c	61,66a	9,08b	18,28a	29,01b
5	801,62a	12,96c	62,27a	8,81b	18,79a	27,84b
6	890,56a	21,99a	61,55a	8,04b	19,92a	32,77a
7	756,55a	18,23b	60,30a	9,95a	19,33a	33,24a
8	785,98a	15,30c	54,78b	10,67a	18,35a	29,51b
9	766,94a	16,54c	56,55b	8,97b	17,73a	29,91b
10	819,25a	14,36c	56,17b	10,01a	19,01a	32,48a
11	803,71a	16,39c	56,64b	9,54b	18,33a	31,24a
12	617,34a	19,30b	54,32 b	11,22a	19,36a	31,70a
13	788,77a	17,77b	58,20a	9,61b	18,49a	32,39a
14	779,11a	17,11b	53,41b	10,50a	19,00a	31,06a
15	833,03a	17,94b	55,39b	9,49b	18,48a	30,53a
16	804,35a	15,75c	59,92a	10,26a	19,07a	31,20a
17	827,37a	19,49b	60,10a	8,30b	19,31a	30,65a
18	792,34a	16,14c	60,55a	9,48b	20,63a	29,08b
19	818,99a	17,19b	59,85a	10,08a	19,74a	33,31a
<b>Linhagem</b>	<b>BRIX</b>	<b>ST</b>	<b>GD</b>	<b>PEANC</b>	<b>PEAPC</b>	
1	3,40a	3,45a	74,65a	104,29a	143,00a	
2	3,56a	3,41a	66,89a	99,72a	141,56a	
3	3,60a	3,59a	62,09b	100,21a	140,20a	
4	3,86a	3,79a	62,72b	101,33a	141,93a	
5	2,58a	2,68a	64,80b	103,27a	143,38a	
6	3,36a	3,19a	53,61b	103,65a	135,36a	
7	3,53a	3,51a	54,59b	103,82a	140,28a	
8	3,23a	3,42a	59,37b	106,43a	139,29a	
9	3,08a	3,22a	78,91a	104,48a	143,09a	
10	2,90a	3,10a	59,30b	106,35a	136,60a	
11	3,68a	3,70a	57,69b	104,90a	135,23a	
12	3,03a	3,18a	62,28b	108,02a	136,11a	
13	3,48a	3,62a	76,67a	103,23a	139,69a	
14	3,15a	3,32a	63,90b	106,54a	142,35a	
15	3,18a	3,31a	69,17a	103,71a	139,90a	
16	3,50a	3,63a	47,49b	105,19a	135,80a	
17	3,71a	3,68a	56,17b	102,99a	138,55a	
18	3,28a	3,72a	58,41b	113,17a	153,31a	
19	3,53a	3,98a	74,43a	96,50a	134,97a	

\* médias seguidas de mesma letra não diferem pelo teste de Scott-knott a 5% de probabilidade.