

UNIVERSIDADE FEDERAL DE UBERLÂNDIA
CAMPUS MONTE CARMELO

EDÉSIO RODRIGUES DE SOUZA JUNIOR

REDES NEURAS ARTIFICIAIS, ADAPTABILIDADE E ESTABILIDADE PARA
CARACTERIZAR LINHAGENS ELITE DE MANJERICÃO

MONTE CARMELO
2026

EDÉSIO RODRIGUES DE SOUZA JUNIOR

REDES NEURAIIS ARTIFICIAIS, ADAPTABILIDADE E ESTABILIDADE PARA
CARACTERZIRAR LINHAGENS ELITE DE MANJERICÃO

Trabalho de Conclusão de Curso
apresentado ao curso de Agronomia da
Universidade Federal de Uberlândia,
Campus Monte Carmelo, como requisito
necessário para a obtenção do grau de
Engenheiro Agrônomo.

Orientadora: Professora Doutora Andressa
Giovannini Costa

MONTE CARMELO
2026

EDÉSIO RODRIGUES DE SOUZA JUNIOR

REDES NEURAIAS ARTIFICIAIS, ADPATABILIDADE E ESTABILIDADE PARA
CARACTERIZAR LINHAGENS ELITE DE MANJERICÃO

Trabalho de Conclusão de Curso
apresentado ao curso de Agronomia da
Universidade Federal de Uberlândia,
Campus Monte Carmelo, como requisito
necessário para a obtenção do grau de
Engenheiro Agrônomo.

Orientadora: Professora Doutora Andressa
Giovannini Costa

Monte Carmelo, 05 de março de 2026.

Banca Examinadora:

Profa. Dra. Andressa Giovannini Costa
Orientadora

Dra. Ana Luiza Alves Ribeiro
Membro da Banca

Prof. Dr. Gabriel Mascarenhas Maciel
Membro da Banca

Dedico este trabalho aos produtores de manjerição e de ervas aromáticas e aos profissionais do melhoramento vegetal, cujo conhecimento contribui para o avanço da agricultura.

AGRADECIMENTOS

A Deus, por conceder força, saúde e sabedoria ao longo de toda esta jornada acadêmica, guiando cada passo e permitindo a superação dos desafios encontrados.

À minha família, pelo apoio incondicional, incentivo constante e compreensão nos momentos de dedicação aos estudos, em especial à minha mãe Joana, à minha irmã Nathália, ao meu irmão César Alexandre e à memória de meu pai Edésio, cujo exemplo e ensinamentos foram fundamentais ao longo de toda a minha trajetória acadêmica e pessoal.

À orientadora, Prof. Dra. Andressa Giovannini, pela dedicação, paciência, ensinamentos e valiosas contribuições científicas, essenciais para o desenvolvimento e aprimoramento deste Trabalho de Conclusão de Curso.

Aos professores do curso de Agronomia, que contribuíram significativamente para minha formação acadêmica e profissional, compartilhando conhecimentos que ultrapassam os limites da sala de aula.

À banca examinadora, pela disponibilidade, atenção e relevantes contribuições técnicas e científicas, que certamente enriqueceram este trabalho e colaboraram para o aprimoramento da pesquisa.

Aos amigos que me apoiaram ao longo da trajetória acadêmica, Lucas Merola, Ottavio Carvalho, Henrique Braga e João Victor Queiroz, pelo companheirismo, incentivo, apoio nos momentos desafiadores e pelas experiências compartilhadas durante a graduação.

Ao grupo de pesquisa (GenHort) Grupo de Estudos em Melhoramento Genético de Hortaliças, agradeço aos companheiros de equipe Orlando Ribeiro, Vinícius Augusto, Lucas Medeiros, Ana Luiza Alves e Camila Soares, pela convivência, colaboração, trocas de conhecimento e apoio durante o desenvolvimento das atividades de pesquisa, bem como ao orientador do grupo, Prof. Dr. Gabriel Mascarenhas, pelos ensinamentos, orientação científica e incentivo ao crescimento acadêmico e profissional.

À Universidade Federal de Uberlândia, Campus Monte Carmelo, pelo suporte estrutural e acadêmico oferecido durante todo o período de formação.

Quem planta conhecimento, colhe
gerações inteiras de sabedoria.

Fischer.

RESUMO

O manjeriço (*Ocimum basilicum* L.) é uma planta aromática de elevada importância agronômica, econômica e social, amplamente utilizada nas indústrias alimentícia, farmacêutica e cosmética. O desempenho agronômico dessa cultura pode variar significativamente em função das condições ambientais, tornando essencial a avaliação da interação genótipo × ambiente, bem como da estabilidade e da dissimilaridade genética entre materiais promissores. O presente trabalho teve como objetivo avaliar o desempenho agronômico, a adaptabilidade, a estabilidade e a dissimilaridade genética de linhagens elite de manjeriço submetidas a duas épocas de transplântio. O experimento foi conduzido em delineamento de blocos casualizados, com onze genótipos (oito linhagens pré-comerciais e três testemunhas comerciais) em quatro repetições. Foram avaliadas características morfológicas e agronômicas relacionadas ao desenvolvimento da planta e à produção de biomassa. Os dados foram submetidos à análise de variância, à análise de interação genótipo × ambiente por meio do método GGE biplot, e à análise multivariada utilizando a distância de Mahalanobis e o método de agrupamento UPGMA, além da aplicação do Mapa Auto-organizável de Kohonen (SOM). Os resultados evidenciaram interação significativa entre os genótipos e as épocas de transplântio para as variáveis altura de planta, massa seca da parte aérea (MSPA) e massa fresca da raiz (MFRAIZ), indicando resposta diferencial dos genótipos às condições ambientais. A análise por GGE biplot destacou a superioridade e a estabilidade do genótipo OB0567, com desempenho consistente nas duas épocas avaliadas. As análises multivariadas e o SOM confirmaram a existência de variabilidade genética entre os genótipos e apresentaram elevada coerência com a análise univariada. Conclui-se que a integração de métodos univariadas e multivariadas constitui uma abordagem eficiente para a avaliação de genótipos de manjeriço, fornecendo subsídios relevantes para programas de melhoramento genético e para a recomendação de materiais superiores em diferentes condições ambientais.

Palavras-chave: *Ocimum basilicum* L.; Melhoramento vegetal; Adaptabilidade fenotípica; Análise multivariada; Redes neurais artificiais.

LISTA DE FIGURAS

Figura 1 - Climograma representando a temperatura máxima e mínima, a umidade relativa do ar e a precipitação pluviométrica durante as duas épocas de transplântio do manjeriço. 18

Figura 2 - Interação significativa entre genótipos de manjeriço e épocas de transplântio para as variáveis altura de plantas, massa seca da parte aérea (MSPA) e massa fresca da raiz (MFRAIZ). Legenda dos genótipos: 1 = OB5037; 2 = OB5035; 3 = cv. ANISE; 4 = OB0354; 5 = CINNAMON; 6 = OB7570; 7 = OB7861; 8 = OB4689; 9 = Italian Large; 10 = OB0567; 11 = OB0580. 21

Figura 3 - Desdobramento da interação genótipo \times ambiente para as variáveis com efeito não significativo, considerando as linhagens OB5037, OB5035, OB0354, OB7570, OB7861, OB4689, OB0567 e OB0580, bem como as testemunhas comerciais cv. ANISE, CINNAMON e Italian Large. 23

Figura 4 - Análise de adaptabilidade e estabilidade de genótipos de manjeriço em duas épocas de transplântio, obtida por meio do método GGE biplot, evidenciando o desempenho relativo dos genótipos e a influência da interação genótipo \times ambiente. 25

Figura 5 - Análise da dissimilaridade genética entre genótipos de manjeriço. (A) Dendrograma obtido pelo método hierárquico UPGMA, com base na distância de Mahalanobis; (B) Classificação dos tratamentos em função do número de neurônios no Mapa Auto-organizável de Kohonen (SOM); (C) Representação dos neurônios e da magnitude de influência das variáveis em cada neurônio; (D) U-Matrix (Matriz de Distâncias Unificadas), representando a dissimilaridade entre neurônios no SOM, em que cores mais escuras indicam menor distância (maior similaridade) e cores mais claras indicam maior distância (maior dissimilaridade); (E) Destaque da linhagem OB0567. Variáveis analisadas: altura de plantas, diâmetro maior da copa (DMA), diâmetro menor da copa (DME), massa seca da parte aérea (MSPA), massa fresca da parte aérea (MFPA), volume de raiz, massa fresca da raiz (MFRAIZ) e massa seca da raiz (MSR). Legenda dos tratamentos: 1 (OB5037) = 1E1; 2 (OB5037) = 1E2; 3 (OB5035) = 2E1; 4 (OB5035) = 2E2; 5 (cv. ANISE) = 3E1; 6 (cv. ANISE) = 3E2; 7 (OB0354) = 4E1; 8 (OB0354) = 4E2; 9 (CINAMON) = 5E1; 10 (CINAMON) = 5E2; 11 (OB7570) = 6E1; 12 (OB7570) = 6E2; 13 (OB7861) = 7E1; 14 (OB7861) = 7E2; 15 (OB4689) = 8E1; 16 (OB4689) = 8E2; 17 (Italian Large) = 9E1; 18 (Italian Large) = 9E2; 19 (OB0567) = 10E1; 20 (OB0567) = 10E2; 21 (OB0580) = 11E1; 22 (OB0580) = 11E2. 27

SUMÁRIO

1. INTRODUÇÃO	9
2. OBJETIVOS	10
2.1 Objetivo Geral	10
2.2 Objetivos Específicos	10
3. REVISÃO BIBLIOGRÁFICA	11
3.1 Cultura do Manjeriço (<i>Ocimum basilicum</i>)	11
3.2 Diversidade Genética do Manjeriço e sua Importância	12
3.3 Interação Genótipo × Ambiente no Melhoramento Vegetal.....	13
3.4 Análises multivariadas na avaliação da dissimilaridade genética	14
3.4.1 Redes Neurais Artificiais na Agricultura.....	14
3.5 Mapa Auto-organizável de Kohonen (SOM)	15
3.6 O método GGE biplot na avaliação da interação genótipo × ambiente.....	16
4. MATERIAL E MÉTODOS	17
4.1 Avaliações Agronômicas e Morfológicas.....	19
4.2 Análises Estatísticas.....	19
5. RESULTADOS E DISCUSSÃO.....	21
6 CONCLUSÕES	30
REFERÊNCIAS	30

1. INTRODUÇÃO

O manjeriço (*Ocimum basilicum* L.) é uma planta aromática pertencente à família Lamiaceae, amplamente cultivada e consumida em diversas regiões do mundo. A cultura do manjeriço é amplamente reconhecida, devido sua grande importância agrônômica, econômica e socioeconômica, em função de sua versatilidade de uso, que engloba desde as aplicações culinárias à produção de óleos essenciais destinados às indústrias cosmética, farmacêutica e alimentícia (Bissiato, 2023).

