

ADAPTABILIDADE E ESTABILIDADE DE GENÓTIPOS  
PROMISSORES DE FEIJÃO PRETO VIA MODELOS MISTOS E GGE  
BILOT, PARA REGIÕES DO ESTADO DO RIO DE JANEIRO,  
BRASIL

**ALEXANDRE GOMES DE SOUZA**

UNIVERSIDADE ESTADUAL DO NORTE FLUMINENSE

DARCY RIBEIRO

CAMPOS DOS GOYTACAZES – RJ

FEVEREIRO – 2022



ADAPTABILIDADE E ESTABILIDADE DE GENÓTIPOS  
PROMISSORES DE FEIJÃO PRETO VIA MODELOS MISTOS E GGE  
BILOT, PARA REGIÕES DO ESTADO DO RIO DE JANEIRO,  
BRASIL

**ALEXANDRE GOMES DE SOUZA**

“Tese apresentada ao Centro de Ciências e  
Tecnologias Agropecuárias da Universidade  
Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro,  
como parte das exigências para obtenção do  
título de Doutor em Produção Vegetal”

Orientador: Prof. Rogério Figueiredo Daher

CAMPOS DOS GOYTACAZES – RJ  
FEVEREIRO – 2022

### FICHA CATALOGRÁFICA

UENF - Bibliotecas

Elaborada com os dados fornecidos pelo autor.

S729

Souza, Alexandre Gomes de.

ADAPTABILIDADE E ESTABILIDADE DE GENÓTIPOS PROMISSORES DE FEIJÃO PRETO VIA MODELOS MISTOS E GGE BIPLLOT, PARA REGIÕES DO ESTADO DO RIO DE JANEIRO, BRASIL / Alexandre Gomes de Souza. - Campos dos Goytacazes, RJ, 2022.

81 f. : il.

Inclui bibliografia.

Tese (Doutorado em Produção Vegetal) - Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro, Centro de Ciências e Tecnologias Agropecuárias, 2022.

Orientador: Rogerio Figueiredo Daher.

1. biplots. 2. ganho genético. 3. ideótipo. 4. metodologia REML/BLUP. 5. *Phaseolus vulgaris*. I. Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro. II. Título.

CDD - 630

ADAPTABILIDADE E ESTABILIDADE DE GENÓTIPOS  
PROMISSORES DE FEIJÃO PRETO VIA MODELOS MISTOS E GGE  
BILOT, PARA REGIÕES DO ESTADO DO RIO DE JANEIRO,  
BRASIL

**ALEXANDRE GOMES DE SOUZA**

“Tese apresentada ao Centro de Ciências e  
Tecnologias Agropecuárias da Universidade  
Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro,  
como parte das exigências para obtenção do  
título de Doutor em Produção Vegetal”

Aprovada em 24 de fevereiro de 2022

Comissão Examinadora:



---

Prof. Geraldo de Amaral Gravina (D.Sc., Fitotecnia) – UENF



---

Josefa Grasiela S. Santana (D.Sc., Genética e Melhoramento de Plantas) – UENF



---

Prof. Aldo Shimoya (D.Sc., Genética e Melhoramento de Plantas) – UCAM



---

Prof. Rogério Figueiredo Daher (D.Sc., Produção Vegetal) – UENF  
(Orientador)

## Dedico

Ao meu pai João Batista Tavares de Souza, servidor da UENF, por toda a sua ajuda, principalmente pelo aprendizado e entendimento de assuntos práticos adquiridos no campo. Por estar sempre ao meu lado, dia após dia, maravilhosos ou tempestuosos. Profissionalmente, sua inteligência é admirável e seu interesse, curiosidade e entusiasmo em aprender coisas novas são contagiantes e dignos de louvor.

“A saber: Se, com a tua boca, confessares ao Senhor Jesus e, em teu coração, creres que Deus o ressuscitou dos mortos, serás salvo.”

Romanos 10:9

“Aquele que testifica estas coisas diz: Certamente, cedo venho. Amém! Ora, vem, Senhor Jesus! A graça de nosso Senhor Jesus Cristo seja com todos vós. Amém.”

Apocalipse 22:20, 21

## **AGRADECIMENTOS**

A Deus, primeiramente, por tudo que me proporciona, em especial a saúde, a sabedoria, a alegria e entusiasmo que foram fundamentais para a finalização deste curso de doutorado;

Aos meus pais, João Batista Tavares de Souza e Jerria Adriana Braga Gomes de Souza, pelo incentivo à trajetória acadêmica, pela dedicação, educação, ensinamentos e princípios que só me fizeram crescer;

À minha irmã Raquel Gomes pelo carinho, confiança e incentivo;

Aos meus tios, primos e amigos pelo apoio e incentivo;

À minha noiva Débora, meu grande amor, companheira em todos os momentos, e aos seus familiares;

Ao meu orientador, professor Dr. Rogério Figueiredo Daher, por me aceitar como orientando, pelos ensinamentos, paciência, amizade, confiança e oportunidade à docência na disciplina Estatística Básica;

Aos professores Geraldo de Amaral Gravina e Marcelo Vivas, pela enorme disposição, aconselhamento, contribuição e amizade;

Agradeço à Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro e ao Programa de Produção Vegetal pela oportunidade de realização deste curso, bem como à concessão da bolsa de estudos;

À Empresa de Pesquisa Agropecuária do Estado do Rio de Janeiro (PESAGRO-RIO), unidade de pesquisa Centro Estadual de Pesquisa em Agroenergia e Aproveitamento de Resíduos (CEPAAR), nas pessoas do M.Sc.

Benedito Fernandes de Souza Filho e do M.Sc. Silvino Amorim Neto, pela amizade, disponibilidade e cessão dos dados, imprescindíveis para a realização e conclusão deste trabalho;

Aos meus colegas e amigos que fiz na UENF, Ana Kesia, Camila Queiroz, Cleudiane, Dalcirlei, Derivaldo, Helenilson, Iris, João Esdras, Josefa Grasiela, José Tiago, Júlio, Kleber, Larissa, Mário Pechara, Maxwel, Mayara, Moisés, Paulo Ricardo, Rafael Cabral, Rafael Freitas, Raiane, Ramon, Richardson, Tamara, Israel e Wanessa, pela amizade, pelo convívio e pelo constante incentivo;

Ao Instituto Superior de Tecnologia em Ciências Agrárias (ISTCA), campus da Escola Técnica Estadual Agrícola Antônio Sarlo (Colégio Agrícola de Campos dos Goytacazes-RJ) egresso do curso Tecnólogo em Horticultura, aos meus antigos professores Cláudio Melo, Luciana Aparecida, Mara Menezes, Milton Erthal, Solange Samarão e, em especial, meus amigos Angélica, Dorian, Edson, Fernando, Filipe Pureza, Francisca, Fred, Gabriela, Gilberto, Graça, Juliana, Liamara, Marcelle, Marcos, Marilene, Milton Bertoza, Priscila, Ramon, Ricardo e Tiago pelo amor, dedicação, compreensão, amizade, ajuda e apoio. Obrigado por tudo;

Em especial, ao amigo Edmar (Mazinho), ex-aluno da primeira turma do ISTCA, que me incentivou a prestar o vestibular em 2009, obrigado pelo apoio, pela ajuda, sou muito grato;

Aos demais professores, funcionários e alunos do Laboratório de Engenharia Agrícola (LEAG), departamento de estatística da UENF, pelo companheirismo e pela amizade construída ao longo dessa caminhada;

Por fim, a todos que, de algum modo, contribuíram para a realização deste trabalho.

Muito obrigado!

## SUMÁRIO

RESUMO .....	vi
ABSTRACT .....	viii
1.INTRODUÇÃO .....	1
2.REVISÃO DE LITERATURA.....	4
3.TRABALHOS .....	15
3.1. Seleção de genótipos de feijão preto para adaptabilidade, estabilidade e produtividade via modelos mistos para o estado do Rio de Janeiro, Brasil.....	15
3.2. Genótipos de feijão preto para adaptabilidade e estabilidade da produção, usando metodologia GGE biplot .....	37
4.RESUMO E CONCLUSÕES.....	62
REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS .....	64

## RESUMO

SOUZA, Alexandre Gomes, D.Sc., Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro. Fevereiro de 2022. Adaptabilidade e estabilidade de genótipos promissores de feijão preto via modelos mistos e GGE biplot, para regiões do estado do Rio de Janeiro, Brasil. Orientador: Prof. Rogério Figueiredo Daher.

O objetivo do trabalho foi estimar parâmetros genéticos e praticar seleção em genótipos de feijão preto, bem como determinar a adaptabilidade e estabilidade produtiva, por meio da aplicação das metodologias modelos mistos e GGE biplot, com interesse na recomendação de cultivares para o estado do Rio de Janeiro, Brasil. Foram realizados dois trabalhos aplicando-se metodologias diferentes. Para o primeiro trabalho foram estimados os componentes de variância e os valores genéticos via modelo misto em 11 genótipos de feijão preto, sendo três cultivares (BRS Campeiro, BRS Esplendor e IPR Uirapurú) e oito linhagens CNFP (15289, 15290, 15292, 15302, 15304, 15310, 15359, 15361), em ensaios conduzidos em blocos casualizados (DBC), três repetições, três locais e três anos agrícolas, totalizando nove ambientes de avaliação. O segundo trabalho foi em DBC em esquema fatorial simples, onde foram utilizados nove ambientes e onze genótipos, com três repetições. Após a análise de variância foram aplicadas as análises de adaptabilidade e estabilidade da produtividade de grãos por meio da metodologia GGE biplot (efeitos principais do genótipo + interação genótipo x ambiente). Para o primeiro trabalho verificaram-se altos níveis de herdabilidade média e acurácia, sendo 0,81 e 0,90, respectivamente. Houve ganhos com seleção entre 1,03% a

9,49%. A estratégia simultânea, método da média harmônica da performance relativa dos valores genéticos (MHPRVG), mostrou-se eficiente e proporcionou a seleção de duas linhagens: CNFP 15290 e CNFP 15361. Para o segundo trabalho foram verificadas respostas diferenciadas dos genótipos nos ambientes testados. A metodologia GGE biplot revelou os ambientes Macaé e Araruama como sendo locais ideais para testes. Os genótipos G5 (CNFP 15290), ideótipo, e G11 (CNFP 15361) superaram as cultivares controle G1 (BRS Campeiro), G2 (BRS Esplendor) e G3 (IPR Uirapurú), e apresentaram alta produtividade, adaptabilidade e estabilidade, podendo ser recomendados para a produção de grãos no estado do Rio de Janeiro.

Palavras-chave: biplots, ganho genético, ideótipo, metodologia REML/BLUP, *Phaseolus vulgaris*.

## ABSTRACT

SOUZA, Alexandre Gomes, D.Sc., Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro. February of 2022. Adaptability and stability of promising black beans genotypes via mixed models and GGE biplot, for regions in the state of Rio de Janeiro, Brazil. Advisor: Prof. Rogério Figueiredo Daher.

The objective of this work was to estimate genetic parameters and to practice selection in black bean genotypes, as well as to determine the adaptability and productive stability, through the application of mixed models and GGE biplot (genotype main effects + genotype environment interaction) methodologies, with interest in the recommendation of cultivars for the state of Rio de Janeiro. January, Brazil. Two works were carried out applying different methodologies. For the first work, variance components and genetic values were estimated via a mixed model in eleven black bean genotypes, being three cultivars (BRS Campeiro, BRS Esplendor and IPR Uirapurú) and eight CNFP lines (15289, 15290, 15292, 15302, 15304, 15310, 15359, 15361), in trials conducted in randomized blocks (DBC), three replications, three locations and three crop years, totaling nine evaluation environments. The second work was in DBC in a simple factorial scheme, where nine environments and eleven genotypes were used, with three replications. After the analysis of variance, the analysis of adaptability and stability of grain yield was applied using the GGE biplot methodology (main effects of genotype + genotype x environment interaction). For the first work, high levels of mean heritability and accuracy were found, 0.81 and 0.90, respectively. There were selection gains

between 1.03% and 9.49%. The simultaneous strategy, method of harmonic mean of relative performance of breeding values (MHPRVG), proved to be efficient and provided the selection of two strains: CNFP 15290 and CNFP 15361. For the second work, differentiated responses of the genotypes in the tested environments were verified. The GGE biplot methodology revealed the Macaé and Araruama environments as the ideal place for testing. The genotypes G5 (CNFP 15290), ideotype, and G11 (CNFP 15361) outperformed the control cultivars G1 (BRS Campeiro), G2 (BRS Esplendor) and G3 (IPR Uirapurú), and showed high productivity, adaptability and stability, and can be recommended for grain production in the state of Rio de Janeiro.

Keywords: biplots, genetic gain, ideotype, *Phaseolus vulgaris*, REML/BLUP methodology.

## 1. INTRODUÇÃO

O feijão comum (*Phaseolus vulgaris* L.) é uma *Poaceae* importante, considerada fator de segurança alimentar e de combate à desnutrição, ao mesmo tempo em que é rico em proteínas, ferro, sais minerais e carboidratos (Carneiro et al., 2015). O Brasil é o terceiro maior produtor mundial de *P. vulgaris*, além de ser um dos maiores consumidores do grão (FAOSTAT, 2020). A produção de feijão no país foi de três milhões de toneladas na safra de 2020/2021, sendo produzidas, deste total, em torno de 509 mil toneladas de feijão do tipo preto (CONAB, 2022).

Nas condições do estado do Rio de Janeiro, dados de séries temporais de 30 anos demonstraram que a produção decresceu de 11.700 toneladas em 1988 para 1.400 toneladas em 2018, diminuindo em torno de 88,03% no período. A área colhida decresceu de 18.000 hectares em 1988 para 1.400 hectares em 2018, diminuindo em torno de 92,22% no período. Todavia, o rendimento médio passou de 650 kg.ha<sup>-1</sup> em 1988 para 1.018 kg.ha<sup>-1</sup> em 2018, com incremento de 56,62% (CONAB, 2022). Por sua vez, grande parte desse incremento em produtividade deveu-se ao melhoramento genético, sobretudo, ao lançamento de cultivares, indicando que as avaliações agrônomicas têm sido coerentes com as condições das áreas de cultivo.

Estima-se que aproximadamente 50% do ganho genético em produtividade das espécies cultivadas mais importantes no país se deve ao melhoramento genético e 50% às melhorias no manejo (Borém et al., 2017; Ramalho et al., 2012). Os programas de melhoramento de feijoeiro no Brasil desenvolvem cultivares ao

longo dos anos que atendam aos interesses dos produtores. Para isso, os materiais genéticos em seleção são submetidos aos ambientes representativos de cada região, por meio de ensaios de valor de cultivo e uso (VCU) (Pereira et al., 2009).

Para tanto, o componente da interação genótipo x ambiente (G x A), de natureza complexa, pode dificultar o processo de seleção de cultivares, da qual é necessária a condução de ensaios em mais de um ambiente contrastante que simulem as condições dos produtores (Ramalho et al., 2012). Por conseguinte, melhoristas buscam por novos materiais superiores às cultivares testemunhas, que tenham estabilidade de produção e tenha aceitação pelos produtores. Verifica-se que, nesse processo, o material mais estável não é, obrigatoriamente, o mais produtivo em ambientes isolados e que o ambiente exerce forte influência no processo de seleção.

Conforme dito anteriormente, uma das principais formas de aumentar a produtividade de feijões, destaca-se o feijão do tipo preto no estado do Rio de Janeiro (por ser o favorito), é por meio da seleção de genótipos superiores que sejam adaptados às diferentes regiões, além de serem avaliados em diversos ambientes, que reflitam as condições ambientais às quais as cultivares serão submetidas (Pereira et al., 2017; Souza et al., 2018).

Nesse sentido, a metodologia de modelos mistos pelo procedimento REML/BLUP é um método eficiente no estudo das várias fontes de variação associadas à avaliação de experimentos de campo, permitindo desdobrar a variação fenotípica em componentes genéticos, ambientais e de interação G x A (Resende, 2007). Permite também selecionar os genótipos simultaneamente pelo método da média harmônica da performance relativa dos valores genéticos (MHPRVG), inferindo sobre o ganho genético predito; desempenho médio dos genótipos em todos os ambientes; desempenho em cada ambiente; e seleção simultânea quanto à produtividade, adaptabilidade e estabilidade (Santos et al., 2018; Rosado et al., 2012).

Outra metodologia disponível é a GGE biplot que apresenta, por meio de gráficos biplots, o agrupamento visual de ambientes ou mega ambientes e determinação dos genótipos que obtiveram desempenho superior para ambientes específicos; seleção de genótipos quanto a relação média vs. estabilidade; discriminação vs. representatividade e escolha do genótipo ideal (ideótipo) (Yan, 2011; Yan e Holland, 2010; Yan e Tinker, 2006; Yan e Kang, 2003; Yan, 2001).

Nesse sentido, essas duas metodologias permitem selecionar com mais eficácia cultivares de feijão preto para o estado do Rio de Janeiro.

## 2. REVISÃO DE LITERATURA

### 2.1. Importância econômica da cultura

Os cinco maiores produtores mundiais de feijão, em ordem, são Índia, Myanmar, Brasil, China e Estados Unidos, responsáveis por 15,6 milhões de toneladas do total produzido no mundo (FAOSTAT, 2020). Todavia, o Brasil é o primeiro do ranking mundial de maior consumidor total com média de 17,06 kg/hab/ano (FAOSTAT, 2020). Isso faz do feijão um produto agrícola de grande importância econômica e social, sendo cultivado por diversas classes de produtores e em, praticamente, toda extensão territorial do Brasil (Barbosa e Gonzaga, 2012).

O Brasil se encontra na terceira posição no cenário internacional entre os maiores produtores, com produção nacional para a safra 2020/2021 de aproximadamente 3,0 milhões de toneladas, alcançando rendimento de 1,130 kg ha<sup>-1</sup>, numa área total cultivada de 2,7 milhões de hectares (CONAB, 2022). No cenário nacional, as estimativas para safra 2020/2021 apontam os estados do Paraná, Minas Gerais, Mato Grosso, Goiás e Bahia com 75,2% da produção nacional (2.168,5 milhões de toneladas) (CONAB, 2022). Por sua vez, o estado do Rio de Janeiro ficou em 26º lugar no ranking dos maiores estados produtores de feijão, com produção em torno de 1,3 mil toneladas, numa área de 1,1 mil hectare, alcançando produtividade média de 1,222 kg ha<sup>-1</sup>.

No cenário regional, segundo a safra 2020/2021, os cinco principais municípios produtores de feijão no estado do Rio de Janeiro foram Cachoeiras de

Macacu, Magé, Varre-sai, Macaé e São Francisco de Itabapoana. Em destaque, os municípios estudados neste trabalho, o município de Macaé pertencente à região Norte Fluminense, teve uma produção de 222 toneladas de feijão, numa área de 74 hectares, alcançando produtividade média de 3000 kg ha<sup>-1</sup>. O município de Araruama, pertencente à região Centro-Sul teve produção de 8 toneladas, numa área de 8 hectares, alcançando produtividade média de 1000 kg ha<sup>-1</sup>. E o município de Campos dos Goytacazes, pertencente à região Norte Fluminense, que teve produção inferior ao valor estimado para classificação no ranking e, portanto, não foi contabilizado (IBGE, 2020).

Quanto às diferenças entre as regiões produtoras de feijão no Brasil, em ordem decrescente de produção, destacam-se as Regiões Centro-Oeste, Sudeste, Sul, Nordeste e Norte. A Região Centro-Oeste alcançou a maior produção em torno de 759,5 mil toneladas, em uma área de 427,7 mil hectares, com produtividade de 1776 kg ha<sup>-1</sup>. A Região Sudeste foi a segunda maior região produtora com produção em torno de 713,7 mil toneladas, em uma área de 420,3 mil hectares, com produtividade de 1698 kg ha<sup>-1</sup>. A Região Sul alcançou uma produção em torno de 706,9 mil toneladas, em uma área de 517,3 mil hectares, com produtividade de 1366 kg ha<sup>-1</sup>. A Região Nordeste alcançou a segunda menor produção em torno de 592 mil toneladas, a maior área com 1456,8 mil hectares, atingindo uma produtividade de 406 kg ha<sup>-1</sup>. Por último, a Região Norte que alcançou a menor produção em torno de 104,2 mil toneladas, em uma área de 101,3 mil hectares, com produtividade de 1029 kg ha<sup>-1</sup> (CONAB, 2022).

O Produto Interno Bruto (PIB) do Brasil em 2021 foi de R\$ 8,7 trilhões. E, dentre as cinco principais Unidades da Federação, São Paulo e Rio de Janeiro, que formam a maior economia do país, foram responsáveis por R\$ 2,348 trilhões e R\$ 779,928 bilhões, respectivamente, seguidas de Minas Gerais (R\$ 651,873 bilhões), Rio Grande do Sul (R\$ 482,464 bilhões) e Paraná (R\$ 466,377 bilhões) (IBGE, 2022).

## 2.2. Origem e aspectos botânicos

O feijão comum é originário da região central do México (Bitocchi et al., 2017; Rendón-Anaya et al., 2017). Estudos baseados em evidências morfológicas, bioquímicas e moleculares relatam que sua domesticação ocorreu nas Regiões

Mesoamérica e Andina, originando dois *pools* gênicos ecogeográficos (Gepts e Debouck, 1991).

A introdução de *P. vulgaris* no Brasil pode ter ocorrido por duas rotas. A primeira, responsável pela introdução dos genótipos de sementes pequenas, teria iniciado no México e seguido pela costa do Caribe até a Colômbia, Venezuela e, por conseguinte, o Brasil. A segunda rota possibilitou a introdução dos tipos de sementes grandes, diretamente dos Andes. Há ainda, a possibilidade de que feijões de sementes grandes tenham sido introduzidos por imigrantes da Europa, onde esse tipo de genótipo prevalece (Vieira, 1988). De acordo com Burle et al. (2010), no Brasil há uma grande diversidade de *P. vulgaris*, mesmo não sendo o centro primário de domesticação da espécie e, no país, pode se encontrar grande diversidade devido ao cultivo histórico e à introdução dos diferentes *pools* gênicos.

