

UBIELI ALVES ARAÚJO VASCONCELOS

**ESTIMATIVAS DE PARÂMETROS GENÉTICOS, ASSOCIAÇÃO DE
CARACTERES, ESTRATIFICAÇÃO DE AMBIENTES,
ADAPTABILIDADE E ESTABILIDADE DE GENÓTIPOS DE CRAMBE:
UMA IMPORTANTE OLEAGINOSA PARA BIOCOMBUSTÍVEL E
COBERTURA DE SOLO**

Tese apresentada à Universidade Federal de Viçosa, como parte das exigências do Programa de Pós-Graduação em Fitotecnia, para obtenção do título de *Doctor Scientiae*.

Orientador: Luiz Antônio dos Santos Dias

Coorientadora: Thais Roseli Corrêa

**VIÇOSA - MINAS GERAIS
2020**

**Ficha catalográfica elaborada pela Biblioteca Central da Universidade
Federal de Viçosa - Campus Viçosa**

T

V331e
2020

Vasconcelos, Ubieli Alves Araújo, 1990-
Estimativas de parâmetros genéticos, associação de
caracteres, estratificação de ambientes, adaptabilidade e
estabilidade de genótipos de crambe : uma importante oleaginosa
para biocombustível e cobertura de solo / Ubieli Alves Araújo
Vasconcelos. – Viçosa, MG, 2020.
64 f. : il. (algumas color.) ; 29 cm.

Orientador: Luiz Antônio dos Santos Dias.
Tese (doutorado) - Universidade Federal de Viçosa.
Inclui bibliografia.

1. *Crambe abyssinica* Hochst. 2. Melhoramento genético.
3. Biocombustíveis. 4. Plantas oleaginosas. I. Universidade
Federal de Viçosa. Departamento de Agronomia. Programa de
Pós-graduação em Fitotecnia. II. Título.

CDD 22 ed. 631.52

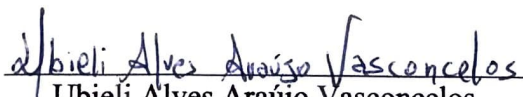
UBIELI ALVES ARAÚJO VASCONCELOS


**ESTIMATIVAS DE PARÂMETROS GENÉTICOS, ASSOCIAÇÃO DE
CARACTERES, ESTRATIFICAÇÃO DE AMBIENTES,
ADAPTABILIDADE E ESTABILIDADE DE GENÓTIPOS DE CRAMBE:
UMA IMPORTANTE OLEAGINOSA PARA BIOCOMBUSTÍVEL E
COBERTURA DE SOLO**

Tese apresentada à Universidade Federal de
Viçosa, como parte das exigências do Programa
de Pós-Graduação em Fitotecnia, para obtenção
do título de *Doctor Scientiae*.

APROVADA: 23 de abril de 2020.

Assentimento:


Ubieli Alves Araújo Vasconcelos
Autor


Luiz Antônio dos Santos Dias
Orientador

Ofereço

Aos meus pais, José Ubirajara e Josefa Eliezeth, que apesar de todas as dificuldades sempre fizeram o possível para que eu chegasse até aqui, pelo incentivo e motivação, pela educação que me ensinaram e por proporcionar a realização do meu sonho...

Minha esposa e companheira de vida Marcela Nobre, minha filha Maria Nobre que é a luz da minha vida, as quais serei grato para sempre, pelo apoio, dedicação e incentivo, onde muitas vezes se privaram de várias coisas para que eu pudesse dar continuidade aos estudos e principalmente ajudando a me levantar e mostrando-me o caminho nas horas mais difíceis.

Dedico

AGRADECIMENTOS

A Deus, por sempre ter me mostrado o caminho certo, e me iluminar nas decisões e fé.

Aos meus pais, José Ubirajara e Josefa Eliezeth, pelo amor, carinho e todos os ensinamentos.

A minha esposa, Marcela Nobre, por toda dedicação para realização dessa conquista.

A minha filha, Maria Nobre, a luz dos meus dias.

A minha irmã, Eliubi Alves e sobrinha Ana Júlia, por todos os pensamentos positivos e acreditar nessa conquista.

Aos meus sogros, Francisco Elias e Rosângela Nobre, por toda a dedicação com minha família.

Aos meus cunhados, Elias Júnior, Margela Nobre e Mateus Araújo, por todo cuidado e empenho com minha família, enquanto distante.

Ao meu amigo e orientador, Luiz Antônio dos Santos Dias, pelo apoio, pelo auxílio e todas experiências compartilhadas.

A minha amiga e Coorientadora, Thais Roseli Corrêa, por toda ajuda no trabalho.

Ao meu amigo, Francisco Charles (Chicão), por todo auxílio nas análises estatísticas.

Aos meus amigos, Cássio Alvino e Rodrigo Dal Sasso, por todo suporte e amizade.

Aos meus amigos de república, Luciano Rogério e Helcio Pereira, por toda amizade e partilha de momentos.

Aos meus amigos dos laboratórios de Agroenergia e Soja, por todo companheirismo e amizade.

À Universidade Federal de Viçosa e ao Programa de Pós-Graduação em Fitotecnia. Obrigada pela oportunidade de realizar meu doutorado em tão prestigiosa universidade que se destaca não só pela sua excelência no ensino, mas também pela sua beleza.

A Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES) e o Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq) pela concessão de bolsa de estudo.

À Fundação MS pela disponibilidade dos dados de pesquisa.

Aos membros das Bancas de exame de qualificação e defesa de tese, pelas contribuições.

OBRIGADO

BIOGRAFIA

UBIELI ALVES ARAÚJO VASCONCELOS, filho de José Ubirajara Cavalcante Vasconcelos e Josefa Eliezeth Alves Araújo Vasconcelos, pai de Maria Nobre Oliveira Vasconcelos, esposo de Marcela Nobre Oliveira, nasceu em 20 de setembro de 1990, em Campina Grande, estado da Paraíba, Brasil.

Em outubro de 2013, graduou-se em Agronomia pela Universidade Federal de Campina Grande, Campus Pombal, PB. Onde iniciou suas pesquisas.

Em março de 2014, ingressou no programa de Pós-Graduação em Ciências Agrárias, em nível de Mestrado, na Universidade Estadual da Paraíba, sob orientação da Prof^a. Dr^a. Ph.D. Roseane Cavalcanti dos Santos, onde trabalhou com melhoramento de algodão, submetendo-se à defesa da dissertação em fevereiro de 2016.

Em março de 2016 iniciou o curso de doutorado em Fitotecnia na Universidade Federal de Viçosa, Minas Gerais, sob a orientação do Prof. Dr. Ph.D. Luiz Antônio dos Santos Dias, submetendo-se à defesa de tese em 23 de abril de 2020.

RESUMO

VASCONCELOS, Ubieli Alves Araújo, D.Sc., Universidade Federal de Viçosa, abril de 2020. **Estimativas de parâmetros genéticos, associação de caracteres, estratificação de ambientes, adaptabilidade e estabilidade de genótipos de crambe: Uma importante oleaginosa para biocombustível e cobertura de solo.** Orientador: Luiz Antônio dos Santos Dias. Coorientadora: Thais Roseli Corrêa.

O crambe (*Crambe abyssinica* Hochst) é uma oleaginosa pertencente à família *Brassicaceae*, com elevado rendimento de óleo em suas sementes, sendo promissora para a produção de biocombustíveis. No Brasil, seu cultivo é recente, mas o interesse é crescente, por se tratar de uma planta de ciclo curto que pode ser cultivada na entressafra de culturas como milho e soja. Porém, a única cultivar registrada aqui é FMS Brilhante, com rendimento de grãos considerado baixo. Com isso, estudos que possibilitem a obtenção de genótipos de alto rendimento em um maior número de ambiente, torna-se necessário. Portanto, objetivou-se com a realização destes estudos: I – Estimar os parâmetros genéticos e a interação genótipos x anos x locais e as correlações entre caracteres através de análise de trilha, em diferentes anos e locais de cultivo. II – Estudar a similaridade entre os ambientes, por meio da estratificação ambiental, e determinar as correlações genotípicas entre caracteres agrônômicos por meio de redes de correlações, as estruturas de ligação entre eles e verificar a viabilidade do uso de rede de correlação no melhoramento de crambe. III – Estimar os parâmetros de adaptabilidade e estabilidade dos genótipos, através das análises GGE Biplot e REML/BLUP, visando identificar os mais adaptados e estáveis as condições ambientais de Goiás e Mato Grosso do Sul. Foram utilizados dados dos genótipos FMS Brilhante, FMS CR 1101, FMS CR 1102, FMS CR 1105, FMS CR 1202, FMS CR 1303 e FMS CR 1304, cultivados em Goiás e Mato Grosso do Sul, nos anos agrícolas de 2014 e 2015. Esses dados foram cedidos pela Fundação MS. O delineamento experimental utilizado foi o de blocos casualizados, com quatro repetições. Foram avaliados produtividade de grãos (PROD), altura de plantas (ALT), diâmetro do caule (DC), altura do primeiro ramo produtivo (APRP), peso de mil sementes (PMS) e número de ramos (NR). No primeiro estudo, conclui-se que os genótipos apresentam variabilidade genética expressiva, oferecem possibilidades de ganhos genéticos, e

que os caracteres PMS e DC têm efeito direto sobre PROD, enquanto NR tem efeito direto negativo sobre ela. No segundo estudo, os 14 ambientes formaram quatro grupos com condições semelhantes e os caracteres dos grupos produtivo e vegetativo estiveram correlacionados genotipicamente ($r > 0,60$) para aumentar a produtividade de grãos. A técnica de rede de correlações se mostrou eficiente, podendo ser utilizada na tomada de decisões no programa de melhoramento. No terceiro estudo, conclui-se que, o genótipo FMS CR 1101 pode ser cultivado em ambientes iguais aos testados, por apresentar alta adaptabilidade, estabilidade e alta produtividade de grãos e que houve concordância entre os métodos GGE Biplot e REML/BLUP na identificação dos melhores genótipos para Goiás e Mato Grosso do Sul.

Palavras-chave: *Crambe abyssinica* Hochst. Melhoramento. Biocombustíveis. Oleaginosas.

ABSTRACT

VASCONCELOS, Ubieli Alves Araújo, D.Sc., Universidade Federal de Viçosa, April, 2020. **Estimates of genetic parameters, character association, stratification of environments, adaptability and stability of crambe genotypes: An important oilseed for biofuel and soil cover.** Adviser: Luiz Antônio dos Santos Dias. Co-adviser: Thais Roseli Corrêa.

Crambe (*Crambe abyssinica* Hochst) is an oilseed belonging to the Brassicaceae family, with high oil yield in its seeds, being promising for the production of biofuels. In Brazil, its cultivation is recent, but the interest is growing, as it is a short-cycle plant that can be grown in the off-season of crops such as corn and soybeans. However, the only cultivar registered here is FMS Brilhante, with grain yield considered low. Thus, studies that make it possible to obtain high-yield genotypes in a larger number of environments are necessary. Therefore, the objective was to carry out these studies: I - Estimate the genetic parameters and the interaction between genotypes x years x locations and the correlations between characters through trail analysis, in different years and places of cultivation. II - To study the similarity between the environments, and to determine the genotypic correlations between agronomic traits through correlation networks, the connection structures between them and to verify the viability of the use of correlation network in crambe breeding. III - Estimate the adaptability and stability parameters of the genotypes, through GGE Biplot and REML / BLUP analyzes, aiming to identify the most adapted and stable environmental conditions in Goiás and Mato Grosso do Sul. Data from the genotypes FMS Brilhante, FMS CR 1101, FMS CR 1102, FMS CR 1105, FMS CR 1202, FMS CR 1303 and FMS CR 1304, grown in Goiás and Mato Grosso do Sul, in the agricultural years of 2014 and 2015. These data were provided by Fundação MS. The experimental design used was randomized blocks, with four replications. Grain yield (PROD), plant height (ALT), stem diameter (DC), height of the first productive branch (APRP), weight of a thousand seeds (PMS) and number of branches (NR) were evaluated. In the first study, it was concluded that the genotypes have expressive genetic variability, offer possibilities of genetic gains, and that the characters PMS and DC have a direct effect on PROD, while NR has a direct negative effect on it. In the second study, it was concluded

that environment stratification methodology reduced the 14 environments into 4 groups of environments with similar conditions and the characters of the productive and vegetative groups are genotypically correlated ($r > 0.60$) to increase grain productivity. The correlation network technique proved to be efficient and can be used to make decisions in the breeding program. In the third study, it is concluded that the FMS CR 1101 genotype can be grown in environments similar to those tested, as it presents high adaptability, stability and high grain yield and that there was agreement between the GGE Biplot and REML/BLUP methods in the identification of best genotypes for Goiás and Mato Grosso do Sul.

Keywords: *Crambe abyssinica* Hochst. Breeding. Biofuels. Oleaginous plants.

SUMÁRIO

INTRODUÇÃO GERAL.....	12
REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS	14
CAPÍTULO 1.....	16
ESTIMATIVAS DE PARÂMETROS GENÉTICOS E ANÁLISE DE TRILHA EM CRAMBE: UMA IMPORTANTE OLEAGINOSA PARA BIOCOMBUSTÍVEL	16
RESUMO.....	16
ABSTRACT.....	17
INTRODUÇÃO	18
MATERIAL E MÉTODOS	19
RESULTADOS E DISCUSSÃO	21
CONCLUSÕES	26
REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS	26
CAPÍTULO 2.....	29
ESTRATIFICAÇÃO DE AMBIENTES E REDES DE CORRELAÇÕES GENOTÍPICAS ENTRE CARACTERES DE CRAMBE	29
RESUMO.....	29
ABSTRACT.....	31
MATERIAL E MÉTODOS	34
RESULTADOS E DISCUSSÃO	37
CONCLUSÕES	41
REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS	41
CAPÍTULO 3.....	44
ADAPTABILIDADE E ESTABILIDADE DE GENÓTIPOS DE CRAMBE VIA GGE BILOT E REML/BLUP	44
RESUMO.....	44
ABSTRACT.....	45
INTRODUÇÃO	46
MATERIAL E MÉTODOS	47
RESULTADOS E DISCUSSÃO	50
CONCLUSÕES	60
REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS	61
CONSIDERAÇÕES GERAIS.....	64

INTRODUÇÃO GERAL

Com o grande crescimento populacional e necessidade de desenvolvimento de fontes alternativas de energia, o estudo de novas culturas para a produção de biocombustíveis surge como opção promissora. Diversos estudos com plantas oleaginosas estão sendo realizados com o objetivo de caracterização do óleo vegetal para produção de biocombustível. De acordo com Lima et al. (2019) a produção de biocombustíveis diminui a dependência por petróleo, minimiza o efeito dos gases veiculares e reduz a emissão de gases que geram o efeito estufa.

A partir deste problema surgem as alternativas viáveis para a produção de novos combustíveis, como o biodiesel que pode ser produzido a partir de óleos vegetais, resíduos de frituras. No Brasil, alternativas de óleos vegetais a partir de oleaginosas têm crescido muito. Como opções têm-se soja, milho, canola, girassol, cártamo e crambe. As duas últimas não competem com o mercado alimentício devido suas características.

O gênero *Crambe* contém cerca de trinta espécies. Crambe (*Crambe abyssinica* Hochst) é uma espécie da família *Brassicaceae*. Crambe caracteriza-se por ser uma planta herbácea anual, ereta, com cerca de um metro de altura e naturalmente ramificada. Apresenta folhas largas opostas lobadas, longos racemos, flores brancas, completas ou hermafroditas apresentando os dois sexos na mesma flor, produzindo grande número frutos (siliqua), inicialmente verde-claro, tornando-se amarelo na maturidade, e dão origem a apenas uma semente de cor marrom. Nas sementes há cerca de 34% de óleo de característica singular, por apresentar de 55 a 60% de ácido erúcido, principal matéria-prima da cultura (FALASCA et al., 2010). O florescimento é indeterminado, e as flores têm estrutura típica de brássicas, com sistema reprodutivo misto, onde a taxa de intercruzamento varia entre 9 e 14% (VOLLMANN e RUCKENBAUER, 1991).