Além do aroma característico, o manjeriço possui propriedades medicinais relevantes, com ações antioxidantes, antimicrobianas e anti-inflamatórias, fatores que contribuem para a crescente demanda por produtos naturais e funcionais (Edicase, 2025). Do ponto de vista produtivo, destaca-se por apresentar ciclo curto, elevada adaptabilidade e boa resposta ao cultivo em diferentes sistemas de produção, incluindo campo aberto, ambiente protegido e cultivo hidropônico (Gonçalves *et al.*, 2024).

Entretanto, ainda existem lacunas no conhecimento relacionado à variabilidade genética do manjeriço, o que limita avanços em programas de melhoramento voltados ao aumento da produtividade e qualidade do óleo essencial. A variabilidade genética constitui um recurso estratégico, possibilitando a identificação de genótipos superiores e a seleção de genitores geneticamente distintos, aumentando as chances de sucesso na obtenção de cultivares mais adaptadas (Tavares, 2023). Somado a isso, o desempenho da cultura é fortemente influenciado por diversos fatores ambientais, como temperatura, radiação solar, disponibilidade hídrica, fertilidade do solo, fotoperíodo, umidade relativa do ar e ocorrência de pragas e doenças

A expressão fenotípica de genótipos de manjeriço apresenta amplas variações em função das condições edafoclimáticas e das diferentes épocas de cultivo. Portanto, realizar estudos que demonstrem a influência desses fatores no desempenho das plantas é indispensável para identificar materiais com elevada estabilidade e adaptabilidade aos diversos sistemas de cultivo, garantindo um cultivo mais sustentável e produtivo.

Tradicionalmente, a caracterização da dissimilaridade genética tem sido realizada por métodos convencionais que demandam elevado custo e intensa mão de obra. Nesse contexto, o uso de ferramentas computacionais modernas, como as Redes Neurais Artificiais (RNAs), surge como uma alternativa promissora.

As RNAs são modelos inspirados no funcionamento do cérebro humano, com capacidade de aprender a partir de dados e reconhecer padrões complexos para a tomada de

decisão (Moura et al., 2015; Alves, 2020). Entre as técnicas de RNAs, destaca-se o Mapa Auto-organizável de Kohonen (SOM), um método não supervisionado que permite a redução da dimensionalidade e o agrupamento de genótipos com base em similaridades, facilitando a identificação de padrões de variabilidade em mapas bidimensionais (Hackenhaar et al., 2025).

Estudos recentes têm demonstrado a aplicabilidade do GGE biplot na avaliação da interação genótipo \times ambiente em diferentes culturas agrícolas, permitindo avaliar simultaneamente o desempenho dos genótipos e sua estabilidade em múltiplos ambientes (Ribeiro *et al.*, 2025).

A utilização dessa abordagem no presente estudo possibilita uma avaliação mais abrangente do comportamento dos genótipos de manjeriço frente às variações ambientais, complementando a análise da dissimilaridade genética e fornecendo subsídios técnicos à comunidade científica, produtores rurais e programas de melhoramento vegetal.

2. OBJETIVOS

2.1 Objetivo Geral

Avaliar a dissimilaridade genética e o desempenho agrônomico de genótipos de manjeriço (*Ocimum basilicum* L.) cultivados em diferentes épocas.

2.2 Objetivos Específicos

- Analisar a dissimilaridade genética entre os genótipos de manjeriço por meio de métodos multivariados, com ênfase no uso de Redes Neurais Artificiais via Mapas Auto-organizáveis de Kohonen (SOM);
- Selecionar genótipos de manjeriço com potencial agrônomico superior em diferentes épocas de transplante, visando identificar materiais com maior adaptabilidade e estabilidade produtiva;
- Avaliar a interação genótipo \times ambiente (G \times E) para identificar o comportamento dos genótipos frente às variações sazonais, fornecendo subsídios para programas de melhoramento e recomendação de cultivares.

3. REVISÃO BIBLIOGRÁFICA

3.1 Cultura do Manjericão (*Ocimum basilicum*)

O manjericão, pertencente ao gênero *Ocimum* e à família *Lamiaceae*, é amplamente reconhecida por suas propriedades aromáticas, medicinais e culinárias. Sua espécie mais conhecida, *Ocimum basilicum*, destaca-se pela versatilidade de uso e pela presença marcante em diversas culturas gastronômicas ao redor do mundo (Bissiato, 2023). Além disso, é um cultivo valorizado por produtores devido à sua boa adaptação a diferentes regiões e ao seu ciclo de crescimento relativamente curto (Oliveira, 2022).

A cultura do manjericão tem ganhado espaço não apenas em hortas domésticas, mas também em produções comerciais voltadas ao fornecimento para mercados, restaurantes, indústrias cosméticas e farmacêuticas. Sua aceitação pelo mercado consumidor, associada ao crescente interesse por produtos naturais e funcionais, torna o manjericão uma planta estratégica, tanto para pequenos produtores quanto para empreendimentos de maior escala (Santos *et al.*, 2024).

Um dos principais atrativos do manjericão é o seu óleo essencial, que contém compostos como metil-chavicol, eugenol, linalol e citral. Esses componentes apresentam propriedades terapêuticas com potencial anti-inflamatório, antimicrobiano e antioxidante, além de aplicações importantes na aromaterapia e na fabricação de cosméticos naturais. Com isso, a extração e a comercialização dos óleos essenciais de manjericão tornam-se atividades promissoras (Silva *et al.*, 2025).

O cultivo do manjericão é favorecido por seu bom desenvolvimento em climas quentes e com boa luminosidade, embora a planta também seja capaz de se adaptar a diferentes condições climáticas. O solo ideal para o seu cultivo deve ser fértil, bem drenado e com pH levemente ácido. A irrigação deve ser regular, evitando o encharcamento, e a colheita pode ocorrer várias vezes ao longo do ciclo, já que a planta rebrota com facilidade após os cortes (Pereira; Moreira, 2011; Oliveira, 2022).

Diante do seu potencial agrônomo, medicinal e comercial, o manjericão se destaca como uma cultura de grande relevância para diferentes segmentos. Seu uso diversificado e os benefícios associados ao seu óleo essencial fortalecem sua posição no mercado de plantas

aromáticas. O cultivo de manjeriço pode representar uma alternativa rentável e sustentável, especialmente para agricultores familiares e empreendedores do setor de fitoterápicos e cosméticos naturais (Bissiato, 2023).

3.2 Diversidade Genética do Manjeriço e sua Importância

A diversidade genética do manjeriço é ampla, com destaque para a existência de diferentes espécies, subespécies e quimiotipos. Essa diversidade é resultado, em parte, da polinização cruzada e de hibridações naturais que ocorrem dentro do gênero *Ocimum*, o que dificulta a classificação precisa das variedades (Azizah *et al.*, 2023). Essa variabilidade é essencial para programas de melhoramento genético, pois permite a seleção de genótipos com características desejáveis, como maior produção de óleo essencial, resistência a pragas ou melhor adaptação a ambientes específicos (Blank *et al.*, 2010).

O germoplasma de manjeriço constitui recurso estratégico para introdução de novos genes e características agronômicas. A caracterização desses materiais pode ser feita com base em descritores morfológicos, bioquímicos e moleculares (Crop Life Brasil, 2020). A conservação e o uso estratégico dessa variabilidade favorecem a sustentabilidade da cultura e sua aplicação na agricultura de base ecológica, como a agroecologia.

Entre as variedades menos convencionais de manjeriço, destacam-se o manjeriço tailandês (*Ocimum basilicum* var. *thyrsiflora*) e o manjeriço limão (*Ocimum* × *citriodorum*). O manjeriço tailandês apresenta folhas mais estreitas, caules frequentemente arroxeados e aroma anisado característico, sendo amplamente empregado na culinária asiática, especialmente em preparações como curries, saladas e pratos quentes. Essa variedade se destaca não apenas pelo uso gastronômico, mas também pela elevada adaptação a ambientes de clima tropical e subtropical, com bom desempenho sob condições de alta luminosidade e solos bem drenados (Azizah *et al.*, 2023; Pereira; Moreira, 2011).

O manjeriço limão, por sua vez, caracteriza-se por folhas pequenas e lisas, com aroma cítrico pronunciado, resultado da presença de compostos voláteis específicos em seu óleo essencial. Essa variedade é amplamente utilizada na preparação de chás, sobremesas, bebidas e pratos à base de peixes e frutos do mar. Além do valor culinário, estudos indicam que o manjeriço limão apresenta bom potencial agronômico e ampla adaptação a diferentes sistemas de cultivo, sendo responsivo às condições ambientais típicas das regiões tropicais brasileiras (Azizah *et al.*, 2023; Oliveira, 2022).

