

ADAPTABILIDADE, ESTABILIDADE FENOTÍPICA E
DESENVOLVIMENTO DE LINHAGENS DE FEIJÃO-CAUPI
SOB INOCULAÇÃO DE *Bradyrhizobium pachyrhizi*

DERIVALDO PUREZA DA CRUZ

UNIVERSIDADE ESTADUAL DO NORTE FLUMINENSE
DARCY RIBEIRO – UENF

CAMPOS DOS GOYTACAZES - RJ
MARÇO – 2021

ADAPTABILIDADE, ESTABILIDADE FENOTÍPICA E
DESENVOLVIMENTO DE LINHAGENS DE FEIJÃO-CAUPI
SOB INOCULAÇÃO DE *Bradyrhizobium pachyrhizi*

DERIVALDO PUREZA DA CRUZ

“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 Genética e Melhoramento de
Plantas.”

Orientador: Prof. Geraldo de Amaral Gravina

CAMPOS DOS GOYTACAZES - RJ
MARÇO – 2021

FICHA CATALOGRÁFICA

UENF - Bibliotecas

Elaborada com os dados fornecidos pelo autor.

C957

Cruz, Derivaldo Pureza da.

Adaptabilidade, estabilidade fenotípica e desenvolvimento de linhagens de feijão-caupi sob inoculação de *Bradyrhizobium pachyrhizi* / Derivaldo Pureza da Cruz. - Campos dos Goytacazes, RJ, 2021.

94 f.

Bibliografia: 58 - 77.

Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) - Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro, Centro de Ciências e Tecnologias Agropecuárias, 2021.
Orientador: Geraldo de Amaral Gravina.

1. *Vigna unguiculata*. 2. interação genótipo x ambiente. 3. GGE Biplot. 4. fixação biológica de nitrogênio. 5. produtividade. I. Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro.
II. Título.

CDD - 631.5233

ADAPTABILIDADE, ESTABILIDADE FENOTÍPICA E
DESENVOLVIMENTO DE LINHAGENS DE FEIJÃO-CAUPI
SOB INOCULAÇÃO DE *Bradyrhizobium pachyrhizi*

DERIVALDO PUREZA DA CRUZ

“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 Genética e Melhoramento de
Plantas.”

Aprovada em 30 de março de 2021.

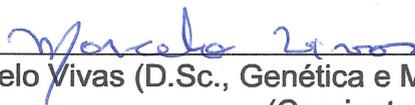
Comissão Examinadora:



Prof. Antônio Teixeira do Amaral Júnior (D.Sc., Genética e Melhoramento) - UENF



Dr. Roberto dos Santos Trindade (D.Sc., Genética e Melhoramento de Plantas)
Embrapa/Milho e Sorgo



Prof. Marcelo Vivas (D.Sc., Genética e Melhoramento de Plantas) - UENF
(Coorientador)



Prof. Geraldo de Amara Gravina (D. Sc., Fitotecnia) - UENF
(Orientador)

“Não deixe o barulho da opinião dos outros abafar sua voz interior.
E mais importante, tenha a coragem de seguir seu coração e sua intuição.
Eles de alguma forma já sabem o que você realmente quer se tornar.

Tudo o mais é secundário.”

Steve Jobs

DEDICATÓRIA

A Deus;

Aos meus pais, Josefina da Pureza e Raimundo Paulo da Cruz;

Aos meus irmãos, Dionê, Derinaldo, Dionete (*in memoriam*), Ducilene, Dalina,

José Roque e Maria José;

Aos meus sobrinhos, Carlos Daniel, Juliana, Maria Heloísa, Júlia, Miguel e

Matheus

À minha cunhada Andrea Olimpia e meus cunhados José Carlos, Gilmarcos e

Luciano.

AGRADECIMENTOS

Ao meu Deus por estar sempre presente, guiando-me e elevando meus patamares;

Aos meus pais, Josefina Pureza e Raimundo Paulo da Cruz, minhas maiores referências, pelo apoio moral, carinho e dedicação desde o princípio da minha caminhada, sempre mostrando o caminho para minha ascensão profissional;

À minha namorada, Maria Rita das Neves Brabosa, pela parceria, carinho e muita dedicação durante minha caminhada na Pós-Graduação;

À Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro, por tornar possível a concretização de mais um sonho, na realização de mais um passo importantíssimo na minha carreira profissional;

Ao Programa de Pós-graduação em Genética e Melhoramento de Plantas da UENF, pela oportunidade de adquirir e compartilhar conhecimentos;

À Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES) e à Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado do Rio de Janeiro (FAPERJ), pela concessão da bolsa;

Ao Instituto Federal Fluminense – Campi IFF de Bom Jesus do Itabapoana e Cambuci, pela parceria e disponibilização da área experimental;

Ao meu orientador, Geraldo de Amaral Gravina pelo suporte, ensinamentos, amizade, confiança e paciência;

Ao meu co-orientador, professor Marcelo Vivas, pelo auxílio nas análises da pesquisa, pela parceria, incentivo e disponibilidade;

Aos meus conselheiros Prof. Antônio Teixeira do Amaral Junior e Dr. Roberto dos Santos Trindade pelas excelentes contribuições;

A professora Claudia Prins pela colaboração com a infraestrutura onde foram realizados os experimentos;

Ao Dr. Jerri Zilli, pesquisador da Embrapa Agrobiologia, pela confiança e por ter fornecido o inoculante utilizado nesta pesquisa;

Ao Daniel, secretário do Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento de Plantas, pela imensurável paciência e suporte, sempre que precisei;

Pessoas inesquecíveis, Arley Leão, Luciana Almeida, Daniel Leão, Marlucy, Lauricéa (*in memoriam*), Mércia (*in memoriam*), Márcia Marize, Mônica, Mara, Marcelo, Marcone e Marcos.

Aos colegas do grupo de pesquisa em feijões especiais Andréa, Tâmara, Kleberson, Camila, Israel, Mário, Richardson, Lanusse, Dalcirlei, Diondevon, Josimar, Kássia, Geovana, pela parceria e amizade;

Aos colegas de república Yure e Fábio, pela parceria durante toda a caminhada;

Aos demais amigos que fiz durante o curso, Gabriel, Geórgia, Quicila, Rafael, Luana, Luana Moraes, Mariana, Ismael, Leonardo, André, Helenilson, Júlio, Marcelo, Kelly, Marlene, Débora, Ramon, Maria do Socorro, Janeo, Verônica, Lília.

A todos que contribuíram, direta ou indiretamente na conclusão desta pesquisa e com o meu sucesso.

O presente trabalho foi realizado com apoio da Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior – Brasil (CAPES) – Código de Financiamento 001.

Muito obrigado!

SUMÁRIO

RESUMO	xii
ABSTRACT	xiv
1. INTRODUÇÃO	1
2. OBJETIVOS	4
2.1. Objetivo Geral:.....	4
2.2. Objetivos Específicos:.....	4
3. CAPÍTULOS	5
3.1. ANÁLISE DA ADAPTABILIDADE E ESTABILIDADE FENOTÍPICA DE LINHAGENS DE FEIJÃO-CAUPI POR MEIO DA ABORDAGEM GGE BILOT..	5
3.1.1. INTRODUÇÃO	5
3.1.2. REVISÃO BIBLIOGRÁFICA	7
3.1.2.1. Origem, classificação botânica e importância econômica do feijão-....	7
3.1.2.2. Melhoramento genético do feijão-caupi.....	10
3.1.2.3. Interação genótipo x ambiente (G x A)	11
3.1.2.4. Adaptabilidade e Estabilidade fenotípica	13
3.1.2.5. Análise multivariada	15
3.1.3. MATERIAL E MÉTODOS.....	16
3.1.3.1. Material genético utilizado	16
3.1.3.2. Condução do experimento e característica avaliada	17
3.1.3.3. Análises genético-estatísticas	19
3.1.3.4. Decomposição da interação em parte complexa.....	19

3.1.4. RESULTADOS E DISCUSSÃO.....	20
3.1.4.1. Estimativas das interações complexas.....	21
3.1.4.2. Análises de componentes principais	22
3.1.5. CONCLUSÕES	30
3.2. DESENVOLVIMENTO DE LINHAGENS DE FEIJÃO-CAUPI (<i>Vigna unguiculata</i>) SOB INOCULAÇÃO DE <i>Bradyrhizobium pachyrhizi</i>.....	32
3.2.1. INTRODUÇÃO	32
3.2.2. REVISÃO DE LITERATURA	33
3.2.2.1. Nitrogênio na cultura do feijão-caupi	33
3.2.2.2. Fixação do nitrogênio	34
3.2.2.3. <i>Bradyrhizobium pachyrhizi</i> (BR 3262)	36
3.2.3. MATERIAL E MÉTODOS.....	37
3.2.3.1. Material genético utilizado e condução dos experimentos	37
3.2.3.2. Produção da bactéria <i>Bradyrhizobium pachyrhizi</i> e inoculação das sementes de feijão-caupi.....	39
3.2.3.3. Características avaliadas	39
3.2.3.4. Análises genético-estatística	40
3.2.3.5. Parâmetros genéticos.....	41
3.2.4. RESULTADOS E DISCUSSÃO.....	41
3.2.5. CONCLUSÕES	57
REFERÊNCIAS BIBLIOGRAFICAS.....	58

LISTA DE FIGURAS

- Figura 1-** Temperatura e precipitação nos municípios de Cambuci e Bom Jesus do Itabapoana, RJ, de maio a agosto de 2016, 2017 e 2018..... 18
- Figura 2-** GGE *Biplot* “which-won-where” da estabilidade fenotípica, obtido a partir dos dois primeiros componentes principais para produtividade média de grãos ($\text{kg}\cdot\text{ha}^{-1}$) de 27 linhagens de feijão-caupi na região Noroeste Fluminense.....23
- Figura 3-** GGE *Biplot* das Médias vs estabilidade genotípica entre ambientes de 27 linhagens de feijão-caupi para produtividade de grãos ($\text{kg}\cdot\text{ha}^{-1}$) na região Noroeste Fluminense.....25
- Figura 4-** GGE *Biplot* da discriminação e representatividade entre ambientes de 27 linhagens de feijão-caupi para produtividade de grãos ($\text{kg}\cdot\text{ha}^{-1}$) na região Noroeste Fluminense.....26
- Figura 5-** GGE *Biplot* representando o genótipo ideal na avaliação dos ambientes para produtividade de grãos de 27 linhagens de feijão-caupi para produtividade de grãos ($\text{kg}\cdot\text{ha}^{-1}$) na região Noroeste Fluminense.....27
- Figura 6-** GGE *Biplot* da correlação entre ambientes para produtividade de grãos ($\text{kg}\cdot\text{ha}$) de 27 linhagens de feijão-caupi na região Noroeste Fluminense.....28
- Figura 7-** Temperatura, precipitação e umidade relativa do ar das nas épocas de condução dos experimentos, 30/08 a 30/10/20 (A e B) e 30/11/20 a 30/01/21 (C e D), respectivamente, Campos dos Goytacazes-RJ.....38

Figura 8- GGE <i>Biplot</i> “ <i>which-won-where</i> ” de linhagens de feijão-caupi sob efeito de inoculação da bactéria <i>Bradyrhizobium pachyrhizi</i> e aplicação de nitrogênio.....	48
Figura 9- GGE <i>Biplot</i> “ <i>which-won-where</i> ” de linhagens de feijão-caupi sob efeito de inoculação da bactéria <i>Bradyrhizobium pachyrhizi</i> e sem aplicação de nitrogênio.....	49
Figura 10- GGE <i>Biplot</i> “ <i>médias x estabilidade</i> ” e ranque de rendimento das linhagens de feijão-caupi sob efeito de inoculação da bactéria <i>Bradyrhizobium pachyrhizi</i> e aplicação de nitrogênio.....	51
Figura 11- GGE <i>Biplot</i> “ <i>médias x estabilidade</i> ” e ranque de rendimento das linhagens de feijão-caupi sob efeito de inoculação da bactéria <i>Bradyrhizobium pachyrhizi</i> sem aplicação de nitrogênio.....	52
Figura 12- GGE <i>Biplot</i> comparativo entre as linhagens de feijão-caupi representando o genótipo ideal, sob inoculação da bactéria <i>Bradyrhizobium pachyrhizi</i> e aplicação de nitrogênio.....	53
Figura 13- GGE <i>Biplot</i> comparativo entre as linhagens de feijão-caupi representando o genótipo ideal, sob inoculação da bactéria <i>Bradyrhizobium pachyrhizi</i> sem aplicação de nitrogênio.....	54
Figura 14- GGE <i>Biplot</i> “ <i>Discriminante vs Representante</i> ” das características avaliadas de linhagens de feijão-caupi sob inoculação da bactéria <i>Bradyrhizobium pachyrhizi</i> e aplicação de nitrogênio.....	55
Figura 15- GGE <i>Biplot</i> “ <i>Discriminante vs Representante</i> ” das características avaliadas de linhagens de feijão-caupi sob inoculação da bactéria <i>Bradyrhizobium pachyrhizi</i> sem aplicação de nitrogênio.....	56

LISTA DE TABELAS

Tabela 1- Identificação das 27 linhagens de feijão-caupi avaliadas nos municípios de Cambuci e Bom Jesus do Itabapoana-RJ, 2016, 2017 e 2018.....	17
Tabela 2- Características edafoclimáticas de cada ambiente sob avaliação das 27 linhagens de feijão-caupi na região Noroeste Fluminense.....	18
Tabela 3- Resumo da análise de variância conjunta para produtividade de grãos (kg ha ⁻¹) de 27 linhagens de feijão-caupi avaliadas em seis ambientes, na região Noroeste Fluminense.....	21
Tabela 4- Estimativas das interações complexas (%C), em seis ambientes, para produtividade de grãos (PG), em 27 linhagens de feijão-caupi nos municípios de Cambuci e Bom Jesus do Itabapoana-RJ, nos anos 2016, 2017 e 2018.....	22
Tabela 5. Médias de produtividade de 27 linhagens de feijão-caupi avaliadas em seis ambientes dos municípios de Cambuci e Bom Jesus do Itabapoana-RJ, nos anos de 2016, 2017 e 2018.....	30
Tabela 6- Relação dos genótipos de feijão-caupi utilizados, pertencentes a dois grupos comerciais, oriundos da Embrapa Meio-Norte.....	37
Tabela 7- Estimativas de quadrados médios das características massa seca da parte aérea (MSPA), massa seca de raiz (MSRZ), comprimento de raiz (COMPRZ), número de nódulos (NNOD), peso de nódulos (PNOD), comprimento de vagem (COMPV), número de vagem por planta (VNP), número de grãos por planta (NGP)	

e peso de grãos por planta (PGP), de linhagens de feijão-caupi sob inoculação de bactéria e aplicação de nitrogênio.....43

Tabela 8- Estimativas de quadrados médios das características massa seca da parte aérea (MSPA), massa seca de raiz (MSRZ), comprimento de raiz (COMPRZ), número de nódulos (NNOD), peso de nódulos (PNOD), comprimento de vagem (COMPV), número de vagem por planta (VNP), número de grãos por planta (NGP) e peso de grãos por planta (PGP), de linhagens de feijão-caupi sob inoculação de bactéria e ausência de nitrogênio.....44

Tabela 9- Estimativas de parâmetros genéticos e ambientais de 8 linhagens de feijão-caupi sob inoculação da bactéria *Bradyrhizobium pachyrhizi* para as características massa seca da parte aérea (MSPA), massa seca de raiz (MSRZ), comprimento de raiz (COMPRZ), número de nódulos (NNOD), peso de nódulos (PNOD), comprimento de vagem (COMPV), número de vagem por planta (VNP), número de grãos por planta (NGP) e peso de grãos por planta (PGP), campos dos Goytacazes-RJ.....46

RESUMO

CRUZ, Derivaldo Pureza; D.Sc.: Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro; março, 2021; Adaptabilidade, estabilidade fenotípica e desenvolvimento de linhagens de feijão-caupi sob inoculação da bactéria *Bradyrhizobium pachyrhizi*. Orientador: Geraldo de Amaral Gravina; Conselheiros: Antônio Teixeira do Amaral Junior e Roberto dos Santos Trindade.

O feijão-caupi é cultivado em condições ambientais distintas em diversas regiões do Brasil. Em razão da existência da interação entre genótipos e ambientes, torna-se indispensável a seleção e desenvolvimento de cultivares que atendam as demandas regionais com alta produtividade, adaptabilidade e estabilidade. Este trabalho teve como objetivo selecionar linhagens de feijão-caupi simultaneamente para alta produtividade, adaptabilidade e estabilidade genotípica na região Noroeste Fluminense por meio da metodologia GGE *Biplot*. Foram avaliados 27 genótipos, sendo 23 linhagens e quatro cultivares, em 6 ambientes (sendo dois locais e três anos), na Região Noroeste Fluminense, em 2016, 2017 e 2018. Utilizou-se o delineamento de blocos completos casualizados, com quatro repetições. A adaptabilidade e estabilidade genotípica foram avaliadas via metodologia GGE *Biplot* com o auxílio do software estatístico R. Através da ANOVA conjunta via GENSE, foi obtido as interações G x A, todas do tipo complexa e a média geral para produtividade de grãos de 1231.98 kg ha⁻¹. A metodologia GGE *Biplot* foi eficiente na identificação de linhagens superiores para fins de recomendação na região Noroeste Fluminense. A linhagens (9), (3) e (6) foram classificadas como genótipos ideótipos devido ao desempenho superior à média

geral e alta estabilidade, suplantando inclusive as cultivares testemunhas BRS Tumucumaque, BRS Imponente, BRS-Itaim e CB-27. Na avaliação da inoculação de *Bradyrhizobium pachyrhizi*, oito linhagens de feijão-caupi foram avaliadas em experimentos instalados em casa de vegetação na Empresa de Pesquisa Agropecuária do Estado do Rio de Janeiro – (PESAGRO). Foram realizados dois experimentos, o primeiro de agosto a outubro de 2020 e o segundo de novembro de 2020 a janeiro de 2021. Em cada experimento continha dois ambientes contrastantes quanto a disponibilidade de N, presença e ausência, sendo que em cada ambiente de N foi utilizado esquema fatorial duplo 8x2 (genótipo vs bactéria), em que B1= semente inoculada com *Bradyrhizobium pachyrhizi* e B2= semente sem inoculação. O delineamento utilizado foi de blocos ao acaso com quatro repetições. Foi utilizado espaçamento de 0.50 metros entre linhas e 0.30 metros entre plantas. A unidade experimental foi constituída de um vaso com capacidade de 5 litros a base do substrato comercial Basaplant, contendo uma planta por vaso, após a realização do desbaste aos 10 dias após a emergência, e para os tratamentos com N, fornecimento de 5g a base de ureia. As características avaliadas foram massa seca da parte aérea (MSPA), massa seca de raiz (MSRZ), comprimento de raiz (COMPRZ), número de nódulos (NNOD), peso de nódulos (PNOD), comprimento de vagem (COMPV), número de vagem por planta (NVP), número de grãos por planta (NGP) e peso de grãos por planta (PGP). A metodologia utilizada foi eficiente na detecção das interações linhagens vs variáveis agrônômicas, permitindo a seleção de linhagens altamente produtivas e de estabilidade elevada. Em condições de fornecimento de nitrogênio e inoculação, a linhagem (7) foi considerada o ideótipo, seguida das linhagens (3), (1) e (4), respectivamente. Por outro lado, na ausência de nitrogênio, não foi encontrado ideótipo, uma vez que a linhagem (1) embora possua produtividade elevada, sua estabilidade é considerada de baixa magnitude.

Palavras-chave: *Vigna unguiculata*; interação genótipo x ambiente; GGE *Biplot*; fixação biológica de nitrogênio; produtividade.

ABSTRACT

CRUZ, Derivaldo Pureza; D.Sc.: Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro; march, 2021; Adaptability, phenotypic stability and development of cowpea lines under bacterial inoculation *Bradyrhizobium pachyrhizi*. Orientador: Geraldo de Amaral Gravina; Conselheiros: Antônio Teixeira do Amaral Junior e Roberto dos Santos Trindade.

Cowpea is grown under different environmental conditions in different regions of Brazil. Due to the existence of interaction between genotypes and environments, it is essential to select and develop cultivars that meet regional demands with high productivity, adaptability and stability. This work aimed to select cowpea strains simultaneously for high productivity, adaptability and genotypic stability in the Northwest region of Rio de Janeiro through the GGE *Biplot* methodology. Twenty-seven genotypes were adopted, of which 23 lines and four cultivars, in 6 environments (two locations and three years), in the Northwest Fluminense Region, in 2016, 2017 and 2018. A randomized complete block design was used, with four replications. Genotypic adaptability and stability were assessed using the GGE *Biplot* methodology with the aid of the R. statistical software through the joint ANOVA via GENES, it was constructed as G x A interactions, all of the complex type and the general average for grain yield of 1231.98 kg ha⁻¹. The GGE *Biplot* methodology was efficient in identifying superior strains for the purpose of recommendation in the Northwest region of Rio de Janeiro. Strains (9), (3) and (6) were classified as ideotype genotypes due to their performance above the general average and high stability, even surpassing BRS Tumucumaque, BRS Imponente,

BRS-Itaim and CB-27 as control cultivars. In evaluating the inoculation of *Bradyrhizobium pachyrhizi*, eight strains of cowpea were evaluated in experiments installed in a greenhouse at the Empresa de Pesquisa Agropecuária do Estado do Rio de Janeiro – (PESAGRO). Two experiments were carried out, the first from August to October 2020 and the second from November 2020 to January 2021. In each experiment there were two contrasting environments, the availability of N, presence and absence, and in each N environment it was used the double factorial scheme 8x2 (genotype vs bacteria), in which B1 = seed inoculated with *Bradyrhizobium pachyrhizi* and B2 = seed without inoculation. The design used was a randomized block with four replications. Spacing of 0.50 meters between lines and 0.30 meters between plants was used. The experimental unit was found in a pot with a capacity of 5 liters based on the commercial substrate Basaplant, containing one plant per pot, after thinning 10 days after emergence, and for treatments with N, supply of 5g of base of urea. The evaluated characteristics were shoot dry mass (SDM), root dry mass (RDM), root length (RL), number of nodules (NN), weight of nodules (WN), pod length (PL), number of pod per plant (NPP), number of grains per plant (NGP) and weight of grains per plant (WGP). The methodology used was efficient in detecting the interactions of strains vs agronomic variables, allowing the selection of highly productive and highly stable strains. Under conditions of mandatory nitrogen and inoculation, a strain (7) was considered the ideotype, followed by strains (3), (1) and (4), respectively. On the other hand, in the absence of nitrogen, the ideotype was not found, since the lineage (1) although it has high productivity, its stability is considered to be of low magnitude.

Key words: *Vigna unguiculata*; genotype x environment interaction; GGE *Biplot*; biological nitrogen fixation; productivity.

1. INTRODUÇÃO

O feijão-caupi (*Vigna unguiculata* L. Walp.) é uma espécie que representa expressivo valor socioeconômico, devido sua ampla variabilidade genética e capacidade adaptativa, alto potencial produtivo e excelentes propriedades nutricionais (Freire Filho et al., 2011). Além disso, constitui uma excelente fonte de proteínas, vitaminas e minerais nas regiões tropicais e subtropicais em todo mundo, onde ele é cultivado em larga escala como um componente de diferentes sistemas de produção (Singh et al., 2002).

A produtividade nacional de grãos do feijão-caupi ainda é considerada baixa, 448 kg/ha (CONAB, 2018). Dentre os vários fatores, estão o baixo nível tecnológico, já que aproximadamente 80% da produção vem do pequeno agricultor, e a adoção de cultivares tradicionais nas regiões Norte e Nordeste do Brasil, que geralmente são suscetíveis aos estresses bióticos (pragas e doenças) que ocorrem nessas regiões, influenciando negativamente na quantidade e qualidade da produção (Rocha et al., 2007).

Apesar da importância econômica e estratégica da cultura no cenário do agronegócio brasileiro, a região Norte do estado do Rio de Janeiro, objeto dessa pesquisa, não dispõe de dados bibliográficos a respeito da produção do feijão-caupi (Guedes, 2008). Por outro lado, para o lançamento de cultivares superiores de feijão-caupi é indispensável o conhecimento da adaptabilidade e estabilidade dos genótipos em estudo, no sentido de dirimir os efeitos da interação genótipos x ambientes e facilitar a recomendação para determinada região (Rocha et al., 2007).

Em uma outra perspectiva, a atividade simbiótica decorrente da interação de rizóbios com leguminosas na fixação biológica do nitrogênio exerce importante impacto no aumento da produtividade de grãos do feijão-caupi, na sustentabilidade dos agroecossistemas e na economia de recursos, uma vez que a inoculação de *Bradyrhizobium* em substituição aos fertilizantes minerais nitrogenados gera uma economia significativa na redução dos custos de produção (Hungria & Mendes, 2015).

O feijão-caupi apresenta capacidade de nodulação e fixação de nitrogênio, englobando diversas espécies de rizóbios em várias partes do mundo, incluindo espécies do gênero *Bradyrhizobium* (Delamuta et al., 2015). O Ministério da Agricultura, pecuária e Abastecimento mantém uma lista atualizada de rizóbios recomendados para mais de 50 culturas, incluindo grãos, forrageiras e outras (MAPA, 2011). Segundo Hungria & Mendes (2015), a estirpe de *Bradyrhizobium pachyrhizi* (BR 6232) é considerada específica para inoculação em feijão-caupi. Estudos realizados em ambientes controlados e em condições de campo, têm mostrado resultados significativos na produtividade por meio da fixação biológica (Alcântara et al., 2014).

Diversas metodologias de análise são empregadas na análise de genótipos avaliados em ambientes contrastantes para múltiplas características (Cruz et al., 2006). Dentre os principais métodos estão os que se baseiam em análise de variância, regressão linear, regressão não-linear, análises multivariadas e estatísticas não paramétricas. (Barros et al., 2008; Bastos et al., 2007). Para tal, deve-se considerar a existência de relações entre os métodos, notadamente no que se refere ao ordenamento dos genótipos em função da estabilidade e adaptabilidade que apresentem.

A análise GGE *biplot*, foi proposta por Yan et al. (2000), esse modelo considera o efeito principal de genótipo mais a interação genótipo e ambiente, tendo por base a representação de gráficos biplot por meio de uma matriz de dados. É indicado para identificar a formação de mega-ambientes, na seleção de ambientes representativos e discriminantes e ainda, para indicar cultivares adaptadas e estáveis em ambientes específicos (Gauch et al., 2008; Yan, 2011).

Nesse contexto, o presente trabalho teve como objetivo avaliar a adaptabilidade, estabilidade fenotípica e o desenvolvimento de linhagens de feijão-

caupi sob efeito de inoculação da bactéria *Bradyrhizobium pachyrhizi* (BR 3262) para produtividade de grãos nas regiões Norte e Noroeste Fluminense.

2. OBJETIVOS

2.1. Objetivo Geral:

Avaliar a adaptabilidade, estabilidade e o desempenho agrônômico de genótipos de feijão-caupi, sob inoculação (FBN) e na presença e ausência de aplicação de N mineral.

