

**ADAPTABILIDADE E ESTABILIDADE DE GENÓTIPOS DE FEIJÕES  
PRETO E ROXO PARA O NORTE E NOROESTE FLUMINENSE**

**MAXWEL RODRIGUES NASCIMENTO**

**UNIVERSIDADE ESTADUAL DO NORTE FLUMINENSE  
DARCY RIBEIRO**

**CAMPOS DOS GOYTACAZES - RJ  
MARÇO – 2022**

**ADAPTABILIDADE E ESTABILIDADE DE GENÓTIPOS DE FEIJÕES  
PRETO E ROXO PARA O NORTE E NOROESTE FLUMINENSE**

**MAXWEL RODRIGUES NASCIMENTO**

“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. Rogério Figueiredo Daher

CAMPOS DOS GOYTACAZES – RJ  
MARÇO – 2022

## FICHA CATALOGRÁFICA

UENF - Bibliotecas

Elaborada com os dados fornecidos pelo autor.

N244

Nascimento, Maxwell Rodrigues.

Adaptabilidade e estabilidade de genótipos de feijões preto e roxo para o Norte e Noroeste Fluminense / Maxwell Rodrigues Nascimento. - Campos dos Goytacazes, RJ, 2022.

112 f. : il.

Bibliografia: 75 - 86.

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

Orientador: Rogerio Figueiredo Daher.

1. *Phaseolus vulgaris* L.. 2. análise de trilha. 3. correlações. 4. GGE Biplot. 5. interação genótipos x ambientes. I. Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro. II. Título.

CDD - 631.5233

# ADAPTABILIDADE E ESTABILIDADE DE GENÓTIPOS DE FEIJÕES PRETO E ROXO PARA O NORTE E NOROESTE FLUMINENSE

**MAXWEL RODRIGUES NASCIMENTO**

“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 01 de março de 2022

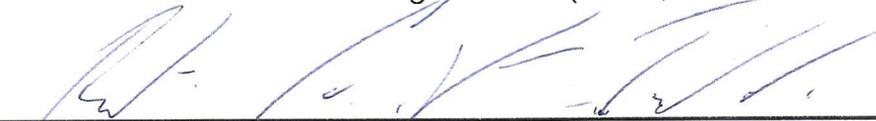
Comissão Examinadora:



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



Prof. Messias Gonzaga Pereira (Ph.D., Plant Breeding) - UENF



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



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

“Não temas, porque eu sou contigo; não te assombres, porque eu sou o teu Deus;  
eu te esforço, e te ajudo, e te sustento com a destra da minha justiça.”

Isaías 41:11

## **AGRADECIMENTOS**

A Deus, toda honra e toda glória sejam dadas a ti, minha eterna gratidão por ter transformado todo o meu esforço em uma grande vitória.

Aos meus pais, Maria da Penha Nascimento e Vandir Rodrigues Pereira, pelo amor, pelo apoio, pelo incentivo e pela compreensão, principalmente nos momentos mais difíceis pelos quais passei durante a pós-graduação.

Agradeço a minha filha Alice Pimentel da Costa Rodrigues, que, embora tão pequenina na idade, foi grande no pensamento, me incentivando todos os dias a ser uma pessoa melhor, me apoiando e compreendendo as minhas dificuldades e ausências e além disso, por me apresentar o maior amor do mundo!

A Isabelle Pimentel da Costa, amor da minha vida, minha esposa, companheira, amiga, confidente, agradeço-lhe por sempre se importar comigo, por estar a meu lado, me apoiando, me ajudando, vibrando e acreditando na minha capacidade. Essa vitória também é sua. Amo-a muito!

À Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro e ao Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento de Plantas, por tornar possível a concretização de mais um sonho acadêmico.

Ao professor e nobre amigo Rogério Figueiredo Daher, pelos ensinamentos, pela enorme paciência, pelo incentivo, pela confiança e também pelas sábias orientações que foram fundamentais na realização desse trabalho.

Aos meus conselheiros, Prof. Messias Gonzaga Pereira e Prof. Marcelo Vivas pelas excelentes contribuições.

Ao Centro Estadual de Pesquisas em Agroenergia e Aproveitamento de Resíduos (CEPAAR) da Empresa de Pesquisa Agropecuária do Estado do Rio de Janeiro (Pesagro-Rio) representados pelos ilustres e admiráveis Dr. Benedito Fernandes de Souza Filho e Dr. Silvino Amorim Neto, por acreditarem nesta grande parceria que gerou inúmeros resultados satisfatórios.

À Fundação Carlos Chagas Filho de Amparo à Pesquisa do Estado do Rio de Janeiro (FAPERJ), pela concessão da bolsa de doutorado.

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

Aos professores do Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento de Plantas, bem como aos professores de outros programas em que fui aluno, pelos ensinamentos oferecidos durante as disciplinas que cursei e pelas colaborações em diversos momentos que eu mais precisei.

Aos amigos do Laboratório de Engenharia Agrícola (LEAG), pelo companheirismo, ensinamentos e distrações no decorrer do doutorado.

E a todos aqueles que de alguma forma contribuíram para a realização deste trabalho.

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

<b>RESUMO</b> .....	xi
<b>ABSTRACT</b> .....	xiii
<b>1. INTRODUÇÃO</b> .....	1
<b>2. OBJETIVOS</b> .....	4
2.1. Objetivo geral .....	4
2.2. Objetivos específicos .....	4
<b>3. CAPÍTULOS</b> .....	5
<b>3.1. SELEÇÃO DE PRÉ-CULTIVARES DE FEIJÃO PRETO COM BASE NA ADAPTABILIDADE E ESTABILIDADE PARA O NORTE E NOROESTE FLUMINENSE</b> .....	5
<b>3.1.1. INTRODUÇÃO</b> .....	5
<b>3.1.2. REVISÃO DE LITERATURA</b> .....	7
3.1.2.1. Aspectos botânicos e origem do feijão comum.....	7
3.1.2.2. Fenologia do feijoeiro comum.....	9
3.1.2.3. Aspectos econômicos da cultura do feijão.....	9
3.1.2.4. Centro de origem do feijoeiro.....	12
3.1.2.5. Melhoramento do feijoeiro comum.....	13
3.1.2.6. Interação genótipos x ambientes: adaptabilidade e estabilidade.....	16
<b>3.1.3. MATERIAL E MÉTODOS</b> .....	20
3.1.3.1. Material genético utilizado .....	20
3.1.3.2. Condução dos experimentos e característica avaliada.....	21

3.1.3.3.	Análises genético-estatísticas.....	22
3.1.3.4.	Decomposição da interação em parte complexa .....	23
3.1.3.5.	Metodologia de Eberhart & Russell .....	24
3.1.3.6.	Metodologia de Lin & Binns .....	25
3.1.3.7.	Metodologia de modelos mistos via REML/BLUP .....	26
3.1.3.8.	Análise multivariada GGE Biplot.....	27
<b>3.1.4.</b>	<b>RESULTADOS E DISCUSSÃO</b> .....	<b>28</b>
3.1.4.1.	Estimativas das interações complexas .....	32
3.1.4.2.	Análises via regressão linear simples e dados não paramétricos.....	33
3.1.4.3.	Análises REML/BLUP .....	37
3.1.4.4.	Análises de componentes principais.....	39
3.1.4.5.	Adaptabilidade e estabilidade de genótipos de feijão roxo .....	45
<b>3.1.5.</b>	<b>CONCLUSÕES</b> .....	<b>48</b>
<b>3.2.</b>	<b>ASSOCIAÇÕES ENTRE CARACTERES AGRONÔMICOS EM GENÓTIPOS DE FEIJÕES PRETO E ROXO</b> .....	<b>49</b>
<b>3.2.1.</b>	<b>INTRODUÇÃO</b> .....	<b>49</b>
<b>3.2.2.</b>	<b>REVISÃO DE LITERATURA</b> .....	<b>51</b>
3.2.2.1.	Herdabilidade.....	51
3.2.2.2.	Correlações entre caracteres.....	52
<b>3.2.3.</b>	<b>MATERIAL E MÉTODOS</b> .....	<b>54</b>
3.2.3.1.	Material genético utilizado e condução do experimento .....	54
3.2.3.2.	Características avaliadas.....	57
3.2.3.3.	Análise genético-estatística .....	57
<b>3.2.4.</b>	<b>RESULTADOS E DISCUSSÃO</b> .....	<b>58</b>
<b>3.2.5.</b>	<b>CONCLUSÕES</b> .....	<b>74</b>
	<b>REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS</b> .....	<b>75</b>
	<b>APÊNDICES</b> .....	<b>87</b>

## FIGURAS

- Figura 1.** Precipitação em mm, temperatura do ar mínima e máxima em °C dos municípios onde foram avaliados onze genótipos de feijão preto e doze genótipos de feijão roxo no estado do Rio de Janeiro, nos anos de 2018 e 2019.....22
- Figura 2.** GGE biplot “which-won-where” para produção de grãos em genótipos de feijão preto, que mostra quais genótipos obtiveram melhor produção em qual ambiente. Rio de Janeiro, 2018-2019. ....41
- Figura 3.** GGE biplot “Média vs. Estabilidade” para produtividade de grãos de genótipos de feijão preto. Rio de Janeiro, 2018-2019.....42
- Figura 4.** GGE Biplot da discriminação e representatividade entre ambientes. Rio de Janeiro, 2018-2019. ....43
- Figura 5.** GGE Biplot representando o ‘Ideótipo’ para produtividade de grãos de genótipos de feijão preto. Rio de Janeiro, 2018-2019.....45

## TABELAS

<b>Tabela 1.</b> Genótipos de feijões preto e roxo e suas origens, avaliados no estado do Rio de Janeiro nos anos de 2018 e 2019.....	21
<b>Tabela 2.</b> Resumo da análise de variância individual para a característica produtividade, em kg ha <sup>-1</sup> , em cinco ambientes com onze genótipos de feijão preto e em dois ambientes com doze genótipos de feijão roxo, avaliados no estado do Rio de Janeiro nos anos de 2018 e 2019.....	30
<b>Tabela 3.</b> Resumo da análise de variância conjunta para a característica produtividade, em kg ha <sup>-1</sup> , em cinco ambientes com onze genótipos de feijão preto e em dois ambientes com doze genótipos de feijão roxo, avaliados no estado do Rio de Janeiro nos anos de 2018 e 2019.....	31
<b>Tabela 4.</b> Estimativas das interações complexas (%C) em cinco ambientes com onze genótipos de feijão preto, avaliados no estado do Rio de Janeiro nos anos de 2018 e 2019. ....	32
<b>Tabela 5.</b> Estimativas dos coeficientes de regressão ( $\hat{\beta}_{1i}$ ), desvios de regressões ( $\hat{\sigma}_{di}^2$ ) e coeficiente de determinação ( $R^2$ ) segundo o método de Eberhart & Russell (1966) e índices gerais ( $P_i$ ), ambientes favoráveis ( $P_{if}$ ) e desfavoráveis ( $P_{id}$ ) segundo o método de Lin & Binns (1988), modificado por Carneiro (1998), para a característica produtividade, em kg ha <sup>-1</sup> , avaliada em cinco ambientes com onze	

genótipos de feijão preto no estado do Rio de Janeiro, nos anos de 2018 e 2019. .....	34
<b>Tabela 6.</b> Médias gerais e índices ambientais, referentes à produtividade de grãos, em kg ha <sup>-1</sup> , de onze genótipos de feijão preto, avaliados no estado do Rio de Janeiro nos anos de 2018 e 2019.....	37
<b>Tabela 7.</b> Valores genotípicos capitalizados pela interação com os ambientes (u + g + ge), bem como adaptabilidade e estabilidade dos valores genotípicos (MHPRVG) preditos via REML/BLUP para produtividade de grãos (kg ha <sup>-1</sup> ) de onze genótipos de feijão preto, avaliados no estado do Rio de Janeiro nos anos de 2018 e 2019.....	38
<b>Tabela 8.</b> Valor singular, variação explicada em porcentagem (VE), variação explicada acumulada em porcentagem (VEA) e relação da informação (RI) para a característica de produtividade de onze genótipos de feijão preto, avaliados no estado do Rio de Janeiro nos anos de 2018 e 2019.....	39
<b>Tabela 9.</b> Estimativas índices geral (P <sub>i</sub> ), ambientes favoráveis (P <sub>if</sub> ) e desfavoráveis (P <sub>id</sub> ) segundo o método de Lin & Binns (1988), modificado por Carneiro (1998), valores genotípicos capitalizados pela interação com os ambientes (u + g + ge), bem como adaptabilidade e estabilidade dos valores genotípicos (MHPRVG) preditos pela análise REML/BLUP para produtividade de grãos (kg ha <sup>-1</sup> ) de doze genótipos de feijão roxo, avaliados no município de Campos dos Goytacazes, nos anos de 2018 e 2019.....	47
<b>Tabela 10.</b> Características dos municípios do estado do Rio de Janeiro onde foram avaliados os genótipos de feijões preto e roxo no ano de 2018.....	55
<b>Tabela 11.</b> Genótipos de feijões preto e roxo cultivados em Campos dos Goytacazes e Macaé, Rio de Janeiro, 2018.....	56
<b>Tabela 12.</b> Análises de variâncias dos caracteres relacionados com a produção em quatro ensaios de genótipos de feijões preto e roxo cultivados em Campos dos Goytacazes e Macaé, Rio de Janeiro, 2018.....	65
<b>Tabela 13.</b> Correlações fenotípica, genotípica e ambiental de genótipos de feijão preto de ciclo normal – EP, Campos dos Goytacazes, 2018.....	67

<b>Tabela 14.</b> Correlações fenotípica, genotípica e ambiental de genótipos de feijão preto de ciclo precoce – EP, Macaé, 2018.....	68
<b>Tabela 15.</b> Correlações fenotípica, genotípica e ambiental em genótipos de feijão roxo – VCU, Campos dos Goytacazes, 2018.....	69
<b>Tabela 16.</b> Correlações fenotípica, genotípica e ambiental em genótipos de feijão preto – VCU, Campos dos Goytacazes, 2018.....	70
<b>Tabela 17.</b> Estimativas dos efeitos diretos e indiretos das variáveis consideradas como primárias sobre a variável principal produtividade de grãos (PROD), realizadas com os dados de média de genótipos de feijões preto e roxo cultivados em Campos dos Goytacazes e Macaé, Rio de Janeiro, 2018. ....	71

## RESUMO

NASCIMENTO, Maxwell Rodrigues; D. Sc.; Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro. Março de 2022. Adaptabilidade e estabilidade de genótipos de feijões preto e roxo para o Norte e Noroeste Fluminense. Orientador: Prof. Rogério Figueiredo Daher.

O feijoeiro comum é a principal espécie de leguminosa cultivada para a alimentação humana, sendo uma importante fonte de proteínas, vitaminas e minerais, principalmente para o estrato da sociedade economicamente menos favorecida. O desenvolvimento de novas cultivares é uma estratégia de programas de melhoramento para o aumento da produção de alimentos com sustentabilidade ambiental. Atualmente a interação genótipos x ambientes (G x A) representa um grande desafio na identificação e seleção de genótipos superiores para as mais diversas condições de cultivo. Em razão da existência dessa interação, são indispensáveis a seleção e o desenvolvimento de materiais que apresentem não só elevada produtividade como também adaptabilidade e estabilidade fenotípica. Diante do exposto, este primeiro estudo tem como objetivo analisar o desempenho e selecionar pré-cultivares de feijão preto e roxo, simultaneamente quanto à produtividade de grãos, estabilidade e adaptabilidade. As avaliações foram feitas em sete ambientes distribuídos em três municípios das regiões Norte e Noroeste Fluminense. Ao todo foram avaliados onze genótipos de feijão preto em cinco ambientes e doze genótipos de feijão roxo em dois ambientes. Foi utilizado o delineamento de blocos casualizados com três repetições. Foi mensurada a

produtividade de grãos ( $\text{kg ha}^{-1}$ ) em cada ambiente de avaliação. A interação G x A foi significativa o que exprime um desempenho diferencial dos genótipos nos diferentes ambientes avaliados. A adaptabilidade e a estabilidade fenotípicas foram avaliadas via GGE Biplot, Eberhart & Russell, Lin & Binns e REML/BLUP com o auxílio do software GENES, R e Selegen-REML/BLUP. As metodologias com base em regressão linear simples e análise estatística não paramétrica foram concordantes na identificação de genótipos de feijão preto com estabilidade de produção (BRS Esteio, BRS FP 403 e CNFP 16459), responsivos à melhoria do ambiente (BRS Esteio) e adaptados a ambientes desfavoráveis (BRS Esteio). Além disso, o BRS esteio foi classificado como o ideótipo, via GGE Biplot, apresentando melhor adaptabilidade, alta estabilidade e desempenho superior à média geral, confirmando o valor estimado pela média harmônica da performance relativa dos valores genéticos preditos (MHPRVG), via BLUP, para o mesmo genótipo. Em relação ao feijão roxo, os resultados estimados via Lin & Binns e MHPRVG foram concordantes na indicação da linhagem CNFRX 16340. No segundo estudo, foram estimadas as correlações genotípicas, fenotípicas e ambientais, além das análises de trilhas da produtividade de grãos e seus componentes de produção em ensaios de feijões dos grupos comerciais preto e roxo. Foram avaliados quatro ensaios, sendo dois preliminares e dois de valores de cultivo e uso, com 41 genótipos de feijão preto e 12 genótipos de feijão roxo em Campos dos Goytacazes e Macaé no ano de 2018. Foi utilizado o delineamento de blocos casualizados com três repetições. Os resultados apontam que é possível obter ganhos em produtividade de grãos pela seleção direta através de altura de planta, comprimento de raiz e estande final de plantas para o ensaio preliminar de genótipos de feijão preto de ciclo normal. Considerando o ensaio preliminar dos genótipos de feijão preto de ciclo precoce, é possível obter ganhos diretos e significativos em produtividade de grãos pela seleção para o aumento do número de vagens por planta, diâmetro de vagem e estande final de plantas. Para os genótipos dos ensaios de valor de cultivo e uso (VCU), os ganhos diretos em produtividade de grãos podem ser obtidos pelo aumento do comprimento de raiz e diâmetro de vagem para genótipos de feijão roxo e pelo acréscimo em altura de plantas para genótipos de feijão preto.

**Palavras-chave:** *Phaseolus vulgaris* L., análise de trilha, correlações, GGE Biplot, interação genótipos x ambientes, REML/BLUP.

## ABSTRACT

NASCIMENTO, Maxwell Rodrigues; D. Sc.; Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro. March 2022. Adaptability and stability of black and purple bean genotypes for North and Northwest Fluminense. Adviser: Prof. Rogério Figueiredo Daher.

Common bean is the main legume species cultivated for human consumption, being an important source of proteins, vitamins and minerals, mainly for the economically disadvantaged stratum of society. The development of new cultivars is a strategy for breeding programs to increase food production with environmental sustainability. Currently, the interaction genotypes x environments (G x E) represents a great challenge in the identification and selection of genotypes superior to the most diverse cultivation conditions. Due to the existence of this interaction, it is essential to select and develop materials that present not only high productivity but also adaptability and phenotypic stability. Given the above, this first study aims to analyze the performance and select pre-cultivars of black and purple beans, simultaneously regarding grain yield, stability and adaptability. The evaluations were carried out in seven environments distributed in three cities in the North and Northwest regions of Fluminense. Altogether eleven black bean genotypes were evaluated in five environments and twelve purple bean genotypes in two environments. A randomized block design with three replications was used. Grain yield ( $\text{kg ha}^{-1}$ ) was measured in each evaluation environment. The G x E interaction was significant, which expresses a differential performance of the genotypes in the

different environments evaluated. The adaptability and phenotypic stability were evaluated via GGE Biplot, Eberhart & Russell, Lin & Binns and REML/BLUP with the aid of GENES, R and Selegen-REML/BLUP software. The methodologies based on simple linear regression and non-parametric statistical analysis were concordant in the identification of black bean genotypes with production stability (BRS Esteio, BRS FP 403 and CNFP 16459), responsive to environmental improvement (BRS Esteio) and adapted to unfavorable environments (BRS Esteio). In addition, the mainstay BRS was classified as the ideotype, via GGE Biplot, presenting better adaptability, high stability and performance superior to the general average, confirming the value estimated by the harmonic mean of the relative performance of genetic values (HMRPGV), via BLUP, for the same genotype. Regarding kidney beans, the results estimated via Lin & Binns and HMRPGV were in agreement in the indication of the inbred line CNFRX 16340. In the second study, the genotypic, phenotypic and environmental correlations were estimated, in addition to the analysis of grain yield tracks and their components. of production in trials of beans from the black and purple commercial groups. Four trials were evaluated, two preliminary and two of cultivation and use values, with 41 black bean genotypes and 12 purple bean genotypes in Campos dos Goytacazes and Macaé in the year 2018. A randomized block design was used. with three repetitions. The results indicate that it is possible to obtain gains in grain yield by direct selection through plant height, root length and final stand of plants for the preliminary test of normal cycle black bean genotypes. Considering the preliminary test of early cycle black bean genotypes, it is possible to obtain direct and significant gains in grain productivity by selecting to increase the number of pods per plant, pod diameter and final stand of plants. For the genotypes of the value of cultivation and use (VCU) assays, Direct gains in grain yield can be obtained by increasing root length and pod diameter for purple bean genotypes and by increasing plant height for black bean genotypes.

**Key words:** *Phaseolus vulgaris* L., path analysis, correlations, GGE Biplot, genotypes x environment interaction, REML/BLUP.

## 1. INTRODUÇÃO

O cultivo do feijoeiro comum é feito por pequenos e grandes produtores rurais, em diferentes sistemas de produção, e em todas as regiões brasileiras. Segundo com Carneiro et al. (2014), dependendo do genótipo e das condições edafoclimáticas, o feijoeiro pode apresentar ciclos variando de 65 a 100 dias, o que o torna uma cultura apropriada para compor, desde sistemas agrícolas intensivos irrigados, altamente tecnificados, até aqueles com baixo uso tecnológico, principalmente de subsistência. Além disso, é uma cultura bastante nutritiva, sendo uma importante fonte de proteínas, carboidratos, vitaminas, minerais e fibras (Silva et al., 2013).

No Brasil, ano agrícola 2020/2021, o feijoeiro ocupou uma área cultivada de 2,92 milhões de hectares, com uma produção de 2,88 milhões de toneladas, produzidos principalmente na região Centro-Sul, que participou com 75% da produção nacional (CONAB, 2022). Deste montante, 2,25 milhões de toneladas correspondem à produção de feijão comum (*Phaseolus vulgaris*), representado, em sua maioria, por feijões de cores como carioca, rajado, jalo, branco, vermelho, roxo, rosinha, exceto o preto.

Nas principais regiões produtoras de feijão, o cultivo é feito em três épocas distintas de plantio - safra das águas, da seca e de inverno - segundo o zoneamento agroclimático de cada região (Carneiro et al., 2014). É também nessas regiões que se concentram os principais programas de melhoramento de feijão como a da Embrapa Arroz e Feijão, do Instituto Agrônomo de Campinas (IAC) e do Instituto Agrônomo do Paraná (IAPAR), além de instituições públicas de ensino como a

Universidade Federal de Lavras (UFLA), Universidade Federal de Viçosa (UFV) e a Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro (UENF), em que há uma busca contínua por novas cultivares, mais produtivas, menos sensíveis aos estresses bióticos e abióticos e com características que atendam ao mercado consumidor.

Apesar de o Brasil ser um dos maiores produtores, o cultivo do feijoeiro por área ainda apresenta pouco rendimento no país. Segundo a CONAB (2022), a produtividade brasileira da safra 2020/2021 foi de apenas 984 kg ha<sup>-1</sup>, abaixo, portanto, de países como EUA e China, que apresentaram, respectivamente, 2.204 e 1.744 kg ha<sup>-1</sup> (CONAB, 2022; FAO, 2022).

A produção brasileira de feijão atualmente não é suficiente para o abastecimento do mercado interno, o que leva à importação de 100 mil toneladas advindas, principalmente, da Argentina e Bolívia (CONAB, 2022). Opondo-se a este cenário, o país exporta cerca de 200 mil toneladas de feijões especiais como o roxo, rosinha, vermelho, jalo, rajado que são de maior preferência no mercado internacional.

Atualmente os programas de melhoramento assumem posição de destaque no desenvolvimento de novas cultivares com elevado potencial produtivo, ampla adaptabilidade e estabilidade, precocidade de produção, tolerância a déficit hídrico e resistência e/ou tolerância às principais pragas e doenças que acometem a cultura do feijoeiro.

O trabalho de desenvolvimento de uma nova cultivar é dificultado pelo surgimento da interação genótipos x ambientes (G x A), caracterizada pela resposta diferenciada dos genótipos quando submetidos a diferentes ambientes de cultivo, prejudicando a seleção (Cruz et al., 2014). Nesse contexto, devido ao comportamento dos genótipos de feijoeiro ser distinto frente às diferentes regiões, é necessário que novas cultivares sejam continuamente desenvolvidas e lançadas para atender desde o pequeno ao grande produtor em diferentes ambientes específicos importantes dentro de um programa de melhoramento (Melo, 2009).

O maior programa de melhoramento do feijoeiro no Brasil é conduzido pelo Centro Nacional de Pesquisa de Arroz e Feijão da Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária (Embrapa Arroz e Feijão), situada no município de Santo Antônio de Goiás. Os pesquisadores da Embrapa Arroz e Feijão conduzem pesquisas na área

da biotecnologia, pré-melhoramento, melhoramento populacional e no desenvolvimento de novas cultivares de feijão de todos os grupos comerciais.

O programa de melhoramento da Embrapa Arroz e Feijão apresenta as seguintes etapas no desenvolvimento de uma nova cultivar de feijão: Teste de Progênes (TP), Ensaio Preliminar de Linhagens (EP), Ensaio Intermediário (EI) e Ensaio de Valor de Cultivo e Uso (VCU) (Melo, 2009).

Na etapa final de um programa de melhoramento, as linhagens são avaliadas em rede nacional em um grande número de ambientes contrastantes por meio dos ensaios de Valor de Cultivo e Uso (VCU) e dos Testes de Adaptação Local (TAL), que obedecem aos requisitos mínimos para inscrição no Registro Nacional de Cultivares (RNC). Esses ensaios são conduzidos em parcerias estabelecidas entre a Embrapa Arroz e Feijão e as instituições públicas de pesquisa. Com isso, os ensaios de VCUs permitem o lançamento de novas cultivares e os TALs a extensão de indicação de cultivares para outras regiões do Brasil (Melo, 2009).

Sendo assim, o presente trabalho teve como objetivo avaliar a interação G x A, atestar diferentes metodologias de adaptabilidade e estabilidade, bem como as correlações fenotípicas, genotípicas e ambientais e as análises de trilhas da produtividade de grãos e seus componentes de produção para seleção e recomendação de genótipos superiores de feijões preto e roxo para as regiões Norte e Noroeste Fluminense.

## **2. OBJETIVOS**

### **2.1. Objetivo geral**

Avaliar a interação genótipos x ambientes (G x A) em caracteres de interesse agrônômicos em genótipos de feijões preto e roxo, utilizando ensaios de avaliação de linhagens e cultivares.

### **2.2. Objetivos específicos**

Estimar a interação G x A e os parâmetros de adaptabilidade e estabilidade com base na produtividade de grãos de genótipos de feijões preto e roxo;

Determinar as correlações genotípicas, fenotípicas e ambientais, além das análises de trilhas da produtividade de grãos e seus componentes de produção em genótipos de feijões preto e roxo;

Identificação e recomendação de genótipos de feijões preto e roxo que apresentem comportamento previsível e sejam responsivos aos estímulos ambientais, além de apresentarem elevado potencial produtivo, a partir de metodologias de adaptabilidade e estabilidade.

### **3. CAPÍTULOS**

#### **3.1. SELEÇÃO DE PRÉ-CULTIVARES DE FEIJÃO PRETO COM BASE NA ADAPTABILIDADE E ESTABILIDADE PARA O NORTE E NOROESTE FLUMINENSE**

##### **3.1.1. INTRODUÇÃO**

O feijão comum (*Phaseolus vulgaris* L.) é uma das leguminosas mais produzidas e consumidas no mundo e se destaca como a terceira espécie mais importante, depois da soja (*Glycine max* L.) e do amendoim (*Arachis hypogaea* L.) (CONAB, 2022). Sua importância extrapola o aspecto econômico, dada sua relevância como fator de segurança alimentar e nutricional, uma vez que apresenta teores significativos de proteínas, carboidratos, vitaminas, minerais e fibras (Farinelli & Lemos, 2010), e sua importância cultural na culinária de diversos países e culturas.

Além das importâncias cultural e nutricional, a cultura do feijão é também de grande importância socioeconômica por ser cultivado, principalmente, por pequenos e médios produtores rurais. O seu cultivo ocorre em todos os estados brasileiros, em diferentes sistemas e épocas de cultivo, submetendo a cultura a diversas condições edafoclimáticas. O feijão preto ocupa o terceiro lugar no tipo de

grão mais cultivado no país, com produção de 483,6 mil toneladas, sendo muito consumido nos estados da região Sul, Rio de Janeiro e parte dos estados do Espírito Santo, Minas Gerais e São Paulo (CONAB, 2022).

Devido à importância e tradição desta cultura no Brasil, a produção ainda não é suficiente para o abastecimento do mercado interno, sobretudo de feijão do grupo comercial preto.

Em programas de melhoramento que visam ao desenvolvimento de novas cultivares de feijão, a interação genótipos x ambientes ( $G \times A$ ) afeta o comportamento dos genótipos frente às variações impostas pelos ambientes de cultivo. Essa interação é um grande desafio para a seleção pela possibilidade de o genótipo apresentar desempenho diferencial segundo o ambiente, ou seja, ser o melhor em um ambiente e não o ser em outro (Cruz et al., 2012). Para amenizar o efeito da interação  $G \times A$  e seu impacto sobre o processo de seleção e recomendação de genótipos superiores, devem ser implementados experimentos em um maior número de locais e/ou anos agrícolas possíveis.