Outro destaque é o manjeriço canela (*Ocimum basilicum* cv. Cinnamon), que possui aroma singular semelhante ao da canela, associado à sua composição química diferenciada. Suas folhas verdes com nervuras arroxeadas conferem valor ornamental, além do uso culinário em chás, saladas e preparações doces. Essas variedades reforçam a elevada plasticidade fenotípica do manjeriço e o seu amplo potencial de uso, tanto em sistemas produtivos comerciais quanto em hortas domésticas, evidenciando a importância da cultura para a diversificação agrícola e para o mercado de plantas aromáticas no Brasil (Zucchi *et al.*, 2023; Azizah *et al.*, 2023).

3.3 Interação Genótipo × Ambiente no Melhoramento Vegetal

A interação genótipo × ambiente (G×E) ocorre quando diferentes genótipos respondem de maneira distinta às variações ambientais, resultando em alterações no desempenho relativo entre os ambientes. Esse fenômeno é amplamente observado em culturas agrícolas e constitui um dos principais desafios nos programas de melhoramento genético vegetal, pois dificulta a seleção de genótipos com desempenho estável e previsível em diferentes condições de cultivo (Pereira *et al.*, 2016; Resende; Brondani, 2023).

Em espécies hortícolas e aromáticas, como o manjeriço (*Ocimum basilicum* L.), a interação G×E é especialmente relevante, uma vez que fatores como temperatura, luminosidade, regime hídrico e época de transplante influenciam diretamente o crescimento vegetativo, a produção de biomassa e a alocação de recursos entre parte aérea e sistema radicular (Zucchi *et al.*, 2023). Dessa forma, genótipos que apresentam alto desempenho em determinado ambiente podem não manter o mesmo comportamento em outras condições ambientais.

A compreensão da interação G×E é fundamental para a definição de estratégias de seleção, permitindo identificar genótipos com adaptação ampla, capazes de manter desempenho satisfatório em diferentes ambientes, ou com adaptação específica, indicados para condições ambientais particulares. A seleção de genótipos estáveis contribui para a redução dos riscos produtivos e para a maior segurança na recomendação de cultivares (Costa Neto *et al.*, 2020).

Nesse contexto, a utilização de métodos estatísticos e multivariados torna-se essencial para interpretar adequadamente a interação G×E, auxiliando na tomada de decisão em programas de melhoramento vegetal e na recomendação de genótipos mais eficientes e resilientes.

3.4 Análises multivariadas na avaliação da dissimilaridade genética

A análise da diversidade genética entre genótipos é uma etapa fundamental nos programas de melhoramento vegetal, pois permite identificar materiais divergentes e orientar estratégias de cruzamento e seleção. Entre as abordagens disponíveis, os métodos multivariados destacam-se por possibilitar a avaliação simultânea de múltiplas características agronômicas, fornecendo uma visão integrada da variabilidade fenotípica (Cruz, 2016).

O uso de medidas de dissimilaridade, como a distância de Mahalanobis, associado a métodos de agrupamento hierárquico, como o UPGMA (Unweighted Pair Group Method with Arithmetic Mean), tem sido amplamente empregado para a caracterização genética de culturas agrícolas. O dendrograma gerado a partir desses métodos permite a visualização da formação de grupos geneticamente semelhantes ou divergentes, auxiliando na identificação de genótipos promissores para programas de melhoramento (Faria *et al.*, 2012; Tavares, 2023).

Além disso, a representação gráfica dos dados por meio de mapas de calor (heat maps) tem se mostrado uma ferramenta eficiente para a interpretação da variabilidade multivariada. Os mapas de calor permitem identificar padrões de similaridade e contraste entre genótipos e ambientes, facilitando a visualização do comportamento conjunto das variáveis analisadas e sua contribuição para a diferenciação dos tratamentos (Silva *et al.*, 2015).

Em culturas com base genética relativamente estreita, como o manjeriço, a aplicação de métodos multivariados é particularmente importante, pois possibilita explorar de forma mais eficiente a variabilidade existente, contribuindo para a seleção de genótipos superiores e para o avanço do melhoramento genético.

3.4.1 Redes Neurais Artificiais na Agricultura

As Redes Neurais Artificiais (RNAs) são ferramentas de inteligência artificial inspiradas no funcionamento do cérebro humano. Compostas por neurônios artificiais interligados por conexões ajustáveis, elas aprendem a identificar padrões e realizar previsões com base em dados de entrada. Na agricultura, as RNAs têm sido amplamente aplicadas para previsão de produtividade, classificação de sementes, monitoramento de doenças e avaliação de variáveis ambientais (Borella; Borella; Corso, 2022).

No melhoramento genético vegetal, as RNAs auxiliam na seleção de genótipos com maior desempenho, utilizando dados genéticos e ambientais para prever a performance das plantas em diferentes condições (Montesinos-López *et al.*, 2018). Em culturas como feijão, algodão, couve e alface biofortificada, as RNAs demonstraram eficácia na estimativa de características morfológicas e produtivas, substituindo métodos tradicionais mais custosos e demorados (Carneiro, 2015; Jacinto *et al.*, 2024).

No entanto, até o momento, são escassos os estudos que aplicam RNAs especificamente ao melhoramento genético do manjeriço, o que revela uma lacuna importante na literatura científica e abre caminho para novas pesquisas com essa cultura de alto valor agregado.

3.5 Mapa Auto-organizável de Kohonen (SOM)

O Mapa Auto-organizável de Kohonen (Self-Organizing Map – SOM) é uma técnica de RNA não supervisionada que transforma dados multidimensionais em mapas bidimensionais, facilitando a visualização e a interpretação de padrões e agrupamentos. No contexto agrícola, o SOM é utilizado para análise de diversidade genética, agrupamento de genótipos, identificação de similaridades e variabilidades entre cultivares (Silva *et al.*, 2015).

Ao aplicar o SOM no estudo do germoplasma vegetal, é possível representar a diversidade genética de forma gráfica e intuitiva, auxiliando na seleção de genótipos mais promissores para programas de melhoramento (Pereira *et al.*, 2024). Essa técnica já foi empregada com sucesso em diversas culturas, como milho, feijão e alface, mas seu uso ainda é incipiente no estudo do manjeriço, sendo uma proposta inovadora para a avaliação de genótipos dessa espécie (Caldas *et al.*, 2024).

A integração de técnicas baseadas em Mapa Auto- organizáveis de kohonen (SOM) e Redes Neurais Artificiais (RNAs) configura-se como uma abordagem robusta e inovadora no campo da biotecnologia vegetal. Essa combinação permite a caracterização genética precisa, a classificação eficaz e a seleção assertiva de plantas, otimizando os programas de melhoramento genético e fortalecendo a conservação da diversidade genética em culturas de grande relevância econômica e agrônômica, como o manjeriço (*Ocimum basilicum*).

Ao potencializar a identificação de características desejáveis e a compreensão da variabilidade genética, essa abordagem contribui significativamente para a segurança alimentar, o desenvolvimento de variedades mais resilientes e a preservação do patrimônio genético vegetal.

3.6 O método GGE biplot na avaliação da interação genótipo × ambiente

A interação genótipo × ambiente ($G \times E$) constitui um dos principais desafios em programas de melhoramento vegetal, uma vez que o desempenho agrônomico de um genótipo pode variar significativamente em função das condições ambientais às quais está submetido (Cruz; Regazzi; Carneiro, 2014).

Essa interação influencia diretamente características como produtividade, estabilidade fenotípica, adaptação ampla ou específica e qualidade do produto, tornando essencial a utilização de ferramentas analíticas capazes de avaliar simultaneamente os efeitos genotípicos e ambientais (Pereira et al., 2015).

Nesse contexto, o método GGE biplot (Genotype plus Genotype-by-Environment interaction) destaca-se como uma abordagem gráfica eficiente para a análise de dados provenientes de ensaios multiambientais. O método foi proposto por Yan e Kang (2002) e baseia-se na decomposição da soma dos efeitos do genótipo (G) e da interação genótipo × ambiente ($G \times E$) por meio da análise de componentes principais, permitindo a representação desses efeitos em gráficos bidimensionais de fácil interpretação.

A principal vantagem do GGE biplot consiste na sua capacidade de sintetizar grandes conjuntos de dados experimentais, possibilitando a identificação de genótipos superiores, ambientes mais discriminantes e representativos, além da visualização de padrões de adaptação específica ou ampla por meio de diferentes tipos de gráficos, como *which-won-where*, *discriminativeness vs. representativeness* e *mean vs. stability*, o método fornece subsídios técnicos importantes para a tomada de decisão em programas de seleção e recomendação de cultivares (Yan, 2021).

Estudos recentes têm demonstrado a ampla aplicabilidade do GGE biplot em culturas agrícolas, evidenciando sua eficiência na avaliação da interação genótipo × ambiente em condições contrastantes de cultivo (Yan, 2021).

Nesse contexto, diversas pesquisas apresentaram resultados relevantes, como o trabalho de Ribeiro *et al.* (2025), na caracterização de híbridos de tomateiro, cultivados em dois ambientes, campo e casa de vegetação, com a utilização do GGE biplot na identificação de genótipos com melhor desempenho e estabilidade frente às variações ambientais, demonstrando a eficiência do método nos programas de melhoramento genético e manejo agrícola.

Essa abordagem permitiu não apenas a seleção de genótipos superiores, mas também a compreensão das respostas fenotípicas aos diferentes ambientes, contribuindo para a otimização de práticas de cultivo e a recomendação de variedades mais adaptadas a condições específicas.

A utilização do GGE biplot, portanto, configura-se como uma ferramenta robusta para apoiar programas de melhoramento e tomada de decisões agronomicamente sustentáveis.