Essa oleaginosa vem despertando interesse dos produtores brasileiros devido a singularidade da alta produção de óleo e possibilidade de cobertura de solo. Esse óleo é muito valorizado e utilizado na fabricação de produtos farmacêuticos, cosméticos, plásticos, nylons, entre outros. De acordo com Leão-Araújo et al. (2017), o crambe gerou grande interesse dos agricultores brasileiros, por apresentar ciclo curto e ser cultivado na safrinha, na sequência de soja e milho,

utilizando-se dos mesmos maquinários agrícolas desses cultivos. Dentre suas outras vantagens, destacam-se o baixo custo de produção e a tolerância a seca e geada (PITOL 2008). Portanto, surge como opção para as áreas agricultáveis de diversas regiões do Brasil.

Segundo Pitol (2008), o crambe foi introduzido no Brasil nos anos 1990, através da Fundação Mato Grosso do Sul (Fundação MS). Em 2007, foi registrada a FMS Brilhante, a primeira e única cultivar desenvolvida no Brasil (MAPA 2020), com rendimento de grãos entre 1000 a 1500 kg ha⁻¹, considerado baixo. ‘FMS Brilhante’ apresenta ampla variabilidade fenotípica para características agrônomicas de interesse, o que tem resultado em ganhos genéticos com a seleção de plantas superiores (LARA-FIOREZE et al., 2016).

Uma das maneiras para solucionar o problema de baixa produção é a exploração da variabilidade genética na população e seleção para obtenção de cultivares mais produtivas. No melhoramento de plantas, a seleção é uma das principais ferramentas do melhorista, independentemente do tipo de método utilizado. Objetiva aumentar a frequência de alelos favoráveis que governam a expressão de características desejáveis. Entre essas características tem-se a produção de grãos, a resistência a doenças, o ciclo, etc.

As estimativas mais importantes para a confirmação da presença de variabilidade genética são a variância genética e a herdabilidade. Outro importante aspecto a ser estudado é a interação genótipos x ambientes, que pode ser entendida como a resposta diferencial de genótipos, submetidos a ambientes diferentes (ZANELLA et al., 2019).

Muitas características apresentam dificuldades na sua seleção, razão da baixa herdabilidade ou devido a problemas de medição ou identificação. Nessas situações, o conhecimento da associação entre características é de grande importância no melhoramento (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2012). Uma técnica que pode auxiliar nessa tarefa é a análise de rede de correlações (MENDONÇA et al., 2018). Outra estratégia na seleção utilizada no melhoramento é a seleção correlacionada. Essa se baseia na possibilidade da seleção para uma única característica, normalmente de mais fácil avaliação ou de maior herdabilidade. No melhoramento, diversas são as estratégias e os desafios, outro

fator que tem associação direta com a produtividade é a análise de interação genótipo x ambientes (G x A), análise responsável por selecionar genótipos de alta adaptabilidade a diferentes ambientes e de alta estabilidade produtiva.

Em resumo, são necessárias pesquisas que possibilitem a exploração do potencial do crambe, no que diz respeito ao seu melhoramento. No Capítulo 1, foram estimados os parâmetros genéticos e a interação genótipos x anos x locais e as correlações entre caracteres de crambe através de análise de trilha. No Capítulo 2, foi realizado um estudo de similaridade entre os ambientes, por meio da estratificação ambiental pelo método de Lin (1982) e foram estimadas as correlações genotípicas entre caracteres por meio de redes de correlações, as estruturas de ligação entre eles e verificou-se a viabilidade do uso de rede de correlação. No Capítulo 3, foram estimados os parâmetros de adaptabilidade e estabilidade dos genótipos, por meio das análises GGE Biplot e REML/BLUP, visando identificar genótipos adaptados e estáveis as condições ambientais de Goiás e Mato Grosso do Sul.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. Viçosa: Editora UFV, 2012. 514p.
- FALASCA, S. L.; FLORES, N.; LAMAS, M. C.; CARBALLO, S. M.; ANSCHAU, A. *Crambe abyssinica*: An almost unknown crop with a promissory future to produce biodiesel in Argentina. **International Journal of Hydrogen Energy**, v. 35, n. 11, p. 5808–5812, 2010.
- LARA-FIOREZE, A. C. C.; PIVETTA, L. G.; ZANOTTO, M. D.; OKITA, C. H. Genetic variation and gain in progenies of crambe. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 16, n. 2, p. 132–140, 2016.
- LEAO-ARAÚJO, E. F.; SANTOS, J. F.; SILVA, C. B.; MARCOS-FILHO, J.; VIEIRA, R. D. Controlled deterioration test and use of the Seed Vigor Imaging System (SVIS ®) to evaluate the physiological potential of crambe seeds. **Journal of Seed Science**, Londrina, v. 39, n. 4, p. 393-400, 2017.
- LIMA, R. N.; PAIXÃO, R. L.; MARQUES, R. B.; MALVEIRA, J. Q.; FURTINI, J. A. O.; RIOS, M. A. S. Investigaç o do potencial do talo e da palha da carna ba para utilizaç o como biocombust vel. **Mat ria (Rio de Janeiro.)**, v. 24, n. 2, p. 12-24, 2019.

LIN, C.-S. Grouping genotypes by cluster method directly related to genotype-environment interaction mean square. **Theoretical and Applied Genetics**, v. 62, p.277-280, 1982.

MAPA-**Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento**. Disponível em: http://extranet.agricultura.gov.br/php/snpc/cultivarweb/detalhe_cultivar.php?codsr=21493. Acesso em fevereiro de 2020.

MENDONÇA, M. S.; BEBER, P. M.; NASCIMENTO, F. S. S.; SANTOS, V. B.; MARINHO, J. T. Importance and correlations of characters for cowpea diversity in traditional varieties. **Revista Ciência. Agrônômica**, v. 49, n. 2, p. 267-274, 2018.

PITOL, C. **Cultura do crambe - Tecnologia e produção: milho safrinha e culturas de inverno**. Maracajú-MS, Fundação MS, p. 85–88, 2008.

VOLLMANN, J.; RUCKENBAUER, P. Estimation of outcrossing rates in crambe (*Crambe abyssinica* Hochst. Ex. R. E. Fries) using a dominant morphological marker gene. **Die Bodenkultur**, v. 42, p. 361-366, 1991.

ZANELLA, R.; MEIRA, D.; ZDZIARSKI, A. D.; BRUSAMARELLO, A. P.; OLIVEIRA, P. H.; BENIN, GIOVANI. Performance of common bean genotypes as a function of growing seasons and technological input levels. **Pesquisa Agropecuária Tropical**, Goiânia, v. 49, p. 1-10, 2019.

CAPÍTULO 1

ESTIMATIVAS DE PARÂMETROS GENÉTICOS E ANÁLISE DE TRILHA EM CRAMBE: UMA IMPORTANTE OLEAGINOSA PARA BIOCOMBUSTÍVEL

RESUMO

VASCONCELOS, Ubieli Alves Araújo, D.Sc., Universidade Federal de Viçosa, abril de 2020. **Estimativas de parâmetros genéticos e análise de trilha em crambe: Uma importante oleaginosa para o biocombustível.** Orientador: Luiz Antônio dos Santos Dias. Coorientadora: Thais Roseli Corrêa.

Crambe é uma oleaginosa cujo óleo pode ser utilizado para fins industriais diversos, inclusive para a produção de biocombustível. É uma planta de ciclo curto, não alimentar, que pode ser cultivada na safrinha de soja, usando os mesmos maquinários. O objetivo do presente trabalho foi estimar parâmetros genéticos e correlações entre caracteres de genótipos cultivados em diferentes anos, em sete locais de dois estados brasileiros. Foram utilizados os genótipos FMS Brilhante, CR 1101, CR 1102, CR 1105, CR 1202, CR 1303 e CR 1304. Foram avaliados produção de grãos (PROD), altura de plantas (ALT), diâmetro do caule (DC), altura do primeiro ramo produtivo (APRP), peso de mil sementes (PMS) e número de ramos (NR). A correlação entre os caracteres foi identificada a partir da matriz de covariância fenotípica, por análise de trilha. Com base na análise conjunta, foi observada interação genótipos x anos x locais. Verificou-se variabilidade genética para todos os caracteres, possibilitando ganhos com a seleção de genótipos. Elevados valores de herdabilidade no sentido amplo para PROD, APRP e PMS (82, 84 e 77%, respectivamente) foram verificados, com possibilidade de seleção direta sobre os mesmos. PMS e DC apresentaram os maiores efeitos diretos e altas correlações com PROD.

Palavras-chave: Melhoramento, biocombustíveis, oleaginosas, brassicaceae.

ABSTRACT

VASCONCELOS, Ubieli Alves Araújo, D.Sc., Universidade Federal de Viçosa, April, 2020. **Estimates of genetic parameters and trail analysis in crambe: An important oilseed for biofuel.** Adviser: Luiz Antônio dos Santos Dias. Co-adviser: Thais Roseli Corrêa.

Crambe is an oilseed whose oil can be used for various industrial purposes, including the production of biofuel. It is a short-cycle, non-food plant that can be grown in the soybean crop using the same machinery. The aim of the present study was to estimate genetic parameters and correlations between characters of genotypes grown in different years, in seven locations in two Brazilian states. The genotypes FMS Brilhante, CR 1101, CR 1102, CR 1105, CR 1202, CR 1303 and CR 1304 were used. Grain production (PROD), plant height (ALT), stem diameter (DC), height of the first productive branch (APRP), weight of a thousand seeds (PMS) and number of branches (NR). The correlation between the characters was identified from the phenotypic covariance matrix, by trail analysis. Based on the joint analysis, genotype x years x local interactions were observed. Genetic variability was verified for all traits, allowing gains with the selection of genotypes. High values of heritability in the broad sense for PROD, APRP and PMS (82, 84 and 77%, respectively) were verified, with the possibility of direct selection on them. PMS and DC showed the greatest direct effects and high correlations with PROD.

Keywords: breeding, biofuels, oleaginous plants, Brassicaceae.

INTRODUÇÃO

As pesquisas com plantas oleaginosas para fins industriais, em especial para a produção de biocombustíveis, vêm ganhando importância. A busca por óleos vegetais com características adequadas para esses fins tem se concentrado principalmente em espécies não alimentícias. Dentre as potenciais espécies com tal finalidade, o crambe (*Crambe abyssinica* Hochst) é uma importante oleaginosa da família Brassicaceae (DU et al., 2014) que merece destaque. O óleo extraído das suas sementes é usado na fabricação de filmes plásticos, adesivos, náilon, isolantes térmicos, inibidores de corrosão, borracha sintética, lubrificante industrial e biodiesel (SANTOS et al., 2019). Quando refinado, pode ser usado na produção de cosméticos e ceras (PITOL et al., 2010). Este óleo ainda pode ser utilizado vantajosamente para produção de biodiesel (TAVARES et al., 2017).

De acordo com Falasca et al. (2010) o crambe gerou grande interesse dos agricultores brasileiros por apresentar as vantagens de ciclo curto, tolerância a seca e geadas e ser cultivado na safrinha, tornando-se uma opção para as áreas agricultáveis do Centro-Oeste brasileiro.

Conforme Lara-Fioreze et al. (2016) trata-se de uma planta que apresenta flores hermafroditas, preferencialmente autógama, e taxas de cruzamento variando de 9 a 14%, conforme as condições ambientais (VOLLMANN e RUCKENBAUER 1993). O programa de melhoramento de crambe mais consistente encontra-se na Universidade de Dakota do Norte-EUA e visa aumentar o rendimento de grãos, os teores de óleo e de ácido erúico no óleo, bem como promover tolerância a diversas doenças (KNIGHTS 2002).

No Brasil, a planta foi introduzida na década de 1990, através da Fundação Mato Grosso do Sul (Fundação MS) (PITOL 2008). Em 2007, a primeira e única cultivar de crambe desenvolvida no país foi registrada como 'FMS Brilhante' (MAPA 2020), com rendimento de grãos considerado baixo, entre 1000 a 1500 kg ha⁻¹.

Para que um programa de melhoramento obtenha sucesso é necessário que exista variabilidade genética na população. Essa variabilidade é avaliada através das estimativas de parâmetros genéticos. As estimativas mais importantes para a confirmação da existência de variabilidade genética são a variância genética e a

herdabilidade. Associada aos estudos de parâmetros genéticos, os estudos de correlação entre caracteres são fundamentais, pois possibilitam praticar a seleção indireta para um caráter principal.

Como as relações de causa e efeito entre características primárias e secundárias, determinantes do rendimento, não são consideradas na seleção, uma maneira de se ampliar a eficiência dela é utilizar o método da análise de trilha. Essa análise é uma ferramenta muito importante que pode ser usada para se obter um entendimento detalhado das influências dos caracteres envolvidos, inclusive revelando a existência de correlações positivas e negativas e suas magnitudes baixas e altas (CREVELARI et al., 2018; SILVA et al., 2016). Essa análise também é útil para entender as mudanças que a pressão de seleção em um caráter pode desencadear em outros caracteres inter-correlacionados, o que pode resultar em modificações favoráveis e/ou desfavoráveis na população. A análise de trilha tem sido útil na determinação de critérios de seleção em várias culturas, como milho (CREVELARI et al., 2018; MATIN et al., 2017; RANI et al., 2017), soja (TEODORO et al., 2015), feijão (MENDONÇA et al., 2018) e arroz (ABREU et al., 2016), e seu uso no melhoramento do crambe é indispensável.

O objetivo deste trabalho foi estimar os parâmetros genéticos e a interação genótipos x anos x locais em crambe e as correlações entre caracteres por meio de análise de trilha.

MATERIAL E MÉTODOS

Foram utilizados dados do Programa de Melhoramento de Crambe da Fundação MS. Os experimentos foram realizados em sete locais: Maracaju-MS (lat 21° 61' 09.8" S, long 55° 13' 61.2" W, alt 384 m), Rio Verde-GO (lat 17° 49' 58.0" S, long 51° 11' 27.1" W, alt 855 m), Goiânia-GO (lat 16° 70' 56.9" S, long 49° 40' 17.2" W, alt 794 m), São Gabriel do Oeste-MS (lat 19° 37' 55.9" S, long 54° 57' 57.1" W, alt 658 m), Dourados-MS (lat 22° 23' 71.1" S, long 54° 90' 71.8" W, alt 430 m), Bom Jesus-GO (lat 17° 57' 52" S, long 49° 56' 33" W, alt 582 m) e Jataí-GO (lat 17° 88' 07.4" S, long 51° 76' 54.4" W, alt 708 m), nos anos de 2014 e 2015 e foram avaliados os genótipos FMS Brilhante, FMS CR 1101, FMS CR 1102, FMS

CR 1105, FMS CR 1202, FMS CR 1303, FMS CR 1304, todas pertencentes ao Programa de Melhoramento de Crambe da Fundação MS.

O delineamento experimental foi o de blocos casualizados, com quatro repetições, em arranjo fatorial 7 x 7 x 2. As parcelas foram formadas por 4 linhas de 10 m, espaçadas de 0,50 m, com espaçamento entre plantas de 0,20 m, totalizando 200 plantas, as duas linhas centrais correspondem à parcela útil (10 m²). A adubação de base foi realizada na linha de plantio, com 150 kg ha⁻¹ do adubo N-P-K 12-15-15, a 5 cm de profundidade.

Foram avaliadas aleatoriamente dez plantas em cada uma das duas linhas centrais de cada parcela, sendo mensurados: Produção de grãos (PROD, em kg ha⁻¹), avaliada através da produção das 20 plantas da parcela útil, sendo transformada em (em kg ha⁻¹); Altura de plantas (ALT, em cm), medida com auxílio de uma trena, sendo a distância entre a superfície do solo e o ápice da planta; Diâmetro do caule (DC, em mm), medida realizada rente ao solo, utilizando um paquímetro digita; Altura do primeiro ramo produtivo (APRP, em cm), correspondente à medida da distância entre a superfície do solo até o primeiro ramo produtivo; Peso de mil grãos (PMG, em g), determinada através da pesagem de oito sub-amostras de 100 grãos por planta; Número de ramos (NR), obtido por contagem dos ramos em cada planta.