2.2. Objetivos Específicos:

Avaliar o potencial dos 27 genótipos em relação à produtividade de grãos, nos municípios de Bom Jesus do Itabapoana e Cambuci;

Avaliar os caracteres de interesse agrônômico em genótipos de feijão-caupi para a região Noroeste Fluminense, utilizando os atributos preconizados em ensaios de Valor de Cultivo e Uso (VCU);

Selecionar linhagens altamente responsivas a inoculação de *Bradyrhizobium pachyrhizi*, visando redução de custo e sustentabilidade de produção de feijão-caupi;

Gerar informações para recomendação de cultivares de feijão-caupi para os produtores da região.

3. CAPÍTULOS

3.1. ANÁLISE DA ADAPTABILIDADE E ESTABILIDADE FENOTÍPICA DE LINHAGENS DE FEIJÃO-CAUPI POR MEIO DA ABORDAGEM *GGE BILOT*

3.1.1. INTRODUÇÃO

O feijão-caupi [*Vigna unguiculata* (L.) Walp.] é cultivado no Brasil, principalmente nas regiões Centro-oeste, Norte e Nordeste, o que dificulta a recomendação de cultivares, devido a diferença de desempenho nestes diferentes ambientes. Possui alta variabilidade genética e adapta-se bem em diferentes condições climáticas, como solos de baixa fertilidade natural, temperaturas altas e baixa pluviosidade (Freire Filho et al., 2011). Embora seu cultivo seja mais expressivo nas regiões Norte e Nordeste do Brasil, em função da agricultura de subsistência e pelo seu alto valor nutricional, tem ganhado destaque na produção de grãos em larga escala em outras regiões (Freire Filho et al., 2011).

O feijão-caupi exerce papel fundamental na dieta dos brasileiros, frente à escassez de alimento em diversos países em desenvolvimento, incluindo o Brasil, notadamente, a região Nordeste (Carvalho et al., 2012). A espécie possui valor

nutricional significativo, pois apresenta elevadas concentrações de carboidratos, proteínas, fibra alimentar e minerais, como zinco e ferro (Oliveira et al., 2013).

Além disso, o feijão-caupi é cultivado em uma grande quantidade de ambientes, o que possibilita a ocorrência da interação genótipo x ambiente (G x A), quando se pretende selecionar genótipos superiores, visando sua recomendação, o que causa resposta inconsistente de um genótipo em relação a outro, devido à mudança de classificação genotípica entre genótipos nos diferentes ambientes (Araújo et al., 2012; Gauch, 2013).

A interação G x A é entendida como sendo a resposta diferencial dos genótipos em diferentes condições do ambiente. Tal resposta faz diminuir a correlação entre os valores fenotípicos e genotípicos, dificultando a seleção e recomendação de genótipos superiores (Yan & Holland, 2010). A interação G x A pode ser classificada como simples, quando a classificação dos genótipos permanece constante em vários ambientes e a interação significativa é devida a diferenças na magnitude da resposta; ou complexa, quando a classificação do genótipo é diferente de um ambiente para outro, exercendo maior importância no melhoramento de plantas (Mohammadi; Amri, 2013).

Em programas de melhoramento genético, quando detectada a interação G x A, faz-se necessário inferir sobre sua magnitude, através do estudo da adaptabilidade e estabilidade fenotípica (Carvalho et al., 2016). Assim, é de fundamental importância realizar a análise de adaptabilidade e estabilidade fenotípica, através da qual é possível identificar genótipos com desempenho previsível, responsivos as variantes ambientais, para condições amplas ou específicas de cultivo (Yates & Cochran, 1938; Cruz et al. 2014).

A adaptabilidade refere-se à resposta produtiva dos genótipos aos estímulos ambientais, enquanto estabilidade é a previsibilidade dessa resposta às variações ambientais (Cruz et al., 2012). Há diversas metodologias eficientes e atuais capazes de explicar com precisão os efeitos principais (genótipos e ambientes) e suas respectivas interações, a exemplo do método GGE *Biplot*.

A análise GGE *biplot*, proposta por Yan et al. (2000), considera o efeito principal de genótipo mais a interação genótipo e ambiente, tendo por base a representação gráfica destes efeitos com base em uma matriz de dados. É indicado para identificar a formação de mega-ambientes, na seleção de ambientes

representativos e discriminantes e ainda, para indicar cultivares adaptadas e estáveis em ambientes específicos (Gauch et al., 2008; Yan, 2011).

Apesar de haver estudos de adaptabilidade e estabilidade desenvolvidos na cultura do feijão-caupi em diversas regiões do Brasil, a literatura não dispõe de pesquisas dessa natureza para a região Noroeste Fluminense. Dessa forma, o objetivo deste trabalho foi selecionar linhagens de feijão-caupi quanto à adaptabilidade, estabilidade fenotípica e alta produtividade de grãos, para fins de recomendação de cultivares na região Noroeste Fluminense, pela metodologia GGE *Biplot*.

3.1.2. REVISÃO BIBLIOGRÁFICA

3.1.2.1. Origem, classificação botânica e importância econômica do feijão-caupi

O feijão-caupi [*Vigna unguiculata* (L.) Walp] é uma planta originária do continente africano, herbácea, pertencente à família Fabaceae, cultivada e consumida mundialmente, principalmente nas regiões tropicais áridas e semiáridas (Baidoo & Mochiah, 2014).

Países como Índia, Etiópia, Paquistão, Irã, Etiópia, e as regiões Oeste e Centro da África, Centro Sul da África e América do Sul foram apontados como locais de domesticação do feijão-caupi (Steele & Mehra, 1980). Entretanto, a África do Sul é considerada o provável centro de origem e domesticação da cultura, em razão da maior diversidade genética encontrada e pela presença de formas selvagens (Faris, 1965; Padulosi, 1987; 1993; Freire Filho, 1988).

Timko et al. (2007) afirmam que a partir da África, o feijão-caupi expandiu-se para a região da Índia durante o período Neolítico, sendo esta região, considerada o segundo centro de domesticação. A cultura foi introduzida no continente europeu por volta do século VIII a.C., de onde era negociada com diversos países do Mediterrâneo (Tosti & Negri, 2002).

De acordo com Fang et al., (2006), o feijão-caupi chegou aos Estados Unidos, no início do século XVIII, proveniente do sul do continente europeu e da Ásia. No Brasil, pressupõe-se que o feijão-caupi tenha sido introduzido no século

XVI, por colonos portugueses, através do estado da Bahia, de onde posteriormente foi levado para outras regiões do país (Freire Filho et al., 2005).

Diversos nomes populares são associados ao feijão-caupi de acordo com o país de cultivo, a exemplo: feijão-de-corda ou feijão macassar (Brasil), feijão fradinho (Portugal), frijol de castilla (Peru), frijol caupi (Colômbia), camba (Bolívia), Porotro (Paraguai), cowpea (Estados Unidos), Xpelon (México), Wake (Nigéria), nhemba (Moçambique), feijão macúndi (Angola), entre outros nomes (Freire Filho et al., 2011).

O feijão caupi é *Dicotyledonea*, pertencente à ordem *Fabales*, família *Fabaceae*, subfamília *Faboideae*, tribo *Phaseoleae*, subtribo *Phaseolinae*, gênero *Vigna*, espécie *Vigna unguiculata* (L.) Walp. e subespécie *unguiculata* (Verdcourt, 1970; Maréchal et al., 1978; Smartt, 1990; Padulosi & NG, 1997).

O gênero *Vigna*, possui diversas espécies, cujo número exato varia de acordo com os autores, de 184 (Phillips, 1951), 170 (Faris, 1965), entre 170 e 150 (Summerfield et al., 1985), 150 (Verdcourt, 1970), 154 (Steele, 1976), e cerca de 80 (dos quais aproximadamente de 50 espécies são nativas da África) (Maréchal et al., 1978).

A subespécie *unguiculata* é dividida em quatro subgrupos: *Unguiculata*, *Sesquipedalis*, *Biflora* e *Textilis* (Maréchal et al., 1978; NG & Marechal, 1985). No Brasil são cultivados os subgrupos *Unguiculata*, para produção de grão seco e feijão-verde, e *Sesquipedalis*, comumente chamado de feijão-de-metro, para produção de vagem (Freire Filho et al., 2011).

Análises citogenéticas apontam que o feijão-caupi é uma espécie diplóide com $2n = 2x = 22$ cromossomos (Faris, 1964). É uma espécie autógama, que apresenta cleistogamia (a autopolinização ocorre antes da abertura da estrutura floral), reproduzindo-se preferencialmente por autofecundação, com baixa taxa de cruzamento natural, geralmente abaixo de 1% (Ehlers & Hall, 1997). Teófilo et al., (1999); Sousa et al., (2006) encontraram taxas de 0,8% e 1,06%, respectivamente.

O feijão-caupi adapta-se bem a ambientes com solos de baixa fertilidade natural, temperaturas altas e baixa pluviosidade entre as espécies vegetais cultivadas, figurando-se como importante fonte alimentar e componente fundamental dos sistemas de produção nas regiões secas dos trópicos, sendo cultivada na África, em parte da Ásia, Estados Unidos, Oriente Médio e nas Américas (Singh et al., 2002). Seu cultivo se dá com temperaturas entre 20 e 35°C,

e desenvolve-se bem numa ampla gama de texturas do solo, indo de areias a argilas pesadas, se bem drenados, sendo melhor o seu crescimento em solos ligeiramente ácidos e alcalinos sendo pouco tolerante à salinidade, com tolerância também a solos ricos em alumínio (Valenzuela & Smith, 2002).

Segundo Valenzuela & Smith (2002), o feijão-caupi assim como a maioria das fabáceas, não suporta condições de solos alagados ou inundados, e em caso de estabelecimento completo, mostra-se bastante tolerante a seca. Pode ser cultivado o ano inteiro, em sistema de sequeiro, em regiões que recebem 600 mm de precipitação anual ou menos, em altitudes de até 300 metros do nível do mar, sendo recomendado seu cultivo nos meses mais quentes do ano em altitudes mais elevadas.

O feijão-caupi é apontado como uma das mais antigas fontes de alimento no mundo e, a provável origem do nome caupi, uma latinização dos nomes “cow” e “pea”, deve-se ao fato de que tenha sido utilizado como importante fonte de feno para vacas em muitas partes do planeta (Timko et al., 2007).

Constitui-se numa excelente fonte de proteínas e apresenta todos os aminoácidos essenciais, carboidratos, vitaminas e minerais. Possui grande quantidade de fibras dietéticas, baixa quantidade de gordura e não contém colesterol (Andrade Júnior et al., 2002).

Os maiores produtores mundiais de feijão-caupi são Nigéria 3576361, Brasil 725300, Burkina Faso 652454 e Etiópia com 374332 toneladas, respectivamente. Embora a região Nordeste do Brasil seja a de maior produção com 363,7 mil toneladas, os estados de maior produtividade são Distrito Federal com 1.261, Tocantins com 1.259 e Mato Grosso com 1.104 kg/ha (FAO, 2019; CONAB, 2017).

É consumido na forma de grãos secos, grãos verdes (saladas) e na alimentação animal como feno ou ramos verdes. No Brasil, exerce importante papel como fonte de proteína, fibras e minerais, especialmente nas regiões Nordeste e Norte, além de promover a geração de renda e emprego (Dutra et al., 2012).

O feijão-caupi é cultivado no estado do Rio de Janeiro, majoritariamente por pequenos produtores de municípios da região Norte (Guedes, 2008). Todavia, não foram encontrados relatos bibliográficos a respeito do quantitativo da produção e produtividade da cultura para o estado e a região de maior produção.

3.1.2.2. Melhoramento genético do feijão-caupi

O feijão-caupi possui uma ampla variabilidade genética, sendo usado para várias finalidades e em diversos sistemas de produção. Há diversos programas de melhoramento genético de feijão-caupi em diferentes regiões do mundo, a exemplo do International Institute of Tropical Agriculture (IITA), que continua sendo o centro de referência mundial em pesquisas com essa espécie. Pesquisas importantes ligadas ao melhoramento de várias características da espécie estão sendo realizadas no Brasil, Nigéria, Burkina Faso, Senegal, Mali e Índia (Singh et al., 2002).

O International Institute of Tropical Agriculture (IITA), mandatário global para o melhoramento do feijão-caupi, mantém mais de 15.000 acessos de cultivares coletadas em mais de 100 países e 560 acessos de germoplasma silvestre. Esses têm sido caracterizados e estão sendo preservados e utilizados por programas de melhoramento genético (Singh, 2005).

O instituto tem a missão de desenvolver e distribuir cultivares melhoradas para 65 programas internacionais, atendendo exigências e demandas regionais por tipos específicos de grãos com adaptabilidade a diferentes ambientes, tendo como estratégia geral desenvolver diversas linhagens melhoradas com foco na variabilidade para maturidade e tipo de planta, combinado com resistência às principais doenças, insetos pragas e ervas daninhas (Singh et al., 2006).

No Brasil, as primeiras pesquisas relacionadas ao melhoramento genético do feijão-caupi tiveram início em 1925, por iniciativa dos institutos estaduais de pesquisas e pelas universidades federais, culminando com a criação das primeiras cultivares no Brasil, liderada pela Universidade Federal do Ceará (Freire Filho et al., 2011). Foi a partir de 1973 que a Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária formou uma rede nacional de pesquisa sob liderança da Embrapa Arroz e Feijão, atualmente, liderada pela Embrapa Meio-Norte (Freire Filho et al., 2011).

Atualmente, a Coleção de Base possui mais de 4.153 acessos, mantida na Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, em Brasília, DF. Já o Banco Ativo de Germoplasma (BAG) é mantido na Embrapa Meio-Norte, em Teresina, PI, e conta com aproximadamente 3.500 acessos. Desse total, considera-se que 38% foram utilizados de forma direta ou indireta no desenvolvimento de 23 cultivares pelo programa de melhoramento genético para as regiões Norte e Nordeste do Brasil (Freire Filho et al., 2005).

O programa de melhoramento genético da Embrapa ao longo de 15 anos desenvolveu e lançou, em parceria com outras instituições de pesquisa, 39 cultivares, sendo um total de 72 cultivares desde o início das pesquisas até o ano de 2010 (Freire Filho et al., 2011). Essas cultivares, normalmente apresentam ciclo precoce a médio, tardio e de porte ereto a prostrado. Com a expansão da cultura nos cerrados e o interesse do médio e grande produtor, surgiu uma demanda para cultivares com arquitetura moderna, como porte ereto e hábito de crescimento determinado), mais adequada à colheita mecânica e de ciclo curto (superprecoce), principalmente para o cultivo no final das águas, conhecido também como cultivo de safrinha (Freire Filho et al., 2011).

Cultivares de feijão-caupi com arquitetura moderna (porte semiereto, inserção das vagens acima da folhagem, baixo acamamento) possibilita seu cultivo por grandes empresas produtoras de grãos, que utilizam equipamentos modernos e que realizam a colheita totalmente mecanizada (Frota et al., 2000).

A utilização de cultivares melhoradas demonstra que houve incrementos significativos na produção e na geração de renda, bem como na redução de custos de produção para os produtores. Os programas de melhoramento têm traçado outras metas como a biofortificação dos grãos de feijão-caupi, como estratégias no combate a anemia ferropriva e problemas de desnutrição (Nutti et al., 2009).

3.1.2.3. Interação genótipo x ambiente (G x A)

As diferenças de desempenho dos genótipos nos diferentes ambientes de cultivo são avaliadas por meio da interação G x A (Torres et al., 2015). A ação conjunta do genótipo, do ambiente e sua interação resultam na variação fenotípica (Allard, 1971). A interação G x A, componente dessa variação fenotípica reflete no comportamento diferenciado dos genótipos quando estes são submetidos a mais de um ambiente (Lavoranti et al., 2002).

Cruz et al., (2006) classificam a interação G x A em interação simples e complexa. A simples é causada por diferença de variabilidade genética entre genótipos dentro dos ambientes, já a interação complexa reflete na ausência de correlação linear entre genótipos e os diferentes ambientes, isto é, existirá genótipos com desempenho superior em um ambiente, mas não em outro, dificultando a seleção e, conseqüentemente a recomendação.

A interação simples não altera a classificação dos genótipos nos ambientes, portanto, é uma interação de menor importância para o melhorista, pois permite a utilização de melhores estratégias de seleção. Na interação complexa há alteração no ordenamento dos genótipos nos ambientes, dificultando a seleção e recomendação desses genótipos. Tais fatores, interferem na classificação relativa dos genótipos, e em decorrência disso, as interpretações das estimativas fenotípicas não podem ser estendidas a outras regiões (Ramalho et al., 1993). Além disso, essa interação, inflaciona as estimativas de variância genética, superestimando o ganho genético esperado com o processo de seleção.

Resende (2007), cita que em testes de avaliação conduzidos em apenas um ambiente, a variância genética e a média geral podem ser superestimadas, isto é, podem conter componentes da interação $G \times A$. A sua amplitude na expressão fenotípica do caráter pode diminuir a correlação entre fenótipo e o genótipo, inflacionando a variância genética e, os parâmetros dependentes desta, a exemplo da herdabilidade e o ganho genético esperado com a seleção (Rocha & Vello, 1999).

Para Chaves (2001), a interação $G \times A$ não pode ser analisada como um fenômeno indesejável, e sim como uma interação no sentido, devendo ao melhorista conhecê-la com materialidade para tirar proveito deste fator ao praticar a seleção. Outros autores argumentam ser um grande desafio enfrentado pelos programas de melhoramento, uma vez que a seleção de genótipos superiores é feita com base na média de vários locais, dessa forma, a recomendação de genótipos para cada ambiente fica comprometida (Ramalho et al., 1993).

Pereira et al., (2009) afirmam que a interação $G \times A$ exerce grande importância para produtividade de grãos, tornando possível, na fase de recomendação de novas cultivares, a identificação de genótipos com alta adaptabilidade e estabilidade fenotípica.

Há estratégias usadas para amenizar os efeitos da interação quando se identifica cultivares específicas para cada ambiente ou se obtêm genótipos com baixa interação. A primeira estratégia é a subdivisão da área heterogênea em glebas menores, mais homogêneas. Entretanto, essa interação pode permanecer alto em função do efeito de ano (Eberhart & Russel, 1966; Scapim et al., 2000; Vilela, 2008).

Hoogerheide (2004), destaca outros mecanismos de atenuar os efeitos da interação $G \times A$, como sendo a identificação de cultivares específicas para cada ambiente, a realização do zoneamento ecológico e a identificação de cultivares com maior estabilidade fenotípica, sendo a última alternativa a mais adotada.

Segundo Ramalho et al., (1993) uma das etapas de maior importância em um programa de melhoramento de plantas é a fase de avaliação de genótipos para identificação e recomendação de cultivares superiores em diferentes ambientes. Assim, identifica-se cultivares de comportamento previsível e responsivo à melhoria do ambiente, por meio de métodos de análise de estabilidade e adaptabilidade que forneçam informações detalhadas sobre o comportamento das cultivares, em condições específicas e amplas (Cruz & Regazzi, 2001).

Silva & Duarte (2006), argumentam que diversos métodos e procedimentos estatísticos têm sido propostos e utilizados com o objetivo de interpretar a interação $G \times A$, estudos de grande importância para o melhoramento genético de plantas, que fornecem informações sobre o comportamento dos genótipos frente as variações ambientais.

3.1.2.4. Adaptabilidade e Estabilidade fenotípica

A interação $G \times A$ compõe um dos principais desafios dos programas de melhoramento genético para qualquer espécie, tanto na fase de seleção, como também na etapa final de recomendação das cultivares. Para atenuar o efeito dessa interação, os pesquisadores têm recomendado o emprego de cultivares de ampla adaptabilidade e boa estabilidade (Cruz & Carneiro, 2003).

Dessa forma, ao atingir a última fase de um programa de melhoramento de plantas, algumas linhagens surgem como possíveis candidatas, apresentando características potenciais de mercado devendo ser avaliadas sob diversas condições de cultivo, semelhantes àquelas da região para a qual serão recomendadas. O sucesso da nova cultivar deve estar condicionado a sua alta produtividade de grãos e, alto desempenho para características agronômicas em uma faixa ampla de condições ambientais (Ferreira et al., 2006).

Segundo Vencovsky & BARRIGA (1992), adaptabilidade e estabilidade, embora sejam fenômenos relacionados, não devem ser considerados como um só. Entende-se por adaptabilidade a capacidade genotípica de resposta positiva e constante em ambientes desfavoráveis e de resposta à melhoria do ambiente

(Verma et al.,1978) e estabilidade refere-se à capacidade de os genótipos mostrarem um comportamento estável quando submetidos a diferentes ambientes (Cruz & Carneiro, 2003). Porém, existem diferenças quanto aos conceitos e as metodologias para estudo da adaptabilidade e estabilidade diferem quanto aos conceitos associados aos parâmetros estimados, procedimentos biométricos adotados, exigências para utilização e número de parâmetros a serem interpretados (Vencovsky & Barriga, 1992).

Becker & Leon (1988) classificaram a estabilidade fenotípica em dois tipos: a estabilidade estática e a dinâmica. Para os autores, a estabilidade estática existe quando um genótipo mantém o seu desempenho independentemente das variações do meio ambiente, é também chamada de estabilidade biológica, sendo a variância em ambientes estatisticamente iguais a zero. Logo, na estabilidade dinâmica, o desempenho do genótipo varia com as variações ambientais, porém de uma forma previsível, ou seja, apenas os desvios relacionados com a reação geral do genótipo favorecem a instabilidade dos mesmos. A estabilidade dinâmica também é conhecida como estabilidade agrônômica (Borém & Miranda, 2005).

Por outro lado, Lin et al., (1986) propuseram quatro conceitos de estabilidade: Tipo 1: o genótipo, ou a variedade será considerado estável se sua variância entre os ambientes é pequena; Tipo 2: o genótipo, ou a variedade será considerado estável quando sua resposta ao ambiente é paralela ao desempenho médio de todos os materiais genéticos avaliados nos ensaios; Tipo 3: o genótipo, ou a variedade é estável se o quadrado médio dos desvios de regressão que avalia a estabilidade é pequeno e Tipo 4 (Lin & Binns 1988), estável quando o quadrado médio da interação genótipos x anos, dentro de locais for pequeno (Ramalho et al., 2012b).

Peixoto et al., (2002) argumentam que cultivares que apresentam ampla adaptabilidade, despertam maior interesse para as empresas produtoras de sementes, entretanto, para o produtor rural seria importante a utilização de cultivares adaptadas às suas condições edafoclimáticas.

Para Hamasaki et al., (1998), o mercado brasileiro possui cultivares de boa aceitação comercial, porém a avaliação e recomendação de cultivares mais adaptadas a cada ambiente específico é ineficiente, sendo indispensável a pesquisa pública para este tipo de cultura, pelo fato de os agricultores utilizarem

qualquer cultivar sem levar em consideração diferenças de comportamento nos diferentes ambientes.

Assim, é importante que as cultivares expressem respostas aos estímulos dos ambientes e sejam estáveis, capazes de manter bom desempenho quando as condições ambientais não forem favoráveis, isto é, apresentar adaptabilidade, aproveitando vantajosamente o estímulo ambiental (Eberhart & Russel, 1966).

Diversas metodologias são utilizadas para mensurar a adaptabilidade e estabilidade de cultivares. Os próprios conceitos de estabilidade e os procedimentos biométricos de mensurar a interação entre cultivares e ambiente são os diferenciais na escolha e aplicação dessas metodologias (Vencovsky & Barriga, 1992).

Existem na literatura inúmeros métodos para estudo e quantificação da interação G x A baseados em: variância da interação cultivares x ambientes; regressão linear; regressão linear bissegmentada; regressão não linear; métodos multivariados; métodos que integram univariados e multivariados. Desta forma, de acordo com os dados experimentais, principalmente o número de ambientes disponíveis, é que se escolhem os métodos de análise mais apropriados (Cruz & Regazzi, 2001).

3.1.2.5. Análise multivariada

Classifica-se uma análise como multivariada, quando envolve um grande número de variáveis de forma simultânea. Sua aplicação se dá em análises de experimentos que envolvem a avaliação de diversos caracteres, podendo-se interpretar as correlações existentes de forma que facilite a interpretação e discussão dos resultados (Hongyu, 2015).

A análise de componentes principais (ACP) é uma técnica estatística de análise multivariada que transforma linearmente um conjunto de variáveis originais, inicialmente correlacionadas entre si, em outro conjunto menor de variáveis não correlacionadas de mesma dimensão, dispostas em ordem decrescente de variância, e que contém a maior parte das informações do conjunto original (Barshan et al., 2011; Prieto-Moreno et al., 2015).

Na prática, a análise visa partilhar a variação observada nos eixos originais de forma a se obter um conjunto de eixos ortogonais não correlacionados (Hongyu, 2015). Com isso, reduz-se as variáveis dependentes que são pouco informativas e

estuda as relações entre essas variáveis e as possíveis combinações que expliquem a maior fração da variância dos dados (Yang et al., 2008). Desta forma, os componentes principais apresentam o mínimo de perda de informação, preservando ao máximo as informações originais.

Um número reduzido de componentes é suficiente para capturar a maior parte da variabilidade do conjunto de dados, de modo que o primeiro componente principal (CP) explica a maior proporção da variância total das variáveis originais e o segundo componente principal explica a maior proporção da variância não explicada pelo primeiro (CP), sendo sua importância associada ao percentual da variação total explicada (Hongyu, 2015; Muniz et al., 2014).

A análise de componentes principais em conjunto com a análise gráfica pode facilitar na detecção das observações relativas às interações complexas que envolvem os dados da pesquisa em questão, possibilitando interpretação confiável e sintetizando informações (Sena et al., 2002; Ma et al., 2004). Dentre as diversas metodologias existentes destaca-se a GGE *biplot* (genotype and genotype-by-environment), análise inovadora que permite fazer inferências em relação ao desempenho do genótipo e do ambiente (Yan et al., 2000; Yan, 2002; Hassanpanah, 2010).

Diante do exposto, a análise de componentes principais e a abordagem GGE Biplot constituem metodologias multivariadas que auxiliam na seleção criteriosa de indivíduos superiores e o estudo da correlação entre as variáveis estudadas, de maneira fácil e eficiente (Cruz et al., 2020; Oliveira et al., 2019)

3.1.3. MATERIAL E MÉTODOS

3.1.3.1. Material genético utilizado

Foram avaliadas 27 linhagens de feijão-caupi dos grupos comerciais cores e fradinho, cedidas pela Embrapa Meio-Norte para fins de ensaios de Valor de Cultivo e Uso (VCU), sendo as cultivares BRS Tumucumaque, BRS Imponente, BRS-Itaim e CB-27, aptas ao cultivo mecanizado, utilizadas como testemunhas (Tabela 1).

Tabela 1. Identificação das 27 linhagens de feijão-caupi avaliadas nos municípios de Cambuci e Bom Jesus do Itabapoana-RJ, 2016, 2017 e 2018.