4. MATERIAL E MÉTODOS

Os experimentos foram conduzidos em campo, na Estação Experimental de Hortaliças da Universidade Federal de Uberlândia (UFU), localizada no Campus Monte Carmelo, Brasil (18°42'43,19"S,47°29'55,8"O, altitude de 873 m). Foram consideradas duas épocas de transplântio distintas: P1, conduzida de 10 de fevereiro a 12 de maio de 2025, e P2, conduzida de 01 de março a 26 de maio de 2025.

Durante essas épocas, as condições climáticas foram monitoradas e registradas com o objetivo de avaliar o impacto das variações ambientais nos resultados experimentais, conforme ilustrado na Figura 1.

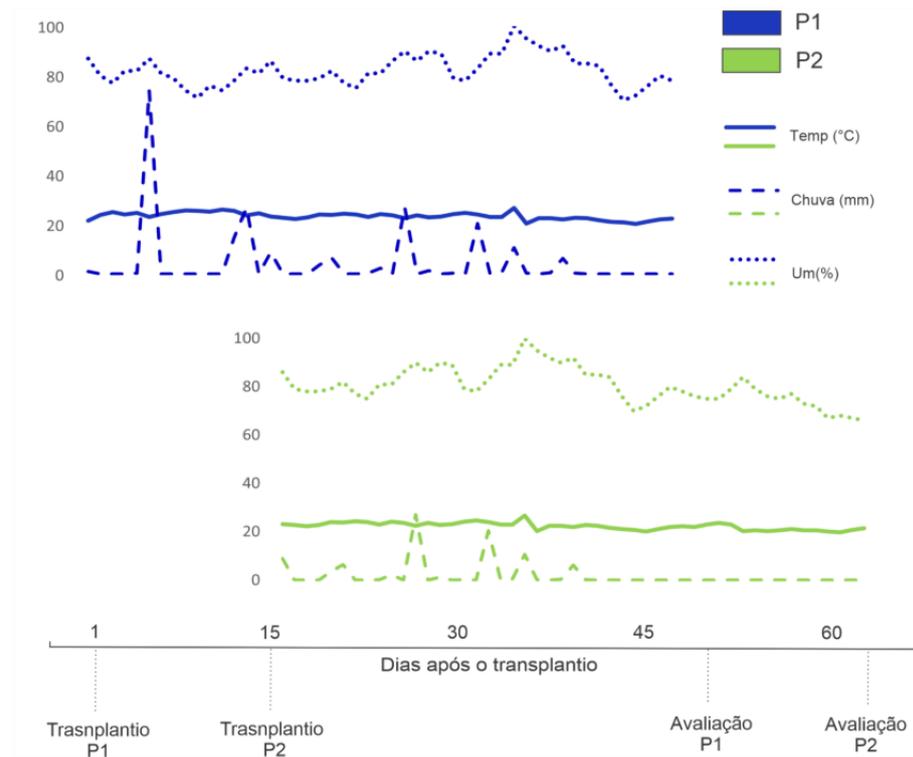


Figura 1 - Climograma representando a temperatura máxima e mínima, a umidade relativa do ar e a precipitação pluviométrica durante as duas épocas de transplante do manjeriço.

Foram avaliadas oito linhagens pré-comerciais de manjeriço (1= OB5037; 2= OB5035; 4= OB0354; 6= OB7570; 7=OB7861; 8= OB4689; 10= OB0567 e 11= OB0580) e três testemunhas comerciais (3= cv. ANISE, 5= CINNAMON e 9= Italian Large), totalizando 11 tratamentos. As linhagens pertencem ao germoplasma do programa de melhoramento genético de manjeriço desenvolvido pela Universidade Federal de Sergipe (UFS).

As sementeiras das linhagens pré-comerciais e das testemunhas comerciais, para cada época de transplante, foram realizadas em bandejas de poliestireno preenchidas com substrato comercial à base de fibra de coco. Aos 40 dias após a sementeira, as mudas foram transplantadas para canteiros definitivos no campo, nas respectivas datas de transplante.

Os experimentos foram conduzidos em delineamento de blocos casualizados (DBC), com quatro repetições, totalizando 44 parcelas experimentais. As parcelas experimentais foram constituídas por quatro plantas, dispostas em um espaçamento de 0.3 m entre plantas e 0.6 entre linhas.

As plantas foram conduzidas com base nas recomendações técnicas para a cultura do manjeriço (PEREIRA; MOREIRA, 2011). A irrigação foi realizada por gotejamento superficial. A lâmina, a frequência e o volume de irrigação foram definidos com base no monitoramento visual das condições hídricas do solo e do estágio fenológico das plantas, associado à observação das condições climáticas vigentes durante o período experimental.

4.1. Avaliações Agronômicas e Morfológicas

As avaliações agronômicas e morfológicas foram realizadas ao final do experimento, aos 50 dias após cada época de transplântio. Foram mensuradas as seguintes variáveis:

- Altura de planta (cm): determinada a partir da medição do nível do solo até o ápice da planta;
- Diâmetro maior da copa (DMA) (cm): obtido por meio de medições realizadas nas direções perpendicular e paralela entre si, utilizando fita métrica;
- Diâmetro menor da copa (DME) (cm): determinado de forma semelhante ao diâmetro maior da copa, por medições nas direções perpendicular e paralela entre si, com auxílio de fita métrica;
- Massa fresca da parte aérea (MFPA) (g): correspondente ao peso das folhas, inflorescências e hastes, aferido imediatamente após a colheita;
- Massa fresca da raiz (MFRAIZ) (g): obtida a partir da pesagem das raízes, após a remoção do solo e lavagem em água corrente;
- Massa seca da parte aérea (MSPA) (g): determinada após a secagem das folhas e inflorescências em estufa com circulação de ar forçada, a 70 °C, por um período de 48 horas, conforme metodologia descrita na literatura;
- Massa seca da raiz (MSR) (g): obtida após a secagem das raízes nas mesmas condições utilizadas para a massa seca da parte aérea;
- Volume da raiz (cm³): determinado pelo método de deslocamento de água em proveta graduada de 500 mL, utilizando inicialmente 200 mL de água destilada, com posterior adição de 100 mL de álcool etílico, a fim de melhorar a densidade e a visualização da raiz no líquido.

4.2. Análises Estatísticas

Os dados obtidos foram submetidos à análise de variância (ANOVA), e as médias foram comparadas pelo teste de Scott-Knott, adotando-se o nível de significância de 5% ($p < 0,05$), para a avaliação das linhagens, das épocas de transplântio e da interação entre linhagens e

épocas de transplântio. As linhagens foram consideradas como efeitos fixos, enquanto as épocas de transplântio foram tratadas como efeitos aleatórios.

Após a verificação da existência de interação genótipo \times ambiente, o método GGE biplot foi empregado para analisar o desempenho e a estabilidade das linhagens nas diferentes épocas de transplântio.

Esse método foi proposto para a análise de dados provenientes de ensaios multiambientais (*Multi-Environment Trials* – MET) e baseia-se na decomposição dos efeitos do genótipo (G) e da interação genótipo \times ambiente (G \times E), utilizando a representação gráfica obtida a partir dos dois primeiros componentes principais (PC1 e PC2) (Yan, 2021).

As variáveis massa fresca da raiz (MFRAIZ), massa fresca da parte aérea (MFPA), diâmetro menor da copa (DME), diâmetro maior da copa (DMA) e volume da raiz, avaliadas nas diferentes épocas de transplântio, foram analisadas por meio do GGE biplot, conforme o seguinte modelo estatístico:

$$Y_{ij} = \mu + \alpha_i + \beta_j + \theta_{ij} + \varepsilon_{ij}$$

onde Y_{ij} : representa o valor observado do genótipo i no ambiente j ; μ corresponde à média geral; α_i é o efeito principal do genótipo; β_j é o efeito principal do ambiente; θ_{ij} representa a interação entre o genótipo i e o ambiente j ; e ε_{ij} corresponde ao erro aleatório associado ao experimento.

Com base nessa abordagem, o GGE biplot foi utilizado para a construção dos gráficos “quem-ganhou-onde” (which-won-where), “discriminativo versus representativo” (discriminativeness vs. representativeness) e “examine um genótipo” (examine a genotype). As análises foram realizadas por meio do pacote GGEBiplot no software R (R Development Core Team, 2014).

Adicionalmente, a análise multivariada foi empregada para caracterizar a dissimilaridade genética entre as linhagens pré-comerciais de manjeriçãõ avaliadas nas duas épocas de transplântio. Para isso, foi utilizada uma matriz de dissimilaridade obtida a partir da distância de Mahalanobis, associada ao método de agrupamento hierárquico UPGMA (Unweighted Pair Group Method with Arithmetic Mean), cujos resultados foram representados por meio de mapas de calor e dendrograma.

A classificação não supervisionada dos dados foi realizada utilizando o Mapa Auto-organizável de Kohonen (Self-Organizing Map – SOM). O processo de treinamento da rede envolveu 2.000 iterações, com raio inicial igual a um e topologia hexagonal. As análises

estatísticas foram conduzidas nos softwares GENES (Cruz, 2016) e R, versão 4.2.1 (R Core Team, 2022).