Schmutz et al. (2014) classificam o feijoeiro como pertencente ao Reino: Vegetal; classe: Dicotyledoneae; Subclasse: Archichlamydeae; Ordem: Rosales; Família: Fabaceae (fabaceae); Subfamília: Papilionoideae; Tribo Phaseolineae; Gênero: *Phaseolus* L.; e Espécie: *Phaseolus vulgaris* L.

Espécies cultivadas do gênero *Phaseolus* se distinguem quanto ao formato do hilo, ao tipo de germinação e às características das bractéolas. O gênero *Phaseolus* é composto por, aproximadamente, 70 espécies, sendo cinco domesticadas: *P. vulgaris* L., *P. lunatus* L., *P. coccineus* L., *P. acutifolius* A. Gray var. *latifolius* Freeman e *P. polyanthus* Greenman (Gepts e Debouck, 1991), sendo a primeira, *P. vulgaris* L., a mais importante, por ser a mais cultivada e, também, do ponto de vista econômico.

A morfologia floral de *P. vulgaris* favorece o mecanismo de autopolinização. As anteras estão situadas no mesmo nível do estigma e envolvidas completamente pela quilha. Quando ocorre a deiscência das anteras (antese), os grãos de pólen caem diretamente sobre o estigma (Santos et al., 2015).

O feijão é classificado de acordo com o número de nós, grau e tipo de ramificação, comprimento dos internódios, capacidade trepadora e o hábito de florescimento de natureza determinada ou indeterminada (Debouck e Hidalgo, 1985). Os hábitos de crescimento dos cultivares são classificados em (tipo I) hábito determinado arbustivo, (tipo II) hábito indeterminado arbustivo, (tipo III) hábito indeterminado prostrado e (tipo IV) hábito indeterminado trepador (Nassar et al., 2010).

O ciclo vegetativo do feijoeiro varia de 65 a 110 dias (Souza et al., 2019), dependendo da latitude e altitude e, nesse período, a planta deve ser abastecida de nutrientes, água e boa sanidade para que a transformação em grãos seja eficiente e atinja rendimentos de até 4,0 t ha<sup>-1</sup> com alto valor nutricional, especialmente em proteína (Kluthcouski, 2009). Ainda, segundo o autor, as seguintes fases vegetativas e reprodutivas são: (V1) Emergência dos cotilédones; (V2) Abertura das folhas primárias; (V3) Abertura do primeiro trifólio; (V4) Abertura do terceiro trifólio; (R5) Pré-floração; (R6) Floração; (R7) Formação de vagens (legumes); (R8) Enchimento vagem (legume) – no ponto de colheita, para vagens comestíveis; e (R9) Colheita de grãos.

### 2.3. Aspectos gerais sobre o melhoramento do feijão comum

O feijoeiro é uma planta de ciclo curto, diploide ( $2n=2x=22$  cromossomos), predominantemente autógama, com taxa de fecundação cruzada abaixo de 5% (Burle et al., 2010), o que predomina a autopolinização (Marques Júnior e Ramalho, 1995). Sua estrutura floral favorece a autofecundação (autogamia), uma vez que o estigma e as anteras se encontram no mesmo nível e estão totalmente envolvidos pela quilha, favorecendo que o pólen caia diretamente sobre os estigmas, no momento da abertura da flor.

Uma cultivar de feijão é composta por uma linha pura ou uma mistura de linhas puras. Linhas puras são constituídas por um grupo de indivíduos descendentes de uma única planta em elevada taxa de homozigose e, portanto, apresentam praticamente a mesma constituição genética, o que as torna homozigóticas e homogêneas (Borém et al., 2017). Neste caso, os agricultores não vão necessitar adquirir sementes anualmente.

A estabilidade de comportamento das linhas puras depende quase exclusivamente da sua plasticidade fenotípica (Mendes et al., 2018). Segundo os princípios estabelecidos pelo botânico dinamarquês Johannsen, há variações herdáveis e variações causadas por ambiente; a seleção só é eficiente se recair sobre diferenças herdáveis; e a seleção não gera variação, o que define então o termo “linha pura” como toda a descendência, por autofecundação, de um único indivíduo homozigoto (Borém et al., 2017).

Segundo Pereira et al. (2018) e Carvalho et al. (2017), o melhoramento do feijoeiro está baseado, principalmente, em cruzamentos entre linhagens e/ou cultivares, com o intuito de obter populações segregantes, considerando que se deseja reunir alelos favoráveis presentes em diferentes genitores.

Por meio de um método de melhoramento se conduz uma população segregante, em geral, até a geração  $F_6$ , quando se adquire o nível de homozigose desejado. As plantas superiores são selecionadas e colhidas individualmente, o que origina famílias  $F_7$ . Faz-se a multiplicação dessas famílias por um ciclo para obter as linhagens. A avaliação final dessas linhagens é realizada em rede nacional, por meio dos ensaios de valor de cultivo e uso (VCU) para avaliação do seu potencial agrônomo. Os ensaios de VCU obedecem aos requisitos mínimos para inscrição no Registro Nacional de Cultivares, isto é, necessitam ser realizados no mínimo por dois anos, em três locais de cada macrorregião pretendida, ou em três locais por dois anos, bem como na Lei de Proteção de Cultivares (Lei no 9.456), da qual as linhagens que forem mais promissoras poderão ser lançadas como nova cultivar (Borém et al., 2017), sendo o lançamento de cultivar a fase final do melhoramento.

Ademais, as instituições de pesquisas com melhoramento do feijão no Brasil atualmente são as Universidades públicas, como a Universidade Federal de Lavras (UFLA), a Universidade Federal de Viçosa (UFV), a Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro (UENF), a Embrapa Arroz e Feijão, o Instituto Agrônomo de Campinas (IAC), o Instituto Agrônomo do Paraná (IAPAR), e a Empresa de Pesquisa Agropecuária e Extensão Rural de Santa Catarina (EPAGRI).

#### 2.4. Interação Genótipo x Ambiente (G x A)

Para a indicação de um genótipo para um determinado local ou época de cultivo, ele deve ser previamente testado para as condições específicas desse local (Silva et al., 2018). Segundo Ramalho et al. (2012) genótipo é a constituição genética de um indivíduo, enquanto fenótipo são formas alternativas de expressão de uma característica e, essa expressão depende do genótipo e do ambiente. Todos os fatores não genéticos que modificam o crescimento e desenvolvimento das plantas são denominados ambiente, enquanto a interação G x A compreende a modificação no desempenho relativo dos genótipos, em função da diferença de ambiente (Borém et al., 2017).

Allard e Bradshaw (1964) e Borém et al. (2017) consideram a existência de duas condições que contribuem para a interação G x A ao qual é submetido. A primeira refere-se aos fatores previsíveis e incluem todos os fatores permanentes do ambiente, como o fotoperíodo, tipo de solo, fertilidade do solo, toxicidade por alumínio, época de semeadura e práticas agrícolas. A segunda condição refere-se aos fatores imprevisíveis, que incluem a distribuição pluviométrica, umidade relativa do ar, temperatura atmosférica e do solo, patógenos e insetos.

Para estimar e entender a interação G x A, os genótipos são avaliados em diferentes locais, épocas e anos de plantio, pois podem ter desempenhos relativos distintos, ou seja, uma cultivar pode ser extremamente produtiva em um ambiente, enquanto neste, um segundo cultivar mais adaptado a outro ambiente não possui o mesmo desempenho (Borém et al., 2017).

Segundo Cruz et al. (2012), a existência da interação G x A está aliada à natureza simples e complexa. Sendo a simples conferida pela diferença de variabilidade entre genótipos nos ambientes e a complexa dada pela falta de correlação entre genótipos. A interação conferida à causa complexa ocasiona dificuldades no melhoramento. Além de indicar a inconsistência da superioridade de genótipos com a variação ambiental, isto é, haverá genótipos com desempenho superior em um ambiente, porém não em outro, tornando mais trabalhosa a seleção e, ou recomendação desses materiais.

Assim, a interação G x A pode ser considerada uma das principais dificuldades detectadas pelos melhoristas durante sua atividade seletiva (Ramalho et al., 2012). Contrariamente, caso não houvesse interação G x A, um genótipo ajustar-se-ia à maioria dos ambientes de cultivo (anos, épocas de plantio e locais), de forma que um único ensaio, conduzido num só local, seria aceitável para fornecer resultados coletivos (Duarte e Vencovsky, 1999). Contudo, interações positivas, associadas às características esperadas do ambiente, apresentam rendimentos mais altos. Por conseguinte, a interação G x A não consiste apenas numa dificuldade, outrossim numa oportunidade a ser usufruída.

## 2.5. Adaptabilidade e estabilidade

Quando a interação G x A é detectada por um programa de melhoramento e deseja-se atenuar os efeitos dessa interação, infere-se sua magnitude por meio de

um estudo de adaptabilidade e estabilidade (Carvalho et al., 2016). A análise de adaptabilidade e estabilidade é de fundamental importância, e tem sido muito relatada na literatura para estudos em ensaios multiambientais. Esta análise permite identificar os genótipos com desempenho previsível, que respondem às condições do ambiente (Cruz et al., 2014).

A adaptabilidade consiste na capacidade de aproveitamento das variações do ambiente, ou seja, é a resposta produtiva dos genótipos aos estímulos ambientais, enquanto a estabilidade é a previsibilidade desta resposta às modificações ambientais (Borém et al., 2017; Cruz et al., 2012; Cruz e Regazzi, 1997). Dessa maneira, genótipos avaliados em diversos ambientes e anos de cultivo, poderão ser indicados para ambientes específicos. Por sua vez, o melhorista utilizará as análises de adaptabilidade e estabilidade produtiva para identificar se os genótipos contribuem com a mesma intensidade para a interação G x A.

A adaptabilidade e a estabilidade dependem da constituição genética de um cultivar, ou seja, do número de genótipo que a constituem e da heterozigose dos genótipos. São características do cultivar e lhe permitem responder aos fatores limitantes do ambiente e usufruir dos fatores favoráveis (Borém et al., 2017). Um cultivar deve apresentar, em diferentes condições de ambiente, alta produtividade, e sua superioridade deve ser estável.

As análises de adaptabilidade e estabilidade são destinadas à avaliação sobre o comportamento previsível de um grupo de genótipos diante das variações ambientais, em condições específicas ou amplas. Para tal finalidade, há inúmeras metodologias de análise de adaptabilidade e estabilidade, pelas quais a escolha de um método de análise dependerá dos dados experimentais, basicamente aqueles relacionados com o número de ambientes acessíveis, da precisão requerida e do tipo de informação esperada, considerando que alguns métodos são alternativos enquanto outros são complementares (Cruz et al., 2012).

Os principais métodos propostos podem ser baseados nos componentes de análise de variância, em métodos de regressão, em métodos não paramétricos, em métodos multivariados, em modelos mistos, e em novos métodos, como modelos analíticos fatoriais (Van Eeuwijk et al., 2016, Carvalho et al., 2016, Li et al., 2017, Sousa et al., 2020).

## 2.6. Modelo misto

O procedimento de avaliação genotípica refere-se ao método da máxima verossimilhança residual ou restrita/melhor predição linear não viesada (REML/BLUP), também denominado genericamente de metodologia de modelos mistos (Resende, 2016). Estes procedimentos lidam naturalmente com o desbalanceamento conduzindo às estimações e predições mais precisas de parâmetros genéticos e valores genéticos, respectivamente. O procedimento ótimo de seleção é o BLUP para os efeitos genéticos aditivos (a), de dominância (d) e genotípicos (g), dependendo da situação. O BLUP é o procedimento de predição que maximiza a acurácia seletiva e, portanto, é superior a qualquer outro índice de seleção combinada, sendo muito utilizado na análise genética de animais e plantas. As propriedades do BLUP são, resumidamente: melhor: é melhor porque possui mínima variância do erro de predição/estimção; linear: significa que as predições ou estimções são funções lineares das observações fenotípicas; e não-viesado: significa que o valor esperado da estimativa é igual ao seu verdadeiro valor.

Segundo Resende (2016), o método REML é uma generalização da análise de variância (ANOVA), criada pelo cientista inglês Ronald Fisher em 1925, e tem substituído com vantagens a ANOVA. O REML inclui um ajuste dos graus de liberdade utilizados na estimção dos efeitos fixos do modelo linear misto (Patterson e Thompson, 1971). Esse método é eficiente no estudo das várias fontes de variação associadas à avaliação de experimentos de campo, permitindo desdobrar a variação fenotípica em seus vários componentes genéticos, ambientais e de interação G x A.

Para Ludke et al. (2017), um modelo misto é um modelo estatístico que contém efeitos fixos e efeitos aleatórios. Efeitos aleatórios são de particular importância no melhoramento genético, visto que o pesquisador está interessado em realizar inferências além dos valores particulares da variável independente utilizada em um estudo, geralmente genótipos (famílias, clones, cultivares, etc.). Efeitos fixos, por sua vez, podem ser pensados em termos de diferenças (desvios em relação a uma média, por exemplo), enquanto efeitos aleatórios são definidos por uma distribuição e não por diferenças. Portanto, conclusões sobre efeitos aleatórios devem ser expressas em termos de variância.

Na análise de modelos mistos, os efeitos do modelo não são testados via teste de F, tal como se faz no modelo da ANOVA. Nesse caso, para os efeitos aleatórios, o teste da razão de verossimilhança – *Likelihood Ratio Test* (LRT) é o teste recomendado para comparar dois modelos mistos cujos parâmetros de interesse venha ser, por exemplo, efeito aleatório do genótipo ou variância genotípica, estimados pelo método da máxima verossimilhança. Teoricamente, LRT é uma variável aleatória com distribuição Qui-quadrado com graus de liberdade igual à diferença no número de parâmetros entre os dois modelos (completo e reduzido) (Viana e Resende, 2014).

Segundo Viana e Resende (2014), é possível obter, de forma similar, a ANOVA padrão, uma análise denominada Análise de Deviance (ANADEV) de acordo com os seguintes passos:

I – Obtenção do logaritmo do ponto de máximo da função de verossimilhança residual (L) para modelos com e sem o efeito a ser testado;

II – Obtenção da deviance  $D = -2 \text{ Log } L$  para modelos com e sem o efeito a ser testado;

III – Fazer a diferença entre as deviances para modelos sem e com o efeito a ser testado, obtendo a razão de verossimilhança (LR);

IV – Testar, via LRT, a significância dessa diferença usando o teste Qui-quadrado com 1 grau de liberdade.

O modelo misto é amplamente utilizado em programas de melhoramento de plantas (Torres Filho et al., 2017, Souza et al., 2019). Sobretudo, no melhoramento genético de espécies anuais na estimação de parâmetros genéticos (Freitas et al., 2013; Torres et al., 2015), dentre outras aplicações.

Suas principais vantagens são: permite comparar indivíduos ou variedades através do tempo (gerações, anos) e espaço (locais, blocos); permite a simultânea correção para os efeitos ambientais, estimação de componentes de variância e predição de valores genéticos; permite lidar com estruturas complexas de dados (medidas repetidas, diferentes anos, locais e delineamentos); permite análises com dados desbalanceados e a delineamentos não ortogonais; considera os efeitos genotípicos como aleatórios e, portanto, proporciona adaptabilidade e estabilidade genotípica e não fenotípica; além de permitir calcular o ganho genético com a seleção pelos três atributos simultaneamente (Resende, 2007).

Ainda no contexto de modelos mistos, é possível obter os seguintes parâmetros: média harmônica dos valores genotípicos (MHVG), para inferir estabilidade e rendimento; desempenho relativo de valores genotípicos (RPGV), para análise de adaptabilidade genotípica e produtividade; e média harmônica do desempenho relativo dos valores genotípicos (HMRPGV), para avaliar simultaneamente estabilidade, adaptabilidade e produtividade (Rosado et al., 2012). Dessa forma, a obtenção de estimativas confiáveis de parâmetros genéticos com base em sua avaliação da adaptabilidade e estabilidade são fundamentais na condução de programas de melhoramento de feijão. Essas estimativas auxiliam o processo de seleção e servem como referência teórica na recomendação de cultivares.

## 2.7. Modelo GGE biplot

O modelo bilinear denominado GGE biplot é um modelo de representação gráfica de uma matriz de dados, que permite observar, em um plano, a relação entre as linhas e colunas desta matriz (Yan et al., 2000). Segundo os autores, o modelo foi proposto para avaliar a adaptabilidade e estabilidade fenotípica, considerando como expressivo o efeito primário genótipo e o efeito multiplicativo à interação  $G \times A$ . Ainda assim, esta metodologia pode ser utilizada para quaisquer dados bidirecionais que apresentem uma disposição entrada x testador (Yan, 2001). Os efeitos, primários e multiplicativos, são agrupados por meio de uma análise de componentes principais.

Os componentes principais são uma técnica multivariada que permite reduzir o conjunto de características dos genótipos estudados, criando eixos ortogonais que são combinações lineares das variáveis originais, denominados componentes principais (Leite et al., 2016).

Ainda assim, os componentes principais têm por objetivo transformar um conjunto de variáveis originais em outro conjunto de variáveis não correlacionadas de mesma dimensão e dispostas em ordem decrescente de variância (Yin e Huang, 2010; Barshan et al., 2011; Prieto-Moreno et al., 2015), suprimir as variáveis respostas que apresentem poucas informações, evidenciar as relações existentes entre as variáveis e encontrar a combinação que explica a maior variância total dos dados (Dunteman, 1989; Yang et al., 2008). Por conseguinte, os

componentes principais apresentam o mínimo de perda de informação, garantindo ao máximo as informações originais.

Em respeito à variância total, o primeiro componente principal (CP) explica a maior proporção, enquanto o segundo CP explica a maior proporção da variância não explicada pelo primeiro componente variáveis originais (Johnson e Wichern, 1998; Moroco, 2003). Para Muniz et al. (2014), a importância do componente principal está associada à porcentagem da variância total que ele é capaz de explicar.

A metodologia GGE biplot é uma análise multifuncional e ajustável que além de selecionar genótipos por meio de representações gráficas de forma simples e eficiente (Badu-Apraku et al., 2012; Yan, 2014), permite também observar aspectos como a formação de mega ambientes, os genótipos e ambientes ideais, e os ambientes mais representativos e discriminativos, bem como uma comparação mais fácil dos genótipos avaliados (Yan et al., 2015). Portanto, os biplots são considerados gráficos de fácil interpretação, que apontam o desempenho dos genótipos e, também, analisam as inter-relações entre várias características.

### **3. TRABALHOS**

#### **3.1. SELEÇÃO DE GENÓTIPOS DE FEIJÃO PRETO PARA ADAPTABILIDADE, ESTABILIDADE E PRODUTIVIDADE VIA MODELOS MISTOS PARA O ESTADO DO RIO DE JANEIRO, BRASIL**

##### **RESUMO**

A introdução de cultivares de feijão no estado do Rio de Janeiro é necessária para aumentar seu cultivo e produtividade. Dessa forma, genótipos de feijão preto vêm sendo avaliados quanto ao ganho de seleção para a característica rendimento de grãos. O objetivo deste estudo foi estimar parâmetros genéticos e praticar seleção em genótipos de feijão preto. O estudo foi realizado em três municípios do estado do Rio de Janeiro, e em três anos agrícolas. Os ensaios foram instalados em delineamento em blocos casualizados com 11 genótipos e três repetições. Componentes de variância e os valores genéticos foram estimados via procedimento REML/BLUP. A variância genotípica entre genótipos mostrou média contribuição para a variância fenotípica. A estimativa de herdabilidade média e acurácia seletiva foi de 0,81 e 0,90, respectivamente, apontando nível de precisão alto e boas perspectivas para seleção. Portanto, foi possível obter ganhos consideráveis com a seleção para rendimento de grãos (1,03% a 9,49%). A seleção

simultânea foi eficiente e permitiu selecionar as linhagens CNFP (15290 e 15361) como sendo as mais produtivas, adaptáveis e estáveis aos diferentes ambientes e, portanto, têm potencial para serem lançadas como novas cultivares de feijão preto para o estado do Rio de Janeiro.

Palavras-chave: Estimação de parâmetros genéticos · interação genótipo x ambiente · *Phaseolus vulgaris* · REML/BLUP · seleção simultânea

## ABSTRACT

The introduction of bean cultivars in the state of Rio de Janeiro is necessary to increase their cultivation and productivity. Thus, black bean genotypes have been evaluated in terms of selection gain for the grain yield trait. The aim of this study was to estimate genetic parameters and practice selection in black bean genotypes. The study was carried out in three municipalities in the state of Rio de Janeiro, and in three agricultural years. The trials were installed in a randomized block design with 11 genotypes and three replications. Variance components and breeding values were estimated via the REML/BLUP procedure. The genotypic variance between genotypes showed a medium contribution to the phenotypic variance. The estimate of mean heritability and selective accuracy was 0.81 and 0.90, respectively, indicating a high level of precision and good prospects for selection. Therefore, it was possible to obtain considerable gains with the selection for grain yield (1.03% to 9.49%). The simultaneous selection was efficient and allowed to select the CNFP lines (15290 and 15361) as being the most productive, adaptable and stable to different environments and, therefore, they have the potential to be launched as new black bean cultivars for the state of Rio de Janeiro.