Os dados coletados foram submetidas à análise de variância conjunta seguindo o modelo $Y_{ijkm} = \mu + g_i + a_j + l_k + (b/a)_{jkm} + ga_{ij} + gl_{ik} + al_{jk} + gal_{ijk} + e_{ijkm}$, em que: Y_{ijkm} é a observação no m-ésimo bloco, avaliado no i-ésimo genótipo, j-ésimo ano e k-ésimo local; μ é a média geral dos ensaios; g_i é o efeito aleatório do genótipo i; a_j é o efeito aleatório do ano j; l_k é o efeito aleatório do local k; $(b/a)_{jkm}$ é o efeito do bloco m dentro do ano j e local k; ga_{ij} corresponde ao efeito aleatório da interação entre o i-ésimo genótipo com o j-ésimo ano; gl_{ik} corresponde ao efeito da interação entre o i-ésimo genótipo com o k-ésimo local; al_{jk} corresponde ao efeito da interação entre o a-ésimo ano com o k-ésimo local; gal_{ijk} corresponde ao efeito da interação tripla entre i-ésimo genótipo, j-ésimo ano e k-ésimo local e e_{ijkm} é o erro aleatório associado à observação ijk. Os parâmetros genéticos foram estimados utilizando-se as seguintes expressões (ALLARD 1971):

- a. Variância genética: $\hat{\sigma}_g^2 = \frac{QM_g - QM_{ga} - QM_{gl} + QM_{gal}}{ral}$
- b. Variância ambiental: $\hat{\sigma}_e^2 = QM_e$
- c. Herdabilidade no sentido amplo, em nível de média de parcela: $\hat{h}_m^2 = \frac{\hat{\sigma}_g^2}{\hat{\sigma}_f^2}$
- d. Coeficiente de variação genética: $CV_g = \frac{\hat{\sigma}_g}{m} 100$
- e. Coeficiente de variação experimental: $CV_e = \frac{\hat{\sigma}_e}{m} 100$
- f. Razão (b): $b = \frac{CV_g}{CV_e}$

Para a análise de trilha, procedeu-se a um diagnóstico de multicolinearidade. O grau de multicolinearidade da matriz singular $X'X$, que foi estabelecido com base no número de condição (NC), é a relação entre o maior e o menor autovalor da matriz. Se $NC < 100$, a multicolinearidade é denominada fraca e não constitui impedimento para o processamento da análise de trilha. Se $100 < NC < 1000$, a multicolinearidade é considerada de moderada à forte; e se $NC > 1000$, é considerada severa (CRUZ et al., 2012). Em seguida, foi realizado o desdobramento das correlações fenotípicas, em efeitos diretos e indiretos dos caracteres ALT, DC, APRP, PMS e NR (variáveis independentes) sobre a PROD (variável dependente) por meio do modelo de análise de trilha com uma única cadeia (CRUZ et al., 2012; Wright, 1921); isso foi realizado com o sistema de equações normais $X'X\beta = X'Y$. O diagnóstico de multicolinearidade e todas as outras análises foram realizadas com o software Genes (CRUZ 2013).

RESULTADOS E DISCUSSÃO

Com base na análise conjunta de variância Tabela 1, verificou-se que os coeficientes de variação experimental variaram de 3,80 (ALT) a 8,63 (APRP), indicando boa precisão experimental (DIAS e BARROS, 2009). Houve diferenças significativas para cinco dos seis caracteres avaliados Tabela 1, o que revela a existência de variabilidade genética entre os genótipos, indicando potencial para o melhoramento da espécie. Lara-Fioze et al. (2016) relataram produção de grãos

variando de 509,87 a 1958,30 kg ha⁻¹, em teste de progênies da cultivar FMS Brilhante. A existência de variabilidade para a característica produção de grãos, envolvendo cultivares americanas e italiana foi relatada também por Fontana et al. (1998). Para a interação de genótipos x anos x locais, os valores de quadrados médios foram significativos para todas as características analisadas, de acordo com os testes F. A significância nas interações triplas implica na utilização de critérios de seleção de genótipos para anos e locais específicos.

Há relatos de ausência de variabilidade genética em crambe (LESSMAN e MEIER 1972), tanto que esses mesmos autores enfatizam a importância do cruzamento entre *C. abyssinica* e *C. hispanica* para gerar variabilidade. Entretanto, Mulder e Mastebroek (1996) mostram que as duas espécies são a mesma espécie. Neste trabalho, verificou-se ampla variabilidade genética em *C. abyssinica* a ser explorada. A explicação para a presença de expressiva variabilidade pode estar nos genótipos avaliados. Todos esses genótipos têm homozigosidade avançada, ainda que não sejam linhas puras.

Tabela 1. Resumo da análise conjunta de variância, relativa a seis caracteres avaliados em sete genótipos de crambe, cultivados em sete locais, em 2014 e 2015

Fontes de Variação	Quadrados Médios						
	GL	PROD	ALT	DC	APRP	PMS	NR
(B/L) A	42	20777,60	39,43	0,63	0,97	0,68	0,63
Genótipos(G)	6	627772,10**	2111,96*	12,61*	35,85**	31,02**	20,54
Anos (A)	1	146765,88	491,63	0,34	54,39	0,01	14,02
Locais (L)	6	836378,65**	1269,78	11,09*	78,88	67,20**	8,52
G x A	6	27860,65	239,57	3,30	1,17	1,77	7,05
G x L	36	114498,53**	548,86**	3,60**	6,22**	6,85**	7,07**
A x L	6	78018,55**	334,46**	1,51*	32,66**	1,05	10,99**
G x A x L	36	27861,34**	106,62**	1,51**	1,84**	1,42**	3,05**
Resíduo	252	11844,08	23,59	0,51	0,96	0,68	0,72
Média Geral		1441,45	127,63	11,91	11,37	10,30	12,08
CV (%)		7,55	3,80	5,99	8,63	8,02	7,06

*, ** Significativos pelo teste F, a 5 e 1% de probabilidade, respectivamente; CV: coeficiente de variação; PROD: produção de grãos (kg ha⁻¹); ALT: altura de planta (cm); DC: diâmetro do caule (mm); APRP: altura do primeiro ramo produtivo (cm); PMS: peso de mil sementes (g); NR: número de ramos.

Para PROD, DC, APRP, PMS e NR a variância ambiental foi maior que a genética (Tabela 2). No entanto, foram encontrados valores elevados de herdabilidade no sentido amplo, em nível de médias, para PROD, APRP e PMS (82, 84 e 77%, respectivamente), o que indica possibilidade da seleção direta sobre esses caracteres. Alta herdabilidade para produção de grãos (78%) foi estimada por Lara-Fioreze et al. (2016). Lessman e Meier (1972) também encontrou alta herdabilidade (88%) para o mesmo caráter. A herdabilidade permite o estudo genético do caráter, pois seu papel é preditivo, expressando a confiança do valor fenotípico como um guia para o valor genético. Portanto, se uma variável apresenta herdabilidade significativa e de boa magnitude, a seleção com base na mesma é confiável (RESENDE 2002).

A razão *b*, indicadora de variabilidade genética na população, para os caracteres PROD, ALT, APRP e PMS foi de 0,87; 1,04; 0,74 e 0,78, respectivamente, valores próximos a 1,00 ou até acima. Segundo Vencovsky (1987), quando *b* apresenta valor igual ou superior a 1,00 a situação é favorável a seleção genética, em se tratando de caracteres avaliados em progênies de milho. Por analogia, as estimativas de *b*, aliadas as estimativas de herdabilidades obtidas aqui para crambe, sugerem uma condição favorável à seleção. Também é possível que os sete genótipos avaliados aqui não sejam linhas puras. Isso pode ser verificado pelos maiores valores do coeficiente de variação ambiental do que, os coeficientes de variação genética observados para cinco das seis características avaliadas (Tabela 2).

Tabela 2. Estimativas de parâmetros genéticos de seis caracteres avaliados em sete genótipos de crambe, cultivados em sete locais, em 2014 e 2015

Estimativas	Características*					
	PROD	ALT	DC	APRP	PMS	NR
$\hat{\sigma}_g^2$	9165,61	25,53	0,13	0,54	0,42	0,17
$\hat{\sigma}_e^2$	11844,08	23,59	0,51	0,96	0,68	0,72
\hat{h}_m^2	0,82	0,67	0,57	0,84	0,77	0,46
CV _g	6,57	3,95	3,01	6,46	6,32	3,40
CV _e	7,55	3,79	6,02	8,73	8,10	7,08
<i>b</i>	0,87	1,04	0,50	0,74	0,78	0,48

PROD: produção de grãos (kg ha⁻¹); ALT: altura de planta (cm); DC: diâmetro do caule (mm); APRP: altura do primeiro ramo produtivo (cm); PMS: peso de mil sementes (g); NR: número de ramos.

Para constatar os efeitos diretos e indiretos da análise de trilha, é necessário que a matriz $X'X$ seja bem condicionada. A presença de multicolinearidade em $X'X$ pode torná-la singular e, conseqüentemente, inviabilizar as estimativas de quadrados mínimos (CRUZ et al., 2012). O diagnóstico da multicolinearidade da matriz de correlações fenotípicas indicou NC entre 100 e 1000, caracterizando moderada a forte multicolinearidade. A exclusão do caractere ALT eliminou o problema de multicolinearidade na matriz de correlação fenotípica e viabilizou as análises de trilha.

Pelos resultados da análise de trilha (Tabela 3), nota-se que o caractere PMS apresentou alta correlação positiva (0,9485) e efeito direto moderado (0,5936) com PROD, indicando que a seleção para este caractere pode proporcionar ganhos satisfatórios na produtividade de grãos. Já para DC, o coeficiente de correlação foi alto (0,9132) e seu efeito direto foi de 0,5089, mas o efeito indireto de PMS foi o que mais contribuiu (0,5297). Resultado semelhante de correlação alta e positiva (0,8728) e efeito direto baixo e negativo (-0,2118) foi observado para NR. Contudo, o efeito indireto via PMS foi moderado e positivo (0,5189). Nestes casos, a melhor estratégia pode ser a seleção simultânea de caracteres, com ênfase naqueles cujos efeitos indiretos são maiores e positivos, ou seja, uma seleção indireta via PMS.

Quanto à APRP, o coeficiente de correlação foi positivo e moderado (0,5498), embora seu efeito direto mostrou-se baixo (0,2608), ainda que maior que os efeitos indiretos. Silva et al. (2014), estudando correlação entre caracteres de crambe, também observaram alta correlação entre número de ramos e massa de mil gramas (0,9855). De acordo com Falconer (1987), correlações positivas demonstram a ocorrência de pleiotropismo ou desequilíbrio de ligação gênica entre pares de caracteres, favorecendo a seleção simultânea de dois ou mais caracteres, pela seleção em apenas um deles.

Os cinco caracteres estudados diferiram em seu grau de influência direta sobre a produção de grãos. Entre eles, PMS foi o que teve efeito direto positivo e relativamente alto, indicado pela presença de causa e efeito, correlação alta e razão b igual ou superior a 1. PMS está relacionado a ganhos na produtividade de grãos de crambe, ou seja, seleção para incremento do peso de semente, acarreta aumento na produtividade. Por sua vez, o caractere DC pode ser considerado secundário na influência sobre a produtividade. Os caracteres incluídos na análise de trilha explicam satisfatoriamente o comportamento ou variação da produtividade de grãos do crambe, visto que o coeficiente de determinação foi alto (0,9863) e o efeito residual baixo (0,1168).

Tabela 3. Estimativas dos efeitos direto e indireto, que envolveram a característica principal dependente produtividade de grãos (PROD) e as independentes explicativas como diâmetro do caule (DC), altura do primeiro ramo produtivo (APRP), peso de mil sementes (PMS) e número de ramos (NR)

Características	Efeitos de associação	Estimativa¹
DC	Direto sobre PROD	0,5089
	Indireto via APRP	0,0789
	Indireto via PMS	0,5297
	Indireto via NR	-0,2043
	Total	0,9132
APRP	Direto sobre PROD	0,2608
	Indireto via DC	0,1540
	Indireto via PMS	0,1955
	Indireto via NR	-0,0606
	Total	0,5498
PMS	Direto sobre PROD	0,5936
	Indireto via DC	0,4540
	Indireto via APRP	0,0859
	Indireto via NR	-0,1851
	Total	0,9485
NR	Direto sobre PROD	-0,2118
	Indireto via DC	0,4909
	Indireto via APRP	0,0747
	Indireto via PMS	0,5189
	Total	0,8728
¹ Coeficiente de determinação R ²		0,9863
Efeito residual		0,1168

CONCLUSÕES

Os genótipos FMS brilhante, FMS CR 1101, FMS CR 1102, FMS CR 1105, FMS CR 1202, FMS CR 1303, FMS CR 1304 apresentam variabilidade genética expressiva e oferecem possibilidades de ganhos genéticos no melhoramento de crambe.

Os caracteres PMS e DC têm efeito direto sobre produção de grãos do crambe, enquanto NR tem efeito direto negativo sobre ela, mas um forte efeito indireto via DC e PMS.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

ABREU, H. K. A.; TEODORO, P. E.; ANDRÉA PANTALEÃO, A.; CORREA, A. M. Genetic parameters, correlations and path analysis in upland rice genotypes. **Bioscience Journal**, v. 32, n. 2, p. 354-360, 2016.

CREVELARI, J. A.; DURÃES, N. N. L.; BENDIA, L. C. R.; VETTORAZZI, J. C. F.; ENTRINGER, G. C.; FERREIRA JÚNIOR, J. A.; PEREIRA, M. G. Correlations between agronomic traits and path analysis for silage production in maize hybrids. **Bragantia**, v. 77, n. 2, p. 243-252, 2018.

CRUZ, C. D. GENES - a software package for analysis in experimental statistics and quantitative genetics. **Acta Scientiarum**, v. 35, n. 3, p. 271-276, 2013.

CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J.; CARNEIRO, P. S. C. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. Viçosa: UFV. 514p. 2012.

DIAS, L. A. S.; BARROS, W. S. **Biometria experimental**. Viçosa, MG: Suprema, 408p, 2009.

DU, X. Z.; HUANG, B. L.; GUAN, H.; LI, Z. Y.; HUANG, B. Q. Production and genetic characterization of interspecific hybrids among *Crambe abyssinica*, *Crambe hispanica* and *Crambe kralikii*. **Genetics and Molecular Research**, v. 13, n. 3, p. 6995-7005, 2014.

FALASCA, S. L.; FLORES, N.; LAMAS, M. C.; CARBALLO, S. M.; ANSCHAU, A. *Crambe abyssinica*: An almost unknown crop with a promissory future to produce biodiesel in Argentina. **Internacional Journal Hydrogen Energy**, v. 35, n. 11, p. 5808-5812, 2010.

FALCONER, D. S. **Introdução à genética quantitativa**. Viçosa, MG: Imprensa Universitária, 279p, 1987.

FONTANA, F.; LAZZERI, L.; MALAGUTI, L.; GALLETI, S. Agronomic characterization of some *Crambe abyssinica* genotypes in a locality of the Po Valley. **European Journal of Agronomy**, v. 9, n. 2, p. 117-126, 1998.

KNIGHTS, E. G. **Crambe: A North Dakota case study. a report for the rural industries research and development corporation**. Kingston, Publicação RIRDC, 25p, 2002.

LARA-FIOREZE, A. C. C.; PIVETTA, L. G.; ZANOTTO, M. D.; OKITA, C. H. Genetic variation and gain in progenies of crambe. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 16, n. 2, p. 132-140, 2016.

LESSMAN, K. J.; MEIER, V. D. Agronomic evaluation of crambe as a source of oil. **Crop Science**, v. 12, n. 1, p. 224-227, 1972.

MAPA-Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento. Disponível em: http://extranet.agricultura.gov.br/php/snpc/cultivarweb/detalhe_cultivar.php?codsr=21493. Acesso em fevereiro de 2020.

MATIN, M. Q. I.; UDDIN, M. S.; ROHMAN, M. M.; AMIRUZZAMAN, M.; AZAD, A. K.; BANIK, B. R. Genetic variability and path analysis studies in hybrid maize (*Zea mays* L.). **American Journal of Plant Sciences**, v. 8, n.1, p. 3101-3109, 2017.

MENDONÇA, M. S.; BEBER, P. M.; NASCIMENTO, F. S. S.; SANTOS, V. B.; MARINHO, J. T. Importance and correlations of characters for cowpea diversity in traditional varieties. **Revista Ciência. Agrônômica**, v. 49, n. 2, p. 267-274, 2018.