Para obter informações com maior precisão sobre o desempenho genotípico frente às variações ambientais e entender os efeitos da interação  $G \times A$ , são necessários estudos de adaptabilidade e estabilidade que forneça subsídios necessários à seleção, de forma que a adaptabilidade está relacionada à capacidade de o genótipo obter aproveitamento vantajoso frente às mudanças ambientais, enquanto a estabilidade representa a previsibilidade dos genótipos em decorrência das variações ambientais (Cruz et al., 2014).

Há diversas metodologias capazes de explicar com precisão os efeitos desta interação, entre elas, metodologias com base em análise de regressão linear simples (Eberhart & Russell, 1966), em análise estatística não-paramétrica (Lin & Binns, 1988), em modelos mistos via REML/BLUP (Resende, 2016) e em componentes principais, por exemplo, via GGE Biplot (Yan, 2011).

Na análise GGE Biplot, os gráficos são construídos a partir dos componentes principais, o primeiro e o segundo componentes representam a proporção do rendimento de grãos em razão das características dos genótipos e da interação  $G \times A$ , respectivamente (Miranda et al. 2009; Yan & Holland, 2010). Desta forma, esta análise proporciona melhor compreensão da interação  $G \times A$ , permitindo predizer o desempenho médio dos genótipos nos diferentes ambientes,

além de identificar quais genótipos são mais estáveis (Santos et al., 2019; Yan & Kang, 2019).

A metodologia dos modelos mistos via REML/BLUP é muito utilizada em diversas culturas em virtude de a avaliação genética ser feita pela predição dos valores genéticos dos tratamentos à seleção (Resende, 2016). Destaca-se neste cenário o método da média harmônica da performance relativa dos valores genéticos preditos (MHPRVG), proposto por Resende (2007), que permite fazer a seleção simultânea de genótipos com base em três parâmetros que influenciam substancialmente no desempenho genotípico: produtividade, adaptabilidade e estabilidade.

### 3.1.2. REVISÃO DE LITERATURA

#### 3.1.2.1. Aspectos botânicos e origem do feijão comum

O feijão comum é uma espécie anual, diploide ( $2n = 2x = 22$ ) e autógama, com taxa de fecundação cruzada, estimada entre 3% e 5% (Burle et al., 2010). Essa espécie pertence à família Fabaceae, gênero *Phaseolus*, que compreende cerca de 55 espécies, apenas cinco conhecidas por serem domesticadas: feijão comum (*P. vulgaris* L.); feijão-espadinho, feijão-de-Lima, feijão-fígado-de-galinha ou feijão-fava (*P. lunatus* L.); feijão Ayocote, feijão-da-Espanha ou feijão-de-sete-anos (*P. coccineus* L.); feijão tepari (*P. acutifolius* A. Gray); e *P. polyanthus* Greenman (Debouck, 1999).

Em se tratando de uma espécie pertencente às angiospermas, o feijão comum está compreendido no grupo das eudicotiledôneas e apresenta as seguintes características: raízes pivotantes ou axiais, com peças florais organizadas em múltiplos de dois, quatro, cinco e sementes com dois cotilédones. Já com relação à fotossíntese, é uma planta C3, ou seja, realiza fotorrespiração e, portanto, a eficiência fotossintética é diminuída em relação às plantas C4 que não realizam tal processo (Taiz & Zieger, 2004).

O gênero *Phaseolus* é membro da tribo Phaseoleae, que também inclui o feijão caupi (*Vigna unguiculata* (L.) Walp.), feijão guandu (*Cajanus cajan* (L.) Hunth) e a soja (*Glycine max* L.). A tribo Phaseoleae divergiu da tribo IRLC (Inverted

Repeat-Lacking Clade) há cerca de 55 milhões de anos, sendo que a tribo IRLC inclui as leguminosas predominantemente de clima temperado, como a ervilha (*Pisum sativum* L.), alfafa (*Medicago sativa* L.), grão-de-bico (*Cicer arietinum* Linn.) e lentilha (*Lens culinaris*) (Lavin et al., 2005). Estudos de sintenia entre o feijão comum e a soja revelam que as duas espécies divergiram há 19 milhões de anos, porém análises moleculares, utilizando marcadores RFLP (*Restriction Fragment Length Polymorphism*), revelaram que as sequências do genoma do feijão comum e da soja têm elevado grau de homologia (Stefanović et al., 2009).

O feijoeiro comum é uma planta herbácea que pode apresentar hábito de crescimento determinado ou indeterminado. Segundo Vieira et al. (2013), a classificação das espécies compreende quatro tipos de hábitos de crescimento. O tipo I é caracterizado por ter um hábito de crescimento determinado com gemas terminais reprodutivas no caule principal e nos ramos e os tipos II, III e IV têm hábito de crescimento indeterminado com gemas terminais vegetativas no caule principal e nos ramos. O critério que diferencia esses quatro tipos está no porte da planta, sendo os tipos I e II caracterizados por terem porte ereto, tipo III porte prostrado e tipo IV planta que tem grande capacidade trepadora.

O feijão comum é uma planta herbácea com sistema radicular pivotante, cerca de 20 cm de comprimento, com maior parte localizada nos 10 cm superficiais do solo. O caule é herbáceo. As folhas são pecioladas, trifolioladas, alternas, exceto as primeiras que são simples e opostas. Nas folhas trifolioladas, o folíolo central ou terminal é simétrico e acuminado e os folíolos laterais são assimétricos e acuminados (Vieira, 1967).

As inflorescências são distribuídas em ráculos axilares com flores que apresentam uma bráctea e duas bractéolas, corola papilionada com uma quilha, originada da fusão de duas pétalas inferiores. O androceu apresenta anteras com deiscência longitudinal ou rimosa. O gineceu apresenta o ovário súpero, unilocular, unilocular, pluriovulados, com um estilete terminal e um estigma (Vieira 1967; Leon 1968).

O fruto do feijão comum é um legume denominado popularmente de vagem. As vagens são retas ou ligeiramente curvas, achatadas ou arredondadas, em geral com três a oito sementes (Vieira, 1967). A vagem, ou feijão-vagem, pertence à mesma espécie botânica do feijão comum, porém difere apenas pelas

características das vagens que, normalmente, são maiores e com baixo teor de fibras (Peixoto, 2001).

### **3.1.2.2. Fenologia do feijoeiro comum**

Segundo Laing et al. (1984), o ciclo fenológico do feijoeiro é dividido em duas fases: vegetativa e reprodutiva. A fase vegetativa é constituída pelas etapas V0, V1, V2, V3 e V4 e a reprodutiva pelas etapas R5, R6, R7, R8 e R9. Em geral o ciclo do feijoeiro pode variar de 60 a 110 dias

- V0 – Germinação (iniciada a germinação da semente);
- V1 – Emergência (50% dos cotilédones fora do solo);
- V2 – Folhas primárias (par de folhas primárias expandidas);
- V3 – Primeira folha trifoliolada (com folíolos expandidos);
- V4 – Terceira folha trifoliolada (com folíolos expandidos);
- R5 – Pré-floração (após emissão do primeiro botão ou rácimo floral);
- R6 – Floração (primeira flor aberta);
- R7 – Formação de legumes (primeira vagem com a corola desprendida);
- R8 – Enchimento de legumes (início de inchamento das vagens); e
- R9 – Maturação (quando a primeira vagem começa a descolorir ou a secar).

Em se tratando de uma cultura de ciclo anual, a produção de feijão no Brasil é distribuída em três safras não muito bem definidas no tempo em razão da sazonalidade da cultura. A 1ª safra ou “safra das águas” (também chamada de “safra do Sul e Sudeste”) tem a semeadura geralmente é feita entre agosto e outubro, podendo se estender até novembro e dezembro, sendo colhida a partir de novembro até março, com maior concentração em dezembro. A 2ª safra ou “safra da seca” (também chamada de “safra do Nordeste e Sudeste”) é semeada entre janeiro e abril e colhida de abril-maio até junho-julho. A 3ª safra também é conhecida como “safra de outono-inverno”, “safra do Sudeste” e “safra irrigada”, sua semeadura é feita a partir de maio, com a colheita entre agosto e outubro (Carneiro et al., 2014).

### **3.1.2.3. Aspectos econômicos da cultura do feijão**

O feijão comum é um dos alimentos mais importantes da dieta alimentar humana, principalmente nos países subdesenvolvidos e em desenvolvimento, por ser uma fonte barata de proteínas, ferro, cálcio, zinco, vitaminas do complexo B, carboidratos, fibras e lisina (Mesquita et al., 2007).

O Brasil é um dos maiores produtores e consumidores mundiais de feijão, com ampla diversidade e preferência dos consumidores quanto aos tipos de grãos, especialmente no que se refere à forma, tamanho, brilho e cores. Nos estados da região Sul do país, Rio de Janeiro, parte da Zona da Mata de Minas Gerais e sul do estado do Espírito Santo, por exemplo, a preferência é pelo tipo comercial preto. No estado de São Paulo e em grande parte do estado de Minas Gerais, predomina o consumo de grãos do tipo comercial carioca. No Nordeste, o consumo é do feijão-de-corda, também conhecido como feijão caupi, feijão frade, feijão fradinho, feijão miúdo e feijão macassar (*Vigna unguiculata* L.) e quando se consome o feijão comum, a preferência é pelo feijão mulatinho. No Norte, o consumo predominante é do feijão comum do tipo comercial carioca, rajado, jalo e feijão caupi. No Centro-Oeste, os tipos comerciais de feijão comum mais consumidos são o carioca e o rosinha (Carneiro et al., 2014).

Segundo CONAB (2022), o tipo de grão de feijão mais consumido no país é o carioca, que representa 70% do mercado consumidor, seguido pelo tipo preto, com aproximadamente 20%, sendo os 10% restantes distribuídos entre outros tipos, incluindo o rajado, o roxo, o rosinha, o branco, o mulatinho e o jalo.

O feijão é historicamente um dos alimentos mais consumidos no Brasil e no mundo, sobretudo nas classes mais carentes da população, por ser reconhecidamente uma excelente fonte proteica. Segundo a Organização das Nações Unidas para Agricultura e Alimentação (FAO), em 2020 foram consumidos cerca de 33,215 milhões de toneladas de feijão, o que representa 30,7% de todas as leguminosas não oleaginosas consumidas mundialmente (FAO, 2022).

Os países em desenvolvimento são responsáveis por 87,1% do consumo mundial e por 89,8% da produção. Entre os continentes, a Ásia é o maior produtor mundial (41,2%), seguido da África (25,8%), das Américas (25,1%), da Europa (6,7%) e da Oceania (1,2%) (FAO, 2022).

O Brasil já foi o maior produtor mundial dessa leguminosa há menos de 10 anos, mas, em razão das quedas de produtividade e de produção, perdeu espaço para os países asiáticos como a Índia e Mianmar (FAO, 2022). Já em consumo per

capita, o Brasil é o primeiro do ranking mundial com média de 14,67 kg hab<sup>-1</sup> ano<sup>-1</sup> (CONAB, 2022). Isso faz do feijão um produto agrícola de grande importância econômica e social, sendo cultivado por diferentes classes de produtores e em praticamente toda extensão territorial do Brasil (Barbosa & Gonzaga, 2012).

O feijão tem uma ampla adaptação edafoclimática, permitindo seu cultivo durante todo o ano, em todos os estados brasileiros, possibilitando sua produção em diversos ecossistemas tropicais e temperados, em monocultivo e/ou consorciado com várias outras culturas, o que favorece a diversificação na produção (Posse et al., 2010).

Entre os maiores países produtores de feijão comum no mundo, destacam-se Índia (5,46 milhões de toneladas), Myanmar (3,05 milhões de toneladas), China (2,59 milhões de toneladas) e Estados Unidos (1,49 milhões de toneladas) (FAO, 2022). A Índia e Myanmar destacam-se como os maiores produtores de feijão do mundo, no entanto têm rendimentos inferiores a 1.000 kg ha<sup>-1</sup>, diferentemente, por exemplo, dos Estados Unidos, que têm produtividade superior a 2.000 kg ha<sup>-1</sup>. O Brasil é o terceiro maior produtor de feijão comum, com produção na safra 2020/2021 de, aproximadamente, 2,88 milhões de toneladas do grão em uma área produzida de 2,92 milhões de hectares, segundo a CONAB (2022), mas com grandes possibilidades de ocupar o topo do ranking dos maiores produtores caso aumente a área de cultivo de feijão.

Segundo dados da CONAB (2022), os estados de Bahia, Goiás, Mato Grosso, Minas Gerais, Paraná e São Paulo destacam-se no cenário da produção brasileira, respondendo por mais de 75% produção nacional de feijão, com participação de 2,169 milhões de toneladas, distribuídas em 1,640 milhões hectares, com produtividade média de 1.322 kg ha<sup>-1</sup> na safra 2020/2021.

Do total de feijão produzido na safra 2020/2021, cerca de 61,7% (1,775 milhões de toneladas) foi de feijão de cores, que engloba todos os feijões comuns exceto o preto. Em relação ao feijão preto, sua participação no cenário nacional foi de 15,7% (476 mil toneladas), produzido principalmente no estado do Paraná, que, nessa safra, participou com 70,7% (336 mil toneladas) da produção nacional. O restante da produção, cerca de 21,7% (625 mil toneladas), refere-se à cultura do feijão caupi, muito consumido nas regiões Norte e Nordeste, que, nessa safra, participou com 71,0% (444 mil toneladas) da produção deste feijão (CONAB, 2022).

O estado do Rio de Janeiro é considerado o 26º em valor de produção do feijoeiro no Brasil, com 2.036 toneladas, na safra de 2020/2021, e produtividade média de 1.321 kg ha<sup>-1</sup>, sendo produzido em 43% dos municípios fluminenses, com destaque para os municípios de Cachoeiras de Macacu, Magé, Varre-Sai, Macaé, São Francisco de Itabapoana e Bom Jardim, que, juntos, produziram mais de 75% de toda a produção do estado (IBGE, 2022). A produção dessa leguminosa, que tem seu cultivo disseminado em quase todas as regiões do estado, é obtida em grande escala por pequenos agricultores, que praticam a agricultura familiar e vêm utilizando cultivares tradicionais ou crioulas por várias gerações.

#### **3.1.2.4. Centro de origem do feijoeiro**

Diversos pesquisadores divergem quanto ao centro de origem do feijoeiro comum. Algumas evidências levam à hipótese de que o centro de origem da planta bem como sua domesticação tenha ocorrido na região Mesoamérica, por volta de 7.000 a.C., mais especificamente no México. No entanto, o botânico e geneticista russo Nikolai Vavilov, com base em métodos fitogeográficos, propôs, no início do século passado, dois centros primários de diversidade genética para o feijoeiro: o *pool* gênico Mesoamericano, que se estende do sul dos Estados Unidos até o Panamá; e o *pool* gênico Andino, que abrange desde o norte do Peru até o noroeste da Argentina e norte do Chile. As cultivares pertencentes a cada um desses *pools* gênicos têm sido subdivididos em 12 *pools* gênicos ou em seis raças por meio de análises morfológicas, agrônômicas e bioquímicas (Schoonhoven & Voysest, 1991).

As características morfoagronômicas e moleculares de genótipos latino-americanos, que representam os dois centros de domesticação do feijão comum nas Américas, revelaram que os dois grandes grupos de germoplasma, o Mesoamericano e Andino, estão subdivididos em seis raças, sendo que três delas correspondem ao *pool* gênico Mesoamericano (raças Durango, Jalisco e Mesoamerica) e três se referem ao *pool* gênico Andino da América do Sul (raça Chile, Nueva Granada e Peru) (Singh et al., 1991).

A raça Mesoamerica inclui genótipos de sementes pequenas (<25 g 100 sementes<sup>-1</sup>) de todas as cores e hábitos de crescimento. A raça está distribuída pelo México, América Central, Colômbia, Venezuela e Brasil (Singh et al., 1991).

Os genótipos da raça Durango são predominantemente caracterizados pelo hábito de crescimento indeterminado prostrado, tipo III. As sementes têm o tegumento de coloração bronzeada, mas também pode ser amarelo, creme, cinza, preto, branco, vermelho ou rosa, com ou sem manchas ou listras. A raça Durango está distribuída por todo o semiárido central e planalto norte do México e no sudoeste dos Estados Unidos (Singh et al., 1991).

A raça Jalisco inclui genótipos com hábito de crescimento do tipo IV. As plantas apresentam altura superior a três metros no seu habitat natural. As sementes apresentam tamanho médio, e a forma pode ser redonda, oval, ou ligeiramente alongada e cilíndrica ou em formato de rim. A máxima diversidade genética da raça Jalisco é encontrada nas montanhas úmidas da região central do México e Guatemala (Singh et al., 1991).

A raça Nueva Granada representa os genótipos com sementes médias a grandes, de hábitos de crescimento I, II ou III, e inclui a maioria das cultivares comerciais em uso hoje. A Raça Nueva Granada é o tipo Andino mais cultivado em regiões de média altitude dos Andes e na África, em ambientes de várzea quente do Brasil, México e Caribe e em clima temperado da América do Norte e também da Europa (Singh et al., 1991).

A raça Peru compreende os genótipos de hábito de crescimento trepador tipo IV. A maioria dos genótipos é adaptada a ambientes montanhosos acima de 2.000 m em relação ao nível do mar. As características morfológicas desta raça incluem vagens alongadas, sementes com formato redondo, oval ou alongada (Singh et al., 1991).

A raça Chile corresponde aos genótipos típicos do Chile, sendo caracterizada por hábito de crescimento prostrado (tipo III), sementes de tamanho médio, arredondado a oval, e normalmente cores pálidas. A raça é distribuída em regiões secas de baixa altitude no Sul dos Andes (Singh et al., 1991).

#### **3.1.2.5. Melhoramento do feijoeiro comum**

O melhoramento do feijoeiro comum tem por objetivo aumentar os patamares de produtividade, agregando uma ou mais características desejáveis. Os programas públicos de melhoramento genético do feijoeiro no Brasil têm conseguido avanços em várias características de importância econômica, contribuindo de forma significativa para o aumento de 132,6 % na produtividade, de

423 para 984 kg ha<sup>-1</sup>, mesmo com uma redução de 51,3% na área de produção, de 5,696 para 2,924 milhões de hectares, observada no período de 1980 a 2021 (CONAB, 2022). Nota-se que, nos últimos 40 anos, os produtores diminuíram o interesse pela cultura do feijão em detrimento do aumento do cultivo de outras culturas como a do milho e da soja.

A maior parte da produção brasileira de feijão comum é feita por pequenos e médios produtores, cujos sistemas de produção são caracterizados pelo cultivo em pequena escala, uso de tecnologia simples e barata e mão-de-obra familiar. Porém a participação de produtores tecnificados tem crescido nos últimos anos o que possibilita aos programas de melhoramento desenvolver novas cultivares não somente produtivas e resistentes e/ou tolerantes às principais pragas e doenças, como também com outras características como porte ereto, tolerâncias ao acamamento e a estresses abióticos e qualidade de grãos (Melo et al., 2007).

No início da década de 1930, os primeiros trabalhos com melhoramento do feijoeiro comum no Brasil foram conduzidos no Instituto Agronômico de Campinas (IAC), por Krug & Castro, que avaliaram, principalmente, linhagens introduzidas (Voysesst, 2000).

A partir da segunda metade da década de 1960, foram criadas instituições importantes no melhoramento genético do feijoeiro, como o Centro Internacional de Agricultura Tropical, criado em 1967 na Colômbia, e a Embrapa Arroz e Feijão, criada no de 1974, onde foram desenvolvidos mais de 30 cultivares de feijão com destaque para os recém lançados BRS FP 403, de feijão preto de ciclo normal, elevado potencial produtivo e tolerante ao *Fusarium oxysporum* e BRS FC 104, feijão carioca de ciclo superprecoce (Melo et al., 2017; Souza et al., 2019).

Os trabalhos de avaliação e seleção de cultivares de feijão no estado do Rio de Janeiro foram iniciados em 1976 no Centro Estadual de Pesquisa em Agroenergia e Aproveitamento de Resíduos da Pesagro-Rio. A partir de 1981, foram recomendados as primeirss cultivares para cultivo extensivo na região Norte Fluminense: Rio Tibagi e Moruna (Souza Filho & Andrade, 1981). No período de 1981 a 1984, novas cultivares foram lançadas: BR1 Xodó, BR2 Grande Rio, BR3 Ipanema e duas foram recomendados Capixaba Precoce, desenvolvido pela antiga Emcapa, e Porrillo Sintético, desenvolvido pela CIAT – Centro Internacional de Agricultura Tropical (Souza Filho, 1985). No período de 1985 a 1991, foram lançadas mais duas cultivares: a Ouro Negro, para o cultivo extensivo, e a cultivar

Varre-Sai, para a região Noroeste Fluminense (Souza Filho et al., 1991). No período de 1990 a 1995, um novo material de feijão preto foi lançado em conjunto com os estados de Goiás, Distrito Federal e Espírito Santo: a cultivar Xamego (PESAGRO-RIO, 1995).

A partir de 1995, o trabalho de seleção e de recomendação teve continuidade em parceria com a Embrapa Arroz e Feijão, participando a Pesagro-Rio da recomendação das cultivares de feijão preto BRS Valente, BRS Grafite, BRS Supremo, BRS Expedito, BRS Campeiro, BRS Esplendor, BRS Esteio e, recentemente, a BRS FP 403.

O CIAT reúne a maior coleção de germoplasma com mais de 38 mil acessos. No Brasil, a Embrapa Arroz e Feijão, juntamente com a Embrapa Recursos Genéticos, é detentora da maior coleção, com mais de 14 mil acessos catalogados. A variabilidade genética associada a essas coleções é alta, sendo uma estratégia fundamental servir como fonte de genes ou alelos que poderão ser utilizados em programas de melhoramento genético, na obtenção de novas cultivares mais produtivas, resistentes, e, sobretudo, tolerantes a estresses bióticos e abióticos, em função da adaptação ao ambiente (Rodrigues et al., 2002).

O melhoramento do feijoeiro baseia-se, principalmente, na hibridação de cultivares e/ou linhagens com a finalidade de gerar populações segregantes, nas quais se procede à seleção das melhores linhagens que necessitem de estratégias eficientes e viáveis para garantir o sucesso dos programas de melhoramento (Borém et al., 2017).

Segundo Barros et al. (2013), existem diversos problemas bióticos e abióticos que afetam a cultura do feijão e que devem ser solucionados em programas de melhoramento. Após o desenvolvimento de linhagens superiores, elas deverão ser avaliadas em campo em diferentes anos e ambientes (Torres et al., 2015). Um genótipo ideal de feijão comum deverá associar elevada produtividade, adaptabilidade e estabilidade com caracteres agrônômicos desejáveis, como arquitetura das plantas, resistência a doenças e qualidade dos grãos. Entretanto os estudos de ganho de seleção são dificultados pelo efeito de cada ambiente em que as linhagens são testadas, em razão da interação genótipo x ambiente (G x A) (Barili et al., 2015; Carvalho et al., 2016; Santos et al., 2019; Torres et al., 2015).

Na existência da interação (G x A), o estudo da adaptabilidade e estabilidade fornece subsídios para a seleção, em que a adaptabilidade está relacionada à capacidade de o genótipo obter aproveitamento vantajoso das mudanças ambientais, enquanto a estabilidade representa a previsibilidade dos genótipos em decorrência das variações ambientais (Cruz et al., 2014). Assim, as linhagens selecionadas devem apresentar alta produtividade de grãos, adaptabilidade e estabilidade fenotípica.

Para avaliar o efeito da interação (G x A), recomenda-se implantar experimentos de avaliação de linhagens no maior número possível de ambientes possíveis. Desse modo, é possível identificar as linhagens mais adaptadas, com médias superiores e mais estáveis, isto é, que apresentem sempre desempenho superior à média das cultivares já existentes no mercado. Vários trabalhos foram conduzidos visando a identificar linhagens e/ou cultivares que sejam mais adaptados e estáveis (Barili et al., 2015; Lima et al., 2010; Pereira et al., 2009; Santos et al., 2018; Souza et al., 2018).

Recentemente a UENF lançou duas cultivares de feijão preto, denominadas UENF 2014 e UENF Rio Paraíba, que apresentam alta produtividade e qualidade dos grãos comerciais. No entanto estes cultivares somente são adaptadas para o Norte e Noroeste Fluminense e ainda não foram testadas em outras regiões como o Centro, Baixada Litorânea, Metropolitana do Rio de Janeiro e Sul Fluminense (Pereira et al., 2018).

#### **3.1.2.6. Interação genótipos x ambientes: adaptabilidade e estabilidade**

Entende-se como genótipo a composição genética de um indivíduo, enquanto o ambiente se refere às condições externas que influenciam a performance dos indivíduos. Em programas de melhoramento de plantas, são considerados ambientes os diferentes locais, épocas, safras, níveis tecnológicos e outros (Cruz et al., 2012).

Em um determinado ambiente, a manifestação fenotípica é resultante da ação do genótipo sob influência do meio. No entanto, quando se considera mais de um ambiente, destaca-se, além dos efeitos genéticos e ambientais, um efeito adicional, resultante da interação destes fatores. A interação genótipos x ambientes (G x A) pode ser entendida como o comportamento diferencial de genótipos em função de diferentes ambientes (Cruz et al., 2014; Viana & Resende, 2014).

Na avaliação de diversos genótipos em diferentes ambientes, pode ocorrer ausência de interação, interação simples ou complexa. No primeiro caso, os genótipos se mantêm indiferentes às mudanças do meio. A interação simples é causada por diferença de variabilidade genética entre genótipos dentro dos ambientes, enquanto a interação complexa se reflete na ausência de correlação linear entre genótipos e os diferentes ambientes, isto é, haverá genótipos com desempenho superior em um ambiente, mas não necessariamente em outro, dificultando a seleção e, conseqüentemente, a recomendação de genótipos superiores (Cruz et al., 2012).

A interação simples não altera a classificação dos genótipos nos ambientes, por consequência, indica a presença de genótipos adaptados a uma ampla faixa de ambientes, generalizando, assim, a recomendação do genótipo. Na interação complexa, há alteração no ordenamento dos genótipos nos ambientes, dificultando a seleção de genótipos superiores, sugerindo com isso a seleção de genótipos adaptados a ambientes específicos (Cruz et al., 2012).

Os fatores ambientais causadores da interação  $G \times A$  podem ser classificados em duas categorias, segundo Allard & Bradshaw (1964), em previsíveis e imprevisíveis. Os fatores previsíveis ocorrem de forma sistemática, abrangendo características controladas pelo homem (manejo cultural, tipo do solo, fotoperíodo), enquanto que os imprevisíveis incluem os fatores que flutuam aleatoriamente em uma região (condições climáticas, ataques de pragas e doenças, salinidade do solo).

O estudo da interação  $G \times A$  é de grande importância em programas de melhoramento vegetal pelo fato de esta interação exercer uma influência dinâmica sobre a performance genotípica. Neste caso, um genótipo superior em um determinado local pode não atender as expectativas em outro ambiente, alterando o ganho de seleção e dificultando a seleção dos melhores genótipos (Hongyu et al., 2014). Para amenizar o efeito da interação  $G \times A$  e seu impacto sobre o processo de seleção e conseqüente recomendação de genótipos, devem ser implementados experimentos em um maior número de locais e safras possíveis, no entanto informações com maior precisão a respeito do desempenho de cada genótipo nos diferentes ambientes avaliados não são elucidadas por esse fenômeno. Visando a entender melhor essa interação sob a performance genotípica, estudos de adaptabilidade e estabilidade são mais indicados, o que torna possível identificar

cultivares com base na responsabilidade e na previsibilidade de resposta aos estímulos ambientais (Cruz et al., 2014).

Os caracteres de maior interesse agrônômico normalmente são de natureza quantitativa, ou seja, controlados por diversos genes, conseqüentemente sofrem maior influência ambiental (Schmildt et al., 2011). Com isso, os genótipos são avaliados quanto à capacidade produtiva, adaptabilidade e estabilidade fenotípica. Genótipos que apresentam alta capacidade produtiva em condições favoráveis são classificados como responsivos; os que apresentam comportamento previsível mediano em ambientes desfavoráveis e respondem à melhoria dos ambientes são denominados exigentes; por fim, genótipos adaptados a ambientes desfavoráveis são classificados com rústicos (Landell & Bressiani, 2010).

Segundo Cruz et al. (2014), é de fundamental importância avaliar a magnitude da interação de forma que seja possível adotar ações para minimizá-las e/ou aproveitá-las. É importante os melhoristas conhecerem, detalhadamente, os genótipos, os ambientes, os fatores que afetam a interação, agrupar os locais onde a interação é mínima e selecionar fenotipicamente os mais estáveis para cada ambiente ou recomendar o uso de cultivares com ampla adaptabilidade e estabilidade fenotípica, mas estes são menos produtivos (Peluzio et al., 2010).

Várias estratégias são utilizadas para atenuar os efeitos da interação  $G \times A$  quando são identificados cultivares específicas para cada ambiente. Uma delas consiste na subdivisão da área heterogênea em glebas menores, mais homogêneas. Entretanto essa interação pode permanecer alta em função do efeito de ano que pode sofrer influência das condições ambientais (Eberhart & Russel, 1966; Pimentel-Gomes & Garcia, 2002). Outro mecanismo é a realização do zoneamento ecológico e a identificação de cultivares com maior estabilidade fenotípica, sendo a última alternativa muito empregada em diversas culturas (Hoogerheide, 2004).