5. RESULTADOS E DISCUSSÃO

A partir da análise das variáveis avaliadas, observou-se interação significativa entre os genótipos de manjeriço e as épocas de transplanteio para as variáveis altura de plantas, massa seca da parte aérea (MSPA) e massa seca da raiz (MSR) (Figura 2)

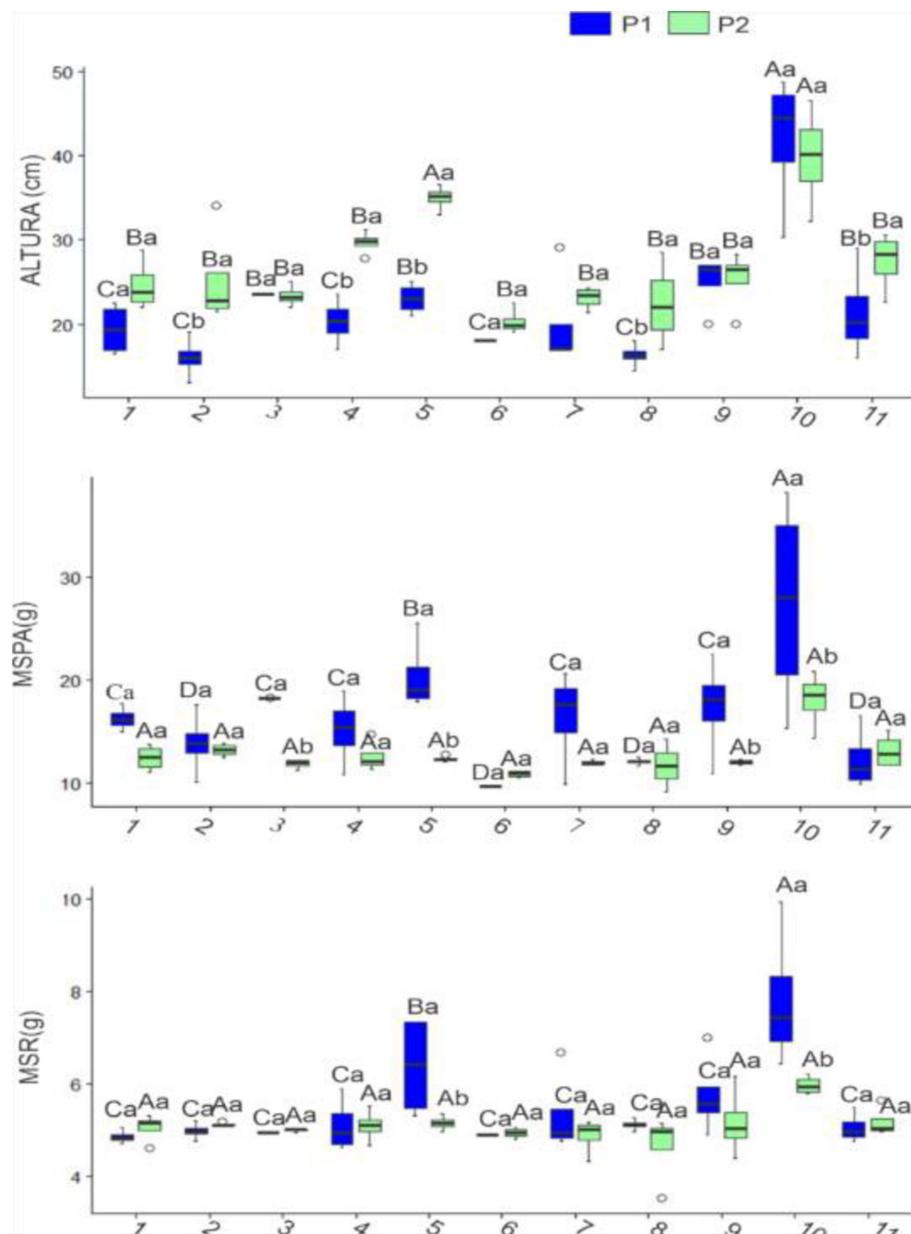


Figura 2 - Interação significativa entre genótipos de manjeriço e épocas de transplanteio para as variáveis altura de plantas, massa seca da parte aérea (MSPA) e massa fresca da raiz (MFRAIZ). Legenda dos genótipos: 1 =

OB5037; 2 = OB5035; 3 = cv. ANISE; 4 = OB0354; 5 = CINNAMON; 6 = OB7570; 7 = OB7861; 8 = OB4689; 9 = Italian Large; 10 = OB0567; 11 = OB0580.

A interação entre os genótipos e as épocas de transplântio, com efeito significativo para altura de plantas, massa seca da parte aérea (MSPA) e massa seca da raiz (MSRAIZ), indica que o desempenho das linhagens de manjeriç o n o foi uniforme entre as  pocas de transplântio avaliadas, mostrando respostas diferentes dos gen tipos  s variaç es ambientais sazonais (Pereira et al., 2015; Resende; Brondani, 2023). Do ponto de vista agron mico, esse resultado demonstra que gen tipos com desempenho superior em determinada  poca de transplântio podem n o manter o mesmo comportamento em condiç es ambientais distintas, caracterizando a ocorr ncia da interaç o gen tipo x ambiente (GxE).

Entre os gen tipos avaliados, destacou-se a linhagem OB0567 (gen tipo 10), que apresentou maior altura de planta, maior ac mulo de massa seca da parte a rea e maior massa fresca de raiz na  poca 1, quando comparada a  poca 2 e aos demais gen tipos avaliados. Esse comportamento sugere maior capacidade de crescimento vegetativo e maior efici ncia no aproveitamento das condiç es ambientais mais favor veis observadas nesse per odo experimental.

Dentre as vari veis que apresentaram interaç o significativa, destaca-se a altura de plantas que apresenta uma caracter stica agron mica importante em culturas arom ticas, pois est  associada ao crescimento vegetativo,   intercepta o de radia o solar e ao potencial de produç o de biomassa (Blank et al., 2010). Em cultivos comerciais de manjeriç o, plantas com maior altura e maior desenvolvimento vegetativo tendem a apresentar maior produç o de massa fresca e seca da parte a rea, caracter stica desej vel tanto para comercializa o in natura quanto para extra o de  leo essencial (Oliveira, 2022; Zucchi et al., 2023)

Al m disso, o maior desenvolvimento radicular observado na linhagem OB0567 pode indicar maior capacidade de absorç o de  gua e nutriente, fator que contribui para maior crescimento da parte a rea e maior estabilidade produtiva em condiç es ambientais vari veis (Taiz et al., 2017). Dessa forma, o desempenho superior dessa linhagem evidencia seu potencial agron mico para programas de melhoramento gen tico, especialmente nas condiç es clim ticas semelhantes  s observadas na  poca do transplântio favor vel

Para as vari veis que apresentaram interaç o n o significativa, o desdobramento dos efeitos isolados demonstrou diferenç as consistentes entre gen tipos, independentemente da  poca de transplântio(Figura 3).

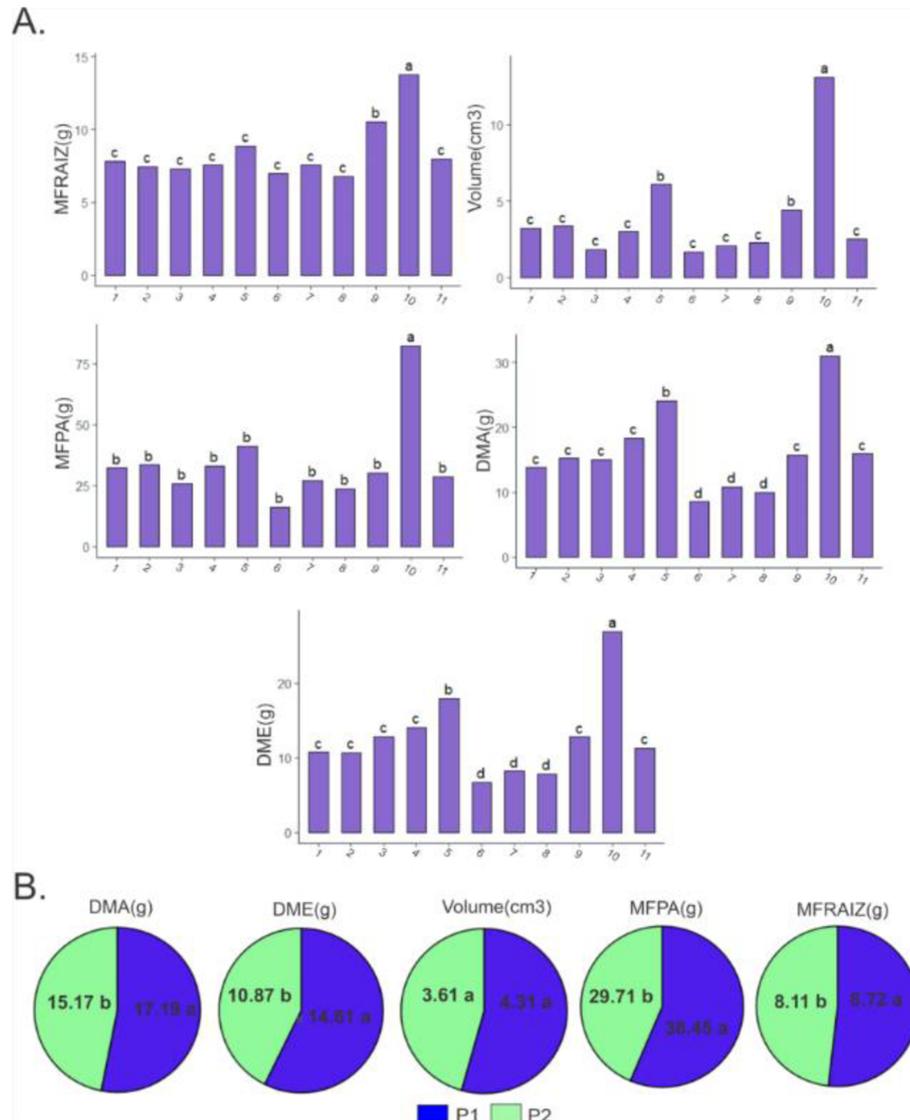


Figura 3 - Desdobramento da interação genótipo \times ambiente para as variáveis com efeito não significativo, considerando as linhagens OB5037, OB5035, OB0354, OB7570, OB7861, OB4689, OB0567 e OB0580, bem como as testemunhas comerciais cv. ANISE, CINNAMON e Italian Large.