- MULDER, J. H.; MASTEBROEK, H.D. Variation for agronomic characteristics in *Crambe hispanica*, a wide relative of *Crambe abyssinica*. **Euphytica**, v. 89, n. 1, p. 267–278, 1996.
- PITOL, C. Cultura do crambe. In PITOL, C. (Ed.). **Tecnologia e produção: Milho safrinha e culturas de inverno**. Maracajú, MS: Fundação MS, 2008. p. 85-88.
- RANI, G. U.; RAO, V. S.; AHMAD, M. L.; RAO, N. Character association and path coefficient analysis of grain yield and yield components in maize (*Zea mays* L.). **International Journal of Current Microbiology and Applied Sciences**, v. 6, n. 12, p. 4044-4050, 2017.
- RESENDE, M. D.V. **Genética Biométrica e Estatística no Melhoramento de Plantas Perenes**. Brasília: Embrapa Informação Tecnológica, Colombo: Embrapa Florestas, 975p, 2002.
- SANTOS, S. S.; BIAGGIONI, M. A. M.; MONTEIRO, I. M. C.; SARTORI, M. M. P.; BRANDÃO, F. J. B. Storage potential of peeled crambe for oil quality. **Engenharia Agrícola**, Jaboticabal, v. 39, n. 4, p. 518-523, 2019.
- SILVA, F. A.; TEODORO, P. E.; CASOTI, G. S.; CORREA, C. G.; RIBEIRO, L. P.; TORRES, F. E. Correlações e parâmetros genéticos em crambe cultivado em diferentes arranjos espaciais. **Revista de Ciências Agrárias**, v. 37, n. 4, p. 441-446, 2014.
- SILVA, T. N.; MORO, G. V.; MORO, F. V.; SANTOS, D. M. M.; BUZINARO, R. Correlation and path analysis of agronomic and morphological traits in maize. **Revista Ciência Agronômica**, v. 47, n. 2, p. 351-357, 2016.
- TAVARES, G. R.; MASSA, T. B.; GONÇALVES, J. E.; SILVA, C.; SANTOS, W. D. Assessment of ultrasound-assisted extraction of crambe seed oil for biodiesel synthesis by *in situ* interesterification. **Renewable Energy**, v. 111, n.1, p. 659-665, 2017.
- TEODORO, P. E.; RIBEIRO, L. P.; CORRÊA, C. C. G.; LUZ JÚNIOR, R. A. A.; SANTOS Z. A.; CAPRISTO, D. P.; TORRES, F. E. Path analysis in soybean genotypes as function of growth habit. **Bioscience Journal**, v. 31, n. 3, p. 794-799, 2015.
- VENCOVSKY, R. Herança quantitativa. In: PATERNIANI, E. (Ed.). **Melhoramento e produção de milho no Brasil**. 2. ed. Campinas: Fundação Cargil, 1987. cap.3, p.122-201.
- VOLLMANN, J.; RUCKENBAUER, P. Agronomie performance and oil quality of crambe as affected by genotype and environment. **Die Bodenkultur**, v. 44, n. 1, p. 335-343, 1993.
- WRIGHT, S. Correlation and causation. **Journal of Agricultural Research**, v. 20, n. 7, p. 557-585, 1921.

CAPÍTULO 2

ESTRATIFICAÇÃO DE AMBIENTES E REDES DE CORRELAÇÕES GENOTÍPICAS ENTRE CARACTERES DE CRAMBE

RESUMO

VASCONCELOS, Ubieli Alves Araújo, D.Sc., Universidade Federal de Viçosa, abril de 2020. **Estratificação de ambientes e redes de correlações genotípicas entre caracteres de crambe.** Orientador: Luiz Antônio dos Santos Dias. Coorientadora: Thais Roseli Corrêa.

O Crambe (*Crambe abyssinica Hochst*) é uma oleaginosa importante como matéria-prima para produção de biodiesel e outros produtos, pois suas sementes apresentam alto teor de óleo (34% a 38%), em processo de melhoramento. Métodos que minimizem o efeito da interação genótipo x ambiente são importantes no melhoramento a fim de identificar ambientes em que os genótipos apresentem padrão de resposta e baixo efeito da interação. Outro fator de grande relevância no melhoramento é o conhecimento de associações entre caracteres relacionados a produção de grãos. Para auxiliar o estudo de relação entre caracteres, a análise de rede de correlações apresenta-se como adequada. Os objetivos deste trabalho foram estudar a similaridade entre os ambientes, por meio da estratificação ambiental e estimar as correlações genotípicas entre caracteres por meio de redes de correlações e determinar estruturas de ligação entre elas e assim viabilizar o uso de rede de correlação no melhoramento da espécie. A partir de sete genótipos cultivados em sete locais de Mato Grosso do Sul e Goiás, em 2014 e 2015, totalizando 14 ambientes. Processou-se o agrupamento de ambientes com base no algoritmo de Lin (1982), a partir da produção de grãos. Em seguida foi realizada a análise de rede de correlação, sendo avaliadas seis caracteres agronômicos distribuídos em três grupos: produção, vegetativo e crescimento, para a obtenção da rede de correlação. As matrizes de correlação genotípica foram analisadas através da criação de uma rede de correlação. A espessura das linhas foi determinada aplicando-se um valor de corte igual a 0.6. Dos 14 ambientes analisados, o algoritmo de Lin (1982) identificou a formação de quatro grupos de onde a interação genótipo x ambiente foi não-significativa. O primeiro grupo se destacou por agrupar o maior número de ambientes (42,8% deles). Já a análise de rede de correlação,

conseguiu verificar que os padrões de correlação foram facilmente identificados com a técnica proposta. Nos genótipos avaliados foi identificado que os grupos de produção e vegetativo estão correlacionados genotipicamente para aumentar a produtividade de grãos, com valor superior a 0,6. A metodologia de estratificação de ambientes de Lin (1982) demonstrou eficiência na redução dos 14 ambientes em 4 grupos de ambientes com condições semelhantes e a técnica de rede de correlações se mostrou eficiente, podendo ser utilizada na tomada de decisões em programas de melhoramento de crumbe.

Palavras-chave: Produção, associação entre caracteres, seleção.

ABSTRACT

VASCONCELOS, Ubieli Alves Araújo, D.Sc., Universidade Federal de Viçosa, April, 2020. **Stratification of environments and networks of genotypic correlations between crambe characters.** Luiz Antônio dos Santos Dias. Co-adviser: Thais Roseli Corrêa.

Crambe (*Crambe abyssinica* Hochst) is an important oilseed as a raw material for the production of biodiesel and other products, as its seeds have a high oil content (34% to 38%), in the process of improvement. Studies that minimize the effect of the genotype x environment interaction are important in the improvement in order to identify environments in which the genotypes show a response pattern and a low effect of the genotype x environment interaction is necessary. Another factor of great relevance in the improvement is the knowledge of associations between characters related to grain production. To assist in the study of the relationship between characters, the correlation network analysis is presented as adequate. The objectives of this work were to study the similarity between environments, by means of environmental stratification and to estimate the genotypic correlations between characters by means of correlation networks and to determine connection structures between them and thus make possible the use of correlation networks in the improvement of the species. From seven genotypes grown in seven locations in Mato Grosso do Sul and Goiás, in 2014 and 2015, totaling 14 environments. The grouping of environments was carried out based on Lin (1982) algorithm based on the characteristic grain production. Then, the correlation network analysis was performed, being evaluated six agronomic characters distributed in three groups: production, vegetative and growth, to obtain the correlation network. The genotypic correlation matrices were analyzed by creating a correlation network. The thickness of the lines was determined by applying a cutoff value equal to 0.6. Of the fourteen environments analyzed, Lin algorithm (1982) identified the formation of four groups of environments where the genotype x environment interaction is not significant, where the first group stands out for grouping the largest number of environments, indicating a proportion of 42, 8% of total environments. The correlation network analysis, on the other hand, was able to verify that the correlation patterns were easily identified with the proposed technique. In the evaluated genotypes it was identified that the production and vegetative groups are genotypically correlated to increase grain yield, with a value greater than 0.6. Lin (1982) environment stratification methodology

demonstrated efficiency in reducing the 14 environments into 4 groups of environments with similar conditions and the correlation network technique proved to be efficient and can be used in decision making in crambe improvement programs.

Key words: Yield, association among traits, selection.

INTRODUÇÃO

A interação genótipo x ambiente (GxA) tem inúmeras implicações para os programas de melhoramento. Dessa forma, a avaliação de genótipos precisa ser conduzida em diferentes condições climáticas, edáficas e de manejo de culturas, o que torna essa etapa uma das mais trabalhosas e onerosas.

Procedimentos de estratificação ambiental são feitos para verificar se informações geradas em diferentes locais de avaliação são complementares ou redundantes (PEREIRA et al., 2010). A análise de estratificação ambiental possibilita tomar decisões acerca de descartes de ambientes, quando há problemas técnicos ou escassez de recursos, e identificar grupos de ambientes onde a interação G x A pode não ser significativa para o conjunto de genótipos disponíveis. Com o objetivo de formar grupo que minimizem a interação G x A, a metodologia do algoritmo de Lin (1982), consiste em estimar a soma de quadrados da interação entre cultivares e pares de ambientes, seguido do agrupamento daqueles ambientes cuja interação é não-significativa. O método prossegue com a estimação da soma de quadrados entre genótipos e grupos de três ambientes, sendo empregado o teste F para se avaliar a possibilidade de formação de novo grupo (CRUZ et al., 2012). Na literatura, é possível encontrar diversos trabalhos que utilizaram essa metodologia para encontrar grupos de ambientes que minimizem a interação GxA (CARVALHO et al., 2013; RIBEIRO e ALMEIDA, 2011).

Nos programas de melhoramento, o conhecimento das relações entre caracteres, tal como estimadas por correlações, é de grande importância, pois possibilita informações importantes ao melhorista no processo de seleção (CARVALHO et al., 2019). As correlações podem ter natureza fenotípica, genotípica ou ambiental, de modo que, apenas as correlações genotípicas são de interesse, pois estas associações são de natureza herdável. De acordo com Smiderle et al. (2019), a correlação genética é devido a duas causas: pleiotropia, de caráter permanente, e a ligação gênica, de caráter temporário.

Em crambe um dos principais caracteres de interesse agrônômico é a produtividade de grãos. Contudo, outros caracteres como altura de planta, altura do primeiro ramo produtivo, diâmetro do caule, número de ramo e peso de mil sementes, entre outros, devem ser levados em consideração. Por sua vez, o conhecimento da correlação entre caracteres possibilita praticar a seleção indireta para um caráter principal. Todavia, Silva et al. (2016) relatam dificuldades nas análises de dados de melhoramento, como o

surgimento de grandes matrizes de correlação computadas para os estudos fenotípicos e genotípicos.

Uma técnica que pode auxiliar os programas de melhoramento, é a análise de rede de correlações. De acordo com Epskamp et al. (2012), o sistema visual humano é capaz de processar naturalmente informações multidimensionais. Por exemplo, consegue-se imediatamente detectar padrões sugestivos em um gráfico de dispersão, enquanto esses mesmos padrões são impossíveis de visualizar quando os dados são representados numericamente em uma matriz. Alves et al. (2018) afirmam que a análise de rede, para a representação de um grande conjunto de informações, é mais clara e fácil.

Na análise de rede de correlação as variáveis são conectadas por linhas, sendo representadas por nós, onde cada linha contém um peso indicando a força da correlação. Quanto mais forte a correlação entre duas variáveis, mais espessa é a linha que interliga a rede. Segundo Epskamp et al. (2012), a intensidade das correlações é dependente do comprimento das linhas, de forma que as linhas mais curtas indicam correlações mais fortes, demonstrando, assim, como as variáveis se agrupam. Esse tipo de análise já foi utilizada em diversas áreas, onde os sistemas são complexos, como na saúde (SABA et al., 2014), ciência de alimentos (MONFORTE et al., 2015), biologia (URSEM et al., 2008, PEARCE et al., 2015), finanças (KUMAR e DEO 2012) e no melhoramento de pimenteiros (SILVA et al., 2016). Entretanto, não foi encontrado nenhum trabalho utilizando esta técnica no melhoramento de crambe.

Diante do exposto, o objetivo deste trabalho foi estudar a similaridade entre os ambientes, por meio da estratificação ambiental pelo método de Lin (1982), e determinar as correlações genotípicas entre caracteres agronômicos por meio de redes de correlações, as estruturas de ligação entre eles e verificar a viabilidade do uso de rede de correlação no melhoramento de crambe.

MATERIAL E MÉTODOS

Foram utilizados dados do Programa de Melhoramento de Crambe da Fundação MS. Os experimentos foram realizados nos anos de 2014 e 2015 nas cidades de Maracaju-MS, Rio Verde-GO, Goiânia-GO, São Gabriel do Oeste-MS, Dourados-MS, Bom Jesus-GO e Jataí-GO, foram avaliados os genótipos FMS Brilhante, FMS CR 1101, FMS CR 1102, FMS CR 1105, FMS CR 1202, FMS CR 1303, FMS CR 1304, todas pertencentes ao Programa de Melhoramento de Crambe da Fundação MS.

Tabela 1. Altitude, latitude e longitude dos ensaios de genótipos de crambe em Goiás e Mato Grosso do Sul

Amb	Local	Ano	Alt (m)	Latitude	Longitude	Bioma	Solo	Clima	T(°C)	P.A. (mm)
A1	Maracaju	2014	384	21°61'09.8"S	55°13'61.2"W	Cerrado	Latossolo	AW	23.4	425
A2	Rio Verde	2014	855	17°49'58.0"S	51°11'27.1"W	Cerrado	Latossolo	AW	23.3	387
A3	Goiânia	2014	794	16°70'56.9"S	49°40'17.2"W	Cerrado	Latossolo	AW	23.1	417
A4	São Gabriel do Oeste	2014	658	19°37'55.9"S	54°57'57.1"W	Cerrado	Latossolo	AW	23.5	387
A5	Dourados	2014	430	22°23'71.1"S	54°90'71.8"W	Cerrado	Latossolo	AM	23.8	347
A6	Bom Jesus	2014	582	17°57'52.0"S	49°56'33.0"W	Cerrado	Latossolo	AW	25.1	406
A7	Jatai	2014	708	17°88'07.4"S	51°76'54.4"W	Cerrado	Latossolo	AW	24.9	432
A8	Maracaju	2015	384	21°61'09.8"S	55°13'61.2"W	Cerrado	Latossolo	AW	23.0	394
A9	Rio Verde	2015	855	17°49'58.0"S	51°11'27.1"W	Cerrado	Latossolo	AW	23.1	378
A10	Goiânia	2015	794	16°70'56.9"S	49°40'17.2"W	Cerrado	Latossolo	AW	23.1	407
A11	São Gabriel do Oeste	2015	658	19°37'55.9"S	54°57'57.1"W	Cerrado	Latossolo	AW	23.3	394
A12	Dourados	2015	430	22°23'71.1"S	54°90'71.8"W	Cerrado	Latossolo	AM	23.5	367
A13	Bom Jesus	2015	582	17°57'52.0"S	49°56'33.0"W	Cerrado	Latossolo	AW	24.8	421
A14	Jatai	2015	708	17°88'07.4"S	51°76'54.4"W	Cerrado	Latossolo	AW	24.2	421

* Amb: Ambiente; Alt: Altitude; T: Temperatura.

O delineamento experimental foi o de blocos casualizados, com quatro repetições. As parcelas foram formadas por 4 linhas de 10 m, espaçadas de 0,50 m, com espaçamento entre plantas de 0,20 m, totalizando 200 plantas, as duas linhas centrais correspondem à parcela útil (10 m²). A adubação de base foi realizada na linha de plantio, com 150 kg ha⁻¹ do adubo N-P-K 12-15-15, a 5 cm de profundidade.

Foram avaliadas aleatoriamente dez plantas em cada uma das duas linhas centrais de cada parcela, sendo mensurados: Produção de grãos (PROD, em kg ha⁻¹), avaliada através da produção das 20 plantas da parcela útil, sendo transformada em (em kg ha⁻¹); Altura de plantas (ALT, em cm), medida com auxílio de uma trena, sendo a distância entre a superfície do solo e o ápice da planta; Diâmetro do caule (DC, em mm), medida realizada rente ao solo, utilizando um paquímetro digita; Altura do primeiro ramo produtivo (APRP, em cm), correspondente à medida da distância entre a superfície do solo até o primeiro ramo produtivo; Peso de mil grãos (PMG, em g), determinada através da pesagem de oito sub-amostras de 100 grãos por planta; Número de ramos (NR), obtido

por contagem dos ramos em cada planta. Em seguida estas características foram agrupadas em três componentes agrônômicos: Produção (PROD e PMG), Vegetativo (ALT e DC) e Crescimento (ARP e NR).