A interação  $G \times A$  compõe um dos principais desafios dos programas de melhoramento genético para qualquer espécie vegetal, tanto na fase de seleção, como também na etapa final de recomendação novas cultivares. Para atenuar o efeito dessa interação, os pesquisadores têm recomendado o emprego de cultivares de ampla adaptabilidade e boa estabilidade, além de apresentarem alta capacidade produtiva (Cruz et al., 2014).

Sendo assim, na última fase dos programas de melhoramento de plantas cultivadas, linhagens candidatas à seleção, com potencial superior às cultivares existentes no mercado, devem ser avaliadas sob diversas condições edafoclimáticas, semelhantes àquelas das regiões para as quais serão recomendadas. Para ser ter sucesso, uma nova cultivar deve apresentar alta produtividade de grãos e alto desempenho para características agrônômicas em uma ampla faixa de condições ambientais.

Diferentes definições sobre os termos adaptabilidade e estabilidade são encontradas, mas, apesar se estarem relacionadas entre si, tais fenômenos não podem ser considerados homônimos (Vencovsky & Barriga, 1992). Marioti et al. (1976) designaram adaptabilidade como a capacidade de os genótipos aproveitarem vantajosamente o estímulo do ambiente, enquanto a estabilidade diz respeito à capacidade de os genótipos mostrarem comportamento altamente previsível em razão do estímulo do ambiente.

A adaptabilidade, segundo Verma et al. (1979), é definida como a capacidade de os genótipos apresentarem produtividades elevadas e constantes em ambientes desfavoráveis, mas com capacidade de reposta à melhoria das condições do ambientais. Os mesmos autores definem a estabilidade como sendo a menor variação média dos rendimentos nos diferentes ambientes considerados em função da previsibilidade das respostas dos genótipos avaliados.

Lin et al. (1986) propuseram quatro conceitos de estabilidade: Tipo I – o genótipo será considerado estável se sua variância entre os ambientes for pequena; Tipo II – o genótipo será considerado estável se sua resposta ao ambiente for paralela ao desempenho médio de todos os genéticos avaliados nos ensaios; Tipo III – o genótipo será estável se o quadrado médio dos desvios de regressão que avalia a estabilidade for pequeno; e, por fim, o Tipo IV – o genótipo será estável se o quadrado médio da interação genótipos x anos dentro de locais for pequeno.

Dois anos depois, Becker & Leon (1988), propuseram dois conceitos de estabilidade fenotípica: a estabilidade estática e a dinâmica. A estabilidade estática existe quando um genótipo mantém o seu desempenho independentemente das variações do meio ambiente, sendo denominada de estabilidade biológica, com variância em ambientes estatisticamente igual a zero. Na estabilidade dinâmica, o

desempenho do genótipo varia com as mudanças ambientais, mas de uma forma previsível. Este tipo é chamado estabilidade agrônômica (Borém et al., 2017).

Diversas metodologias para determinação da adaptabilidade e estabilidade têm sido utilizadas para o desdobramento da interação G x A. Segundo Cruz et al. (2012), alguns métodos podem ser utilizados em conjunto, uma vez que uns são considerados alternativos e outros, complementares. Devem ser levadas em consideração a simplicidade de execução e a facilidade de interpretação dos dados estatísticos antes da escolha da metodologia.

São encontrados na literatura diversos métodos para o estudo e quantificação da interação G x A. Destacam-se os procedimentos fundamentados em análise de variância (Yates & Cochran, 1938; Plaisted & Peterson, 1959; Wricke, 1965; Annicchiarico, 1992), regressão linear simples (Theil, 1950; Finlay & Wilkinson, 1963; Eberhart & Russel, 1966; Tai, 1971), regressão linear múltipla (Cruz et al., 1989), métodos não paramétricos (Lin & Binns, 1988; Huenh, 1990; Kang & Phan, 1991), análise multivariada como o AMMI (Zobel et al., 1988, ampliada por Gauch & Zobel, 1996), componentes principais como GGE Biplot (Yan & Kang, 2019) e modelos mistos via REML/BLUP (Resende et al., 2016). Desta forma, segundo os dados experimentais, principalmente o número de ambientes disponíveis, é que são escolhidos os métodos de análise mais apropriados (Cruz et al., 2012).

No presente trabalho, foram utilizados os métodos de adaptabilidade e estabilidade baseados em equações de regressão linear simples, análise de dados estatísticos não paramétricos, componentes principais e modelos mistos em genótipos de feijões preto e roxo.

### **3.1.3. MATERIAL E MÉTODOS**

#### **3.1.3.1. Material genético utilizado**

Foram avaliados onze genótipos de feijão preto, sendo sete linhagens (identificadas com o prefixo 'CNFP'), quatro cultivares designadas testemunhas (BRS Esteio, BRS FP 403, IPR Tuiuiu e IPR Uirapuru) e doze genótipos de feijão roxo, sendo nove linhagens (identificadas com os prefixos 'CNFR' e 'CNFRX') e três

cultivares designadas testemunhas (BRS Pitanga, BRSMG Tesouro e BRS CNFRX 15595) (Tabela 1). Todas as linhagens foram desenvolvidas pelo Centro Nacional de Pesquisa de Arroz e Feijão (CNPAP) da Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária (Embrapa).

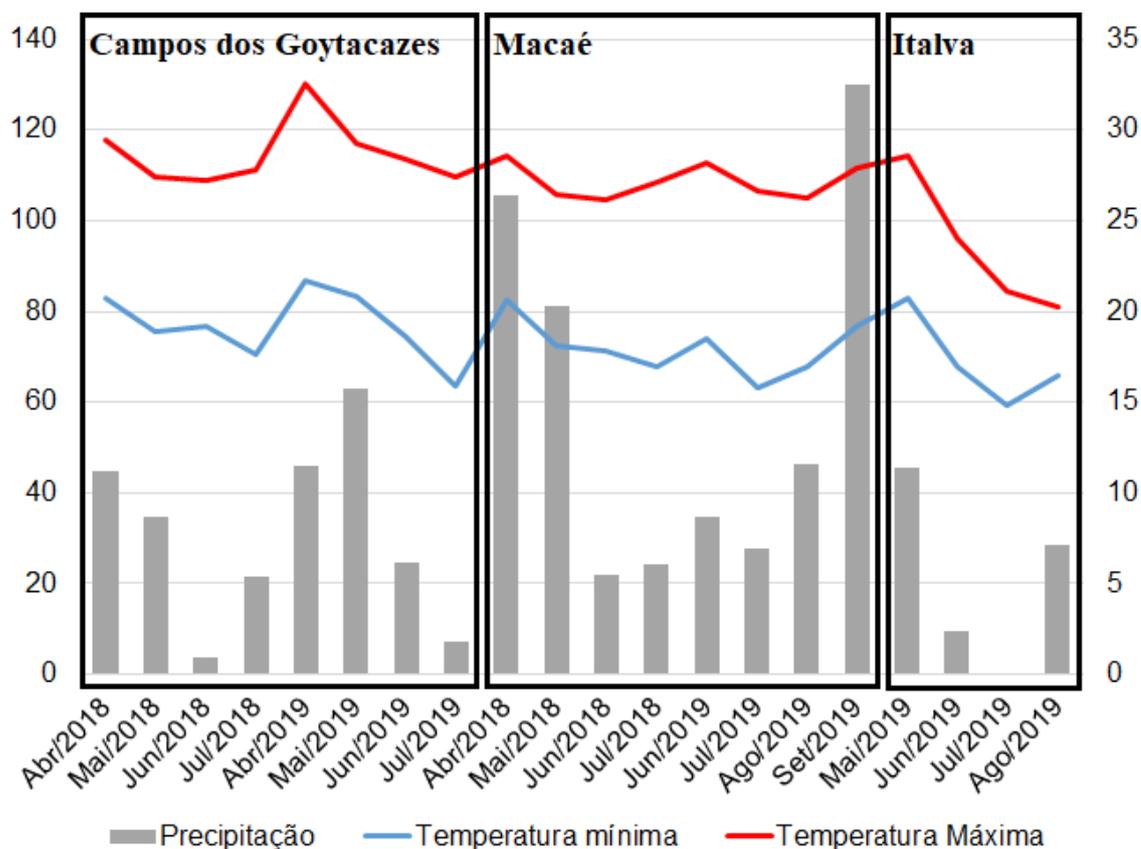
**Tabela 1.** Genótipos de feijões preto e roxo e suas origens, avaliados no estado do Rio de Janeiro nos anos de 2018 e 2019.

Feijão roxo			Feijão preto		
Genótipo	Origem	Tipo	Genótipo	Origem	Tipo
BRS Pitanga	Embrapa	Cultivar	BRS Esteio	Embrapa	Cultivar
BRSMG Tesouro	Embrapa	Cultivar	BRS FP403	Embrapa	Cultivar
BRS CNFRX 15595	Embrapa	Cultivar	IPR Tuiuiu	IAPAR	Cultivar
CNFR 16932	Embrapa	Linhagem	IPR Uirapuru	IAPAR	Cultivar
CNFR 16997	Embrapa	Linhagem	CNFP 16379	Embrapa	Linhagem
CNFR 17014	Embrapa	Linhagem	CNFP 16380	Embrapa	Linhagem
CNFRX 16340	Embrapa	Linhagem	CNFP 16383	Embrapa	Linhagem
CNFRX 16346	Embrapa	Linhagem	CNFP 16384	Embrapa	Linhagem
CNFRX 16352	Embrapa	Linhagem	CNFP 16404	Embrapa	Linhagem
CNFRX 16353	Embrapa	Linhagem	CNFP 16416	Embrapa	Linhagem
CNFRX 16360	Embrapa	Linhagem	CNFP 16459	Embrapa	Linhagem
CNFRX 16998	Embrapa	Linhagem	-	-	-

### 3.1.3.2. Condução dos experimentos e característica avaliada

As avaliações foram conduzidas nos anos agrícolas de 2018 e 2019 no Centro Estadual de Pesquisa em Agroenergia e Aproveitamento de Resíduos (CEPAAR) da Empresa de Pesquisa Agropecuária do estado do Rio de Janeiro (Pesagro-Rio), situada em Campos dos Goytacazes (21°44'47" S, 41°18'27" O e 11 m de altitude), e na propriedade particular do produtor rural Almerindo Correa da Silva, situada no município de Italva (21°25'41" S, 41°40'44" O e 34 m de altitude), e Gonçalo Meireles Dias, situada no município de Macaé (22°17'15" S, 41°87'17" W e 9 m de altitude) (Figura 1).

O delineamento foi em blocos casualizados com três repetições. Cada unidade experimental foi constituída de 4 linhas de 4 m, com espaçamento 0,5 m, totalizando uma população de 300 mil plantas ha<sup>-1</sup>. A área útil compreende as duas linhas centrais, desprezando-se 0,5 m acima e abaixo, no total de 3m<sup>2</sup>. Os



Fonte: AgriTempo (2021); INMET (2021).

**Figura 1.** Precipitação em mm, temperatura do ar mínima e máxima em °C dos municípios onde foram avaliados onze genótipos de feijão preto e doze genótipos de feijão roxo no estado do Rio de Janeiro, nos anos de 2018 e 2019.

O plantio foi feito em abril e a colheita em julho do ano de 2018 e no ano seguinte a semeadura foi feita nos meses de abril, maio e junho e a colheita em julho, agosto e setembro para os ambientes de Campos dos Goytacazes, Italva e Macaé, respectivamente. A colheita foi feita na fase R9, 90 dias após a semeadura. A coleta dos dados foi feita nas duas fileiras centrais, sendo desprezadas as linhas de bordaduras. Os dados foram coletados pela pesagem em gramas e a umidade ajustada a 13% e os resultados expressos em  $\text{kg ha}^{-1}$ .

Durante a condução dos experimentos, foram feitos os tratamentos culturais e fitossanitários recomendados para a cultura, segundo Carneiro et al. (2014), bem como a irrigação por aspersão, quando necessária.

### 3.1.3.3. Análises genético-estatísticas

Para análise estatística dos dados, inicialmente procedeu-se à análise de variância individual para cada ambiente, com o objetivo de verificar a variabilidade genética e a homogeneidade das variâncias, segundo o seguinte modelo:

$$Y_{ij} = \mu + G_i + B_j + \varepsilon_{ij}$$

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

Segundo Pimentel-Gomes e Garcia (2002), se a relação entre o maior e o menor quadrado médio residual for menor que sete, a análise conjunta poderá ser feita, porém quando essa relação for maior que sete, convém considerar separadamente subgrupos de experimentos com quadrados médios residuais não muito heterogêneos.

Para a análise de variância conjunta, foi considerado o esquema fatorial, segundo Steel et al. (1997), conforme descrição a seguir:

$$Y_{ijk} = \mu + G_i + A_j + GA_{ij} + B/A_{kj} + \varepsilon_{ijk}$$

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

#### 3.1.3.4. Decomposição da interação em parte complexa

Uma vez detectada a ocorrência da interação G x A (teste F significativo), foi feita a decomposição da interação em partes simples e complexa segundo Cruz & Castoldi (1991):

$$c = \sqrt{(1-r)^2 Q_1 Q_2}$$

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. Feita a decomposição da interação complexa, o estudo de adaptabilidade e estabilidade fenotípica das linhagens de feijão preto foi feito pelas metodologias baseadas em regressão linear simples (Eberhart & Russel, 1966), em análise estatística não paramétrica (Lin & Binns, 1988), por modelos mistos via REML/BLUP (*Restriction*

*Maximum Likelihood / Best Linear Unbiased Prediction*) (Resende, 2016) e em análise de componentes principais via GGE Biplot (*Genotype and Genotype-Environment Interaction*) (Yan, 2011).

### 3.1.3.5. Metodologia de Eberhart & Russell

A metodologia proposta por Eberhart & Russell (1966) propõe que os parâmetros coeficiente de regressão ( $\beta_{1i}$ ) e a produtividade média ( $\beta_{0i}$ ) estimem a adaptabilidade do genótipo, enquanto a variância dos desvios de regressão ( $\sigma_{\hat{a}i}^2$ ) e/ou o coeficiente de determinação ( $R^2$ ) medem a sua estabilidade. Neste método é adotado o seguinte modelo de regressão linear:

$$Y_{ij} = \beta_{0i} + \beta_{1i}I_j + \delta_{ij} + \bar{\epsilon}_{ij}$$

Em que:  $Y_{ij}$  valor observado relativo ao  $i$ -ésimo genótipo no  $j$ -ésimo ambiente;  $\beta_{0i}$ : média geral do  $i$ -ésimo genótipo;  $\beta_{1i}$ : coeficiente de regressão linear, que mede a resposta do  $i$ -ésimo genótipo à variação do ambiente;  $I_j$ : índice ambiental codificado ( $\sum_j I_j = 0$ );  $\delta_{ij}$ : desvio da regressão do  $i$ -ésimo genótipo com  $j$ -ésimo ambiente; e  $\bar{\epsilon}_{ij}$ : erro associado ao  $i$ -ésimo genótipo no  $j$ -ésimo ambiente.

O parâmetro  $\beta_{1i}$ , utilizado como padrão de resposta do genótipo aos diferentes ambientes, foi estimado segundo a seguinte expressão:

$$\hat{\beta}_{1i} = \frac{\sum_j Y_{ij} I_j}{\sum_i I_j^2}$$

Em que:  $Y_{ij}$ : média do  $i$ -ésimo genótipo no  $j$ -ésimo ambiente;  $I_j$ : índice ambiental, em que  $I_j = \left[ \left( \frac{Y_j}{p} \right) - \left( \frac{Y_{..}}{pn} \right) \right]$

Em que  $Y_j$ : média de todos os genótipos no  $j$ -ésimo ambiente;  $Y_{..}$ : média geral;  $n$ : número de genótipos; e  $p$ : número de ambientes.

As hipóteses  $H_0: \beta_{1i} = 1$  e  $H_1: \beta_{1i} \neq 1$ , foram avaliadas pela estatística  $t$ , dada por:

$$t = \frac{\hat{\beta}_{1i} - 1}{\sqrt{\hat{V}(\hat{\beta}_{1i})}}$$

Os genótipos foram classificados quanto à adaptabilidade em três grupos: i) adaptabilidade geral ou ampla com  $\beta_{1i} = 1$  que apresenta média acima da média geral é o tipo desejável em ambientes com muitas variações imprevisíveis; ii) adaptabilidade específica a ambientes favoráveis com  $\beta_{1i} > 1$ , que agrupa os genótipos com alto desempenho em ambientes favoráveis; e iii) adaptabilidade

específica a ambientes desfavoráveis  $\beta_{1i} < 1$  que reúne os genótipos que se destacam em ambientes desfavoráveis.

O parâmetro  $\sigma_{di}^2$  foi determinado segundo a seguinte expressão:

$$\sigma_{di}^2 = \frac{\sum \delta_{ij}^2}{(a - 2)} = QMDi - QMR/r$$

Em que:  $QMDi$  é o quadrado médio dos desvios de regressão do  $i$ -ésimo genótipo;  $QMR$  é o quadrado médio do resíduo; e  $r$  é o número de repetições.

Em relação à estabilidade, os genótipos foram classificados em: materiais de alta ( $\sigma_{di}^2 = 0$ ) e baixa estabilidade ( $\sigma_{di}^2 \neq 0$ ). As estimativas para a variância dos desvios de regressão foram testadas segundo a hipótese  $H_0: \sigma_{di}^2 = 0$  e  $H_1: \sigma_{di}^2 \neq 0$ , utilizando-se o teste F segundo a seguinte expressão:

$$F = QMDi / QMR$$

### 3.1.3.6. Metodologia de Lin & Binns

Os parâmetros de estabilidade foram estimados utilizando-se a metodologia proposta por Lin & Binns (1988), modificada por Carneiro (1998). Lin & Binns (1988) definiram como medida para estimar o desempenho genotípico ( $P_i$ ) o quadrado médio da distância entre a média do genótipo e a resposta máxima para todos os ambientes, segundo a seguinte expressão:

$$P_i = \frac{\sum_{j=i}^n (Y_{ij} - M_i)^2}{2a}$$

Em que  $P_i$  é a estimativa do parâmetro de estabilidade do genótipo  $i$ ;  $Y_{ij}$  é a produtividade do  $i$ -ésimo genótipo no  $j$ -ésimo ambiente;  $M_i$  é a resposta máxima observada entre todas os genótipos no ambiente  $j$ ; e  $a$  é o número de ambientes.

Visando a fazer a recomendação de genótipos de feijão preto para os diferentes tipos de ambientes (favoráveis e desfavoráveis), foi feita a decomposição do estimador ( $P_i$ ) nas partes devidas a ambientes favoráveis ( $P_{if}$ ) e desfavoráveis ( $P_{id}$ ), conforme Carneiro (1998).

Para os ambientes favoráveis, com índices maiores ou iguais a zero, estimou-se a partir de:

$$P_i = \frac{\sum_{j=i}^n (Y_{ij} - M_i)^2}{2f}$$

Em que  $f$  é o número de ambientes favoráveis e  $Y_{ij}$  e  $M_i$ , como definidos anteriormente.

Para os ambientes desfavoráveis, cujos índices são negativos, foi utilizada a fórmula anterior, sendo  $d$  o número de ambientes desfavoráveis, conforme a expressão abaixo:

$$P_i = \frac{\sum_{j=i}^n (Y_{ij} - M_i)^2}{2d}$$

Desse modo, é possível identificar genótipos com maior estabilidade ( $< P_i$ ), mais responsivos a ambientes favoráveis ( $< P_{if}$ ) e mais adaptados a ambientes desfavoráveis ( $< P_{id}$ ).

### 3.1.3.7. Metodologia de modelos mistos via REML/BLUP

Para avaliar os efeitos da interação G x A, via REML/BLUP, foi utilizado o modelo estatístico 54 do software Selegen-REML/BLUP (Resende, 2016), correspondente a  $y = Xb + Zg + Wc + e$  em que  $y$  é vetor de valores observados,  $b$  efeito de blocos dentro de diferentes ambientes (fixo),  $g$  efeito de genótipos (aleatório),  $c$  efeito da interação G x A (aleatório), e erros aleatórios, e  $X$ ,  $Z$  e  $W$  são as matrizes de incidência para  $b$ ,  $g$  e  $c$ , respectivamente. As distribuições e

estruturas de médias (E) e variâncias (Var) assumidas foram:  $E: \begin{bmatrix} y \\ g \\ c \\ e \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} Xb \\ 0 \\ 0 \\ 0 \end{bmatrix}$ ; Var:

$$\begin{bmatrix} g \\ c \\ e \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} I\sigma_g^2 & 0 & 0 \\ 0 & I\sigma_c^2 & 0 \\ 0 & 0 & I\sigma_e^2 \end{bmatrix}.$$

O ajuste do modelo foi obtido pelas equações de modelos mistos:

$$\begin{bmatrix} X'X & X'Z & X'W \\ Z'X & Z'Z + I\lambda_1 & Z'W \\ W'X & W'Z & W'W + I\lambda_2 \end{bmatrix} \times \begin{bmatrix} \hat{b} \\ \hat{g} \\ \hat{c} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X'y \\ Z'y \\ W'y \end{bmatrix}, \text{ em que } \lambda_1 = \frac{\sigma_e^2}{\sigma_g^2} = \frac{(1-h_g^2-c^2)}{h_g^2}; \lambda_2 = \frac{\sigma_e^2}{\sigma_c^2} =$$

$\frac{(1-h_g^2-c^2)}{c_g^2}$ , em que  $h_g^2$  = herdabilidade individual no sentido amplo em nível de bloco;

$c^2 = \frac{\sigma_c^2}{(\sigma_g^2 + \sigma_c^2 + \sigma_e^2)}$  corresponde ao coeficiente de determinação dos efeitos da interação G x A; e  $\sigma_g^2$  é a variância genotípica;  $\sigma_c^2$  é a variância da interação G x A;  $\sigma_e^2$  é a variância residual entre parcelas.

A seleção simultânea por produtividade, estabilidade e adaptabilidade, no contexto dos modelos mistos, pode ser feita pelo método da média harmônica da performance relativa dos valores genéticos preditos (MHPRVG), obtido por:

$$\text{MHPRVG} = \frac{n}{\sum_{j=i}^n \frac{1}{Vg_{ij}}}$$
 Em que  $n$  é o número de locais onde serão avaliados os genótipos  $i$  e  $Vg_{ij}$  é o valor genotípico do genótipo  $i$  no local  $j$ , expresso como proporção da média desse local (Resende, 2007)

O uso da metodologia de modelos mistos, via REML/BLUP, além de permitir a seleção dos melhores genótipos com base simultaneamente, na produtividade, adaptabilidade e estabilidade, apresenta outras importantes vantagens, como, por exemplo: (i) considera os efeitos genotípicos como aleatórios e, portanto, fornece estabilidade e adaptabilidade genotípica e não fenotípica; (ii) permite lidar com desbalanceamento; (iii) permite lidar com delineamentos não ortogonais; (iv) permite lidar com heterogeneidade de variâncias; (v) permite considerar erros correlacionados dentro de locais; (vi) fornece valores genéticos já descontados (penalizados) da instabilidade; (vii) pode ser aplicado com qualquer número de ambientes; (viii) permite considerar a estabilidade e adaptabilidade na seleção de indivíduos dentro de progênie; (ix) não depende da estimação de outros parâmetros, tais como coeficientes de regressão; (x) elimina os ruídos da interação genótipos x ambientes, pois considera a herdabilidade desses efeitos; (xi) gera resultados na própria grandeza ou escala do caráter avaliado, e (xii) permite computar o ganho genético com a seleção pelos três atributos simultaneamente (Resende, 2007)

### 3.1.3.8. Análise multivariada GGE Biplot

A análise multivariada GGE Biplot, foi feita com o auxílio do pacote GGE BiplotGui do software estatístico R (R Development Core Team 2014), considerando-se o seguinte modelo:

$$Y_{ij} - \mu = G_i + E_j + GE_{ij}$$

Em que  $Y_{ij}$  é a produtividade média do  $i$ -ésimo genótipo no  $j$ -ésimo ambiente;  $\mu$  é média geral;  $G_i$  é o efeito principal do  $i$ -ésimo genótipo para o  $j$ -ésimo ambiente  $E_j$ ; e  $GE_{ij}$  é a interação específica entre o  $i$ -ésimo genótipo com  $j$ -ésimo ambiente (Yan, 2011).

A metodologia GGE Biplot considera o efeito principal de genótipos mais a interação G x A, ou seja, este modelo não separa o efeito genótipos (G) do efeito

genótipos x ambientes (G x A), que são mantidos juntos em dois termos multiplicativos, conforme a seguinte equação (Yan et al., 2000):

$$Y_{ij} - \mu - \beta_j = g_{1i}e_{1j} + g_{2i}e_{2j} + \varepsilon_{ij}$$

Em que  $Y_{ij}$  é o desempenho esperado do  $i$ -ésimo genótipo no  $j$ -ésimo ambiente;  $\mu$  é a média geral de observações;  $\beta_j$  é o efeito principal do  $j$ -ésimo ambiente;  $g_{1i}$  e  $e_{1j}$  são as principais pontuações do  $i$ -ésimo genótipo no  $j$ -ésimo ambiente, respectivamente; e  $\varepsilon_{ij}$  é o resíduo não explicado de ambos os efeitos.

A análise Biplot é baseada na técnica dos componentes principais, sendo os dois primeiros componentes representados pelos eixos do gráfico da análise multivariada (Miranda et al. 2009).

O gráfico GGE Biplot foi feito pela dispersão simples de  $g_{i1}$  e  $g_{i2}$  para genótipos e  $e_{j1}$  e  $e_{j2}$  para ambientes, por meio da Decomposição em Valores Singulares (DVS), utilizando a seguinte equação:

$$Y_{ij} = \mu - \beta_j = \lambda_1 \xi_{i1} \eta_{1j} + \lambda_2 \xi_{i2} \eta_{2j} + \varepsilon_{ij}$$

Em que  $\lambda_1$  e  $\lambda_2$  são os maiores autovalores do primeiro e do segundo componentes principais, PC1 e PC2, respectivamente;  $\xi_{i1}$  e  $\xi_{i2}$  são os autovetores do  $i$ -ésimo genótipo de PC1 e PC2, respectivamente; e  $\eta_{1j}$  e  $\eta_{2j}$  são os autovetores do  $j$ -ésimo ambiente do PC1 e PC2, respectivamente (Yan & Kang, 2019).

As análises genético-estatísticas foram feitas utilizando o software GENES (Cruz, 2016) e do pacote GGE BiplotGui, com o auxílio do software estatístico R (R Development Core Team 2014).

### 3.1.4. RESULTADOS E DISCUSSÃO

Observa-se pelos resultados da análise de variância individual (Tabela 2) que existem diferenças significativas entre genótipos para produtividade de grãos em todos ambientes avaliados pelo teste F ao nível de 1% e 5% de probabilidade. Tal significância denota que existe variabilidade para a seleção de genótipos superiores.

A média de produtividade para os genótipos de feijão preto, variou de 1.409,47 a 2.991,06 kg ha<sup>-1</sup> em Campos dos Goytacazes, no ano agrícola de 2018,

e Italva, no ano agrícola de 2019, respectivamente. Já em relação ao feijão roxo, a produtividade estimada foi de 1.806,53 kg ha<sup>-1</sup>, para Campos dos Goytacazes no ano agrícola de 2018, e 2.490,63 kg ha<sup>-1</sup>, para Campos dos Goytacazes no ano agrícola de 2019 (Tabela 2).

Segundo dados da análise de variância conjunta (Tabela 3), observa-se que os efeitos de genótipos, ambientes e interação G x A foram significativos a 1% e 5% de probabilidade pelo teste F. Com isso, o efeito significativo da interação G x A aponta desempenho inconsistente dos genótipos, mediante as variações ambientais, ou seja, resposta diferencial dos genótipos aos ambientes e assim, torna justificável o estudo da adaptabilidade e da estabilidade fenotípica, visando à identificação dos genótipos mais estáveis e produtivos.

**Tabela 2.** Resumo da análise de variância individual para a característica produtividade, em kg ha<sup>-1</sup>, em cinco ambientes com onze genótipos de feijão preto e em dois ambientes com doze genótipos de feijão roxo, avaliados no estado do Rio de Janeiro nos anos de 2018 e 2019.

Fonte de variação	Feijão roxo				Feijão preto				
	GL	Quadrado médio		GL	Quadrado médio				
		Amb. 1	Amb. 2		Amb. 1	Amb. 3	Amb. 2	Amb. 5	Amb. 4
<b>Blocos</b>	2	41.407,47	43.841,15	2	194.145,64	197.729,55	105.004,73	240.978,03	26.354,73
<b>Genótipos</b>	11	115.934,79*	217.179,21*	10	103.813,03*	178.558,03*	110.312,51*	164.745,45**	170.418,37*
<b>Resíduo</b>	22	44.444,02	82.813,68	20	41.159,39	53.764,34	44.947,44	41.773,86	66.783,48
<b>Média</b>		1.086,53	2.490,63		1.409,47	2.946,36	2.354,17	2.991,06	2.611,06
<b>CVe (%)</b>		19,402863	11,554275		14,39	7,87	9,01	6,83	9,9

\* e \*\* significativo a 5% e 1% de probabilidade pelo teste F, respectivamente. Feijão roxo: Amb.1 – Campos dos Goytacazes (2018); Amb. 2 – Campos dos Goytacazes (2019). Feijão preto: Amb. 1 – Campos dos Goytacazes (2018); Amb. 2 – Campos dos Goytacazes (2019); Amb. 3 – Macaé (2018); Amb. 4 – Macaé (2019); Amb. 5 – Italva 2019.

**Tabela 3.** Resumo da análise de variância conjunta para a característica produtividade, em kg ha<sup>-1</sup>, em cinco ambientes com onze genótipos de feijão preto e em dois ambientes com doze genótipos de feijão roxo, avaliados no estado do Rio de Janeiro nos anos de 2018 e 2019.