O comportamento observado entre as variáveis massa fresca de raiz (MFRAIZ), volume de raiz, massa seca da parte aérea (MFPA), diâmetro maior copa (DMA), diâmetro menor da copa (DME) indica que determinadas características agrônômicas possuem maior estabilidade fenotípica, sendo menos sensíveis às variações ambientais, o que é desejável em programas de melhoramento genético. Independentemente da época de cultivo, observou-se diferença significativa entre os genótipos avaliados para todas as variáveis analisadas. Nesse contexto, destacou-se a linhagem OB0567 (genótipo 10), que apresentou os maiores valores médios para diâmetro de copa, volume radicular e acúmulo de biomassa da parte aérea e das raízes, evidenciando superioridade agrônômica em relação aos demais genótipos e às testemunhas comerciais.

Na comparação entre as épocas de transplântio, verificou-se que a época 1 (P1) apresentou médias superiores para todas as variáveis avaliadas quando comparada à época 2 (P2). Para o diâmetro maior da copa (DMA), observou-se média de 17,19 cm na época 1 e 15,17 cm na época 2, enquanto para o diâmetro menor da copa (DME) as médias foram 14,61 cm e 10,87 cm, respectivamente. Tendência semelhante foi observada para o volume de raiz, com média de 4,31 cm³ na época 1 e 3,61 cm³ na época 2. Para a massa fresca da parte aérea (MFPA), as médias foram 38,45 g na época 1 e 29,71 g na época 2, enquanto para massa fresca da raiz (MFRAIZ) observaram-se valores de 8,72 g e 8,11 g, respectivamente. Esses resultados indicam que as condições ambientais da primeira época de transplântio foram mais favoráveis ao crescimento vegetativo das plantas de manjeriço.

De acordo com Resende e Brondani (2023), genótipos com desempenho estável em múltiplos ambientes apresentam maior potencial para recomendação comercial, pois reduzem riscos produtivos associados à variabilidade climática. Assim, a identificação de linhagens que combinam alto desempenho médio e baixa sensibilidade ambiental constitui um dos principais objetivos do melhoramento vegetal (Cruz; Regazzi; Carneiro, 2014).

Conforme observado nas análises realizadas, independentemente do método empregado, o GGE biplot apresentou elevada coerência nos resultados obtidos (Figura 4).

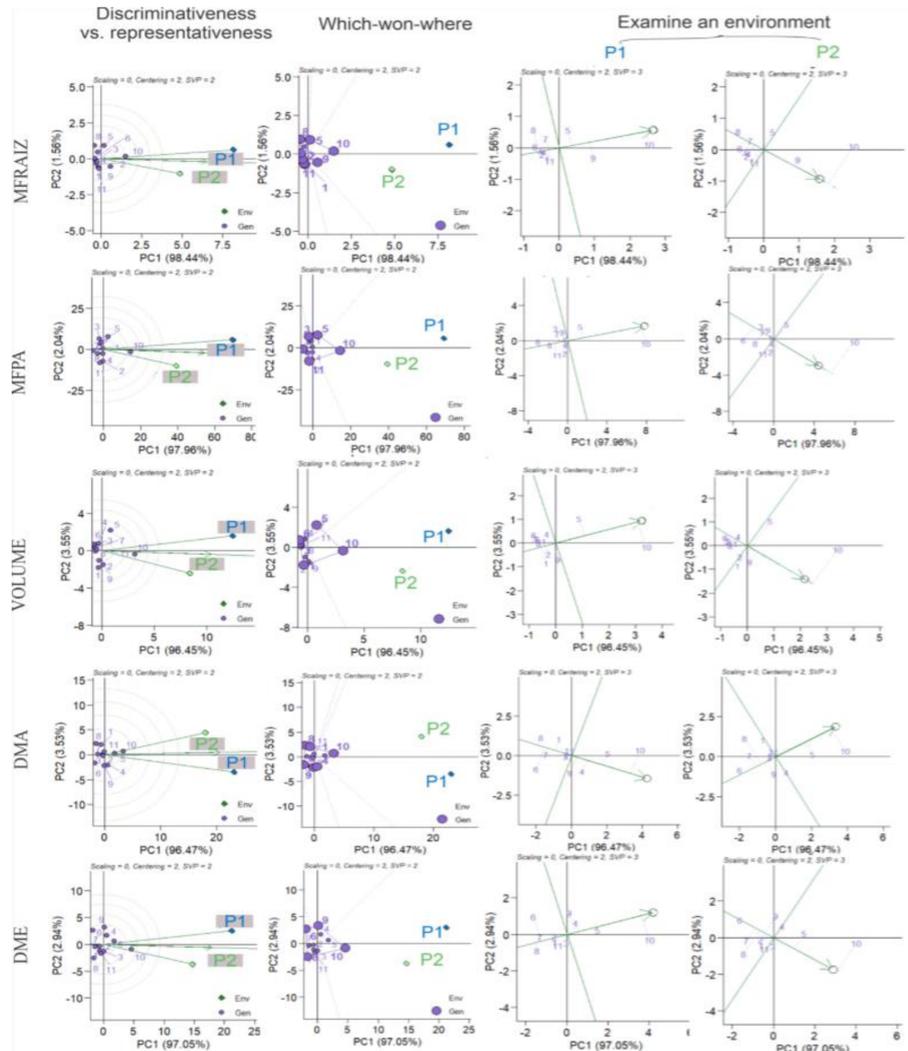


Figura 4 - Análise de adaptabilidade e estabilidade de genótipos de manjerição em duas épocas de transplântio, obtida por meio do método GGE biplot, evidenciando o desempenho relativo dos genótipos e a influência da interação genótipo \times ambiente.

Verificou-se que a época 1 de transplântio proporcionou, de modo geral, maiores rendimentos agrônômicos quando comparada à época 2, evidenciando a influência das condições ambientais sobre o desempenho das linhagens. Além disso, destacou-se a superioridade do genótipo 10 em relação aos demais, independentemente da época de transplântio, indicando elevada adaptabilidade e estabilidade produtiva.

A análise de adaptabilidade e estabilidade conduzida por meio do GGE biplot (Figura 4) permitiu identificar padrões claros de desempenho dos genótipos nas duas épocas avaliadas. O método GGE biplot baseia-se na decomposição conjunta dos efeitos do genótipo (G) e da interação genótipo \times ambiente (G \times E), por meio da análise de componentes principais, permitindo representar graficamente o comportamento relativo dos genótipos em diferentes

ambientes e identificar materiais com maior adaptabilidade e estabilidade produtiva (Yan, 2021).

Entre as principais interpretações gráficas do GGE biplot (Figura 4) destacam-se os gráficos “which-won-where”, “discriminativeness vs. representativeness” e “examine an environment”, amplamente utilizados na avaliação de ensaios multiambientais.

O gráfico “which-won-where” permite identificar os genótipos que apresentam melhor desempenho em cada ambiente avaliado, delimitando setores no biplot e indicando quais genótipos são superiores em cada condição de cultivo. No presente estudo, observou-se que o genótipo 10 (OB0567) apresentou desempenho superior em ambos os ambientes, posicionando-se como vencedor nos diferentes setores do biplot, o que evidencia sua elevada adaptabilidade.

Já o gráfico “discriminativeness vs. representativeness” permite avaliar a capacidade de cada ambiente em discriminar os genótipos e sua representatividade em relação ao ambiente médio. Ambientes com maior poder discriminativo apresentam maior capacidade de diferenciar o desempenho dos genótipos, enquanto ambientes mais representativos refletem de forma mais fiel o comportamento médio dos materiais avaliados. Essa análise auxilia na identificação de ambientes mais adequados para seleção de genótipos superiores.

Por sua vez, o gráfico “examine an environment” possibilita avaliar o relacionamento entre os ambientes testados, indicando similaridades ou diferenças nas condições experimentais. Ambientes próximos no biplot tendem a apresentar respostas semelhantes dos genótipos, enquanto ambientes mais distantes indicam maior contraste nas condições ambientais avaliadas.

A superioridade da época 1 (P1) está associada a condições ambientais mais favoráveis ao desenvolvimento das plantas, que contribuíram para maior crescimento vegetativo e acúmulo de biomassa. Esse comportamento pode ser explicado pelas condições climáticas observadas nesse período, conforme representado no climograma (Figura 1), caracterizadas por melhor equilíbrio entre temperatura, umidade relativa do ar e precipitação.

Em culturas aromáticas como o manjeriço, o crescimento vegetativo é altamente dependente da disponibilidade térmica e hídrica, sendo que ambientes com temperaturas moderadas, boa luminosidade e adequada disponibilidade de água favorecem a expansão foliar e o acúmulo de matéria seca, refletindo positivamente na produtividade (Gonçalves *et al.*, 2024).

Além disso, a estabilidade de desempenho apresentada pelo genótipo 10 indica baixa sensibilidade às mudanças ambientais, característica altamente desejável em programas de

melhoramento vegetal. Genótipos com esse perfil tendem a apresentar maior previsibilidade produtiva, reduzindo riscos associados à variabilidade climática e às condições de manejo.

Dessa forma, o comportamento consistente do genótipo OB0567 em ambientes contrastantes demonstra seu elevado potencial agrônômico, enquadrando-o nos critérios clássicos de seleção e recomendação de cultivares, conforme os princípios estabelecidos pelo método GGE biplot (Yan, 2021).

Resultados semelhantes também foram observados nas análises multivariadas, como o mapa de calor e as redes neurais artificiais, reforçando a consistência entre os diferentes métodos utilizados (Figura 5).