Keywords: Genetic parameters estimates · Genotype x environment interaction · *Phaseolus vulgaris* · REML/BLUP · Simultaneous selection

## INTRODUÇÃO

O feijão (*Phaseolus vulgaris* L.) é importante para a alimentação humana, valor nutricional e na renda do produtor, cultivado em todos os estados brasileiros, tendo a possibilidade de três safras anuais em alguns estados. Neste contexto, segundo a Companhia Nacional de Abastecimento (CONAB, 2022), a produção total de feijão no Brasil foi de três milhões de toneladas na safra 2020/2021 e, deste total, cerca de 509,5 mil toneladas foram de feijão do tipo preto. Na safra 2020/2021, o estado do Rio de Janeiro produziu 2838 toneladas em uma área de 1509 ha. Atualmente, a demanda de feijão no estado é de 258,28 mil toneladas, valor altíssimo frente ao produzido, o que o obriga a importar de outros estados e países cerca de 255,44 mil toneladas de feijão. Ainda, de acordo com a CONAB (2022), o feijão é cultivado em todas as regiões do estado do Rio de Janeiro, em especial nos municípios de Cachoeiras de Macacu, Magé, Varre-sai, Macaé e São Francisco de Itabapoana que produziram cerca de 65% da produção estadual.

Visto a necessidade de produção, os programas de melhoramento de feijão objetivam o desenvolvimento de novas cultivares visando maior rendimento de grãos. O uso de genótipos adaptados às diferentes regiões é uma das principais formas de aumentar a produtividade brasileira de feijão, o que pode diminuir a importação (Pereira et al., 2017; Souza et al., 2018). Portanto, para que um programa de melhoramento genético atinja seu objetivo e desenvolva cultivares adaptadas às diversas regiões produtoras do país, é necessário que os genótipos sejam avaliados em muitos ambientes, que reflitam as condições ambientais às quais as cultivares serão submetidas. Entretanto, a interação genótipos x ambientes afeta o ganho com a seleção, atuando diretamente no desempenho dos genótipos, o que torna necessário estimar a intensidade e a natureza dessa interação. Essas estimativas permitem avaliar o real impacto de seleção e garantem alto grau de confiabilidade na recomendação de genótipos para um determinado ambiente ou grupo de ambientes (Rosado et al., 2012).

Neste sentido, foi utilizada a metodologia REML/BLUP. Este procedimento lida naturalmente com o desbalanceamento conduzindo às estimações e previsões mais precisas de componentes de variância e valores genéticos (Resende, 2007). As estimativas dos parâmetros genéticos tais como herdabilidade e correlações

genéticas são fundamentais para estratégias de melhoramento. O REML é um método eficiente no estudo das várias fontes de variação associadas à avaliação de experimentos de campo, permitindo desdobrar a variação fenotípica em seus vários componentes genéticos, ambientais e de interação genótipos x ambientes. As principais vantagens práticas do REML/BLUP são: (i) permite comparar indivíduos ou variedades através do tempo (gerações, anos) e espaço (locais, blocos); (ii) permite a simultânea correção para os efeitos ambientais, estimação de componentes de variância e predição de valores genéticos; (iii) permite lidar com estruturas complexas de dados (medidas repetidas, diferentes anos, locais e delineamentos); (iv) pode ser aplicado aos dados desbalanceados e aos delineamentos não ortogonais (Resende, 2007).

Dessa forma, a metodologia REML/BLUP destaca-se pela praticidade para interpretar resultados e pela precisão na seleção de genótipos (Santos et al., 2018). Essa seleção pode ser realizada pelo método da média harmônica da performance relativa dos valores genéticos (MHPRVG) (Rosado et al., 2012). Tal método, MHPRVG permite inferir sobre a seleção com base no valor genético predito, tendo-se considerado o desempenho médio dos genótipos em todos os ambientes (sem efeito de interação); o desempenho em cada ambiente (com efeito da interação); e seleção simultânea quanto à produtividade, adaptabilidade e estabilidade. Neste cenário, a seleção simultânea por produtividade, estabilidade e adaptabilidade, no contexto dos modelos mistos (REML/BLUP) vem sendo utilizada em diversas culturas como eucalipto (Rosado et al., 2012), arroz (Regitano Neto et al., 2013), algodão (Carvalho et al., 2016), feijão-vagem (Cruz et al., 2018), feijão carioca e feijão preto (Souza et al., 2018; Santos et al., 2018; 2019; Rocha et al., 2020), feijão-caupi (Sousa et al., 2019), trigo (Woyann et al., 2019) e soja (Gonçalves et al., 2020; Evangelista et al., 2021).

Nesse sentido, os objetivos deste estudo foram: i) estimar parâmetros genéticos para rendimento de grãos; ii) obter ganhos genéticos por meio da metodologia de modelos mistos (REML/BLUP); e iii) selecionar genótipos superiores de feijão preto, visando o aumento da produtividade de grãos no estado do Rio de Janeiro.

## MATERIAL E MÉTODOS

Foram utilizados os dados dos ensaios de Valor de Cultivo e Uso (VCU) dos seguintes 11 genótipos de feijão preto provenientes do Programa de Melhoramento de Feijão do Centro Nacional de Pesquisa de Arroz e Feijão: três cultivares BRS Campeiro, BRS Esplendor e IPR Uirapurú; e oito linhagens CNFP 15289, CNFP 15290, CNFP 15292, CNFP 15302, CNFP 15304, CNFP 15310, CNFP 15359 e CNFP 15361. Essas três cultivares, utilizadas como referência (testemunha), estão entre as mais cultivadas no país e apresentam características como resistência às principais doenças, alto rendimento e qualidade de grãos.

Esses ensaios foram implantados em diferentes regiões do estado do Rio de Janeiro (RJ), Brasil, e foram realizados durante 2013/2014, 2014/2015 e 2015/2016 (Araruama, lat 22° 87' 63" S, long 42° 33' 93" W, alt 15m; Campos dos Goytacazes, lat 21° 18' 47" S, long 41° 18' 24" W, alt 9m; Macaé, lat 22° 28' 79" S, long 41° 87' 17" W, alt 7m) (AGRITEMPO, 2021; INMET, 2021) nas safras da seca, totalizando nove ambientes de cultivo.

Os experimentos foram conduzidos em delineamento de blocos casualizados com três repetições e 11 genótipos. A parcela constituiu-se de quatro linhas de 4 m espaçadas a 0,50 m entre linhas. Considerou-se como área útil as duas linhas centrais eliminando 0,50 m das extremidades. Todos os ensaios foram semeados manualmente, distribuindo-se uniformemente 15 sementes por metro linear. Todas as práticas de manejo foram realizadas de acordo com os requisitos da cultura, seguindo Carneiro et al. (2015).

As colheitas dos experimentos foram realizadas na área útil de cada parcela, quando as plantas atingiram a maturação fisiológica, definida como a última etapa da fase reprodutiva do estágio de desenvolvimento da planta (R9), com cerca de 15% de umidade nos grãos. A característica avaliada foi rendimento de grãos, obtida em kg m<sup>-2</sup>, quando os grãos atingissem 13% de umidade. Posteriormente o peso dos grãos foram transformados para kg ha<sup>-1</sup>.

A utilização dos modelos mistos é a melhor forma de avaliar a repetibilidade e prever os ganhos genéticos com maior precisão. Desta forma, para a característica foi realizada a análise de deviance, a estimação dos parâmetros

genéticos e predição dos ganhos, bem como a análise adaptabilidade e estabilidade dos genótipos.

De acordo com o modelo descrito por Viana e Resende (2014), a análise de deviance foi obtida da seguinte forma:

$$D = -2\ln(L)$$

$$\ln(L) = -1/2\ln |X'V - 1X| - 1/2\ln |V| - 1/2(y - Xm)'V^{-1}(y - Xm),$$

Em que  $\ln(L)$  é o ponto máximo da função de logaritmo de máxima verossimilhança restrita (REML);  $y$  é o vetor da variável analisada;  $m$  é o vetor dos efeitos das observações, assumido fixo;  $X$  é a matriz de incidência dos efeitos fixos; e  $V$  é a matriz de variância e covariância de  $y$ .

O teste estatístico LRT (teste de razão de verossimilhança) foi utilizado para testar a significância dos efeitos, da seguinte forma:

$$\text{LRT: } | -2 \ln(L_{se}) + 2 \ln(L_{fm}) |,$$

Em que  $L_{se}$  é o ponto máximo da função de máxima verossimilhança para o modelo reduzido (sem os efeitos) e  $L_{fm}$  é o ponto máximo da função de máxima verossimilhança para o modelo completo. A variável foi analisada pelo *software* Selegen- REML/BLUP (Resende, 2016), empregando o modelo indicado para avaliação de genótipos em vários ambientes e em vários anos de cultivo (modelo 114), que foi utilizado para obter os componentes de variância por meio da máxima verossimilhança restrita (REML) e os valores genotípicos individuais por meio do melhor preditor linear não-viesado (BLUP).

Para estimar os componentes de variância e prever os efeitos dos genótipos e da interação genótipos x ambientes por REML/BLUP, foi utilizado o seguinte modelo:

$$y = X_f + Z_g + Q_a + T_i + W_t + e$$

Em que  $y$  é o vetor de dados,  $f$  é o vetor dos efeitos das combinações repetição-local-ano (fixos) somados à média geral,  $g$  é o vetor dos efeitos genotípicos (aleatórios),  $a$  é o vetor dos efeitos da interação de genótipos x anos (aleatórios),  $i$  é o vetor dos efeitos da interação genótipos x locais (aleatórios),  $t$  é o vetor dos efeitos da interação tripla genótipos x locais x anos (aleatórios),  $e$  é o vetor de erros (aleatórios). e  $X$ ,  $Z$ ,  $Q$ ,  $T$  e  $W$  representam as matrizes de incidência para esses efeitos. Os efeitos de anos, locais e bloco/anos/locais são agrupados no efeito  $f$ , pois são efeitos puramente ambientais. As letras maiúsculas representam as matrizes de incidência para os efeitos mencionados.

A significância dos efeitos do modelo foi estimada por análise de deviance, conforme recomendação de Resende (2007). Os desvios foram obtidos por análises com e sem os efeitos *g*. Posteriormente, o desvio sem o referido efeito foi subtraído de cada desvio do modelo completo e confrontado com o valor qui-quadrado com um grau de liberdade, nos níveis de probabilidade de 5% e 1%.

Os seguintes parâmetros foram estimados: variância genotípica ( $V_g$ ); variância da interação genótipos x anos ( $V_{ga}$ ); variância da interação genótipos x locais ( $V_{gl}$ ); variância da interação genótipos x locais x anos ( $V_{gla}$ ); variância ambiental ou residual ( $V_e$ ); variância fenotípica ( $V_f$ ); herdabilidade de parcelas individuais no sentido amplo ( $h^2_g$ ); herdabilidade média dos genótipos ( $h^2_{mg}$ ); coeficiente de determinação dos efeitos da interação genótipos x anos ( $c^2_{ga} = c^2$ ); coeficiente de determinação dos efeitos da interação genótipos x locais ( $c^2_{gl} = c^2_1$ ); coeficiente de determinação dos efeitos da interação genótipo x locais x anos ( $c^2_{gla} = c^2_2$ ); correlação genotípica através dos locais, válida para qualquer ano ( $r_{gl}$ ); correlação genotípica através dos anos, válida para qualquer local ( $r_{ga}$ ); correlação genotípica através dos locais, em um dado ano ( $r_{gl\_a}$ ); correlação genotípica através dos anos, em um dado local ( $r_{ga\_l}$ ); correlação genotípica através dos locais, para a média de todos os anos ( $r_{gl\_ma}$ ); correlação genotípica através dos anos, para a média de todos os locais ( $r_{ga\_ml}$ ); correlação genotípica através dos locais e anos ( $r_{gla}$ ); acurácia seletiva ( $\hat{r}_{gg}$ ); coeficiente de variação genética de todos ambientes ( $CV_{ga}$ ); coeficiente de variação genética ( $CV_g$ ); coeficiente de variação ambiental ( $CV_e$ ); coeficiente de variação relativa ( $CV_r$ ) e média geral do experimento ( $\mu$ ).

Na metodologia REML/BLUP, a análise de adaptabilidade e estabilidade é feita a partir de três parâmetros, denominados: a) média harmônica dos valores genotípicos (MHVG); b) performance relativa dos valores genotípicos (PRVG); c) média harmônica da performance relativa dos valores genotípicos (MHPRVG). A MHVG tem como objetivo ordenar os genótipos simultaneamente pela sua produtividade e estabilidade. Em contrapartida, a PRVG é utilizada para selecionar os genótipos com maior adaptabilidade genotípica. A MHPRVG, diferente dos outros dois parâmetros, seleciona os genótipos quanto a estabilidade, adaptabilidade e produtividade, simultaneamente.

Além disso, o modelo ajusta os efeitos de locais e blocos dentro de locais e anos no vetor de efeitos fixos, contemplando dessa forma todos os graus de

liberdade disponíveis nas fontes de variação referentes aos locais e blocos dentro de locais e anos. Dessa forma, para os valores genotípicos preditos obtidos para um dado genótipo, em cada local simultaneamente, são utilizados os dados de todos os locais e anos. Nesse caso, de acordo com Resende (2007), os efeitos aleatórios (genótipos, interação genótipos x locais, interação genótipos x anos, interação genótipos x locais x anos) são preditos com maior precisão, uma vez que todo o conjunto de dados é utilizado, bem como os ruídos da interação são eliminados quando se produzem os BLUP's.

Tais parâmetros foram obtidos da seguinte forma: estimação da estabilidade obtida pelo método MHVG dada pelo estimador:

$$MHVG = n / \sum_{j=1}^n (1/Vg_{ij})$$

Em que  $n$  é o número de ambientes ( $n=9$ ) nos quais o genótipo  $i$  foi avaliado, e  $Vg_{ij}$  é o valor genotípico do genótipo  $i$  no ambiente  $j$ . A adaptabilidade foi mensurada pelos valores de PRVG, conforme a expressão:

$$PRVG = 1/n \times \left( \sum_{j=1}^n Vg_{ij}/M_j \right)$$

Em que  $M_j$  representa a média do rendimento de grãos no ambiente  $j$ . A seleção simultânea quanto à produtividade, estabilidade e adaptabilidade dada pela MHPRVG foi calculada pela equação:

$$MHPRVG = 1/PRVG$$

Os dados obtidos foram analisados estatisticamente via modelos mistos de acordo com o modelo 114. As diferenças entre as médias de desvio foram identificadas usando o teste de razão de verossimilhança (LRT) no nível de 5% e 1% de probabilidade. Para essas análises utilizou-se o *software* Selegen-REML/BLUP (Resende, 2016).

## RESULTADOS E DISCUSSÃO

Pelo teste da razão de verossimilhança, observa-se efeito significativo a 5% para genótipos (Tabela 1), indicando que existem diferenças entre os genótipos

quanto à produtividade de grãos. Isso mostra que a existência de variabilidade genética entre os genótipos avaliados pode possibilitar o sucesso na seleção de genótipos superiores e uma boa precisão nas estimativas de componentes de variância. Além disso, verifica-se que os efeitos genótipos x anos (G x A), genótipos x locais (G x L) e genótipos x locais x anos (G x L x A) foram significativos a 1% (Tabela 1), o que indicou diferença entre os diferentes ambientes e anos em que foram avaliados. Este resultado indica que houve um comportamento diferenciado dos genótipos com o período de cultivo e nos diferentes locais.

Portanto, em ensaios de avaliação de genótipos, a interação genótipos x ambientes desempenha um papel fundamental e pode influenciar muito o processo de seleção de genótipos superiores. Conseqüentemente, enaltece o processo de recomendação de novos cultivares pelo melhorista. No mesmo contexto, os autores Peixoto et al. (2016), Delfini et al. (2018), Melo et al. (2018), Santos et al. (2018; 2019), e Rocha et al. (2020) encontraram significância para interação ao estudar genótipos de feijão.

**Tabela 1.** Análise deviance para rendimento de grãos (kg ha<sup>-1</sup>) envolvendo onze genótipos de feijão preto avaliados em nove ambientes. (Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro, Campos dos Goytacazes, RJ, 2021).

Efeito	Deviance	LRT (X <sup>2</sup> )
Genótipos (g)	3345,05	5,78*
Genótipos x anos (ga)	3348,60	9,33**
Genótipos x locais (gl)	3350,28	11,01**
Genótipos x locais x anos (gla)	3359,20	19,93**
Modelo Completo	3339,27	

\*, \*\*, Significativo pelo teste qui-quadrado com 1 grau de liberdade a 5% (3,84) e 1% (6,63), respectivamente.

Os componentes de variância, que são as variâncias associadas aos efeitos aleatórios do modelo estatístico, apontaram contribuição da variância genotípica na expressão fenotípica (Tabela 2). A variância genotípica contribuiu por aproximadamente 21% da variância fenotípica, seguida da variância da interação genótipos x locais x anos, variância da interação genótipos x locais e a variância da interação genótipos x anos, com 21%, 8% e 6%, respectivamente. Dessa forma, destaca-se a importância dos modelos mistos, que seleciona com base no valor

genético, e não nos fatores ambientais, permitindo uma seleção mais precisa dos genótipos superiores.

Outro parâmetro muito importante e de grande utilidade para os melhoristas é a herdabilidade ( $h^2$ ), pois permite prever a possibilidade de sucesso com a seleção, uma vez que reflete a proporção da variação fenotípica que pode ser herdada. É possível valer-se de duas herdabilidades, herdabilidade individual no sentido amplo ( $h^2_g$ ) e, também, herdabilidade média de genótipos ( $h^2_m$ ), conseguindo assim, explorar e utilizar toda a variabilidade presente na população.

**Tabela 2.** Estimativas dos componentes de variância (REML individual) para rendimento de grãos em onze genótipos de feijão preto avaliados em nove ambientes. (Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro, Campos dos Goytacazes, RJ, 2021).

Componentes de variância (REML individual)			
Vg	20902,34	rga	0,77
Vga	6106,97	rgl_a	0,77
Vgl	7892,60	rga_l	0,82
Vgla	20891,12	rgl_ma	0,79
Ve	43867,79	rga_ml	0,83
Vf	99660,83	rgla	0,37
$h^2_g$	0,21 ± 0,07	$\hat{f}_{gg}$	0,90
$h^2_m$	0,81	CV <sub>ga</sub>	0,49
c <sup>2</sup> ga	0,06	CV <sub>g</sub> (%)	8,20
c <sup>2</sup> gl	0,07	CV <sub>e</sub> (%)	11,88
c <sup>2</sup> gla	0,20	CV <sub>r</sub> (%)	0,69
rgl	0,72	$\mu$ (kg ha <sup>-1</sup> )	1762,22

Vg: variância genotípica; Vga: variância da interação genótipos x anos; Vgl: variância da interação genótipos x locais; Vgla: variância da interação genótipos x locais x anos; Ve: variância de ambiente ou residual; Vf: variância fenotípica;  $h^2_g$ : herdabilidade no sentido amplo (livre da interação);  $h^2_m$ : herdabilidade média dos genótipos; c<sup>2</sup>ga: coeficiente de determinação da interação genótipos x anos; c<sup>2</sup>gl: coeficiente de determinação da interação genótipos x locais; c<sup>2</sup>gla: coeficiente de determinação da interação genótipos x locais x anos; rgl: correlação genotípica entre ambientes, válida para qualquer ano; rga: correlação genotípica ao longo dos anos, válida para qualquer ambiente; rgl\_a: correlação genotípica entre ambientes em um determinado ano; rga\_l: correlação genotípica ao longo dos anos em um determinado ambiente; rgl\_ma: correlação genotípica entre ambientes para a média de todos os anos; rga\_ml: correlação genotípica ao longo dos anos para a média de todos os ambientes; rgla: correlação genotípica entre ambientes e anos;  $\hat{f}_{gg}$ : acurácia seletiva; CV<sub>ga</sub>: coeficiente de variação genética de todos ambientes; CV<sub>g</sub>(%): coeficiente de variação genética; CV<sub>e</sub>(%): coeficiente de variação experimental; CV<sub>r</sub>(%): coeficiente de variação relativa;  $\mu$ : média geral.

Na estimativa do coeficiente de herdabilidade no sentido amplo ( $h^2_g$ ), o valor encontrado foi mediano, sendo estimado em 0,21 (Tabela 2), uma vez que considera os efeitos genotípicos puros para o caráter testado, ou seja, livre dos efeitos de interação com os anos e locais. De acordo com Resende (2002) a herdabilidade é classificada como baixa ( $h < 0,15$ ), mediana ( $0,15 < h < 0,50$ ) e de alta magnitude ( $h > 0,50$ ). Sendo assim, uma variabilidade genética média foi observada entre os genótipos avaliados devido à  $h^2_g$  mediana, como também, baixo coeficiente de variação genética ( $CV_g = 8,20\%$ ), o que representou a porção da variância genética disponível para a seleção.

Segundo Allard (1999), a maior parte dos caracteres de importância econômica e agrônômica estudados em espécies vegetais é de natureza quantitativa, fato que explica os baixos valores para a herdabilidade da característica. De acordo com Preisigke et al. (2020), baixas estimativas de herdabilidade podem estar relacionadas aos vários fatores, por exemplo, à natureza poligênica da característica, que é altamente influenciada pelo ambiente; à baixa variabilidade genética entre genótipos; e, principalmente, ao tamanho da parcela experimental.

As características quantitativas, como o rendimento de grãos, geralmente apresentam herdabilidades individuais baixas, mas levam às moderadas magnitudes de herdabilidades médias dos genótipos (Resende, 2002). Na estimativa da herdabilidade média dos genótipos ( $h^2_m$ ), o valor encontrado foi elevado, sendo estimado em 0,81 (Tabela 2), uma vez que os efeitos ambientais foram minimizados, permitindo uma acurácia de seleção ( $f_{gg}$ ) muito alta (Resende e Duarte, 2007), na ordem de 90% na seleção dos genótipos na média do ambiente.