Os dados coletados foram submetidas à análise de variância conjunta seguindo o modelo $Y_{ijkm} = \mu + g_i + a_j + l_k + (b/a)_{jkm} + ga_{ij} + gl_{ik} + al_{jk} + gal_{ijk} + e_{ijkm}$, em que: Y_{ijkm} é a observação no m-ésimo bloco, avaliado no i-ésimo genótipo, j-ésimo ano e k-ésimo local; μ é a média geral dos ensaios; g_i é o efeito aleatório do genótipo i; a_j é o efeito aleatório do ano j; l_k é o efeito aleatório do local k; $(b/a)_{jkm}$ é o efeito do bloco m dentro do ano j e local k; ga_{ij} corresponde ao efeito aleatório da interação entre o i-ésimo genótipo com o j-ésimo ano; gl_{ik} corresponde ao efeito da interação entre o i-ésimo genótipo com o k-ésimo local; al_{jk} corresponde ao efeito da interação entre o a-ésimo ano com o k-ésimo local; gal_{ijk} corresponde ao efeito da interação tripla entre i-ésimo genótipo, j-ésimo ano e k-ésimo local e e_{ijkm} é o erro aleatório associado à observação ijk m.

A análise de estratificação de ambientes foi realizada segundo o método de agrupamento de ambientes com base no algoritmo de Lin (1982), que consiste em estimar a soma de quadrado para a interação entre genótipos e pares de ambientes cuja interação é não-significativa. A característica agrônômica considerada nessa análise foi a produção de grãos, em virtude de sua importância nos programas de melhoramento.

Com base nos componentes de variância e nos componentes quadráticos da análise conjunta foram obtidas a matriz de correlação genotípica (r_g) por meio do estimador

$rg = Cov_{g(X,Y)} / \sqrt{\hat{\phi}_{g(X)}\hat{\phi}_{g(Y)}}$, em que $Cov_{g(X,Y)}$ é a covariância genética entre os caracteres X e Y nos dois anos e $\hat{\phi}_{g(X)}$ e $\hat{\phi}_{g(Y)}$ correspondem aos componentes quadráticos da variação genética dos caracteres X e Y, respectivamente.

As matrizes de correlação foram analisadas através da criação de uma rede de correlação. A espessura das linhas foi determinada aplicando-se um valor de corte igual a 0.6, o que significa que apenas $|r_{ij}| \geq 0.6$ têm suas bordas em destaque. Correlações positivas coloridas em verde escuro indicam a tendência de uma variável aumentar quando a outra aumenta. Correlações negativas coloridas de vermelho indicam tendência de uma variável aumentar enquanto a outra diminui. Todas as análises foram processadas no software Genes (CRUZ 2013).

RESULTADOS E DISCUSSÃO

O resumo da análise de variância conjunta dos experimentos está apresentado na Tabela 2. Verifica-se diferença significativa entre média de genótipos, variância significativas entre locais, diferença significativa entre genótipos e locais (G x L), entre anos e locais (A x L) e, variância significativa da interação genótipos x anos x locais (G x A x L). Efeito significativo de genótipos na presença de interação (G x A x L), evidencia elevada variabilidade entre os genótipos avaliados. Já os efeitos significativos das interações anos x locais (A x L) e genótipo x locais (G x L) possibilitam concluir que os experimentos foram conduzidos em ambientes que apresentam variação suficiente para discriminar os genótipos estudo. E o efeito significativo da interação (G x A x L) indica que os genótipos apresentaram comportamento diferencial ao longo dos ambientes, ou seja, ocorreram trocas de posição relativa dos genótipos ou diferença na magnitude de resposta da produção de grãos em função da variação de ambientes.

De acordo com Cruz et al. (2012), diferentes estratégias têm sido adotadas para contornar os inconvenientes proporcionados pela interação genótipos x ambiente na fase de recomendação de genótipos. Uma delas é a estratificação dos ambientes em grupos, de modo, que a interação G x A nestes subgrupos seja não-significativa. Nesse caso, a recomendação de genótipo seria para cada um dos possíveis subgrupos formados.

Tabela 2. Resumo da análise conjunta de variância da produção de grãos, envolvendo sete genótipos de crambe, cultivados em sete locais, em 2014 e 2015

Fontes de Variação	GI	QM
(B/L)/A	42	20777,60
Genótipos(G)	6	627772,10**
Anos (A)	1	146765,88
Locais (L)	6	836378,65**
G x A	6	27860,65
G x L	36	114498,53**
A x L	6	78018,55**
G x A x L	36	27861,34**
Resíduo	252	11844,08
Média Geral	1441,45	
CV (%)	7,55	

** Significativos pelo teste F a 1% de probabilidade; CV: coeficiente de variação.

A Tabela 3 apresenta os grupos de ambientes, cuja interação GxA foi não-significativa. Esse método de agrupamento é baseado no algoritmo de Lin (1982) e forma

grupos mutuamente exclusivos. Verifica-se que os 14 ambientes analisados foram particionados em quatro grupos (Tabela 3). Os ambientes Goiânia (2014), Maracaju (2014) e Rio Verde (2014) agruparam-se com os ambientes Goiânia (2015), Maracaju (2015) e Rio Verde (2015), formando, assim, o primeiro grupo, cuja interação GxA foi não significativa e se destacaram por agrupar o maior número de ambientes (42,8% deles). Uma justificativa para esse agrupamento seria as condições semelhantes de amplitude térmica e disponibilidade de água, durante o período do experimento.

Já o segundo grupo, foi formado por Jataí (2014), Dourados (2014), Jataí (2015), Dourados (2015) e Bom Jesus (2015). O terceiro grupo foi formado por São Gabriel do Oeste nos anos de 2014 e 2015, e o quarto grupo formado pelos ambientes Dourados (2014) e Bom Jesus (2014). Peluzio et al. (2012) relatam que nos ambientes classificados no mesmo grupo, a resposta dos genótipos é similar, podendo reduzir tais ambientes a somente um, escolhendo o mais conveniente a cada situação, em avaliações futuras. Verificou-se eficiência na metodologia de Lin (1982) para redução do número de ambientes. Esses resultados mostram que certas condições ambientais foram realmente distintas, ou seja, se converteram nos principais fatores da separação dos ambientes.

Tabela 3. Agrupamento dos ambientes de avaliação de genótipos de crambe, com base na interação GxA não-significativa, conforme Lin (1982), em 14 ambientes

Grupos	Ambientes	Fcal	Ftab
1	Goiânia (2014), Maracaju (2014), Rio Verde (2014), Rio Verde (2015), Goiânia (2015) e Maracaju (2015).	1,10	1,56
2	Jataí (2014), Dourados (2014), Dourados (2015), Bom Jesus (2015) e Jataí (2015)	1,30	1,56
3	São Gabriel do Oeste (2014) e São Gabriel do Oeste (2015)	0,63	1,56
4	Dourados (2014) e Bom Jesus (2014)	1,68	1,79

Fcal: valor de F calculado; Ftab: valor de F tabelado, ambos à 5% de probabilidade.

Outra estratégia de grande relevância no processo de melhoramento de planta é o estudo da associação entre caracteres, medida por coeficiente de correlação, nos programas de melhoramento, principalmente quando a seleção de um caráter é difícil. De acordo com Kuster et al. (2018), nos estudos de correlações três aspectos são fundamentais: a magnitude, a direção e a significância. A rede construída com as correlações genotípicas referentes aos componentes agronômicos de produção, vegetativo e de crescimento de genótipos de crambe, é mostrada na Figura 1, não tendo sido observada correlação negativa entre os componentes avaliados.

Foi observado o agrupamento com altas correlações com a produção de grãos (PROD) (Figura 1). Com exceção de altura do primeiro ramo produtivo (ARP), todas as características apresentaram fortes correlações genótípicas entre si. A característica ARP apresentou correlação acima de 0,6 apenas com altura de plantas (ALT). Cargnelutti Filho et al. (2011) também encontraram correlações positivas acima de 0,6 entre PROD e NR, e ALT. Essa alta correlação demonstra uma provável associação entre estes caracteres, uma vez que plantas mais altas apresentaram maior quantidade de ramos e conseqüentemente maior produtividade. Plantas com elevado número de ramos tendem a ter maior taxa fotossintética, devido ao maior número de folhas.

Da mesma forma, as correlações positivas entre diâmetro do caule (DC) e produção de grãos (PROD), produção de grãos (PROD) e peso de mil grãos (PMG) são importante, pois espera-se que essas plantas com alta produção possuam um DC alto, apresentando assim, maior número de vasos condutores e garantindo o transporte e a distribuição de fotoassimilados ao longo da planta. Espera-se ainda que possam também garantir a sustentação para que não haja acamamento. Plantas com elevada PROD tendem a apresentar alto PMG, pois é esperado que estas sementes apresentem maiores volumes de óleo. Silva et al. (2014) encontraram correlações genótípicas altas e positivas entre AP e NR, AP e PMG e correlações baixas entre NR e PMG. Smiderle et al. (2019) relatam que correlações positivas demonstram a ocorrência de pleiotropismo ou desequilíbrio de ligação gênica entre pares de caracteres, favorecendo assim a seleção simultânea de dois ou mais deles, pela seleção em apenas um.

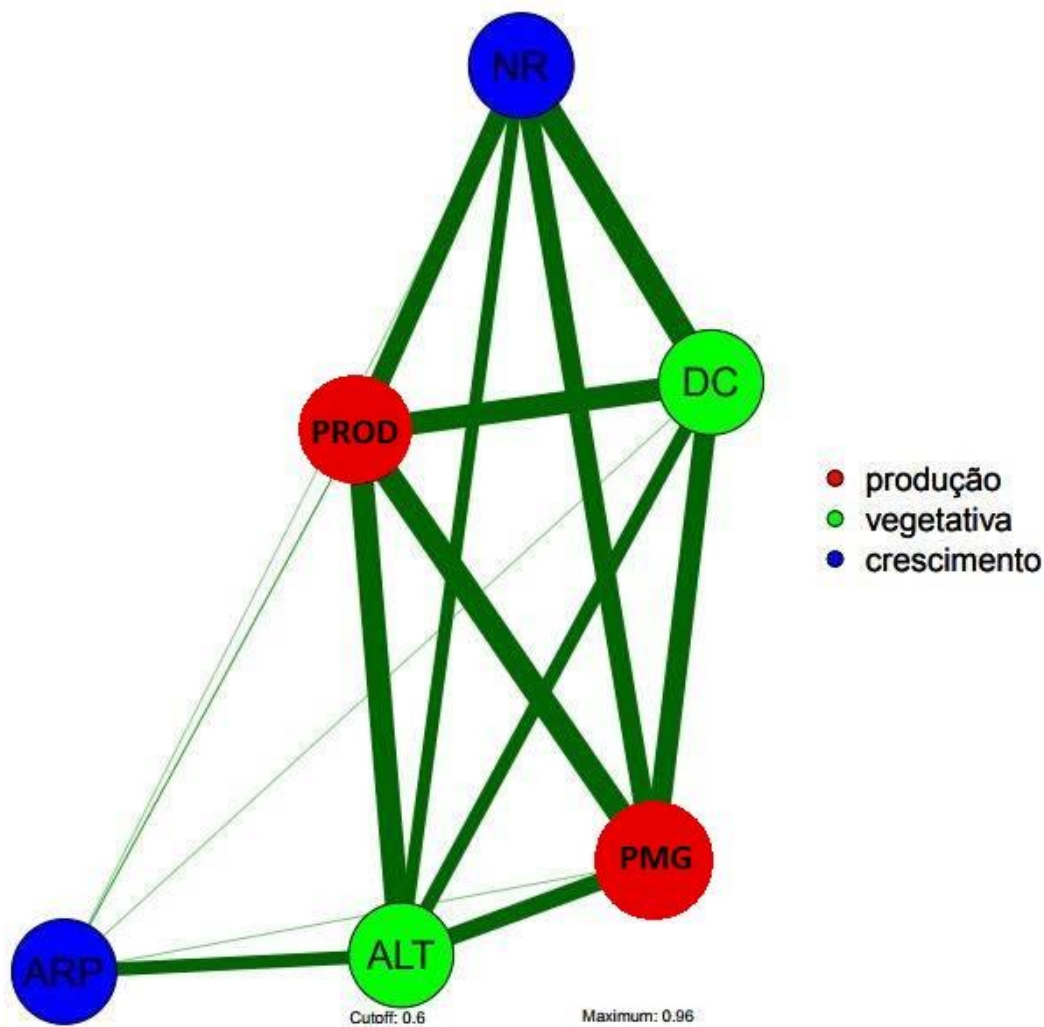


Figura 1. Rede de correlações genóticas de características agrônômicas de crambe. As linhas verdes representam correlações positivas. A espessura da linha é proporcional à magnitude da correlação. As linhas em destaque apresentam correlação em módulo maior que 0,6. Componentes de produção: Produção de grãos (PROD) e peso de mil grãos (PMG). Componentes vegetativos: Altura de plantas (ALT) e diâmetro do caule (DC). Componentes de crescimento: Altura do primeiro ramo produtivo (ARP) e número de ramos (NR)

Dessa forma, dentre os genótipos avaliados, a escolha daqueles com maior produção de grãos pode ser alcançada pela seleção de plantas com maior diâmetro do caule e mais altas, o que resultará na menor altura do primeiro ramo produtivo, mas sem alterar a produção (Figura 1). A rede de correlações permitiu visualizar prontamente a forte associação entre os componentes agrônômicos de produção, vegetativo e crescimento, o que seria difícil na matriz numérica de correlação. Assim, o uso de rede

de correlações pode elevar a eficácia da seleção no melhoramento de crambe, uma vez que permite identificar, com rapidez, os pares de características que apresentam correlações de maior magnitude, determinar quais grupos de variáveis influenciam de maneira mais expressiva os caracteres mais importantes para o programa e identificar os grupos de variáveis correlacionadas.

CONCLUSÕES

A metodologia de estratificação de ambientes de Lin (1982) demonstrou eficiência na redução dos 14 ambientes em 4 grupos de ambientes com condições semelhantes.

Nos genótipos de crambe avaliados, identificou-se um grupo de características correlacionadas genotipicamente, composto por caracteres mensurados nos componentes de produção vegetativo (DC e ALT) e de crescimento (APRP e NR).

A técnica de rede de correlações é eficaz podendo ser utilizada na tomada de decisões em programas de melhoramento de crambe.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

ALVES, G. R.; TEIXEIRA, I. R.; MELO, F. R.; SOUZA, R. T. G.; SILVA, A. G. Estimating soybean yields with artificial neural networks. **Acta Scientiarum Agronomy**, v. 40, n. 1, p. 1-9, 2018.

CARGNELUTTI FILHO, A.; LOPES, S. J.; TOEBE, M.; REIS DA SILVEIRA, T.; SCHWANTES, I. A. Tamanho de amostra para estimação do coeficiente de correlação de Pearson entre caracteres de *Crambe abyssinica*. **Revista Ciência Agronômica**, v. 42, n. 1, p. 149-158, 2011.

CARVALHO, E. V.; AFFÉRI, F. S.; PELÚZIO, J. M.; ROTILI, E. A.; DOTTO, M. A.; SANTOS, W. F. Estratificação e dissimilaridade ambiental em genótipos de milho no Tocantins, com adubação e safras distintas. **Comunicata Scientiae**, v. 4, n. 3, p. 277-284, 2013.

CARVALHO, L. P.; FARIAS, F. J. C.; RODRIGUES, J. I. S.; CASTRO, K. S.; ZUFFO, A. M.; TEODORO, P. E. Correlations and selection of parents to technological traits of upland cotton. **Ciência Rural**, v. 49, n. 6, p. 1-7, 2019.

CRUZ, C. D. GENES - a software package for analysis in experimental statistics and quantitative genetics. **Acta Scientiarum**. v. 35, n. 3, p.271-276, 2013.

CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J.; CARNEIRO, P. S. C. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. Viçosa: UFV. 514p. 2012.