Nº	Código da Linhagem	Subclasse comercial ⁽¹⁾	Peso de 100 sementes
1	Bico-de-ouro 1-5-11	SV	15
2	Bico-de-ouro 1-5-15	SV	16,5
3	Bico-de-ouro 1-5-19	SV	14,5
4	Bico-de-ouro 1-5-24	ML	17
5	Pingo-de-ouro 1-5-26	ML	13,5
6	Pingo-de-ouro 1-5-4	ML	17
7	Pingo-de-ouro 1-5-5	ML	18,5
8	Pingo-de-ouro 1-5-7	ML	19
9	Pingo-de-ouro 1-5-8	ML	19
10	Pingo-de-ouro 1-5-10	ML	18,5
11	Pingo-de-ouro 1-5-11	ML	20
12	Pingo-de-ouro 1-5-14	ML	18,5
13	BRS Tumucumaque	BR	19,5
14	BRS Imponente	BC	17,5
15	MNC06-895-1	FR	9,5
16	MNC06-895-2	FR	13,5
17	MNC06-901-14	FR	14
18	MNC06-907-29	FR	14
19	MNC06-907-30	FR	14,5
20	MNC06-907-35	FR	16,5
21	MNC06-908-39	FR	13
22	MNC06-909-52	FR	17,5
23	MNC06-909-55	FR	16
24	MNC06-909-68	FR	17
25	MNC06-909-76	FR	18
26	BRS Itaim	FR	14,5
27	CB-27	FR	13

⁽¹⁾ BR- Branco; BC – Brancão; ML- Mulato; SV- Sempre-verde; FR- Fradinho

Foram empregados os métodos, descendente de uma única vagem (SPD) e genealógico com ciclos de seleção bianual, para obtenção das linhagens. A seleção foi realizada com base na produção, arquitetura de plantas, precocidade, qualidade de grão e na resistência a insetos-praga e doenças.

3.1.3.2. Condução do experimento e característica avaliada

O experimento foi instalado, nos anos de 2016, 2017 e 2018, nas unidades do Instituto Federal Fluminense dos municípios de Cambuci e Bom Jesus do

Itabapoana, situados na região Noroeste do Estado do Rio de Janeiro, os quais possuem clima tropical, de acordo com a classificação climática de Köppen-Geiger (Alvares et al., 2013), (Tabela 2).

Tabela 2. Características edafoclimáticas de cada ambiente sob avaliação das 27 linhagens de feijão-caupi na região Noroeste Fluminense.

Ambientes	Variáveis						
	Local	Ano	Solo	Clima	Altitude	Latitude	Longitude
A1	Cambuci	2016	PVAe ¹	Aw	35	21°34'30''S	41°54'39''W
A2	Bom Jesus	2016	LVHa2 ²	Aw	88	21°8'2''S	41°40'48''W
A3	Cambuci	2017	PVAe ¹	Aw	35	21°34'30''S	41°54'39''W
A4	Bom Jesus	2017	LVHa2 ²	Aw	88	21°8'2''S	41°40'48''W
A5	Cambuci	2018	PVAe ¹	Aw	35	21°34'30''S	41°54'39''W
A6	Bom Jesus	2018	LVHa2 ²	Aw	88	21°8'2''S	41°40'48''W

Fonte: INMET

¹Argissolo Vermelho-Amarelo Eutrófico; ²Latossolo vermelho-amarelo + cambissolo.

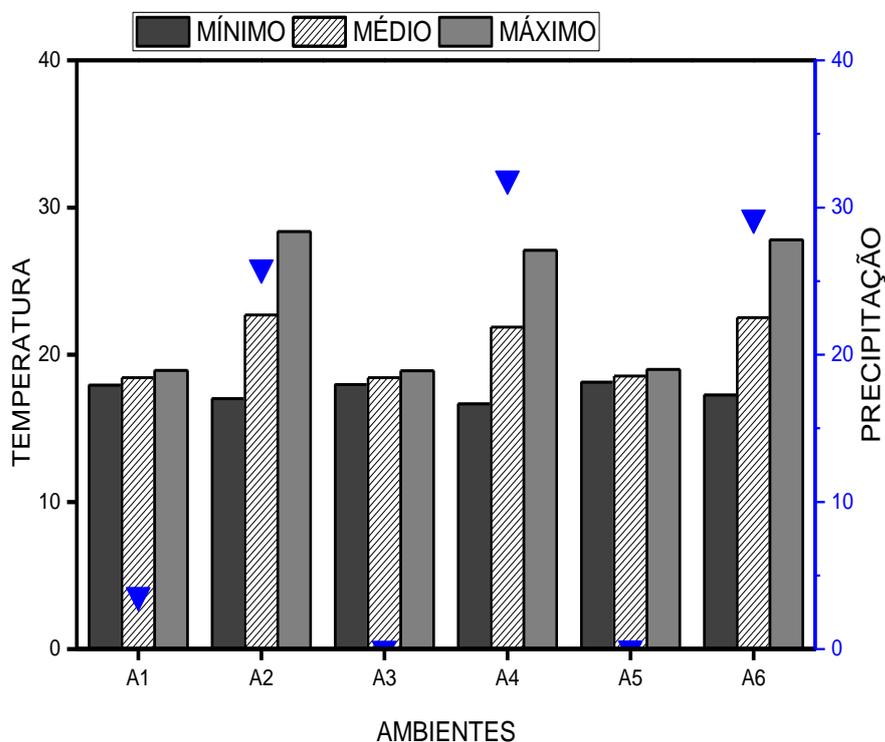


Figura 1. Médias de temperatura e precipitação nos municípios de Cambuci e Bom Jesus do Itabapoana, RJ, de maio a agosto de 2016, 2017 e 2018.

Fonte: INMET

Foi utilizado o delineamento experimental de blocos ao acaso com quatro repetições, onde cada parcela foi constituída de quatro fileiras de 3,0 m de comprimento, sendo o espaçamento entre fileiras de 0,50 m e espaçamento entre plantas de 0,125 m, com densidade populacional de 160.000 plantas/hectare. Para avaliação foram consideradas as cinco plantas centrais das duas fileiras centrais.

A adubação foi realizada de acordo com a análise de solo, a irrigação foi feita por aspersão e os tratos fitossanitários foram conduzidos de acordo às recomendações para a cultura (Filgueira, 2013).

3.1.3.3. Análises genético-estatísticas

Inicialmente, procedeu-se a análise de variância individual para cada ambiente, para todas as 27 linhagens, com o objetivo de verificar a variabilidade genética e a homogeneidade das variâncias. Posteriormente, realizou-se a análise de variância conjunta, reunindo os dois locais e três anos, perfazendo seis ambientes de avaliação. Foi utilizado o seguinte modelo estatístico:

$$Y_{ijk} = m + G_i + B/A_{jk} + A_j + GA_{ij} + e_{ijk}$$

Em que, Y_{ijk} é a observação no k-ésimo bloco, avaliada no i-ésimo genótipo e j-ésimo ambiente; m é a constante geral do ensaio; G_i é o efeito fixo do genótipo i ; B/A_{jk} é o efeito do bloco k no ambiente j ; A_j é o efeito fixo do ambiente j ; GA_{ij} é o efeito da interação entre o genótipo i e o ambiente j ; e e_{ijk} é o erro aleatório associado à observação Y_{ijk} , $e_{ijk} \sim \text{NID}(0, \sigma^2)$. Após detectar a ocorrência da interação $G \times A$ significativa pelo teste F , procedeu-se a decomposição da interação em parte complexa.

3.1.3.4. Decomposição da interação em parte complexa

Uma vez detectada a ocorrência da interação $G \times A$, realizou-se a decomposição da interação em partes simples e complexa. A decomposição da interação em parte complexa foi realizada, segundo Cruz & Castoldi (1991), pela seguinte expressão:

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

Em que:

Q_1 e Q_2 os quadrados médios de genótipos nos pares de ambientes; e r : a correlação entre as médias de genótipos nos dois ambientes. Realizada a decomposição da interação complexa, o estudo da adaptabilidade e estabilidade fenotípica das linhagens de feijão-caupi foi realizado pela metodologia GGE *Biplot*, utilizando o seguinte modelo:

$$\bar{Y}_{ij} - \bar{y}_j = y_{1\epsilon i1}\rho_{j1} + y_{2\epsilon i2}\rho_{j2} + \epsilon_{ij}$$

Em que:

\bar{Y}_{ij} refere-se a produtividade média de grãos do genótipo i no ambiente j ; \bar{y}_j é a média geral dos genótipos no ambiente j ; $y_{1\epsilon i1}\rho_{j1}$ é o primeiro componente principal (PC_1); $y_{2\epsilon i2}\rho_{j2}$ é o segundo componente principal (PC_2); y_1 e y_2 são os valores próprios associados a $IPCA_1$ e $IPCA_2$, respectivamente; ϵ_1 e ϵ_2 são os valores do PC_1 e PC_2 , respectivamente, do genótipo i ; ρ_{j1} e ρ_{j2} são os valores do PC_1 e PC_2 , respectivamente, para o ambiente j ; e ϵ_{ij} é o erro associado com o modelo do i -ésimo genótipo e j -ésimo ambiente (Yan et al., 2000). As análises foram realizadas com o uso do Software (GENES, 2013) e do pacote GGE BiplotGui, com o auxílio do software estatístico R (R Development Core Team 2016).

3.1.4. RESULTADOS E DISCUSSÃO

Na análise de variância conjunta, observa-se que houve efeito significativo ($P \leq 0,01$) para produtividade de grãos entre as linhagens testadas em todas as fontes de variação testadas. Isso denota que existe variabilidade genética suficiente para obter sucesso com a seleção. Os resultados demonstram ainda, pela significância da interação genótipo x ambiente, que as linhagens apresentaram comportamento diferenciado de produtividade em relação aos ambientes de avaliação (Tabela 3).

A relação entre o maior e o menor quadrado médio do resíduo foi de 2,87, demonstrando que as variâncias residuais foram homogêneas, portanto, adequadas para a realização da análise de variância conjunta (Cruz & Regazzi, 1997). O coeficiente de variação experimental foi considerado alto (30,97%), tendo em vista que a característica avaliada é poligênica, portanto, altamente influenciada

pelos fatores ambientais, sobretudo, em trabalhos conduzidos em campo (Pimentel-Gomes, 2009; Ramalho et al., 2000).

Tabela 3. Resumo da análise de variância conjunta para produtividade de grãos (kg ha⁻¹) de 27 linhagens de feijão-caupi avaliadas em seis ambientes, na região Noroeste Fluminense.

Fonte de Variação	GL	SQ	QM
Blocos/Ambientes	18	14653283,83	814071,32
Genótipos (G)	26	12732201,38	489700,05**
Ambiente (A)	5	24116195,22	4823239,04**
G x A	130	38213779,53	293952,15**
Resíduo	468	68115640,14	145546,24
Total	647		
Média	1231,98		
CV (%)	30,97		
QMR ⁺ /QMR ⁻	2,87		

** Significativo pelo teste F ao nível de (1%) de probabilidade

Silva et al., (2017) na avaliação de rendimento de grãos de vinte genótipos de feijão-caupi em ambientes contrastantes quanto a disponibilidade de água, obtiveram coeficiente de variação experimental de 29,27 com produtividade média de 945,45 kg/ha, portanto, rendimento geral inferior ao obtido neste trabalho que foi de 1231,98 kg/ha.

3.1.4.1. Estimativas das interações complexas

A natureza das interações genótipo x ambiente foram do tipo complexa para todas as comparações, isto é, apresentaram estimativas superiores a 50%. Esses resultados corroboram com o predomínio do componente complexo da interação G x A no feijão-caupi, abordados por Valadares et al. (2010); Barros et al. (2013); Teodoro et al. (2015a) e Santos et al. (2016), (Tabela 4).

Interações complexas demonstram a inconsistência da superioridade dos genótipos nos ambientes avaliados, impondo dificuldade à seleção e/ou recomendação destes (Cruz et al., 2012).

Tabela 4. Estimativas das interações complexas (%C), em seis ambientes, para produtividade de grãos (PG), em 27 linhagens de feijão-caupi nos municípios de Cambuci e Bom Jesus do Itabapoana-RJ, nos anos 2016, 2017 e 2018.

Ambientes	Interações complexas (%C)
1x2	86,107
1x3	90,082
1x4	65,549
1x5	92,560
1x6	72,599
2x3	89,016
2x4	85,447
2x5	96,793
2x6	99,456
3x4	69,946
3x5	106,840
3x6	107,129
4x5	100,118
4x6	92,300
5x6	55,479

AMB1 (Cambuci 2016), AMB2 (Bom Jesus do Itabapoana 2016), AMB3(Cambuci 2017), AMB4 (Bom Jesus do Itabapoana 2017), AMB5 (Cambuci 2018), AMB6 (Bom Jesus do Itabapoana 2018)

Com o intuito de atenuá-la, alguns procedimentos podem ser adotados, como a identificação de genótipos específicos para cada ambiente, a realização de estratificação ambiental e a identificação de genótipos com maior estabilidade fenotípica (Ramalho et al., 2012). Nesse contexto, a análise da adaptabilidade e estabilidade fenotípica torna-se oportuna para a indicação dos genótipos superiores, para tanto, a análise GGE *Biplot* exerce fundamental importância.

3.1.4.2. Análises de componentes principais

A partir da análise dos componentes principais (ACP), foi possível inferir que os dois primeiros componentes representaram 71,86% da variação total. O primeiro componente (CP1 44,96), correlacionado ao efeito principal do genótipo, isto é, a fração do rendimento devido unicamente às características do genótipo, e o segundo componente (CP2 26,90), representa a fração do rendimento associado a interação G x A (Yan & Holland, 2010; Yan, 2011).

O gráfico *Biplot* foi dividido em cinco setores conforme apresentado pelos vetores formados a partir de sua origem (0,0). Os vértices do polígono foram formados pelas linhagens (5) Pingo-de-ouro 1-5-26, (7) Pingo-de-ouro 1-5-5, (8)

Pingo-de-ouro 1-5-7, (9) Pingo-de-ouro 1-5-8, (18) MNC06-907-29 e (26) BRS ITAIM, mais afastadas da origem do *Biplot*, portanto, são as que apresentaram melhor desempenho e maior adaptação (Figura 2). O comprimento do vetor de cada genótipo, diz respeito à sua magnitude de resposta aos ambientes testados. Dessa forma, todas as linhagens alocadas dentro do polígono, dotadas de vetores menores, são consideradas pouco responsivas às interações com seus respectivos ambientes (Yan & Rajcan 2002).

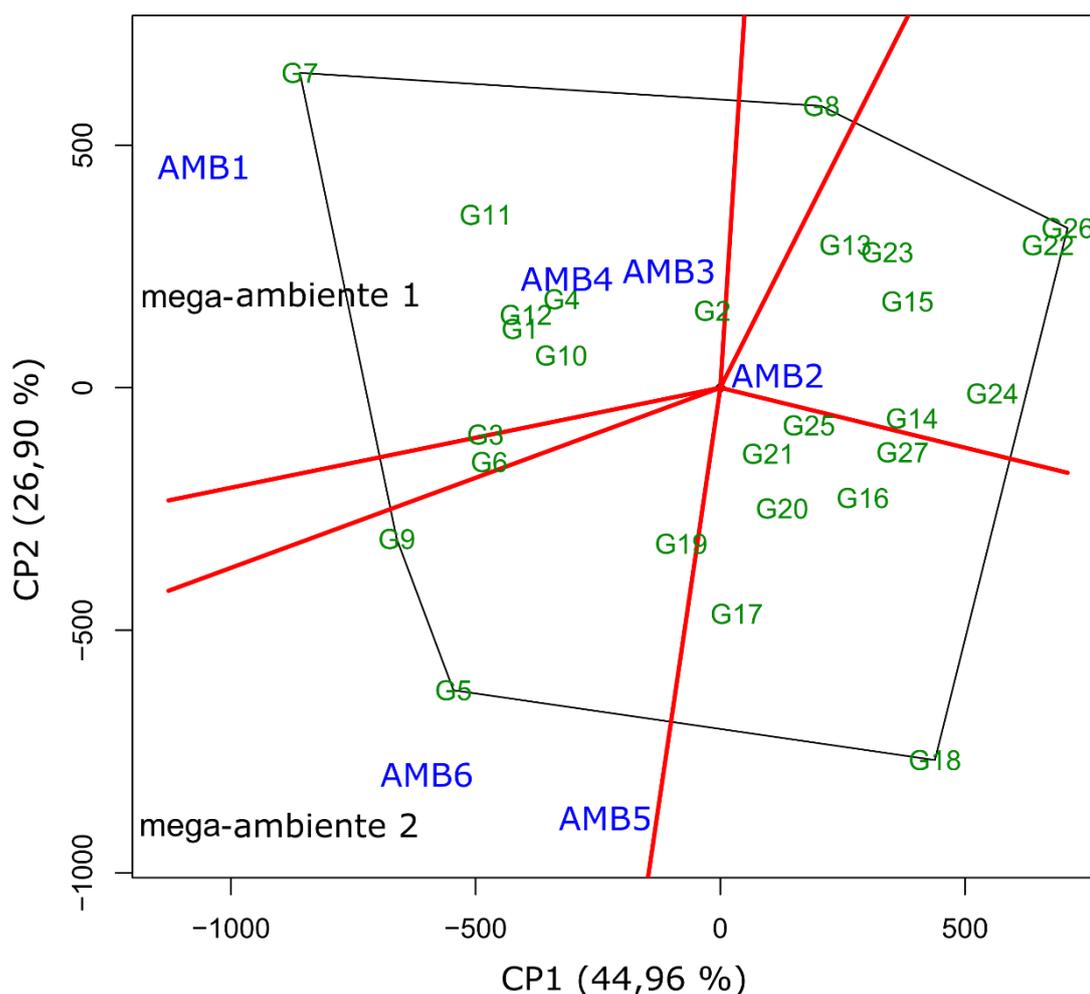


Figura 2. GGE *Biplot* “which-won-where” da estabilidade fenotípica, obtido a partir dos dois primeiros componentes principais para produtividade média de grãos ($\text{kg}\cdot\text{ha}^{-1}$) de 27 linhagens de feijão-caupi na região Noroeste Fluminense.

Na análise de desempenho de genótipos por ambiente, a linhagem (5) Pingo-de-ouro 1-5-26 apresentou produtividade superior para os ambientes AMB5 e

AMB6. Por outro lado, a linhagem (7) Pingo-de-ouro 1-5-5 obteve o melhor desempenho produtivo tanto para os ambientes AMB1, AMB3 e AMB4. Já as linhagens (22) MNC06-909-52 e (26) BRS Itaim, foram as superiores para o ambiente AMB2. O agrupamento dos ambientes AMB1, AMB3 e AMB4 e os ambientes AMB5 e AMB6, alocados numa mesma região do polígono respectivamente, configuram a formação de mega-ambientes.

Os genótipos que não estão associados aos ambientes são classificados como desfavoráveis à recomendação, por apresentarem desempenho produtivo inferior (Karimizadeh et al., 2013). Dessa forma, as linhagens (16) MNC06-895-2, (17) MNC06-901-14, (18) MNC06-907-29, (20) MNC06-907-35, (21) MNC06-908-39, (25) MNC06-909-76 e a cultivar (27) CB-27, foram as que apresentaram os piores desempenhos de produtividade para todos os ambientes testados.

Akande (2007), avaliou linhagens de feijão-caupi para produtividade de grãos e número de dias para floração por meio da metodologia GGE *Biplot*, onde foi observada a formação de três mega-ambientes com possibilidade de indicar linhagens mais adaptadas dentro dos ambientes agrupados. Semelhante a este trabalho, Olayiwola et al., (2015) ao avaliarem genótipos de feijão-caupi em ensaios de competição, detectaram a formação de mega-ambientes e selecionaram materiais de alta estabilidade com produtividade média variando de 701 a 1596 kg/ha.

Na avaliação da estabilidade fenotípica e a produtividade de grãos considerou-se a coordenada do ambiente médio (CAM). Essas coordenadas são representadas por duas setas que apontam em sentido contrário da origem do *Biplot*, destacando o maior efeito da interação genótipo \times ambiente e menor estabilidade, diferenciando ainda os genótipos situados abaixo e acima da média.

A extensão do vetor sobre o eixo do ambiente ideal, plotado sobre a CAM abscissa, indica a estimativa da magnitude do efeito principal de genótipos (G) *versus* o efeito principal da interação G \times A (Yan & Rajcan 2002). Nesse contexto, observa-se que as linhagens (9), (6) e (3) foram classificadas como altamente estáveis com produtividade acima da média geral. As linhagens (5) e (7) obtiveram desempenho produtivo acima da média geral, porém são consideradas de baixa estabilidade (Figura 3).

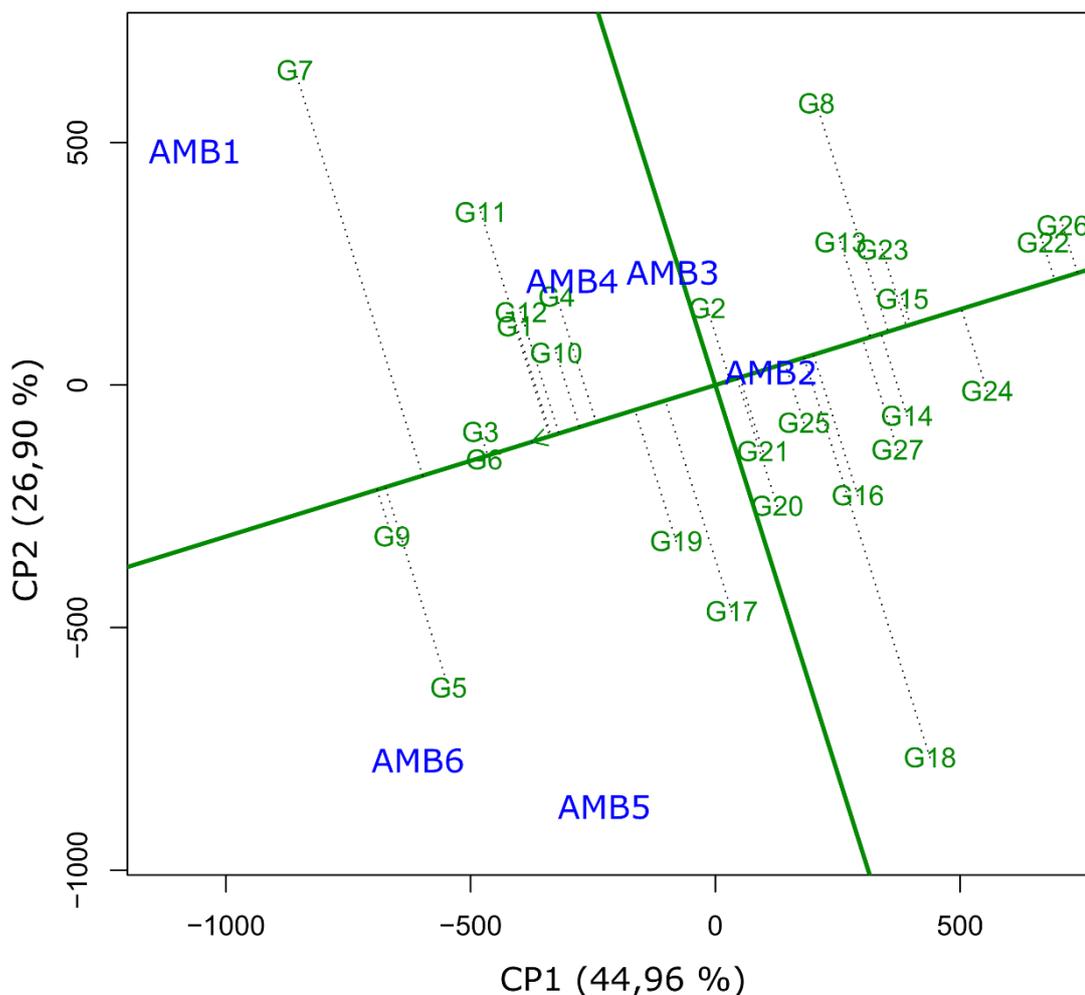


Figura 3. GGE *Biplot* das Médias vs estabilidade genotípica entre ambientes de 27 linhagens de feijão-caupi para produtividade de grãos ($\text{kg}\cdot\text{ha}^{-1}$) na região Noroeste Fluminense.

As linhagens (1), (4), (10), (11), (12), (17) e (19) apresentaram desempenho de produtividade dentro da média geral, com destaque para a linhagem (10), em que a extensão de seu vetor, demonstra sua maior estabilidade. As demais linhagens, obtiveram produtividades abaixo da média geral, embora as linhagens (15), (22), (23), (25) e (26) tenham apresentado alta estabilidade não podem ser candidatas à recomendação para nenhum dos ambientes de teste.

A discriminação e representatividade dos ambientes em relação aos genótipos refere-se ao comprimento do vetor e o tipo de ângulo formado, respectivamente. Por outro lado, os ambientes de teste que têm ângulos pequenos com o eixo do ambiente-média são ambientes mais representativos em relação àqueles que formam ângulos maiores (Yan, 2011).

Dessa forma, têm-se que os ambientes com vetores mais longos são mais discriminantes em relação aos genótipos e, aqueles com vetores curtos são pouco discriminantes, isto é, os genótipos tendem a ser pouco informativos em relação às suas diferenças genótípicas em determinado ambiente. Outra implicação é que com o vetor curto pode-se inferir que o ambiente não é bem representado pelos componentes principais PC1 e PC2, caso o biplot não explique adequadamente os efeitos principais do genótipo e da interação G x A dos dados (Yan, 2011).

Nesse contexto, o AMB1 (Cambuci 2016) foi o mais discriminante e representativo, seguido pelos ambientes AMB5 (Cambuci 2018) e AMB6 (Bom Jesus do Itabapoana 2018). Logo, o ambiente AMB2 (Bom Jesus do Itabapoana 2016) obteve menor poder de discriminação e representatividade em relação as linhagens avaliadas, seguido pelos ambientes AMB3 (Cambuci 2017) e AMB4 (Bom Jesus do Itabapoana 2017) (Figura 4).