A acurácia seletiva indicou boa precisão experimental e, portanto, confiabilidade e segurança na seleção e indicação de genótipos promissores. Valores semelhantes foram encontrados por Delfini et al. (2018), Santos et al. (2018) e Souza et al. (2018), também no feijão. O coeficiente de variação experimental ( $CV_e$ ) observado foi de 11,88% (Tabela 2). Esse valor representa um coeficiente inferior em comparação aos trabalhos de Pereira et al. (2017) e Melo et al. (2018), sendo considerado médio e satisfatório para a característica rendimento de grãos no feijão preto (Oliveira et al., 2009). Em contrapartida, o coeficiente de variação relativa ( $CV_r$ ) foi estimado em 0,69, ou seja, maior parte da variação fenotípica atribuída à variação ambiental.

Neste estudo, tendo em vista a alta participação da variância da interação G x L x A, houve menor correlação entre o ranqueamento dos genótipos por meio dos ambientes e anos, o que é refletido pelo baixo valor da correlação genotípica entre ambientes e anos ( $r_{gla}$ ), fornecendo confiabilidade quanto à constância do ranqueamento dos genótipos nos ambientes em estudo. É possível observar que seu valor foi baixo, na ordem de 0,37, do qual houve alteração no ranqueamento dos genótipos devido à presença da interação ser do tipo complexa (Tabela 3 e 4). Esses fatores retratam a importância do estudo da adaptabilidade e estabilidade de genótipos.

Esses resultados indicaram que, mesmo que a contribuição da variância residual tenha sido elevada, é possível obter ganhos genéticos consideráveis. Para isso, a seleção dos melhores genótipos foi realizada por meio das três estratégias distintas (Tabela 3, 4 e 5). Na primeira, com base no desempenho médio dos genótipos em todos os ambientes e livres da interação, são indicados dois genótipos que foram superiores às três testemunhas, CNFP 15290 e CNFP 15361 com novas médias superiores à média geral em 9,49% e 8,18%, respectivamente (Tabela 3). Esses valores genotípicos podem, também, serem considerados para a recomendação desses genótipos, selecionados em outros ambientes com padrão de interação genótipos x ambientes similar ao padrão deste estudo.

**Tabela 3.** Novas médias preditas e ganho genético estimados via REML/BLUP para rendimento de grãos de 11 genótipos de feijão preto, considerando a performance média dos genótipos cultivados em Araruama, Campos dos Goytacazes e Macaé, no estado do Rio de Janeiro, nas safras 2013/2014, 2014/2015 e 2015/2016. (Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro, Campos dos Goytacazes, RJ, 2021).

Ordem	Genótipo	Ganho (kg ha <sup>-1</sup> )	Ganho (%)	Nova Média
1	CNFP 15290	167,18	9,49	1929,41
2	CNFP 15361	144,15	8,18	1906,38
3	BRS Campeiro	126,97	7,20	1889,19
4	CNFP 15310	117,11	6,65	1879,33
5	CNFP 15289	104,27	5,92	1866,49
6	BRS Esplendor	90,62	5,14	1852,84
7	CNFP 15304	80,67	4,58	1842,90
8	CNFP 15292	59,11	3,35	1821,33
9	CNFP 15302	39,49	2,24	1801,71
10	CNFP 15359	18,21	1,03	1780,43
11	IPR Uirapurú	0,00	0,00	1762,22

Verificou-se que os ganhos genéticos preditos foram satisfatórios cuja variação foi entre 1,03% a 9,49%. A linhagem CNFP 15290 mostrou-se superior às demais, com ganho de 167,18 kg ha<sup>-1</sup> em relação à média original se selecionada, proporcionando assim uma nova média de 1929,41 kg ha<sup>-1</sup> para rendimento de grãos. O menor valor foi da linhagem CNFP 15359, apresentando ganhos previstos em torno de 18,21 kg ha<sup>-1</sup>, indicando que esse genótipo não seria vantajoso para avanços significativos em relação ao rendimento de grãos, bem como a cultivar IPR Uirapurú que teve a nova média igualada à média original (Tabela 3).

Do total de genótipos avaliados, 90,90% apresentaram novas médias com desempenho superior ao da média geral, dentre esses, as cultivares BRS Campeiro e BRS Esplendor, que mantiveram sua superioridade em relação às linhagens de feijão preto avaliadas, alcançando a terceira e sexta melhor predição genética, respectivamente. Resende (2007) afirma que a metodologia REML/BLUP permite o ordenamento de possíveis genótipos para seleção, investigando todas as variações genotípicas para cada variável analisada.

Santos et al. (2018) encontraram ganhos genéticos superiores aos obtidos neste trabalho. Foram avaliados 12 genótipos de feijão preto cultivados nos

municípios de Arcoverde e Caruaru, regiões semiáridas, no estado de Pernambuco, Brasil. A linhagem CNFP 15684 mostrou-se superior às demais, com ganho genético de 629,32 (32,33%) em relação à média original (1946,25 kg ha<sup>-1</sup>) selecionada, proporcionando assim uma nova média de 2575,57 kg ha<sup>-1</sup> para rendimento de grãos. Os autores observaram ainda que, a cultivar IPR Uirapurú, também testada neste trabalho, apresentou ganho genético de 174,60 (8,97%), tendo a nova média de 2120,85 kg ha<sup>-1</sup>.

Na segunda estratégia de seleção, considerou-se o desempenho dos genótipos selecionados para os ambientes específicos. Assim, o genótipo CNFP 15290 se manteve superior em Araruama e Macaé e esteve entre os dois primeiros melhores genótipos selecionados em Campos dos Goytacazes (Tabela 4), o que também foi observado na seleção com base na média de desempenho em todos os ambientes e com os valores genotípicos livres da interação (Tabela 3).

Em relação às médias dos ambientes, vale ressaltar que Macaé teve a mais alta média de produtividade, constando de 2210,44 kg ha<sup>-1</sup>, seguido de Araruama com 1700,38 kg ha<sup>-1</sup> e Campos dos Goytacazes com 1678,79 kg ha<sup>-1</sup> (Tabela 4). Ambos os ambientes possuem suas particularidades, sendo que Macaé é a segunda principal região produtora de feijão do estado do Rio de Janeiro. Além disso, as condições climáticas no município são favoráveis ao bom desenvolvimento da cultura, com temperaturas amenas e chuvas frequentes. Para tanto, por mais que o município de Campos dos Goytacazes tenha apresentado baixa produtividade, ainda assim possui condições favoráveis ao cultivo do feijão preto.

Nesse âmbito, Pereira et al. (2018a; 2018b) avaliaram duas cultivares de feijão preto desenvolvidas pelo Programa de Melhoramento do Feijão Comum da Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro (UENF), as cultivares UENF 2014 e UENF Rio Paraíba, ambas adaptadas às Regiões Norte e Noroeste do estado do Rio de Janeiro. Os autores realizaram seis ensaios de produtividade em dois anos e três locais, sendo dois em Campos dos Goytacazes e um em Itaocara, Rio de Janeiro. Tais cultivares apresentaram bom desempenho, alta estabilidade, ampla adaptabilidade e principalmente alta produtividade de grãos, quando comparadas às cultivares controle: Xamego, BR1-Xodó e BR3-Ipanema, recomendadas para o cultivo no estado.

**Tabela 4.** Estimativas do ganho genético predito (%) e a nova média (kg ha<sup>-1</sup>) dos genótipos para rendimento de grãos de onze genótipos de feijão preto cultivados em Araruama, Campos dos Goytacazes e Macaé, no estado do Rio de Janeiro, nas safras 2013/2014, 2014/2015 e 2015/2016. (Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro, Campos dos Goytacazes, RJ, 2021).

Ordem	Araruama			Campos dos Goytacazes			Macaé			
	Genótipo	Ganho	Nova Média	Genótipo	Ganho	Nova Média	Genótipo	Ganho	Nova Média	
1	CNFP 15290	188	1801,27	CNFP 15361	151	1740,81	CNFP 15290	226	2310,06	
2	CNFP 15310	154	1767,12	CNFP 15290	151	1740,41	CNFP 15289	203	2287,48	
3	CNFP 15361	140	1753,33	BRS Campeiro	138	1727,36	BRS Campeiro	187	2271,00	
4	BRS Campeiro	117	1730,03	BRS Esplendor	126	1715,59	CNFP 15361	176	2260,56	
5	CNFP 15289	99	1712,20	CNFP 15310	118	1707,86	CNFP 15310	159	2242,92	
6	BRS Esplendor	83	1696,37	CNFP 15304	100	1688,96	CNFP 15304	144	2227,70	
7	CNFP 15304	71	1684,24	CNFP 15289	81	1670,49	BRS Esplendor	120	2204,42	
8	CNFP 15292	52	1665,67	CNFP 15292	59	1648,20	CNFP 15292	88	2172,45	
9	CNFP 15302	36	1649,49	CNFP 15302	39	1628,62	CNFP 15302	58	2141,94	
10	CNFP 15359	18	1631,23	CNFP 15359	20	1608,96	IPR Uirapurú	28	2112,23	
11	IPR Uirapurú	0	1613,19	IPR Uirapurú	0	1589,41	CNFP 15359	0	2084,06	
Média			1700,38				1678,79			

Os autores observaram que a cultivar UENF 2014 e UENF Rio Paraíba apresentaram média de 2451 e 2351 kg ha<sup>-1</sup> para rendimento de grãos, respectivamente. Isso mostra que, quando confrontados ao desempenho dos genótipos selecionados para os ambientes específicos (Tabela 4), essas cultivares testadas e registradas para as regiões do estado do Rio de Janeiro, obtiveram produtividade muito elevadas, superando a média dos três ambientes estudados neste trabalho.

Quando considerados os melhores genótipos selecionados para todos os ambientes, a manutenção da ordem de superioridade é esperada (Tabela 4) para os valores encontrados de  $V_{gla}$  (20891,12) e  $C^2_{gla}$  (0,20) (Tabela 2), o que caracteriza interação  $G \times L \times A$ . Rosado et al. (2012) relataram que é possível extrapolar o plantio em vários ambientes aos genótipos selecionados, observando o padrão da interação da rede experimental.

Na terceira estratégia, considerou-se a análise da média harmônica dos valores genotípicos (MHVG), que confere aos genótipos a estabilidade e a produtividade de grãos; a análise de adaptabilidade, que avalia o nível de resposta do genótipo ao estímulo ambiental, predita por meio da performance relativa dos valores genéticos (PRVG) através dos ambientes; e a predição de valores, baseada na média harmônica, que permite selecionar simultaneamente por produtividade de grãos, adaptabilidade e estabilidade (MHPRVG) (Resende, 2004).

O estudo de adaptabilidade e estabilidade pela MHPRVG revelou que os genótipos CNFP 15290, CNFP 15361, BRS Campeiro, CNFP 15310, CNFP 15289, BRS Esplendor e CNFP 15304, cujo rendimentos variaram de 1782,13 a 1949,94 kg ha<sup>-1</sup> (Tabela 5), podem ser considerados promissores, pois apresentaram elevada produtividade, comportamento altamente previsível e ampla adaptabilidade. Os seus respectivos desempenhos são melhores em resposta às condições de ambientes favoráveis, sendo capazes de manter os seus rendimentos em condições ambientais adversas.

Entre os métodos avaliados, o método MHPRVG é o que menos penaliza os valores genotípicos preditos, pois capitaliza os efeitos da interação genótipos  $\times$  ambientes de cada ambiente (Rosado et al., 2012). Desse modo, segundo Resende (2007), os métodos MHVG, PRVG e MHPRVG apresentam concordância no ordenamento dos materiais genéticos e a utilização desses atributos ou critérios de seleção, propiciam um refinamento na seleção, na inferência de predições seguras

sobre os valores genéticos e simultaneamente para produtividade, estabilidade e adaptabilidade.

No que diz respeito aos valores de MHPRVG, observa-se que em valores acima de 1,0 os genótipos estão produzindo geralmente mais que o valor da média geral do experimento, e são ideais para a seleção. Desse modo, a análise pela MHPRVG permitiu selecionar sete genótipos ( $MHPRVG \geq 1,0$ ), dentre esses, a linhagem CNFP 15290 mostrou-se vantajosamente em 1,11 vezes (Tabela 5) à média geral dos nove ambientes, indicando sua superioridade em produtividade de grãos. Magnitudes semelhantes a esta foram encontradas por Souza et al. (2018), tais autores observaram valores de 1,12 para feijão carioca, reiterando a adequação do método proposto. Ambas as linhagens, CNFP 15290 e CNFP 15361, obtiveram os melhores valores genotípicos ao longo dos ambientes e para o ambiente médio (Tabela 3 e 4), de acordo com a metodologia REML/BLUP e a MHPRVG (Tabela 5), que considerou simultaneamente os atributos produtividade, adaptabilidade e estabilidade.

**Tabela 5.** Estabilidade (HMGV), adaptabilidade (RPVG e  $PRVG_{\mu}$ ), e estabilidade e adaptabilidade de valores genéticos (MHPRVG e  $MHPRVG_{\mu}$ ) quanto ao rendimento de grãos ( $kg\ ha^{-1}$ ) de onze genótipos de feijão preto preditos pela análise BLUP. (Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro, Campos dos Goytacazes, RJ, 2021).

Genótipos	MHVG	RPVG	$PRVG_{\mu}$	MHPRVG	$MHPRVG_{\mu}$
CNFP 15290	1919,68	1,11	1950,06	1,11	1949,94
CNFP 15361	1872,08	1,07	1900,07	1,07	1899,84
BRS Campeiro	1832,63	1,06	1864,04	1,06	1863,34
CNFP 15310	1836,33	1,06	1863,07	1,06	1862,79
CNFP 15289	1772,93	1,03	1812,28	1,03	1809,04
BRS Esplendor	1766,98	1,02	1791,82	1,02	1790,39
CNFP 15304	1751,84	1,01	1782,50	1,01	1782,12
CNFP 15292	1635,31	0,94	1659,89	0,94	1659,79
CNFP 15302	1609,34	0,93	1632,44	0,93	1632,13
CNFP 15359	1550,49	0,89	1571,37	0,89	1570,63
IPR Uirapurú	1532,66	0,88	1556,86	0,88	1556,82

Sendo assim, Carvalho et al. (2016) e Santos et al. (2018) concluíram que o método MHPRVG é eficiente na seleção simultânea para produtividade,

estabilidade e adaptabilidade de genótipos de algodão e feijão, respectivamente. Portanto, as linhagens selecionadas por esse método que forem produtivas, estáveis em diferentes ambientes e responderem positivamente aos estímulos ambientais, ou seja, bom desempenho e comportamento frente aos ambientes, esses procedimentos em conjunto permitirão o lançamento de uma nova cultivar. Por fim, esses resultados obtidos com o feijão preto corroboram de igual modo outros trabalhos como os de Santos et al. (2019) com o feijão preto e feijão carioca, como também, os de Candido et al. (2020) com o milho, mostrando que o método é eficiente na avaliação de parâmetros de adaptabilidade e estabilidade, na discriminação dos melhores genótipos e ganhos genéticos e, portanto, pode ser explorado em programas de melhoramento do feijoeiro.

## CONCLUSÕES

As altas estimativas de herdabilidade média dos genótipos e a acurácia seletiva obtidas para o caráter rendimento de grãos, permitiram selecionar genótipos superiores. A análise MHPRVG, que reúne produtividade, adaptabilidade e estabilidade simultânea, foi eficiente e permitiu selecionar como sendo as mais produtivas, adaptáveis e estáveis aos diferentes ambientes, duas linhagens: CNFP (15290 e 15361) com maiores ganhos genéticos. Portanto, os genótipos selecionados têm potencial para serem lançados como novas cultivares de feijão preto para o estado do Rio de Janeiro.

## AGRADECIMENTOS

Os autores agradecem o apoio financeiro concedido pela Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior, Brasil, (CAPES), Código Financeiro 001, à Fundação Carlos Chagas Filho de Amparo à Pesquisa do Estado do Rio de Janeiro (FAPERJ) e ao Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e

Tecnológico (CNPq). Ao Programa de Pós-Graduação em Produção Vegetal, ao Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento Vegetal e à Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro (UENF), pela bolsa concedida ao primeiro autor. Agradecemos também à Embrapa Arroz e Feijão pelo fornecimento dos genótipos de *P. vulgaris* e à Pesagro-Rio/CEPAAR pela concessão da área dos ensaios de campo.

## REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- Agritempo (2021) Sistema de Monitoramento Agrometeorológico. Disponível em: <https://www.agritempo.gov.br/agritempo/index.jsp>. Accessed 09 Jun 2021
- Allard RW (1999) Principles of plant breeding. Wiley, New York
- Candido WDS, Silva CM, Costa ML, Silva BEA, Almeida PHS, Coelho IF, Reis EF (2020) Selection of top cross hybrids for green maize yield via REML/Blup method. Aust J Crop Sci 14:172-178. <https://doi.org/10.21475/ajcs.20.14.01.p2061>
- Carneiro JES, Paula Júnior TJ, Borém A (2015) Feijão: do plantio à colheita. UFV, Viçosa.
- Carvalho LPD, Farias FJC, Morello CDL, Teodoro PE (2016) Uso da metodologia REML/BLUP para seleção de genótipos de algodoeiro com maior adaptabilidade e estabilidade produtiva. Bragantia 75:314-321. <https://doi.org/10.1590/1678-4499.275>
- CONAB (2022) Companhia Nacional de Abastecimento. Follow-up of the Brazilian grain harvest. Acompanhamento da safra brasileira de grãos. Disponível em: <http://www.conab.gov.br>. Accessed 10 Feb 2022
- Cruz DP, Gravina GA, Oliveira TRA, Gomes ABS, Silva CQ, Vivas M, Araújo KC, Daher RF, Gravina LM, Moraes R, Silva VB (2018) Selection of progenies of snap beans using mixed models (REML/BLUP). Genet Mol Res 17:1-8. <https://doi.org/10.4238/gmr16039914>
- Delfini J, Cirino VM, Ruas CF, Ruas PM, Neto JS, Gonçalves LSA (2018) Estimation of genetic parameters and prediction of genotypic values in common beans using mixed models. Emir J Food Agric 30:1026-1035.

<https://doi.org/10.9755/ejfa.2018.v30.i12.1884>

- Evangelista JSPC, Alves RS, Peixoto MA, Resende MDV, Teodoro PE, Silva FL, Bhering LL (2021) Soybean productivity, stability, and adaptability through mixed model methodology. *Cienc Rural* 51:1-7. <https://doi.org/10.1590/0103-8478cr20200406>
- Gonçalves GMC, Ferreira-Gomes RL, Lopes ÂCA, Vieira PFMJ (2020) Adaptability and yield stability of soybean genotypes by REML/BLUP and GGE Biplot. *Crop Breed Appl Biotechnol* 20:1-9. <https://doi.org/10.1590/1984-70332020v20n2a33>
- INMET (2021) Instituto Nacional de Meteorologia. Brazil: banco de dados meteorológicos. Disponível em: <https://bdmep.inmet.gov.br>. Accessed 09 Jun 2021
- Melo PGS, Alvares RC, Pereira HS, Braz AJBP, Faria LC, Melo LC (2018) Adaptability and stability of common bean genotypes in family farming systems. *Pesqui Agropecu Bras* 53:189-196. <https://doi.org/10.1590/S0100-204X2018000200007>
- Oliveira RL, Muniz JA, Andrade MJB, Reis RL (2009) Precisão experimental em ensaios com a cultura do feijão. *Ciênc agrotec* 33:113-119. <https://doi.org/10.1590/S1413-70542009000100016>
- Peixoto LS, Nunes JAR, Furtado DF (2016) Factor analysis applied to the G+GE matrix via REML/BLUP for multi-environment data. *Crop Breed Appl Biotechnol* 16:1-16. <https://doi.org/10.1590/1984-70332016v16n1a1>
- Pereira HS, Alvares RC, Silva FC, Faria LC, Melo LC (2017) Genetic, environmental and genotype x environment interaction effects on the common bean grain yield and commercial quality. *Semina: Ciênc Agrár* 38:1241-1250. <https://doi.org/10.5433/1679-0359.2017v38n3p1241>
- Pereira MG, Catarina RS, Ribeiro EH, Miranda JMD (2018a) UENF 2014: a new common bean cultivar. *Crop Breed Appl Biotechnol* 18:126-129. <https://doi.org/10.1590/1984-70332018v18n1c16>
- Pereira MG, Ribeiro EH, Catarina RS, Miranda JMD (2018b) 'UENF Rioparaíba': a new common bean cultivar. *Crop Breed Appl Biotechnol* 18:437-439. <https://doi.org/10.1590/1984-70332018v18n4c64>
- Preisigke SC, Viana AP, Santos EA, Santos PRD, Ambrósio M, Santos VO, Silva FA (2020) Individual selection of the first backcross generation of passion fruit potentially resistant to the fruit woodiness disease. *An Acad Bras Ciênc* 92:1-