EPSKAMP, S.; CRAMER, A. O. J.; WALDORP, L. J.; SCHMITTMANN, V. D.; BORSBOOM, D. qgraph: network visualizations of relationships in psychometric data. **Journal of Statistical Software**, v. 48, n. 2, p.1-18, 2012.

KUMAR, S.; DEO, N. Correlation and network analysis of global financial indices. **Physical Review E**, v. 86, n. 3, p.026-033, 2012.

KUSTER, I. S.; ALEXANDRE, R. S.; ARANTES, S. D.; SCHMILDT, E. R.; ARANTES, L. de O.; KLEM, D. L. B. Phenotypic correlation between leaf characters and physical and chemical aspects of cv. Vitória pineapple fruit. **Revista Brasileira de Fruticultura**, v. 40, n. 2, p. 1-9, 2018.

LIN, C.-S. Grouping genotypes by cluster method directly related to genotype-environment interaction mean square. **Theoretical and Applied Genetics**, v. 62, p.277-280, 1982.

MONFORTE, A. R.; JACOBSON, D.; FERREIRA, A. C. S. Chemiomics: network reconstruction and kinetics of Port wine aging. **Journal of Agricultural and Food Chemistry**, v. 63, n. 1, p.2576-2581, 2015.

PEARCE, S.; FERGUSON, A.; KING, J.; WILSON, Z. A. FlowerNet: a gene expression correlation network for anther and pollen development. **Plant Physiology**, v.167, n. 2, p.1717-1730, 2015.

PELUZIO, J. M.; GEROMINNI, G. D.; SILVA, J. P. A.; AFFÉRI, F. S.; VENDRUSCOLO, J. B. G. Estratificação e dissimilaridade ambiental para avaliação de cultivares de soja no Estado do Tocantins. **Bioscience Journal**, v. 28, p. 332-337, 2012.

PEREIRA, H. S.; MELO, L. C.; FARIA, L. C.; DEL PELOSO, M. J.; WENDLAND, A. Estratificação ambiental na avaliação de genótipos de feijoeiro-comum tipo Carioca em Goiás e no Distrito Federal. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.45, n. 1, p.554-562, 2010.

RIBEIRO, J. Z.; ALMEIDA, M. I. M. Estratificação ambiental pela análise da interação genótipo x ambiente em milho. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 46, n. 8, p. 875-883, 2011.

SABA, H.; VALE, V. C.; MORET, M. A.; MIRANDA, J. G. V. Spatio-temporal correlation networks of dengue in the state of Bahia. **BMC Public Health**, v.14, n. 3, p.1085-1095, 2014.

SILVA, A. R. D.; RÊGO, E. R. D.; PESSOA, A. M. D. S.; RÊGO, M. M. D. Correlation network analysis between phenotypic and genotypic traits of chili pepper. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 51, n. 4, p. 372-377, 2016.

SILVA, F. A.; TEODORO, P. E.; CASOTI, G. S.; CORREA, C. G.; RIBEIRO, L. P.; TORRES, F. E. Correlações e parâmetros genéticos em crambe cultivado em diferentes arranjos espaciais. **Revista de Ciências Agrárias**, v, 37, n, 4, p, 441-446, 2014.

SMIDERLE, E. C.; FURTINI, I. V.; SILVA, C. S. C.; BOTELHO, F. B. S.; RESENDE, M. P. M.; BOTELHO, R. T. C.; COLOMBARI FILHO, J. M.; CASTRO, A. P.; UTUMI, M. M. Index selection for multiple traits in upland rice progenies. **Revista de Ciências Agrárias**, v. 42, n. 1, p. 1-10, 2019.

URSEM, R.; TIKUNOV, Y.; BOVY, A.; BERLOO, R.; EEUWIJK, F. A correlation network approach to metabolic data analysis for tomato fruits. **Euphytica**, v.161, n. 3, p.181-193, 2008.

CAPÍTULO 3

ADAPTABILIDADE E ESTABILIDADE DE GENÓTIPOS DE CRAMBE VIA GGE BILOT E REML/BLUP

RESUMO

VASCONCELOS, Ubieli Alves Araújo, D.Sc., Universidade Federal de Viçosa, abril de 2020. **Adaptabilidade e estabilidade de genótipos de crambe via GGE Biplot e REML/BLUP.** Orientador: Luiz Antônio dos Santos Dias. Coorientadora: Thais Roseli Corrêa.

O crambe é uma importante oleaginosa com alta capacidade de produção de óleo e adaptabilidade a diversas regiões e climas. Apesar de sua ampla adaptabilidade a diferentes ambientes, ainda não foram validadas cultivares para diferentes locais produtores no país. Antes do lançamento de novas cultivares, um dos objetivos mais comuns no melhoramento de plantas é estudar a interação dos genótipos com os ambientes (locais e anos). O objetivo desta pesquisa foi estudar a interação entre genótipos x locais x anos, com auxílio das técnicas GGE Biplot e REML/BLUP, para avaliação de genótipos, visando identificar aqueles que reúnam, simultaneamente, alta produtividade, adaptabilidade a diferentes ambientes e estabilidade genotípica. Foram utilizados os genótipos FMS Brilhante, FMS CR 1101, FMS CR 1102, FMS CR 1105, FMS CR 1202, FMS CR 1303 e FMS CR 1304. Foi avaliada a produção de grãos (PROD). O delineamento experimental utilizado foi o de blocos casualizados, com quatro repetições. Os resultados mostraram que o genótipo FMS CR 1101 apresentou a melhor estimativa de ganho de produção de grãos, maior adaptabilidade e estabilidade na maioria dos ambientes, podendo ser cultivado em ambientes iguais aos testados. Houve concordância entre os métodos GGE Biplot e REML/BLUP na identificação dos melhores genótipos para Goiás e Mato Grosso do Sul, podendo tais métodos compor os processos de seleção nos programas de melhoramento.

Palavras-chave: Oleaginosas, melhoramento, interação genótipo x ambiente.

ABSTRACT

VASCONCELOS, Ubieli Alves Araújo, D.Sc., Universidade Federal de Viçosa, April, 2020. **Adaptability and stability of crambe genotypes via GGE Biplot and REML / BLUP.** Adviser: Luiz Antônio dos Santos Dias. Co-adviser: Thais Roseli Corrêa.

Crambe is an important oilseed with a high oil production capacity and adaptability to different regions and climates. Despite its wide adaptability to different environments, cultivars have not yet been validated for different producing locations in the country. Before launching new cultivars, one of the most common objectives in plant breeding is to study the interaction of genotypes with environments (locations and years). The objective of this research was to study the interaction between genotypes x locations x years, with the aid of the GGE Biplot and REML/BLUP techniques, for the evaluation of genotypes, aiming to identify those that simultaneously combine high productivity, adaptability to different environments and genotypic stability. The genotypes FMS Brilhante, FMS CR 1101, FMS CR 1102, FMS CR 1105, FMS CR 1202, FMS CR 1303 and FMS CR 1304 were used. Grain production (PROD) was evaluated. The experimental design used was randomized blocks, with four replications. The results showed that the FMS CR 1101 genotype presented the best estimate of grain yield gain, greater adaptability and stability in most environments, and can be grown in environments similar to those tested. There was agreement between the GGE Biplot and REML/BLUP methods in the identification of the best genotypes for Goiás and Mato Grosso do Sul, with such methods being able to compose the selection processes in breeding programs.

Key-words: Oilseeds, breeding, genotype x environment interaction.

INTRODUÇÃO

A procura mundial por combustíveis renováveis e sustentáveis tornou os biocombustíveis uma alternativa atrativa. Atualmente, existem diferentes categorias de biocombustíveis, especialmente biodiesel, que podem ser obtidos de óleo vegetal e cuja produção tem fortes vantagens sociais, econômicas e ambientais (SANTOS et al., 2016). As pesquisas têm se voltado principalmente para espécies produtoras de óleos vegetais não-alimentícias. Entre aquelas que potencialmente podem cumprir este propósito, a Crambe (*Crambe abyssinica* Hochst) é uma importante planta oleaginosa da família Brassicaceae com alta capacidade de produção de óleo e adaptabilidade a diversas regiões e climas (SANTOS et al., 2019).

Apesar de sua ampla adaptabilidade a diferentes ambientes, ainda não foram validadas cultivares para diferentes locais produtores no país (PITOL et al., 2010). Com isso, é importante a seleção de genótipos de alta adaptabilidade a diferentes ambientes e estabilidade produtiva, para que essa oleaginosa possa ser estabelecida como uma alternativa para produção de biodiesel.

Segundo Moraes et al. (2020), um grande desafio para selecionar e recomendar cultivares é a interação genótipo x ambientes (G x A), identificando genótipos mais estáveis e de melhor produtividade. Onde dados de ensaios multi-ambientais são necessários para avaliar a presença de G x A, o rendimento e a adaptabilidade e estabilidade do genótipo. Pesquisas de interação G x A em Crambe não são encontradas na literatura, porém, importante, pois, é possível potencializar o comportamento dos genótipos em diferentes ambientes, analisando a interação G x A significativamente (SOUSA et al., 2019).

Nesse contexto, o estudo da interação G x A faz-se necessário, sendo realizado através de testes de estabilidade e adaptabilidade, que irão auxiliar na escolha dos melhores materiais (RAMALHO et al., 2012). Assim, a utilização de métodos que reúnem a adaptabilidade e a estabilidade em uma única estatística pode ser considerada superiores, quando comparadas aqueles que utilizam apenas o rendimento como critério de seleção (RESENDE 2007).

Dessa forma, existe métodos que conseguem explicar os efeitos dos genótipos, dos ambientes e sua interação, destacando-se a análise gráfica GGE Biplot (YAN et al., 2000), que considera o efeito principal de genótipo mais a interação genótipo e ambiente, o método agrupa o efeito aditivo do genótipo com o efeito multiplicativo da interação G x

A, e REML/BLUP, que consiste nos seguintes estimadores: quanto menor o desvio padrão do valor genotípico nos locais de avaliação, maior será a média harmônica dos valores genotípicos nos mesmos ambientes avaliados. Dessa forma, a seleção dos maiores valores genotípicos das médias harmônicas (MHVG) consegue simultaneamente selecionar os indivíduos com maior produtividade e estabilidade. A adaptabilidade refere-se ao desempenho relativo dos valores genotípicos (PRVG) nos ambientes. Assim, os valores genotípicos preditos são representados como proporção da média geral de cada ambiente e, em seguida, obtém-se o valor médio dessa proporção através dos locais. A seleção conjunta para produção, estabilidade e adaptabilidade, utilizando modelos mistos, é feita pelo método da média harmônica do desempenho relativo dos valores genéticos (MHPRVG) preditos. Além disso, permite considerar erros correlacionados dentro de locais, bem como a estabilidade e a adaptabilidade na seleção de genótipos superiores (RESENDE 2007).

Portanto, o objetivo desse trabalho foi estimar os parâmetros de adaptabilidade e estabilidade dos genótipos de crambe oriundos do programa de melhoramento de crambe da Fundação MS, através das análises GGE Biplot e REML/BLUP, visando identificar genótipos adaptados e estáveis as condições ambientais dos estados de Goiás e Mato Grosso do Sul.

MATERIAL E MÉTODOS

Foram utilizados dados do Programa de Melhoramento de Crambe da Fundação MS. Os experimentos foram realizados nos anos de 2014 e 2015, nos municípios de Maracaju, São Gabriel do Oeste e Dourados, localizados em Mato Grosso do Sul e nos municípios de Rio Verde, Goiânia, Bom Jesus e Jatai, localizados em Goiás, totalizando sete locais, cujas coordenadas geográficas e características edafoclimáticas estão expressas na Tabela 1. Foram avaliados sete genótipos: FMS Brilhante (G1), FMS CR 1101 (G2), FMS CR 1303 (G3), FMS CR 1304 (G4), FMS CR 1102 (G5), FMS CR 1105 (G6), FMS CR 1202 (G7).

Tabela 1. Altitude, latitude e longitude dos ensaios de genótipos de crambe em Goiás e Mato Grosso do Sul

Amb	Local	Ano	Alt (m)	Latitude	Longitude	Bioma	Solo	Clima	T(°C)	P.A. (mm)
A1	Maracaju	2014	384	21°61'09.8"S	55°13'61.2"W	Cerrado	Latossolo	AW	23.4	425
A2	Rio Verde	2014	855	17°49'58.0"S	51°11'27.1"W	Cerrado	Latossolo	AW	23.3	387
A3	Goiânia	2014	794	16°70'56.9"S	49°40'17.2"W	Cerrado	Latossolo	AW	23.1	417
A4	São Gabriel do Oeste	2014	658	19°37'55.9"S	54°57'57.1"W	Cerrado	Latossolo	AW	23.5	387
A5	Dourados	2014	430	22°23'71.1"S	54°90'71.8"W	Cerrado	Latossolo	AM	23.8	347
A6	Bom Jesus	2014	582	17°57'52.0"S	49°56'33.0"W	Cerrado	Latossolo	AW	25.1	406
A7	Jatai	2014	708	17°88'07.4"S	51°76'54.4"W	Cerrado	Latossolo	AW	24.9	432
A8	Maracaju	2015	384	21°61'09.8"S	55°13'61.2"W	Cerrado	Latossolo	AW	23.0	394
A9	Rio Verde	2015	855	17°49'58.0"S	51°11'27.1"W	Cerrado	Latossolo	AW	23.1	378
A10	Goiânia	2015	794	16°70'56.9"S	49°40'17.2"W	Cerrado	Latossolo	AW	23.1	407
A11	São Gabriel do Oeste	2015	658	19°37'55.9"S	54°57'57.1"W	Cerrado	Latossolo	AW	23.3	394
A12	Dourados	2015	430	22°23'71.1"S	54°90'71.8"W	Cerrado	Latossolo	AM	23.5	367
A13	Bom Jesus	2015	582	17°57'52.0"S	49°56'33.0"W	Cerrado	Latossolo	AW	24.8	421
A14	Jatai	2015	708	17°88'07.4"S	51°76'54.4"W	Cerrado	Latossolo	AW	24.2	421

* Amb: Ambiente; Alt: Altitude; T: Temperatura.

O delineamento experimental foi o de blocos casualizados, com quatro repetições. As parcelas foram formadas por 4 linhas de 10 m, espaçadas de 0,50 m, com espaçamento entre plantas de 0,20 m, totalizando 200 plantas, as duas linhas centrais correspondem à parcela útil (10 m²). A adubação de base foi realizada na linha de plantio, com 150 kg ha⁻¹ do adubo N-P-K 12-15-15, a 5 cm de profundidade.

Foram avaliadas aleatoriamente dez plantas em cada uma das duas linhas centrais de cada parcela, sendo mensurados: Produção de grãos (PROD, em kg ha⁻¹), avaliada através da produção das 20 plantas da parcela útil, sendo transformada em (em kg ha⁻¹).

Inicialmente, realizou-se uma análise conjunta de variância, reunindo os genótipos, os locais e os dois anos de experimentação. Ao detectar a significância da interação entre genótipos, locais e anos (G x A), a adaptabilidade, a estabilidade e a produção dos genótipos foram estimadas pelos métodos GGE Biplot e REML/BLUP.

Estabilidade e Adaptabilidade por GGE Biplot

O modelo GGE Biplot utilizado foi o seguinte: $Y_{ij} - y_j = y_1 \epsilon_{i1}\rho_{j1} + y_2 \epsilon_{i2}\rho_{j2} + \epsilon_{ij}$, onde: Y_{ij} representa a produção de grãos média do genótipo i no ambiente j ; y_j é a média geral dos genótipos no ambiente j ; $y_1 \epsilon_{i1}\rho_{j1}$ é o primeiro componente principal (PC1); $y_2 \epsilon_{i2}\rho_{j2}$ é o segundo componente principal (PC2); y_1 e y_2 são os valores próprios associados à análise dos componentes principais PCA1 e PCA2, respectivamente; ϵ_1 e ϵ_2 são os valores do PC1 e PC2, respectivamente, do genótipo i ; ρ_{j1} e ρ_{j2} são os valores do PC1 e PC2, respectivamente, para o ambiente j ; e ϵ_{ij} é o erro associado com o modelo do i -ésimo genótipo e j -ésimo ambiente (YAN et al., 2000). Através do método GGE Biplot foi possível o agrupamento de ambientes similares em relação a influência ambiental, ou seja, a formação de mega ambientes. Essa análise foi realizada com auxílio do pacote GGE Biplot implementado no Genes (CRUZ 2013).