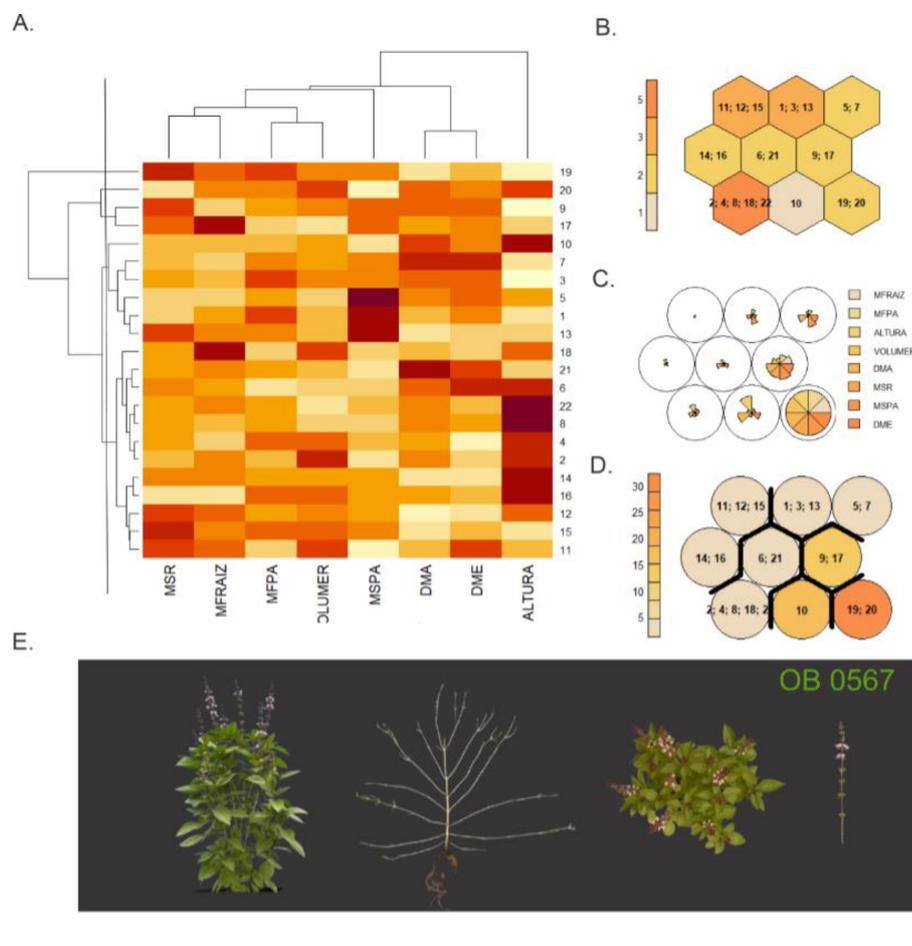


Figura 5 - Análise da dissimilaridade genética entre genótipos de manjericão. (A) Dendrograma obtido pelo método hierárquico UPGMA, com base na distância de Mahalanobis; (B) Classificação dos tratamentos em função do número de neurônios no Mapa Auto-organizável de Kohonen (SOM); (C) Representação dos neurônios e da magnitude de influência das variáveis em cada neurônio; (D) U-Matrix (Matriz de Distâncias Unificadas), representando a dissimilaridade entre neurônios no SOM, em que cores mais escuras indicam menor distância (maior similaridade) e cores mais claras indicam maior distância (maior dissimilaridade); (E) Destaque da linhagem OB0567. Variáveis analisadas: altura de plantas, diâmetro maior da copa (DMA), diâmetro menor da copa (DME), massa seca da parte aérea (MSPA), massa fresca da parte aérea (MFPA), volume de raiz, massa fresca da raiz (MFRAIZ) e massa seca da raiz (MSR). Legenda dos tratamentos: 1 (OB5037) = 1E1; 2 (OB5037) = 1E2; 3 (OB5035) = 2E1; 4 (OB5035) = 2E2; 5 (cv. ANISE) = 3E1; 6 (cv. ANISE) = 3E2; 7 (OB0354) = 4E1; 8 (OB0354) = 4E2; 9 (CINAMON) = 5E1; 10 (CINAMON) = 5E2; 11 (OB7570) = 6E1; 12 (OB7570) = 6E2; 13 (OB7861)

= 7E1; 14 (OB7861) = 7E2; 15 (OB4689) = 8E1; 16 (OB4689) = 8E2; 17 (Italian Large) = 9E1; 18 (Italian Large) = 9E2; 19 (OB0567) = 10E1; 20 (OB0567) = 10E2; 21 (OB0580) = 11E1; 22 (OB0580) = 11E2.

A análise multivariada realizada por meio do dendrograma UPGMA (Figura 5A), utilizando a distância de Mahalanobis como medida de dissimilaridade, evidenciou a presença de variabilidade genética entre os genótipos de manjeriço avaliados. A formação de grupos distintos no dendrograma indica a existência de dissimilaridade genética suficiente entre os materiais, o que é fundamental para subsidiar estratégias de cruzamento direcionado em programas de melhoramento vegetal. A identificação de grupos geneticamente divergentes possibilita a exploração mais eficiente da variabilidade disponível, aumentando as chances de obtenção de combinações genéticas superiores (Cruz; Regazzi; Carneiro, 2014).

A partir da análise do dendrograma, observou-se a formação de seis grupos principais de similaridade genética entre os genótipos avaliados. Destaca-se que a linhagem OB0567 apresentou comportamento diferenciado em relação aos demais materiais, posicionando-se de forma isolada em um grupo distinto, o que indica maior dissimilaridade genética em relação aos outros genótipos avaliados. Esse padrão de agrupamento sugere elevado potencial dessa linhagem para utilização em programas de melhoramento, especialmente em estratégias de cruzamento com genótipos geneticamente distintos.

A diversidade genética constitui um dos principais pilares para a obtenção de ganhos genéticos sustentáveis, uma vez que genitores geneticamente distantes tendem a originar progênes com maior variabilidade fenotípica e maior probabilidade de combinação de alelos favoráveis relacionados a características agrônomicas de interesse, como produtividade, adaptação ambiental e qualidade da planta (Blank *et al.*, 2010; Tavares, 2023).

No caso do manjeriço, cuja base genética cultivada é relativamente restrita quando comparada a outras culturas hortícolas, a identificação e a caracterização de genótipos distintos tornam-se ainda mais relevantes, pois ampliam as possibilidades de seleção de materiais superiores e reduzem riscos associados à uniformidade genética (Azizah *et al.*, 2023).

Observou-se, ainda, uma separação parcial dos tratamentos em função das épocas de transplantio (E1 e E2), o que evidencia a influência do ambiente na expressão dos caracteres agrônomicos avaliados. Esse padrão de agrupamento reforça a importância da interação entre fatores genéticos e ambientais na determinação do desempenho fenotípico dos genótipos, corroborando os resultados obtidos nas análises univariadas e na avaliação da interação genótipo \times ambiente por meio do GGE biplot. A convergência entre essas abordagens analíticas destaca a necessidade de considerar simultaneamente os efeitos genéticos e ambientais em estudos de caracterização e seleção de genótipos (Resende; Brondani, 2023).

A classificação não supervisionada realizada por meio do Mapa Auto-organizável de Kohonen (SOM) (Figura 5B), apresentou elevada coerência com os demais métodos estatísticos utilizados, como o dendrograma UPGMA (Figura 5A) e o GGE biplot (Figura 4), confirmando a eficiência das redes neurais artificiais na caracterização da dissimilaridade genética e fenotípica. O SOM permitiu o agrupamento dos genótipos em nove neurônios com base em padrões multivariados, considerando simultaneamente as variáveis altura de plantas, diâmetro maior da copa (DMA), diâmetro menor da copa (DME), massa seca da parte aérea (MSPA), massa fresca da parte aérea (MFPA), volume de raiz, massa fresca da raiz (MFRAIZ) e massa seca da raiz (MSR).

Observou-se ainda que os tratamentos 19 e 20, correspondentes ao genótipo OB0567 nas épocas de transplântio E1 e E2, foram posicionados de forma isolada no mapa auto-organizável de Kohonen (SOM) (Figura 5B), indicando maior dissimilaridade fenotípica em relação aos demais tratamentos. Esse resultado reforça o padrão observado na análise de agrupamento pelo método UPGMA (Figura 5A), evidenciando a coerência entre os métodos multivariados.

A análise da magnitude de influência das variáveis nos neurônios do mapa auto-organizável de Kohonen (SOM) (Figura 5C) permitiu visualizar a contribuição relativa de cada característica agrônômica na formação dos agrupamentos, evidenciando que as variáveis relacionadas ao desenvolvimento vegetativo e à produção de biomassa apresentam maior influência na diferenciação dos tratamentos. Já o U-Matrix (Figura 5D), que representa as distâncias entre os neurônios do mapa, evidenciou regiões com maior e menor similaridade entre os tratamentos, sendo que áreas com cores mais claras indicam maior dissimilaridade entre os agrupamentos, enquanto regiões mais escuras indicam maior similaridade entre os genótipos avaliados.

Essa abordagem possibilitou uma visualização integrada, intuitiva e complementar da variabilidade fenotípica existente entre os genótipos avaliados, facilitando a identificação de padrões de similaridade e divergência que poderiam não ser claramente detectados por métodos univariados (Pereira et al., 2024).

Dessa forma, a utilização conjunta de técnicas estatísticas tradicionais e ferramentas de inteligência artificial mostrou-se estratégica para aprofundar a compreensão da variabilidade genética do manjeriço e apoiar decisões mais precisas em programas de melhoramento vegetal e identificar genótipos promissores.

6 CONCLUSÕES

A pesquisa permitiu avaliar de forma integrada o desempenho agronômico, a estabilidade e a dissimilaridade genética de linhagens de manjeriço cultivada em duas épocas de transplante. Os resultados evidenciaram interação significativa entre genótipos e ambientes para características relacionadas ao crescimento e a produção de biomassa, demonstrando a influência das condições ambientais no desempenho das plantas. Entre os materiais avaliados, destacou-se a linhagem OB0567, que apresentou maior desempenho agronômico e estabilidade produtiva nas duas épocas de cultivo.