12. <https://doi.org/10.1590/0001-3765202020180797>

- Regitano Neto A, Ramos Júnior EA, Gallo PB, Freitas JG, Azzini LE (2013) Comportamento de genótipos de arroz de terras altas no estado de São Paulo. *Rev Ciênc Agron* 44:512-519. <https://doi.org/10.1590/S1806-66902013000300013>
- Resende MDV (2002) *Genética biométrica e estatística no melhoramento de plantas perenes*. Embrapa Inf Tecnol, Brasília
- Resende MDV (2004) *Métodos estatísticos ótimos na análise de experimentos de campo*. Colombo, Curitiba
- Resende MDV (2007) *Matemática e Estatística na Análise de Experimentos e no Melhoramento Genético (1a)*. Colombo, Curitiba
- Resende MDV, Duarte JB (2007) Precision and quality control in variety trials. *Pesq Agropec Trop* 37:182-194
- Resende MDV (2016) Software Selegen-REML/BLUP: a useful tool for plant breeding. *Crop Breed Appl Biotechnol* 16:330-339. <https://doi.org/10.1590/1984-70332016v16n4a49>
- Rocha MM, Damasceno-Silva KJ, Menezes Júnior JAN, Carvalho HWL, Costa AF, Lima JMP, Santos JF, Bertini CHCM, Passos AR, Morais OM (2017) Yield adaptability and stability of semi-prostate cowpea genotypes in the Northeast region of Brazil by REML/BLUP. *Rev Ciênc Agron* 48:879-888. <https://doi.org/10.5935/1806-6690.20170104>
- Rocha RS, Santos PR, Oliveira TRA, Daher RF, Nascimento MR, Souza AG, Oliveira LJS, Silva KRG, Costa KDS, Costa AF, Pereira Santos H (2020) Estimation of adaptability and stability of early strains of 'Carioca' and 'black beans' (*Phaseolus vulgaris*) in Pernambuco State, Brazil. *Aust J Crop Sci* 14:263-270. <https://doi.org/10.2145/ajsc.20.14.02.p2121>
- Rosado AM, Rosado TB, Alves AA, Laviola BG, Bhering LL (2012) Seleção simultânea de clones de eucalipto de acordo com produtividade, estabilidade e adaptabilidade. *Pesqui Agropecu Bras* 47:964-971. <https://doi.org/10.1590/S0100-204X2012000700013>
- Santos PR, Costa KDS, Nascimento MR, Lima TV, Souza YP, Costa AF, Silva JW (2018) Simultaneous selection for yield, stability, and adaptability of carioca and black beans. *Pesqui Agropecu Bras* 53:736-745. <https://doi.org/10.1590/S0100-204X2018000600010>

- Santos PR, Oliveira TRA, Skeen P, Nascimento MR, Silva KDS, Araújo ER, Pereira HS, Costa AF (2019) GGE Biplot and REML/BLUP based-analysis of yield stability and adaptability for common beans in multi-environment trials. *Rev Bras Ciênc Agrár* 14:1-8. <https://doi.org/10.5039/agraria.v14i2a5657>
- Sousa TJF, Rocha MM, Damasceno-Silva KJ, Bertini CHCM, Silveira LM, Sousa RR, Sousa, JLM (2019) Simultaneous selection for yield, adaptability, and genotypic stability in immature cowpea using REML/BLUP. *Pesqui Agropecu Bras* 54:1-9. <https://doi.org/10.1590/S1678-3921.pab2019.v54.01234>
- Souza YP, Santos PR, Nascimento MR, Costa KDS, Lima TV, Oliveira TRA, Costa AF, Pereira HS, Silva JW (2018) Assessing the genotypic performance of carioca beans through mixed models. *Cienc Rural* 48:1-7. <https://doi.org/10.1590/0103-8478cr20170761>
- Viana AP e Resende MDV. (2014) *Genética quantitativa no melhoramento de fruteiras*. 1ª ed., Rio de Janeiro: Editora Interciência.
- Woyann LG, Zdziarski AD, Baretta D, Meira D, Dallacorte LV, Benin G (2019) Selection of high-yielding, adapted and stable wheat lines in preliminary trials. *Crop Breed Appl Biotechnol* 19:412-419. <https://doi.org/10.1590/1984-70332019v19n4a58>

### **3.2. GENÓTIPOS DE FEIJÃO PRETO PARA ADAPTABILIDADE E ESTABILIDADE DA PRODUÇÃO, USANDO METODOLOGIA GGE BILOT**

#### **RESUMO**

A maneira mais apropriada para indicar genótipos promissores de feijão preto, que sejam adaptados à determinada região, é por meio de ensaios de produtividade multiambientes. Portanto, os genótipos podem apresentar respostas diferentes aos ambientes, por consequência, o estudo de adaptabilidade e estabilidade produtiva é importante para seleção e recomendação. Dentre as metodologias existentes para identificar a melhor performance de genótipos entre ambientes, encontra-se a metodologia de representação gráfica mais explorada, GGE biplot. Assim, o objetivo deste trabalho foi determinar a adaptabilidade e estabilidade produtiva de genótipos de feijão preto via GGE biplot, com interesse em recomendar cultivares para produção de grãos no estado do Rio de Janeiro, Brasil. Para isto, foram conduzidos nove ensaios em localidades distintas pertencentes às duas mesorregiões do estado do Rio de Janeiro: Centro-Sul e Norte Fluminense. Foram avaliados 11 genótipos, sendo oito linhagens e três cultivares, durante três anos agrícolas, em delineamento de blocos casualizados, com três repetições. Foram realizadas análises de variância e em seguida análises de adaptabilidade e estabilidade da produtividade de grãos por meio da metodologia GGE biplot. Os efeitos de genótipos, ambientes e interação  $G \times A$  foram significativos, o que comprovou respostas diferenciadas dos genótipos nos ambientes testados. Os

resultados das análises GGE biplot revelaram que as localidades Araruama (E4) e Macaé (E9) foram indicadas como locais ideais para teste e o genótipo G5 (CNFP 15290) apresentando alta produtividade, adaptabilidade e estabilidade, podendo ser recomendado como cultivar para a produção de grãos no estado do Rio de Janeiro.

**Palavras-chave:** análise multivariada, interação G x A, *Phaseolus vulgaris*, produtividade de grãos

## ABSTRACT

The most appropriate way to indicate promising black bean genotypes that are adapted to a given region is through multi-environment productivity assays. Therefore, genotypes may present different responses to environments, therefore, the study of adaptability and productive stability is important for selection and recommendation. Among the existing methodologies to identify the best performance of genotypes between environments, there is the most explored graphical representation methodology, GGE biplot. Thus, the objective of this work was to determine the adaptability and productive stability of black bean genotypes via GGE biplot, with interest in recommending cultivars for grain production in the state of Rio de Janeiro, Brazil. For this, nine trials were carried out in different locations belonging to the two mesoregions of the state of Rio de Janeiro: Centro-Sul and Norte Fluminense. Eleven genotypes were evaluated, being eight lines and three cultivars, during three agricultural years, in a randomized block design, with three replications. Analyzes of variance and then analyzes of adaptability and stability of grain yield were performed using the GGE biplot methodology. The effects of genotypes, environments and  $G \times A$  interaction were significant, which proved different responses of the genotypes in the tested environments. The results of the GGE biplot analysis revealed that the Araruama (E4) and Macaé (E9) locations were indicated as ideal locations for testing and the G5 genotype (CNFP 15290) showed high productivity, adaptability, and stability, and can be recommended as a cultivar for production of grains in the state of Rio de Janeiro. Keywords: multivariate analysis,  $G \times A$  interaction, *Phaseolus vulgaris*, grain yield

## INTRODUÇÃO

O feijão comum (*Phaseolus vulgaris* L.) é uma espécie amplamente difundida e consumida em todo o mundo. Nesse cenário, o Brasil tem grande destaque, ocupando em 2020, o terceiro lugar no ranking de países produtores de feijão (FAOSTAT, 2020). A safra brasileira 2020/2021 alcançou produção de três

milhões de toneladas, deste total, foram produzidas em torno de 509 mil toneladas de feijão do tipo preto (CONAB, 2022). Dessa forma, observa-se a importância socioeconômica da cultura, especialmente entre os pequenos agricultores de subsistência, sendo também produzido em larga escala por grandes produtores que utilizam alto nível tecnológico no processo produtivo (Souza et al., 2019). Vale ressaltar que, apesar da posição de destaque do país, ainda há bastante demanda por esse alimento, uma vez que a produtividade brasileira desse grão ainda é considerada baixa se comparada ao potencial produtivo da cultura que pode ultrapassar os 4.000 kg.ha<sup>-1</sup> (Souza et al., 2019).

No Rio de Janeiro a cultura do feijão responde por 0,35% do total produzido na Região Sudeste (IBGE, 2020). E mesmo sendo considerado um dos maiores centros nacionais de comercialização, a demanda ainda é maior que a oferta. Para amenizar este problema, o estado do Rio de Janeiro importa o produto de estados vizinhos, como Espírito Santo, Minas Gerais e São Paulo (CEASA, 2010). Este panorama norteia o uso de estratégias que visam aumentar a viabilidade do cultivo de feijão no estado.

Um dos principais desafios de um programa de melhoramento genético é a busca por novas cultivares que reúna alta produtividade, adaptabilidade e estabilidade (Borém et al., 2017). Assim, desde o início das pesquisas voltadas ao melhoramento da cultura, ainda na década de 1930 (Voyses, 2000), novas ferramentas vêm sendo desenvolvidas em programas de melhoramento para alcançar o principal objetivo, o lançamento de cultivares no mercado.

O produto de qualquer cultura é determinado pelo potencial genotípico (G), efeito ambiental (A) e interação genótipo x ambiente (G x A) (Yan e Kang, 2003). Para isso, recorre-se à avaliação de diferentes genótipos em ensaios de valor de cultivo e uso (VCU) em multiambientes, estratégia de grande importância, não apenas para determinar cultivares de alto rendimento, mas também para identificar locais que melhor represente o ambiente de interesse (Yan, 2001).

Notadamente, resultados expressos em gráficos tendem a serem mais bem compreendidos que informações distribuídas de forma linear ou por tabelas de dados. Assim, metodologias que aplicam gráficos biplots estão sendo úteis aos melhoristas para identificar e quantificar os efeitos de ambientes em uma ou mais características de interesse agrônomo em diversos genótipos, além de avaliar o

valor discriminante e a estabilidade de vários ambientes de teste (Yan e Kang, 2003).

Dessa forma, a metodologia GGE biplot (*genotype main effects + genotype environment interaction*), que remove o efeito principal do ambiente e integra o efeito principal genotípico ao efeito da interação G x A, gerando gráficos biplot para representar visualmente uma matriz de dados (Silva e Benin, 2012; Yan e Holland, 2010), pode auxiliar de maneira fundamental e eficiente a avaliação da performance dos genótipos em vários locais. Tal metodologia vem sendo estudada em diferentes culturas, mostrando-se eficiente para avaliação e seleção de genótipos com alto desempenho produtivo aliando à estabilidade em diferentes ambientes (Cruz et al., 2020; Gonçalves et al., 2020; Rocha et al., 2020). Nesse âmbito, a hipótese deste estudo foi testar se genótipos de feijão preto, com o uso da metodologia GGE biplot, podem apresentar respostas diferentes aos multiambientes. O objetivo foi avaliar a adaptabilidade e estabilidade produtiva de genótipos de feijão preto via GGE biplot, com o intuito de recomendá-los para produção de grãos no estado do Rio de Janeiro, Brasil.

## MATERIAL E MÉTODOS

Foram avaliados 11 genótipos de feijão preto, sendo oito linhagens originadas da Embrapa Arroz e Feijão, e três cultivares designadas como sendo testemunhas (Tabela 1). Os ensaios foram conduzidos pelo Centro Estadual de Pesquisa em Agroenergia e Aproveitamento de Resíduos (CEPAAR) da Empresa de Pesquisa Agropecuária do estado do Rio de Janeiro (PESAGRO-RIO), em três anos agrícolas (2013, 2014 e 2015) e em três municípios do estado do Rio de Janeiro: Araruama, localizada na Região Centro-Sul Fluminense; Campos dos Goytacazes e Macaé na Região Norte Fluminense; totalizando nove ambientes (Tabela 2). Os dados de precipitação (em mm) e temperaturas mínima e máxima (em °C) (Figura 1), foram coletados na época de condução dos ensaios (AGRITEMPO, 2021; INMET, 2021).

**Tabela 1.** Genótipos de feijão preto, tipo comercial e suas origens, avaliados em nove ambientes no estado do Rio de Janeiro nos anos de 2013 a 2015.

Código	Genótipo	Tipo comercial	Origem
G1	BRS Campeiro	Cultivar	Embrapa Arroz e Feijão
G2	BRS Esplendor	Cultivar	Embrapa Arroz e Feijão
G3	IPR Uirapurú	Cultivar	IAPAR
G4	CNFP 15289	Linhagem	Embrapa Arroz e Feijão
G5	CNFP 15290	Linhagem	Embrapa Arroz e Feijão
G6	CNFP 15292	Linhagem	Embrapa Arroz e Feijão
G7	CNFP 15302	Linhagem	Embrapa Arroz e Feijão
G8	CNFP 15304	Linhagem	Embrapa Arroz e Feijão
G9	CNFP 15310	Linhagem	Embrapa Arroz e Feijão
G10	CNFP 15359	Linhagem	Embrapa Arroz e Feijão
G11	CNFP 15361	Linhagem	Embrapa Arroz e Feijão

**Tabela 2.** Características dos ambientes onde foram realizados os estudos dos 11 genótipos de feijão preto nos municípios do estado do Rio de Janeiro.

Ambientes <sup>1</sup>	Locais	Ano	Solo <sup>2</sup>	Altitude	Latitude	Longitude
E1	Araruama	2013	PVA		22° 87' 63" S	42° 33' 93" W
E2	Campos	2013	PV	15m	21° 18' 47" S	41° 18' 24" W
E3	Macaé	2013	LVA		22° 28' 79" S	41° 87' 17" W
E4	Araruama	2014	PVA		22° 87' 63" S	42° 33' 93" W
E5	Campos	2014	PV	9m	21° 18' 47" S	41° 18' 24" W
E6	Macaé	2014	LVA		22° 28' 79" S	41° 87' 17" W
E7	Araruama	2015	PVA		22° 87' 63" S	42° 33' 93" W
E8	Campos	2015	PV	7m	21° 18' 47" S	41° 18' 24" W
E9	Macaé	2015	LVA		22° 28' 79" S	41° 87' 17" W

<sup>1</sup>= E1 (Araruama 2013), E2 (Campos dos Goytacazes 2013), E3 (Macaé 2013), E4 (Araruama 2014), E5 (Campos dos Goytacazes 2014), E6 (Macaé 2014), E7 (Araruama 2015), E8 (Campos dos Goytacazes), E9 (Macaé 2015); <sup>2</sup>= PVA (Podzólico Vermelho Amarelo), PV (Podzólico Vermelho), LVA (Latossolo Vermelho Amarelo).

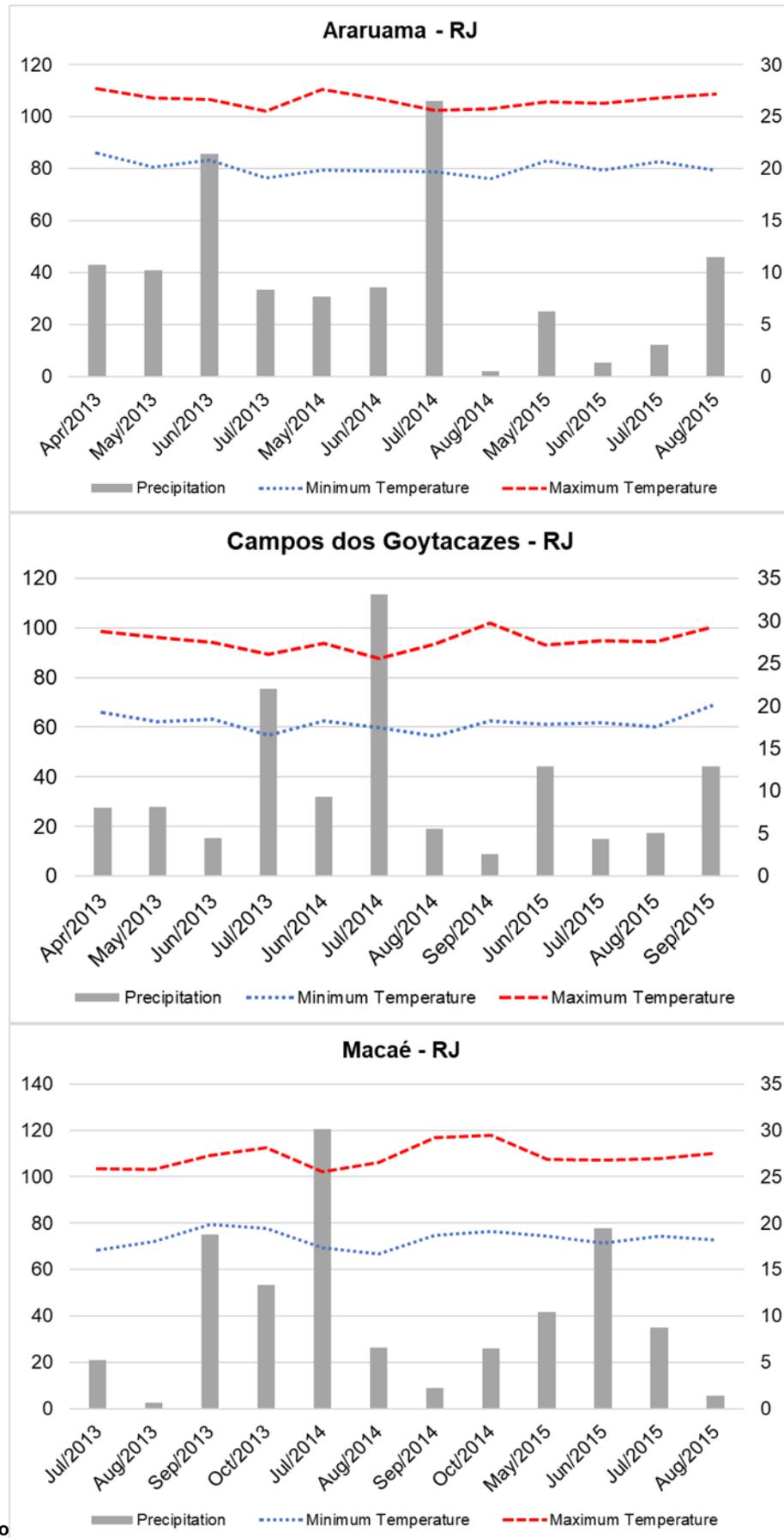


Figura 1. Precipitação em mm, temperatura do ar mínima e máxima em °C dos nove ambientes onde foram avaliados 11 genótipos de feijão preto no estado do Rio de Janeiro nos anos de 2013, 2014 e 2015 nos municípios: Araruama, Campos dos Goytacazes e Macaé.

Durante a condução dos ensaios foram realizados os tratos culturais e fitossanitários para a cultura, bem como a irrigação por aspersão, quando necessária, segundo recomendações de Carneiro et al. (2015). As colheitas foram realizadas logo após a maturidade fisiológica das sementes, última etapa da fase reprodutiva das plantas (estádio R9), que compreende desde o início de descoloração das vagens, amarelecimento das folhas mais velhas, até a seca total da planta. O teor de água dos grãos no final da fase R9 é de cerca de 15%, e esta é a condição adequada para realizar a colheita, o que culmina com o ponto máximo de matéria seca nos grãos.

Os ensaios foram conduzidos em delineamento experimental de blocos casualizados com três repetições, totalizando 297 parcelas. Cada parcela foi composta por quatro linhas de 4 m espaçadas a 0,50 m, totalizando uma população de 300 mil plantas. ha<sup>-1</sup>. Dados de produtividade de grãos foram coletados nas duas linhas centrais, desconsiderando 0,50 m da extremidade. Os ensaios contaram com uma área de bordadura contornando integralmente a área experimental para minimizar os efeitos ambientais. As análises de variância individuais (ANOVA) foram feitas para cada ambiente para avaliar a homogeneidade das variâncias residuais, considerando o seguinte modelo:

$$Y_{ij} = \mu + G_i + B_j + \varepsilon_{ij} \quad (1)$$

Em que  $Y_{ij}$  é o valor observado do  $i$ -ésimo genótipo no  $j$ -ésimo bloco;  $\mu$  é a média geral;  $G_i$  é o efeito fixo do  $i$ -ésimo genótipo;  $B_j$  é o efeito aleatório do  $j$ -ésimo bloco; e  $\varepsilon_{ij}$  é o efeito do erro associado ao  $i$ -ésimo genótipo no  $j$ -ésimo bloco.

Atendendo aos critérios das pressuposições da ANOVA (Pimentel Gomes, 2002), a análise de variância conjunta foi realizada em esquema fatorial, agrupando os três locais de estudo, e os três anos, criando nove ambientes de estudo, com intuito de determinar possíveis interações genótipo x ambiente. O seguinte modelo estatístico foi utilizado:

$$Y_{ijk} = \mu + G_i + B/A_{jk} + A_j + GA_{ij} + \varepsilon_{ijk} \quad (2)$$

Em que  $Y_{ijk}$  é o valor observado relativo ao  $i$ -ésimo genótipo, no  $j$ -ésimo ambiente e no  $k$ -ésimo bloco;  $\mu$  é a média geral dos ensaios;  $G_i$  é o efeito fixo do  $i$ -ésimo genótipo;  $B/A_{kj}$  é o efeito do  $k$ -ésimo bloco dentro do  $j$ -ésimo ambiente;  $A_j$  é o efeito aleatório do  $j$ -ésimo ambiente;  $GA_{ij}$  é o efeito fixo da interação do  $i$ -ésimo

genótipo com o  $j$ -ésimo ambiente, e  $\varepsilon_{ijk}$  é o erro associado com a observação  $Y_{ijk}$ ,  $\varepsilon_{ijk} \sim \text{NID}(0, \sigma^2)$ .