Fonte de variação	Feijão roxo		Feijão preto	
	GL	Quadrado médio	GL	Quadrado médio
<b>Blocos/Ambientes</b>	4	42.624,31	10	152.842,54
<b>Genótipos</b>	11	142.240,24*	10	293.729,19*
<b>Ambientes</b>	1	35.486.802,17**	4	13.663.480,78**
<b>G x A</b>	11	190.873,76**	40	108.529,55**
<b>Resíduo</b>	44	63.628,85	100	49.685,71
<b>Total</b>	71	-	164	-
<b>Média</b>		1.788,58		2.462,42
<b>CV (%)</b>		14,10		9,05
<b>QMr+/QMr-</b>		1,86		1,62

\* e \*\* significativo a 5% e 1% de probabilidade pelo teste F, respectivamente.

Segundo Oliveira et al. (2011), a ocorrência de interação G x A indica uma heterogeneidade de condições ambientais, que é explicada pelo comportamento não coincidente dos genótipos nos diferentes ambientes. Tal fato se deve às condições edafoclimáticas de cada ambiente onde os genótipos foram avaliados.

As análises de variância, segundo Cruz et al. (2014), são importantes por possibilitarem avaliar a magnitude da variabilidade genética existente entre os genótipos avaliados, a precisão relativa do experimento e as discrepâncias entre as variâncias residuais estimadas.

A relação entre o maior e menor quadrado médio do resíduo foi de 1,86 e de 1,62 para genótipos de feijões roxo e preto, respectivamente (Tabela 3), indicando relativa homogeneidade de variâncias, permitindo a utilização de todos os ambientes avaliados na análise de variância conjunta (Pimentel-Gomes & Garcia, 2002).

Pelo coeficiente de variação estimado na análise de variância, é possível indicar o grau de precisão de um ensaio experimental. Segundo Gomes (1990), a precisão experimental representada pelo coeficiente de variação deve ser considerada alta quando apresenta índice inferior a 10%, média quando de 10 a 20%, baixa quando maior que 20 e menor ou igual a 30% e muito baixa quando superior a 30%. Diante disso, observou-se na Tabela 2 que a precisão experimental para a característica produtividade de grãos foi classificada como alta para todos

os ambientes avaliados com feijão preto, com exceção de Campos dos Goytacazes ano 2018 e dos dois ambientes avaliados com feijão roxo, que apresentaram classificação média. Já em relação aos dados da análise conjunta, o valor do coeficiente de variação encontrado foi de 9,05% e 14,10% para genótipos de feijão preto e roxo, respectivamente, o que indica alta e média precisão, menor erro experimental e confiabilidade na seleção dos melhores genótipos.

Um baixo coeficiente de variação experimental indica que há maior participação da variação genética na variação fenotípica, fator este favorável durante o processo de seleção dos genótipos superiores, uma vez que estará selecionando com base na proporção herdável da variância fenotípica. Entretanto, tal classificação deve levar em consideração outros fatores como as condições edafoclimáticas do local, o ciclo reprodutivo e particularidades da cultura estudada e, ainda, a natureza do caráter avaliado (Scapim et al., 2010).

#### 3.1.4.1. Estimativas das interações complexas

A análise da natureza da interação G x A para característica produtividade de grãos de genótipos de feijão preto é apresentada na Tabela 4. Ressalta-se que todas as dez comparações apresentaram estimativas acima de 50%. Logo, esses resultados expõem a ausência de correlação das respostas dos genótipos frente às variações ambientais, uma vez que a natureza das interações foi, em sua totalidade, do tipo complexa.

**Tabela 4.** Estimativas das interações complexas (%C) em cinco ambientes com onze genótipos de feijão preto, avaliados no estado do Rio de Janeiro nos anos de 2018 e 2019.

Ambientes	Interações complexas (%)
1 x 2	85,77
1 x 3	78,40
1 x 4	92,02
1 x 5	116,29
2 x 3	88,88
2 x 4	72,72
2 x 5	76,08
3 x 4	74,45
3 x 5	79,31
4 x 5	77,62

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

Desse modo, a seleção e posterior recomendação tornam-se mais onerosas. Para atenuá-la, podem ser utilizados alguns procedimentos como a identificação de genótipos específicos para cada ambiente, a realização de zoneamento ecológico e ainda a identificação de genótipos com maior estabilidade fenotípica (Cruz et al., 2012).

#### **3.1.4.2. Análises via regressão linear simples e dados não paramétricos**

As estimativas dos parâmetros de adaptabilidade e estabilidade feitas pelo método de regressão linear simples (Eberhart & Russell, 1966) encontram-se na Tabela 5.

As médias de produtividade de grãos dos genótipos de feijão preto foram comparadas pelo teste de Scott e Knott a 1 % de probabilidade. Observa-se que houve formação de duas classes com destaque para as cultivares BRS Esteio e BRS FP 403, que apresentaram as maiores médias (Tabela 5). A linhagem CNFP 16459 apresentou rendimento superior à média geral (2.462,4 kg ha<sup>-1</sup>), porém diferiu das cultivares supracitadas.

A produtividade de grãos ( $\beta_0$ ) variou de 2.320,2 a 2.820 kg ha<sup>-1</sup>, nos genótipos IPR Uirapuru e BRS Esteio, respectivamente (Tabela 5), denotando o alto potencial para a produtividade do conjunto avaliado quando comparado com a média nacional (982 kg ha<sup>-1</sup>) e estadual (1.222 kg ha<sup>-1</sup>) da safra 2020/2021 (CONAB, 2022). Observa-se que três dos onze genótipos avaliados de feijão preto apresentaram médias de produtividade superiores à média geral, sendo eles as cultivares BRS Esteio e BRS FP 403 e a linhagem CNFP 16459 (Tabela 5). Segundo Vencovsky & BARRIGA (1992), genótipos com médias de produtividade de grãos superiores à média geral são os que denotam melhor adaptação.

**Tabela 5.** Estimativas dos coeficientes de regressão ( $\hat{\beta}_{1i}$ ), desvios de regressões ( $\hat{\sigma}_{di}^2$ ) e coeficiente de determinação ( $R^2$ ) segundo o método de Eberhart & Russell (1966) e índices gerais ( $P_i$ ), ambientes favoráveis ( $P_{if}$ ) e desfavoráveis ( $P_{id}$ ) segundo o método de Lin & Binns (1988), modificado por Carneiro (1998), para a característica produtividade, em kg ha<sup>-1</sup>, avaliada em cinco ambientes com onze genótipos de feijão preto no estado do Rio de Janeiro, nos anos de 2018 e 2019.

Genótipos	$\beta_{0i}$	Eberhart & Russell			Lin & Binns		
		$\hat{\beta}_{1i}$	$\hat{\sigma}_{di}^2$	R <sup>2</sup> (%)	$P_i$	$P_{if}$	$P_{id}$
BRS Esteio	2.820,0 a	1,17 <sup>ns</sup>	-5.269,1 <sup>ns</sup>	98,53	2.078,4	0,0	5.196,0
BRS FP403	2.616,0 a	1,12 <sup>ns</sup>	-9.447,8 <sup>ns</sup>	98,98	34.022,3	39.240,7	26.194,6
IPR Tuiuiu	2.367,3 b	0,99 <sup>ns</sup>	5.439,8 <sup>ns</sup>	96,11	128.050,9	147.573,1	98.767,5
IPR Uirapuru	2.320,2 b	1,09 <sup>ns</sup>	-5.602,9 <sup>ns</sup>	98,37	140.481,0	133.596,9	150.807,1
CNFP 16379	2.395,7 b	0,87 <sup>ns</sup>	35.170,5*	89,09	140.447,6	220.030,2	21.073,6
CNFP 16380	2.401,7 b	1,05 <sup>ns</sup>	8.563,5 <sup>ns</sup>	96,04	110.418,4	138.370,8	68.489,8
CNFP 16383	2.420,8 b	0,77*	81.615,8**	76,72	135.596,3	175.401,0	75.889,1
CNFP 16384	2.419,5 b	1,21*	1.432,2 <sup>ns</sup>	97,81	107.243,8	98.200,1	120.809,2
CNFP 16404	2.409,5 b	0,61**	-5.269,6 <sup>ns</sup>	94,81	136.987,9	221.079,4	10.850,7
CNFP 16416	2.441,7 b	1,09 <sup>ns</sup>	22.064,1 <sup>ns</sup>	94,42	90.814,0	101.445,0	74.867,4
CNFP 16459	2.474,3 b	1,03 <sup>ns</sup>	-9.240,3 <sup>ns</sup>	98,76	79.082,7	98.860,0	49.416,8

\*\* , \* , ns: significativo (P<0,01), significativo (P<0,05) e não significativo, respectivamente. As médias seguidas das mesmas letras não diferem entre si pelo teste Scott e Knott a 1% de probabilidade.

Nota-se que os três genótipos selecionados como de melhor adaptação ( $\beta_{0i}$  > média geral) também exibiram coeficientes de regressão estatisticamente iguais a um ( $\hat{\beta}_{1i}=1$ ), indicando que apresentaram adaptabilidade ampla ou geral nas diferentes condições ambientais encontradas, ou seja, os genótipos mantiveram sua produtividade em torno da média geral tanto em condições ambientais favoráveis quanto desfavoráveis. (Tabela 6).

Observou-se que o genótipo CNFP 16384 apresentou valor  $\hat{\beta}_{1i}$  estatisticamente superior à unidade ( $\hat{\beta}_{1i} > 1$ ), ou seja, adaptabilidade específica a ambientes favoráveis, sugerindo que esse genótipo tem grande capacidade de explorar vantajosamente a melhoria do ambiente, aumentando com isso a sua produtividade média. Sendo assim, a utilização desse genótipo deve ser criteriosa, uma vez que, em ambientes desfavoráveis, ou seja, em regiões envolvendo baixo nível tecnológico e/ou sujeitas a variações edafoclimáticas, pode ter seus rendimentos reduzidos. Opondo-se a esse resultado, os genótipos CNFP 16383 e CNFP 16404 apresentaram valores de  $\hat{\beta}_{1i}$  significativamente inferiores a um ( $\hat{\beta}_{1i} < 1$ ), ou seja, adaptabilidade específica a ambientes desfavoráveis, portanto, podem ser considerados genótipos com adaptação a ambientes desfavoráveis por apresentarem baixa capacidade de responder à melhoria nas condições ambientais. (Tabela 5).

Considera-se que os genótipos selecionados serão explorados tanto em condições ambientais favoráveis quanto desfavoráveis, não havendo interesse em recomendar genótipos que apresentarem  $\hat{\beta}_{1i} > 1$  ou  $\hat{\beta}_{1i} < 1$ . Dessa forma, levando em consideração as variáveis  $\beta_{0i}$  e  $\beta_{1i}$ , os genótipos BRS Esteio, BRS FP 403 e CNFP 16459 apresentaram rendimentos superiores à média geral e índices iguais a 1, ou seja, têm adaptabilidade ampla e podem ser classificados como responsivos a condições favoráveis e desfavoráveis (adaptabilidade geral).

Segundo o parâmetro que classifica a estabilidade no método de Eberhart & Russel (1966), o desvio de regressão ( $\hat{\sigma}_{di}^2$ ), notou-se que, de todos os genótipos avaliados, aproximadamente 82% apresentaram desvios não significativos ( $\hat{\sigma}_{di}^2 = 0$ ), demonstrando que a maioria deles apresenta alta estabilidade de desempenho, ou seja, não variaram sua produtividade média nos ambientes avaliados, sendo pouco influenciados pelas condições ambientais. Entretanto os genótipos CNFP 16379 e CNFP 16383 apresentaram desvio de regressão significativos ( $\hat{\sigma}_{di}^2 \neq 0$ ), portanto, apresentaram desempenho imprevisível nos ambientes avaliados.

Quanto às estimativas dos coeficientes de determinação ( $R^2$ ), medida que auxilia a comparação entre genótipos e reflete o grau de ajuste do modelo aos rendimentos observados para cada um dos genótipos avaliados, observou-se que 91% dos genótipos avaliados apresentaram  $R^2 > 80\%$ , porcentagem considerada por Cruz et al. (2012) como referencial para que a regressão explique de maneira satisfatória o desempenho de um genótipo em função do ambiente (Tabela 6). Segundo a Tabela 6, a regressão pode não estar explicando satisfatoriamente aproximadamente 9% das respostas dos genótipos nos ambientes avaliados.

O genótipo ideal, segundo Eberhart & Russell (1966), é aquele que apresenta alta produtividade ( $\beta_{0i} > \text{media geral}$ ), coeficiente de regressão igual à unidade ( $\hat{\beta}_{1i} = 1$ ) (adaptabilidade geral) e desvio de regressão igual a zero ( $\hat{\sigma}_{di}^2 = 0$ ) (estabilidade alta). Nesse sentido, pode-se observar que os genótipos BRS Esteio, BRS FP 403 e CNFP 16459 apresentaram essas três condições simultaneamente, sendo recomendados para o cultivo nas Regiões Norte e Noroeste Fluminense.

Pelo método de Lin & Binns (1988), os genótipos que apresentaram menor valor de  $P_i$  foram BRS Esteio, BRS FP 403 e CNFP 16459, evidenciando maior estabilidade de produção, além de terem apresentado produtividade de grãos acima da média geral (Tabela 5). Assim, os genótipos com menor  $P_i$  são desejáveis, uma vez que apresentaram menor desvio em relação à produtividade máxima em cada ambiente, ou seja, obtiveram desempenho próximo ao máximo na maioria dos ambientes.

Considerando a decomposição proposta por Carneiro (1998), os genótipos BRS Esteio, BRS FP 403 e CNFP 16384 foram identificados com adaptação a ambientes favoráveis ( $< P_{if}$ ) e os genótipos BRS Esteio, CNFP 16404 e CNFP 16379, com adaptação a ambientes desfavoráveis ( $< P_{id}$ ).

As metodologias de Eberhart & Russell (1966) e de Lin & Binns (1988), modificada por Carneiro (1998), foram concordantes na identificação de genótipos com estabilidade de produção (BRS Esteio, BRS FP 403 e CNFP 16459), com adaptação a ambientes favoráveis (BRS Esteio, BRS FP 403 e CNFP 16384) e a ambientes desfavoráveis (BRS Esteio, CNFP 16404 e CNFP 16379).

As médias gerais para produtividade de grãos de genótipos de feijão preto em cada ambiente com seus respectivos índices ambientais encontram-se na Tabela 6.

**Tabela 6.** Médias gerais e índices ambientais, referentes à produtividade de grãos, em kg ha<sup>-1</sup>, de onze genótipos de feijão preto, avaliados no estado do Rio de Janeiro nos anos de 2018 e 2019.

<b>Ambientes</b>	<b>Safra</b>	<b>Média</b>	<b>Índice Ambiental</b>	<b>Classificação</b>
Campos dos Goytacazes	2018	1.409,47	-1052,9545	Desfavorável
Campos dos Goytacazes	2019	2.354,17	-108,2576	Desfavorável
Macaé	2018	2.946,36	483,9394	Favorável
Macaé	2019	2.611,06	148,6364	Favorável
Italva	2019	2.991,06	528,6364	Favorável

A variação da produtividade observada entre os ambientes evidencia a instabilidade nas condições edafoclimáticas de cada ambiente, sendo que desse total, apenas os ambientes referentes aos municípios de Macaé e Italva foram classificados como favoráveis ao desenvolvimento dos genótipos, ou seja, estes genótipos aproveitaram as condições ambientais e apresentaram um desempenho médio satisfatório, fato este confirmado pelos índices ambientais positivos (Tabela 6). Já em relação aos ambientes do município de Campos dos Goytacazes, foram classificados como ambientes desfavoráveis, tal fato, provavelmente se manifestou devido às oscilações da intensidade e da distribuição de precipitação pluviométrica no local de estudo (Figura 1).

#### **3.1.4.3. Análises REML/BLUP**

A predição dos valores genéticos aditivos e genotípicos dos candidatos à seleção via REML/BLUP, utilizados na abordagem de modelos lineares mistos, fornece resultados que são interpretados diretamente como valores genotípicos, já penalizados ou capitalizados pelas estimativas da interação genótipos x ambientes (Resende, 2016).

Na Tabela 7 estão os valores genéticos capitalizados pela interação com os ambientes e os valores da média harmônica dos valores genéticos preditos (MHPRVG).

**Tabela 7.** Valores genotípicos capitalizados pela interação com os ambientes (u + g + ge), bem como adaptabilidade e estabilidade dos valores genotípicos (MHPRVG) preditos via REML/BLUP para produtividade de grãos (kg ha<sup>-1</sup>) de onze genótipos de feijão preto, avaliados no estado do Rio de Janeiro nos anos de 2018 e 2019.

Nº	Genótipos	Amb. 1	Amb. 2	Amb. 3	Amb. 4	Amb. 5	MHPRVG
		u + g + ge					
1	BRS Esteio	1.592,51	2.633,59	3.259,84	3.009,18	3.302,44	2.762,91
2	BRS FP403	1.483,46	2.454,98	3.168,41	2.717,17	3.126,08	2.588,36
3	IPR Tuiuiu	1.371,01	2.207,00	2.823,75	2.501,71	3.013,63	2.379,44
4	IPR Uirapuru	1.240,84	2.179,82	2.815,55	2.575,28	2.909,66	2.321,20
5	CNFP 16379	1.422,56	2.416,21	2.886,14	2.369,40	2.940,49	2.411,69
6	CNFP 16380	1.290,57	2.397,61	2.808,37	2.579,39	2.983,79	2.396,35
7	CNFP 16383	1.537,79	2.220,18	3.057,40	2.602,09	2.721,88	2.441,46
8	CNFP 16384	1.297,98	2.242,39	2.994,22	2.520,84	3.078,38	2.401,34
9	CNFP 16404	1.552,14	2.402,13	2.756,87	2.572,17	2.808,96	2.444,43
10	CNFP 16416	1.293,08	2.397,87	2.827,14	2.708,85	2.998,95	2.425,93
11	CNFP 16459	1.422,23	2.344,05	3.012,31	2.565,59	3.017,42	2.471,10

Amb. 1: Campos dos Goytacazes (2018); Amb. 2: Campos dos Goytacazes (2019); Amb. 3: Macaé (2018); Amb. 4: Macaé (2019); Amb. 5: Italva 2019.

As cultivares BRS Esteio e BRS FP 403 obtiveram os maiores valores genotípicos ao longo dos ambientes segundo a análise estatística via REML/BLUP (Tabela 7). Estas cultivares também são as melhores segundo a média harmônica da performance relativa dos valores genéticos (MHPRVG), que seleciona, simultaneamente, genótipos com alta produtividade de grãos, ampla adaptabilidade e estabilidade.

Nota-se ainda na Tabela 7 que a linhagem CNFP 16459 não esteve presente entre os três melhores genótipos de cada ambiente, mas apresentou o terceiro melhor resultado com base na MHPRVG.

#### 3.1.4.4. Análises de componentes principais

Na Tabela 8, segundo a relação de informação (IR) dos cinco componentes principais (CP), observa-se que apenas os quatro primeiros CPs contêm padrões ( $IR > 1,0$ ). Portanto, o Biplot é considerado adequado para representar os padrões dos dados (Yan & Tinker 2006). Além disso, observa-se que os três primeiros componentes principais (CP) representaram 86,30% da variação total, sendo assim, explicaram quase a totalidade da soma de quadrados de  $G + G \times A$ . Deste modo, pode-se afirmar que a análise GGE Biplot apresentou elevada eficiência, possibilitando uma seleção eficaz de genótipos superiores e uma interpretação segura dos resultados obtidos (Yan & Kang, 2019).

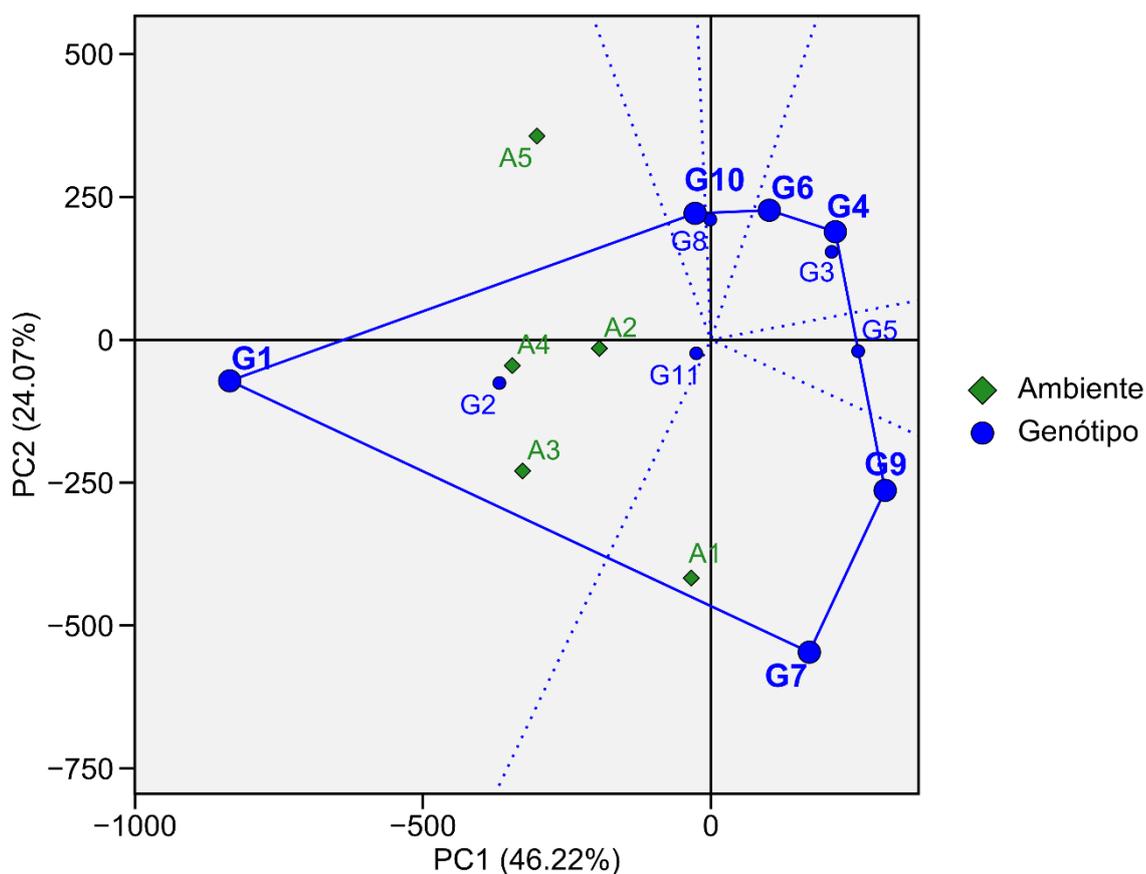
**Tabela 8.** Valor singular, variação explicada em porcentagem (VE), variação explicada acumulada em porcentagem (VEA) e relação da informação (RI) para a característica de produtividade de onze genótipos de feijão preto, avaliados no estado do Rio de Janeiro nos anos de 2018 e 2019.

<b>Eixos Componentes</b>	<b>CP1</b>	<b>CP2</b>	<b>CP3</b>	<b>CP4</b>	<b>CP5</b>
Valor Singular	1.058,95	764,18	623,26	517,84	253,32
VE (%)	46,22	24,07	16,01	11,05	2,64
VEA (%)	46,22	70,29	86,30	97,35	100
IR	9,24	4,81	3,20	2,21	0,53

Com base nos dados da Tabela 8, foram construídos os gráficos GGE Biplots em que na abscissa são apresentados os escores de CP1 e na ordenada, os escores do CP2 dos genótipos e ambientes.

A Figura 2 permite o agrupamento visual dos ambientes testados com base na interação G x A entre os melhores genótipos. Observa-se que a análise com base nessa interação apresentou 70,29% da variação total presente entre os genótipos. Esses resultados revelam a eficiência dos gráficos Biplot, que explicam as grandes proporções das somas de quadrados de genótipos e as interações G x A, permitindo uma compreensão precisa dos resultados e confiabilidade para selecionar genótipos superiores (Oliveira et al., 2018; Santos et al., 2019). Verifica-se, em função dos vetores formados a partir da origem do gráfico Biplot (0,0), que ele foi dividido em seis setores. Nestes setores, os cinco ambientes de avaliação foram divididos em dois grupos pelas linhas que saíram da origem do Biplot, sendo o primeiro grupo formado unicamente pelo ambiente A1 e o segundo grupo, pelos demais ambientes (A2, A3, A4 e A5), constituindo-se em um mega-ambiente. Os genótipos que estão localizados dentro de um mesmo setor são os mais adaptados àquele ambiente, enquanto os genótipos que estão localizados dentro do polígono apresentam desempenho inferior.

De acordo Yan et al. (2000), um mega-ambiente pode ser definido como a condição em que um grupo de ambientes é correlacionado positivamente e apresenta um ou mais genótipos especificamente adaptados. Na análise GGE Biplot, quando se estudam mega-ambientes, a média no gráfico não está vinculada à média geral, mas, sim, à média do mega-ambiente e esta ótica auxilia na identificação de genótipos que têm adaptação ampla ou específica a determinados ambientes ou grupos de ambientes (Yan & Kang, 2019; Yan & Tinker, 2006).



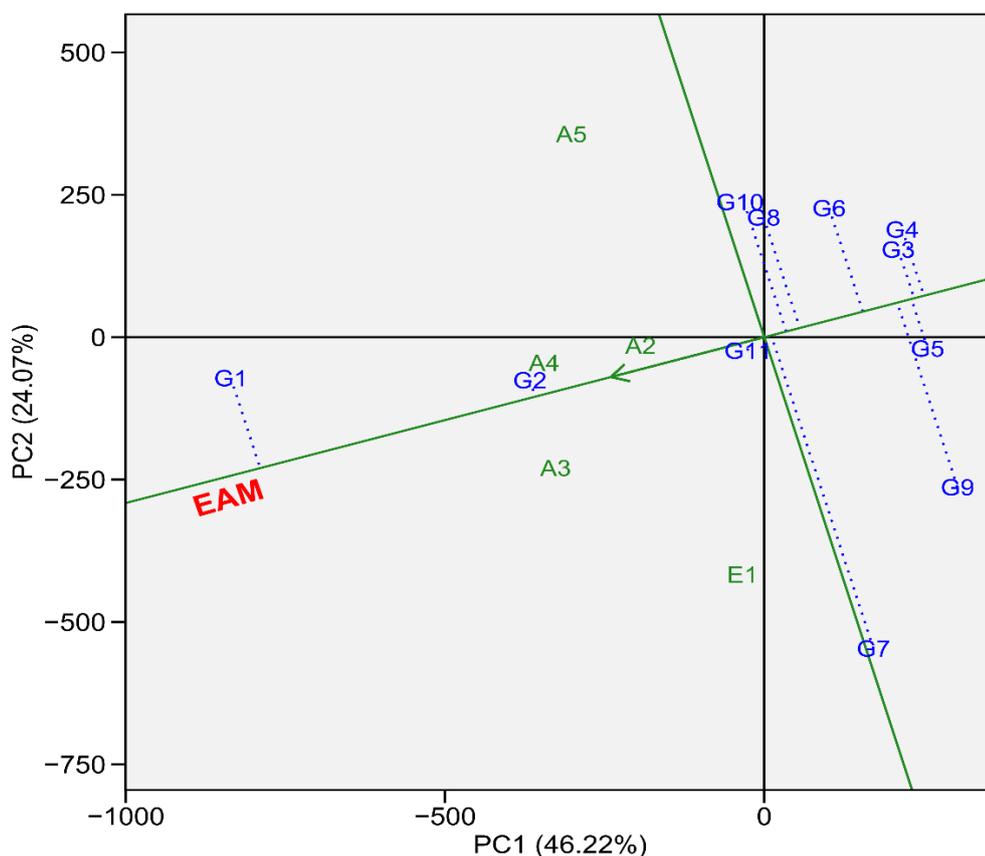
**Figura 2.** GGE biplot “which-won-where” para produção de grãos em genótipos de feijão preto, que mostra quais genótipos obtiveram melhor produção em qual ambiente. Rio de Janeiro, 2018-2019.

Os vértices do polígono foram definidos pelos genótipos de localização mais afastada da origem do Biplot, ou seja, aqueles que apresentaram melhor desempenho e maior adaptação dentro de cada respectivo setor, os genótipos G1, G10, G6, G4, G9 e G7 (Figura 2). Destes seis genótipos, observa-se que os genótipos G10, G6 e G4 não se agruparam a nenhum dos cinco ambientes avaliados e, por esse motivo, devem ser considerados desfavoráveis aos grupos de ambientes testados, tendo baixa produtividade.

Na análise de desempenho de genótipos por ambiente, observa-se que o G1 (BRS Esteio) apresentou destaque quanto à produtividade de grãos nos ambientes A2, A3, A4 e A5 (mega-ambiente). Por outro lado, o G7 (CNFP 16383) obteve melhor desempenho produtivo no ambiente A1 (Figura 2).

Na Figura 3, a linha reta com uma única seta que passa pela origem do Biplot é referida como eixo do ambiente-média (EAM), a seta presente neste eixo aponta para o maior desempenho médio, isto é, para o sentido de maior produção.

Dessa forma, considera-se que o genótipo que ultrapassar a ponta da seta apresenta um desempenho superior à média geral do grupo de genótipos avaliados.