As análises multivariadas, por meio do dendrograma UPGMA, do Mapa Auto-organizável de Khonen (SOM) e do GGE biplot, demonstraram elevada coerência entre os métodos e confirmaram a existência de variabilidade genética entre os genótipos avaliados. Dessa forma, a integração dessas abordagens mostrou-se eficiente para a caracterização da interação genótipo x ambiente e para a identificação de genótipos promissores, fornecendo subsídios relevantes para o programa de melhoramento genético e para a recomendação de linhagens superiores de manjeriço em diferentes tipos de cultivo.

REFERÊNCIAS

ALVES, P. M. **Inteligência artificial e redes neurais**. Brasília: Centro de Pesquisa em Ciência, Tecnologia e Sociedade do Ipea, 2020. Disponível em: <https://www.ipea.gov.br/cts/pt/central-de-conteudo/artigos/artigos/106-inteligencia-artificial-e-redes-neurais>. Acesso em: 7 maio 2025.

AZEVEDO, A. M. *et al.* Eficiência da estimação da área foliar de couve por meio de redes neurais artificiais. **Horticultura Brasileira**, Brasília, v. 35, n. 1, p. 14–19, mar. 2017. DOI: <https://doi.org/10.1590/s0102-053620170103>.

AZIZAH, N. S. *et al.* Sweet basil (*Ocimum basilicum* L.): a review of its botany, phytochemistry, pharmacological activities, and biotechnological development. **Plants**, Basel, v. 12, n. 24, p. 1–25, 2023. DOI: <https://doi.org/10.3390/plants12244148>.

BISSIATO, N. V. **Fonte de luz no cultivo *in vitro* de manjeriço (*Ocimum basilicum* L.)**. 2023. 27 f. Trabalho de Conclusão de Curso (Graduação em Agronomia) – Instituto de Ciências Agrárias, Universidade Federal de Uberlândia, Uberlândia, 2023.

BLANK, A. F. *et al.* Comportamento fenotípico e genotípico de populações de manjeriço. **Horticultura Brasileira**, Brasília, v. 28, n. 3, p. 305–310, set. 2010. DOI: <https://doi.org/10.1590/s0102-05362010000300011>.

BONINI NETO, A. *et al.* Interface gráfica via redes neurais artificiais: um estudo de caso na estimativa da produção de capim-marandu em sistemas integrados. **Revista Brasileira de Engenharia de Biosistemas**, Tupã, v. 15, n. 2, p. 318–341, 2021. DOI: <https://doi.org/10.18011/bioeng2021v15n2p318-341>.

BORELLA, L. de C.; BORELLA, M. R. C.; CORSO, L. L. Climate analysis using neural networks as support to agriculture. **Gestão & Produção**, São Carlos, v. 29, p. 1–16, 2022. DOI: <https://doi.org/10.1590/1806-9649-2022v29e06>.

CALDAS, R. M. de S. *et al.* Emergent self-organizing maps aplicados ao estudo da diversidade genética de acessos de uva de mesa. **Revista RG News**, Brasília, v. 10, n. 1, p. 67–77, 2024.

CARNEIRO, V. Q. **Rede neural e lógica fuzzy aplicadas no melhoramento do feijoeiro**. 2015. 108 f. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento) – Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, 2015.

COSTA NETO, G. M. F. *et al.* **Uso de informações ambientais na modelagem e interpretação da interação genótipo × ambiente**. Santo Antônio de Goiás: Embrapa Arroz e Feijão, 2020. 48 p.

CROP LIFE BRASIL. **Germoplasma: a diversidade das plantas como você nunca viu**. 2020. Disponível em: <https://croplifebrasil.org/germoplasma-a-diversidade-das-plantas-como-voce-nunca-viu/>. Acesso em: 6 maio 2025.

CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. 4. ed. Viçosa, MG: UFV, 2014.

EDICASE. **8 benefícios do manjeriço para a saúde e como utilizá-lo**. 2025. Disponível em: <https://www.cartacapital.com.br/bem-estar/8-beneficios-do-manjericao-para-a-saude-e-como-utiliza-lo/>. Acesso em: 20 jan. 2026.

EMBRAPA – Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária. **Transgênicos: perguntas e respostas**. Brasília, 2025. Disponível em: <https://www.embrapa.br/tema-transgenicos/perguntas-e-respostas>. Acesso em: 6 maio 2025.

FALEIRO, F. G. *et al.* Bancos de germoplasma na Embrapa Cerrados. In: FALEIRO, F. Gelape; AMABILE, R. F.; RODRIGUES, L. N. (org.). **Pesquisa e inovação em germoplasma e melhoramento genético na Embrapa Cerrados**. Brasília: Embrapa Cerrados, 2024. p. 15–38.

FARIA, P. N. *et al.* Métodos de agrupamento em estudo de divergência genética de pimentas. **Horticultura Brasileira**, Brasília, v. 30, n. 3, p. 428–432, 2012. DOI: <https://doi.org/10.1590/s0102-05362012000300012>.

GONÇALVES, M. A. *et al.* Cultura de duas espécies de manjeriço em sistema hidropônico. **Journal of Interprofessional Health Science**, v. 23, p. 1–10, 2024. DOI: <https://doi.org/10.4025/jinterprofhealtheduc.v1i1.73605>.

GUERRA, Y. L.; SANTOS, M. G. S. Banco de germoplasma: uma biotecnologia essencial. **Tecnologia e Inovação em Ciências Agrárias e Biológicas**, 2023. DOI: <https://doi.org/10.56238/tecnolocienagrariabiosoci-045>.

HACKENHAAR, C. *et al.* Germoplasma de soja na região central do Tocantins. **Observatório de La Economía Latinoamericana**, v. 23, n. 4, p. 1–21, 2025. DOI: <https://doi.org/10.55905/oelv23n4-167>.

JACINTO, A. C. P. *et al.* Conventional morphological descriptors and artificial neural networks for characterizing lettuce germplasm. **Revista Caatinga**, Mossoró, v. 37, p. 1–9, 2024. DOI: <https://doi.org/10.1590/1983-21252024v37i12466rc>.

MONTESINOS-LÓPEZ, A. *et al.* Multi-environment genomic prediction using deep learners. **G3: Genes, Genomes, Genetics**, v. 8, n. 12, p. 3813–3828, 2018. DOI: <https://doi.org/10.1534/g3.118.200740>.

MOURA, M. C. C. L. *et al.* Potencialidades das redes neurais artificiais na avaliação de recursos genéticos. **Revista RG News**, v. 1, p. 14–19, 2015.

OLIVEIRA, A. P. **Desempenho agrônômico e potencial ornamental de manjeriço**. 2022. 65 f. Dissertação (Mestrado em Agronomia) – Universidade de Brasília, Brasília, 2022.

PEREIRA, A. S. *et al.* Inteligência artificial e mapas auto-organizáveis na análise de germoplasma vegetal. **Revista Brasileira de Biociências**, v. 22, n. 1, p. 45-58, 2024.

PEREIRA, R. C. A.; MOREIRA, A. L. M. **Manjeriço: cultivo e utilização**. Fortaleza: Embrapa Agroindústria Tropical, 2011. 24 p.

PEREIRA, T. C. V. *et al.* Reflexo da interação genótipo × ambiente no melhoramento genético de feijão. **Ciência Rural**, Santa Maria, v. 46, n. 3, p. 411–417, 2015. DOI: <https://doi.org/10.1590/0103-8478cr20130998>.

REDAÇÃO DOURADOS INFORMA. Demanda por plantas aromáticas e medicinais cresce no Brasil. **Dourados Informa**, 2025. Disponível em: [<https://douradosinforma.com.br/noticias/geral/demanda-por-plantas-aromaticas-e-medicinais-cresce-no-brasil>]. Acesso em: 15 jan. 2026.

RESENDE, R. T.; BRONDANI, C. **Melhoramento de precisão: aplicações e perspectivas**. Brasília: Embrapa, 2023. 328 p.

RIBEIRO, A. L. A. *et al.* Aplicação do modelo GGE biplot na avaliação de genótipos de oleráceas em diferentes ambientes de cultivo. **Horticultura Brasileira**, v. 43, e2025001, 2025.

SILVA, J. R. *et al.* Caracterização química e potencial antioxidante de óleos essenciais de *Ocimum basilicum* L. **Scientia Agraria**, v. 26, n. 2, p. 112-125, 2025.

TAIZ, L. *et al.* **Fisiologia e desenvolvimento vegetal**. 6. ed. Porto Alegre: Artmed, 2017.

TAVARES, G. I. S. **Diversidade genética e seleção de genótipos de soja**. 2023. 93 f. Dissertação (Mestrado em Agronomia) – Universidade Federal de Uberlândia, Uberlândia, 2023.

TEODORO, P. E. *et al.* Redes neurais artificiais para identificar genótipos de feijão-caupi. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 50, n. 11, p. 1054–1060, 2015. DOI: <https://doi.org/10.1590/s0100-204x2015001100008>.

THEINL, M. C. **A agricultura familiar e a produção de ervas aromáticas como estratégia de sucessão rural**. 2023. 120 f. Dissertação (Mestrado em Agronomia) – Faculdade de Ciências Agrárias, Universidade Federal de Uberlândia, Uberlândia, 2023.

YAN, W. GGE biplot analysis of multi-environment trial data. In: YAN, Weikai. **Analysis and handling of G×E interactions**. Boca Raton: CRC Press, 2021.

ZUCCHI, M. R. *et al.* Desenvolvimento vegetativo e reprodutivo de manjeriço. **Revista de Biotecnologia & Ciência**, Ipameri, v. 12, p. 1–12, 2023.