Após detectar a significância do teste F na interação G x A, foi realizada a decomposição da interação em parte complexa, segundo Cruz e Castoldi (1991), de acordo com a seguinte expressão:

$$\sqrt{(1-r)^3 Q_1 Q_2} \quad (3)$$

Em que  $Q_1$  e  $Q_2$  são os quadrados médios de genótipos nos pares de ambientes; e  $r$  é o coeficiente de correlação das médias dos genótipos nos nove ambientes. Em seguida, o estudo da adaptabilidade e estabilidade dos genótipos de feijão preto foi realizado por meio da análise multivariada GGE biplot, conforme o seguinte modelo:

$$Y_{ij} - \mu = G_i + E_j + GE_{ij} \quad (4)$$

Em que  $Y_{ij}$  é a produtividade média do  $i$ -ésimo genótipo no  $j$ -ésimo ambiente;  $\mu$  é média geral;  $G_i$  é o efeito do  $i$ -ésimo genótipo;  $E_j$  é o efeito do  $j$ -ésimo ambiente; e  $GE_{ij}$  é o efeito da interação entre o  $i$ -ésimo genótipo e o  $j$ -ésimo ambiente (Yan, 2011). O modelo GGE biplot não separa os efeitos de genótipos (G) dos efeitos da interação genótipos x ambientes (G x A), mantendo-se juntos em dois termos multiplicativos, representados pela seguinte equação:

$$Y_{ij} - \mu - \beta_j = g_{i1}e_{j1} + g_{i2}e_{j2} + \varepsilon_{ij} \quad (5)$$

Em que  $Y_{ij}$  é o desempenho esperado do genótipo  $i$  no ambiente  $j$ ;  $\mu$  é a média geral de observações;  $\beta_j$  é o efeito principal do ambiente  $j$ ;  $g_{i1}$  e  $e_{j1}$  são os principais escores do  $i$ -ésimo genótipo no  $j$ -ésimo ambiente, respectivamente;  $g_{i2}$  e  $e_{j2}$  são os escores secundários do  $i$ -ésimo genótipo no  $j$ -ésimo ambiente, respectivamente; e  $\varepsilon_{ij}$  é o resíduo não explicado de ambos os efeitos.

Assim, a construção do modelo GGE biplot é feita pela simples dispersão de  $g_{i1}$  e  $g_{i2}$  para genótipos, e  $e_{j1}$  e  $e_{j2}$  para ambientes, baseados na Decomposição de Valor Singular (SVD), obtidos pela equação:

$$Y_{ij} = \mu - \beta_j = \lambda_1 \xi_{i1} \eta_{j1} + \lambda_2 \xi_{i2} \eta_{j2} + \varepsilon_{ij} \quad (6)$$

Em que  $\lambda_1$  e  $\lambda_2$  são os maiores autovalores do primeiro e do segundo componente principal CP1 e CP2, respectivamente;  $\xi_{i1}$  e  $\xi_{i2}$  são os autovetores do  $i$ -ésimo genótipo de CP1 e CP2, respectivamente; e  $\eta_{j1}$  e  $\eta_{j2}$  são os autovetores do  $j$ -ésimo ambiente do CP1 e CP2, respectivamente (Yan, 2001).

Para análise estatística dos dados, procedeu-se inicialmente a análise de variância no *software* Genes (Cruz, 2016). A análise GGE Biplot foi realizada no *software* R (*R Core Team*, 2019), utilizando as funções disponíveis no pacote metan (Olivoto e Lúcio, 2020).

## RESULTADOS E DISCUSSÃO

A análise de variância conjunta mostrou diferenças significativas ( $P < 0,01$ ) para os efeitos de genótipos, ambientes e interação  $G \times A$  (Tabela 3), denotando diferenças nas respostas de produtividade de grãos dos genótipos; diferenças suficientes entre os ambientes para discriminar os genótipos; e diferentes respostas dos genótipos nos diferentes ambientes. Portanto, os genótipos não apresentaram desenvolvimento semelhante a todos os ambientes devido às diferenças edafoclimáticas entre os ambientes testados (Tabela 2), decorrentes de suas diferenças de altitude e localização, além da precipitação e temperatura (Figura 1).

Ainda assim, a razão entre o maior quadrado médio e o menor foi de 6,24, demonstrando que as variâncias residuais foram homogêneas e, portanto, adequadas para a realização da análise de variância conjunta (Cruz e Regazzi, 1997).

A variável produtividade de grãos é uma característica poligênica, ou seja, governada por muitos genes e, também, muito influenciada por fatores ambientais, na qual interfere o coeficiente de variação experimental (Resende e Duarte, 2007). Todavia, observou-se um valor baixo, 11,20, de coeficiente de variação, o que confere boa precisão experimental a nível de campo, sendo este valor semelhante aos obtidos por Delfini et al. (2018), Santos et al. (2018) e Souza et al. (2018) e abaixo dos obtidos por Pereira et al. (2017) e Melo et al. (2018).

Em contrapartida, de acordo com o estimador proposto por Cruz e Castoldi (1991), que decompõem a interação  $G \times A$  em parte complexa por pares de ambientes, observa-se neste trabalho que 77% dos pares foram de natureza complexa, apresentando níveis de estimativa acima de 50% (Tabela 4).

**Tabela 3.** Resumo da análise de variância conjunta para a produtividade de grãos (kg.ha<sup>-1</sup>), de 11 genótipos de feijão preto avaliados em nove ambientes diferentes no estado do Rio de Janeiro, nos anos de 2013, 2014 e 2015.

Fontes de Variação	GL <sup>1</sup>	QM <sup>2</sup>
Blocos / Ambientes	18	201840,13
Genótipo (G)	10	1274989,31**
Ambiente (A)	8	5269589,04**
G x A	80	138024,14**
Resíduo	180	62336,74
Média	1762,21	
CV (%) <sup>3</sup>	11,20	
>QM <sub>r</sub> / <QM <sub>r</sub>	6,24	

<sup>1</sup>Grau de liberdade; <sup>2</sup>quadrado médio; <sup>3</sup>coeficiente de variação; \*\* Significativo a P < 0.01 pelo teste F.

**Tabela 4.** Estimativas das interações complexas (%C) em nove ambientes diferentes, para a produtividade de grãos de 11 genótipos de feijão preto nos municípios de Araruama, Campos dos Goytacazes e Macaé (RJ) nos anos de 2013, 2014 e 2015.

Ambientes	Interações complexas (%C)	Ambientes	Interações complexas (%C)
1 x 2	72,08	1 x 3	32,88
1 x 4	92,20	1 x 5	47,98
1 x 6	70,75	1 x 7	99,70
1 x 8	84,18	1 x 9	84,48
2 x 3	66,55	2 x 4	83,45
2 x 5	68,90	2 x 6	104,58
2 x 7	111,97	2 x 8	57,51
2 x 9	108,48	3 x 4	63,70
3 x 5	28,66	3 x 6	30,26
3 x 7	31,00	3 x 8	21,43
3 x 9	55,71	4 x 5	56,78
4 x 6	74,40	4 x 7	50,44
4 x 8	30,14	4 x 9	61,34
5 x 6	57,98	5 x 7	42,57
5 x 8	31,91	5 x 9	72,45
6 x 7	52,21	6 x 8	45,51
6 x 9	62,53	7 x 8	62,68
7 x 9	44,43	8 x 9	42,31

Quando a interação G x A está associada à parte complexa, a classificação dos genótipos entre os ambientes é alterada de maneira significativa, indicando a presença de genótipos com melhor desempenho em um ambiente, mas não em outros, tornando cada vez mais difícil a seleção e/ou recomendação (Cruz e Castoldi, 1991). Os efeitos da interação G x A são considerados como uma das principais dificuldades de seleção em programas de melhoramento. Todavia, se não houvesse interação, um único ensaio seria suficiente para indicar o(s) melhor(es) genótipo(s).

Nesse contexto, a análise multivariada, GGE biplot, foi considerada para representar os padrões relacionados à interação, adaptabilidade e estabilidade. Inicialmente, procedeu-se a análise dos componentes principais (CP), onde o CP1 é correlacionado ao efeito principal do genótipo, enquanto o CP2 representa a fração da produtividade de grãos associada à interação G x A. Os maiores autovalores do CP1 e CP2, somados, foram responsáveis por 78,19% da variação total do rendimento de grãos (Figura 2). Portanto, esses resultados revelaram que a análise multivariada de componentes principais explica uma grande proporção da soma de quadrados dos genótipos e interação G x A, mostrando a alta eficiência da metodologia (Santos et al., 2017).

Santos et al. (2019) utilizaram a mesma metodologia para avaliar a adaptabilidade e estabilidade de produtividade de grãos em 32 genótipos de feijão comum, onde 17 genótipos pertenceram ao grupo 'Carioca', e 15 ao grupo 'Preto', e encontraram alta eficiência para os dois primeiros componentes, sendo 72,61% e 77,10%, respectivamente. No entanto, Corrêa et al. (2016) avaliaram o efeito da interação G x A na produtividade de grãos de genótipos de feijão comum e encontraram menor eficiência ao considerar os dois componentes (61,79%). Sendo assim, a diferença no percentual de eficiência da metodologia, que explica os efeitos de genótipos e interação G x A, dependem dos caracteres, genótipos e ambientes (locais ou épocas de cultivo) avaliados.

A análise GGE biplot representada por "*which-won-where*" (Figura 2), mostra quais genótipos obtiveram desenvolvimento superior para ambientes específicos. De acordo com este gráfico, os genótipos G1, G2, G4, G5, G7, G10 e G11, alocados nos vértices do polígono são os mais responsivos aos seus respectivos ambientes próximos aos seus vértices. No entanto, podem apresentar melhor ou pior desempenho em um ou mais ambientes (Yan e Tinker, 2006), sendo

mais adequados para recomendações específicas. Observa-se que os genótipos G3, G6, G7 e G10 não se agruparam a nenhum dos cinco ambientes testados. Por outro lado, os demais genótipos localizados próximos à origem, ou seja, dentro do polígono, são menos responsivos aos estímulos ambientais e, portanto, mais adequados quando o objetivo é uma ampla adaptação.

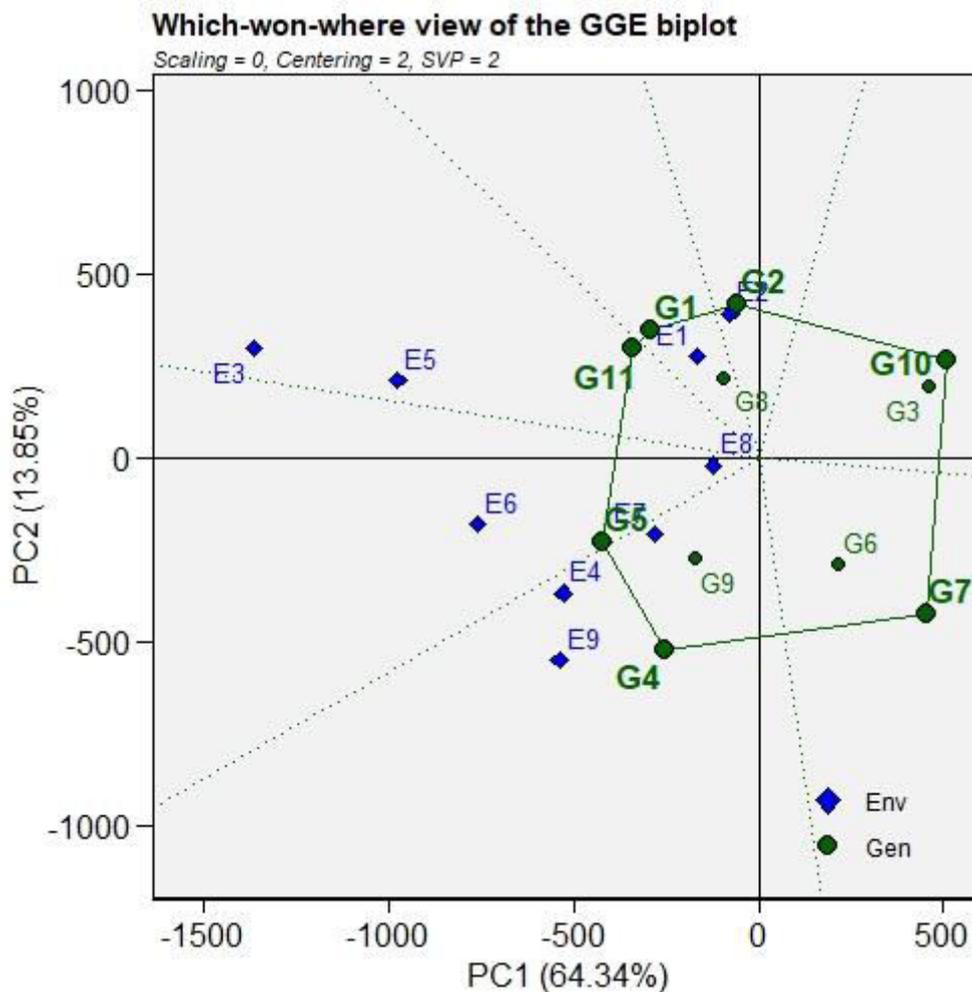


Figura 2. GGE biplot representando “which-won-where” de genótipos de feijão preto e ambientes para produtividade de grãos em  $\text{kg}\cdot\text{ha}^{-1}$ . Gen - Genótipos: G1 (BRS Campeiro), G2 (BRS Esplendor), G3 (IPR Uirapurú), G4 (CNFP 15289), G5 (CNFP 15290), G6 (CNFP 15292), G7 (CNFP 15302), G8 (CNFP 15304), G9 (CNFP 15310), G10 (CNFP 15359) e G11 (CNFP 15361). Env - Ambientes: E1 (Araruama 2013), E2 (Campos dos Goytacazes 2013), E3 (Macaé 2013), E4 (Araruama 2014), E5 (Campos dos Goytacazes 2014), E6 (Macaé 2014), E7 (Araruama 2015), E8 (Campos dos Goytacazes 2015) e E9 (Macaé 2015).

Para Karimizadeh et al. (2013), genótipos alocados nos vértices do polígono que não se agruparam a nenhum ambiente formado, podem ser considerados desfavoráveis para os ambientes nos quais foram testados, além de não poderem ser recomendados. Do mesmo modo que genótipos que foram

alocados dentro do polígono, ou seja, com vetores menores, possuem desempenho inferior e maior interação com os ambientes em que se encontram (Oliveira et al., 2018).

A metodologia GGE biplot tem a vantagem de ajudar a delimitar áreas agrícolas por intermédio da identificação de mega ambientes, definidos como grupos de ambientes com interação G x A similares e, conseqüentemente, com moderada alteração no ranking de genótipos. De igual modo, o biplot “*which-won-where*” permite o agrupamento visual dos ambientes e determina os genótipos com melhores desempenhos médios para cada ambiente (Yan e Tinker, 2006). Para tanto, foram formados cinco mega ambientes: o primeiro representado por E4 (Araruama 2014), E7 (Araruama 2015) e E9 (Macaé 2015); o segundo por E6 Macaé 2014) e E8 (Campos dos Goytacazes 2015); o terceiro por E3 (Macaé 2013) e E5 (Campos dos Goytacazes 2014); o quarto por E1 (Araruama 2013); e o quinto por E2 (Campos dos Goytacazes 2013) (Figura 2). Os genótipos G4 (CNFP 15289), G5 (CNFP 15290), G11 (CNFP 15361), G1 (BRS Campeiro) e G2 (BRS Esplendor), localizados nos vértices do polígono do primeiro, segundo, terceiro, quarto e quinto mega ambiente, respectivamente, apresentaram os melhores desempenhos médios dentro dos mega ambientes formados, com destaque para o genótipo G4 (CNFP 15289) devido à sua elevada produtividade no ambiente E9 (Macaé 2015).

O gráfico biplot pode ser interpretado, de forma prática, como sendo um sistema de coordenadas que fixam a posição de um ponto num plano cartesiano, formado por duas retas reais em que o ângulo formado entre elas é de 90°, ou seja, elas são perpendiculares. A reta X, horizontal, recebe o nome de eixo das abscissas, onde é apresentado os escores de CP1 dos genótipos, enquanto a reta Y, vertical, recebe o nome de eixo das ordenadas, onde são apresentados os escores de CP2 dos ambientes.

Verifica-se também, em função dos vetores formados a partir da origem do gráfico biplot (0,0), que este foi dividido em sete setores. Nestes, os nove ambientes de avaliação foram divididos em cinco grupos pelas linhas que saíram da origem do biplot, e tais grupos foram os mesmos mega ambientes descritos anteriormente. Para Souza et al. (2019), genótipos mais distantes da origem do biplot e que pertencem aos vértices do polígono, apresentam os melhores desempenhos, além de agruparem pelo menos um ambiente (Paramesh et al., 2016).

A análise do gráfico biplot “média vs. estabilidade” (Figura 3) explica que quanto maior a projeção de um genótipo em relação ao eixo CP1, menor sua estabilidade; ao contrário, quanto mais distante o genótipo estiver do eixo CP2, mais produtivo ele tende a ser. A seta aponta para um maior desempenho médio avaliado entre os genótipos (Yan, 2001).

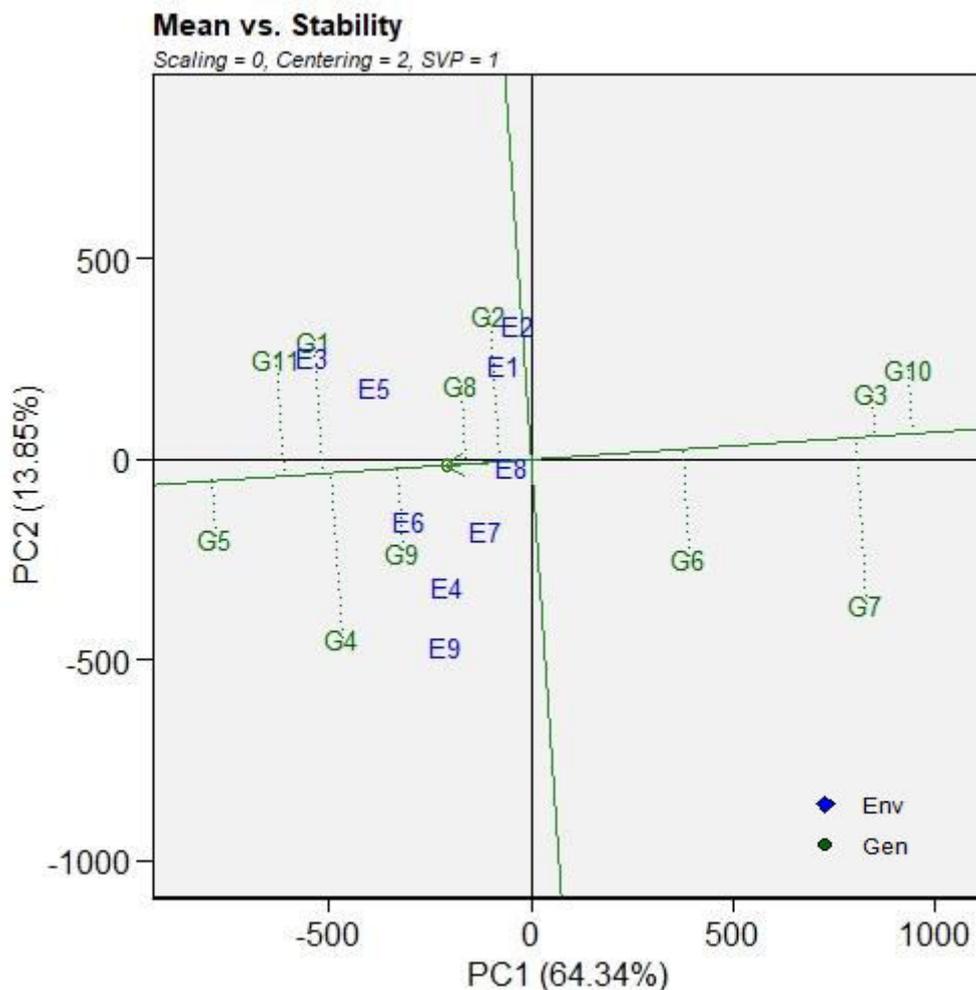


Figura 3. GGE biplot representando “média vs. estabilidade” de genótipos de feijão preto e ambientes para produtividade de grãos em  $\text{kg}\cdot\text{ha}^{-1}$ . Gen - Genótipos: G1 (BRS Campeiro), G2 (BRS Esplendor), G3 (IPR Uirapurú), G4 (CNFP 15289), G5 (CNFP 15290), G6 (CNFP 15292), G7 (CNFP 15302), G8 (CNFP 15304), G9 (CNFP 15310), G10 (CNFP 15359) e G11 (CNFP 15361). Env - Ambientes: E1 (Araruama 2013), E2 (Campos dos Goytacazes 2013), E3 (Macaé 2013), E4 (Araruama 2014), E5 (Campos dos Goytacazes 2014), E6 (Macaé 2014), E7 (Araruama 2015), E8 (Campos dos Goytacazes 2015) e E9 (Macaé 2015).

Desta forma, o genótipo G4 (CNFP 15289) foi o mais instável dos genótipos avaliados; contudo, teve desempenho vantajoso em relação aos outros genótipos cultivados no ambiente E9 (Macaé 2015). Os genótipos G3 (IPR Uirapurú), G5 (CNFP 15290), G8 (CNFP 15304) e G10 (CNFP 15359) são altamente estáveis; entretanto, o segundo se destacou com maior produtividade de grãos. Ademais, os

genótipos G1 (BRS Campeiro), G5 (CNFP 15290) e G11 (CNFP 15361) se destacaram, pois apresentaram maiores estabilidades aliadas às maiores produtividades. Sendo a produtividade das cultivares G1 (BRS Campeiro), G2 (BRS Esplendor) e G3 (IPR Uirapurú), superadas pelas linhagens G5 (CNFP 15290) e G11 (CNFP 15361) (Figura 3).

Segundo Yan (2011), a visualização do biplot “média vs. estabilidade” é uma ferramenta imprescindível e eficaz para a avaliação de genótipos superiores. Para Yan e Tinker (2006), não tem sentido selecionar genótipos de alta estabilidade se esses não forem produtivos satisfatoriamente. Esses mesmos autores relataram, ainda, que a alta estabilidade dos genótipos é significativa somente quando combinada com desempenho médio. Assim, os genótipos G10 (CNFP 15359) e G3 (IPR Uirapurú), que apresentaram alta estabilidade por apresentarem baixas projeções no eixo CP1, não são boas opções para a produção de grãos nas Regiões Centro-Sul e Norte Fluminense do estado do Rio de Janeiro, uma vez que não foram produtivos, apesar de serem estáveis. Porém, o genótipo G5 (CNFP 15290) apresentou alta estabilidade aliada ao alto desempenho produtivo, sendo uma excelente opção de seleção por apresentar adaptabilidade e estabilidade, e ainda superou as cultivares controle G1 (BRS Campeiro), G2 (BRS Esplendor) e G3 (IPR Uirapurú) em ambos os aspectos (Figura 3).