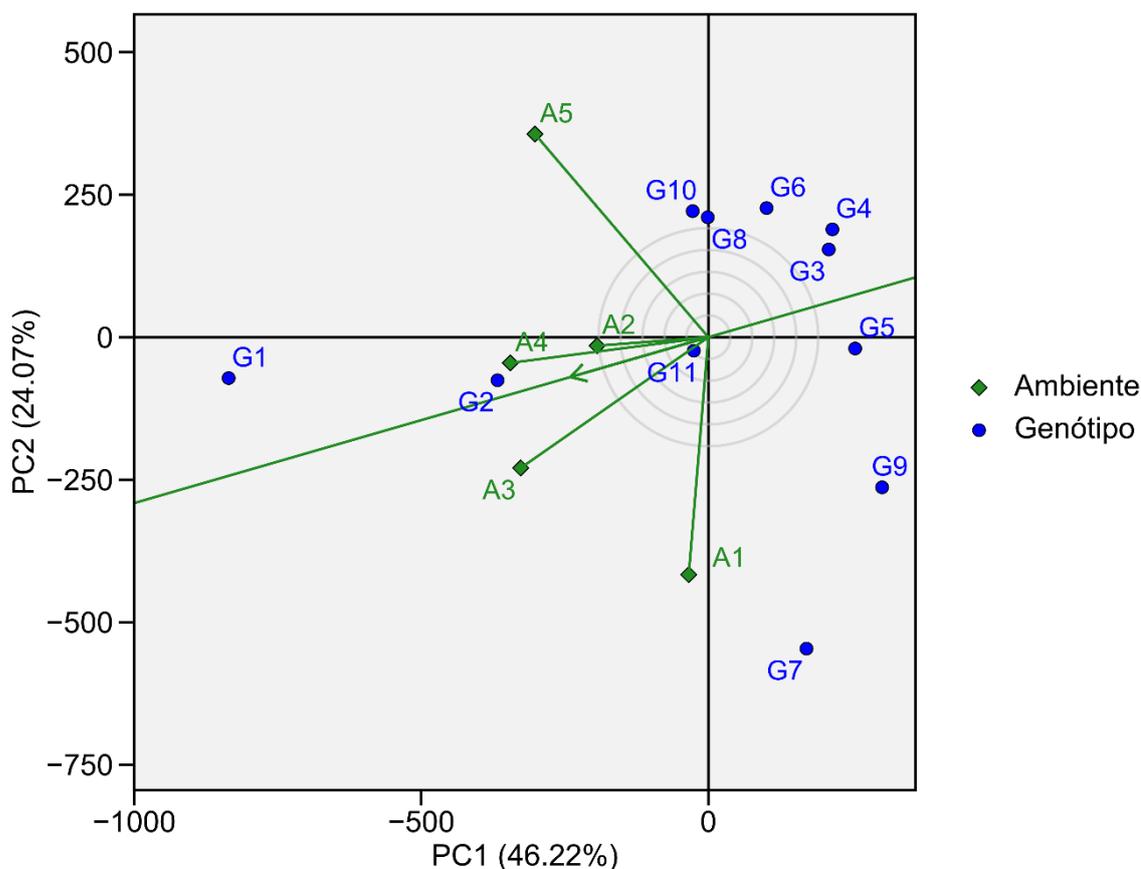
**Figura 3.** GGE biplot “Média vs. Estabilidade” para produtividade de grãos de genótipos de feijão preto. Rio de Janeiro, 2018-2019.

A estabilidade do genótipo é definida pela extensão do vetor sobre o eixo do ambiente ideal, plotado sobre a EAM abscissa e indica a estimativa da magnitude do efeito principal de genótipos (G) *versus* o efeito principal da interação G x A. Sendo assim, quanto mais afastado o genótipo se posicionar desta linha, maior sua variabilidade de desempenho (menor estabilidade) e, conseqüentemente, quanto menor sua distância da origem, maior a estabilidade de desempenho do genótipo (Yan, 2011).

Observa-se que o G1 (BRS Esteio) apresentou produtividade média superior à média geral do grupo de genótipos avaliados, porém apresentou menor estabilidade. Em contrapartida, o G2 (BRS FP 403) foi classificado como estável.

Além disso, o G11 (CNFP 16459) apresentou produtividade acima da média geral, além de demonstrar maior estabilidade de desempenho verificada em função da menor extensão do seu vetor. Os demais genótipos obtiveram produtividade de grãos abaixo da média geral, entre eles, observa-se que os G3, G4 e G5 foram aqueles que apresentaram maior estabilidade (Figura 3).

Na Figura 4 está representado o Biplot intitulado de “Discriminativos vs representativos”, sendo que, quanto maior o valor de PC1, maior é a capacidade de discriminação da variável. Enquanto a representatividade será maior, quanto menor for o ângulo formado entre a variável e a linha que representa o círculo formado com a seta, ou seja, quanto menor for PC2 (Yan & Kang, 2019). Essa avaliação tem por objetivo a identificação de ambientes propícios para seleção de genótipos superiores de forma eficaz, isto é, o ambiente é dotado de maior capacidade de discriminação dos genótipos e representatividade.



**Figura 4.** GGE Biplot da discriminação e representatividade entre ambientes. Rio de Janeiro, 2018-2019.

Observa-se na Figura 4 que o ambiente que mais discriminou os genótipos, ou seja, aquele cujo vetor é mais longo para produtividade de grãos, foi o A5 (Italva, 2019), sendo o mais indicado para testar os genótipos. O ambiente A2, seguido pelo A4, foram os que apresentaram os vetores mais curtos, ou seja, são aqueles que forneceram pouca ou nenhuma informação sobre as diferenças entre os genótipos (Figura 4).

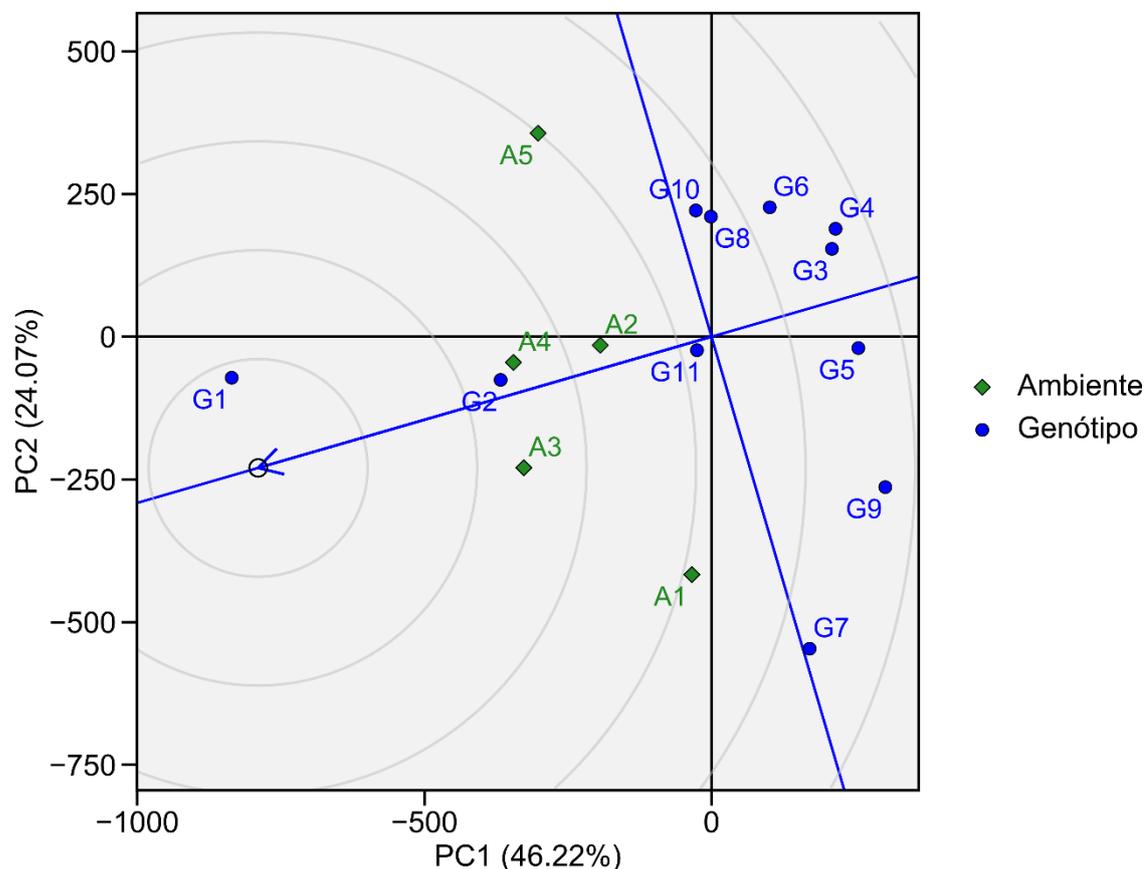
Ainda na Figura 4, ambientes representativos são aqueles capazes de representar os demais. Neste cenário, tem-se que aqueles que apresentam pequenos ângulos com o eixo do ambiente-média são mais representativos do que aqueles que têm ângulos maiores. Sendo assim, observa-se que o ambiente mais representativo, ou seja, aquele que apresentou o menor ângulo com o eixo do ambiente média, foi o A2 (Campos dos Goytacazes, 2019), seguido pelos ambientes A4 e A3. Em contrapartida, os ambientes A5 e A1 foram os que apresentaram maiores angulações, ou seja, definidos como os de menor representatividade (Figura 4).

Observa-se na Figura 4 que apesar de o ambiente A5 (Italva, 2019) ter sido classificado como o de maior poder discriminante, ele apresentou baixa representatividade entre os ambientes avaliados. Nota-se o oposto no ambiente A2 (Campos dos Goytacazes, 2019), que apresentou menor poder discriminante, mas, em compensação, apresentou a maior representatividade entre os ambientes.

O ideótipo configura-se como modelo hipotético ideal de planta dentro de uma determinada espécie, sendo utilizado como referência durante o processo de avaliação de diferentes genótipos. Sua classificação é definida graficamente pelo comprimento do seu vetor em PC1 (alto rendimento) e PC2 (alta estabilidade), orientados por um ponto situado no centro dos círculos concêntricos. O genótipo é considerado ideal quando apresenta longa projeção em PC1 e menor projeção em PC2, localizando-se o mais próximo possível do centro do primeiro círculo concêntrico. Sendo assim, o genótipo mais próximo deste limite é o mais próximo do “ideal”, ou seja, apresenta melhor desempenho, maior estabilidade e melhor adaptabilidade em relação àqueles que estão mais distantes (Yan & Rajcan 2002; Trethowan 2014).

A Figura 5 mostra o ideótipo para produtividade de grãos neste conjunto de ambientes, observa-se que o genótipo G1 (BRS Esteio) está posicionado no primeiro círculo concêntrico, sendo, então, definido como o genótipo ideal. Além

deste genótipo, podemos considerar os G2 (BRS FP 403) e G11 (CNFP 16459) por estarem mais próximos do genótipo ideal. Diante disso, esses genótipos são recomendados para o cultivo nas Regiões Norte e Noroeste Fluminense.



**Figura 5.** GGE Biplot representando o 'Ideótipo' para produtividade de grãos de genótipos de feijão preto. Rio de Janeiro, 2018-2019.

As interações G x A do tipo complexas são indicativas da ausência de correlação entre fenótipo, genótipo e os desvios do ambiente, o que dificulta o trabalho do melhorista por ocasião da seleção de genótipos superiores (Cruz et al., 2014).

#### 3.1.4.5. Adaptabilidade e estabilidade de genótipos de feijão roxo

Pelo método de Lin & Binns (1988), os genótipos que apresentaram menor valor de Pi foram CNFRX 16340, CNFR16997 e CNFRX 16352, conferindo maior estabilidade de produção, além de terem apresentado produtividade de grãos acima da média geral (1.788,58 kg ha<sup>-1</sup>) (Tabela 9). Considerando a decomposição

proposta por Carneiro (1998), foram identificados os genótipos BRSMG Tesouro, CNFRX 16340 e CNFRX 16352 com adaptação a ambientes favoráveis ( $< P_{if}$ ) e os genótipos CNFRX 16340, CNFRX 16353 e CNFRX 16346 com adaptação a ambientes desfavoráveis ( $< P_{id}$ ).

Na Tabela 9 estão os valores genéticos capitalizados pela interação com os ambientes e valores da média harmônica dos valores genéticos preditos (MHPRVG).

A linhagem CNFRX 16340 obteve os maiores valores genotípicos capitalizados pelas interações com os ambientes avaliados (Tabela 9). Além disso, esta linhagem foi considerada a melhor segundo a média harmônica da performance relativa dos valores genéticos preditos (MHPRVG), que seleciona simultaneamente genótipos com alta produtividade de grãos, ampla adaptabilidade e estabilidade. Este resultado confirma o obtido pela análise proposta por Lin & Binns (1988).

**Tabela 9.** Estimativas índices geral ( $P_i$ ), ambientes favoráveis ( $P_{if}$ ) e desfavoráveis ( $P_{id}$ ) segundo o método de Lin & Binns (1988), modificado por Carneiro (1998), valores genotípicos capitalizados pela interação com os ambientes ( $u + g + ge$ ), bem como adaptabilidade e estabilidade dos valores genotípicos (MHPRVG) preditos pela análise REML/BLUP para produtividade de grãos ( $kg\ ha^{-1}$ ) de doze genótipos de feijão roxo, avaliados no município de Campos dos Goytacazes, nos anos de 2018 e 2019.

Ordem	Genótipos	$\beta_{0i}$	Lin & Binns			Amb. 1	Amb. 2	MHPRVG
			$P_i$	$P_{if}$	$P_{id}$	$u + g + ge$	$u + g + ge$	
1	BRS CNFRX 15595	1.720,0	95.923,8	92.092,0	99.755,6	970,2	2.521,7	1.697,2
2	BRS Pitanga	1.722,9	126.490,6	236.328,1	16.653,1	1.132,9	2.362,5	1.776,8
3	BRSMG Tesouro	1.877,1	78.867,4	0,0	157.734,7	900,3	2.787,0	1.703,0
4	CNFR 16932	1.617,9	195.150,3	364.800,3	25.500,3	1.105,6	2.259,2	1.715,5
5	CNFR16997	1.891,7	36.934,2	51.467,0	22.401,4	1.116,0	2.589,4	1.848,2
6	CNFR 17014	1.704,6	161.408,7	316.675,3	6.142,0	1.177,0	2.295,7	1.781,4
7	CNFRX 16340	2.087,1	5.017,4	10.034,7	0,0	1.247,6	2.701,0	1.995,0
8	CNFRX 16346	1.899,6	47.256,9	90.312,5	4.201,4	1.190,0	2.525,3	1.883,4
9	CNFRX 16352	1.862,1	44.809,0	31.250,0	58.368,1	1.035,7	2.632,9	1.793,0
10	CNFRX 16353	1.859,6	87.523,6	175.034,7	12,5	1.243,1	2.422,4	1.880,5
11	CNFRX 16360	1.714,2	101.428,0	135.633,7	67.222,2	1.019,4	2.465,1	1.723,0
12	CNFRX 16998	1.506,3	216.768,4	278.133,7	155.403,1	900,6	2.325,3	1.570,6

Amb. 1: Campos dos Goytacazes (2018); Amb. 2: Campos dos Goytacazes (2019).

### 3.1.5. CONCLUSÕES

A interação G x A significativa que a produtividade de grãos refletiu um desempenho diferencial dos genótipos nos diferentes ambientes avaliados.

Os genótipos de feijão preto BRS Esteio, BRS FP 403 e CNFP 16459 apresentaram produtividades superiores à média geral, sendo considerados de melhor adaptação. Além do mais, esses genótipos exprimiram adaptabilidade ampla nas diferentes condições ambientais e alta estabilidade de desempenho. Com isso, os métodos de Eberhart & Russel (1966) e Lin & Binns (1988), modificado por Carneiro (1998), e REML/BLUP mostraram-se eficazes na identificação de tais genótipos.

O genótipo BRS Esteio foi classificado como o ideótipo, apresentando comportamento previsível, responsivo às variações ambientais, e desempenho superior à média geral, confirmando o valor estimado pela MHPRVG, via REML/BLUP, para o mesmo genótipo.

Os resultados estimados pelos métodos de Lin & Binns (1988) e REML/BLUP foram concordantes na indicação da linhagem CNFRX 16340 de feijão para as condições do município de Campos dos Goytacazes.

## 3.2. ASSOCIAÇÕES ENTRE CARACTERES AGRONÔMICOS EM GENÓTIPOS DE FEIJÕES PRETO E ROXO

### 3.2.1. INTRODUÇÃO

O Brasil é o maior consumidor mundial e o terceiro maior produtor de feijão com produção de 2,88 milhões de toneladas na última safra (CONAB, 2022). O cultivo do feijoeiro é bastante difundido em todo o território nacional e distribuído em três safras ao longo do ano (CONAB, 2022). O feijão é uma leguminosa bastante nutritiva sendo uma importante fonte de proteínas, carboidratos, vitaminas, minerais e fibras (Silva et al., 2013). O feijão de “cores”, que engloba principalmente os feijões carioca, mulatinha, manteiga, roxo, vermelho, jalo, rosinha, representa 62%, o preto 16% e o feijão caupi (*Vigna unguiculata*) 22% da produção nacional na última safra (CONAB, 2022). Os maiores produtores no Brasil são Paraná, Minas Gerais, Mato Grosso, Goiás, São Paulo e Bahia, que, juntos, representam 75% da produção nacional de feijão (CONAB, 2022).

O estado do Rio de Janeiro é o terceiro maior centro consumidor de gêneros alimentícios do país, mas com produção agrícola estadual insuficiente para suprir a demanda, particularmente a do feijão, que é de aproximadamente 257 mil toneladas anuais. O estado participa com cerca de 1% da demanda estadual, mas tem potencial para reduzir substancialmente a dependência do produto de outros estados e países (CONAB, 2022).

A preferência do mercado é basicamente pelo feijão preto, com exceção do extremo sul e noroeste do estado, que sofrem influência de São Paulo, Minas Gerais e Espírito Santo, e apresentam algum consumo de feijão carioca e de cores, como o vermelho, roxo, manteiga, rosinha, bolinha. Parte da produção de feijão não é ofertada pelo tradicional canal do supermercado e muitos consumidores procuram nos mercados públicos e nas feiras livres feijões especiais pouco ofertados pelo canal tradicional. Esta tendência necessita ser explorada e ampliada, pois pode constituir excelente oportunidade para a produção diversificada de feijão da agricultura familiar, possibilitando maior agregação de valor a esta produção. Portanto, há carência de tipos específicos de feijão, entre eles o roxo. Além disto, nos últimos anos surgiu uma demanda de informações sobre a adaptação de feijões especiais, cuja produção é prioritariamente destinada à exportação. Estes feijões atingem preços muito superiores aos dos grupos tradicionais. (Andrade & Souza Filho, 2015).

Evidentemente que a alteração de preferência dos tipos de feijão afeta os programas de melhoramento do feijoeiro. Assim, novos direcionamentos são necessários quanto aos objetivos do programa. Por isso, além do feijão preto, o tipo comercial roxo também passou a ser contemplado pelos programas de melhoramento.

As associações entre características componentes de produção de diferentes grupos comerciais do feijoeiro ainda não estão elucidadas e são de grande importância na determinação das estratégias de seleção para o melhoramento da cultura; todavia, a magnitude e o valor das correlações não são suficientes para esclarecer as relações entre as características, pois pode não haver uma relação real de causa e efeito (Santos et al., 2017; Cavalcante et al., 2018). Para tanto, estudos sobre o desdobramento do coeficiente de correlação são feitos por meio da análise de trilha, que visa ao desdobramento das correlações em efeitos diretos e indiretos das variáveis estudadas sobre uma variável principal, o que pode ser feito com base em correlações tanto genéticas, como ambientais e fenotípicas (Nascimento et al., 2018).

O objetivo do presente estudo foi determinar as correlações fenotípicas, genotípicas e ambientais, além das análises de trilhas da produtividade de grãos e seus componentes de produção em genótipos de feijões preto e roxo.

## 3.2.2. REVISÃO DE LITERATURA

### 3.2.2.1. Herdabilidade

O conhecimento da variabilidade fenotípica dos caracteres de importância agrônômica é imprescindível em programas de melhoramento vegetal quando da definição dos métodos de melhoramento, seleção de genitores, escolha dos locais para a condução dos ensaios de rendimento, definição do número de repetições e predição dos ganhos por seleção. A variação entre os fenótipos em uma dada população surge das diferenças médias entre os genótipos e da variação ambiental. As variações de ambiente podem ocultar as de natureza genética e quanto maior a proporção da variabilidade decorrente do ambiente em relação à variabilidade total, mais ímprobo será a seleção dos melhores genótipos. A proporção herdável da variabilidade total é designada herdabilidade, sendo representada pela sigla  $h^2$  (Falconer & Mackay, 1997)

Segundo Falconer & Mackay (1997), a herdabilidade pode ser entendida como a proporção da variação fenotípica que pode ser herdada, ou seja, quantifica a confiabilidade do valor fenotípico como guia para o valor genético. Apenas o valor fenotípico de um indivíduo pode ser mensurado, porém é o valor genético que influenciará a próxima geração. Portanto, é fundamental o conhecimento de quanto da variação fenotípica é atribuída à variação genotípica, sendo este conhecimento medido pela herdabilidade.

Segundo Ramalho et al. (2012), a herdabilidade é um parâmetro genético que quase sempre participa das expressões relacionadas com a predição de ganhos referentes aos diferentes métodos de melhoramento, bem como avalia a confiabilidade dos ensaios de campo de forma a influenciar na tomada de decisões dos melhoristas na condução de seus programas de melhoramento vegetal.

Caracteres que apresentam valores elevados de herdabilidade são menos influenciados pelo ambiente, o que aumenta seu poder discriminatório. Já caracteres que apresentam valores inferiores de herdabilidade sofrem grande influência do ambiente, o que faz o caráter variar aleatoriamente, diminuindo sua eficiência discriminatória. Neste caso, o valor fenotípico é um fraco indicador do valor genotípico (Ramalho et al., 2012).

A herdabilidade, segundo Carvalho et al. (2001), pode ser estimada no sentido amplo ( $h_a^2$ ) como sendo a proporção da variabilidade observada ocasionada

por efeitos dos genes, sendo obtida pela razão entre a variância genética e a variância fenotípica, enquanto no sentido restrito ( $h_r^2$ ), que é a proporção da variabilidade observada ocasionada somente por efeitos aditivos dos genes, é obtida pela razão entre a variância genética aditiva e a variância total.

O coeficiente de herdabilidade, tanto no sentido restrito quanto no sentido amplo, pode variar de zero a um. No caso de  $h^2 = 1$  (alta magnitude), as diferenças fenotípicas entre os indivíduos são causadas unicamente pela diferença genética entre eles. Quando a  $h^2 = 0$  (baixa magnitude), significa que a variabilidade do caráter não tem origem genética, ou seja, não existe correlação alguma entre o valor genético e o valor fenotípico da unidade de seleção (Allard, 1971).

Para fins de melhoramento, a herdabilidade no sentido restrito é a mais adequada, uma vez que ela quantifica a importância relativa da proporção aditiva da variância genética, que pode ser transmitida para próxima geração (Borém et al., 2017). A herdabilidade no sentido amplo assume maior relevância em plantas de propagação vegetativa, nas quais o genótipo é herdado integralmente pelos descendentes. A herdabilidade no sentido amplo pode ser considerada o limite máximo da herdabilidade no sentido restrito, sendo esta última utilizada para estimar o ganho efetivo do processo de seleção (Hanson, 1963).

A produção de grãos, de maneira geral, é um caráter que apresenta baixa herdabilidade, e pode ser atribuída ao comportamento de natureza quantitativa desse caráter, em função do grande número de genes que o controlam, permitindo maior influência do ambiente e, conseqüentemente, uma redução da relação entre a variância genética e fenotípica. Diversos autores confirmam a baixa herdabilidade para esse caráter em feijão, entre eles Cruz et al. (2018), Lima et al. (2020), Santos et al. (2018) e Souza et al. (2018).

### **3.2.2.2. Correlações entre caracteres**

A Correlação é uma medida da intensidade de associação entre duas variáveis, podendo ser positiva ou negativa, quando ocorre aumento nas duas variáveis ou acréscimo de uma e decréscimo de outra, respectivamente (Steel et al., 1997).

No melhoramento vegetal, é importante o conhecimento da associação entre caracteres de interesse agrônômico, principalmente se um desses caracteres apresentar valores baixos de herdabilidade. Dessa maneira, a seleção

correlacionada com um caráter de alta herdabilidade pode ser mais conveniente e assim conduzir a progressos genéticos mais rapidamente (Falconer & Mackay, 1996).

A correlação entre duas variáveis pode ser de natureza genotípica, fenotípica ou ambiental, mas somente as correlações genotípicas envolvem uma associação de natureza herdável, sendo de grande interesse para o melhoramento vegetal (Daher et al., 2004).

A principal causa de correlação genotípica é o pleiotropismo, que é a propriedade pela qual um gene tem de afetar uma ou mais características. Assim, se o gene estiver segregando, ou seja, durante a divisão celular, causará variação simultânea nos dois caracteres (Falconer & Mackay, 1996). A correlação fenotípica pode ser diretamente mensurada por dois caracteres. Essa correlação tem causas genéticas e ambientais, porém só a genotípica envolve uma associação de natureza herdável (Falconer & Mackay, 1996). O ambiente torna-se uma causa de correlação entre dois caracteres quando eles são influenciados pelas mesmas variações ambientais. Valores negativos desta correlação indicam que o ambiente favorece um caráter em detrimento do outro, enquanto valores positivos indicam que os dois caracteres são beneficiados ou prejudicados pelas mesmas variações ambientais (Cruz et al., 2012).

As correlações não são medidas de causa e efeito, e a interpretação direta das suas magnitudes pode resultar em equívocos na estratégia de seleção, uma vez que uma correlação alta entre dois caracteres pode ser resultado do efeito sobre eles de um terceiro caráter ou de um grupo de caracteres (Pereira et al., 2008), sendo necessário o emprego de metodologias específicas, como as correlações parciais, correlações canônicas e análise de trilha (Cruz et al., 2012).

O conhecimento das correlações genéticas existentes entre os caracteres de interesse agrônômicos é de suma importância no melhoramento vegetal, de forma que, quando a seleção é praticada para um dado caráter, podem ser feitas inferências sobre a forma pela qual este caráter afetará os demais (Falconer & Mackay, 1996).

Em feijão comum, existem trabalhos de análise de trilha, como o de Gonçalves et al. (2017), que estimaram as correlações genéticas entre caracteres e avaliaram os efeitos diretos e indiretos, entre as variáveis analisadas com a produtividade de grãos, por meio de análise de trilha. Os caracteres número de

sementes por planta e peso de grão apresentaram maior efeito direto favorável, demonstrando forte associação entre os caracteres analisados, podendo ser utilizados na seleção direta ou indireta para a produtividade de grão em feijoeiro.

Um estudo envolvendo 58 genótipos de feijão foi conduzido por Cabral et al. (2011) com o objetivo de estimar os coeficientes de trilha entre os caracteres primários e secundários sobre a produtividade de grãos. Os autores concluíram que os resultados obtidos na análise do coeficiente de trilha mostram que o caráter primário com maior efeito direto sobre produtividade de grãos foi o número de vagens por planta. Além disso, os autores observaram que o caráter número de semente por planta mostrou correlação negativa com número de vagem por planta, sendo assim, a seleção de plantas com maior número de grãos implicará na redução do número de vagem por planta.

Dezesseis genótipos de feijão foram avaliados por Velho et al. (2017), com o intuito de estimar a correlação fenotípica e os efeitos diretos e indiretos dos componentes da parte aérea do feijoeiro associados à distribuição radicular. Os autores observaram que os caracteres diâmetro de caule, índice de área foliar, inserção da primeira vagem e ângulo de raiz apresentaram as maiores correlações positivas com a distribuição radicular e podem, portanto, auxiliar a seleção indireta quanto a esse caráter.

### **3.2.3. MATERIAL E MÉTODOS**

#### **3.2.3.1. Material genético utilizado e condução do experimento**

As avaliações foram conduzidas no ano agrícola de 2018 na 2ª safra, conhecida como safra da 'seca', no Centro Estadual de Pesquisa em Agroenergia e Aproveitamento de Resíduos (CEPAAR) da Empresa de Pesquisa Agropecuária do estado do Rio de Janeiro (PESAGRO-RIO), situado em Campos dos Goytacazes (21°44'47"S, 41°18'27" O e 11 m de altitude), e na propriedade particular Ilha da Saudade, situada no município de Macaé (22°17'15" S, 41°87'17" O e 9 m de altitude) (Tabela 10).

Foram avaliados quatro ensaios com onze genótipos de feijão preto referentes ao ensaio de Valor de Cultivo e Uso (VCU), sendo sete linhagens (identificadas com o prefixo 'CNFP') e quatro cultivares designadas testemunhas, quinze genótipos de feijão preto de ciclo normal referentes ao Ensaio Preliminar (EP), sendo dez linhagens (identificadas com o prefixo 'CNFP') e cinco cultivares designadas testemunhas e doze genótipos de feijão roxo referentes ao ensaio de VCU, sendo nove linhagens (identificadas com os prefixos 'CNFR' e 'CNFRX') e três cultivares designadas testemunhas, cultivados no município de Campos dos Goytacazes, e quinze genótipos de feijão preto de ciclo precoce referentes ao EP, sendo onze linhagens (identificadas com o prefixo 'CNFP') e quatro cultivares designadas testemunhas, cultivados no município de Macaé, num total de 53 genótipos (Tabela 11). Foi utilizado o delineamento de blocos casualizados com três repetições. Cada unidade experimental foi constituída de 4 linhas de 4 m com espaçamento 0,5 m.

**Tabela 10.** Características dos municípios do estado do Rio de Janeiro onde foram avaliados os genótipos de feijões preto e roxo no ano de 2018.

Municípios	Precipitação	Temperatura média do ar	Altitude	Tipo de solo
Campos dos Goytacazes	1.131,3 mm	24,8°C	9 m	Podzólico vermelho álico
Macaé	1.429,3 mm	24,3°C	29 m	Latossolo vermelho-amarelo álico

Fonte: INMET (2021).