Para realização das análises do GGE Biplot, deve ser considerado os parâmetros: *Singular value partitioning* (SVP), onde o fator f varia entre 0 e 1, onde 0 é utilizado quando o foco da análise é estudo de ambientes e 1 quando o foco da análise é genótipo, a escolha do fator f infere sobre a forma do biplot (comprimento e ângulos dos vetores de genótipos e locais); o outro parâmetro a ser considerado é *Data Centering Method*, que é dividido em: no centering data, double-centering data, global centering data e cetering G + GE. Onde sempre que o objetivo for analisar dados fenotípicos provindos de multi-ambientes, visando a avaliação de locais e genótipos, o modelo que deve ser utilizado é cetering G + GE; e o outro parâmetro a ser considerado é o *Data Scaling Method*, que é dividido em scaling e no scaling, onde o parâmetro scaling deve ser para a avaliação do poder de discriminância dos locais de teste, onde o mesmo considera o efeito da herdabilidade de cada local. Já o no scaling deve ser utilizado quando o objetivo da análise é observar o poder de discriminância dos locais ou avaliar genótipos, desde que o conjunto de dados seja balanceado e com poucos dados faltantes. Com isso, foram utilizadas SVP= 1, cetering G + GE e scaling e no scaling.

Estabilidade e Adaptabilidade por REML/BLUP

Para avaliar o efeito da interação G x A via REML/BLUP utilizou-se o modelo estatístico 114 (envolve culturas anuais, com avaliação de genótipos em vários ambientes e anos de plantio), do software Selegen REML/BLUP (RESENDE 2016). O modelo

corresponde a $y = Xf + Zg + Qa + Ti + Wt + e$, em que y, f, g, a, i, t e e correspondem, respectivamente, aos valores observados, efeitos das combinações repetição-local-ano (fixos), efeitos dos genótipos (aleatórios), efeitos da interação de genótipos x anos (aleatórios), efeitos da interação genótipos x locais (aleatórios), efeitos da interação tripla genótipos x locais x anos (aleatórios) e de erros aleatórios; X, Z, Q, T , e W representam as matrizes de incidência para f, g, a e i , respectivamente.

A média harmônica do valor genotípico (MHVG) foi calculada para a avaliação da estabilidade. A performance relativa dos valores genotípicos (PRVG) foi utilizada para a avaliação da adaptabilidade. Finalmente, a média harmônica da performance relativa dos valores genotípicos (MHPRVG) foi usada para a avaliação da adaptabilidade, estabilidade e produção de grãos. Todos os três parâmetros foram calculados simultaneamente para todos os genótipos, de acordo com as seguintes expressões (RESENDE 2007):

$$\text{MHVG} = \frac{n}{\sum_{i=1}^n \frac{1}{Vg_j}}; \text{PRVG} = \frac{\sum_{j=1}^n Vg_j}{nM_j}; \text{MHPRVG} = \frac{n}{\sum_{i=1}^n \frac{1}{PHVG_j}}.$$

em que: MH é a média harmônica, VG é o valor genotípico, n é o número de ambientes; e j representam os genótipos.

RESULTADOS E DISCUSSÃO

Verificou-se diferença significativa entre média de genótipos, entre locais, nas interações (G x L), (A x L) e, variância significativa da interação genótipos x anos x locais (G x A x L), evidenciando comportamento diferente dos genótipos ao longo dos ambientes (Tabela 2).

Tabela 2. Resumo da análise conjunta de variância da produção de grãos, envolvendo sete genótipos de crambe, cultivados em sete locais, em 2014 e 2015

Fontes de Variação	gl	QM
(B/L)/A	42	20777,60
Genótipos(G)	6	627772,10**
Anos (A)	1	146765,88
Locais (L)	6	836378,65**
G x A	6	27860,65
G x L	36	114498,53**
A x L	6	78018,55**
G x A x L	36	27861,34**
Resíduo	252	11844,08
Média Geral	1441,45	
CV (%)	7,55	

** Significativos pelo teste F a 1% de probabilidade; CV: coeficiente de variação.

Os gráficos do GGE Biplot foram divididos em três seções, sendo: Identificação de mega-ambientes e recomendação de genótipos; Desempenho médio dos genótipos e seus perfis de estabilidade; e Discriminação e representatividade de ambiente-teste.

Adaptabilidade e estabilidade pelo método GGE Biplot

Mega-ambientes e recomendação de genótipos

O polígono apresentado na Figura 1 possibilitou agrupar os ambientes de avaliação em mega-ambientes, determinando quais genótipos são os melhores para cada um, e facilitando a seleção de genótipos superiores. Mega-ambiente é o agrupamento de ambientes positivamente correlacionados em cada setor dos polígonos (YAN et al., 2000). Esse método proporciona uma exploração mais eficiente do $G \times A$, com maior precisão para identificar mega-ambientes e selecionar genótipos estáveis e adaptados a eles (SILVA e BENIN, 2012). Essa ferramenta auxilia o melhorista e o fitotecnista na identificação de locais mais representativos dentro da rede experimental e na recomendação de cultivares para grupos de ambientes (RAO et al., 2011). O polígono é construído através da ligação entre os genótipos que estão nos extremos do gráfico, já os mega-ambientes são delimitados pelas linhas perpendiculares traças a partir do ponto de origem do gráfico (YAN e TINKER, 2006).

Na Figura 1, observa-se que, os dois primeiros componentes (PCs) explicaram 87,83% (PC1= 64,02 %, PC2= 23,81%). Conforme Yang et al. (2009), pelo menos 60% da variação dos dados deve ser explicada pelos PCs. Sugere-se, desta forma, que os

resultados encontrados apresentam eficiência e constata com clareza os caracteres estudados. Esses resultados mostram que grande parte das variações dos dados é devida à diferença no desempenho dos genótipos testadas ao longo dos ambientes (PC1) e da frequência de mudança de ranking entre os genótipos e os quatorze ambientes (PC2).

Pode ser constatado a formação de três mega ambientes. Onde o mega ambiente 1 é formado pelas cidades de Rio verde e Dourados na safra de 2014 e Dourados, Bom Jesus na safra de 2015; já o mega ambiente 2 é formado pelas cidades de Bom Jesus, Maracaju, Goiânia, São Gabriel do Oeste e Jatai na safra de 2014, e Maracaju, Goiânia, Rio Verde e São Gabriel do Oeste na safra de 2015; e o mega ambiente 3 formado pela cidade de Jatai na safra de 2015. Os ambientes agrupados dentro do espaço delimitado são considerados similares em relação à influência ambiental gerada sobre os indivíduos (FARIAS NETO et al., 2017).

A recomendação dos genótipos para um mega ambiente, se dá pela seleção dos que estão posicionados nos vértices do polígono (YAN e RAJCAN, 2002). Assim sendo, pode-se verificar na Figura 1, que o genótipo 1 (FMS Brillhante) e o genótipo 4 (FMS CR 1304) podem ser recomendados para as áreas agrícolas das cidades que estão agrupadas no mega ambiente 1, o genótipo 2 (FMS CR 1101), pode ser recomendado para as áreas agrícolas das cidades que estão agrupadas no mega ambiente 2, e os genótipos 3 (FMS CR 1303) e genótipo 7 (FMS CR 1202) recomendados para a cidade de Jatai nas condições ambientais similares ao ano de 2015. Os demais genótipos estão contidos dentro do polígono e têm vetores menores, isto é, são mais sensíveis a interação com os ambientes (YAN e RAJCAN 2002). Formação de três mega ambientes, também foram observados por Santos et al. (2016), Sousa et al. (2018) e Oliveira et al. (2018), em análises de adaptabilidade e estabilidade de algodão, feijão caupi e feijão vagem, respectivamente.

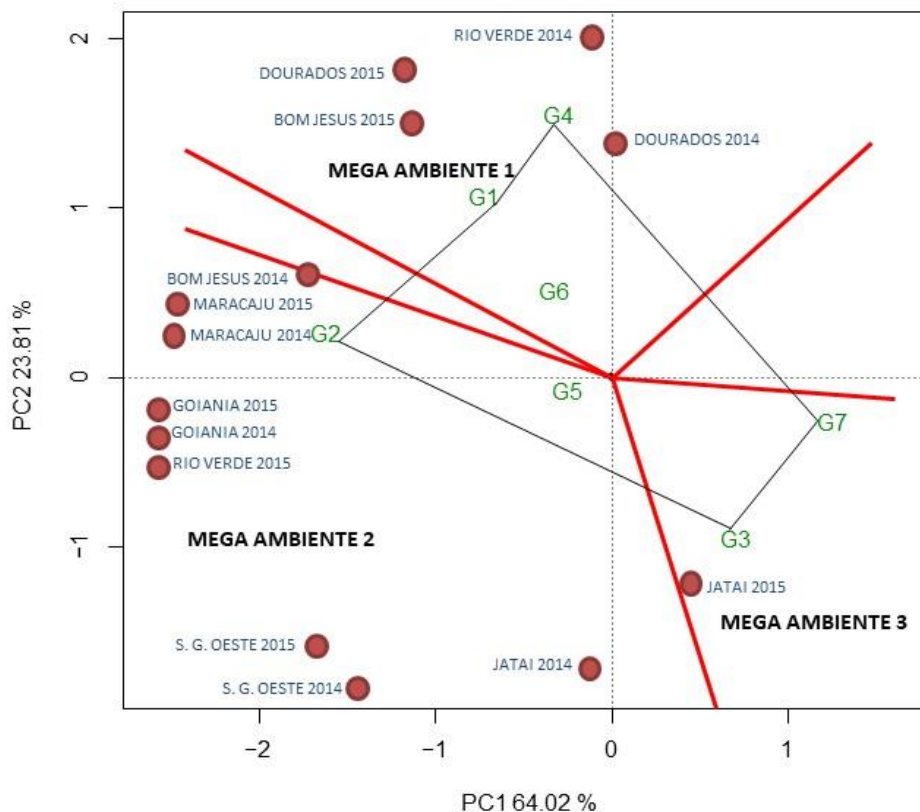


Figura 1. Polígono elaborado com o método GGE Biplot a partir dos dois primeiros componentes principais para a produção de grãos de sete genótipos de crambe avaliados em quatorze ambientes em Goiás e Mato Grosso do Sul

Desempenho médio dos Genótipos e seus perfis de Estabilidade

Indicar variedades que apresentem alta produtividade média e alta estabilidade é um dos objetivos da maioria dos melhoristas e fitotecnistas, e o gráfico GGE biplot “media versus estabilidade” permite visualizar essas duas características de maneira clara (YAN, 2011). Recomendar genótipos que apresentem alta estabilidade e alta produção é um dos objetivos da maioria dos melhoristas, e o método GGE Biplot, permite a visualização dessas duas características de maneira clara através do gráfico “média x estabilidade” (YAN 2011). Quanto maior a projeção de um genótipo em relação ao eixo 1, menor sua estabilidade e mais distantes os genótipos em relação ao eixo 2 (perpendicular ao eixo 1), maior seu rendimento (Figura 2).

O gráfico é dividido por duas retas: a linha reta com uma seta que passa pela origem do Biplot e do ambiente médio sendo nomeada como “eixo do ambiente-médio” ou EAM. A seta sinaliza para maior desempenho médio dos genótipos. A linha perpendicular a essa reta, que também passa pela origem do biplot, indica a estabilidade do genótipo em ambas as direções. Quanto maior for o vetor associado a determinado genótipo, menor sua estabilidade (YAN 2011).

Nesse sentido, quanto à produtividade média (adaptabilidade média), os genótipos são ordenados da seguinte forma: G2>G5>G1>G6>G4>G3>G7. Os genótipos G2 (FMS CR 1101) e G5 (FMS CR 1102) foram identificados como o mais estáveis, considerando-se os genótipos com produção acima da média (Figura 2). Os genótipos G3 (FMS CR 1303) e G7 (FMS CR 1202), apresentam produção abaixo da média, podendo ser descartados para esse grupo de ambientes. Observa-se ainda que os genótipos G3 (FMS CR 1303) e G7 (FMS CR 1202), considerados como desfavoráveis a recomendação na Figura 2, apresentaram produção abaixo da média e instabilidade, justificando a sua não recomendação.

Quando se consideram os dois parâmetros ao mesmo tempo, o único genótipo recomendado por apresentar boa adaptabilidade e estabilidade e um alto valor produtivo foi o G2 (FMS 1101).

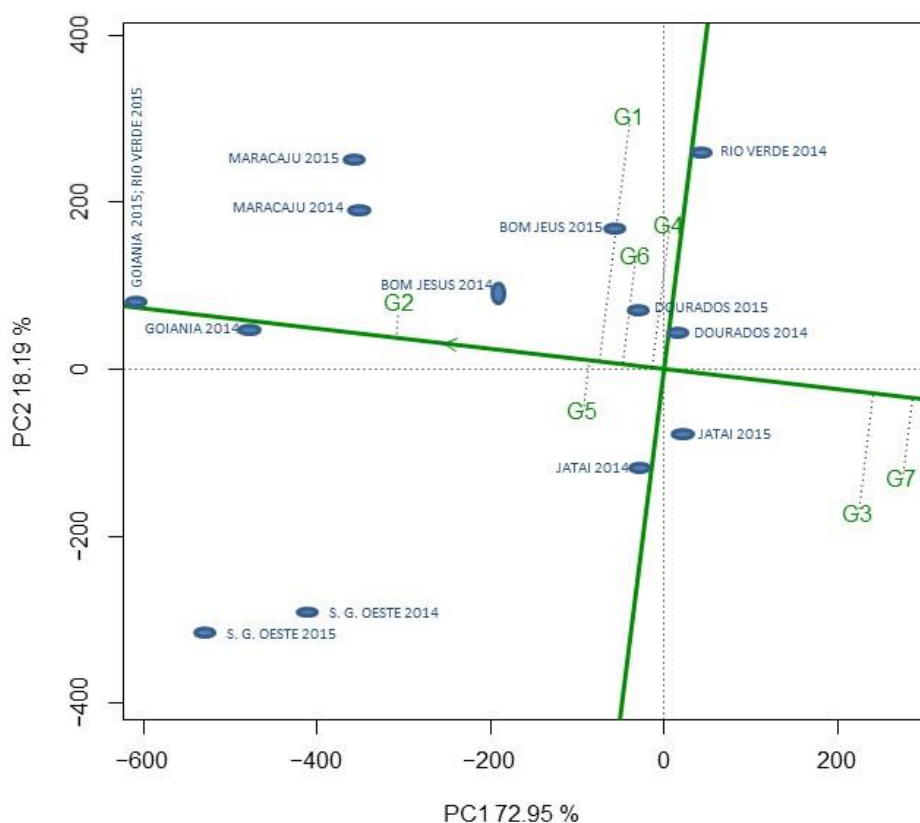


Figura 2. Estabilidade obtida pelo método GGE Biplot a partir dos dois primeiros componentes principais para a produção de grãos de sete genótipos de crame avaliados em quatorze ambientes em Goiás e Mato Grosso do Sul

Discriminação e representatividade de ambiente-teste

Os marcadores dos ambientes e as linhas que conectam a origem do biplot são chamados de vetores de ambientes, e seus comprimentos são proporcionais ao desvio-padrão dos genótipos dentro dos respectivos ambientes. Demonstram quanto o ambiente tem a capacidade de discriminar os genótipos. E quanto mais próximo do eixo da média ambiental (EAM) os ambientes estiverem, maior será sua capacidade de representar os demais ambientes avaliados (MATTOS et al. 2013).

Dos ambientes testados, Goiania 2014, Goiania 2015 e Rio Verde 2015, foram os que demonstraram as maiores capacidade de discriminação dos genótipos, favorecendo a identificação das cultivares mais produtivas. Além da sua capacidade de discriminação

esses ambientes apresentaram eixo mais próximo do EAM, sendo também, o mais representativo dentre as regiões de produção analisadas. Portanto, é um indicativo de que a localidade é uma alternativa razoável para identificar genótipos com boa previsibilidade de rendimento para os demais.

Já os ambientes Jataí 2014, Jataí 2015, Dourados, 2014 e Dourados 2015, foram os que apresentaram os vetores mais curtos, demonstrando que todos os genótipos tendem a se comportar de forma semelhantes nessas condições.