O gráfico biplot “discriminação vs. representatividade” (Figura 4) mostra quais ambientes em avaliação são os mais eficientes na seleção de genótipos superiores de forma eficaz, ou seja, a seleção de um ambiente de maior discriminação dos genótipos e representatividade. Tal fato pode ser conferido por Santos et al. (2017), ao relatarem que um ambiente ideal deve discriminar genótipos superiores e ser representativo entre os demais ambientes testados. Segundo Yan e Holland (2010), o biplot mostra o poder discriminatório de um ambiente de teste com base no comprimento de seu vetor. Além disto, quanto maior for o valor de PC1, maior será a capacidade de discriminação da variável, enquanto a representatividade será maior, quanto menor for o PC2 (Yan e Kang, 2003; Yan e Tinker, 2006).

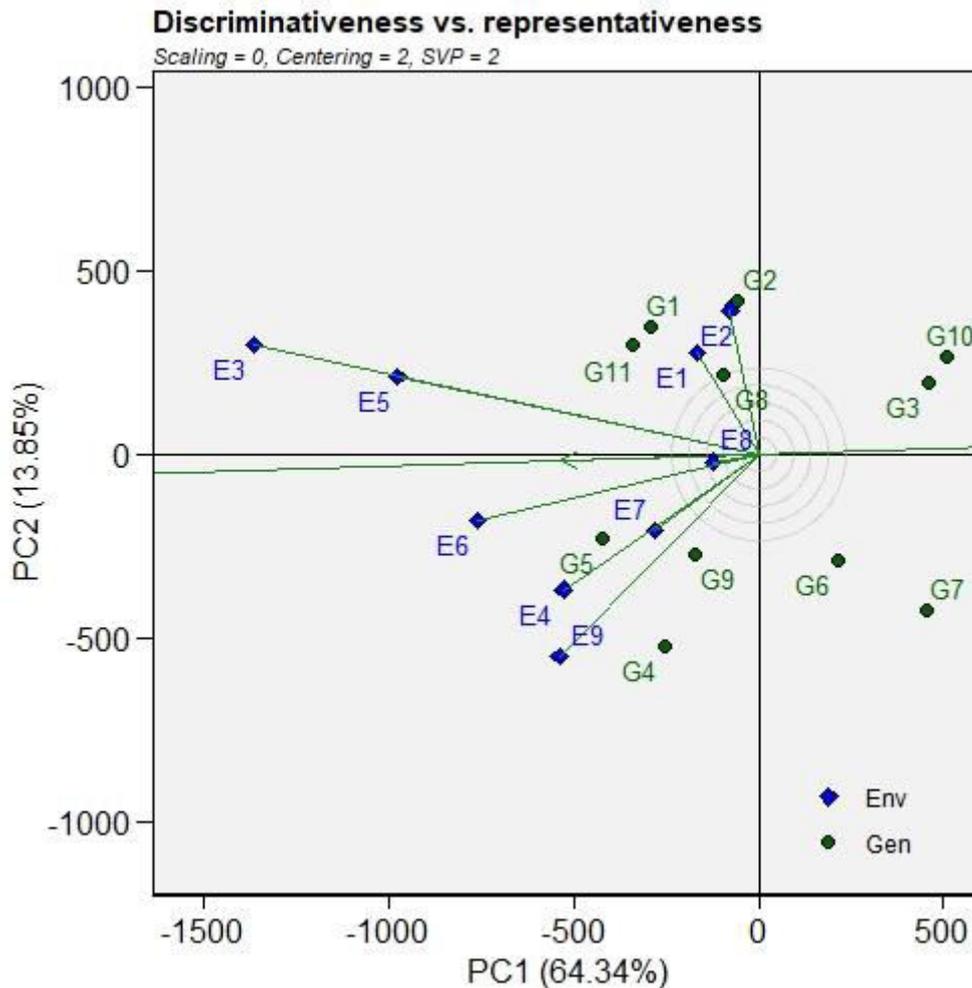


Figura 4. GGE biplot representando “discriminação vs. representatividade” de genótipos de feijão preto e ambientes para produtividade de grãos em  $\text{kg}\cdot\text{ha}^{-1}$ . Gen - Genótipos: G1 (BRS Campeiro), G2 (BRS Esplendor), G3 (IPR Uirapurú), G4 (CNFP 15289), G5 (CNFP 15290), G6 (CNFP 15292), G7 (CNFP 15302), G8 (CNFP 15304), G9 (CNFP 15310), G10 (CNFP 15359) e G11 (CNFP 15361). Env - Ambientes: E1 (Araruama 2013), E2 (Campos dos Goytacazes 2013), E3 (Macaé 2013), E4 (Araruama 2014), E5 (Campos dos Goytacazes 2014), E6 (Macaé 2014), E7 (Araruama 2015), E8 (Campos dos Goytacazes 2015) e E9 (Macaé 2015).

Desta forma, com base no comprimento dos vetores, o gráfico biplot “discriminação vs. representatividade” mostrou que os ambientes E3 (Macaé 2013), E5 (Campos dos Goytacazes 2014) e E9 (Macaé 2015) apresentaram vetores mais elevados e, portanto, maior poder discriminatório; E6 (Macaé 2014) e E4 (Araruama 2014) apresentaram poder discriminatório moderado; e E1 (Araruama 2013), E2 (Campos dos Goytacazes 2013), E7 (Araruama 2015) e E8 (Campos dos Goytacazes 2015) menor poder discriminatório (Figura 4). Isso denota que os ambientes que apresentaram vetores curtos são menos discriminantes, o que significa que todos os genótipos tendem a executar de forma semelhante pouca ou

nenhuma informação sobre as diferenças genotípicas que podem ser reveladas em um dado ambiente e, portanto, não devem ser utilizados como ambientes de teste.

Os autores Yan e Tinker (2006) classificam os ambientes de três formas: a primeira classificação como discriminativos e representativos (úteis para seleção de genótipos adaptados); a segunda classificação como discriminativo e não representativo (útil para descartar genótipos instáveis); e a terceira classificação como não discriminativo e não representativo (não útil como ambientes de teste).

Com relação à representatividade, os ambientes que formarem os menores ângulos com o eixo médio do ambiente (EAM), que corresponda à linha que cruza o ambiente médio e a origem do biplot, serão mais representativos (Yan e Tinker, 2006); desse modo, os ambientes E3 (Macaé 2013), E5 (Campos dos Goytacazes 2014), E6 (Macaé 2014) e E8 (Campos dos Goytacazes 2015) foram os mais representativos (Figura 4).

Os resultados mostraram que os ambientes E3 (Macaé 2013), E5 (Campos dos Goytacazes 2014), E6 (Macaé 2014) e E9 (Macaé 2015) foram discriminativos e representativos e, portanto, mais próximo de um local ideal para recomendação de genótipos superiores, focados em maiores produtividades de feijão preto, ou seja, estes ambientes favorecem a seleção de genótipos superiores adaptados. Ainda assim, os fatores edafoclimáticos podem ter influenciado a escolha desses ambientes como sendo o mais próximo de um ambiente ideal, uma vez que foi observado um volume maior de chuvas (Figura 1), por exemplo, nas fases críticas de desenvolvimento das plantas (floração e enchimento de grãos), na qual pode ter melhorada a produtividade.

Outrossim, E1 (Araruama 2013), E2 (Campos dos Goytacazes 2013), E4 (Araruama 2014) e E7 (Araruama 2015) foram classificados como ambientes discriminativos e não representativos, ou seja, ambientes úteis para descartar genótipos instáveis. O ambiente E8 (Campos dos Goytacazes 2014) não foi discriminativo, mas representativo, apontando que este pode representar as condições de outros locais de avaliações, apesar deste ambiente não poder ser utilizado para avaliar a variação genética entre genótipos. Nenhum dos ambientes foi simultaneamente não discriminativo e não representativo, evitando o descarte de ambientes com base neste critério.

Entende-se por genótipo ideal aquele que apresenta alto desempenho médio para o caráter estudado aliado à alta estabilidade em todos os ambientes

testados (Yan e Tinker, 2006). Para Santos et al. (2017), apesar do genótipo ideal ser considerado um modelo hipotético, durante a avaliação de diferentes genótipos, é utilizado como referência para identificar um ideótipo. O ideótipo, por sua vez, é representado por um ponto situado no centro dos círculos concêntricos. Portanto, os genótipos localizados mais próximos ao centro dos círculos concêntricos são os mais desejáveis (Figura 5).

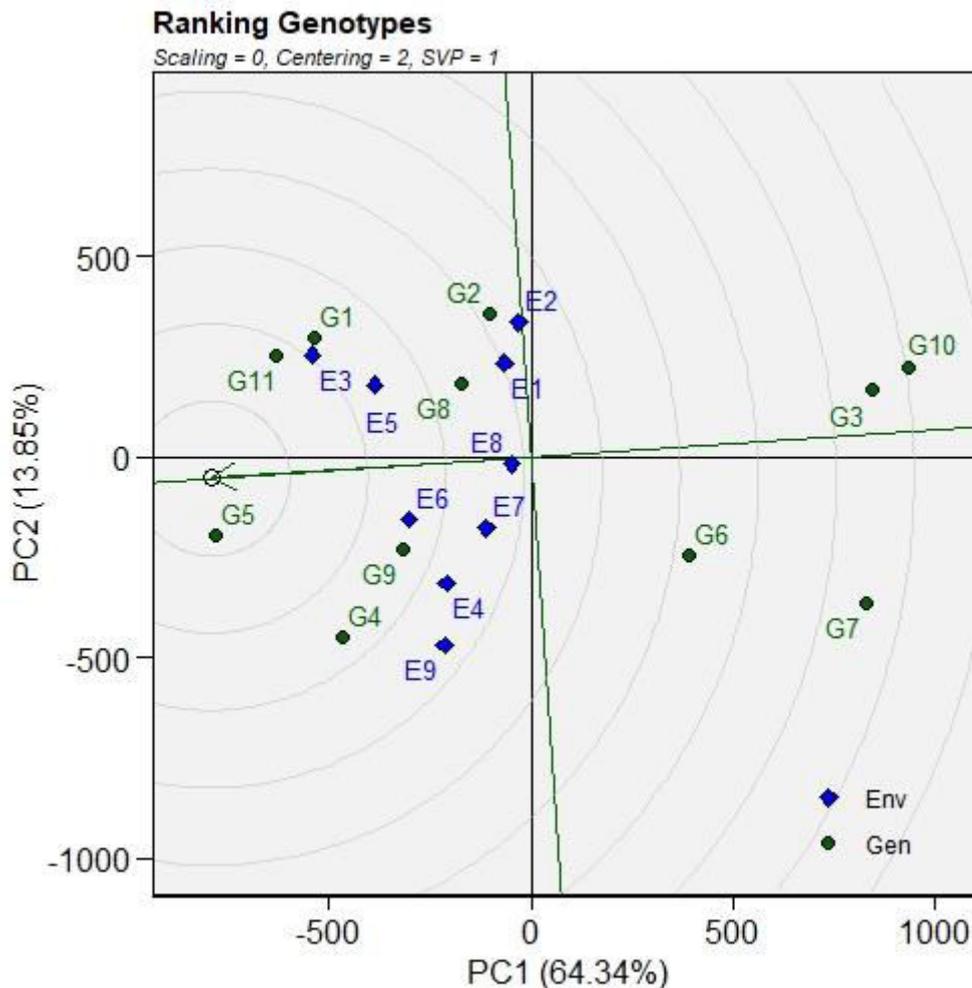


Figura 5. GGE biplot representando a classificação dos genótipos de feijão preto (genótipo ideal) para produtividade de grãos em  $\text{kg}\cdot\text{ha}^{-1}$ . Gen - Genótipos: G1 (BRS Campeiro), G2 (BRS Esplendor), G3 (IPR Uirapurú), G4 (CNFP 15289), G5 (CNFP 15290), G6 (CNFP 15292), G7 (CNFP 15302), G8 (CNFP 15304), G9 (CNFP 15310), G10 (CNFP 15359) e G11 (CNFP 15361). Env - Ambientes: E1 (Araruama 2013), E2 (Campos dos Goytacazes 2013), E3 (Macaé 2013), E4 (Araruama 2014), E5 (Campos dos Goytacazes 2014), E6 (Macaé 2014), E7 (Araruama 2015), E8 (Campos dos Goytacazes 2015) e E9 (Macaé 2015).

Assim, o genótipo G5 (CNFP 15290) foi o genótipo mais próximo de um ideótipo, apresentou alta estabilidade e produtividade, mostrando ser um genótipo promissor para a produção de grãos no estado do Rio de Janeiro. O genótipo G11

(CNFP 15361), no segundo círculo concêntrico, se destacou por apresentar desempenho semelhante ao genótipo ideal quanto ao rendimento de grãos e estabilidade fenotípica, além de apresentar desempenho produtivo e estabilidade superior às cultivares controle G1 (BRS Campeiro), G2 (BRS Esplendor) e G3 (IPR Uirapurú).

Os genótipos G3 (IPR Uirapurú), G7 (CNFP 15302) e G10 (CNFP 15359), situados nos últimos círculos concêntricos, ou seja, mais distantes do ideótipo, foram aqueles que exibiram os desempenhos mais baixos. Logo, a recomendação dos melhores genótipos deve se fundamentar em alto desempenho produtivo e estabilidade.

Este estudo sugere que o sucesso de um cultivar depende da performance agrônômica em um ou mais locais, e análises que discriminam as interações G x A são necessárias. De modo que, um genótipo pode apresentar alta adaptabilidade e estabilidade, porém baixo desempenho produtivo, retratando a importância de análises de produtividade média. Assim, foi possível analisar as informações contidas nos gráficos GGE biplot, nos quais mostraram que os genótipos G5 (CNFP 15290) e G11 (CNFP 15361) foram adaptados às condições locais e reuniram estabilidade de produção, exibiram rendimentos médios superiores às cultivares controle G1 (BRS Campeiro), G2 (BRS Esplendor) e G3 (IPR Uirapurú) (Figuras 3, 5). Os resultados confirmaram a eficiência e a precisão da metodologia GGE biplot e indicaram que esses genótipos devem ser recomendados para o estado do Rio de Janeiro, com interesse na produção de grãos de feijão preto.

## CONCLUSÕES

Os genótipos G5 (CNFP 15290) e G11 (CNFP 15361) apresentaram maiores desempenhos produtivos e são indicados para futuras avaliações em programas de melhoramento de feijão com foco na produção de grãos.

O ambiente Macaé discriminou melhor os genótipos, enquanto os ambientes Macaé e Campos dos Goytacazes foram mais representativos.

Os genótipos G5 (CNFP 15290) e G11 (CNFP 15361) podem ser recomendados para a produção de grãos no estado do Rio de Janeiro, Brasil, pois

apresentaram alta estabilidade, adaptabilidade e produtividade. Além do que, esses genótipos superaram a produtividade das cultivares controle.

O genótipo G5 (CNFP 15290) foi considerado o ideótipo devido ao seu desempenho superior em relação à média geral e à sua alta adaptabilidade e estabilidade.

## REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- [AGRITEMPO] Sistema de Monitoramento Agrometeorológico. (2021). [Accessed Jan.13,2022]. Available at: <https://www.agritempo.gov.br>.
- Borém, A., Miranda, G. V., and Fritsche-Neto, R. (2017). *Melhoramento de Plantas*. Viçosa: Editora UFV.
- Carneiro, J. D. S., Paula Júnior, T. D., and Borém, A. (2015). *Feijão: do plantio à colheita*. Viçosa: Editora UFV.
- [CEASA] Centro de Abastecimento. (2010). Programa Brasileiro de Modernização do Mercado de Hortigranjeiro. [Accessed Jul.08,2020]. Available at: <http://www.ceasa.gov.br/precos>
- [CONAB] Companhia Nacional de Abastecimento. (2022). Acompanhamento da safra brasileira. [Accessed Feb.10,2022]. Available at: <https://www.conab.gov.br/info-agro/safras/graos>
- Corrêa, A. M., Teodoro, P. E., Gonçalves, M. C., Santos, A., and Torres, F. E. (2016). Selection of common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) genotypes using a genotype plus genotype x environment interaction biplot. *Genetics and Molecular Research*, 15, 1-9. <https://doi.org/10.4238/gmr.15038427>
- Cruz, C. D. (2016). Genes Software-extended and integrated with the R, Matlab and Selegen. *Acta Scientiarum Agronomy*, 38, 547-552. <https://doi.org/10.4025/actasciagron.v38i4.32629>
- Cruz, C. D., and Castoldi, F. L. (1991). Decomposição da interação genótipos x ambientes em partes simples e complexa. *Revista Ceres*, 38, 422-430.
- Cruz, C. D., and Regazzi, A. (1997). *Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético*. Viçosa: Editora UFV.

- Cruz, D. P., Gravina, G. A., Vivas, M., Entringer, G. C., Rocha, R. S., Jaeggi, M. E. P.C., Gravina, L. M., Pereira, I. M., Amaral Júnior, A. T., Moraes, R., Oliveira, T, B. A., and Daher, R. F. (2020). Analysis of the phenotypic adaptability and stability of strains of cowpea through the GGE biplot approach. *Euphytica*, 216, 1-11. <https://doi.org/10.1007/s10681-020-02693-9>
- Delfini, J., Cirino, V. M., Ruas, C. F., Ruas, P. M., Neto, J. S., and Gonçalves, L. S. A. (2018). Estimation of genetic parameters and prediction of genotypic values in common beans using mixed models. *Emirates Journal of Food and Agriculture*, 30, 1026-1035. <https://www.preprints.org/manuscript/201803.0215/v1>
- [FAOSTAT] Food and Agriculture Organization. (2020). Faostat. [Accessed Aug. 31, 2020]. Available at: [http://www.fao.org/faostat/en/#rankings/countries\\_by\\_commodity](http://www.fao.org/faostat/en/#rankings/countries_by_commodity)
- Gonçalves, G. D. M. C., Ferreira-Gomes, R. L., Lopes, Â. C. D. A., and Vieira, P. F. M. J. (2020). Adaptability and yield stability of soybean genotypes by REML/BLUP and GGE Biplot. *Crop Breeding and Applied Biotechnology*, 20, 1-9. <https://doi.org/10.1590/1984-70332020v20n2a33>
- [IBGE] Instituto Brasileiro de Estatística e Geografia. (2020). Sistema IBGE de Recuperação automática (SIDRA). [Accessed Mar.15,2022]. Available at: <https://sidra.ibge.gov.br/tabela/1612>
- [INMET] Instituto Nacional de Meteorologia. (2021). BDMEP – Dados históricos. [Accessed Jan.13,2022]. Available at: <https://portal.inmet.gov.br>.
- Kang, M. S., Aggarwal, V. D., and Chirwa, R. M. (2008). Adaptability and Stability of Bean Cultivars as Determined via Yield-Stability Statistic and GGE Biplot Analysis. *Journal of Crop Improvement*, 7528, 97–120. <https://doi.org/10.1300/J411v15n01>
- Karimizadeh, R., Mohammadi, M., Sabaghni, N., Mahmoodi, A. A., Roustami, B., Seyyedi, F., and Akbari, F. (2013). GGE biplot analysis of yield stability in multi-environment trials of lentil genotypes under rainfed condition. *Notulae Scientia Biologicae*, 5, 256-262. <https://doi.org/10.15835/nsb529067>
- Melo, P. G. S., Alvares, R. C., Pereira, H. S., Braz, A. J. B. P., Faria, L. C., and Melo, L. C. (2018). Adaptability and stability of common bean genotypes in family farming systems. *Pesquisa Agropecuaria Brasileira*, 53, 189-196. <https://doi.org/10.1590/S0100-204X2018000200007>
- Oliveira, T. R. A., Gravina, G. A., Oliveira, G. H. F., Araújo, K. C., Araújo, L. C., Daher, R. F., Vivas, M., Gravina, L. M. and Cruz, D. P. (2018). The GT biplot analysis of

- green bean traits. *Ciência Rural*, 48, 1-6. <https://doi.org/10.1590/0103-8478cr20170757>
- Olivoto, T., and Lúcio, A. D. (2020). metan: an R package for multi-environment trial analysis. *Methods in Ecology and Evolution*, 11, 783-789. <https://doi.org/o>
- Paramesh, M., Reddy, D. M., Priya, M. S., Sumathi, P., Sudhakar, P. and Reddy, K. H. P. (2016). GT biplot analysis for yield and drought related traits in mung bean (*Vigna radiata* L. Wilczek). *Electronic Journal of Plant Breeding*, 7, 538-543. <https://doi.org/10.5958/0975-928X.2016.00069.7>
- Pereira, H. S., Alvares, R. C., Silva, F. C., Faria, L. C., and Melo, L. C. (2017). Genetic, environmental and genotype x environment interaction effects on the common bean grain yield and commercial quality. *Semina: Ciências Agrárias*, 38, 1241-1250. <http://dx.doi.org/10.5433/1679-0359.2017v38n3p1241>
- Pimentel-Gomes, F. (2002) *Estatística aplicada a experimentos agrônômicos e florestais: exposição com exemplos e orientações para o uso de aplicativos*. Piracicaba: FEALQ.
- R Core Team (2019). R: A language and environment for statistical computing. R Foundation for Statistical Computing, Vienna, Austria. URL <https://www.R-project.org/>.
- Resende, M. D. V. and Duarte, J. B. (2007). Precisão e controle de qualidade em experimentos de avaliação de cultivares. *Pesquisa Agropecuária Tropical*, 37, 182-194.
- Rocha, R. S., Santos, P. R., Oliveira, T. R. A., Daher, R. F., Nascimento, M. R., Souza, A. G., Oliveira, L. J. S., Silva, K. R. G., Costa, K. D. S., Costa, A. F., and Santos, H. P. (2020). Estimation of adaptability and stability of early strains of 'Carioca' and 'black beans' (*Phaseolus vulgaris*) in Pernambuco State, Brazil. *Australian Journal of Crop Science*, 14, 263-270. <https://doi.org/10.2145/ajsc.20.14.02.p2121>
- Santos, A., Amaral Júnior, A. T., Kurosawa, R. N. F., Gerhardt, I. F. S., and Fritsche Neto, R. (2017). GGE Biplot projection in discriminating the efficiency of popcorn lines to use nitrogen. *Ciência e Agrotecnologia*, 41, 22–31. <https://doi.org/10.1590/1413-70542017411030816>
- Santos, P. R., Costa, K. D. S., Nascimento, M. R., Lima, T. V., Souza, Y. P., Costa, A. F., and Silva, J. W. (2018). Simultaneous selection for yield, stability, and adaptability of carioca and black beans. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, 53, 736-745. <https://doi.org/10.1590/S0100-204X2018000600010>