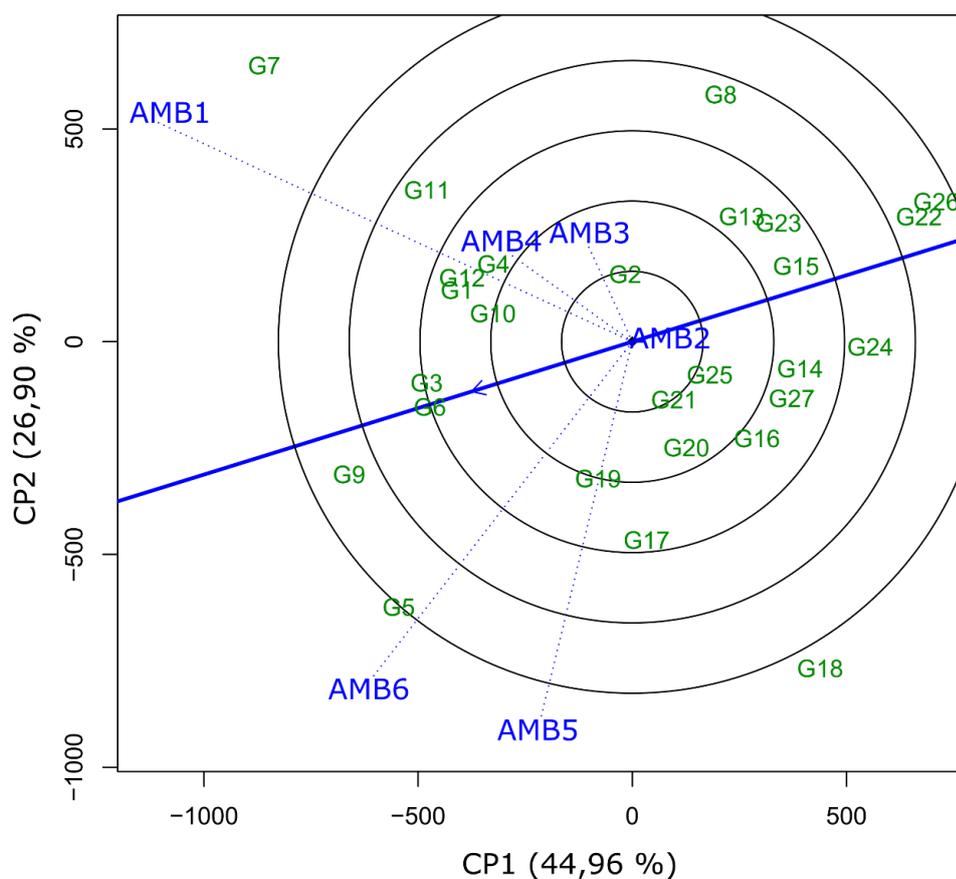


Figura 4. GGE *Biplot* da discriminação e representatividade entre ambientes de 27 linhagens de feijão-caupi para produtividade de grãos ($\text{kg}\cdot\text{ha}^{-1}$) na região Noroeste Fluminense.

Um genótipo “Ideótipo” é um modelo hipotético de uma espécie, ou seja, uma forma ideal de planta em determinado ambiente, com características morfoagronômicas bem definidas e correlacionadas positivamente com a produtividade de grãos (Trethowan, 2014). Apesar do genótipo ideal ser apenas um modelo representativo, sua identificação é usada como referência na avaliação dos demais genótipos. Sua classificação é definida graficamente pelo maior comprimento de seu vetor em (PC1) e (PC2), orientado por um ponto situado no centro dos círculos concêntricos (Yan & Rajcan, 2002) (Figura 5).

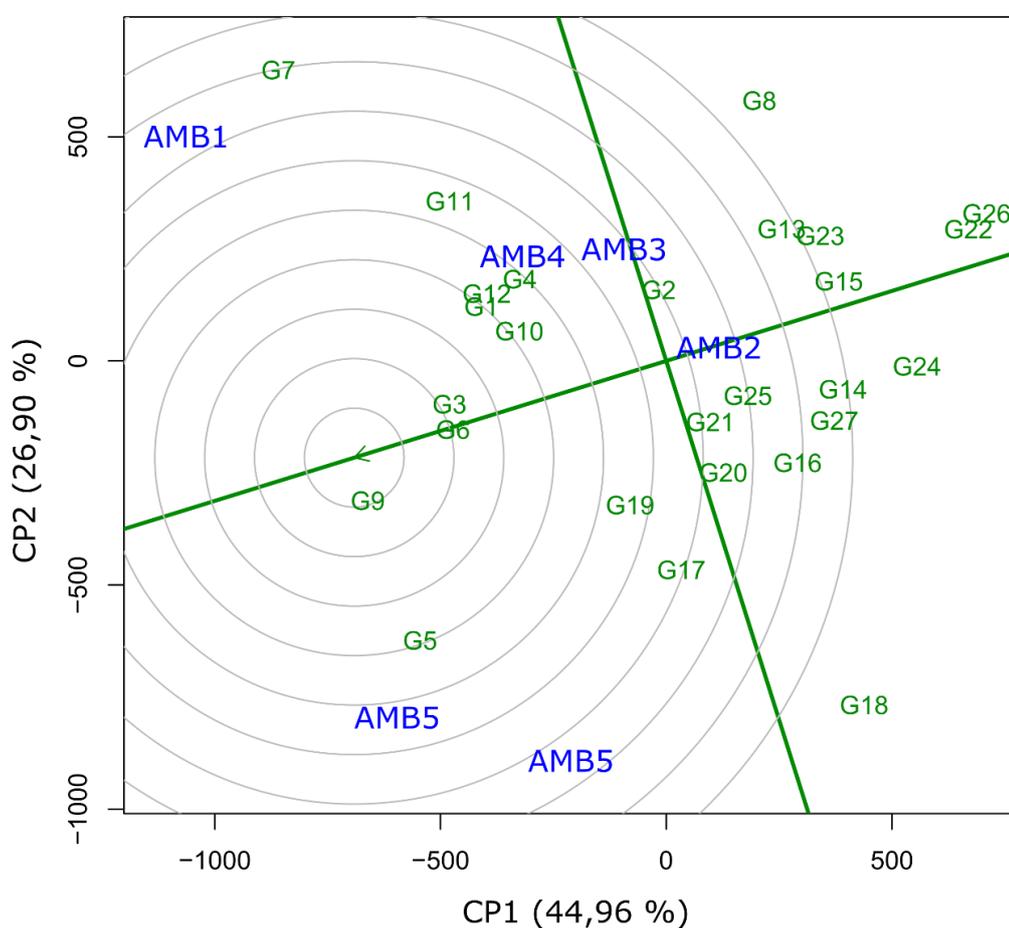


Figura 5. GGE *Biplot* representando o genótipo ideal na avaliação dos ambientes para produtividade de grãos de 27 linhagens de feijão-caupi para produtividade de grãos (kg·ha) na região Noroeste Fluminense.

Nesse contexto, a linhagem (9) Pingo-de-ouro 1-5-4 posicionada no primeiro círculo concêntrico é considerada o genótipo ideal, ou seja, “Ideótipo” por apresentar alta produtividade de grãos e estabilidade fenotípica elevada em relação

as demais linhagens, sobrepujando inclusive, as cultivares testemunhas BRS Tumucumaque, BRS Imponente, BRS-Itaim e CB-27, (Figura 5).

A correlação existente entre os ambientes é expressa pelo tipo de ângulo formado entre seus respectivos vetores (Yan & Tinker, 2006). Assim, os ângulos agudos ($<90^\circ$) expressam correlações positivas, os ângulos retos ($=90^\circ$) indicam ambientes não correlacionados e os ângulos obtusos ($>90^\circ$) indicam correlações negativas e, vetores formando ângulos de 180° indicam ambientes fortemente correlacionados negativamente (Oliveira et al., 2018).

A maioria dos ambientes apresentaram correlações positivas, com exceção dos ambientes AMB3 e AMB5 que expressaram correlação forte e negativa, assim como os ambientes AMB2 e AMB6, e AMB3 e AMB6 (Figura 6).

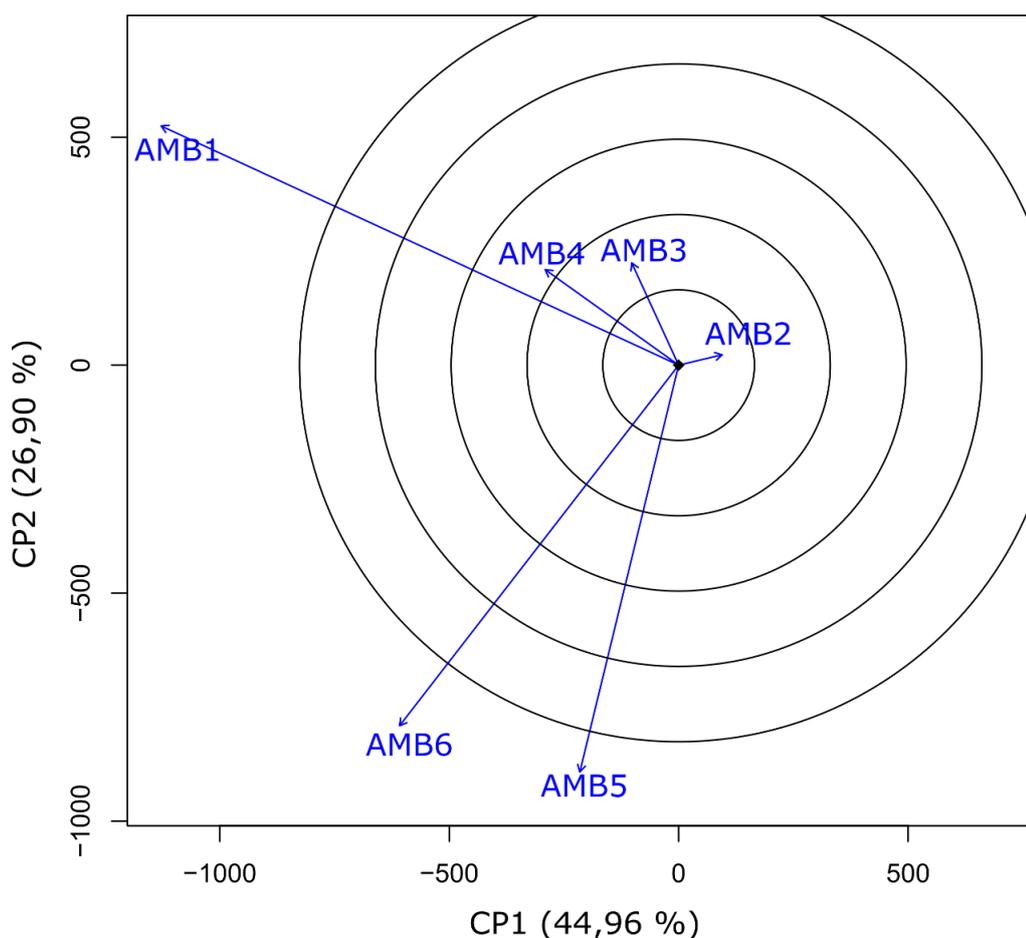


Figura 6. GGE *Biplot* da correlação entre ambientes para produtividade de grãos (kg·ha) de 27 linhagens de feijão-caupi na região Noroeste Fluminense.

As interações genótipos x ambientes do tipo complexas são indicativos da ausência de correlação entre fenótipo, genótipo e os desvios do ambiente, o que dificulta o trabalho do melhorista por ocasião da seleção (Cruz & Regazzi, 1997). Interações complexas entre ambientes também foram detectadas por Mattos et al., 2013 e Santos et al., 2016, que empregaram a abordagem GGE *Biplot* na avaliação da interação entre genótipos de cana-de-açúcar e feijão-caupi nos ambientes de produção, respectivamente.

Em relação as médias de desempenho das linhagens em cada ambiente, pode-se notar que apenas nos ambientes 1 (Cambuci 2016), 5 (Cambuci 2018) e 6 (Bom Jesus do Itabapoana 2018) houve diferença significativa pelo teste de Scott-Knott a 5% de probabilidade, possibilitando a formação de dois grupos de médias. Já em relação à média geral para todos os ambientes, os maiores desempenhos de produtividade foram das linhagens (6) Pingo-de-ouro 1-5-4, (7) Pingo-de-ouro 1-5-5, (3) Bico-de-ouro 1-5-19 e (9) Pingo-de-ouro 1-5-8, respectivamente (tabela 5).

Freire Filho et al., (2005) relataram resultados semelhantes, quando avaliaram adaptabilidade e estabilidade para rendimento de grãos de quinze genótipos de feijão-caupi em ambientes dos estados do Maranhão e Piauí. Rocha et al., (2007) avaliaram a adaptabilidade e estabilidade de vinte genótipos de feijão-caupi para produtividade de grãos em ambientes da região Nordeste e obtiveram resultados satisfatórios que corroboram com esta pesquisa.

Por outro lado, os resultados das médias de produtividade por ambiente e geral desta pesquisa são superiores aos encontrados por Santos et al., (2016), quando realizaram ensaios de competição para avaliar adaptabilidade e estabilidade na produção de grãos de vinte genótipos de feijão-caupi, onde as médias dos genótipos por ambiente variaram de 322,8 a 1.491,3 kg/ha e as médias para todos os ambientes variou de 668,2 a 1.173,4 kg/ha.

Tabela 5. Médias de produtividade de 27 linhagens de feijão-caupi testadas em ambientes dos municípios de Cambuci e Bom Jesus do Itabapoana-RJ, nos anos de 2016, 2017 e 2018.

GEN	AMB 1	AMB 2	AMB 3	AMB 4	AMB 5	AMB 6	Média Geral
1	1874,75a	1093,75a	831a	1182,25a	1396b	1445,5a	1303,88
2	1491,5b	1327,5a	960,75a	1219,75a	1258,5b	1336,5a	1265,75
3	1736a	1256,25a	1213,75a	1316,75a	1545,75a	1701,75a	1461,71
4	1811,25a	1324,5a	662,25a	1500,75a	1467,5b	1262,25b	1338,08
5	1689,5a	1021a	754,75a	1173,5a	1995a	1881,5a	1419,21
6	1731,75a	1251,5a	1132,25a	1506,25a	1813,25a	1520a	1492,50
7	2383,5a	928,5a	1520a	1478,75a	1331,5b	1231,25b	1478,92
8	1368b	926,75a	1153a	1308,75a	830,75b	1089b	1112,71
9	1870,25a	1078a	958a	1201,75a	1708,25a	1863,75a	1446,67
10	1655a	1194,25a	932a	1503,25a	1390,75b	1514,75a	1365,00
11	1976,5a	1491,75a	1134,75a	1355a	1291,75b	1375,75a	1437,58
12	1837,5a	1178,25a	1054,5a	1241,75a	1419,25b	1427a	1359,71
13	1479,25b	980,75a	774a	765a	1207,5b	972,75b	1029,88
14	1182,25b	1222a	512,25a	824a	1275b	1253,5b	1044,83
15	1088,5b	1199,25a	1119,25a	1376,75a	1304b	1068,25b	1192,67
16	1194,75b	1234,75a	908,25a	844a	1636a	1250b	1177,96
17	1205,75b	1297,5a	747,25a	1271,25a	1767,5a	1582,5a	1311,96
18	706,25b	1056,5a	1098,75a	937,75a	1878,25a	1640,75a	1219,71
19	1318,5b	976,5a	945a	1246,5a	1639,25a	1597,5a	1287,21
20	1155b	1233,25a	1149,5a	1268a	1633,25a	1444a	1313,83
21	1236,5b	1426,75a	1007,5a	1378a	1560,75a	1383,25a	1332,13
22	910b	1298,25a	1236,25a	1259,75a	1225,75b	846,75b	1129,46
23	1290,75b	1187,75a	663,75a	1074,25a	1069,25b	1086b	1061,96
24	949b	1164,5a	1062,25a	1199,5a	1560,75a	943,25b	1146,54
25	1332,75b	1147,25a	1153,75a	803,25a	1562,5a	1227,5b	1204,50
26	986,25b	1431,75a	979a	1226,5a	1307,5b	667,5b	1099,75
27	971b	1284,75a	1013,5a	1330,75a	1453,5b	1308,25b	1226,96
Média	1423,41	1193,09	988,05	1214,58	1464,04	1330,39	1268,9

Médias seguidas de mesma letra não difere significativamente a 5% de probabilidade pelo teste de Scott-Knott.

3.1.5. CONCLUSÕES

A metodologia GGE *Biplot* foi eficiente na identificação de linhagens superiores para fins de recomendação na região Noroeste Fluminense;

Tratando-se de produtividade de grãos, adaptabilidade e estabilidade fenotípica, a linhagem (9) Pingo-de-ouro 1-5-8 foi classificada como o genótipo ideótipo, devido ao seu desempenho superior à média geral e alta estabilidade;

Na classificação geral de produtividade de grãos e estabilidade fenotípica, a linhagem (9) Pingo-de-ouro 1-5-8, seguida das linhagens (6) Pingo-de-ouro 1-5-4, (3) Bico-de-ouro 1-5-19 e (5) Pingo-de-ouro 1-5-26 obtiveram os melhores desempenhos, suplantando inclusive, as cultivares testemunhas BRS Tumucumaque, BRS Imponente, BRS-Itaim e CB-27.

3.2. DESENVOLVIMENTO DE LINHAGENS DE FEIJÃO-CAUPI (*Vigna unguiculata*) SOB INOCULAÇÃO DE *Bradyrhizobium pachyrhizi*

3.2.1. INTRODUÇÃO

O feijão-caupi (*Vigna unguiculata* L. Walp), é uma importante fonte de proteínas e minerais, tendo seu cultivo expandido nos últimos anos para outras fronteiras agrícolas como a região Centro-Oeste do Brasil. A cultura apresenta capacidade simbiótica de nodulação e fixação de nitrogênio para diversas espécies de rizóbios em várias partes do mundo (Delamuta et al., 2015).

A atividade simbiótica da interação de rizóbios com leguminosas na fixação biológica do nitrogênio exerce importante impacto na produtividade sustentável de grãos e na economia de recursos, uma vez que, apenas na produção de soja, o Brasil economiza aproximadamente 10 bilhões de dólares anuais com a inoculação de *Bradyrhizobium*, em substituição aos fertilizantes minerais nitrogenados (Hungria & Mendes, 2015).

Embora o Brasil seja o terceiro maior produtor de feijão-caupi do mundo, a produtividade média ainda é considerada baixa, variando de 400 a 2.000 kg.ha⁻¹, dependendo do sistema de manejo e da região de cultivo (Freire Filho et al., 2011). Esse contexto vem sendo modificado devido melhorias no manejo da cultura, como a inoculação de sementes com bactérias fixadoras de nitrogênio, prática aplicada em cerca de 100.000 hectares (Freire Filho et al., 2011).

O Ministério da Agricultura, pecuária e Abastecimento mantém uma lista atualizada de rizóbios recomendados para mais de 50 culturas, incluindo grãos, forrageiras e outras (MAPA, 2018). Segundo Hungria & Mendes (2015), a estirpe de *Bradyrhizobium pachyrhizi* (BR 6232) é considerada específica para inoculação em feijão-caupi. Estudos realizados em ambientes controlados e em condições de campo, têm mostrado resultados significativos para várias características, por meio da fixação biológica (Alcântara et al., 2014).

Diante do contexto, o presente trabalho teve por objetivo avaliar os efeitos da inoculação da bactéria *Bradyrhizobium pachyrhizi* (BR 3262) no desenvolvimento e produtividade de linhagens de feijão-caupi, como fonte alternativa ao fornecimento de nitrogênio às plantas.

3.2.2. REVISÃO DE LITERATURA

3.2.2.1. Nitrogênio na cultura do feijão-caupi

O nitrogênio é um dos macronutrientes mais requeridos pelo feijão-caupi, exigindo, para seu completo desenvolvimento, um aporte superior a 100 kg ha⁻¹ (Freire Filho, 2005). Por isso, este nutriente representa importância fundamental no incremento da produção de grãos e nos níveis de teores proteicos (Hirel et al., 2007; Taiz & zeiger, 2013).

Uma das principais formas de disponibilizar nitrogênio às plantas é através da aplicação de fertilizantes minerais nitrogenados. Entretanto, o nitrogênio pode apresentar baixa disponibilidade devido a perdas por lixiviação ou baixos teores no solo e conseqüentemente, resposta insuficiente, ocasionando elevação dos custos de produção e o desequilíbrio dos agroecossistemas (Soratto et al., 2003; Hungria et al., 2006; Thorburn et al., 2011).

O N é absorvido pelas plantas, principalmente nas formas de nitrato (NO₃⁻) e o amônio (NH₄⁺), sendo que sua absorção e assimilação dependem de diversos fatores, como sua disponibilidade no solo, espécies vegetais, estado fisiológico, concentração de CO₂, pH, temperatura e intensidade de luz (Andrews et al., 2013, Esteban et al., 2016a). No metabolismo e fisiologia das plantas, as formas NO₃⁻ e NH₄⁺ agem de forma diferente, afetando não apenas a assimilação de N, mas

também a respiração radicular, relações hídricas, fotossíntese e metabolismo secundário da planta (Nakamura et al., 2010; Britto & Kronzucker, 2013).

O mecanismo de desnitrificação constitui uma via alternativa da respiração sob em que os organismos sob restrição de oxigênio reduzem o nitrato (NO_3) a nitrito (NO_2) utilizando as enzimas NO_3 redutase codificadas pelos genes *narG/napA*. As enzimas nitrito redutase codificadas pelos genes *nirS / nirK* reduzem NO_2 a óxido nítrico (NO) e a NO redutase codificada pelos genes *norB/norC* reduz o NO em óxido nitroso (N_2O), sendo este reduzido pela enzima N_2O redutase, codificada pelo gene *nosZ*. Esse processo é responsável pela formação do nitrogênio molecular como produto principal disponível para as plantas, uma vez que esse é o mecanismo da fixação biológica do nitrogênio (Bueno et al., 2011). Todavia, alguns organismos não dispõem de capacidade para redução de NO e N_2O , e como consequência provoca a liberação de gases responsáveis pelo efeito estufa e as mudanças climáticas globais (Hellin et al., 2012).

Nessa perspectiva, as leguminosas são as únicas plantas superiores que se sobressaem pela capacidade de associar-se a bactérias fixadoras de nitrogênio estabelecendo uma simbiose capaz de promover o aumento da produtividade de diversas culturas de interesse agrônomo em diversas partes do mundo (Meade et al., 2016).

3.2.2.2. Fixação do nitrogênio

A fixação biológica do nitrogênio (FBN) é promovida por bactérias conhecidas como rizóbios, por meio da atividade da enzima nitrogenase, responsável pela conversão do (N_2) em amônia (NH_3), quando em simbiose com leguminosas. Essas bactérias formam uma parte importante da microbiota do solo e exercem grande impacto biotecnológico na produção de grãos. Estima-se que o Brasil economiza anual cerca de US\$ 10 bilhões na produção de soja com o uso da inoculação de *Bradyrhizobium* em substituição às fontes de nitrogênio sintetizados pela indústria química (Hungria & Mendes, 2015).

No sistema radicular das plantas, os rizóbios induzem a formação de órgãos especiais conhecidos como nódulos, onde desempenham suas atividades simbióticas. Nos nódulos, os rizóbios se diferenciam em bacterióides capazes de reduzir o nitrogênio atmosférico em amônio, assimilável pelas plantas, obtendo em

contrapartida carbono e ambiente adequado ao seu desenvolvimento (Oldroyd et al., 2011).

A nodulação é um processo complexo de troca de sinais moleculares entre o rizóbios e as plantas, possibilitando a identificação de rizóbios compatíveis e possíveis patógenos potenciais. Na identificação, flavonoides específicos exsudam do sistema radicular de leguminosas hospedeiras, interagindo especificamente com a proteína rizobial NodD, essas proteínas ligam-se de forma específica a sequências de promotores, onde ocorre a ativação e transcrição de genes responsáveis pela nodulação (Cullimore et al., 2001; Radutoiu et al., 2007).

Há significativa diversidade de espécies de *Bradyrhizobium* que desempenham função simbiótica com leguminosas de importância econômica, como a soja (Xu et al., 1995; Delamuta et al., 2013), feijão-fava (Durán et al., 2014), amendoim (Steenkamp et al., 2008) e outras leguminosas tropicais (Ramírez-Bahena et al., 2009; López-López et al., 2013; Delamuta et al., 2015) e temperadas (Vinuesa et al., 2005a; Stepkowski et al., 2007).

Em função desta variabilidade, no processo de identificação e caracterização de espécies de *Bradyrhizobium* frequentemente são usados vários marcadores moleculares como *recA*, *glnII*, *atpD*, *dnaK*, *gyrB* e *rpoB* (Vinuesa et al., 2005b; Rivas et al., 2009; Delamuta et al., 2012).

Avanços significativos têm sido alcançados no estudo da diversidade de *Bradyrhizobium* com leguminosas nativas na África (Gronemeyer et al., 2017; Jaiswal & Dakora, 2019; Puozaa et al., 2019), Brasil e Índia (Santos et al., 2017; Rathi et al., 2018), além de novas espécies relatadas por (Yao et al., 2015; Araujo et al., 2017; Gronemeyer et al., 2017; Helene et al., 2017; Bungler et al., 2018).

No Brasil, o Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento mantém uma relação constantemente atualizada de estirpes de rizóbios indicados para aproximadamente cinquenta culturas (MAPA, 2018). Segundo Delamuta et al., (2013); Menna et al., (2009), novos trabalhos de caracterização têm sido realizados, o que resultou na recomendação de aproximadamente cinco espécies.

A produção brasileira de feijão-caupi é estimada em 500.000 toneladas por ano, com produtividade de 400 a 2.000 kg ha⁻¹, ocupando a terceira posição mundial. Nos últimos anos, há um incremento na produção devido as melhorias no sistema de cultivo, como o uso da inoculação de sementes com bactérias fixadoras de nitrogênio (Freire Filho, 2011).

3.2.2.3. *Bradyrhizobium pachyrhizi* (BR 3262)

As bactérias do gênero *pachyrhizus* associa-se a diversas espécies de leguminosas produtoras de raízes e tubérculos, identificadas, principalmente na América Central, exploradas como fontes de amido, óleo e proteína (Rodríguez-Navarro et al., 2004; Ramírez-Bahena et al., 2009).

Há uma grande diversidade genética entre as estirpes de *Bradyrhizobium*, de modo que as análises do gene 16S rRNA sugere que o gênero foi dividido em dois grandes grupos o *Bradyrhizobium japonicum* e *Bradyrhizobium elkanii* (Menna et al., 2009; Hungria et al., 2015; Ramírez-Bahena et al., 2009; Delamuta et al., 2013). Segundo Ramírez-Bahena et al., (2009), a espécie *Bradyrhizobium pachyrhizi* foi descrita na Costa Rica, como pertencente ao grupo *Bradyrhizobium elkanii*, sendo seu genoma do tipo PAC48T (= LMG 24246T = CECT 7396T = CNPSO 2077T), isolado de um nódulo *Pachyrhizus erosus*.

No Brasil, a estirpe *Bradyrhizobium pachyrhizi* (BR 3262) pôde ser utilizada para inoculação em feijão-caupi (MAPA, 2018), onde foram conduzidos diversos experimentos tanto em campo, quanto em condições controladas, mostrando resultados significativos na produtividade do feijão-caupi pelo acúmulo de nitrogênio através do processo de fixação biológica (Alcantara et al., 2014).

Soares et al., (2006), ressaltam que essa estirpe proporcionou fornecimento eficiente de nitrogênio para o feijão-caupi e conseqüentemente obteve aumento na produtividade de grãos, entretanto, diversos fatores relacionados ao meio ambiente e os simbiossomas podem interferir no sucesso da associação, causando ausência de resposta à inoculação. Populações nativas de rizóbios, propriedades físicas e químicas do solo, época de plantio e o cultivar utilizado são alguns dos fatores de interferência no sucesso da inoculação (Herridge e Holland, 1993; Sanginga et al., 2002; Bidlack et al., 2001; Freitas et al., 2003; Lombardi et al., 2009). Ao avaliar a eficácia do *Bradyrhizobium yuanmingense* cepas em diferentes locais na República Dominicana, Araujo et al. (2015) observaram interação significativa entre os locais e os tratamentos onde os experimentos foram realizados, indicando que há variabilidade genética entre os genótipos testados e influência dos fatores ambientais atuantes.