O ângulo formado entre os vetores de dois ambientes está relacionado ao coeficiente de correlação entre eles, onde, quanto menor o ângulo, maior a correlação. Assim, a presença de ângulos maiores que 90° entre Dourados 2014 e Goiania 2014, Dourados 2014 e São Gabriel do Oeste 2014 e 2015, Dourados 2014 e Jataí 2014 e 2015, permite inferir que há a presença de interação genótipo-ambiente do tipo complexa, demonstrando comportamento diferentes entre os genótipos nos ambientes (SILVA e BENIN, 2012). Já entre os ambientes Dourados 2014 e Bom Jesus 2014 e 2015, Dourados 2014 e Maracaju 2014 e 2015 os genótipos tendem a ter comportamento mais previsíveis. Diversos estudos utilizando a análise Biplot verificaram correlações positivas e negativas entre ambientes-teste, dentre eles Santos et al. (2016) e Mattos et al. (2013), que utilizaram avaliaram a interação entre genótipos de feijão caupi e cana-de-açúcar e seus ambientes, respectivamente.

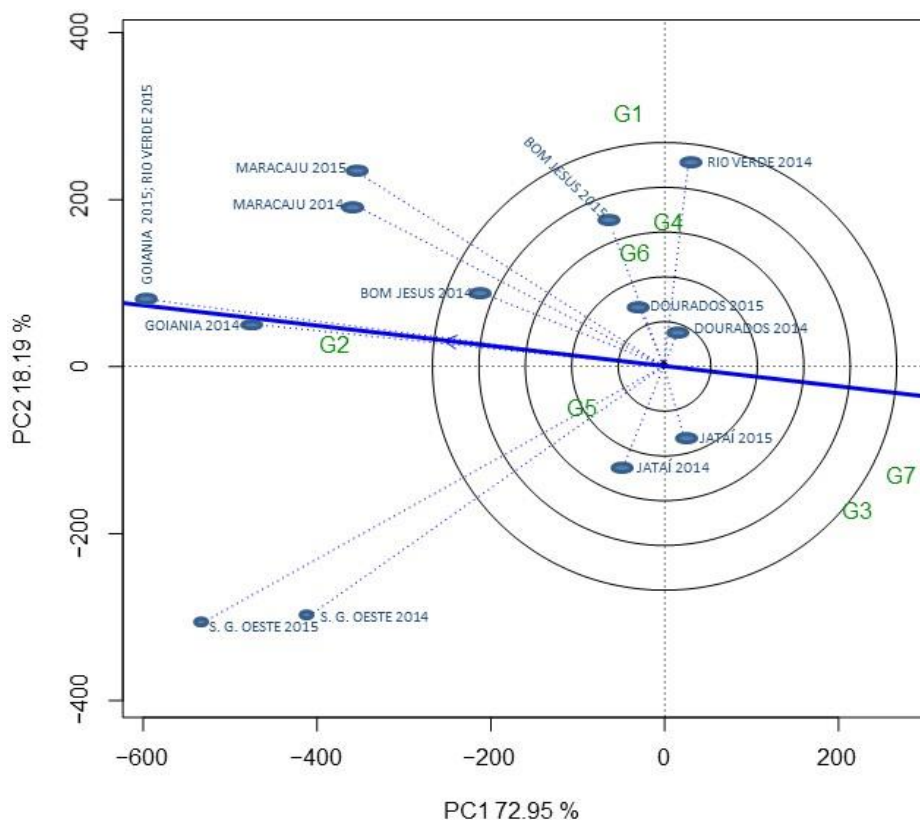


Figura 3. Discriminação e representatividade de ambiente teste para produção de grãos de sete genótipos de crambe avaliados em quatorze ambientes em Goiás e Mato Grosso do Sul

Adaptabilidade e estabilidade pelo método REML/BLUP

O maior valor genotípico livre da interação ($\hat{u} + \hat{g}$) foi apresentado pelo genótipo FMS CR 1101, implicando na melhor estimativa de ganho de produtividade de grãos com a sua seleção para todos os ambientes (Tabela 2). O ganho genético obtido com a seleção do referido genótipo foi de 8,77%. Esse valor genotípico pode ser considerado para se recomendar esse genótipo para outros ambientes com as mesmas características dos ambientes desta pesquisa. Dessa forma, é esperada a mesma média genotípica ($\hat{u} + \hat{g}$) da produtividade de grãos, quando FMS CR 1101 for utilizado em ambientes com características semelhantes. Já o genótipo FMS CR 1304 possui alta resposta a ambientes semelhantes à Dourados-MS.

Na seleção dos genótipos considerando o efeito médio da interação, o valor genotípico ($\hat{u} + \hat{g} + \hat{g}e$) para a média dos ambientes e anos, gerou resultados semelhantes aos métodos PRVG, MHVG e MHPRVG (Tabela 3), com a seleção do genótipo FMS CR 1101, estável e adaptado ao maior número de ambientes. A recomendação deste genótipo pode ser expandida para outros ambientes que apresentem padrão de interação semelhante ao da presente pesquisa.

Tabela 2. Estimativas dos valores genotípicos da produtividade de grãos (kg ha⁻¹) de sete genótipos de crambe avaliados em sete ambientes e para a média deles.

Genótipos	Maracaju	Rio Verde	Goiânia	São Gabriel do Oeste	Dourados	Bom Jesus	Jataí	Média dos ambientes
	$\hat{u} + \hat{g} + \hat{g}e$	$\hat{u} + \hat{g} + \hat{g}e$	$\hat{u} + \hat{g} + \hat{g}e$	$\hat{u} + \hat{g} + \hat{g}e$	$\hat{u} + \hat{g} + \hat{g}e$	$\hat{u} + \hat{g} + \hat{g}e$	$\hat{u} + \hat{g} + \hat{g}e$	$\hat{u} + \hat{g}$
FMS Brilhante	1346,96	1530,15	1585,02	1409,23	1405,75	1631,28	1566,86	1496,46
FMS CR 1101	1319,77	1538,48	1796,89	1899,84	1403,16	1640,09	1628,38	1603,80
FMS CR 1303	997,11	1294,18	1302,14	1410,79	1341,01	1433,21	1566,71	1335,02
FMS CR 1304	1213,32	1463,94	1536,00	1432,67	1429,00	1586,92	1423,72	1440,80
FMS CR 1102	1287,87	1416,83	1587,10	1600,11	1342,29	1469,53	1464,37	1452,59
FMS CR 1105	1267,61	1450,23	1558,67	1475,47	1371,50	1609,87	1487,60	1460,42
FMS CR 1202	996,83	1207,65	1254,65	1348,10	1330,37	1471,19	1498,70	1301,07
Média geral ambientes	1204,21	1414,49	1517,21	1510,88	1374,72	1548,87	1519,47	

Vencovsky e Torres (1988) relatam que, para o agricultor, o mais importante é que a cultivar seja produtiva e estável ao longo dos anos. A estabilidade via MHVG, que indica a manutenção da produtividade, frente a ambientes diferentes, a adaptabilidade via PRVG, que avalia o nível de resposta ao estímulo ambiental, e adaptabilidade, estabilidade e produtividade simultaneamente via MHPRVG, que permite selecionar, simultaneamente, através dos três atributos mencionados, ordenaram, decrescentemente, os genótipos FMS CR 1101, FMS Brilhante e FMS CR 1105 (Tabela 3).

Esses três genótipos apresentaram adaptabilidade e estabilidade fenotípica aos sete ambientes em análise, e alta produtividade de grãos, conseguindo manter essas características em diversos ambientes. Carvalho et al. (2016) e Moiana et al. (2014), em estudos com algodão, e Regitano Neto et al. (2013), com arroz, também constataram manutenção na ordem dos genótipos pela metodologia REML/BLUP.

Tabela 3. Estabilidade de valores genéticos (MHVG), adaptabilidade de valores genéticos (PRVG e PRVG μ), e estabilidade e adaptabilidade de valores genéticos (MHPRVG e MHPRVG μ) quanto à produtividade de grãos (kg ha⁻¹) de sete genótipos crambe preditos pela análise BLUP/REML.

Genótipos	MHVG	PRVG	PRVGμ	MHPRVG	MHPRVGμ
FMS Brilhante	1489,66	1,04	1500,03	1,03	1495,91
FMS CR 1101	1581,18	1,11	1601,33	1,10	1594,29
FMS CR 1303	1312,31	0,92	1331,62	0,91	1325,44
FMS CR 1304	1431,89	1,00	1442,26	0,99	1440,10
FMS CR 1102	1444,59	1,00	1454,83	1,00	1451,91
FMS CR 1105	1452,52	1,01	1461,86	1,01	1460,78
FMS CR 1202	1280,01	0,90	1298,23	0,89	1292,03

CONCLUSÕES

O genótipo FMS CR 1101 pode ser cultivado em ambientes similares aos testados, por apresentar alta adaptabilidade, estabilidade e alta produtividade de grãos.

Houve concordância entre os métodos GGE Biplot e REML/BLUP na identificação dos melhores genótipos de crambe para Goiás e Mato Grosso do Sul.

As estatísticas MHVG, PRVG e MHPRVG podem fazer parte, entre outras, dos critérios de seleção dos programas de melhoramento de crambe.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

CARVALHO, L. P.; FARIAS, F. J. C.; MORELLO, C. L.; TEODORO, P. E. Uso da metodologia REML/BLUP para seleção de genótipos de algodoeiro com maior adaptabilidade e estabilidade produtiva. **Bragantia**, v. 75, n. 3, p. 314-321, 2016.

CRUZ, C. D. GENES - a software package for analysis in experimental statistics and quantitative genetics. **Acta Scientiarum**, v. 35, n. 3, p. 271-276, 2013.

FARIAS NETO, J. T., YOKOMIZO, G. K. I., OLIVEIRA, M. D. S. P., HONGYU, K. **GGE Biplot para estabilidade e adaptabilidade em progênies de açaizeiro de Anajás, PA**. Revista Agro@mbiente On-line, v. 12, n. 1, p. 25-33, 2017.

MATTOS, P. H. C.; OLIVEIRA, R. A.; BESPALHOK FILHO, C.; DAROS, E.; VERÍSSIMO, M. A. A. Evaluation of sugarcane genotypes and production environments in Paraná by GGE Biplot and AMMI analysis. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 13, n. 1, p. 83-90, 2013.

MOIANA, L. D.; VIDIGAL FILHO, P. S.; GONÇALVES-VIDIGAL, M. C.; MALEIA, M. P.; MINDO, N. Application of mixed models for the assessment genotype and environment interactions in cotton (*Gossypium hirsutum*) cultivars in Mozambique. **African Journal of Biotechnology**, v.13, n.19, p. 1985-1991, 2014.

MORAES, M. S.; ROCHA, R. B.; TEIXEIRA, A. L.; ESPINDULA, M. C.; SILVA, C. A.; LUNZ, A. M. P. Adaptability and stability of Coffea canephora Pierre ex Froehner genotypes in the Western Amazon. **Ciência Rural**, v. 50, n. 1, p. 1-10, 2020.

OLIVEIRA, T. R. A.; GRAVINA, G. A.; OLIVEIRA, G. H. F.; ARAÚJO, K. CORDEIRO.; ARAÚJO, L. C.; DAHER, R. F. V.; MARCELO, G., L. M.; CRUZ, D. P. The GT biplot analysis of green bean traits. **Ciência Rural**, v. 48, n. 6, p. 1-6, 2018.

PITOL, C.; BROCH, D. L.; ROSCOE, R. **Tecnologia e produção: Crambe 2010**. Maracaju: Fundação Mato Grosso do Sul, 60p. 2010.

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

RAO, P. S.; REDDY, P. S.; RATHORE, A.; REDDY, B. V.; PANWAR, S. Application GGE biplot and AMMI model to evaluate sweet sorghum hybrids for genotype x environment interaction and seasonal adaptation. **Indian Journal of Agricultural Sciences**, v. 81, n.5, p. 438-444, 2011.

REGITANO NETO, A.; RAMOS JÚNIOR, E. A.; GALLO, P. B.; FREITAS, J. G.; AZZINI, L. E. Comportamento de genótipos de arroz de terras altas no estado de São Paulo. **Revista Ciência Agrônômica**, v. 44, n. 3, p. 512-519, 2013.

RESENDE, M. D. V. **Matemática e estatística na análise de experimentos e no melhoramento genético**. Colombo: Embrapa Florestas, 561p, 2007.

RESENDE, M. D. V. Software Selegen-REML/BLUP: a useful tool for plant breeding. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 16, n. 4, p.330-339, 2016.

SANTOS, A.; CECCON, G.; TEODORO, P. E.; CORREA, A. M.; ALVAREZ, R. D. C. F.; SILVA, J. F.; ALVES, V. B. Adaptabilidade e estabilidade de genótipos de feijão caupi ereto via REML/BLUP e GGE Biplot. **Bragantia**, v. 7, n. 3, p. 299-306, 2016.

SANTOS, D. N.; FERREIRA, J. L.; PASQUAL, M.; GENEROSO, A. L.; SETOTAW, T. A.; CANÇADO, G. M.; VENDRAME, W. A. Population structure of jatropha and its implication for the breeding program. **Genetics and Molecular Research**, v. 15, n. 1, p. 1-10, 2016.

SANTOS, S. S.; BIAGGIONI, M. A. M.; MONTEIRO, I. M. C.; SARTORI, M. M. P.; BRANDÃO, F. J. B. Storage potential of peeled crambe for oil quality. **Engenharia Agrícola**, Jaboticabal, v. 39, n. 4, p. 518-523, 2019.

SILVA, R. R.; BENIN, G. Biplot analysis: concepts, interpretations and uses. **Ciência Rural**, v. 42, n. 8, p. 1404-1413, 2012.

SOUSA, M. B.; DAMASCENO-SILVA, K. J.; ROCHA, M. M.; MENEZES JÚNIOR, J. A. N.; LIMA, L. R. L. Genotype by environment interaction in cowpea lines using gge biplot method. **Revista Caatinga**, v. 31, n. 1, p. 64-71, 2018.

SOUSA, T. J. F.; ROCHA, M. M.; DAMASCENO-SILVA, K. J.; BERTINI, C. H. C. M.; SILVEIRA, L. M.; SOUSA, R. R.; SOUSA, J. L. M. Simultaneous selection for yield, adaptability, and genotypic stability in immature cowpea using REML/BLUP. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 54, n. 1, p. 1-9, 2019.

VENCOVSKY, R.; TORRES, R. A. A. Estabilidade geográfica e temporal de algumas cultivares de milho. In: Congresso Nacional de Milho e Sorgo, 16.1986, Belo Horizonte. **Resumos...** Sete Lagoas: Embrapa-CNPMS, p. 294-299, 1988.

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

YAN, W. K.; RAJCAN, I. Biplot analysis of test sites and trait relations of soybean in Ontario. **Crop Science**, v. 42, n. 1, p. 11-20, 2002.

YAN, W.; HUNT, L.; SHENG, Q.; SZLAVNICS, Z. Cultivar evaluation and mega-environment investigation based on the GGE biplot. **Crop Science**, v. 40, n. 3, p. 597-605, 2000.

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

YANG, R. C.; CROSSA, J.; CORNELIUS, P. L.; BURGUEÑO, J. Biplot analysis of genotype \times environment interaction: Proceed with caution. **Crop Science**, v. 49, n. 5, p. 1564-1576, 2009.

CONSIDERAÇÕES GERAIS

1. Os genótipos de crambe avaliados apresentaram variabilidade genética expressiva e oferecem possibilidades de ganhos genéticos. Os caracteres PMS e DC têm efeito direto sobre a produção de grãos.
2. A metodologia de estratificação de ambientes de Lin (1982) possibilitou a redução dos 14 ambientes em 4 grupos com condições semelhantes. Os caracteres dos grupos produtivo e vegetativo estão correlacionados genotipicamente ($r > 0,60$) para aumentar a produtividade de grãos.
3. O genótipo FMS CR 1101 pode ser cultivado em ambientes iguais aos testados, por apresentar alta adaptabilidade, estabilidade e alta produtividade de grãos. Os métodos GGE Biplot e REML/BLUP apresentaram concordância na identificação dos melhores genótipos para Goiás e Mato Grosso do Sul.