As adubações foram feitas com base na análise do solo e o preparo do solo foi feito no modo convencional: com uma aração e duas gradagens leves. O controle de plantas daninhas foi feito por capina manual. Quando necessário, foi feita uma irrigação suplementar, utilizando o sistema de aspersão convencional.

**Tabela 11.** Genótipos de feijões preto e roxo cultivados em Campos dos Goytacazes e Macaé, Rio de Janeiro, 2018.

<b>Feijão preto de ciclo normal – EP</b>			<b>Feijão preto de ciclo precoce – EP</b>		
<b>Genótipos</b>	<b>Origem</b>	<b>Tipo</b>	<b>Genótipos</b>	<b>Origem</b>	<b>Tipo</b>
BRS Esplendor	Embrapa	Cultivar	BRS Campeiro	Embrapa	Cultivar
BRS Esteio	Embrapa	Cultivar	BRS Esplendor	Embrapa	Cultivar
BRS FP 403	Embrapa	Cultivar	BRS Esteio	Embrapa	Cultivar
IPR Tuiuiu	IAPAR	Cultivar	IPR Uirapuru	IAPAR	Cultivar
IPR Uirapuru	IAPAR	Cultivar	CNFP 17435	Embrapa	Linhagem
CNFP 17441	Embrapa	Linhagem	CNFP 17442	Embrapa	Linhagem
CNFP 17456	Embrapa	Linhagem	CNFP 17443	Embrapa	Linhagem
CNFP 17457	Embrapa	Linhagem	CNFP 17445	Embrapa	Linhagem
CNFP 17471	Embrapa	Linhagem	CNFP 17450	Embrapa	Linhagem
CNFP 17486	Embrapa	Linhagem	CNFP 17451	Embrapa	Linhagem
CNFP 17487	Embrapa	Linhagem	CNFP 17452	Embrapa	Linhagem
CNFP 17488	Embrapa	Linhagem	CNFP 17454	Embrapa	Linhagem
CNFP 17489	Embrapa	Linhagem	CNFP 17459	Embrapa	Linhagem
CNFP 17494	Embrapa	Linhagem	CNFP 17464	Embrapa	Linhagem
CNFP 17541	Embrapa	Linhagem	CNFP 17466	Embrapa	Linhagem
<b>Feijão roxo – VCU</b>			<b>Feijão preto – VCU</b>		
BRS Pitanga	Embrapa	Cultivar	BRS Esteio	Embrapa	Cultivar
BRS MG Tesouro	Embrapa	Cultivar	BRS FP403	Embrapa	Cultivar
BRS CNFRX 15595	Embrapa	Cultivar	IPR Tuiuiu	IAPAR	Cultivar
CNFR 16932	Embrapa	Linhagem	IPR Uirapuru	IAPAR	Cultivar
CNFR 16997	Embrapa	Linhagem	CNFP 16379	Embrapa	Linhagem
CNFR 17014	Embrapa	Linhagem	CNFP 16380	Embrapa	Linhagem
CNFRX 16340	Embrapa	Linhagem	CNFP 16383	Embrapa	Linhagem
CNFRX 16346	Embrapa	Linhagem	CNFP 16384	Embrapa	Linhagem
CNFRX 16352	Embrapa	Linhagem	CNFP 16404	Embrapa	Linhagem
CNFRX 16353	Embrapa	Linhagem	CNFP 16416	Embrapa	Linhagem
CNFRX 16360	Embrapa	Linhagem	CNFP 16459	Embrapa	Linhagem
CNFRX 16998	Embrapa	Linhagem	-	-	-

A colheita foi feita na fase R9, aos 90 dias após o plantio. A coleta dos dados foi feita na área útil de cada parcela, constituída das duas fileiras centrais, sendo desprezadas as linhas de bordaduras e 0,5 m acima e abaixo das linhas centrais.

### 3.2.3.2. Características avaliadas

Foram avaliadas as seguintes características: altura da parte aérea da planta (ALT), altura de inserção da primeira vagem (APV), comprimento da raiz pivotante (CR), número de vagens por planta (NVP), comprimento de vagem (CV), diâmetro de vagem (DV), estande final de plantas (EST) e produtividade de grãos (PROD).

Para determinação da PROD os grãos foram colhidos e secos até atingirem 13% de teor de água e o valor foi transformado em kg ha<sup>-1</sup>. A ALT, APV e CR foram determinados por uma fita métrica, graduada em centímetros, em dez plantas contidas na área útil da parcela. O CV foi medido por uma régua, graduada em centímetros, em dez plantas contidas na área útil da parcela. O DV foi medido por um paquímetro digital, graduado em milímetros, em todas as vagens contidas em dez plantas colhidas ao acaso na área útil da parcela. O NVP foi determinado pela contagem do número de vagens de dez plantas contidas na área útil da parcela. O EST foi determinado pela contagem das plantas da área útil de cada parcela experimental e convertido para um hectare.

### 3.2.3.3. Análise genético-estatística

Para as análises estatísticas, procedeu-se às análises de correlações fenotípica ( $r_f$ ), genotípica ( $r_g$ ) e ambiental ( $r_a$ ) e análise regressão linear. Para as correlações, foram utilizadas as seguintes expressões: correlação fenotípica  $r_F =$

$$\frac{PMG_{XY}}{\sqrt{QMG_X QMG_Y}}; \text{ correlação genotípica } r_G = \frac{(PMG_{XY} - PMR_{XY})/r}{\sqrt{\hat{\Phi}g_{(X)} \hat{\Phi}g_{(Y)}}} = \frac{\hat{\Phi}g_{(XY)}}{\sqrt{\hat{\Phi}g_{(X)} \hat{\Phi}g_{(Y)}}} \text{ e correlação}$$

de ambiente  $r_A = \frac{PMG_{XY}}{\sqrt{QMR_X QMR_Y}}$ . Em que  $PMG_{XY}$ : produto médio entre os genótipos para os caracteres de X e Y;  $PMR_{XY}$ : produto médio entre os resíduos para os caracteres de X e Y;  $QMG_X$ : quadrado médio entre os genótipos para o caráter X;  $QMG_Y$ : quadrado médio entre os genótipos para o caráter Y;  $QMR_X$ : quadrado médio entre os resíduos para o caráter X;  $QMR_Y$ : quadrado médio entre os resíduos para o caráter Y;  $\hat{\Phi}g_{(XY)}$ : estimador da covariância genotípica; e  $\hat{\Phi}g_{(X)}$ ,  $\hat{\Phi}g_{(Y)}$ :

estimadores dos componentes quadráticos associados às variabilidades genóticas para os caracteres X e Y, respectivamente.

A análise de trilha consiste em estudar os efeitos diretos e indiretos das variáveis explicativas acima referidas (X) na produtividade de grãos, variável dependente (Y). Como Y é considerado uma característica complexa, resultando da ação combinada de outras características, é possível estabelecer o modelo:  $Y = \beta_{1X1} + \beta_{2X2} + \dots + \beta_{nXn} + \varepsilon$ , em que:  $X_1, X_2, \dots, X_n$  são as variáveis explicativas, e Y é a variável principal (ou variável dependente). Os efeitos diretos e indiretos das variáveis explicativas são estimados sobre a variável principal. Assim,  $r_{iy} = p_i + \sum_{j \neq i}^n p_{ij} r_{ij}$  em que correlação entre a variável principal (Y) e a i-ésima variável explicativa;  $p_i$ : efeito direto da variável  $i$  sobre a variável principal; e  $p_j r_{ij}$ : efeito indireto da variável  $i$ , via variável  $j$ , sobre a variável principal.

As significâncias do coeficiente de correlação genotípica e o  $b_1$  da regressão foram avaliadas pelo teste “t” e, para as correlações fenotípica e ambiental, foi utilizado o *bootstrap* com 5000 simulações, segundo Ferreira et al. (2008).

Para verificar a colinearidade entre as características, foi feito o teste de multicolinearidade, segundo Montgomery & Peck, citado por Cruz et al., (2012). Em seguida, foi feito o desdobramento dos coeficientes de correlação genóticas em efeitos diretos e indiretos, dados pela análise de trilha. Para a realização de todas as análises, foram utilizados os recursos computacionais do programa Genes (Cruz, 2016).

### 3.2.4. RESULTADOS E DISCUSSÃO

A Tabela 12 mostra os resultados das análises de variâncias das características relacionadas à produção de grãos dos quatro ensaios de feijões preto e roxo.

O efeito de genótipos mostrou-se altamente significativo para todas as características avaliadas em todos os ensaios de feijão, indicando que os genótipos apresentaram grande variabilidade, o que possibilita a identificação de genótipos mais promissores, os quais podem ser utilizados em programas de melhoramento.

Os valores do coeficiente de variação experimental, expressos na Tabela 12, foram relativamente baixos ( $\leq 10\%$ ) para a maioria das características avaliadas, variando de 3,82% para a característica comprimento de vagem de genótipos de feijão preto (VCU) a 20,27% para a característica número de vagens por planta, também do referido ensaio (Tabela 12). Segundo Gomes (1990), os valores de coeficiente de variação estão intrinsecamente relacionados à precisão experimental. Quanto menor o índice do coeficiente de variação, maior será a precisão experimental.

Segundo Falconer (1987), o coeficiente de herdabilidade média é um parâmetro importante utilizado em trabalhos de melhoramento, pois permite estimar a proporção da variação fenotípica utilizada na seleção. Segundo Cruz (2005), se a herdabilidade for alta, haverá alta correlação entre o valor fenotípico e o genotípico, de tal forma que as diferenças mensuradas entre os indivíduos resultarão diferenças genéticas verdadeiras e garantirão, portanto, o sucesso da estratégia de seleção. Se a herdabilidade for baixa, o valor fenotípico não é uma medida confiável do valor genotípico e a superioridade aparente de um indivíduo em relação a outro poderá não ser devida a uma causa genética. As estimativas do valor máximo da herdabilidade foram consideradas de magnitude satisfatória para as características avaliadas nos quatro ensaios, o que torna viável a seleção de genótipos superiores (Tabela 12).

Todas as características avaliadas atenderam ao pressuposto de normalidade da distribuição dos erros ( $p \leq 0,05$ ) pelo teste de Lilliefors e de homogeneidade de variâncias residuais ( $p \leq 0,05$ ) pelo teste de Bartlett. Esses resultados demonstram que, de modo geral, as pressuposições matemáticas requeridas para a realização da análise de variância e estudos posteriores foram atendidas (Nascimento et al., 2018).

Para os genótipos de feijão preto de ciclo normal (EP), as estimativas de correlação fenotípica ( $r_f$ ), genotípica ( $r_g$ ) e ambiental ( $r_a$ ) são apresentadas na Tabela 13. Assim, entre os 28 pares de combinações para as oito variáveis avaliadas, apenas duas apresentaram correlação genotípica significativas a 1 e 5% de probabilidade pelo teste *bootstrap*: a maior foi de 1,0056 entre o estande final de plantas e a produtividade de grãos e a segunda, de 0,7086 entre altura de planta e altura de inserção da primeira vagem. A existência de correlações significativas é um indicativo da viabilidade da seleção indireta para a obtenção de ganhos no caráter ou nos caracteres de maior importância econômica (Cruz et al., 2012).

As mesmas combinações significativas observadas na correlação genotípica foram obtidas na correlação fenotípica ao nível de 1 e 5% de probabilidade pelo teste t (Tabela 13). A maior estimativa de correlação fenotípica foi observada entre o estande final de plantas e a produtividade de grãos (0,7028) e a segunda foi de 0,5658 entre altura de inserção da primeira vagem. Com relação à correlação ambiental, oito combinações apresentaram correlações significativas a 1 e 5% de probabilidade pelo teste *bootstrap*: a maior foi de 0,4237 entre altura de planta e produtividade de grãos e a menor foi de 0,1821 entre o diâmetro de vagem e a produtividade de grãos.

Correlação significativa e positiva entre estande final de plantas e produtividade de grãos indica que o incremento na população de plantas pode levar a ganhos em produtividade.

Para os genótipos de feijão preto de ciclo precoce (EP), as estimativas de correlação genotípica estão apresentadas na Tabela 14. Apenas duas correlações apresentaram significância a 1 e 5% de probabilidade pelo teste *bootstrap*: comprimento de raiz com número de vagens por planta (0,9889) e comprimento de vagem com diâmetro de vagem (0,7444). Nenhuma variável apresentou significância com produtividade de grãos, demonstrando que do ponto de vista genético não há relação linear negativa ou positiva de produtividade com as demais variáveis, ou pelo menos não há relação direta detectada entre os pares de variáveis. Cruz et al. (2012), relatam que coeficiente de correlação não significativo ou de baixa magnitude não implica falta de relação entre duas variáveis, mas ausência de relação linear entre essas variáveis.

Ainda na Tabela 14, é observada apenas uma combinação significativa a 5% de probabilidade pelos testes *bootstrap* e t para as correlações ambiental e fenotípica, variando de 0,3007 para a combinação entre comprimento de raiz e vagem a 0,5677 para a combinação entre comprimento e diâmetro de vagem.

Para os genótipos de feijão roxo (VCU), as estimativas de correlação fenotípica, genotípica e ambiental são apresentadas na Tabela 15. Cerca de um terço das combinações possíveis apresentaram correlação genotípica significativa a 1 e 5% de probabilidade pelo teste *bootstrap*: a maior correlação positiva foi de 1,5939 para combinação comprimento de raiz com número de vagens por planta e a menor correlação positiva foi de 0,5447 para a combinação altura de planta com diâmetro de vagem. Já com relação à correlação negativa, a maior correlação foi

observada para combinação entre altura de inserção da primeira vagem e estande final de plantas (-0,9107), enquanto a combinação entre altura de inserção da primeira vagem e comprimento de vagem apresentou a menor correlação (-0,6343). Observa-se que nenhuma variável apresentou significância com produtividade de grãos, tal como ocorreu no ensaio de feijão preto de ciclo normal (EP).

Em continuação à Tabela 15, referindo-se à correlação fenotípica, oito das dez correlações significativas a 1 e 5% de probabilidade pelos testes *bootstrap* e t apresentaram valores positivos, variando de 0,4811 para combinação altura de planta com altura de inserção da primeira vagem a 0,821, para combinação comprimento da raiz com número de vagem por planta. Por fim, a correlação ambiental foi a única que apresentou combinações significativas a 1 e 5% de probabilidade pelo teste *bootstrap* com a produtividade de grãos, sendo que a combinação entre o número de vagens por planta com a produtividade apresentou valor positivo (0,3961), enquanto a combinação entre a produtividade de grãos e o estande final de plantas apresentou valor negativo (-0,3679).

Para os genótipos de feijão preto (VCU), as estimativas de correlações fenotípica, genotípica e ambiental são apresentadas na Tabela 16. A característica diâmetro de vagem mostrou correlações fenotípica e genotípica significativas a 5% de probabilidade pelos testes *bootstrap* e t com altura de planta 0,601 e 0,7624, respectivamente. Já com relação à característica número de vagens por planta, são observadas correlações fenotípica e genotípica significativas a 1 e 5% de probabilidade pelo teste *bootstrap* com comprimento de raiz 0,6152 e 0,973, respectivamente. Por fim, a característica produtividade de grãos apresentou correlações fenotípica e ambiental significativas a 1 e 5% de probabilidade pelo teste *bootstrap*: com número de vagens por planta (0,4744), altura de planta (0,6662) e altura de inserção da primeira vagem (0,8439).

Quando o objetivo da seleção for maior produtividade de grãos, devem ser selecionados genótipos de feijão preto de ciclo normal (EP) que apresentem maior número de plantas por hectare. Enquanto para os genótipos de feijão preto (VCU), recomenda-se a seleção de genótipos que apresentem maiores alturas de inserção da primeira vagem. A distribuição das vagens nas plantas pode influenciar no rendimento da cultura, principalmente na colheita mecanizada. Vagens situadas em alturas elevadas contribuem para redução das perdas geradas pela colheita mecanizada e, conseqüentemente, elevam o rendimento da lavoura.

Antes de proceder à análise de trilha, foi feita a análise de multicolinearidade entre as variáveis (Cruz et al., 2012). As matrizes de correlação genotípica foram submetidas ao diagnóstico de multicolinearidade com base no número de condição, utilizando todas as variáveis, tendo sido obtidos os valores do número de condição de 20,67 para genótipos de feijão preto (VCU), 37,14 para genótipos de feijão preto de ciclo precoce (EP) e 81,38 para genótipos de feijão roxo (VCU), gerando, com isso, multicolinearidade fraca. Já com relação aos genótipos de feijão preto de ciclo normal (EP), o valor do número de condição foi de 348,51, apresentando, com isso, multicolinearidade moderada. Esses resultados permitiram que se procedessem às análises de correlações simples e de trilha. Segundo Coimbra et al. (2005), na presença de multicolinearidade fraca ou moderada, evita-se que as variâncias associadas aos coeficientes de trilha possam atingir valores demasiadamente elevados, o que produz efeitos diversos, tornando os resultados pouco precisos, assumindo, assim, valores absurdos ou sem nenhuma coerência com o fenômeno biológico estudado. Assim, no presente estudo, foram analisadas todas as variáveis com ausência de colinearidade.

A Tabela 17 mostra as estimativas dos efeitos diretos e indiretos das variáveis independentes explicativas ALT, APV, CR, NVP, CV, DV e EST sobre PROD nos quatros ensaios de feijão dos grupos comerciais preto e roxo.

Para que os resultados da análise de trilha sejam fidedignos, é importante verificar o grau de multicolinearidade entre as variáveis explicativas (Cruz et al., 2014). Segundo Toebe & Cargnelutti Filho (2013), quanto menor o grau de multicolinearidade, maior é o coeficiente de determinação e menor o efeito da variável residual e, com isto, maior o poder preditivo da análise de trilha. O modelo explicativo adotado foi mais eficiente em expressar a relação causa e efeito entre as variáveis explicativas e a produtividade de grãos, uma vez que o coeficiente de determinação ( $R^2$ ) apresentou valores superiores à unidade ( $> 1,0$ ) nos ensaios preliminares de genótipos de feijão preto de ciclo normal (EP) (1,0453) e de ciclo precoce (EP) (3,1704) (Tabela 17). O sucesso da utilização dos coeficientes de trilha está diretamente ligado à composição dos diagramas causais, que deverá ser formada com o conhecimento do melhorista sobre quais variáveis são mais importantes na expressão da variável principal (Silva et al., 2009).

Considerando os genótipos de feijão preto de ciclo normal (EP), o maior valor dos efeitos diretos sobre a produtividade de grãos foi observado somente para

altura de inserção da primeira vagem (-1,4371). No entanto, este efeito direto é negativo, o que determina que a seleção direta para a menor altura de inserção da primeira vagem aumenta diretamente a produtividade. Nota-se que a correlação genotípica total referente esta combinação apresentou valor negativo, porém de baixa magnitude (-0,2706). Além disso, observa-se valor superior à unidade para efeito direto do comprimento da raiz em relação à produtividade de grãos. Ao selecionar genótipos de feijão com maiores comprimentos de raiz, serão selecionados, diretamente, genótipos com maior capacidade produtiva. A correlação genotípica observada entre o estande final de plantas e a produtividade de grãos (1,0056), Tabela 13, foi confirmada pela interação obtida pelo efeito direto destas variáveis (0,7540).

Em referência aos genótipos de feijão preto de ciclo precoce (EP), foram verificados efeitos diretos negativos e de alta magnitude para comprimento de vagem (-6,1196), comprimento de raiz (-3,6801) e altura de inserção da primeira vagem (-2,3203) e efeitos diretos positivos e de alta magnitude para diâmetro de vagem (3,6685), estande final de plantas (3,3002) e número de vagens por planta (2,6127). Segundo Santos et al. (2017), a seleção simultânea de caracteres com ênfase nos efeitos diretos cujas magnitudes são altas pode resultar em ganhos na variável principal. O efeito direto de número de vagens por planta na produtividade de grãos foi de 2,6127, apresentando efeito negativo alto via comprimento de raiz (-3,6393). Esse resultado é uma indicação de que a seleção direta em genótipos com maior estande final de plantas acarreta aumento na produtividade de grãos, mas a seleção indireta não será eficiente para promover ganhos simultâneos para produtividade e comprimento de vagem. Para contornar essa dificuldade, sugere-se que os ganhos simultâneos nas três características possam ser alcançados pelo uso de estratégias de índices de seleção, (Viana & Resende, 2014; Cabral et al., 2016), como também testar diferentes densidades populacionais nas linhagens de feijão preto avaliadas para verificar o tamanho populacional ótimo da lavoura.

Em continuação aos resultados da análise de trilha dos genótipos de feijão preto de ciclo precoce (EP), o efeito direto entre estande final de plantas e produtividade de grãos foi pronunciadamente positivo (3,3002), mas a correlação genotípica é negativa e de magnitude média (-0,3834). Neste caso, deve-se aplicar um esquema seletivo restritivo para considerar os efeitos indiretos como altura de inserção da primeira vagem (-1,2595), comprimento de vagem (-1,7979) e diâmetro

de vagem (-0,6592). Além disso, o efeito direto entre o número de vagens por planta e produtividade de grãos também apresentou correlação de alta magnitude (2,6127), mas a correlação genotípica total foi negativa, porém de baixa magnitude (-0,0783).

Os maiores valores dos efeitos diretos positivos sobre a produtividade de grãos foram observados para diâmetro de vagem (21,6072) e comprimento de raiz (8,4253) e dos efeitos diretos negativos para altura de inserção da primeira vagem (-17,6458), comprimento da vagem (-16,4736), altura de planta (-9,5729), estande final de plantas (-9,2676) e número de vagens por planta (-1,9808), em genótipos de feijão roxo (VCU).

Por fim, com relação aos genótipos de feijão preto (VCU), o maior valor dos efeitos diretos positivos de alta magnitude sobre a produtividade de grãos foi observado para altura de planta (1,6748) e média magnitude foi para altura de inserção da primeira vagem (0,3753). Com bases nesses resultados, quando o efeito direto é positivo, o aumento da altura de planta e inserção da primeira vagem se reflete diretamente na produtividade de grãos. A alta correlação genotípica entre a altura de inserção da primeira vagem e produtividade de grãos (0,8439), Tabela 16, é verificada pela interação obtida pelo efeito direto destas variáveis (0,3753). Com relação aos efeitos diretos negativos, observa-se que as características diâmetro de vagem e comprimento de raiz apresentaram alta magnitude sobre a produtividade de grãos. Neste caso, quando o efeito direto é negativo, implica dizer que a seleção direta para o menor comprimento de raiz e diâmetro de vagem aumenta diretamente a produtividade.

**Tabela 12.** Análises de variâncias dos caracteres relacionados com a produção em quatro ensaios de genótipos de feijões preto e roxo cultivados em Campos dos Goytacazes e Macaé, Rio de Janeiro, 2018.

<b>Feijão preto de ciclo normal – EP</b>									
<b>FV</b>	<b>GL</b>	<b>Quadrado médio</b>							
		<b>ALT</b>	<b>APV</b>	<b>CR</b>	<b>NVP</b>	<b>CV</b>	<b>DV</b>	<b>EST</b>	<b>PROD</b>
<b>Blocos</b>	2	43,1	28,7	8,1	7,0	0,0	0,4	664.695.012,4	23.850,2
<b>Genótipos</b>	14	243,1**	32,2**	14,0*	8,0*	0,9**	1,4*	694.954.493,9**	68.709,9*
<b>Resíduo</b>	28	82,5	10,1	5,8	3,6	0,2	0,5	210.194.509,8	25.920,2
<b>Herdabilidade</b>		66,1	68,6	58,4	55,2	76,3	62,5	69,8	62,3
<b>Média</b>		75,6	18,3	12,7	10,9	8,9	8,8	146.592,5	1.008,4
<b>CV(%)</b>		12,0	17,4	19,0	17,4	5,1	8,2	9,9	16,0
<b>Feijão preto de ciclo precoce – EP</b>									
<b>FV</b>	<b>GL</b>	<b>Quadrado médio</b>							
		<b>ALT</b>	<b>APV</b>	<b>CR</b>	<b>NVP</b>	<b>CV</b>	<b>DV</b>	<b>EST</b>	<b>PROD</b>
<b>Blocos</b>	2	104,2	2,5	4,1	2,7	0,4	0,3	180.745.037,1	24.433,9
<b>Genótipos</b>	14	99,1**	6,5*	5,0*	15,7*	0,4*	1,0**	317.036.232,9*	127.767,9*
<b>Resíduo</b>	28	32,2	2,5	2,3	7,6	0,2	0,3	109.842.365,1	53.990,7
<b>Herdabilidade</b>		67,5	61,1	54,9	51,9	59,5	71,9	65,4	57,7
<b>Média</b>		76,6	11,9	14,8	17,8	9,8	9,2	204.222,2	3.190,6
<b>CV(%)</b>		7,4	13,3	10,1	15,4	4,0	5,7	5,1	7,3
<b>Feijão roxo – VCU</b>									
<b>FV</b>	<b>GL</b>	<b>Quadrado médio</b>							
		<b>ALT</b>	<b>APV</b>	<b>CR</b>	<b>NVP</b>	<b>CV</b>	<b>DV</b>	<b>EST</b>	<b>PROD</b>
<b>Blocos</b>	2	64,6	3,0	4,3	0,7	0,1	0,1	49.020.833,3	41.407,5
<b>Genótipos</b>	11	473,6**	24,4**	2,6*	14,5*	0,9**	2,2**	93.181.818,2*	115.934,8*
<b>Resíduo</b>	22	105,2	3,8	1,0	5,8	0,2	0,1	41.179.924,2	44.444,0
<b>Herdabilidade</b>		77,8	84,2	60,3	60,1	73,0	93,3	55,8	61,7
<b>Média</b>		84,1	18,2	11,6	12,1	8,8	8,5	164.166,7	1.086,5
<b>CV(%)</b>		12,2	10,8	8,7	19,8	5,6	4,5	3,9	19,4

Tabela 12 – Cont.

Feijão preto – VCU									
FV	GL	Quadrado médio							
		ALT	APV	CR	NVP	CV	DV	EST	PROD
<b>Blocos</b>	2	1,0	1,9	5,3	8,2	0,2	0,2	30.871.212,1	194.145,6
<b>Genótipos</b>	10	128,4*	15,8*	10,1*	18,4*	0,4**	1,6**	37.840.909,1**	103.813,0*
<b>Resíduo</b>	20	46,5	5,7	3,4	5,9	0,1	0,3	47.954.545,5	41.159,4
<b>Herdabilidade</b>		63,8	63,8	66,4	68,0	70,7	82,5	79,8	60,4
<b>Média</b>		82,5	21,2	13,4	12,0	9,2	9,2	175.984,9	1.409,5
<b>CV(%)</b>		8,3	11,3	13,8	20,3	3,8	5,7	3,9	14,4

\* e \*\* significativo a 5% e 1% de probabilidade pelo teste F, respectivamente.

**Tabela 13.** Correlações fenotípica, genotípica e ambiental de genótipos de feijão preto de ciclo normal – EP, Campos dos Goytacazes, 2018.

Variáveis	Correlação	APV	CR	NVP	CV	DV	EST	PROD
ALT		0,5658*	0,1695	0,189	-0,1212	0,0533	-0,0595	-0,0229
APV			0,4013	0,0309	0,1112	0,1149	-0,0069	-0,041
CR				0,4099	0,0579	0,3089	-0,1035	0,1743
NVP	r(f)				-0,1918	0,2256	-0,3355	0,1542
CV						-0,1047	0,1697	-0,2081
DV							0,0052	0,4002
EST								0,7028**
Variáveis	Correlação	APV	CR	NVP	CV	DV	EST	PROD
ALT		0,7086 <sup>+</sup>	0,0421	0,1092	-0,3028	0,01	-0,1259	-0,272
APV			0,4467	-0,1818	0,2103	0,2505	-0,1122	-0,2706
CR				0,6703	-0,0004	0,59	-0,1048	0,0771
NVP	r(g)				-0,2533	0,166	-0,4366	0,1309
CV						-0,1664	0,2162	-0,3808
DV							0,2	0,5316
EST								1,0056 <sup>++</sup>
Variáveis	Correlação	APV	CR	NVP	CV	DV	EST	PROD
ALT		0,2718	0,3816 <sup>+</sup>	0,3155	0,3308 <sup>+</sup>	0,1315	0,0809	0,4237 <sup>++</sup>
APV			0,328 <sup>+</sup>	0,3806 <sup>+</sup>	-0,1501	-0,1434	0,2294	0,3948 <sup>+</sup>
CR				0,0681	0,1851	-0,1205	-0,1032	0,3227 <sup>+</sup>
NVP	r(a)				-0,0844	0,3126	-0,1756	0,1885
CV						0,0346	0,0449	0,1821
DV							-0,377	0,1821 <sup>+</sup>
EST								0,1185

\*, \*\* = significativo a 5 e 1% de probabilidade, respectivamente, pelo teste t. <sup>+</sup>, <sup>++</sup> = significativo a 1 e 5%, respectivamente, usando bootstrap com 5000 simulações.

**Tabela 14.** Correlações fenotípica, genotípica e ambiental de genótipos de feijão preto de ciclo precoce – EP, Macaé, 2018.