3.2.3. MATERIAL E MÉTODOS

3.2.3.1. Material genético utilizado e condução dos experimentos

Os genótipos de feijão-caupi utilizados nos experimentos fazem parte do banco de germoplasma da Embrapa Meio Norte, consistindo de seis linhagens e dois cultivares comerciais, conforme (Tabela 6). Esses materiais fazem parte do conjunto de genótipos que foram testados em ensaios de competição nos municípios de Cambuci e Bom Jesus do Itabapoana nos anos de 2016, 2017 e 2018, os quais obtiveram produtividade acima da média geral.

Tabela 6. Relação dos genótipos de feijão-caupi utilizados, pertencentes a dois grupos comerciais, oriundos da Embrapa Meio-Norte.

Nº	Código	Parentais/Procedência	Subclasse Comercial ⁽¹⁾
1	Bico-de-ouro 1-5-24	Seleção de plantas individuais com teste de progênie, a partir de plantas coletadas no estado do Mato Grosso.	ML
2	Pingo-de-ouro 1-5-4	Seleção de plantas individuais com teste de progênie a partir de plantas coletadas na região semiárida do Piauí.	ML
3	Pingo-de-ouro 1-5-26		ML
4	Pingo-de-ouro 1-5-8		ML
5	Pingo-de-ouro 1-5-14		ML
6	MNC06-895-1		CB-27 X MNC05-820B-173-2
7	BRS Tumucumaque	TE96-282-22G X IT87D-611-3	BR
8	BRS Itaim	MNC01-625E-10-1-2-5 X MNC99-544D-10-1-2-2.	FR

⁽¹⁾ ML- Mulato; FR- Fradinho; BR- Branco

Os experimentos foram instalados e conduzidos em casa de vegetação de agosto de 2020 a janeiro de 2021, na Empresa de Pesquisa Agropecuária do Estado do Rio de Janeiro – (PESAGRO), localizada a 21° 19' 23" S e 41° 19' 40" W, com altitude média de 25 m, município de Campos dos Goytacazes, Região Norte do Estado do Rio de Janeiro. O clima da região Norte Fluminense é do tipo Aw, tropical quente e úmido, com período seco no inverno e chuvoso no verão (Köppen, 1948), com precipitação anual média em torno de 1152 mm (INMET, 2021).

Durante a condução dos experimentos, foram coletadas informações relacionadas as condições meteorológicas locais como, temperatura máxima, temperatura média, temperatura mínima, precipitação e umidade relativa do ar (Figura 7).

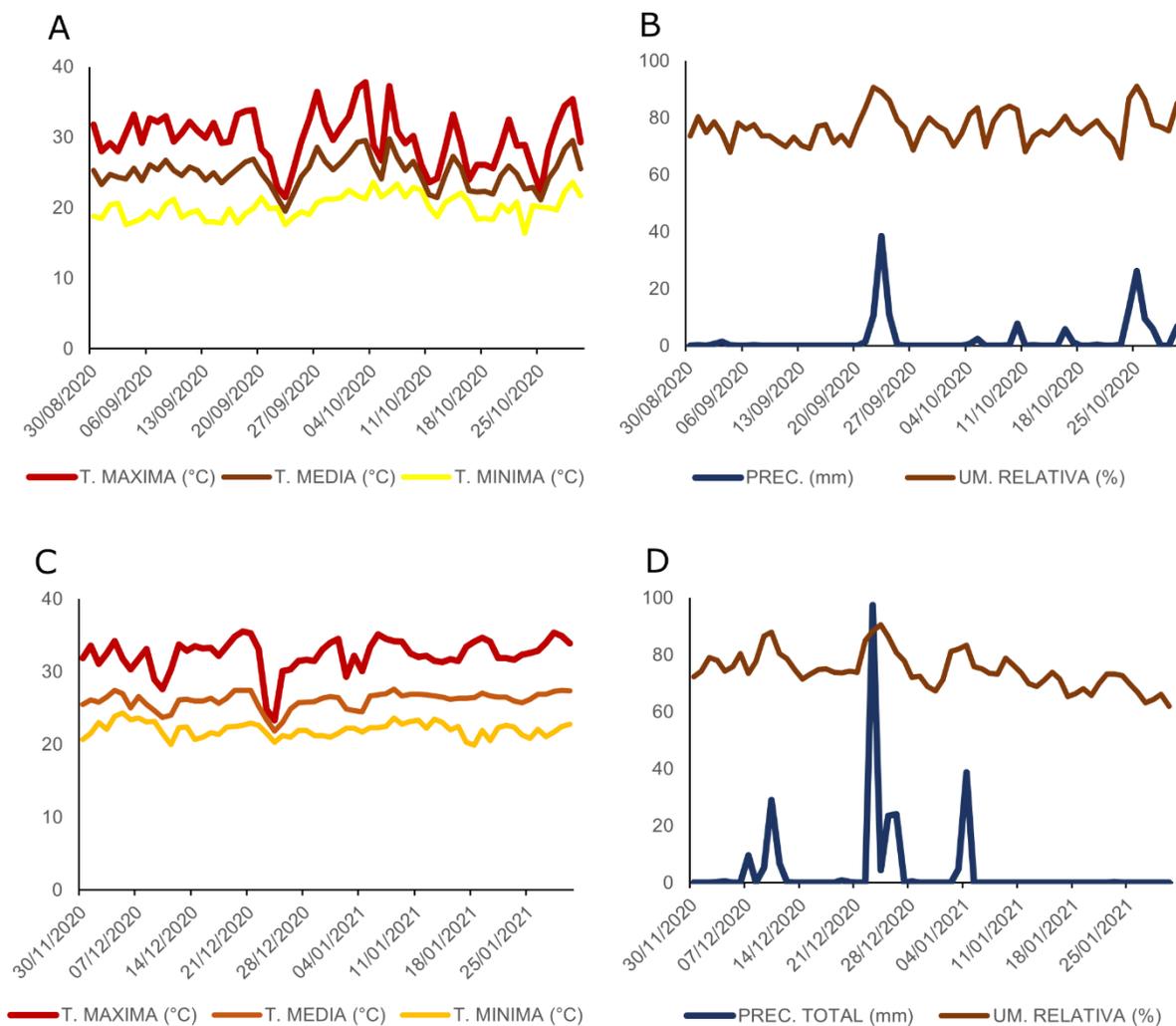


Figura 7. Temperatura, precipitação e umidade relativa do ar das nas épocas de condução dos experimentos, 30/08 a 30/10/20 (A e B) e 30/11/20 a 30/01/21 (C e D), respectivamente, Campos dos Goytacazes-RJ.

Foram realizados dois experimentos, o primeiro de agosto a outubro de 2020 e o segundo de novembro de 2020 a janeiro de 2021. Em cada experimento, haviam dois ambientes contrastantes quanto a disponibilidade de N, presença e ausência, sendo que em cada ambiente de N foi utilizado esquema fatorial triplo (8x2x2), sendo oito genótipos, semente inoculada com *Bradyrhizobium pachyrhizi* (B1) e

semente sem inoculação (B2) e duas épocas 30/08 a 30/10/20 e 30/11/20 a 30/01/21. O delineamento utilizado foi de blocos ao acaso com quatro repetições.

Foi utilizado espaçamento de 0,50 metros entre linhas e 0,30 metros entre plantas. A unidade experimental foi constituída de um vaso com capacidade de 5 litros a base do substrato comercial Basaplant, contendo uma planta por vaso, após a realização do desbaste aos 10 dias após a emergência. As parcelas com nitrogênio receberam adubação de 4g, na proporção de 120 kg de nitrogênio por hectare, utilizando-se como fonte de nitrogênio a ureia, aos 15 dias após a emergência. A irrigação foi realizada de forma manual e de acordo com as necessidades hídricas da cultura.

3.2.3.2. Produção da bactéria *Bradyrhizobium pachyrhizi* e inoculação das sementes de feijão-caupi

O inoculante foi produzido em laboratório no Centro de Recursos Biológicos Johanna Döbereiner (CRB-JD), pertencente à Embrapa Agrobiologia, situada na Rodovia BR-465, Km 47, município de Seropédica-RJ. Os inoculantes foram preparados cultivando-se as bactérias em meio de cultura YM (Fred & Waskman, 1928), seguido de incubação sob agitação a (28°C por 96 h).

Após o preparo do inoculante, as sementes de feijão-caupi foram desinfestadas à base de álcool 70% por três minutos, em seguida, imersas em hipoclorito por 10 minutos e, posteriormente, lavadas por dez vezes com água filtrada e destilada ultrapura. Procedeu-se à inoculação das sementes no momento da semeadura, aplicando-se 0.5 mL/semente contendo aproximadamente 600.000 unidades formadoras de colônias por mililitro.

3.2.3.3. Características avaliadas

As características avaliadas foram massa seca da parte aérea (MSPA), dada pelo peso em gramas (g); massa seca de raiz (MSRZ), dada pelo peso total em gramas (g), comprimento de raiz (COMPRZ), dado em centímetro (cm); número de nódulos (NNOD), dado pela contagem dos nódulos totais, com o auxílio do software ImageJ; peso de nódulos (PNOD), dado em (mg), comprimento de vagem (COMPV), dado em centímetros (cm) número de vagem por planta (NVP), determinado pela contagem de vagem totais de cada planta; número de grãos por

planta (NGP), dado pela contagem de grãos de cada planta e peso de grãos por planta (PGP), dado pelo peso total de grãos de cada planta em gramas (g).

Aos 60 dias após a emergência, estágio (V5) vagens com grãos desenvolvidos e fase de colheita, as plantas foram coletadas separando-se as raízes da parte aérea, na altura do nó cotiledonar. Os nódulos destacados foram contados e juntamente com a parte aérea das plantas foram secos em estufa (60°C por 72 h) para determinação da massa de nódulos e da parte aérea. Para contagem dos nódulos foi utilizado o software “ImageJ” (Rueden et al., 2017).

As amostras de raízes acondicionadas em álcool foram utilizadas na determinação do comprimento de raiz, por meio da digitalização de imagem, utilizando scanner HP Scanjet 4c/T e o software WinRHIZO Reg. 3.8b (Regent Instruments Inc.). WinRHIZO é um sistema de análise de imagem projetado especificamente para medição de raiz em diferentes formas, como análises morfológicas (comprimento, volume, área), topologia, arquitetura e de cor. O equipamento é composto por um programa de computador e componentes de aquisição de imagens que podem ser associados para atender diferentes tipos de demandas (Rueden et al., 2017).

3.2.3.4. Análises genético-estatísticas

As análises conjuntas foram realizadas considerando os dois experimentos dentro de cada condição de disponibilidade de N, de acordo com o seguinte modelo estatístico:

$$Y_{ijkm} = \mu + (B/L)/A_{jkm} + G_i + A_j + L_k + GA_{ij} + GL_{ik} + AL_{jk} + GAL_{ijk} + E_{ijk},$$

Em que:

Y_{ijkm} : é a observação da i-ésima linhagem no j-ésimo experimento na k-ésima bactéria no m-ésimo bloco

μ : média geral

$(B/A)L_{jkm}$: efeito do bloco m-ésimo bloco dentro do j-ésimo experimento e da k-ésima bactéria;

G_i : efeito fixo da i-ésima linhagem

A_j : efeito fixo do j-ésimo experimento

L_k : efeito fixo da k-ésima bactéria (k=1, 2) (presença e ausência de bactéria)

GA_{ij}: efeito fixo da interação entre a i-ésima (i= 1,2 ... 8) linhagem com o j-ésimo experimento (j= 1, 2)

GL_{ik}: efeito fixo da interação entre a i-ésima linhagem com o k-ésima bactéria

AL_{jk}: efeito fixo da interação entre o j-ésimo experimento com a k-ésima bactéria

GAL_{ijk}: efeito fixo da interação entre a i-ésima linhagem com o j-ésimo experimento com a k-ésima bactéria

E_{ijk}: erro associado a observação **Y_{ijklm} ~ NID (0, σ)**.

3.2.3.5. Parâmetros genéticos

Os parâmetros genéticos foram estimados usando os quadrados médios da análise de variância. O coeficiente de determinação genotípica (\hat{H}^2) foi estimado usando a seguinte expressão: $\hat{H}^2 = (QMg - QMr)/QMg$, em que QMg : corresponde ao quadrado médio do genótipo; QMr : corresponde ao quadrado médio do erro; coeficiente de variação genotípico (CV_g), obtido por $CV_g = 100 \times \frac{\sqrt{(QMg - QMr)/re}}{\mu}$, onde r, e e μ correspondem a repetição, efeito de experimento e média geral, respectivamente; coeficiente de variação experimental (CV_e), obtido por $CV_e = 100 \times \frac{\sqrt{QMr}}{\mu}$; e o índice de variação (\hat{I}_v), estimada por $\hat{I}_v = CV_g/CV_e$. As análises estatísticas foram realizadas com o auxílio dos programas computacionais GENES (Cruz et al., 2013) e a análise gráfica com o pacote GGE BiplotGui no software R (R core Team, 2017).

3.2.4. RESULTADOS E DISCUSSÃO

Os resultados da análise de variância demonstram que houve efeitos significativos a ($p \leq 0,01$) para as fontes de variação genótipo e bactéria na presença de nitrogênio (Ambiente) para a maioria das características avaliadas. Isso demonstra a existência de variabilidade genética entre as linhagens avaliadas quanto a inoculação de *Bradyrhizobium pachyrhizi* (Tabela 7).

A análise mostrou ainda que houve diferenças significativas ($0,01 \leq p \leq 0,05$) nas interações (genótipo x bactéria) e tripla (genótipo x bactéria x ambiente) para

quase todas as características analisadas, indicando que houve um desempenho diferenciado das linhagens sob inoculação e nos ambientes de teste, ou seja, na presença de nitrogênio, sendo possível mudanças de desempenho dessas linhagens dependendo do tipo de tratamento a que forem submetidas.

Oliveira et al., (2017) relataram interações significativas para as variáveis número de grãos por planta e peso de grãos por planta em genótipos de feijão-caupi sob inoculação e estresse hídrico. Os mesmos autores identificaram interação tripla para peso de grãos por planta, corroborando com a presente pesquisa.

Os coeficientes de variação experimental variaram entre 10,87 para a característica (COMPV) e 45,46 para a característica (NGV), respectivamente. A maioria desses valores são considerados de alta magnitude, porém aceitáveis, por serem características quantitativas e de natureza poligênica, muito influenciadas pelo ambiente (Pimentel-Gomes, 2009; Ramalho, 2012).

Em outro cenário, na ausência de nitrogênio, também houve resultados significativos para os efeitos de genótipo e bactéria ($p \leq 0,01$) na maioria das características avaliadas. Esses resultados demonstram a consistência da variabilidade genética das linhagens utilizadas pelas diferenças de desempenho sob inoculação de *Bradyrhizobium pachyrrhizi* na presença de nitrogênio (Tabela 7) ou ausência (Tabela 8), fato que favorece a seleção de genótipos superiores para as características avaliadas.

Houve efeito altamente significativo na interação genótipo x bactéria no desempenho das linhagens para todas as características, exceto NGV e NVP. Galindo et al., (2020) observaram interação significativa na inoculação de *Bradyrhizobium* em genótipos de feijão-caupi na ausência de nitrogênio quanto a produtividade de grãos.

Semelhante ao observado na análise anterior, os coeficientes de variação experimental se mantiveram altos para a maioria das características, neste caso, na ausência de nitrogênio, porém, por fatores intrínsecos relativos as características avaliadas como já mencionado. Os distintos desempenhos das linhagens demonstram a necessidade de realizar experimentos a campo com o intuito de confirmar os resultados obtidos em casa de vegetação

Tabela 7. Estimativas de quadrados médios das características massa seca da parte aérea (MSPA), massa seca de raiz (MSRZ), comprimento de raiz (COMPRZ), número de nódulos (NNOD), peso de nódulos (PNOD), comprimento de vagem (COMPV), número de vagem por planta (VNP), número de grãos por planta (NGP) e peso de grãos por planta (PGP), de linhagens de feijão-caupi sob inoculação de bactéria e aplicação de nitrogênio.

FV	GL	QM								
		MSPA	MSRZ	COMPRZ	NNOD	PNOD	COMPV	NVP	NGP	PGP
BL/Experimento/Bactéria	12	100,92	0,290	3143297,28	11,963	0,095	4,69	9,76	1093,1	21,3
Genótipo (G)	7	1686,61**	6,633**	13042854,09**	80,248**	0,234**	21,47**	20,14**	4181,1**	170,9**
Experimento (E)	1	4480,73**	23,256**	7148902,14	9,298	7,483**	188,25**	24,50	707,8	2081,8**
Bactéria (B)	1	371,34	3,577**	844595,42	1627,63**	2,406**	0,02	24,51	3331,3	86,7
G x E	7	408,07**	8,201**	3624491,31	37,436**	0,134*	5,71	5,93	1419,1	75,2**
G x B	7	476,88**	7,255**	4412175,16*	48,686**	0,139*	16,15**	1,75	572,5	88,4**
E x B	1	591,59*	38,062**	16561,77	166,805**	0,301	1,89	0,03	962,5	0,3
G x E x B	7	898,86**	7,919**	2093829,01	44,003**	0,155**	14,33**	3,42	781,4	107,4**
Resíduo	84	58,04	0,681	1913473,72	9,225	0,050	3,87	5,97	781,7	26,3
Média		37,32	3,01	4699,822	8,142	0,537	18,11	5,92	61,51	17,56
CV (%)		20,41	27,46	29,43	37,30	41,75	10,87	41,28	45,46	29,18

* e ** significativo 5% e 1%, pelo teste F respectivamente

Tabela 8. Estimativas de quadrados médios das características massa seca da parte aérea (MSPA), massa seca de raiz (MSRZ), comprimento de raiz (COMPRZ), número de nódulos (NNOD), peso de nódulos (PNOD), comprimento de vagem (COMPV), número de vagem por planta (VNP), número de grãos por planta (NGP) e peso de grãos por planta (PGP), de linhagens de feijão-caupi sob inoculação de bactéria e ausência de nitrogênio.

FV	GL	QM								
		MSPA	MSRZ	COMPRZ	NNOD	PNOD	COMPV	NVP	NGP	PGP
BL/Experimento/Bactéria	12	261,00	2,28	2691027,98	1,73	0,013	5,2	1,4	1103,8	9,5
Genótipo (G)	7	1199,44**	12,43**	14477521,71**	28,91**	0,057**	37,9**	67,5**	13828,5**	268,7**
Experimento (E)	1	481,93	2,65	30970594,61**	19,32**	2,381**	3,6	81,3**	26,3	2625,3**
Bactéria (B)	1	528,41	6,36	9024270,72	421,12**	0,405**	0,3	24,5**	1785,1	1212,7**
G x E	7	493,47	6,78**	1165425,84	1,46	0,006	6,5	29,7**	1066,7	63,1**
G x B	7	255,21	2,35	2727247,82	4,42	0,013	7,7	62,1**	2544,6	107,9**
E x B	1	11,32	3,17	4585111,18	17,83**	0,190**	12,7	42,8**	120,1	579,3**
G x E x B	7	100,99	1,69	2647954,16	1,88	0,009	10,2	46,1**	2107,6	182,4**
Resíduo	84	248,45	1,54	1412788,72	2,58	0,014	5,8	4,5	1301,3	18,2
Média		39,95	3,21	4544,95	4,68	0,286	17,61	6,65	69,09	18,4
CV (%)		39,45	38,72	26,15	34,33	41,66	13,66	31,74	52,21	23,23

** significativo a 1% pelo teste F.

Entre os parâmetros genéticos estudados em uma população, o coeficiente de variação genético exerce importância fundamental, pois permite inferir sobre a magnitude da variabilidade presente na população para os caracteres em estudo (Ferrão et al., 2008). Dessa forma, observa-se a existência de variabilidade genética entre as linhagens avaliadas para todas as características, tanto na presença quanto na ausência de nitrogênio, com uma amplitude de 5,79 a 27,03 para as características comprimento de vagem (COMPV) e massa seca da parte aérea (MSPA) e 8,04 a 40,49 para as características (COMPV) e número de grãos por planta (NGP), respectivamente (Tabela 9).

Os coeficientes de determinação genotípico foram considerados de alta magnitude para todas as características tanto na presença como na ausência de nitrogênio, com amplitude de 70,3 a 96,6 para as características (NVP) e (MSPA), e 75,4 a 93,4 para as características peso de nódulos (PNOD) e número de vagem por planta (NVP), respectivamente. Altos valores dos coeficientes de determinação genotípico e do coeficiente de variação genético são indicativos de maior variabilidade genética, e conseqüentemente elevada acurácia seletiva possibilitando sucesso na seleção de linhagens superiores de feijão-caupi (Storck & Ribeiro, 2011).

A razão CV_g/CV_e tem por finalidade indicar o grau de facilidade com que a seleção de indivíduos superiores é praticada para cada característica em estudo (Cruz et al., 2012). Dessa forma, as características (MSPA) na presença de nitrogênio e as características (NVP) e (PGP) na ausência de nitrogênio, foram as que mais contribuíram para a seleção de linhagens superiores de feijão-caupi. As demais variáveis obtiveram valores de baixas a médias magnitudes.

Os efeitos genotípicos e das interações (Tabela 9), são condizentes com as condições em que as linhagens foram testadas, tendo em vista a especificidade da bactéria e a diversidade genética das linhagens para todas as características avaliadas, provocando desempenho diferencial e conseqüentemente, permitindo selecionar linhagens superiores para as características de interesse (Zilli et al., 2004).

Tabela 9. Estimativas de parâmetros genéticos e ambientais de linhagens de feijão-caupi sob inoculação da bactéria *Bradyrhizobium pachyrhizi* para as características massa seca da parte aérea (MSPA), massa seca de raiz (MSRZ), comprimento de raiz (COMPRZ), número de nódulos (NNOD), peso de nódulos (PNOD), comprimento de vagem (COMPV), número de vagem por planta (VNP), número de grãos por planta (NGP) e peso de grãos por planta (PGP), campos dos Goytacazes-RJ.

Fonte de variação	MSPA	MSRZ	COMPRZ	NNOD	PNOD	COMPV	NVP	NGP	PGP
	Presença de nitrogênio								
Φ_G	101,78	0,372	695586,27	4,439	0,011	1,09	0,885	212,46	9,041
Φ_{GA}	51,01	1,025	453061,41	4,679	0,017	0,72	0,741	177,38	9,401
Φ_{GB}	52,35	0,822	312337,68	4,933	0,011	1,53	0,528	26,15	7,764
Φ_{GAB}	210,20	1,809	45088,82	8,694	0,026	2,62	0,638	0,08	20,271
Variância residual	58,05	0,681	1913473,72	9,225	0,050	3,88	5,976	781,72	26,264
Coeficiente de det. genotípico (\hat{H})	96,6	89,7	85,3	88,5	78,5	81,9	70,3	81,3	84,6
Coeficiente de variação genético (%)	27,03	20,30	17,75	25,89	19,93	5,79	15,89	23,69	17,12
Razão CVg/CVe	1,32	0,739	0,61	0,694	0,477	0,53	0,385	0,52	0,586
Ausência de nitrogênio									
Φ_G	59,44	0,680	816545,81	1,645	0,003	2,01	3,941	782,95	15,67
Φ_{GA}	61,68	0,848	145678,23	0,183	0,001	0,81	3,718	133,34	7,88
Φ_{GB}	0,844	0,101	164307,39	0,223	0,001	0,24	7,201	155,42	11,22
Φ_{GAB}	36,86	0,038	308791,36	0,176	0,002	1,10	10,401	201,58	41,06
Variância residual	248,45	1,544	1412788,72	2,584	0,014	5,79	4,463	1301,26	18,19
Coeficiente de det. genotípico (\hat{H})	79,3	87,6	90,2	91,1	75,4	84,7	93,4	90,6	93,2
Coeficiente de variação genético (%)	19,29	25,69	19,88	27,39	18,23	8,04	29,82	40,49	21,55
Razão CVg/CVe	0,49	0,663	0,76	0,798	0,437	0,59	0,939	0,77	0,93

A análise *biplot* “*which-won-where*” da interação linhagens x características demonstrou que os dois primeiros componentes principais explicaram 61,52% e 74,47% da variação total, com aplicação e ausência de nitrogênio, respectivamente (Figuras 8 e 9). Essa condição possibilita a seleção de linhagens superiores para as características estudadas, pela segurança e facilidade de interpretação dos resultados (Yan et al., 2001), uma vez que a visualização vetorial a partir do *biplot* é considerada adequada quando os dois primeiros componentes principais explicam ($\geq 50\%$) da variação total existente (Yan et al., 2000; Yan, 2002).

As linhagens classificadas como de desempenho superior para as características desejadas são visualizadas no *biplot* pela sua posição sobre os vértices formados em relação a origem. Dessa forma, as linhagens posicionadas nos vértices são as mais responsivas para as características associadas ao respectivo setor formado (Yan et al., 2001; Santos et al., 2017; Cruz et al., 2020). De modo contrário, linhagens alocadas no centro do polígono são menos responsivas em relação as que estão posicionadas nos vértices correspondentes.

O conjunto de características formou seis setores distintos. Setor 1, formado pelas características número de nódulos (NNOD), peso de nódulos (PNOD) e massa seca de raiz (MSRZ), setor 2 pela variável (MSPA), os setores 3 e 4, embora apresentem os tratamentos G4B2 e G2B2 e G7B2 posicionados nos vértices não apresentam importância, pois não estão associados com nenhuma característica. O setor 5 foi formado pela característica comprimento de vagem (COMPV) e setor 6 pelas variáveis número de vagem por planta (NVP), número de grãos por planta (NGP) e peso de grãos por planta (PGP).

Assim, os tratamentos (G8B1) e (G4B1) destacaram-se no setor 1 por apresentar maior massa seca de raiz, maior número de nódulos e peso de nódulos superior. No setor 2 destacaram-se como superiores os tratamentos (G6B2) e (G8B2), conferindo maior massa seca da parte aérea. O tratamento (G1B2) obteve desempenho superior para a variável comprimento de vagem no setor 5. Tratando-se do setor 6, os tratamentos (G1B1), (G2B1) e (G5B1), destacaram-se como superiores, conferindo maior número de vagem por planta, número de grãos por vagem e peso de grãos por planta, respectivamente.