- Santos, P. R., Oliveira, T. R. A., Skeen, P., Nascimento, M. R., Costa, K. D. S., Araújo, E. R., Pereira, H. S., and Costa, A. F. (2019). GGE Biplot and REML/BLUP based-analysis of yield stability and adaptability for common beans in multi-environment trials. *Revista Brasileira de Ciências Agrárias*, 14, 1–8. <https://doi.org/10.5039/agraria.v14i2a5657>
- Silva, R. R., and Benin, G. (2012). Análises Biplot: conceitos, interpretações e aplicações. *Ciência Rural*, 42, 1404–1412. <https://doi.org/10.1590/s0103-84782012000800012>
- Sousa, M. B., Damasceno-Silva, K. J., Rocha, M. M., Júnior, J. Â. N. M., and Lima, L. R. L. (2018). Genotype by Environment Interaction in Cowpea Lines using GGE biplot Method. *Revista Caatinga*, 31, 64–71. <https://doi.org/10.1590/1983-21252018v31n108rc>
- Souza, T. L. P. O. D., Pereira, H. S., Peloso, M. J. D., Faria, L. C. D., Costa, J. G. C. D., Wendland, A., Diaz, J. L. C., Magaldi, M. C. S., Aguiar, M. S., Carvalho, H. W. L., Souza Filho, B. F., Melo, C. L. P., Costa, A. F., Almeida, V. M., Posse, S. C. P., and Melo, L. C. (2019). BRS FP403: high-yielding black-seeded common bean cultivar with superior grain quality and moderate resistance to fusarium wilt. *Crop Breeding and Applied Biotechnology*, 19, 240-244. <https://doi.org/10.1590/1984-70332019v19n2c34>
- Souza, Y. P., Santos, P. R., Nascimento, M. R., Costa, K. D. S., Lima, T. V., Oliveira, T. R. A., Costa, A. F., Pereira, H. S., and Silva, J. W. (2018). Assessing the genotypic performance of carioca beans through mixed models. *Ciência Rural*, 48, 1-7. <https://doi.org/10.1590/0103-8478cr20170761>
- Voyses, O. (2000). Mejoramiento genético del frijol (*Phaseolus vulgaris* L.): legado de variedades de América Latina 1930-1999. CIAT: Centro Internacional de Agricultura Tropical.
- Yan, W. (2001). GGE biplot a windows application for graphical analysis of multienvironment trial data and other types of two-way data. *Agronomy Journal*, 93, 1111–1118. <https://doi.org/10.2134/agronj2001.9351111x>
- Yan, W. (2011). GGE biplot vs. AMMI graphs for genotype-by-environment data analysis. *Journal of the Indian Society of Agricultural Statistics*, 65, 181–193.
- Yan, W., and Holland, J. B. (2010). A heritability-adjusted GGE biplot for test environment evaluation. *Euphytica*, 171, 355–369. <https://doi.org/10.1007/s10681-009-0030-5>

- Yan, W., and Kang, M. S. (2003). GGE biplot analysis: a graphical tool for breeders, geneticists, and agronomists. CRC press.
- Yan, W., and Tinker, N. A. (2006). Biplot analysis of multi-environment trial data: Principles and applications. *Canadian Journal of Plant Science*, 86, 623–645. <https://doi.org/10.4141/P05-169>

#### 4. RESUMO E CONCLUSÕES

É importante notar que, seguindo uma tendência no Brasil, a área utilizada para o cultivo de feijão no Rio de Janeiro diminuiu gradativamente de 20.000 ha para 1.000 ha nas últimas quatro décadas, segundo a Companhia Nacional de Abastecimento (CONAB). Isso pode ter resultado em uma perda intensa e irreversível da diversidade de variedades, considerando que essas variedades são escassamente preservadas no banco nacional de germoplasma (EMBRAPA). Paralelamente, a cultura do feijoeiro enfrenta um sério problema, produção ínfima no estado do Rio de Janeiro, Brasil, e caminha para a adoção de cultivares altamente produtivas, adaptáveis e estáveis, visando a diminuição da importação do grão. Nesse âmbito, duas novas cultivares de feijão preto resultante de um cruzamento bi-parental registradas no Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento (MAPA), foram recomendadas para o cultivo no estado. Haja vista, a necessidade de abertura de uma nova linha de pesquisa com feijão preto para o estado, visando encontrar genótipos promissores quanto à produtividade de grãos, dentre outros aspectos. O trabalho traz contribuição importante quanto ao conhecimento de potenciais genótipos altamente produtivos, adaptados e estáveis, quando comparados às cultivares disponíveis no mercado. Trata-se de um estudo inédito, único nas mesorregiões do estado do Rio de Janeiro, abordado em dois trabalhos. O primeiro trabalho consistiu em estimar parâmetros genéticos, predizer ganhos genéticos via REML/BLUP e selecionar simultaneamente por produtividade, adaptabilidade e

estabilidade em genótipos de feijão preto. No segundo trabalho, o objetivo foi selecionar genótipos de feijão preto com excelente desempenho em relação ao rendimento de grãos em diferentes ambientes usando a abordagem GGE biplot. Portanto, pode ser concluído para o primeiro trabalho que a estimação de parâmetros e a predição dos ganhos genéticos obtidos possibilitou alto nível de precisão experimental e excelentes perspectivas para a seleção, além da identificação de duas linhagens (CNFP 15290 e CNFP 15361), que se mostraram superiores às testemunhas (BRS Campeiro, BRS Esplendor e IPR Uirapurú), reunindo simultaneamente alta produtividade, estabilidade e adaptabilidade. Em relação ao segundo trabalho, a estimação dos biplots obtidos possibilitou um estudo em relação às respostas diferenciadas dos genótipos nos ambientes testados. Do qual revelou dois ambientes Macaé e Araruama como sendo local ideal para testes, além da identificação das mesmas linhagens (CNFP 15290 e CNFP 15361), superiores às cultivares testemunhas, sendo a linhagem CNFP 15290 tida como o genótipo ideal (ideótipo). Em conclusão geral, as metodologias de modelos mistos e GGE biplot apresentaram eficiência quanto à seleção de genótipos promissores de feijão preto, o que refletiu na indicação de duas linhagens, candidatas a pré-cultivares para produção de grãos no estado. Embora sejam necessários novos estudos de introdução de genótipos de feijão do grupo preto, procurando diversificar o material genético em avaliação e, se necessário, substituir as cultivares existentes, considerando-se que o feijoeiro é uma planta de adaptação restrita e que as cultivares recomendadas, com o decorrer do tempo, podem apresentar problemas que resultem na queda de produtividade, sendo importante a continuidade dos trabalhos de pesquisa com a cultura na região, para que se obtenham novas cultivares adaptadas e, principalmente, produtivas. Além disso, o estudo descreve pela primeira vez o comportamento dos genótipos de feijão preto nos ambientes avaliados, o que proporciona informações que servirão de base e parâmetros para outros trabalhos futuros, que ainda não foram explorados em programas de melhoramento do feijoeiro no País.

## REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- Allard, R.W., Bradshaw, A.D. (1964) Implications of genotype-environmental interactions in applied plant breeding. *Crop Science*, 4(5):503-508.
- Badu-Apraku, B., Akinwale, R. (2011) Cultivar evaluation and trait analysis of tropical early maturing maize under Striga-infested and Striga-free environments. *Field Crops Research*, 121:186-194.
- Barbosa, F.R., Gonzaga, A.C.O. (2012) *Informações técnicas para o cultivo do feijoeiro-comum na Região Central-Brasileira: 2012-2014*. Santo Antônio de Goiás: Embrapa Arroz e Feijão, 247p.
- Barshan, E., Ghodsi, A., Azimifar, Z., Jahromi, M.Z. (2011) Supervised principal component analysis: Visualization, classification and regression on subspaces and submanifolds. *Pattern Recognition*, 4:1357-1371.
- Bitocchi, E., Rau, D., Bellucci, E., Rodriguez, M., Murgia, M.L., Gioia, T., Papa, R. (2017) Beans (*Phaseolus* ssp.) as a model for understanding crop evolution. *Frontiers in plant science*, 8:722.
- Borém, A., Miranda, G.V., Neto, R.F. (2017) *Melhoramento de plantas*. 7. ed. Viçosa: UFV, 543p.
- Burle M.L., Fonseca J.R., Kami J.A., Gepts P. (2010) Microsatellite diversity and genetic structure among common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) landraces in Brazil, a secondary center of diversity. *Theoretical and Applied Genetics*, 121:801-813.
- Carneiro, J.D.S., Paula Júnior, T.D., and Borém, A. (2015) *Feijão: do plantio à colheita*. Viçosa: UFV, 384p.

- Carvalho, L.C.B., Silva, K.J.D., Rocha, M.M., Oliveira, G.C.X. (2016) Evolution of methodology for the study of adaptability and stability in cultivated species. *African Journal of Agricultural Research*, 11:990–1000.
- Carvalho, B.L., Ramalho, M.A.P., Vieira Júnior, I.C., Abreu, A.F.B. (2017) New strategy for evaluating grain cooking quality of progenies in dry bean breeding programs. *Crop Breeding and Applied Biotechnology*, 17:115-123.
- CONAB – Companhia Nacional de Abastecimento (2022) Acompanhamento da safra brasileira. Disponível em: <<http://conab.gov.br>>. Acesso em: 10 de fevereiro de 2022.
- Cruz, C.D., Regazzi, A.J.; Carneiro, P.C S. (2014) *Métodos biométricos aplicados ao melhoramento genético*. Viçosa: UFV, 668p.
- Cruz, C.D., Regazzi, A.J.; Carneiro, P.C.S. (2012) *Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético*. 4. ed. Viçosa: UFV, 514p.
- Cruz, C.D., and Regazzi, A. (1997) *Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético*. Viçosa: UFV.
- Debouck, D., Hidalgo, R. (1985) Morfologia de la planta de frijol comum. In: López, M., Fernandez, F., Schoonhoven, A. van (ed.). *Frijol: investigación y producción*. Cali: CIAT, p. 61-78.
- Duarte, J.B.; Vencovsky, R. (1999) *Interação genótipos x ambientes: uma introdução à análise AMMI*. Ribeirão Preto: Sociedade Brasileira de Genética, 60p.
- Dunteman, G.H. (1989) *Principal components analysis*. ed. Sage, p.96.
- FAOSTAT – Food and Agriculture Organization (2020) Faostat. Disponível em: [http://www.fao.org/faostat/en/#rankings/countries\\_by\\_commodity](http://www.fao.org/faostat/en/#rankings/countries_by_commodity). Acesso em: 10/12/2021.
- Li, Y., Sountama, M., Burdon, R.D., Dungey, H.S. (2017) Genotype by environment interactions in forest tree breeding: Review of methodology and perspectives on research and application. *Tree Genetics & Genomes*, 13:60.
- Freitas, I.L.J., Amaral Junior, A.T., Viana, A.P., Pena, G.F., Cabral, P.S., Vittorazzi, C., Silva, T.R.C. (2013) Ganho genético avaliado com índices de seleção e com REML/Blup em milho-pipoca. *Pesquisa agropecuária brasileira*, 48:1464-1471.
- Gepts, P., Debouck, D. (1991) Origin, domestication, and evolution of the common bean (*Phaseolus vulgaris* L.). *Common beans: research for crop improvement*, 7-53.
- IBGE – Instituto Brasileiro de Geografia e Estatística (2022) PIB do Brasil em 2021. Disponível em: <https://www.ibge.gov.br/explica/pib.php>. Acesso em: 15/03/22.

- IBGE – Instituto Brasileiro de Estatística e Geografia (2020) Sistema IBGE de Recuperação automática (SIDRA). Disponível em: <https://sidra.ibge.gov.br/tabela/1612>. Acesso em: 15/03/22.
- Johnson, R.A., Wichern, D.W. (1998) *Applied multivariate statistical analysis*. ed. Prentice-Hall, p.816.
- Kluthcouski, J., Stone, L.F., Aidar, H. (2009) *Fundamentos para uma agricultura sustentável, com ênfase na cultura do feijoeiro*. 1. ed. Santo Antônio de Goiás: Embrapa Arroz e Feijão, 452p.
- Ludke, W.H., Andrade, A.C.B., Volpato, L., Almeida, D.P., Oliveira, I.C.M., Paiva, J.T., Silva, M.J., Del Conte, M.V., Silva, T.C., Almeida, V.C., Pinto, V.B. (2017) *Desafios Biométricos no Melhoramento Genético*. 1. ed. Viçosa: GenMelhor, 166p.
- Leite, W.D.S., Pavan, B.E., Alcantara Neto, F., Matos Filho, C.H.A., Feitosa, F.S., Oliveira, C.B. (2016) Multivariate exploratory approach and influence of six agronomic traits on soybean genotypes selection. *Nativa*, 4:206-210.
- Marques Júnior, O.G., Ramalho, M.A.P. (1995) Determinação da taxa de fecundação cruzada de feijoeiro (*Phaseolus vulgaris* L.) nas diferentes épocas de semeadura em Lavras-MG. *Ciência e Prática*, 19:339-341.
- Mendes, M.H.S., Ramalho, M.A.P. (2018) Repeatability of some phenotypic stability parameters-a resampling approach. *Crop Breeding and Applied Biotechnology*, 18:139-147.
- Moroco, J. (2003) Análise de Componentes Principais. *In: Análise Estatística com Utilização do SPSS*. Ed. Sílabo, p.230-257.
- Muniz, C.A.S.D., Queiroz, S.A., Mascioli, A.D.S., Zadra, L.E.F. (2014) Análise de componentes principais para características de crescimento em bovinos de corte. *Semina*, 35:1569-1576.
- Nassar, R.M.A., Ahmed, Y.M., Boghdady, M. (2010) Botanical studies on *Phaseolus vulgaris* L. I-Morphology of Vegetative and Reproductive Growth. *International Journal of Botany*, 6:323-333.
- Patterson, H.D., Thompson, R. (1971) Recovery of inter-block information when block size are unequal. *Biometrika*, 58:545-554.
- Pereira, L.A., Abreu, A.F.B., Ramalho, M.A.P. (2018) Variability among and within common bean progenies from segregating populations. *Annual report of the bean improvement cooperative*, 60:189-190.

- Pereira, H.S., Alvares, R.C., Silva, F.C., Faria, L.C., Melo, L.C. (2017) Genetic, environmental and genotype x environment interaction effects on the common bean grain yield and commercial quality. *Semina: Ciências Agrárias*, 38:1241-1250.
- Pereira, H.S., Melo, L.C., Faria, L.C., Diaz, J.L.C., Del Peloso, M.J., Costa, J.G.C., Wendland, A. (2009) Stability and adaptability of carioca common bean genotypes in states of the central South Region of Brazil. *Crop Breeding and Applied Biotechnology*, 9:181-188.
- Prieto-Moreno, A., Llanes-Santiago, O., García-Moreno, E. (2015) Principal components selection for dimensionality reduction using discriminant information applied to fault diagnosis. *Journal of Process Control*, 33:14-24.
- Ramalho, M.A.P., Santos, J.B., Pinto, C.A.B.P., Souza, E.A., Gonçalves, F.M.A., Souza, J.C. (2012) *Genética na Agropecuária*. 5. ed. Lavras: UFLA, 566p.
- Rendón-Anaya, M., Montero-Vargas, J.M., Saburido-Álvarez, S., Vlasova, A., Capella-Gutierrez, S., Ordaz-Ortiz, J.J., Aguilar, O.M., Vianello-Brondani, R.P., Santalla, M., Delaunay, L. (2017) Genomic history of the origin and domestication of common bean unveils its closest sister species. *Genome biology*, 18:1-17.
- Resende, M.D.V.D. (2016) Software Selegen-REML/BLUP: a useful tool for plant breeding. *Crop Breeding and Applied Biotechnology*, 16:330-339.
- Resende, M.D.V. (2007) *Selegen-Reml/Blup: Sistema Estatístico e Seleção Genética Computadorizada via Modelos Lineares Mistos*. Colombo: Embrapa Florestas, 360p.
- Rosado, A.M., Rosado, T.B., Alves, A.A., Laviola, B.G., Bhering, L.L. (2012) Seleção simultânea de clones de eucalipto de acordo com produtividade, estabilidade e adaptabilidade. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, 47:964-971.
- Santos, P.R., Costa, K.D.S., Nascimento, M.R., Lima, T.V., Souza, Y.P., Costa, A.F., Silva, J.W. (2018) Simultaneous selection for yield, stability, and adaptability of carioca and black beans. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, 53:736-745.
- Santos, J.B., Gavilanes, M.L., Vieira, R.F., Pinheiro, L.R. (2015) Botânica. In: Carneiro, J.E.S.; Paula Júnior, T.J.; Borém, A. (Ed.). *Feijão: do plantio à colheita*. Viçosa: UFV, p. 37-66.
- Schmutz, J., McClean, P. E., Mamidi, S., Wu, G. A., Cannon, S. B., Grimwood, J., Jackson, S. A. (2014) A reference genome for common bean and genome-wide analysis of dual domestications. *Nature genetics*, 46:707-713.

- Silva, M.B.D.O., Carvalho, A.J.D., Batista, P.S.C., Júnior, S., Velasquez, P., Oliveira, S.M.D. (2018) Desempenho agronômico de genótipos de feijão-caupi. *Revista de Ciências Agrárias*, 41:201-210.
- Sousa, A.M.C.B., Silva, V.B., Lopes, A.C.A., Ferreira-Gomes, R.L. Carvalho, L.C.B. (2020) Prediction of grain yield, adaptability, and stability in landrace varieties of lima bean (*Phaseolus lunatus* L.). *Crop Breeding and Applied Biotechnology*, 20:1-7.
- Souza, 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. (2019) Simultaneous selection for yield, adaptability, and genotypic stability in immature cowpea using REML/BLUP. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, 54:1-9.
- Souza, Y.P., Santos, P.R., Nascimento, M.R., Costa, K.D.S., Lima, T.V., Oliveira, T.R.A., Costa, A.F., Pereira, H.S., Silva, J.W. (2018) Assessing the genotypic performance of carioca beans through mixed models. *Ciência Rural*, 48:1-7.
- Torres Filho, J., Oliveira, C.N.G.S., Silveira, L.M., Nunes, G.H.S., Silva, A.J.R., Silva, M.F.N. (2017) Genotype by environment interaction in green cowpea analyzed via mixed models. *Revista Caatinga*, 30:687-697.
- Torres, F.E., Teodoro, P.E., Sagrilo, E., Ceccon, G., Correa, A.M. (2015) Interação genótipo x ambiente em genótipos de feijão-caupi semiprostrado via modelos mistos. *Bragantia*, 74:255-260.
- Van Eeuwijk, F.A., Bustos-Korts, D.V., Malosetti, M. (2016) What should students in plant breeding know about the statistical aspects of genotype x environment interactions? *Crop Science*, 56:2119-2140.
- Viana, A.P., Resende, M.D.V. (2014) *Genética quantitativa no melhoramento de fruteiras*. Rio de Janeiro: Interciência, 282p.
- Vieira, C. (1988) Phaseolus: Genetic Resources and breeding in Brazil. In: Gepts, P. (ed) *Resources of Phaseolus Beans*. p. 467-483.
- Yan, W (2015) Mega-environment analysis and test location evaluation based on unbalanced multiyear data. *Crop Science*, 55:113-122.
- Yan, W. (2014) *Crop variety trials: Data management and analysis*. Wiley, Blackwell.
- Yan, W. (2011) GGE biplot vs. AMMI graphs for genotype-by-environment data analysis. *Journal of the Indian Society of Agricultural Statistics*, 65:181–193.
- Yan, W., and Holland, J.B. (2010) A heritability-adjusted GGE biplot for test environment evaluation. *Euphytica*, 171:355–369.

- Yang, H., Harrington, C.A., Vartanian, K., Coldren, C.D., Hall, R., Churchill, G.A. (2008) Randomization in laboratory procedure is key to obtaining reproducible microarray results. *Plos One*, 3:1-11
- Yan, W., and Tinker, N.A. (2006) Biplot analysis of multi-environment trial data: Principles and applications. *Canadian Journal of Plant Science*, 86:623–645.
- Yan, W., and Kang, M.S. (2003) GGE biplot analysis: a graphical tool for breeders, geneticists, and agronomists. CRC press.
- Yan, W. (2001) GGE biplot a windows application for graphical analysis of multienvironment trial data and other types of two-way data. *Agronomy Journal*, 93:1111–1118.
- Yan, W., Hunt, L.A., Sheng, Q., Szlavnic, Z. (2000) Cultivar evaluation and mega-environment investigation based on the GGE Biplot. *Crop Science*, 40:597- 605.
- Yin, H., Huang, W. (2010) Adaptive nonlinear manifolds and their applications to pattern recognition. *Information Sciences*, 18:2649-2662.