Variáveis	Correlação	APV	CR	NVP	CV	DV	EST	PROD
ALT		-0,2793	-0,2103	0,4304	0,3649	0,2306	-0,1701	-0,1007
APV			0,0386	-0,3744	-0,2599	-0,2308	0,3153	-0,1400
CR				0,4442	0,1476	0,1560	0,0536	-0,1535
NVP	r(f)				0,3096	0,3533	0,0063	0,0377
CV						0,5677*	0,1594	-0,1648
DV							-0,1521	0,0329
EST								-0,2577
Variáveis	Correlação	APV	CR	NVP	CV	DV	EST	PROD
ALT		-0,4866	-0,2484	0,5528	0,5128	0,3130	-0,3247	-0,1475
APV			0,1667	-0,5401	-0,5904	-0,4566	0,5428	-0,3367
CR				0,9889 <sup>++</sup>	0,0332	0,2615	0,0885	-0,2929
NVP	r(g)				0,4254	0,6533	0,0660	-0,0783
CV						0,7444 <sup>+</sup>	0,2938	-0,3540
DV							-0,1797	0,1445
EST								-0,3834
Variáveis	Correlação	APV	CR	NVP	CV	DV	EST	PROD
ALT		0,0937	-0,1545	0,2613	0,1102	0,0417	0,1359	-0,0231
APV			-0,1383	-0,1625	0,2422	0,2175	-0,0759	0,1481
CR				-0,1784	0,3007 <sup>+</sup>	-0,0230	0,0017	0,0260
NVP	r(a)				0,1662	-0,1236	-0,0786	0,1785
CV						0,2397	-0,0634	0,1032
DV							-0,0927	-0,1748
EST								-0,0578

\*, \*\* = significativo a 5 e 1% de probabilidade, respectivamente, pelo teste t. +, ++ = significativo a 1 e 5%, respectivamente, usando bootstrap com 5000 simulações.

**Tabela 15.** Correlações fenotípica, genotípica e ambiental em genótipos de feijão roxo – VCU, Campos dos Goytacazes, 2018.

Variáveis	Correlação	APV	CR	NVP	CV	DV	EST	PROD
ALT		0,4811 <sup>+</sup>	0,6646 <sup>*</sup>	0,6049 <sup>*</sup>	0,2167	0,4931 <sup>+</sup>	-0,5098	0,2466
APV			0,5736 <sup>*</sup>	0,5646 <sup>+</sup>	-0,5439 <sup>+</sup>	-0,0377	-0,6194 <sup>+</sup>	-0,0738
CR				0,821 <sup>**</sup>	-0,3892	-0,0431	-0,2940	0,1387
NVP	r(f)				-0,3404	-0,0050	-0,2495	0,2109
CV						0,7898 <sup>**</sup>	0,2988	0,3056
DV							0,1159	0,2832
EST								0,2866
Variáveis	Correlação	APV	CR	NVP	CV	DV	EST	PROD
ALT		0,4718	0,784 <sup>+</sup>	0,8776 <sup>++</sup>	0,3060	0,5447 <sup>+</sup>	-0,7124	0,2975
APV			0,6722	0,8133 <sup>+</sup>	-0,6343 <sup>+</sup>	-0,0389	-0,9107 <sup>++</sup>	-0,0643
CR				1,5939 <sup>++</sup>	-0,5524	-0,0138	-0,5930	0,1989
NVP	r(g)				-0,6805 <sup>+</sup>	-0,0555	-0,1495	0,0919
CV						0,89 <sup>++</sup>	0,7899 <sup>+</sup>	0,3926
DV							0,2237	0,3372
EST								0,7466
Variáveis	Correlação	APV	CR	NVP	CV	DV	EST	PROD
ALT		0,53 <sup>+</sup>	0,4305 <sup>+</sup>	0,0169	-0,0571	0,2381	-0,1288	0,1390
APV			0,3782	-0,0551	-0,2247	-0,0314	0,0188	-0,1114
CR				-0,3461 <sup>+</sup>	-0,0694	-0,2013	0,1191	0,0447
NVP	r(a)				0,3365	0,2240	-0,3879 <sup>+</sup>	0,3961 <sup>+</sup>
CV						0,4099 <sup>+</sup>	-0,5958 <sup>++</sup>	0,1310
DV							-0,2658	0,1712
EST								-0,3679 <sup>+</sup>

\*, \*\* = significativo a 5 e 1% de probabilidade, respectivamente, pelo teste t. +, ++ = significativo a 1 e 5%, respectivamente, usando bootstrap com 5000 simulações.

**Tabela 16.** Correlações fenotípica, genotípica e ambiental em genótipos de feijão preto – VCU, Campos dos Goytacazes, 2018.

Variáveis	Correlação	APV	CR	NVP	CV	DV	EST	PROD
ALT		0,2829	0,1798	0,3858	0,2400	0,601*	0,0691	0,4947
APV			0,4392	0,2601	-0,3220	-0,1346	0,1289	0,4511
CR				0,6152 <sup>+</sup>	0,1875	-0,3240	-0,1837	0,1362
NVP	r(f)				-0,2805	-0,2248	-0,3247	0,2157
CV						0,3603	0,3119	-0,1431
DV							0,2254	0,4491
EST								0,0054
Variáveis	Correlação	APV	CR	NVP	CV	DV	EST	PROD
ALT		0,6345	0,3877	0,4395	0,3129	0,7624 <sup>+</sup>	0,1228	0,3906
APV			0,5789	0,4128	-0,3731	-0,2673	0,1028	0,8439 <sup>+</sup>
CR				0,973 <sup>++</sup>	0,2026	-0,5103	-0,2396	0,2518
NVP	r(g)				-0,3813	-0,3404	-0,4888	0,0730
CV						0,4795	0,4582	-0,2197
DV							0,2212	0,5964
EST								-0,0383
Variáveis	Correlação	APV	CR	NVP	CV	DV	EST	PROD
ALT		-0,3361	-0,2078	0,2830	0,0918	0,1905	-0,0687	0,6662 <sup>++</sup>
APV			0,1794	-0,0345	-0,2195	0,2350	0,2056	-0,1909
CR				-0,1175	0,1553	0,2200	-0,0356	-0,0634
NVP	r(a)				-0,0528	0,1275	0,1397	0,4744 <sup>+</sup>
CV						-0,0252	-0,1324	0,0010
DV							0,2442	0,1074
EST								0,1131

\*, \*\* = significativo a 5 e 1% de probabilidade, respectivamente, pelo teste t. +, ++ = significativo a 1 e 5%, respectivamente, usando bootstrap com 5000 simulações.

**Tabela 17.** Estimativas dos efeitos diretos e indiretos das variáveis consideradas como primárias sobre a variável principal produtividade de grãos (PROD), realizadas com os dados de média de genótipos de feijões preto e roxo cultivados em Campos dos Goytacazes e Macaé, Rio de Janeiro, 2018.

<b>Feijão preto de ciclo normal - Ensaio Preliminar</b>									
<b>Variável</b>	<b>Efeito Direto</b>	<b>Efeito Indireto</b>							<b>Total r(g)</b>
		<b>ALT</b>	<b>APV</b>	<b>CR</b>	<b>NVP</b>	<b>CV</b>	<b>DV</b>	<b>EST</b>	
Produtividade									
<b>ALT</b>	0,8230		-1,0183	0,0503	-0,0823	0,0489	0,0013	-0,0949	-0,2720
<b>APV</b>	-1,4371	0,5832		0,5334	0,1369	-0,0340	0,0316	-0,0846	-0,2706
<b>CR</b>	1,1940	0,0346	-0,6419		-0,5049	0,0001	0,0744	-0,0790	0,0771
<b>NVP</b>	-0,7532	0,0899	0,2613	0,8003		0,0409	0,0209	-0,3292	0,1309
<b>CV</b>	-0,1617	-0,2492	-0,3022	-0,0005	0,1908		-0,0210	0,1630	-0,3808
<b>DV</b>	0,1261	0,0082	-0,3600	0,7045	-0,1250	0,0269		0,1508	0,5316
<b>EST</b>	0,7540	-0,1036	0,1612	-0,1251	0,3289	-0,0349	0,0252		1,0056
<b>Coefficiente de determinação</b>							1,0453		
<b>Efeito Residual</b>							0,0		
<b>Feijão preto de ciclo precoce - Ensaio Preliminar</b>									
<b>Variável</b>	<b>Efeito Direto</b>	<b>Efeito Indireto</b>							<b>Total r(g)</b>
		<b>ALT</b>	<b>APV</b>	<b>CR</b>	<b>NVP</b>	<b>CV</b>	<b>DV</b>	<b>EST</b>	
Produtividade									
<b>ALT</b>	-0,5736		1,1291	0,9141	1,4443	-3,1381	1,1483	-1,0716	-0,1475
<b>APV</b>	-2,3203	0,2791		-0,6135	-1,4111	3,6130	-1,6751	1,7913	-0,3367
<b>CR</b>	-3,6801	0,1425	-0,3868		2,5837	-0,2032	0,9593	0,2921	-0,2929
<b>NVP</b>	2,6127	-0,3171	1,2532	-3,6393		-2,6033	2,3967	0,2178	-0,0783

Tabela 17 – Cont.

<b>Feijão preto de ciclo precoce - Ensaio Preliminar</b>									
Variável	Efeito Direto	Efeito Indireto							Total r(g)
		ALT	APV	CR	NVP	CV	DV	EST	
					Produtividade				
<b>CV</b>	-6,1196	-0,2941	1,3699	-0,1222	1,1115		2,7309	0,9696	-0,3540
<b>DV</b>	3,6685	-0,1795	1,0595	-0,9623	1,7069	-4,5555		-0,5930	0,1445
<b>EST</b>	3,3002	0,1862	-1,2595	-0,3257	0,1724	-1,7979	-0,6592		-0,3834
<b>Coefficiente de determinação</b>							3,1704		
<b>Efeito Residual</b>							0,0		
<b>Feijão roxo - Valor de Cultivo e Uso</b>									
Variável	Efeito Direto	Efeito Indireto							Total r(g)
		ALT	APV	CR	NVP	CV	DV	EST	
					Produtividade				
<b>ALT</b>	-9,5729		-8,3253	6,6054	-1,7384	-5,0409	11,7694	6,6022	0,2975
<b>APV</b>	-17,6458	-4,5165		5,6635	-1,6110	10,4492	-0,8405	8,4400	-0,0643
<b>CR</b>	8,4253	-7,5051	-11,8615		-3,1572	9,1000	-0,2982	5,4957	0,1989
<b>NVP</b>	-1,9808	-8,4012	-14,3513	13,4290		11,2103	-1,1992	1,3855	0,0919
<b>CV</b>	-16,4736	-2,9293	11,1927	-4,6541	1,3480		19,2304	-7,3205	0,3926
<b>DV</b>	21,6072	-5,2144	0,6864	-0,1163	0,1099	-14,6615		-2,0732	0,3372
<b>EST</b>	-9,2676	6,8197	16,0700	-4,9962	0,2961	-13,0125	4,8335		0,7466
<b>Coefficiente de determinação</b>							-6,3203		
<b>Efeito Residual</b>							2,7056		

Tabela 17 – Cont.

Variável	Feijão preto - Valor de Cultivo e Uso								Total r(g)
	Efeito Direto	Efeito Indireto							
	ALT	APV	CR	NVP	CV	DV	EST		
	Produtividade								
<b>ALT</b>	1,6748		0,2381	-0,3713	-0,2199	0,0843	-0,9409	-0,0745	0,3906
<b>APV</b>	0,3753	1,0627		-0,5544	-0,2066	-0,1005	0,3299	-0,0624	0,8439
<b>CR</b>	-0,9577	0,6493	0,2173		-0,4869	0,0546	0,6297	0,1454	0,2518
<b>NVP</b>	-0,5004	0,7361	0,1549	-0,9318		-0,1027	0,4201	0,2967	0,0730
<b>CV</b>	0,2693	0,5241	-0,1400	-0,1940	0,1908		-0,5917	-0,2781	-0,2197
<b>DV</b>	-1,2341	1,2769	-0,1003	0,4887	0,1703	0,1291		-0,1343	0,5964
<b>EST</b>	-0,6070	0,2057	0,0386	0,2295	0,2446	0,1234	-0,2730		-0,0383
<b>Coefficiente de determinação</b>							-0,0787		
<b>Efeito Residual</b>							1,0386		

### 3.2.5. CONCLUSÕES

É possível obter ganhos em produtividade de grãos pela seleção direta com base na altura de planta, comprimento de raiz e estande final de plantas para os genótipos de feijão preto de ciclo normal (EP).

Para os genótipos de feijão preto de ciclo precoce (EP), é possível obter ganhos diretos e significativos em produtividade de grãos por meio da seleção para número de vagens por planta, diâmetro de vagem e estande final de plantas.

Para os genótipos de ensaios de valor de cultivo e uso (VCU), os ganhos diretos em produtividade de grãos podem ser obtidos pelo aumento do diâmetro de vagem e comprimento de raiz para genótipos de feijão roxo e altura de planta para genótipos de feijão preto.

## REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- Agritempo. Sistema de Monitoramento Agrometeorológico. Embrapa Informática Agropecuária. Disponível em: <https://www.agritempo.gov.br>. Acessado em 01 de abril de 2021.
- Allard, R. W. (1971) *Princípios de melhoramento genético de plantas*. São Paulo: Edgar Blucer. 381 p.
- Allard, R. W., Bradshaw, A. D. (1964) Implications of genotype-environmental interactions in applied plant breeding. *Crop Science*, 4(5): 503-508.
- Andrade, W. E., Souza Filho, B. F. (2015) *A cultura do feijão no Estado do Rio de Janeiro*. Pesagro-Rio. 18 p.
- Annicchiarico, P. (1977) Cultivar adaptation and recommendation from alfafa trials in Northern Italy. *Journal of Genetics and Plant Breeding*, 46: 269-278.
- Barbosa, F. R., Gonzaga, A. C. O. (2012) *Informações técnicas para o cultivo do feijoeiro-comum na Região Central-Brasileira: 2012- 2014*. Santo Antônio de Goiás: Embrapa Arroz e Feijão. 247 p.
- Barili, L. D., Vale, N. M., Amaral, R. C., Carneiro, J. E. S., Silva, F. F., Carneiro, P. C. S. (2015) Adaptabilidade e estabilidade e a produtividade de grãos em cultivares de feijão preto recomendadas no Brasil nas últimas cinco décadas. *Ciência Rural*, 45(11): 1980-1986.

- 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(4): 403-410.
- Becker, H. C., Leon, J. (1988) Stability analysis in plant breeding. *Plant Breeding*, 101: 1-23.
- Borém, A., Miranda, G. V., Fritsche-Neto, R. (2017) *Melhoramento de plantas – 7ª edição*. Viçosa: Editora UFV. 543 p.
- Burle, M. L.; Fonseca, J. R.; Kami, J. A.; Gepts, P. (2010) Microsatellite diversity and genetic structure among common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) landraces in Brazil, a secondary center of diversity. *Theoretical and Applied Genetics*, 121(5): 801-813.
- Cabral, P. D. S., Soares, T. C. B., Lima, A. B. P., Soares, Y. J. B., Silva, J. A. (2011) Análise de trilha do rendimento de grãos de feijoeiro (*Phaseolus vulgaris* L.) e seus componentes. *Revista Ciência Agronômica*, 42(1): 132-138.
- Cabral, P. D. S., Amaral Júnior, A. T., Freitas, I. L. J., Ribeiro, R. M., Silva, T. R. C. (2016) Relação causa e efeito de caracteres quantitativos sobre a capacidade de expansão do grão em milho-pipoca. *Revista Ciência Agronômica*, 47: 108-117.
- Carneiro, J. E.; Paula Júnior, T.; Borém, A. (2014) *Feijão do plantio à colheita*. Viçosa: Editora UFV, 384 p.
- Carneiro, P. C. S. (1998) Novas metodologias de análise da adaptabilidade e estabilidade de comportamento. 155f. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento) – Curso de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento, Universidade Federal de Viçosa.
- Carvalho, F. I. F., Silva, S. A., Kurek, A. J., Marchioro, V. S. (2001) *Estimativas e implicações da herdabilidade como estratégia de seleção*. Pelotas: UFPEL. 99 p.
- Carvalho, L. P., Farias, F. J. C., Morello, C. L., Teodoro, P. E. (2016) Uso da metodologia REML/BLUP para seleção de genótipos de algodoeiro com maior adaptabilidade e estabilidade produtiva. *Bragantia*, 75(3): 314-321.

- Cavalcante, N. R., Viana, A. P., Santos, P. R., Preisigke, S. C., Ribeiro, R. M., Tofanelli, E. J. (2018) Associations among production and physicochemical quality fruit traits in Passion fruit populations subjected to three cycles of intrapopulation recurrent selection. *Revista Brasileira de Fruticultura*, 40(5): 1-9.
- Coimbra, J. L. M., Benin, G., Vieira, E. A., Oliveira, A. C., Carvalho, F. I. F., Guidolin, A. F., Soares, A. P. (2005) Consequências da multicolinearidade sobre a análise de trilha em canola. *Ciência Rural*, 35: 347-352.
- CONAB – Companhia Nacional de Abastecimento (2022) *Acompanhamento da safra brasileira de grãos*, Brasília, v. 9 – safra 2021/2022, n. 4 (quarto levantamento), p. 1-100. Disponível em: <https://www.conab.gov.br/info-agro/safras/graos/boletim-da-safra-de-graos>. Acessado em 02 de janeiro de 2022.
- Cruz, C. D. (2016) Genes software: extended and integrated with the R, Matlab and Selegen. *Acta Scientiarum. Agronomy*, 38(4): 547-552.
- Cruz, C. D. (2005) Princípios de genética quantitativa. Viçosa: UFV. 394 p.
- Cruz, C. D., Carneiro, P. C. S., Regazzi, A. J. (2014) *Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético*. Viçosa: Editora UFV. 668 p.
- Cruz, C. D., Castoldi, F. L. (1991) Decomposição da interação genótipos x ambientes em partes simples e complexa. *Revista Ceres*, 38: 422-430.
- Cruz, C. D., Regazzi, A. J., Carneiro, P. C. S. (2012) *Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético*. Viçosa: Editora UFV. 514 p.
- Cruz, C. D., Torres, R. A. A., Vencovsky, R. (1989) An alternative approach to the stability analysis proposed by Silva and Barreto. *Revista Brasileira de Genética*, 12(3): 567-580.
- Cruz, D. P., Gravina, G. A., Oliveira, T. R. A., Gomes, A. B. S., Silva, C. Q., Vivas, M., Araújo, K. C., Daher, R. F., Gravina, L. M., Moraes, R., Silva, V. B. (2018) Selection of progenies of snap beans using mixed models (REML/BLUP). *Genetics na Molecular Research*, 17(2): 1-8.

- Daher, R. F., Maldonado, H., Pereira, A. V. (2004) Estimativas de parâmetros genéticos e de coeficientes de repetibilidade de caracteres forrageiros em genótipos de capim elefante (*Pennisetum purpureum* Schum.). *Acta Scientiarum*, 26: 483-490.
- Debouck, D. (1999) Diversity in *Phaseolus* species in relation to the common bean. In: Singh, S. P. *Common bean improvement in the twenty-first century*. Dordrecht: Kluwer, p. 25-52.
- Eberhart, S. A., Russell, W. A. (1966) Stability parameters for comparing varieties. *Crop Science*, 6: 36-40.
- Falconer, D. S. (1987) *Introdução à genética quantitativa*. Viçosa: UFV. 279 p.
- Falconer, D. S.; Mackay, T. F. C. (1997) *Introduction to quantitative genetics*. Edinburgh: Longman. 464 p.
- FAO – Food and Agriculture Organization. Statistic/FAOSTAT. (2022). Disponível em: <<http://faostat.fao.org/>>. Acessado em 02 de janeiro de 2022.
- Farinelli, R., Lemos, L. B. (2010) Qualidade nutricional e tecnológica de genótipos de feijão cultivados em diferentes safras agrícolas. *Bragantia*, 69(3): 759-764.
- Ferreira, A., Cruz, C. D., Vasconcelos, E. S., Nascimento, M., Ribeiro, M. F., SILVA, M. F. (2008) Utilização de bootstrap não paramétrico para avaliação de correlações fenotípicas, genotípicas e ambientais. *Acta Scientiarum. Agronomy*, 30: 647-663.
- Finlay, K. W., Wilkinson, G. N. (1963) The analysis of adaptation in a plant-breeding programme. *Australian journal of agricultura research*, 14: 742-54.
- Gauch, H. G., Zobel, R. W. (1996) AMMI analysis of yield trials. Chap. 4. p. 85–122. In: Kang, M. S., Gauch, H. G. (eds.) *Genotype by environment interaction*. CRC Press, Boca Raton, FL, USA.
- Gomes, F. P. (1990) Curso de estatística experimental. 13.ed. Piracicaba: Nobel. 240 p.
- Gonçalves, D. L., Barelli, M. A. A., Oliveira, T. C., Santos, P. R. J., Silva, C. R., Poletine, J. P., Neves, L. G. (2017) Genetic correlation and path analysis of

- common bean collected from Caceres Mato Grosso State, Brazil. *Ciência Rural*, 47(8): 1-8.
- Hanson, W. D. (1963) Heritability. In: HANSON, W. D., ROBINSON, H. F. (Ed.). *Statistical genetics and plant breeding*. Washington, DC: National Academy of Science. p. 125-139
- Hongyu, K., García-Peña, M., Araújo, L. B., Dias, C. T. S. (2014). Statistical analysis of yield trials by AMMI analysis of genotype x environment interaction. *Biometrical Letters*, 51(2): 89-102.
- 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.
- Huehn, M. (1990). Nonparametric measures of phenotypic stability. Part 1: theory. *Euphytica*, 47: 189-19
- Instituto Brasileiro de Geografia e Estatística – IBGE (2022). Produção Agrícola Municipal – PAM. Disponível em: <https://www.ibge.gov.br>. Acessado em 02 de janeiro de 2022.
- Instituto Nacional de Meteorologia – INMET (2021). BDMEP – Dados históricos. Disponível em: <https://portal.inmet.gov.br>. Acesso em 01 de abril de 2021.
- Kang, M. S., Phan, H. N. (1991). Simultaneous selection for high yielding and stable crop genotypes. *Agronomy Journal*, 83: 161-165.
- Laing, D. R.; Jones, P. G.; Davis, H. G. (1984) Common Bean (*Phaseolus vulgaris* L.). In: Goldsworth, R. P., Fisher, N. M. *The physiology of tropical field crops*. New York: John Willey, p.305-351.
- Landell, M. G. A., Bressiani, J. A. (2010). Melhoramento genético, caracterização e manejo varietal. In: Dinardo-Miranda, L. L., Vasconcellos, A. C. M., Landell, M. G. A. (Ed.). *Cana-de-açúcar*. Campinas: IAC, p. 101-155.
- Leon, J. (1968) *Fundamentos botânicos de los cultivos tropicales*. San José: IICA, 487 p.

- Lima, T. V., Santos, P. R., Oliveira, T. R. A., Nascimento, M. R., Costa, K. D. S., Costa, A. F., Silva, K. R. G., Oliveira, T. L. P., Araújo, E. R., Silva, J. W. (2020) adaptability and stability of early carioca beans by mixed models. *Bioscience Journal*, 36(1): 173-182.
- Lin, C. S., e Binns, M. R. (1988) A superiority measure of cultivar performance for cultivar x location data. *Canadian Journal of Plant Science*, 68(1): 193-198.
- Lin, C. S., Binns, M. R., Lefkovich, L. P. (1986) Stability analysis. Where do we stand? *Crop Science*, 26: 894-899.
- Mariotti, J. A., Oyarzabal, E. S., Osa, J. M., Bulacio, A. N. R., Almada, G. H. (1976). Análisis de estabilidad y adaptabilidad de genótipos de caña-de-azúcar. I: interacciones dentro de una localidad experimental. *Revista Agronômica do Noroeste Argentino*, 13: 105-127.
- Melo, L. C. (Ed.). (2009) *Procedimentos para condução de experimentos de Valor de Cultivo e Uso e feijoeiro comum*. Santo Antônio de Goiás: Embrapa Arroz e Feijão, 104 p. (Embrapa Arroz e Feijão. Documentos, 239).
- Melo, L. C., Melo, P. G. S., Faria, L. C., Diaz, J. L. C., Peloso, M. J. D., Rava, C. A., Costa, J. G. C. (2007) Interação com ambientes e estabilidade de genótipos de feijoeiro-comum na Região Centro-Sul do Brasil. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, 42(5): 715-723.
- Melo, L. C. et al. (2017) *BRS FC 104: cultivar de feijão-comum carioca superprecoce*. Santo Antônio de Goiás: Embrapa Arroz e Feijão, 4 p. (Comunicado Técnico 239).
- Mesquita, R. F., Corrêa, D. A., Abreu, P. M. C., Lima, Z. A. R., Abreu, B. F. A. (2007) Linhagens de feijão (*Phaseolus vulgaris* L.): Composição química e digestibilidade proteica. *Ciência e Agrotecnologia*, 31(2): 1114-1121.
- Miranda, G. V., Souza, L. V., Guimarães, L. J. M., Namorato, H., Oliveira, L. R., Soares, M. O. (2009) Multivariate analyses of genotype x environment interaction of popcorn. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, 44:45-50.
- Nascimento, M. R., Santos, P. R., Coelho, F. C., Jaeggi, M. E. P. C., Costa, K. D. S., Souza, M. N. (2018) Biometric analysis in maize genotypes suitable for baby

- corn production in organic farming system. *Horticultura Brasileira*, 36(3): 406-412.
- Oliveira, T. N., Santos, M. V. F., Lira, M. A., Mello, A. C. L., Cunha, M. V., Freitas, E. V., Ferreira, R. L. C. (2011) Estabilidade e adaptabilidade de genótipos de *Pennisetum* sp. sob pastejo. Mancha Ocular. *Revista Zootecnia*, 60(231): 725-732.
- Oliveira, T. R. A., Gravina, G. A., Oliveira, G. H. F., Araújo, K. C., Araújo, L. C., Daher, R. F., Vivas, M., Gravina, L. M., Cruz, D. P. (2018) The GT BIPLLOT analysis of green bean traits. *Ciência Rural*, 48(6):1-6.
- Peixoto, N., Moraes, E. A., Monteiro, J. D., Thung, M. D. T. (2001) Seleção de linhagens de feijão-vagem de crescimento indeterminado para cultivo no Estado de Goiás. *Horticultura Brasileira*, 19(1): 85-88.
- Peluzio, J. M., Afférri, F. S., Monteiro, F. J. F., Melo A. V., Pimenta, R. S. (2010). Adaptabilidade e estabilidade de cultivares de soja em várzea irrigada no Tocantins. *Revista Ciência Agronômica*, 41(3): 427-434.
- Pereira, A. V., Daher, R. F., Pereira, M. G., Lédo, F. J. S., Souza Sobrinho, F., Amaral Junior, A. T., Freitas, V. P., Pereira, T. N. S., Ferreira, C. F. (2008) Análise de cruzamentos dialélicos entre capim elefante (*Pennisetum purpureum* Schum.) e milheto (*Pennisetum glaucum* (L.) R. Br.). 1. Características morfoagronômicas. *Acta Scientia. Agronomica*, 28: (2) 267-275.
- Pereira, H. S., Melo, L. C., Peloso, M. J. D., Faria, L. C., Costa, J. G. C., Diaz, 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(4): 374-383.
- Pereira, M. G., Catarina, R. S., Ribeiro, E. H., Miranda, J. M. (2018) UENF 2014: a new common bean cultivar. *Crop Breeding and Applied Biotechnology*, 18(1): 126-129.
- PESAGRO-RIO. (1995) Xamego: feijão preto de porte ereto e alta produtividade. Niterói: Pesagro-Rio, (Pesagro-Rio. Folder).

- Pimentel-Gomes, F., Garcia, C. H. (2002). *Estatística aplicada a experimentos agrônômicos e florestais: exposição com exemplo e orientações para uso*. Piracicaba: FEALQ. 309 p.
- Plaisted, R. L., Peterson, L. C. (1959) A technique for evaluating the ability of selections to yield consistently in different locations and seasons. *American Potato Journal*, 36: 381-385.
- Posse, S. C. P., Souza, E. M. R., Silva, G. M., Fasolo, L. M., Silva, M. B., Rocha, M. A. M. (2010) *Informações técnicas para o cultivo do feijoeiro-comum na região central-brasileira: 2009-2011*. Vitória: Incaper. 245 p.
- R Development Core Team. (2014) *R: a language and environment for statistical computing*. Vienna: R Foundation for Statistical Computing, Vienna.
- Ramalho, A. B., Rossi, A. A. B., Dardengo, J. F. E., Zortéa, K. E. M., Tiago, A. V., Matins, K. C. (2016) Diversidade genética entre genótipos de *Bertholletia excelsa* por meio de marcadores moleculares ISSR. *Floresta*, 46:207-214.
- Ramalho, M. A. P., Abreu, A. F. B., Santos, J. B., Nunes, J. A. R. (2012) *Aplicações da genética quantitativa no melhoramento de plantas autógamas*. Lavras: Editora UFLA. 522 p.
- Resende, M. D. V. (2016) Software Selegen-REML/BLUP: a useful tool for plant breeding. *Crop Breeding and Applied Biotechnology*, 16(4): 330-339.
- Resende, M. D. V. (2007) *SELEGEN-REML/BLUP: sistema estatístico e seleção genética computadorizada via modelos lineares mistos*. Colombo: Embrapa Florestas. 359 p.
- Rodrigues, L. S., Antunes, I. F., Teixeira, M. G., Silva, J. B. (2002) Divergência genética entre cultivares locais e cultivares melhoradas de feijão. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, 37(9): 1275-1284.
- Santos, P. R., Costa, K. D. S., Nascimento, M. R., Lima, T. V., Souza, Y. P., Costa, A. F., Silva, J. W. (2018) Simultaneous selection for yield, stability, and adaptability of carioca and black beans. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, 53(6): 736-745.