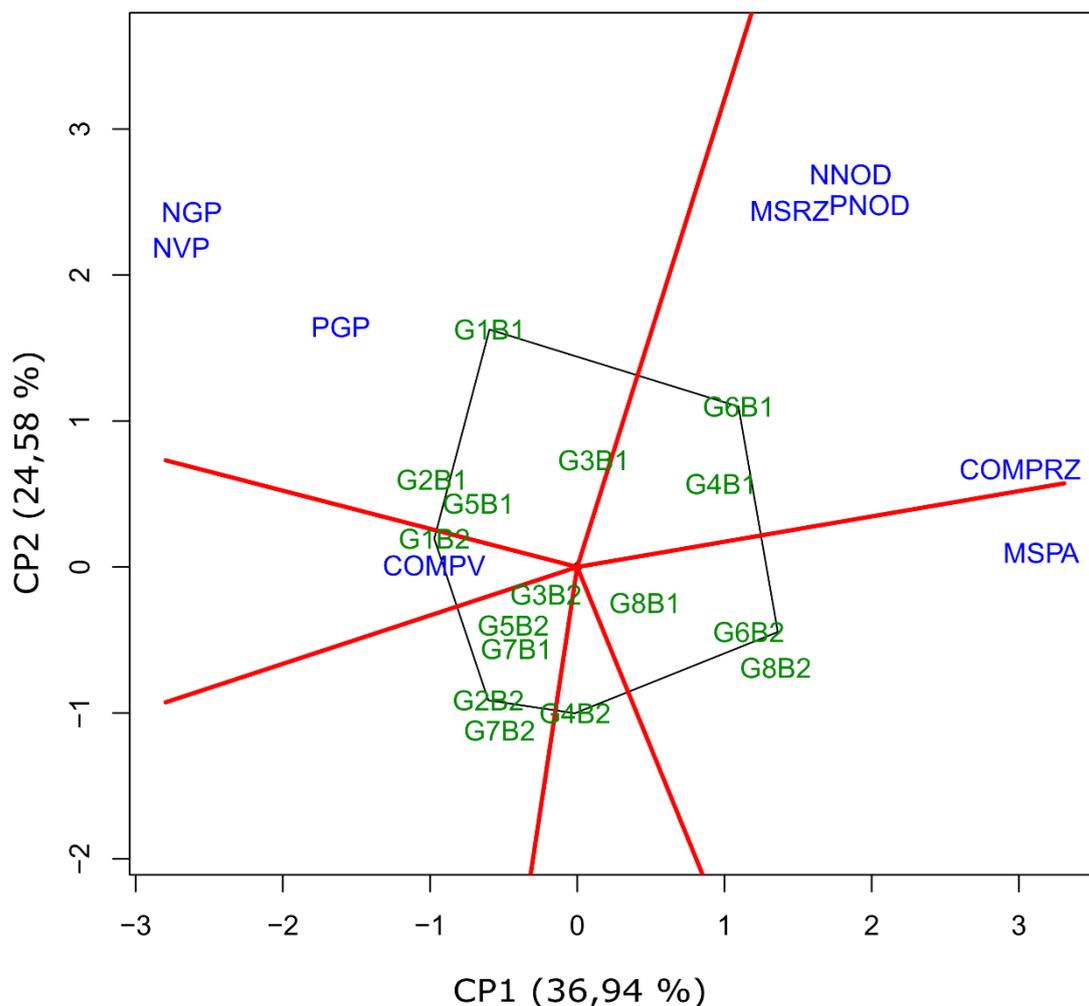


Figura 8. Biplot “which-won-where” de linhagens de feijão-caupi sob efeito de inoculação da bactéria *Bradyrhizobium pachyrhizi* (B1) e aplicação de nitrogênio.

A inoculação da bactéria *Bradyrhizobium pachyrhizi* com aplicação de nitrogênio apresentou-se eficiente no desenvolvimento das linhagens de feijão-caupi, uma vez que os tratamentos G1B1, G2B1, G4B1, G5B1 e G6B1 apresentaram-se nos vértices de seus respectivos setores, conferindo superioridade às características avaliadas, em detrimento aos tratamentos posicionados no centro do polígono. Zilli et al 2009 e Marinho et al., 2014 obtiveram resultados significativos na inoculação de *Bradyrhizobium pachyrhizi* com incremento na produtividade de grãos, número de nódulos, massa seca de nódulos e massa seca de raiz em genótipos de feijão-caupi.

Na ausência de nitrogênio, foi possível a formação de apenas três setores distintos. O primeiro formado pela variável (COMPV). O segundo setor composto

pelas características (NVP), (NGP) e (PGP). Já o terceiro setor formou-se pelas variáveis ligadas ao sistema radicular e a parte aérea da planta como (COMPRZ), (MSPA), (PNOD), (NNOD) e (MSRZ). O primeiro setor embora tenha alocado uma variável, não possui nenhum tratamento associado no seu respectivo vértice (Figura 9).

No segundo setor, o tratamento (G1B1) posicionado no vértice foi o que apresentou desempenho superior, conferindo maiores médias de número de grãos por planta, número de vagem por planta e peso de grãos por planta. O terceiro setor destacou-se o tratamento (G8B1), favorecendo maiores médias para as variáveis (COMPRZ), (MSPA), (PNOD), (NNOD) e (MSRZ). Os tratamentos (G7B2), (G1B2), (G6B1) e (G8B2) embora tenham sido alocados nos vértices, não possuem variáveis a eles associadas e, portanto, são considerados de desempenho inferior.

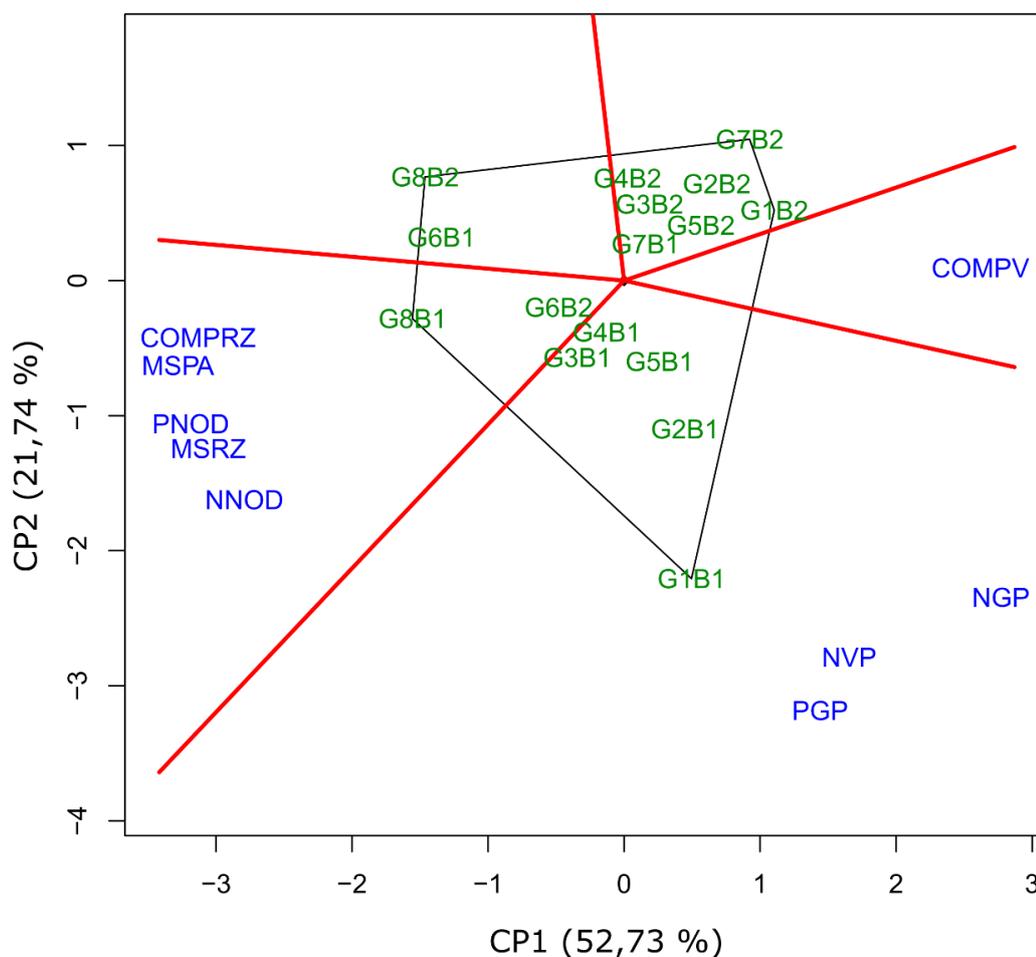


Figura 9. Biplot “which-won-where” de linhagens de feijão-caupi sob efeito de inoculação da bactéria *Bradyrhizobium pachyrrhizi* e sem aplicação de nitrogênio.

Na avaliação de genótipos superiores é de fundamental importância que os mesmos tenham elevado desempenho médio e alta estabilidade, sendo o *biplot* uma ferramenta bastante eficaz nesse tipo análise (Yan, 2011). Observando a (Figura 10), o círculo pequeno representa o “ambiente-média”, definido pelas coordenadas médias de todos os ambientes de teste que compõem o *biplot*. Logo, a linha reta de seta única que passa pela origem do *biplot* e do ambiente-média é tido como o “eixo do ambiente-média” ou EAM. Essa seta encontra-se apontada na direção do maior desempenho médio dos genótipos e, a linha que passa pela origem do *biplot* e é perpendicular ao EAM apontam para a maior variabilidade de desempenho (menor estabilidade) nas duas direções (Yan, 2002; Yan, 2011).

Assim, as linhagens à esquerda e à direita do círculo concêntrico do *biplot* apresentam desempenho inferior e superior à média geral, respectivamente. Por outro lado, quanto menor a projeção de um determinado genótipo, mais próximo da origem do *biplot* e, portanto, considerado de maior estabilidade.

Nesse contexto, os tratamentos G1B1, G2B1, G3B1, G4B1, G5B1 e G6B1, inoculados e com fornecimento de nitrogênio foram os únicos que obtiveram produtividade dentro da média, demonstrando que a inoculação na presença de nitrogênio possibilitou maior produtividade ao grupo de linhagens submetidas a esse tratamento. Já os tratamentos G1B2, G6B2 e G8B1 obtiveram produtividade próximo da média e os demais foram classificados como sendo os de menor desempenho na produtividade.

Em relação a estabilidade, o tratamento G3B1 foi classificado o de maior estabilidade entre os mais produtivos e outros tratamentos de estabilidade alta apresentaram produtividade inferior à média geral. Os G2B2, G5B2, G8B1, dentre outros, são altamente estáveis, porém encontram-se abaixo da média.

Marinho et al., (2017) desenvolveram pesquisas sobre eficiência de inoculação de *Bradyrhizobium pachyrhizi* na fixação de nitrogênio em genótipos de feijão-caupi e obtiveram resultados significativos para as variáveis número de nódulo e peso de nódulo em condições de casa de vegetação.

Na ausência da aplicação de nitrogênio, a maioria dos tratamentos classificados dentro da média foram com inoculação (B1), sendo que apenas um tratamento inoculado obteve desempenho acima da média geral (Figura 11). Do modo semelhante ao que ocorreu na (Figura 10), a excessão dos tratamentos G6B2 e G8B2, a maioria dos tratamentos não inoculados obtiveram desempenho inferior

a média, embora muitos sejam de alta estabilidade. Portanto, essa condição parece mais semelhante ao que ocorre em boa parte da região Norte e Nordeste, onde a cultura é produzida em ambientes de baixo nível tecnológico (Freire Filho et al., 2011).

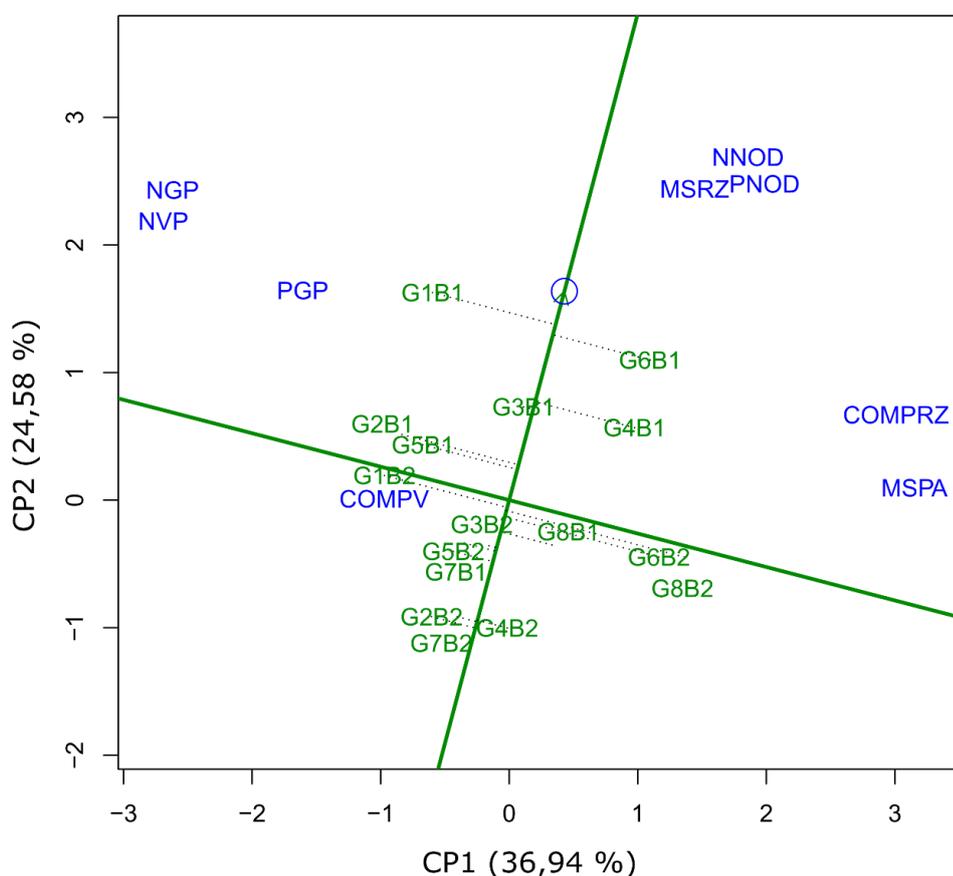


Figura 10. Biplot “médias x estabilidade” e ranqueamento de rendimento das linhagens de feijão-caupi sob efeito de inoculação da bactéria *Bradyrhizobium pachyrhizi* (B1) e aplicação de nitrogênio.

A inoculação de estirpes de bactérias responsáveis pela fixação biológica de N é uma prática indispensável no incremento da produtividade de linhagens de feijão-caupi (Melo & Zilli, 2009). Resultados significativos foram apresentados por Alcantara et al., (2014) para as variáveis rendimento de grãos, massa de vagem, número de grãos por vagem e número de vagem por planta de genótipos de feijão-caupi inoculadas com *Bradyrhizobium pachyrhizi*.

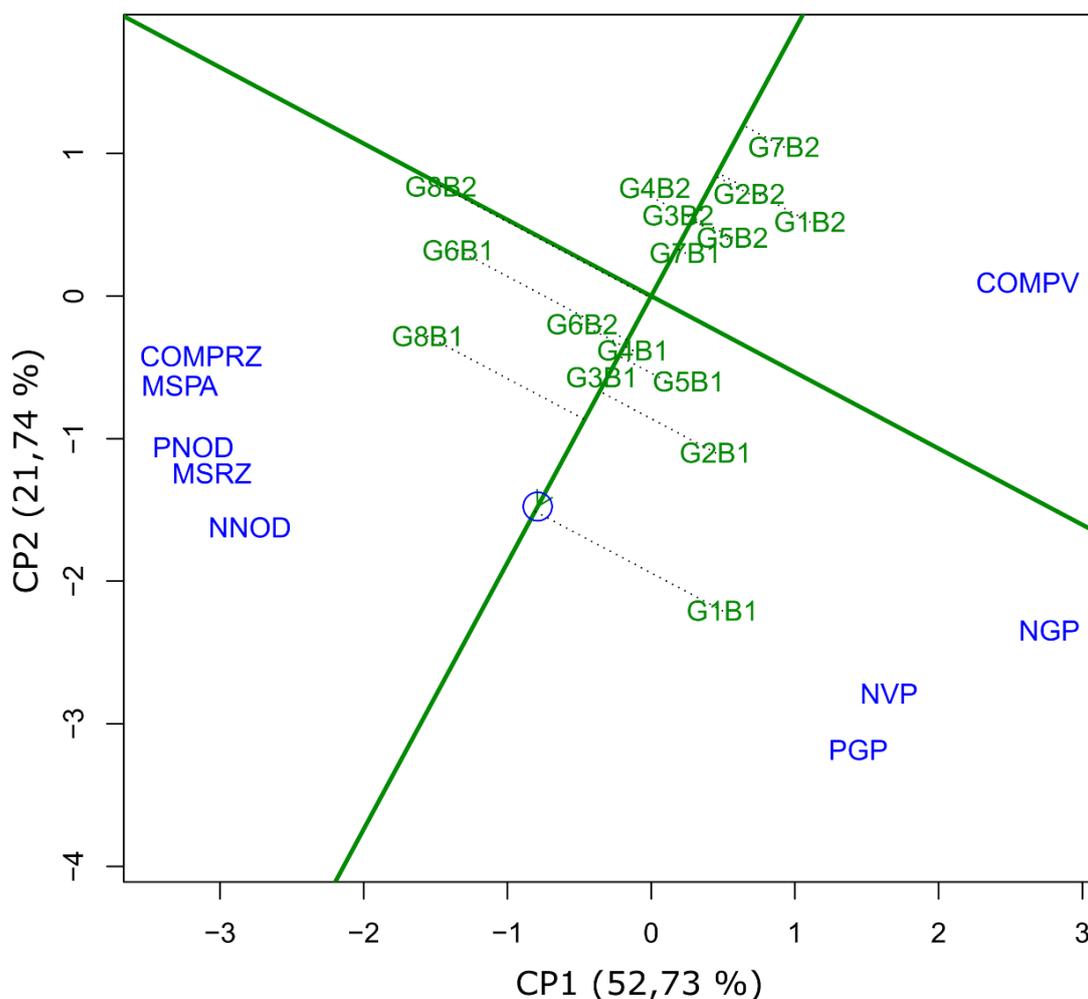


Figura 11. Biplot “médias x estabilidade” e ranque de rendimento das linhagens de feijão-caupi sob efeito de inoculação da bactéria *Bradyrhizobium pachyrhizi* sem aplicação de nitrogênio.

Na classificação do genótipo ideal (Figura 12) considera-se aquele mais próximo do centro do círculo concêntrico sobre o eixo do ambiente-média (EAM), portanto de alto rendimento e estável, constituído de vetor mais longo em relação a origem do *biplot* (Yan & Tinker, 2006; Yan, 2011). Dessa forma, o tratamento G6B1 foi considerado o ideótipo, seguido dos tratamentos G3B1, G1B1 e G4B1.

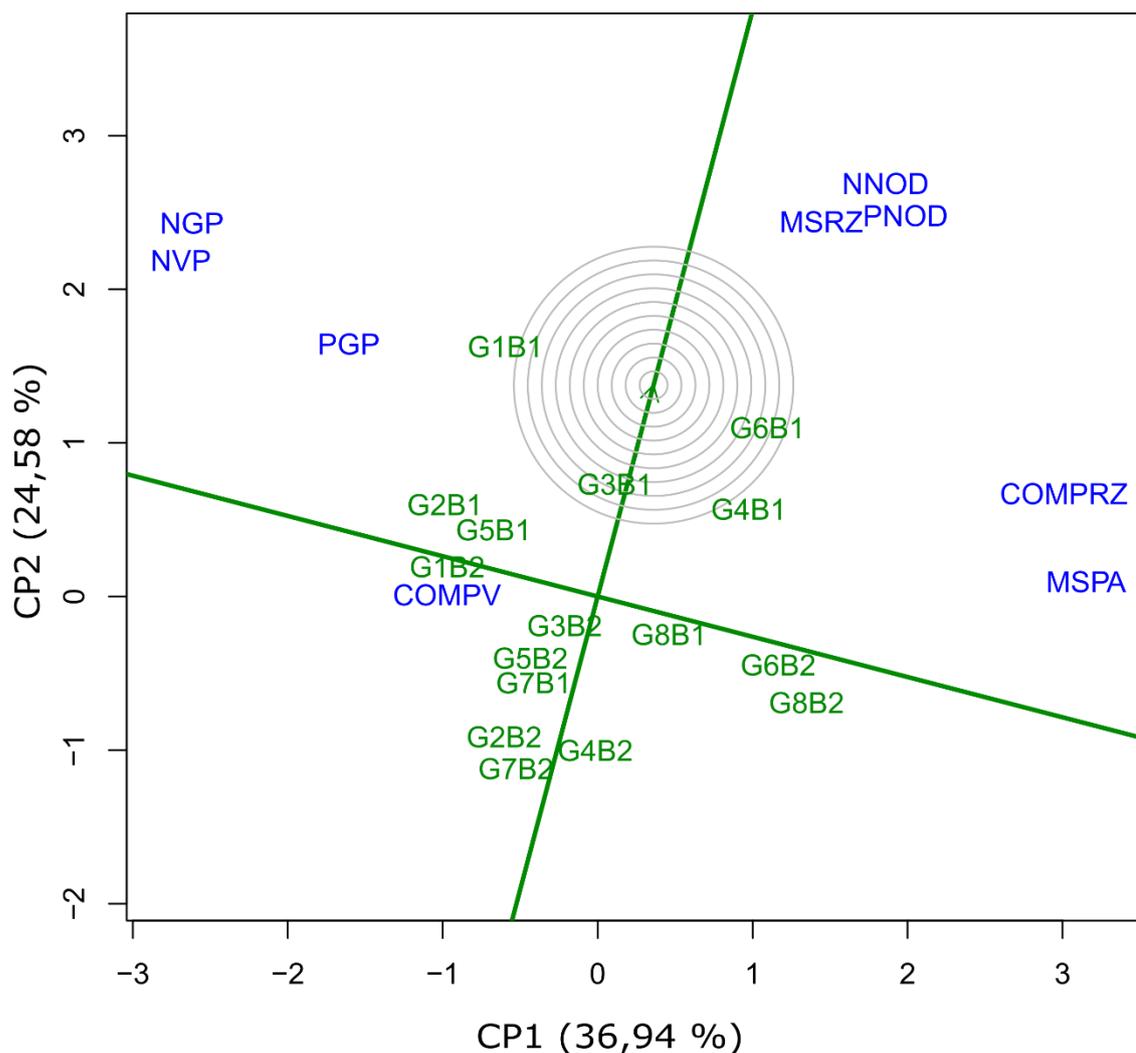


Figura 12. Biplot comparativo entre as linhagens de feijão-caupi representando o genótipo ideal, sob inoculação da bactéria *Bradyrhizobium pachyrrhizi* e aplicação de nitrogênio.

Na (Figura 13) ficou evidente que na ausência de aplicação de nitrogênio, o tratamento (G1B1) foi o que mais se aproximou da condição de ideótipo, pois apresenta alta produtividade, embora não seja altamente estável. Sugere-se que houve um sinergismo na associação linhagem vs bactéria na presença do nitrogênio, fato que contribui significativamente com a seleção de linhagens altamente produtivas e de elevada estabilidade (Figura 13). Para Freire Filho et al., (2005) o sucesso da inoculação de uma estirpe de bactéria está condicionado às variáveis ambientais e as características específicas da estirpe, uma vez que a colonização do sistema radicular da planta pela bactéria deve ser observada.

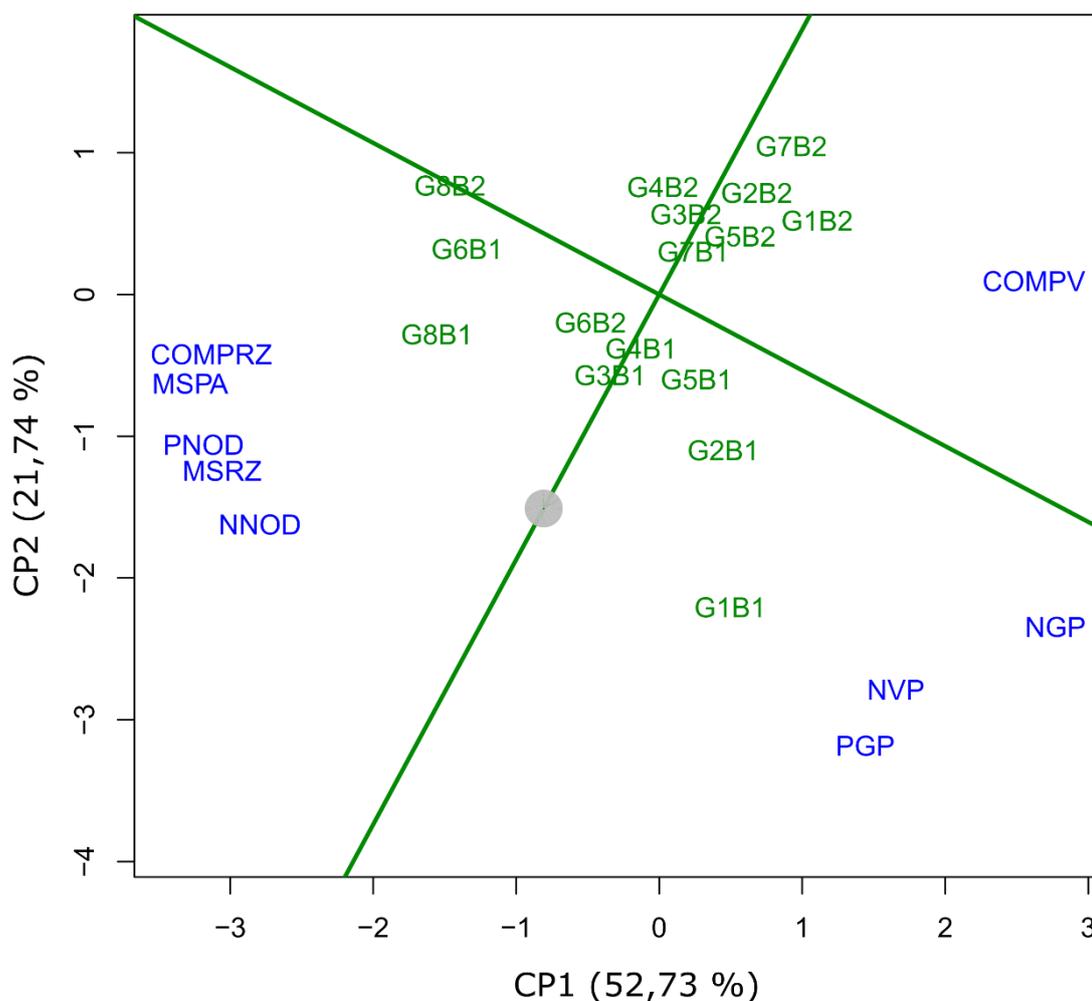


Figura 13. Biplot comparativo entre as linhagens de feijão-caupi representando o genótipo ideal, sob inoculação da bactéria *Bradyrhizobium pachyrhizi* sem aplicação de nitrogênio.

Outros critérios importantes para seleção de genótipos superiores é a capacidade de discriminação e a representatividade das características a que estão associados (Figura 14) (Yan et al., 2007). De modo que vetores mais longos indicam que a característica é mais discriminante. Por outro lado, o ângulo formado entre os vetores de duas características fornece informações sobre o coeficiente de correlação entre eles. A correlação pode ser positiva, negativa ou ausente, se os ângulos formados forem respectivamente agudo, obtuso ou reto. Dessa forma, variáveis com os menores ângulos demonstram maior representatividade (Yan & Tinker, 2006). Isso significa dizer que a característica deve possuir altos valores de CP1, ou seja maior poder de discriminação, e, baixos valores de CP2, isto é, elevada representatividade.

Assim, as variáveis MSRZ, NNOD e PNOD foram as mais discriminantes e representativas. Por outro lado, a variável COMPV foi considerada pouco discriminante e baixa representatividade, portanto, não recomendável para a seleção de linhagens superiores de feijão-caupi. As características número de vagem por planta (NVP), número de grãos por planta (NGP), comprimento de raiz (COMPRZ), massa seca da parte aérea (MSPA) e peso de grãos por planta (PGP), embora tenham apresentado elevada capacidade de discriminação, são pouco representativas por possuírem maiores ângulos.

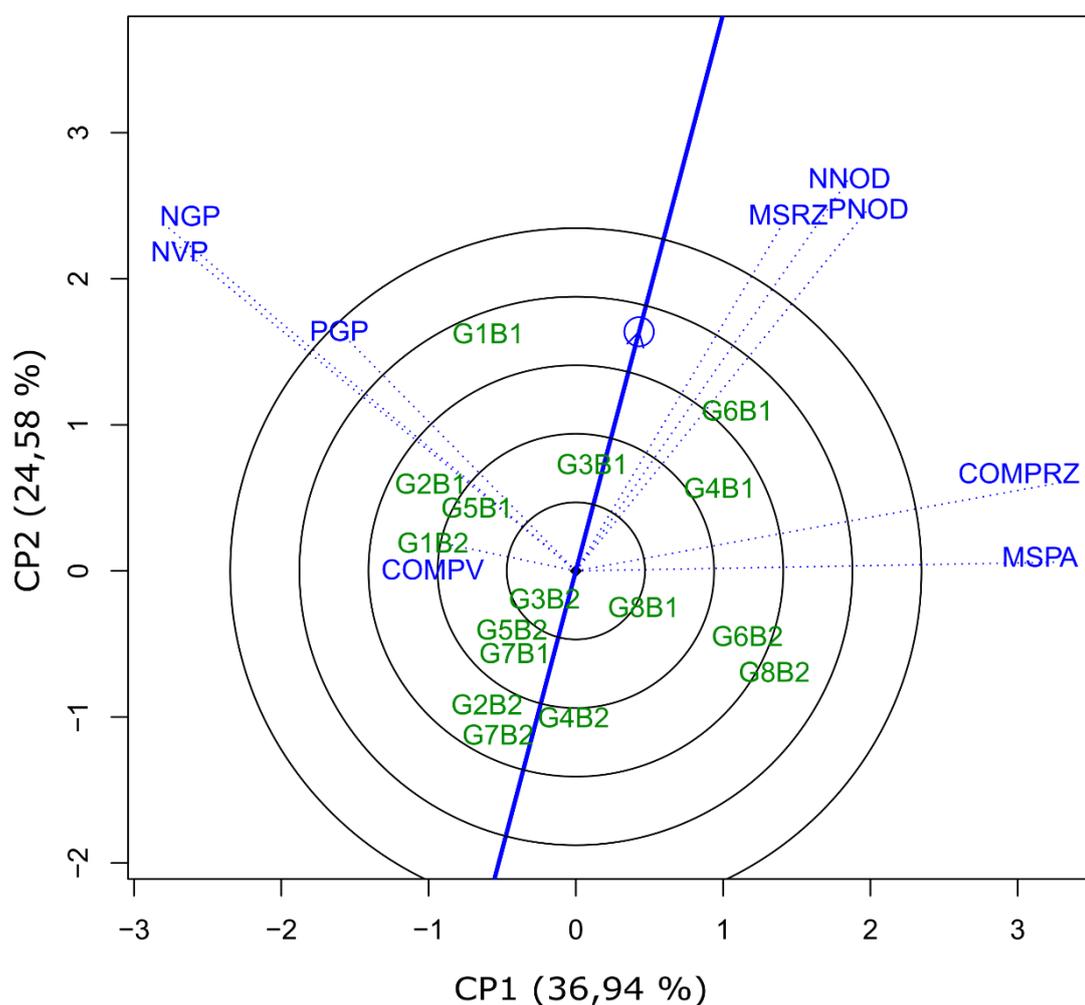


Figura 14. *Biplot* “Discriminante vs Representante” das características avaliadas de linhagens de feijão-caupi sob inoculação da bactéria *Bradyrhizobium pachyrrhizi* e aplicação de nitrogênio.

Já na ausência de nitrogênio, todas as variáveis mostram-se altamente discriminantes, possivelmente por apresentar maior capacidade de resposta na interação genótipo vs bactéria (Figura 15). Importante ressaltar que esse cenário foi dominado pela maioria das linhagens submetidas aos tratamentos com a bactéria *Bradyrhizobium pachyrrhizi*. Isso demonstra respostas diferenciais das linhagens quanto a variabilidade existente para a inoculação na ausência de N e a importância da inoculação na redução de custos de produção e sustentabilidade da produção de feijão-caupi.

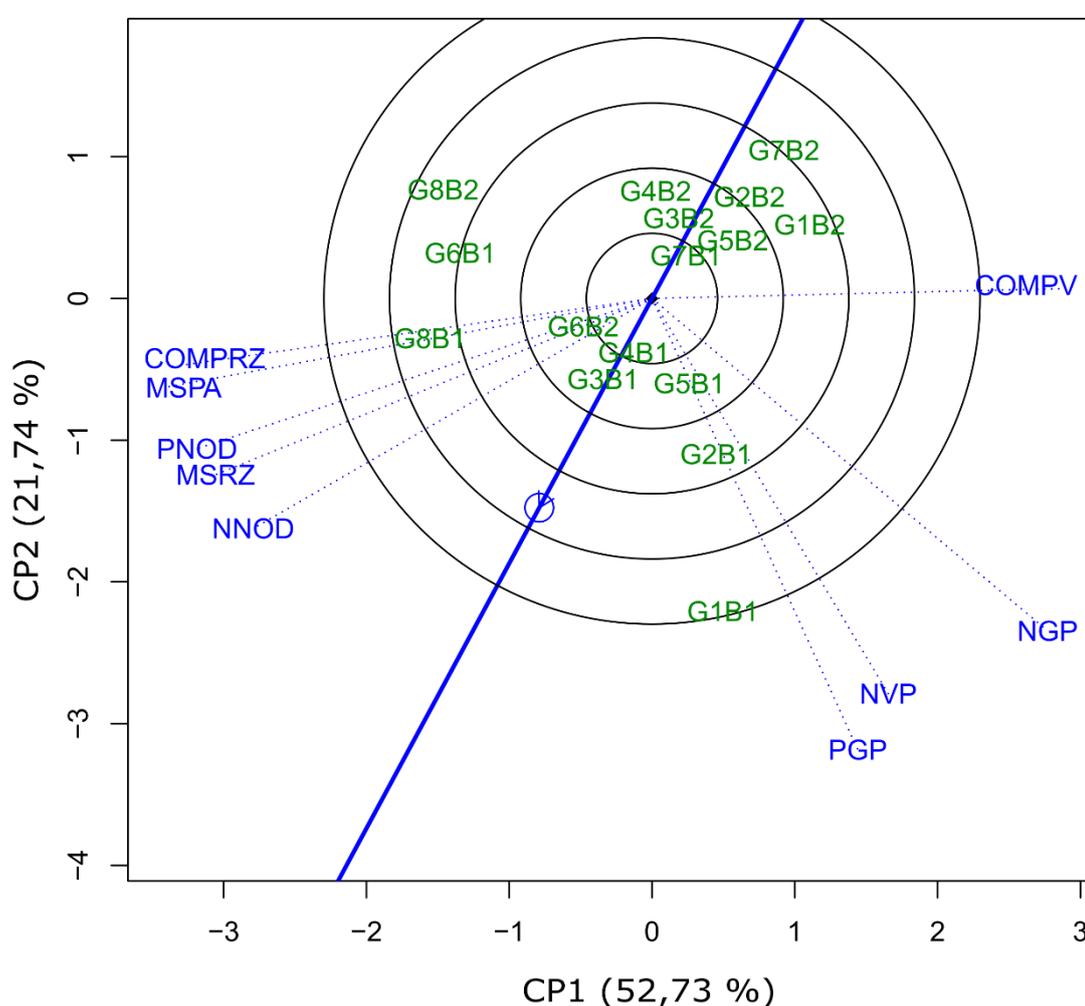


Figura 15. Biplot “Discriminante vs Representante” das características avaliadas de linhagens de feijão-caupi sob inoculação da bactéria *Bradyrhizobium pachyrrhizi* sem aplicação de nitrogênio.

As variáveis mais representativas foram massa seca de raiz (MSRZ), número de nódulos (NNOD), peso de nódulos (PNOD), número de vagem por planta (NVP) e peso de grãos por planta (PGP). Na ausência de nitrogênio, a característica (COMPV) obteve desempenho ligeiramente superior tanto em relação a discriminação quanto a representatividade.

Saboya et al., (2013) encontraram correlações de alta magnitude entre as variáveis massa de vagem por planta (MVP) e rendimento de grãos (RG), número de vagem por planta (NVP) e massa de vagem por planta (MVP) e número de vagem por planta (NVP) e rendimento de grãos (RG), o que demonstra boa representatividade dessas características em relação aos genótipos de feijão-caupi em resposta a fixação biológica de nitrogênio nas condições edafoclimáticas do Tocantins.

3.2.5. CONCLUSÕES

A metodologia utilizada foi eficiente na detecção das interações linhagens vs variáveis agronômicas, em condições de casa de vegetação, permitindo a seleção de linhagens altamente produtivas e de estabilidade elevada na presença e ausência de N e inoculação.

As linhagens responderam à inoculação de *Bradyrhizobium pachyrhizi*, destacando-se as variáveis ligadas ao sistema radicular e parte aérea NNOD, PNOD, MSRZ, COMPRZ e MSPA, formando o maior grupo de características.

Em condições de fornecimento de nitrogênio e inoculação, a linhagem (6) MNC06-895-1 foi considerada o genótipo ideótipo, seguida das linhagens (3) Pingo-de-ouro 1-5-26, (1) Bico-de-ouro 1-5-24 e (4) Pingo-de-ouro 1-5-8, respectivamente. Por outro lado, na ausência de nitrogênio, não foi encontrado ideótipo, uma vez que a linhagem (1) Bico-de-ouro 1-5-24 embora possua produtividade elevada, sua estabilidade é considerada de baixa magnitude.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRAFICAS

- Akande, S. R. (2007) Genotype by environment interaction for cowpea seed yield and disease reactions in the forest and derived savanna agroecologies of south-west Nigeria. *American Eurasian Journal of Agricultural & Environmental Science*. 2:163-168.
- Alcantara, R.M.C.M., Xavier, G.R., Rumjanek, N.G., Rocha, M. de M., Carvalho, J. dos S. (2014) Symbiotic efficiency in parents of Brazilian cultivars of the cowpea. *Revista Ciência Agronômica*. 45:1-9.
- Allard, R. W. (1971) Princípios do melhoramento genético das plantas. Rio de Janeiro: Edgard Blucher. 381p.
- Alvares, C. A., Stape, J. L., Sentelhas, P. C., de Moraes, G., Leonardo, J., Sparovek, G. (2013) Köppen's climate classification map for Brazil. *Meteorologische Zeitschrift*. 22:711-728.
- Andrade Júnior, A. S., Rodrigues, B. H. N., Frizzone, J. A., Cardoso, M. J., Bastos, E. A., Melo, F. B. (2002) Níveis de irrigação na cultura do feijão caupi. *Revista Brasileira de Engenharia Agrícola e Ambiental*. 6:17-20.
- Andrews, M., Raven, J. A., Lea, P. J. (2013) Do plants need nitrate? the mechanisms by which nitrogen form affects plants. *Annals of Applied Biology*. 163:174– 199.

- Araujo, J., Díaz-Alcántara, C.-A., Velázquez, E., Urbano, B., González-Andrés, F. (2015) *Bradyrhizobium yuanmingense* related strains form nitrogen-fixing symbiosis with *Cajanus cajan* L. in Dominican Republic and are efficient biofertilizers to replace N fertilization. *Scientia Horticulturae*. 192:421–428.
- Araujo, J., Flores-Felix, J. D., Igual, J. M., Peix, A., Gonzalez-Andres, F., Diaz Alcantara, C. A., Velázquez, E. (2017) *Bradyrhizobium cajani* sp. nov. isolated from nodules of *Cajanus cajan*. *Int. J. Syst. Evol. Microbiol.* 67:2236–2241.
- Araújo, M. F. C., Araújo, L. B., Faria, P. N., Dias, C. T. S. (2012) Statistical test for genotype and environment contribution in the genotypes × environments interaction matrix. *Interciencia*. 37:515-519.
- Baidoo, P. K., Mochiah M. B. (2014) Varietal susceptibility of improved cowpea [*Vigna unguiculata* (L.) Walp] cultivars to field and storage pests. *Sustainable Agricultural Research*. 3:69-76.
- Barros, H. B., Sedyama, T., Cruz, C. D., Reis, M. S. (2008) Análises paramétricas e não-paramétricas para determinação da adaptabilidade e estabilidade genótipos de soja. *Scientia Agraria*. 9:299-309.
- Barros, M. A., Rocha, M. M., Gomes, R. L. F., Silva, K. J. D., Neves, A. C. (2013). Adaptabilidade e estabilidade produtiva de feijão-caupi de porte semiprostrado. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, 48:403-410.
- Barshan, E., Ghodsi, A., Azimifar, Z., Jahromi, M.Z. (2011) Supervised principal component analysis: Visualization, classification and regression on subspaces and submanifolds. *Pattern Recognition*. 44:1357-1371.
- Bastos, I. T., Barbosa, M. H. P., Resende, M. D. V., Peternelli, L. A., Silveira, L. C. I., Donda, L. R., Fortunato, A. A., Costa, P. M. A., Figueiredo, I. C. R. (2007) Avaliação da interação genótipo x ambiente em cana-de-açúcar via modelos mistos. *Pesquisa Agropecuária Tropical*. 37:195-203.
- Becker, H. C.; Leon, J. (1988) Stability analysis in plant breeding. *Plant Breeding*. 101:1- 23.

- Bidlack, J. E., Rao, S. C., Demezas, D. H. (2001) Nodulation, nitrogenase activity, and dry weight of chickpea and pigeon pea cultivars using different *Bradyrhizobium* strains. *Journal of Plant Nutrition*. 24:549-560.
- Borem, A., Miranda, G. V. (2005) *Melhoramento de Plantas*. 4. ed. Viçosa: Editora UFV. v. 1. 525 p.
- Britto, D. T., Kronzucker, H. J. (2013) *Ecological significance and complexity of N-source preference in plants*. *Annals of Botany*. 112:957-963.
- Bueno, R.F. (2011) Nitrificação e desnitrificação simultânea em reator com biomassa em suspensão e fluxo contínuo de esgoto. Dissertação (Mestrado em Saúde Pública) – Universidade de São Paulo, São Paulo, USP, 143p.
- Bunger, W., Gronemeyer, J. L., Sarkar, A., Reinhold-Hurek, B. (2018) *Bradyrhizobium ripae* sp. nov., a nitrogen-fixing symbiont isolated from nodules of wild legumes in Namibia. *Int. J. Syst. Evol. Microbiol.* 68:3688-3695.
- Carvalho, A. F. U., Sousa, N. M., Farias, D. F., Rocha-Bezerra, L. C. B., Silva, R. M. P., Viana, M. P., Gouveia, S. T., Sampaio, S. S., Sousa, M. B., Lima, G. P. G., Morais, S. M., Barros, C. C., Filho, F. R. F. (2012) Nutritional ranking of 30 Brazilian genotypes of cowpeas including determination of antioxidant capacity and vitamins. *Journal of Food Composition and Analysis*. 26: 81-88.
- 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.
- Chaves, L. J. (2001) Interação de genótipos com ambientes. In: Nass, L. L., Valois, A. C. C., Melo, I. S., Valadares-Inglis, M. C. ed. *Recursos genéticos & melhoramento de plantas*. Rondonópolis: Fundação MT. 1183p.
- CONAB (2017) Companhia Nacional de Abastecimento. *Acomp. safra bras. grãos*, v. 5 -Safra 2017/18, n.11-, Brasília, p. 1-148. Disponível em: <http://www.conab.gov.br>. Acessado em: 05 de março de 2020.
- Cruz, C. D. (2013) GENES - a software package for analysis in experimental statistics and quantitative genetics. *Acta Scientiarum Agronomy*. 35:271-276.

- Cruz, C. D., Carneiro, P. C. S., Regazzi, A. J. (2014) Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético. 3. ed. Viçosa: Editora da UFV, 480p.
- Cruz, C. D., Carneiro, P. C. S. (2003) Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético. Viçosa: Ed. UFV, v.2. 585 p.
- Cruz, C. D., Regazzi, A. J., Carneiro, P. C. S. (2012). Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético. v. I. 3 ed. Viçosa: UFV, 480p.
- Cruz, C. D., Regazzi, A. J., Carneiro. (2006) Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético. 4. ed. Viçosa: UFV. 390 p.
- Cruz, C. D., Regazzi, A.J. (2001) Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético. 2. ed. Viçosa: UFV. 390p.
- Cruz, C. D., Castoldi, F. L. (1991). Decomposição da interação genótipo x ambiente em partes simples e complexas. *Revista Ceres*, 38:422-430.
- Cruz, C.D.; Regazzi, A. (1997). Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético. Viçosa: UFV, 390p.
- Cruz, D. P., Oliveira, T. R. A., Gomes, A. B. S., Sant'Anna, C. Q. da S. S., Gravina, L. M., Rocha, R. S., Pereira, I. M., Entringer, G. C., Gravina, G.A., Vivas, M., Daher, R. F. (2020). Selection of Cowpea Lines for Multiple Traits by GYT Biplot Analysis. *Journal of Agricultural Studies*. 8:124.
- Cruz, D. P., Gravina, A. G., Vivas, M., Entringer, G. C., Rocha, R. S., da Costa Jaeggi, M. E. P., Daher, R. F. (2020). Analysis of the phenotypic adaptability and stability of strains of cowpea through the GGE Biplot approach. *Euphytica*. 216:1-11.
- Cullimore, J. V., Ranjeva, R., Bono, J. J. (2001) Perception of lipochitooligosaccharidic Nod factors in legumes. *Trends Plant Sci*. 6, 24–30.
- Delamuta, J. R. M., Ribeiro, R. A., Ormeño-Orrillo, E., Melo, I. S., Martínez Romero, E., Hungria, M. (2013) Polyphasic evidence supporting the reclassification of *Bradyrhizobium japonicum* Group IA strains as *Bradyrhizobium diazoefficiens* sp. nov. *Int. J. Syst. Evol. Microbiol.* 63:3342–3351.

- Delamuta, J. R., Ribeiro, R. A., Menna, P., Bangel, E. V., Hungria, M. (2012) Multilocus sequence analysis (MLSA) of *Bradyrhizobium* strains: revealing high diversity of tropical diazotrophic symbiotic bacteria. *Braz. J. Microbiol.* 43:698-710.
- Delamuta, J. R., Ribeiro, R. A., Ormeño-Orrillo, E., Parma, M. M., Melo, I. S., Martínez-Romero, E., Hungria, M. (2015) *Bradyrhizobium tropiciagri* sp. nov. and *Bradyrhizobium embrapense* sp. nov., nitrogen-fixing symbionts of tropical forage legumes. *Int. J. Syst. Evol. Microbiol.* 65:4424-4433.
- Durán, D., Rey, L., Mayo, J., Zúñiga-Dávila, D., Imperial, J., Ruiz-Argüeso, T., Martínez-Romero, E., Ormeño-Orrillo, E. (2014). *Bradyrhizobium paxllaeri* sp. nov. and *Bradyrhizobium icense* sp. nov., nitrogen-fixing rhizobial symbionts of Lima bean (*Phaseolus lunatus* L.) in Peru. *Int. J. Syst. Evol. Microbiol.* 64, 2072–2078.
- Dutra, A.S., Bezerra, F.T.C., Nascimento, P.R., Lima, D.C. (2012) Produtividade e qualidade fisiológica de sementes de feijão-caupi em função da adubação nitrogenada. *Revista Ciência Agronômica.* 43:816- 821.
- Eberhart, S. A., Russell, W. A. (1966) Stability parameters for comparing varieties. *Crop Science.* 6:36-40.
- Ehlers, J. D., Hall, A. E. (1997) Cowpea (*Vigna unguiculata* L. Walp). *Field Crops Research.* 53:187-204.
- Esteban, R., Ariz, I., Cruz, C., Moran, J. F. (2016a) Review: mechanisms of ammonium toxicity and the quest for tolerance. *Plant Sci.* 248: 92-101.
- Falconer, D. S. (1981). Introdução à genética quantitativa. Tradução de Silva, M. A. & Silva, J. C. Universidade Federal de Viçosa. Viçosa: *Imprensa Universitária*, 279p.
- FAO. (2019) FOOD AND AGRICULTURE ORGANIZATION OF THE UNITED NATIONS. Crops: cow peas, dry. Disponível em: <http://www.fao.org/faostat/en/#data/QC>. Acesso em: 25 fev. 2020.

- Fang, J., Chao, C. C. T., Roberts P. A., Ehlers, J. D. (2006) Genetic diversity of cowpea [*Vigna unguiculata* (L.) Walp.] in four West African and USA breeding programs as determined by AFLP analysis. *Genetic Resources and Crop Evolution*. 54:1197-1209.
- Faris, D. G. (1965) The origin and evolution of the cultivated forms of *Vigna sinensis*. *Canadian Journal of Genetics and Cytology*. 7:433-452.
- Faris, D. G. 1964. The chromossomes of *Vigna sinenses* (L.) Savi. *Canadian Journal of Genetics and Cytology*. 6:255-258.
- Ferrão, R. G., Cruz, C.D., Ferreira, A., Cecon, P.R., Ferrão, M. A. G., Fonseca, A. F. A., Carneiro, P. C. S., Silva, M. F. (2008) Parâmetros genéticos em café Conilon. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*. 43:61-69.
- Ferreira, D. F., Demérito, C. G. B., Manly, B. R. J., Machado, A. A., Vencovsky, R. (2006) Statistical models in agriculture: biometrical methods for evaluating phenotypic stability in plant breeding. *Cerne*. 12:373-388.
- Filgueira, F.A.R. (2013) Novo manual de olericultura: Agrotecnologia moderna na produção e comercialização de hortaliças. Viçosa: UFV, 421p.
- Freire Filho, F. R., Rocha, M. M., Ribeiro, V. Q., Lopes, A. C. A. (2005) Adaptabilidade e estabilidade produtiva de feijão-caupi. *Ciência Rural*. 35:24-30.
- Freire Filho, F. R., Lima, J. A. A., Ribeiro, V.Q. (2005) Feijão-caupi: avanços tecnológicos. Brasília, *Embrapa Informação Tecnológica*. 519p.
- Freire Filho, F. R. (1988) Origem, evolução e domesticação do caupi. In: ARAÚJO, J.P.P. de; WATT, E.E., org. O caupi no Brasil. Brasília: *EMBRAPA/IITA*. p.27-46.
- Freire Filho, F. R., Ribeiro V. Q., Rocha, M. M., Silva, K. J. D., Nogueira, M. S., Rodrigues, E. V. (2011) Produção, melhoramento genético e potencialidades do feijão-caupi no brasil. Teresina: *Embrapa Meio-Norte*, 84p.
- Freitas, A. D. S., Medeiros, P. J. C., Santos, C. E. R. S., Stanford, N. P. (2003) Fixação do N₂ e desenvolvimento do guandu inoculado com rizóbio em um Cambissolo salinizado do Semi-árido. *Agropec Tec*. 24:87-95.

- Frota, A. B., Pereira, P. R. (2000) Caracterização da produção do feijão caupi na região Meio-Norte do Brasil. In: Cardoso, M. J. (ed). A Cultura do Feijão Caupi no Meio-Norte do Brasil. Teresina: *Embrapa Meio-Norte*. p. 9-25.
- Galindo, F. S., Teixeira Filho, M. C. M., Silva, E. C. B., Salatiér, F., Guilherme, C., Rodrigues, W. L. (2020) Technical and economic viability of cowpea co-inoculated with *Azospirillum brasilense* and *Bradyrhizobium* spp. and nitrogen doses. *Revista Brasileira de Engenharia Agrícola e Ambiental*. 24:304-311.
- Gauch, H. G., Piepho, H. P., Annicchiarico, P. (2008) Statistical analysis of yield trials by AMMI and GGE: Further considerations. *Crop Science* 48:866-889.
- Gauch, H. G. (2013) Um Protocolo Simples para Análise AMMI de Ensaios de Rendimento. *Crop Science*. 53:1860-1869.
- Gronemeyer, J. L., Bunger, W., and Reinhold-Hurek, B. (2017) *Bradyrhizobium namibiense* sp. nov., a symbiotic nitrogen-fixing bacterium from root nodules of *Lablab purpureus*, hyacinth bean, in Namibia. *Int. J. Syst. Evol. Microbiol.* 67:4884-4891.
- Guedes, R. E. (2008) Bases para o cultivo orgânico de feijão-caupi [*Vigna unguiculata* L. (Walp.)] no estado do Rio de Janeiro, Tese (Doutorado em Fitotecnia) - Universidade Federal Rural do Rio de Janeiro, Seropédica. 93 p.
- Hamasaki, R.I., Braz, L.T., Purquerio, L.F.V., Peixoto, N. (1998) Comportamento de novas cultivares de feijão-vagem em Jaboticabal-SP. CONGRESSO BRASILEIRO DE OLERICULTURA, 38. *Resumo*. Petrolina: SOB.
- Hassanpanah, D. (2010). Analysis of GxE interaction by using the additive main effects and multiplicative interaction in potato cultivars. *International Journal of Plant Breeding and Genetics*. 4:23-29.
- Helene, L. C. F., Delamuta, J. R. M., Ribeiro, R. A., and Hungria, M. (2017) *Bradyrhizobium mercantei* sp. nov., a nitrogen-fixing symbiont isolated from nodules of *Deguelia costata* (syn. *Lonchocarpus costatus*). *Int. J. Syst. Evol. Microbiol.* 67:1827-1834.

- Herridge, D. F., Holland, J. F. (1993) Low nodulation and N₂ fixation limits yield of pigeonpea on alkaline vertisols of northern N S W: Effect of iron, rhizobia and plant genotype. *Aust. J. Agric. Res.* 44:137-149.
- Hirel, B., Le Gouis, J., Ney, B., Gallais, A. (2007) The challenge of improving nitrogen use efficiency in crop plants: Towards a more central role for genetic variability and quantitative genetics within integrated approaches. *J Exp Bot* 58:2369-2387.
- Hongyu, K. (2015) Comparação do GGEbiplot ponderado e AMMI-ponderado com outros modelos de interação genótipo x ambiente. Tese (Doutorado em Estatística e Experimentação Agronômica) - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz", Universidade de São Paulo. Piracicaba, 155p.
- Hoogerheide, E. S. S. (2004) Estabilidade fenotípica de cultivares de algodoeiro herbáceo em diferentes sistemas de produção no estado do Mato Grosso. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas). Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz", Universidade de São Paulo, 90p.
- Hungria, M., Mendes, I. C. (2015) Nitrogen fixation with soybean: the perfect symbiosis? In: de Bruijn FJ, ed. Biological Nitrogen Fixation. Hoboken, NJ: *John Wiley & Sons Inc.* 1009-1024.
- Hungria, M., Franchini, J. C., Campo, R. J., Crispino, C. C., Moraes, J. Z., Sibaldelli, R. N. R., Mendes, I. C., Arihara, J. (2006) Nitrogen nutrition of soybean in Brazil: contributions of biological N₂ fixation and N fertilizer to grain yield. *Canadian Journal of Plant Science.* 86:927-939.
- INMET. (2021) Instituto Nacional de Meteorologia. Disponível em: http://www.inmet.gov.br/portal/index.php?r=home/page&page=rede_estacoes_auto_graf. Acesso em: 09/01/2021.
- Jaiswal, S. K., Dakora, F. D. (2019) Widespread distribution of highly adapted *Bradyrhizobium* species nodulating diverse legumes in Africa. *Front. Microbiol.* 10:1-35.
- Karimizadeh, R., Mohammadi, M., Sabaghni, N., Mahmoodi, A. A., Roustami, B., Seyyedi, F., Akbari, F. (2013) GGE Biplot analysis of yield stability in

multienvironment trials of lentil genotypes under rainfed condition. *Notulae Scientia Biologicae*. 6:256-262.

- Lavoranti, O. J., Dias, C. T. S., Vencovsky, R. (2002) Estudo da estabilidade e adaptabilidade fenotípica de progênies de *Eucalyptus grandis*, via metodologia AMMI. *Boletim de Pesquisa Florestal - Unidade Regional de Pesquisa Florestal*. 44:107-124.
- Lin, C. S., Binns, M. R. (1988) A superiority measure of cultivar performance for cultivar x location data. *Canadian Journal of Plant Science*. 68:193-198.
- Lin, C. S., Binns, M. R., Lefkovich, L. P. (1986) Stability analysis. Where do we stand? *Crop Science*. 26:894-899.
- Lombardi, M. L. C. O., Moreira, M., Ambrosio, L. A., Cardoso, E. J. B. N. (2009) Occurrence and host specificity of indigenous rhizobia from soils of São Paulo State, Brazil. *Sci Agric*. 66:543-548.
- López-López, A., Negrete-Yankelevich, S., Rogel, M. A., Ormeño-Orrillo, E., Martínez, J., and Martínez-Romero, E. (2013) Native bradyrhizobia from Los Tuxtlas in Mexico are symbionts of *Phaseolus lunatus* (Lima bean). *Syst. Appl. Microbiol*. 36:33–38.
- Ma, B. L., Yan, W., Dwyer, L. M., Fregeau-reid, J., Voldeng, H. D., Dion, Y., Nass, H. (2004) Graphic analysis of genotype, environment, nitrogen fertilizer, and their interactions on spring wheat yield. *Agronomy Journal*. 96:169-180.
- MAPA. (2018). Ministério da Agricultura pecuária e Abastecimento. <https://www.gov.br/agricultura/pt-br/assuntos/noticias/homologada-colecao-de-bacterias-beneficas-na-agricultura>. Acessado em 2 de fevereiro de 2021.
- Marechal, R., Mascherpa, J. M., Stainier, F. (1978) Étude taxonomique d'un groupe complexe d'espèces de genres *Phaseolus* et *Vigna* (Papilionaceae) sur la base de données morphologiques et polliniques, traitées par l'analyse informatique. *Boissiera*. 28:1-273.

- Marinho, R. C. N., Ferreira, L. V. M., Silva, A. F., Martins, L. M. V., Nóbrega, R. S. A., Fernandes-Júnior, P. I. (2017) Symbiotic and agronomic efficiency of new cowpea rhizobia from Brazilian Semi-Arid. *Bragantia*. 76:273-281.
- Marinho, R. C. N., Nóbrega, R. S. A., Zilli, J. É., Xavier, G. R., Santos, C. A. F., Aidar, S. T., Martins, L. M. V., Fernandes Júnior, P. I. (2014) Field performance of new cowpea cultivars inoculated with efficient nitrogen-fixing rhizobial strains in the Brazilian Semiarid. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*. 49:395-402.
- Mattos, P. H. C., Oliveira, R. A., Bessalho Filho, C., Daros, E., Veríssimo, M. A. A. (2013) Evaluation of sugarcane genotypes and production environments in Paraná by GGE Biplot and AMMI analysis. *Crop Breeding and Applied Biotechnology* 13:83-90.
- Meade, B., Puricelli, E., McBride, W., Valdes, C., Hoffman, L., Foreman, L. Dohlman, E. (2016) Corn and Soybean Production Costs and Export Competitiveness in Argentina, Brazil and the United States. Economic Information Bulletin 154. Washington, DC: Economic Research Service, US Department of Agriculture.
- Melo, S. R., Zilli, J. É. (2009) Biological nitrogen fixation in cowpea cultivars recommended for Roraima state, Brazil. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*. 44:1177-1183.
- Menna, P., Barcellos, F. G., Hungria, M. (2009) Phylogeny and taxonomy of a diverse collection of Bradyrhizobium strains based on multilocus sequence analysis of the 16S rRNA gene, ITS region and glnII, recA, atpD and dnaK genes. *Int J Syst Evol Microbiol*. 59:2934-2950.
- Mohammadi, R., Amri, A. (2013) Genotype x environment interaction and genetic improvement for yield and yield stability of rainfed durum wheat in Iran. *Euphytica*. 192:227-249.
- 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.

- Nakamura, T., Takahashi, S., Takagi, H., Shima, J. (2010) Multicopy suppression of oxidant-sensitive eos1 mutation by IZH2 in *Saccharomyces cerevisiae* and the involvement of Eos1 in zinc homeostasis. *FEMS Yeast Research*. 10:259-269.
- NG, N. Q., Maréchal, R. (1985) Cowpea taxonomy, origin germ plasm. In: Sinch, S. R.; Rachie, K. O., eds. Cowpea research, production and utilization. Chichester: *John Wiley*. 11-21.
- Nutti, M. R., Rocha, M. M., Watanabe, E., Carvalho, J. L. V., Freire Filho, F. R., Silva, K. J. D. (2009) Biofortificação de feijão-caupi no Brasil. In: CONGRESSO NACIONAL DE FEIJÃO-CAUPI: Da agricultura de subsistência ao agronegócio: anais. Belém, PA: *Embrapa Amazônia Oriental*. 26-38. 1 CD-ROM.
- Olayiwola, M. O., Soremi, P. A. S., Okeleye, K. A. (2015) Evaluation of some cowpea [*Vigna unguiculata* (L.) Walp.] genotypes for stability of performance over 4 years. *Current Research in Agricultural Sciences*. 2:22- 30.
- Oldroyd, G. E. D., Murray, J.D., Poole, P. S., e Downie, J. A. (2011) As regras de engajamento na simbiose leguminosa-rizobial. *Annu, annu. Reverendo Genet*. 45:119–144.
- Oliveira, O. M. S., Silva, J. F., Ferreira, F. M., Klehm, C. S., Borges, C. V. (2013) Associações genotípicas entre componentes de produção e caracteres agrônômicos em feijão-caupi. *Revista Ciência Agronômica*. 44: 851-857.
- Oliveira, R. S., Carvalho, P., Marques, G., Ferreira, L., Pereira, S., Nunes, M., Rocha, I., Ma, Y., Carvalho, M. F., Vosátka, M., Freitas, H. (2017) Improved grain yield of cowpea (*Vigna unguiculata*) under water deficit after inoculation with *Bradyrhizobium elkanii* and *Rhizophagus irregularis*. *Crop Pasture Sci*. 68:1052–1059.
- Oliveira, T. R. A. O., Gravina, G. A., Cruz, D. P., Silva, N. D., Oliveira, G. H., Sant'Anna, C. Q. S. S., Magalhães, M. M., Berbet-Molina, M. A., Alcântara Neto, F. (2019) The performance of beans pod lineage inoculated with *Gluconacetobacter diazotrophicus* PAL5. *Scientia Horticulturae*. 249:65-70.

- Oliveira, T. R. A. O., Gravina, G. A., Oliveira, G. H., Araujo, L. C., Araújo, K. C., Da Cruz, D. P., Do Amaral JR., A. T., Vivas, M., Daher, R. F. (2018) Multivariate analysis used as a tool to select snap bean (*Phaseolus vulgaris* L.) genotypes. *Aust. J. Crop Sci.* 12:67-73.
- Padulosi, S. (1987) Plant exproation and germplasm collection in Zimbabwe. Ibadan: *International Institute of Tropical Agriculture*. 32p.
- Padulosi, S. (1993) Genetic diversity, taxonomy and ecogeographic survey of the wild relatives of cowpea (*V. unguiculata*). PhD thesis - University of Louvain La Neuve, Belgium. 228 f.
- Padulosi, S.; NG, N. Q. (1997) Origin taxonomy, and morphology of *Vigna unguiculata* (L.) Walp. In: Singh, B. B.; Mohan Raj, D. R.; Dashiell, K. E.; Jackai, L. E. N. (Ed.). *Advances in cowpea research*. Ibadan: International Institute of Tropical Agriculture; Tsukuba: *Japan International Research Center for Agricultural Sciences*. 1-12.
- Peixoto, N., Braz, L. T., Banzatto, D. A., Oliveira, A. P. (2002) Adaptabilidade e estabilidade em feijão-vagem de crescimento indeterminado. *Horticultura Brasileira*. 20:616-618.
- Pereira, H. S., Melo, L. C., Del Peloso, M. J., Faria, L. C., Costa, J. G. C., Díaz, J. L. C., Rava, C. A., Wendland, A. (2009) Comparação de métodos de análise de adaptabilidade e estabilidade fenotípica em feijoeiro comum. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*. 44:374-383.
- Phillips, E. P. (1951) The genera of South African flowering plants. Pretoria: *Government Printer*. 702p.
- Pimentel-Gomes, F. (2009). Curso de estatística experimental. 15. ed., Piracicaba: *Fealq*, 451p.
- 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.

- Puozaa, D. K., Jaiswal, S. K., and Dakora, F. D. (2019) Phylogeny and distribution of *Bradyrhizobium* symbionts nodulating cowpea (*Vigna unguiculata* L. Walp) and their association with the physicochemical properties of acidic African soils. *Syst. Appl. Microbiol.* 42:403-414.
- Radutoiu, S., Madsen, L. H., Madsen, E. B., Jurkiewicz, A., Fukai, E., Quistgaard, E. M. H., Albrektsen, A. S., James, E. K., Thirup, Soren., Stougaard, J. (2007) LysM domains mediate lipochitin-oligosaccharide recognition and Nfr genes extend the symbiotic host range. *EMBO J.* 26: 3923-3935.
- Ramalho M. A. P., Ferreira D. F., Oliveira A. C. (2000) Experimentação em genética e melhoramento de plantas. Lavras: *UFLA*. 326p.
- Ramalho, M. A. P., Abreu, A. F. B., Santos, J. D., Nunes, J. A. R. (2012) Aplicações da genética quantitativa no melhoramento de plantas autógamas. Lavras: *UFLA*, p.365-456.
- Ramalho, M. A. P., Abreu A. de F. B., Santos J. B., Nunes, J. A. R. (2012b) Aplicações da genética quantitativa no melhoramento de plantas autógamas. Lavras: *UFLA*. 522p.
- Ramalho, M. A. P.; Santos, J. B. dos; Zimmermann, M. J. de O. (1993) Genética quantitativa em plantas autógamas: aplicações ao melhoramento do feijoeiro. Goiânia: *UFG*. 271p.
- Ramírez-Bahena, M. H., Peix, A., Rivas, R., Camacho, M., Rodríguez-Navarro, D. N., Mateos, P. F., Martínez-Molina, E., Willems, A., Velázquez E. (2009). *Bradyrhizobium pachyrhizi* sp. nov. and *Bradyrhizobium jicamae* sp. nov., isolated from effective nodules of *Pachyrhizus erosus*. *Int. J. Syst. Evol. Microbiol.* 59:1929-1934.
- Rathi, S., Tak, N., Bissa, G., Chouhan, B., Ojha, A., Adhikari, D., Barik, S. K., Satyawada, R. R., Sprent, J. I., James, E. K., Gehlot, H. S. (2018) Selection of *Bradyrhizobium* or Ensifer symbionts by the native Indian caesalpinoid legume *Chamaecrista pumila* depends on soil pH and other edaphic and climatic factors. *FEMS Microbiol. Ecol.* 94:1-17.

- Resende, M. D. V. (2007) Matemática e estatística na análise de experimentos e no melhoramento genético. 1ª. ed. Colombo: *Embrapa*, v. 1, 561p.
- Rivas, R., Martens, M., De Lajudie, P., Willems, A. (2009) Multilocus sequence analysis of the genus *Bradyrhizobium*. *Syst. Appl. Microbiol.* 32:101-110.
- Rocha, M. M., Freire Filho, F. R., Ribeiro, V. Q., Carvalho, H. W. L., Belarmino Filho, J., Raposo, J. A. A., Alcântara, J. P., Ramos, S. R. R., Machado, C. F. (2007) Adaptabilidade e estabilidade produtiva de genótipos de feijão-caupi de porte semi-ereto na Região Nordeste do Brasil. *Pesquisa Agropecuária Brasileira.* 42:1283-1289.
- Rocha, M. M., Vello, N. A. (1999) Interação genótipos e locais para rendimento de grãos de linhagens de soja com diferentes ciclos de maturação. *Bragantia.* 58:69-81.
- Rodríguez-Navarro, S., Fischer, T., Luo, M.-J., Antúnez, O., Brettschneider, S., Lechner, J., Hurt, E. (2004) Sus1, a Functional Component of the SAGA Histone Acetylase Complex and the Nuclear Pore-Associated mRNA Export Machinery. *Cell.* 116:75–86.
- Rueden, C. T., Schindelin, J., Hiner, M. C., DeZonia, B. E., Walter, A. E., Arena, E. T., Eliceiri, K. W. (2017) "[ImageJ2: ImageJ for the next generation of scientific image data](#)". *BMC Bioinformatics.* 18:2918-7165.
- Saboya, R. de C. C., Borges, P. R. S., Saboya, L. M. F., Monteiro, F. P. dos R., Souza, S. E. A. de., Santos, A. F. dos., Santos, E. R. dos. (2013) Resposta do feijão-caupi a estirpes fixadoras de nitrogênio em Gurupi-TO. *Journal of Biotechnology and Biodiversity.* 4:40-48.
- Sanginga, N., Okogun, J., Vanlauwe, B., K. Dashiell. (2002) The contribution of nitrogen by promiscuous soybeans to maize based cropping the moist savanna of Nigeria. *Plant and Soil.* 241:223–231.
- Santos, A., Ceccon, G., Teodoro, P. E., Correa, A. M., Alvarez, R. C. F., Silva, J. F., Alves, V. B. (2016) Adaptabilidade e estabilidade de genótipos de feijão caupi ereto via REML/BLUP e GGE Biplot. *Bragantia.* 75:299-306.

- Santos, J. M., Casaes Alves, P. A., Silva, V. C., Kruschewsky Rhem, M. F., James, E. K., Gross, E. (2017) Diverse genotypes of *Bradyrhizobium* nodulate herbaceous *Chamaecrista* (Moench) (Fabaceae, Caesalpinioideae) species in Brazil. *Syst. Appl. Microbiol.* 40:69-79.
- Scapim, C. A., Oliveira, V. R., Braccini, A. L., Cruz, C. D., Andrade, C. A. B., Vidigal, M. C. G. (2000) Yield stability in maize (*Zea mays*) and correlations among the parameters of Ebehart an Russell, Lin and Binns and Huehn models. *Genetics and Molecular Biology.* 23:387-393.
- Sena, M. M., Frighetto, R. T. S., Valarini, P. J., Tokeshi, H., Poppi, R. J. (2002) Discrimination of management effects on soil parameters by using principal component analysis: a multivariate analysis case study. *Soil and Tillage Research.* 67:171-181.
- Silva, W. C. J., Duarte, J. B. (2006) Métodos estatísticos para estudo de adaptabilidade fenotípica em soja. *Pesquisa Agropecuária Brasileira.* 41:23-30.
- Silva, G. C., Magalhães, R. C., Sobreira, A. C., Schmitz, R., Silva, L. C. DA. (2017) Dry grain yield and production components in cowpea genotypes under irrigated and rainfed cultivation. *Agro@ambiente On-line.* 10:342-350.
- Singh, B. B. (2005) Cowpea [*Vigna unguiculata* (L.) Walp. In: SINGH, R. J.; JAUHAR, P. P. (editors). Genetic Resources, Chromosome Engineering and Crop Improvement. v. 1. Boca Raton: CRC Press. p. 117-162.
- Singh, B. B. (2006) Cowpea breeding at IITA: highlights of advances impacts. In: CONGRESSO NACIONAL DE FEIJÃO-CAUPI, 1º REUNIÃO NACIONAL DE FEIJÃO-CAUPI, 6. Tecnologias para o agronegócio: anais. Teresina, PI: *Embrapa Meio-Norte.* 1. CDROM.
- Singh, B. B., Ehlers J. D., Sharma B., Freire Filho, F. R. (2002) Recente progress in cowpea breeding. In: Fatokun C. A.; Tarawali, S. A; Singh B. B.; Kormawa, P. M.; Tamo, M. (eds.). Challengens and opportunities for enchancing sustainable cowpea production. Ibadan: *IITA*, p. 22-40.
- Smartt, J. (1990) Grain legumes: evolution and genetic resources. Cambridge: Cambridge University Press, 333 p.

- Soares, A. L. L., Pereira, A. R., Ferreira, P. A. A., Vale, H. M. M., LIMA, A. S., Andrade, M. J. B., Moreira, F. M. S. (2006) Eficiência agrônômica de rizóbios selecionados e diversidade de populações nativas nodulíferas em Perdões (MG). I. Caupi. *R. Bras. Ci. Sol.* 30:795-802.
- Soratto, R. P., A. R. F. O., Rodrigues, R. A. F., Buzetti, S., Silva, T. R. B. (2003) Resposta do feijoeiro ao preparo do solo, manejo de água e parcelamento do nitrogênio. *Acta Scientiarum: Agronomy*. 25:89-96.
- Sousa, I. S., Freire Filho, F. R., Lopes, A. C. A., Rocha, M. M., Ribeiro, V. Q., Rêgo, M. S. C. (2006) Determinação da taxa de fecundação cruzada natural em diferentes distâncias em feijão-caupi. In: CONGRESSO NACIONAL DE FEIJÃO-CAUPI. Anais. Teresina, PI: *Embrapa Meio-Norte*, 1 CD-ROM.
- Steele, W. M., Mehra, K. L. (1980) Structure, evolution and adaptation to farming system and environment in *Vigna*. In: summerfield, D.R; Bunting, A. H. *Advances in legume science*, p. 459-468.
- Steele, W. M. (1976) Cowpeas *Vigna unguiculata* (Leguminosae-Papilionateae). In: Simmonds N. W. *Evolution of Crop Plants*. London: *Longman*, p.183-185.
- Steenkamp, E. T., Stepkowski, T., Przymusiak, A., Botha, W. J., Law, I. J. (2008) Cowpea and peanut in southern Africa are nodulated by diverse *Bradyrhizobium* strains harboring nodulation genes that belong to the large pantropical clade common in Africa. *Mol. Phylogenet. Evol.* 48:1131-1144.
- Stepkowski, T., Hughes, C. E., Law, I. J., Markiewicz, L., Gurda, D., Chlebicka, A., Moulin, L. (2007) Diversification of lupine *Bradyrhizobium* strains: evidence from nodulation gene trees. *Appl. Environ. Microbiol.* 73:3254-3264.
- Storck, L., Ribeiro, N. D. (2011) Valores genéticos de linhas puras de soja preditos com o uso do método de Papadakis. *Bragantia*. 70:753-758.
- Summerfield, R. J., Pate, J. S., Roberts, E. H. (1985) The physiology of cowpeas. In: Singh, S. R., Rachie, K. O. (Eds) *Cowpea research, production and utilization*. New York: John Wiley and Sons, p. 65-102.
- Taiz, L., Zeiger, E. (2013) *Fisiologia vegetal*. 5.ed. Porto Alegre:Artemed, 954p.

- Teodoro, P. E., Nascimento, M., Torres, F. E., Barroso, L. M. A., Sagrilo, E. (2015) Perspectiva bayesiana na seleção de genótipos de feijão-caupi em ensaios de valor de cultivo e uso. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*. 50:878-885.
- Teófilo, E. M., Mamede, F. B. F., Sombra, N. S. (1999) Hibridação natural em feijão-caupi (*Vigna unguiculata* (L.) Walp - Fabacea). *Ciência e Agrotecnologia*. 23:1010-1011.
- Thorburn, P. J., Biggs, J. S., Webster, A. J., Biggs, I. M. (2011) An improved way to determine nitrogen fertiliser requirements of sugarcane crops to meet global environmental challenges. *Plant and Soil*. 339: 51-67.
- Timko, P. M., Ehlers, J. D., Roberts, P. A. Cowpea. In: Kole, C. (2007) Genome Mapping and Molecular Breeding in Plants: Pulses, Sugar and Tuber Crops. (Ed.) Springer-Verlag Berlin Heidelberg, vol.03, p. 49-67.
- Torres, F. E., Sagrilo, E., Teodoro, P. E., Ribeiro, L. P., Cargnelutti Filho, A. (2015) Número de repetições para avaliação de caracteres em genótipos de feijão-caupi. *Bragantia*. 74:161-168.
- Tosti, N., Negri, V. (2002) Efficiency of three PCR-based markers in assessing genetic variation among cowpea (*Vigna unguiculata* subsp. *Unguiculata*) landraces. *Genome*. 45:268-275.
- Trethowan, R.M. (2014). Defining a genetic ideotype for crop improvement. In: Fleury D., Whitford R. (eds) Crop Breeding. Methods in Molecular Biology (Methods and Protocols), vol 1145. *Humana Press*, New York, NY.
- Valadares, R. de N., Moura, M. da C. C. L., Silva, A. F. A., Silva, L. S., Vasconcelos, M. C. C. A., Silva, R. G. (2010) Adaptabilidade e estabilidade fenotípica em genótipos de feijão-caupi (*Vigna unguiculata* (L.) Walp.) de porte ereto/semi-ereto nas Mesorregiões Leste e Sul maranhense. *Agropecuária Científica no Semi-Árido*. 6:21-27.
- Valenzuela, H., Smith, J. Cowpea. (2002) Cooperative Extension Service. College of Tropical Agriculture and Human Resource. 4p.

- Vencovsky, R., Barriga, P. (1992) *Genética biométrica no fitomelhoramento*.
Ribeirão Preto: *Sociedade Brasileira de Genética*, 496p.
- Verdcourt, B. (1970) Studies in the Leguminosae-Papilionoidea for the flora of tropical East Africa IV. *Kew Bulletin*. 24:569-597.
- Verma, M. M., Chahal, G. S., Murty, B. R. (1978) Limitations of conventional regression analysis: a proposed modification. *Theoretical And Applied Genetics*. 53:89-91.
- Vilela, F. O. (2008) *Melhoramento Genético de Feijão-de-Vagem (Phaseolus vulgaris L.) Avanço de Gerações via SSD, uso de Índices de Seleções Estatísticas P1 na identificação de Genótipos Superiores*. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro – UENF, Campos dos Goytacazes, RJ, 160p.
- Vinuesa, P., Leon-Barrios, M., Silva, C., Willems, A., Jarabo-Lorenzo, A., Perez Galdona, R., et al. (2005a) *Bradyrhizobium canariense* sp. nov., an acid-tolerant endosymbiont that nodulates endemic genistoid legumes (Papilionoideae: Genisteeae) from the Canary Islands, along with *Bradyrhizobium japonicum* bv. genistearum, *Bradyrhizobium* genospecies alpha and *Bradyrhizobium* genospecies beta. *Int. J. Syst. Evol. Microbiol.* 55:569-575.
- Vinuesa, P., Silva, C., Lorite, M. J., Izaguirre-Mayoral, M. L., Bedmar, E. J., and Martínez-Romero, E. (2005b) Molecular systematics of rhizobia based on maximum likelihood and Bayesian phylogenies inferred from rrs, atpD, recA and nifH sequences, and their use in the classification of *Sesbania* microsymbionts from Venezuelan wetlands. *Syst. Appl. Microbiol.* 28:702-716.
- Xu, L. M., Ge, C., Cui, Z., Li, J., Fan, H. (1995) *Bradyrhizobium liaoningense* sp. nov., isolated from the root nodules of soybeans. *Int. J. Syst. Bacteriol.* 45:706-711.
- Yan, W. (2002) Singular value partitioning for biplot analysis of multienvironment trial data. *Agronomy Journal*. 94:990-996.
- Yan, W. (2011) GGE Biplot vs. AMMI Graphs for Genotype-by-Environment Data Analysis. *Journal of the India Society of Agricultural Statistics*. 65:181-193.

- Yan, W. (2002) Singular value partitioning in biplot analysis of multi environment trial data. *Agron. Journal*. 94:990-996.
- Yan, W., Hunt, L. A., Sheng, Q., Szlavnic, Z. (2000) Cultivar evaluation and mega-environment investigation based on the GGE biplot. *Crop Sci*. 40:597–605.
- Yan, W., Cornelius, P. L., Crossa, J., Hunt, L. A. (2001). Two types of GGE biplots for analyzing multi-environment trial data. *Crop Sci*. 41:656-663.
- Yan, W., Rajcan, I. (2002) Biplot evaluation of test sites and trait relations of soybean in Ontario. *Crop Science*. 42:11-20.
- Yan, W., Hunt, L. A., Sheng, Q., Szlavnic, Z. (2000) Cultivar evaluation and mega-environment investigation based on GGE biplot. *Crop Science*. 40:597-605.
- Yan, W., Kang, M. S., M. A, B., Woods, S., Cornelius, P. L. (2007) GGE Biplot vs. AMMI Analysis of Genotype-by-Environment Data. *Crop Science*. 47:643-653.
- Yan, W; Holland, J. B. (2010) A heritability-adjusted GGE biplot for test environment evaluation. *Euphytica*171:355-369.
- Yan, W; Tinker, A. (2006). Biplot analysis of multi environment trial data: principles and applications. *Canadian Journal of Plant Science*. 86:623-645.
- 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.
- Yao, Y., Sui, X. H., Zhang, X. X., Wang, E. T., Chen, W. X. (2015) *Bradyrhizobium erythrophlei* sp. nov. and *Bradyrhizobium ferriligni* sp. nov., isolated from effective nodules of *Erythrophleum fordii*. *Int. J. Syst. Evol. Microbiol*. 65:1831-1837.
- Yates, F., Cochran, W. G. (1938) The analysis of groups of experiments. *The Journal of Agriculture Science*. 28:556-580.
- Zilli, J. E., Valisheski, R. R., Freire-Filho, F. R., Neves, M. C. P., Rumjanek, N. G. (2004) Assessment of cowpea rhizobium diversity in cerrado areas of northeastern Brazil. *Braz. J. Microbiol*. 35:281-287.

Zilli, J. É., Marson, L. C., Marson, B. F., Rumjanek, N. G., Xavier, G. R. (2009) Contribuição de estirpes de rizóbio para o desenvolvimento e produtividade de grãos de feijão-caupi em Roraima. *Acta Amazonica*. 39:749-757.