- Santos, P. R., Oliveira, T. R. A., Skeen, P., Nascimento, M. R., Costa, K. D. S., Araújo, E. R., Pereira, H. S., Costa, A.F. (2019) GGE Biplot and REML/BLUP based-analysis of yield stability and adaptability for common beans in multi-environment trials. *Revista Brasileira de Ciências Agrárias*, 14(2): 1-8.
- Santos, P. R., Preisigke, S. C., Viana, A. P., Cavalcante, N. R., Sousa, C. M. B., Amaral Júnior, A. T. (2017) Associations between vegetative and production traits in guava tree full-sib progenies. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, 52(5): 303-310.
- Scapim, C. A., Pacheco, C. A. P., Amaral Júnior, A. T., Vieira, A., Pinto, R. J. B., Conrado, T. V. (2010) Correlations between the stability and adaptability statistics of popcorn cultivars. *Euphytica*, 174(2): 209-218.
- Schmidt, E. R., Nascimento, A. L., Cruz, C. D., Oliveira, J. A. R. (2011). Avaliação de metodologias de adaptabilidade e estabilidade de cultivares de milho. *Acta Scientiarum Agronomy*, 33(1): 51-58.
- Schoonhoven, A. V., Voysest, O. (1991) *Common beans: research for crop improvement*. Cali: CIAT; CAB International. 980p.
- Silva, A. C. F.; Melo, P. G. S.; Melo, L. C.; Bassinello, P. Z.; Pereira, H. S. (2013) Eficiência de métodos de melhoramento para teor de fibra e produtividade de grãos em progênes de feijoeiro comum. *Bragantia*, 72 (4): 326-331.
- Silva, F. L., Pedrozo, C. A., Barbosa, M. H. P., Resende, M. D. V., Peternelli, L. A., Costa, P. M. A., Vieira, M. S. (2009). Análise de trilha para os componentes de produção de cana-de-açúcar via blup. *Revista Ceres*, 56: 308-314.
- Singh, S. P., Gepts, P., Debouck, D. G. (1991) Races of common bean (*Phaseolus vulgaris*, Fabaceae). *Economic Botany*, 45: 379-396.
- Souza Filho, B. F. (1985) Indicação de novas cultivares de feijão para o Estado do Rio de Janeiro. Niterói: Pesagro-Rio. 4 p. (Pesagro-Rio. Comunicado técnico, 146).
- Souza Filho, B. F., Andrade, M. J. B. (1981) *Indicação de cultivares de feijão para o Norte Fluminense*. Niterói: Pesagro-Rio. 3 p. (Pesagro-Rio. Comunicado técnico, 100).

- Souza Filho, B. F., Fernandes, G. M. B., Andrade, M. J. B., Araújo, G. A. A., Vieira, C. (1991) Ouro Negro e Varre-Sai: novas cultivares de feijão para o Estado do Rio de Janeiro. Niterói: Pesagro-Rio. 2 p. (Pesagro-Rio. Comunicado técnico, 211).
- Souza, T. L. P. O. et al. (2019) BRS FP 403: cultivar de feijão preto com alta produtividade e qualidade de grãos, moderada resistência à murcha de *Fusarium* e podridões radiculares. Santo Antônio de Goiás: Embrapa Arroz e Feijão, 9 p. (Comunicado Técnico 247).
- Souza, Y. P., Santos, P. R., Nascimento, M. R., Costa, K. D. S., Lima, T. V., Oliveira, T. R. A., Costa, A. F., Pereira, H. S., Silva, J. W. (2018) Assessing the genotypic performance of carioca beans through mixed models. *Ciência Rural*, 48(7): 1-7.
- Steel, R. G. D., Torrie, J. H., Dickey, D. A. (1997) *Principles and Procedures of Statistics: a Biometrical Approach*. New York: McGraw-Hill. 666 p.
- Stefanović, S., Pfeil, B. E., Palmer, J. D., Doyle, J. J. (2009) Relationships among phaseoloid legumes based on sequences from eight chloroplast regions. *Systematic Botany*, 34(1): 115-128.
- Tai, G. C. C. (1971). Genotypic stability analysis and its application to potato regional trials. *Crop Science*, 11: 184-190.
- Theil, H. (1950). A rank-invariant method of linear and polynomial regression analysis. *Indagationes Mathematicae*, 12: 85-91.
- Toebe, M., Cargnelutti filho, A. (2013) Não normalidade multivariada e multicolinearidade na análise de trilha em milho. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, 48(5): 466-477.
- Torres, F. E., Teodoro, P. E., Sagrilo, E., Correa, A. M., Ceccon, G. (2015) Interação genótipo x ambiente em genótipos de feijão-caupi semiprostrado via modelos mistos. *Bragantia*, 74(3): 255-260.
- 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.

- Velho, L. P. S., Gemeli, M. S., Trevisani, N., Pereira, T. C. V., Cerutti, P. H., Melo, R. C., Guidolin, A. F., Coimbra, J. L. M., Corrêa, S. C. (2017) Phenotypic correlation and direct and indirect effects of aerial part components with root distribution of common bean. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, 52(5): 328-334.
- Vencovsky, R., Barriga, P. (1992). *Genética biométrica no fitomelhoramento*. Ribeirão Preto: Sociedade Brasileira de Genética. 496p.
- Verma, M. M., Chahal, G. S., Murty, B. R. (1979) Limitations of conventional regression analysis: a proposed modification. *Theoretical And Applied Genetics*, 53(1):89-91, 1978.
- Viana, A. P., Resende, M. D. V. (2014) *Genética quantitativa aplicada no melhoramento de fruteiras*. Rio de Janeiro: Interciência. 282p.
- Vieira, C. (1967) *O feijoeiro comum: cultura, doenças e melhoramento*. Viçosa: UFV. 220 p.
- Vieira, C., Paula Júnior, T. J., Borém, A. (2013) *Feijão – 2ª edição*. Viçosa: Editora Viçosa. 600 p.
- Voysest, V. O. (2000) *Mejoramento genético del frijol (Phaseolus vulgaris L.): legado de variedades de América Latina 1930-1999*. Cali: Centro Internacional de Agricultura Tropical – CIAT. 195 p.
- Wricke G. (1965). Zur Berechnung der Ökvalenz bei Sommerweizen und Hafer. *Zeitschrift für Pflanzenzüchtung*, 52 (91): 127-138
- Yan, W. (2011) GGE Biplot vs. AMMI Graphs for Genotype-by-Environment Data Analysis. *Journal of the India Society of Agricultural Statistics*, 65(2): 181-193.
- Yan, W., Holland, J. B. (2010) A heritability-adjusted GGE biplot for test environment evaluation. *Euphytica*, 171(3): 355-369.
- Yan, W., Hunt, L. A., Sheng, Q. L., Szlavnics, Z. (2000) Cultivar evaluation and mega-environment investigation based on the GGE Biplot. *Crop Science* 40:597-605.
- Yan, W., Kang, M. S. (2019) *GGE biplot analysis: A graphical tool for breeders, geneticists, and agronomists*. Florida: CRC Press. 286 p.

- Yan, W., Rajcan, I. (2002) Biplot evaluation of test sites and trait relations of soybean in Ontario. *Crop Science*, 42: 11-20.
- Yan, W., Tinker, A. (2006) Biplot analysis of multi environment trial data: principles and applications. *Canadian Journal of Plant Science*, 86(3):623-645.
- Yate, F., Cochran, W. G. (1938) The analysis of groups of experiments. *Journal of Agricultural Science*, 28: 556- 580.
- Zobel, R. W., Wright, A. J., Gauch, H. G. (1988) Statistical analysis of a yield trial. *Agronomy Journal*, 80: 388–393.

## APÊNDICES

**Tabela suplementar 1.** Estimativas de produtividade de grãos, em kg ha<sup>-1</sup>, de onze genótipos de feijão preto, avaliados em cinco ambientes do estado do Rio de Janeiro nos anos de 2018 e 2019.

Genótipos	2018				2019					
	Campos		Macaé		Campos		Italva	Macaé		
BRS Esteio	1.556,67	Ca	3.334,17	Aa	2.679,17	Ba	3.375	Aa	3.155	Aa
BRS FP403	1.464,17	Ca	3.274,17	Aa	2.458,33	Ba	3.158,33	Aa	2.725	Bb
IPR Tuiuiu	1.389,17	Da	2.770,83	Bb	2.133,33	Cb	3.083,33	Aa	2.460	Bc
IPR Uirapuru	1.174,17	Cb	2.780,83	Ab	2.108,33	Bb	2.916,67	Aa	2.620,83	Ac
CNFP 16379	1.469,17	Ca	2.870,83	Ab	2.504,17	Ba	2.933,33	Aa	2.200,83	Bc
CNFP 16380	1.222,50	Cb	2.724,17	Bb	2.466,67	Ba	3.010	Aa	2.585	Bc
CNFP 16383	1.668,33	Da	3.173,33	Aa	2.129,17	Cb	2.516,67	Bb	2.616,67	Bc
CNFP 16384	1.226,67	Cb	3.057,50	Aa	2.170,83	Bb	3.175	Aa	2.467,50	Bc
CNFP 16404	1.700,83	Ba	2.625	Ab	2.470,83	Aa	2.683,33	Ab	2.567,50	Ac
CNFP 16416	1.205,83	Cb	2.737,50	Ab	2.445,83	Ba	3.016,67	Aa	2.802,50	Ab
CNFP 16459	1.426,67	Ca	3.061,67	Aa	2.329,17	Ba	3.033,33	Aa	2.520,83	Bc

Médias seguidas pela mesma letra maiúscula na linha e mesma letra minúscula na coluna pertencem ao mesmo grupo pelo algoritmo de Scott-Knott (1974) ao nível de 5 % de probabilidade.

**Tabela suplementar 2.** Estimativas de produtividade de grãos, em kg ha<sup>-1</sup>, de doze genótipos de feijão roxo, avaliados em dois ambientes do município de Campos dos Goytacazes nos anos de 2018 e 2019.

Genótipos	Campos dos Goytacazes			
	Ano 2018		Ano 2019	
BRS CNFRX 15595	898,33	Ba	2.541,67	Aa
BRS Pitanga	1.162,50	Ba	2.283,33	Ab
BRSMG Tesouro	783,33	Ba	2.970,83	Aa
CNFR 16932	1.119,17	Ba	2.116,67	Ab
CNFR16997	1.133,33	Ba	2.650	Aa
CNFR 17014	1.234,17	Ba	2.175	Ab
CNFRX 16340	1.345	Ba	2.829,17	Aa
CNFRX 16346	1.253,33	Ba	2.545,83	Aa
CNFRX 16352	1.003,33	Ba	2.720,83	Aa
CNFRX 16353	1.340	Ba	2.379,17	Ab
CNFRX 16360	978,33	Ba	2.450	Ab
CNFRX 16998	787,50	Ba	2.225	Ab

Médias seguidas pela mesma letra maiúscula na linha e mesma letra minúscula na coluna pertencem ao mesmo grupo pelo algoritmo de Scott-Knott (1974) ao nível de 5 % de probabilidade.

**Tabela suplementar 3.** Estimativas do ganho genético predito para a produtividade de grãos de onze genótipos de feijão preto, considerando a performance média dos genótipos nos cinco ambientes avaliados no estado do Rio de Janeiro, nos anos de 2018 e 2019.

Ordem	Genótipos	g	u + g	Ganho	Nova Média	u + g + gem
1	BRS Esteio	225,47	2.687,90	225,47	2.687,90	2.759,52
2	BRS FP403	96,84	2.559,26	161,16	2.623,58	2.590,02
3	CNFP 16459	7,51	2.469,93	109,94	2.572,37	2.472,32
4	CNFP 16416	-13,09	2.449,34	79,18	2.541,61	2.445,18
5	CNFP 16383	-26,23	2.436,20	58,1	2.520,53	2.427,87
6	CNFP 16384	-27,07	2.435,36	43,91	2.506,33	2.426,76
7	CNFP 16404	-33,37	2.429,05	32,87	2.495,29	2.418,45
8	CNFP 16380	-38,31	2.424,11	23,97	2.486,39	2.411,94
9	CNFP 16379	-42,09	2.420,33	16,63	2.479,05	2.406,96
10	IPR Tuiuiu	-59,96	2.402,46	8,97	2.471,39	2.383,42
11	IPR Uirapuru	-89,7	2.372,72	0	2.462,42	2.344,23

Estimativas: g, efeito genotípico; u + g, valor genotípico previsto; e u + g + gem, valor genotípico médio nos ambientes.

**Tabela suplementar 4.** Estimativas do ganho genético predito para a produtividade de grãos de doze genótipos de feijão roxo, considerando a performance média dos genótipos nos dois ambientes avaliados no município de Campos dos Goytacazes, nos anos de 2018 e 2019.

Ordem	Genótipo	g	u + g	Ganho	Nova Média	u + g + gem
1	CNFRX 16340	4,69	1.793,26	4,69	1.793,26	1.974,69
2	CNFRX 16346	1,74	1.790,32	3,21	1.791,79	1.857,79
3	CNFR16997	1,62	1.790,19	2,68	1.791,26	1.852,85
4	BRSMG Tesouro	1,39	1.789,97	2,36	1.790,94	1.843,76
5	CNFRX 16352	1,15	1.789,73	2,12	1.790,69	1.834,41
6	CNFRX 16353	1,11	1.789,69	1,95	1.790,53	1.832,85
7	BRS Pitanga	-1,03	1.787,55	1,53	1.790,10	1.747,64
8	BRS CNFRX 15595	-1,08	1.787,50	1,20	1.789,78	1.745,82
9	CNFRX 16360	-1,17	1.787,41	0,94	1.789,51	1.742,18
10	CNFR 17014	-1,32	1.787,26	0,71	1.789,29	1.736,21
11	CNFR 16932	-2,68	1.785,90	0,40	1.788,98	1.682,18
12	CNFRX 16998	-4,43	1.784,14	0,00	1.788,58	1.612,55

Estimativas: g, efeito genotípico; u + g, valor genotípico previsto; e u + g + gem, valor genotípico médio nos ambientes.

**Tabela suplementar 5.** Estimativas do ganho genético predito para a produtividade de grãos de onze genótipos de feijão preto avaliados nos cinco ambientes do estado do Rio de Janeiro, nos anos de 2018 e 2019.

<b>Ordem</b>	<b>Genótipos</b>	<b>g + ge</b>	<b>u + g + ge</b>	<b>Ganho</b>	<b>Nova Média</b>
<b>Campos dos Goytacazes - 2018</b>					
1	BRS Esteio	183,04	1.592,51	183,04	1.592,51
2	CNFP 16404	142,67	1.552,14	162,86	1.572,32
3	CNFP 16383	128,32	1.537,79	151,34	1.560,81
4	BRS FP403	73,99	1.483,46	132,01	1.541,48
5	CNFP 16379	13,09	1.422,56	108,22	1.517,69
6	CNFP 16459	12,76	1.422,23	92,31	1.501,78
7	IPR Tuiuiu	-38,46	1.371,01	73,63	1.483,10
8	CNFP 16384	-111,49	1.297,98	50,49	1.459,96
9	CNFP 16416	-116,39	1.293,08	31,95	1.441,42
10	CNFP 16380	-118,90	1.290,57	16,86	1.426,33
11	IPR Uirapuru	-168,63	1.240,84	0	1.409,47
<b>Campos dos Goytacazes - 2019</b>					
1	BRS Esteio	279,43	2.633,59	279,43	2.633,59
2	BRS FP403	100,81	2.454,98	190,12	2.544,29
3	CNFP 16379	62,04	2.416,21	147,43	2.501,59
4	CNFP 16404	47,97	2.402,13	122,56	2.476,73
5	CNFP 16416	43,70	2.397,87	106,79	2.460,96
6	CNFP 16380	43,45	2.397,61	96,23	2.450,40
7	CNFP 16459	-10,11	2.344,05	81,04	2.435,21
8	CNFP 16384	-111,78	2.242,39	56,94	2.411,10
9	CNFP 16383	-133,98	2.220,18	35,72	2.389,89
10	IPR Tuiuiu	-147,17	2.207,00	17,43	2.371,60
11	IPR Uirapuru	-174,34	2.179,82	0	2.354,17
<b>Macaé - 2018</b>					
1	BRS Esteio	313,47	3.259,84	313,47	3.259,84
2	BRS FP403	222,05	3.168,41	267,76	3.214,12
3	CNFP 16383	111,03	3.057,40	215,52	3.161,88
4	CNFP 16459	65,95	3.012,31	178,13	3.124,49
5	CNFP 16384	47,85	2.994,22	152,07	3.098,44
6	CNFP 16379	-60,22	2.886,14	116,69	3.063,05
7	CNFP 16416	-119,22	2.827,14	82,99	3.029,35
8	IPR Tuiuiu	-122,61	2.823,75	57,29	3.003,65
9	IPR Uirapuru	-130,81	2.815,55	36,39	2.982,75
10	CNFP 16380	-138,00	2.808,37	18,95	2.965,31
11	CNFP 16404	-189,50	2.756,87	0	2.946,36

Tabela Suplementar 5 – Cont.

<b>Ordem</b>	<b>Genótipos</b>	<b>g + ge</b>	<b>u + g + ge</b>	<b>Ganho</b>	<b>Nova Média</b>
<b>Macaé - 2019</b>					
1	BRS Esteio	398,12	3.009,18	398,12	3.009,18
2	BRS FP403	106,11	2.717,17	252,11	2.863,17
3	CNFP 16416	97,79	2.708,85	200,67	2.811,73
4	CNFP 16383	-8,97	2.602,09	148,26	2.759,32
5	CNFP 16380	-3,17	2.579,39	112,28	2.723,34
6	IPR Uirapuru	-35,78	2.575,28	87,60	2.698,66
7	CNFP 16404	-38,90	2.572,17	69,53	2.680,59
8	CNFP 16459	-45,47	2.565,59	55,15	2.666,21
9	CNFP 16384	-90,22	2.520,84	39,00	2.650,06
10	IPR Tuiuiu	-109,35	2.501,71	24,17	2.635,23
11	CNFP 16379	-241,66	2.369,40	0	2.611,06
<b>Italva - 2019</b>					
1	BRS Esteio	311,38	3.302,44	311,38	3.302,44
2	BRS FP403	135,02	3.126,08	223,20	3.214,26
3	CNFP 16384	87,32	3.078,38	177,91	3.168,97
4	CNFP 16459	26,36	3.017,42	140,02	3.131,08
5	IPR Tuiuiu	22,57	3.013,63	116,53	3.107,59
6	CNFP 16416	7,89	2.998,95	98,42	3.089,48
7	CNFP 16380	-7,28	2.983,79	83,32	3.074,38
8	CNFP 16379	-50,57	2.940,49	66,59	3.057,65
9	IPR Uirapuru	-81,40	2.909,66	50,14	3.041,20
10	CNFP 16404	-182,10	2.808,96	26,92	3.017,98
11	CNFP 16383	-269,18	2.721,88	0	2.991,06

Estimativas: g + ge, efeito genotípico de cada ambiente; e u + g + ge, valor genotípico predito com capitalização da interação com os ambientes.

**Tabela suplementar 6.** Estimativas do ganho genético predito para a produtividade de grãos de doze genótipos de feijão roxo, avaliados em dois ambientes do município de Campos dos Goytacazes nos anos de 2018 e 2019.

<b>Ordem</b>	<b>Genótipo</b>	<b>g + ge</b>	<b>u + g + ge</b>	<b>Ganho</b>	<b>Nova Média</b>
<b>Campos dos Goytacazes - 2018</b>					
1	CNFRX 16340	161,04	1.247,57	161,04	1.247,57
2	CNFRX 16353	156,59	1.243,11	158,81	1.245,34
3	CNFRX 16346	103,43	1.189,96	140,35	1.226,88
4	CNFR 17014	90,45	1.176,98	127,88	1.214,41
5	BRS Pitanga	46,41	1.132,94	111,58	1.198,11
6	CNFR16997	29,46	1.115,99	97,90	1.184,42
7	CNFR 16932	19,08	1.105,61	86,64	1.173,16
8	CNFRX 16352	-50,81	1.035,72	69,46	1.155,98
9	CNFRX 16360	-67,10	1.019,42	54,28	1.140,81
10	BRS CNFRX 15595	-116,36	970,17	37,22	1.123,75
11	CNFRX 16998	-185,93	900,60	16,93	1.103,46
12	BRSMG Tesouro	-186,26	900,27	0,00	1.086,53
<b>Campos dos Goytacazes - 2019</b>					
<b>Ordem</b>	<b>Genótipo</b>	<b>g + ge</b>	<b>u + g + ge</b>	<b>Ganho</b>	<b>Nova Média</b>
1	BRSMG Tesouro	296,38	27.870,05	296,38	2.787,01
2	CNFRX 16340	210,37	2.700,99	253,37	2.744,00
3	CNFRX 16352	142,27	2.632,89	216,34	2.706,96
4	CNFR16997	98,81	2.589,43	186,96	2.677,58
5	CNFRX 16346	34,68	2.525,31	156,50	2.647,13
6	BRS CNFRX 15595	31,03	2.521,66	135,59	2.626,22
7	CNFRX 16360	-25,48	2.465,15	112,58	2.603,21
8	CNFRX 16353	-68,24	2.422,39	89,98	2.580,60
9	BRS Pitanga	-128,10	2.362,52	65,75	2.556,37
10	CNFRX 16998	-165,35	2.325,28	42,64	2.533,26
11	CNFR 17014	-194,96	2.295,67	21,04	2.511,66
12	CNFR 16932	-231,42	2.259,21	0,00	2.490,63

**Tabela suplementar 7.** Altura de Planta (ALT), altura de inserção da primeira vagem (APV), comprimento da raiz (CR), número de vagens por planta (NVP), comprimento de vagem (CV), diâmetro de vagem (DV), estande final de plantas (EST) e produtividade de grãos de quinze genótipos de feijão preto de ciclo normal do ensaio preliminar, avaliados no município de Campos dos Goytacazes no ano de 2018.

Ordem	Genótipos	ALT		APV		CR		NVP	CV		DV		EST plantas ha <sup>-1</sup>	PROD			
		cm		cm		cm			cm	mm	kg ha <sup>-1</sup>						
1	BRS FP 403	68,50	b	15,53	b	11,93	b	9,50	a	9,37	a	8,50	b	184.444,33	a	1.275,53	a
2	BRS Esplendor	72,37	b	17,40	b	14,07	a	10,50	a	9,20	a	7,83	b	159.999,67	a	960	b
3	BRS Esteio	71,53	b	15,37	b	11,30	b	11,60	a	9,03	a	9,83	a	153.333,33	a	1.107,77	a
4	CNFP 17441	72,43	b	13,80	b	9,03	b	9,60	a	8,73	b	8,60	b	136.666,67	b	747,80	b
5	CNFP 17456	72,43	b	17,77	b	13,00	a	11,80	a	9,57	a	9,03	b	126.666,67	b	907,77	b
6	CNFP 17457	74,50	b	15,43	b	10,27	b	9,37	a	9,30	a	7,87	b	143.333,33	b	882,23	b
7	CNFP 17471	84,57	a	21,17	a	16,20	a	12,50	a	9,37	a	9,47	a	127.777,67	b	866,67	b
8	CNFP 17486	90,20	a	24,00	a	11,53	b	10,60	a	9,33	a	8,60	b	155.555,33	a	1.002,23	b
9	CNFP 17487	83,43	a	18,97	b	15,80	a	9	a	8,33	b	9,53	a	147.778	b	1.086,67	a
10	CNFP 17488	69,47	b	18,07	b	11,13	b	10,63	a	8	b	8,40	b	131.111	b	866,67	b
11	CNFP 17489	90,90	a	17,83	b	10,93	b	12,37	a	7,77	b	8,63	b	145.555,33	b	1.166,67	a
12	CNFP 17494	72,57	b	21,03	a	13,30	a	11	a	8,63	b	10,20	a	163.333,33	a	1.227,80	a
13	CNFP 17541	75,20	b	17,17	b	16,07	a	15,33	a	8,43	b	8,73	b	137.777,67	b	1.088,90	a
14	IPR Tuiuiu	56,10	b	15,80	b	12,50	b	10,10	a	8,77	b	8,77	b	139.999,67	b	1.053,33	a
15	IPR Uirapuru	80,03	a	25,23	a	13,63	a	9,77	a	9,07	a	8,23	b	145.555,67	b	885,57	b

As médias seguidas das mesmas letras não diferem entre si pelo teste Scott e Knott a 1% de probabilidade.

**Tabela suplementar 8.** Altura de Planta (ALT), altura de inserção da primeira vagem (APV), comprimento da raiz (CR), número de vagens por planta (NVP), comprimento de vagem (CV), diâmetro de vagem (DV), estande final de plantas (EST) e produtividade de grãos de quinze genótipos de feijão preto de ciclo precoce do ensaio preliminar, avaliados no município de Macaé no ano de 2018.

Ordem	Genótipos	ALT		APV		CR		NVP	CV		DV		EST plantas ha <sup>-1</sup>	PROD kg ha <sup>-1</sup>			
		cm	a	cm	a	cm	a		cm	b	mm	a		mm	a	b	
1	BRS Campeiro	67,77	a	14,37	a	15,97	a	18,20	a	9,30	b	8,97	b	222.222	a	3.293,33	a
2	BRS Esplendor	74,57	a	10,90	b	13,10	b	15,80	a	9,30	b	8,90	b	203.333	a	3.439,97	a
3	BRS Esteio	78,30	a	10,30	b	15,10	a	18,27	a	10,30	a	10,07	a	195.555,67	a	3.488,90	a
4	IPR Uirapuru	75,80	a	15,67	a	14,60	b	16,47	a	10	a	9	b	215.555,67	a	3.060,03	b
5	CNFP 17435	71,57	a	10,40	b	15,93	a	19,90	a	9,67	b	8,63	b	206.667	a	2.892,20	b
6	CNFP 17442	80,60	a	11,93	b	14,07	b	16	a	9,77	b	9	b	205.555,67	a	2.974,43	b
7	CNFP 17443	76,30	a	11,63	b	13,13	b	15,77	a	10,03	a	9,10	b	210.000	a	3.110	b
8	CNFP 17445	76,07	a	10,57	b	14,17	b	19,67	a	10,30	a	9,60	b	212.222	a	3.129,97	b
9	CNFP 17450	75,37	a	12,43	b	16,10	a	16,43	a	10,07	a	8,90	b	200.000	a	3.164,47	b
10	CNFP 17451	71,43	a	12,20	b	16,27	a	15	a	9,70	b	9,30	b	207.777,67	a	2.918,90	b
11	CNFP 17452	91,03	a	11,90	b	13,40	b	19,33	a	9,67	b	9,10	b	198.888,67	a	2.998,87	b
12	CNFP 17454	79,10	a	11,63	b	15,57	a	20,80	a	10,03	a	10,77	a	195.555,67	a	3.165,53	b
13	CNFP 17459	74,80	a	11,97	b	13,10	b	16,20	a	9,53	b	8,63	b	204.444,33	a	3.518,87	a
14	CNFP 17464	84,47	a	10,63	b	16,97	a	23,03	a	10	a	9,03	b	207.777,67	a	3.351,10	a
15	CNFP 17466	71,40	a	12,50	b	14,90	a	16,80	a	9,20	b	8,73	b	177.777,67	a	3.352,23	a

As médias seguidas das mesmas letras não diferem entre si pelo teste Scott e Knott a 1% de probabilidade.

**Tabela suplementar 9.** Altura de Planta (ALT), altura de inserção da primeira vagem (APV), comprimento da raiz (CR), número de vagens por planta (NVP), comprimento de vagem (CV), diâmetro de vagem (DV), estande final de plantas (EST) e produtividade de grãos de doze genótipos de feijão roxo do ensaio de valor de cultivo e uso, avaliados no município de Campos dos Goytacazes no ano de 2018.

Ordem	Genótipos	ALT		APV		CR		NVP	CV		DV		EST		PROD		
		cm	b	cm	d	cm	b		cm	a	mm	b	plantas ha <sup>-1</sup>	a	kg ha <sup>-1</sup>	b	
1	BRS CNFRX 15595	63,03	b	14,27	d	10,43	b	8,47	a	9,40	a	8,87	b	175.000	a	1.234,17	a
2	BRS Pitanga	63,43	b	18,07	c	11,07	b	10,97	a	7,93	b	7,33	c	161.666,67	a	898,33	b
3	BRSMG Tesouro	88,07	a	16,90	c	11,80	b	13,67	a	8,77	a	8,20	b	165.000	a	1.162,50	a
4	CNFR 16932	86,93	a	19,87	b	11,33	b	9,60	a	8,83	a	8,70	b	160.833,33	a	783,33	b
5	CNFR16997	95,93	a	19,60	b	13,27	a	13,30	a	8,33	b	7,43	c	156.666,67	a	1.119,17	a
6	CNFR 17014	86,27	a	21,40	b	10,87	b	11,37	a	8,83	a	8,63	b	156.666,67	a	1.133,33	a
7	CNFRX 16340	84,50	a	17,97	c	11,13	b	12,53	a	8,97	a	8,13	b	164.166,67	a	1.345	a
8	CNFRX 16346	77,90	b	17,43	c	12,07	a	12,47	a	8,50	b	8,03	b	173.333,33	a	1.253,33	a
9	CNFRX 16352	92,40	a	23,80	a	13,27	a	17,07	a	8,17	b	8,53	b	163.333,33	a	1.003,33	b
10	CNFRX 16353	107,83	a	19	b	12,30	a	13,20	a	9,70	a	10,67	a	162.500	a	1.340	a
11	CNFRX 16360	83,43	a	13,47	d	11,17	b	11,87	a	9,60	a	8,90	b	166.666,67	a	978,33	b
12	CNFRX 16998	79	b	16,70	c	10,97	b	10,83	a	8,97	a	8,40	b	164.166,67	a	787,50	b

As médias seguidas das mesmas letras não diferem entre si pelo teste Scott e Knott a 1% de probabilidade.

**Tabela suplementar 10.** Altura de Planta (ALT), altura de inserção da primeira vagem (APV), comprimento da raiz (CR), número de vagens por planta (NVP), comprimento de vagem (CV), diâmetro de vagem (DV), estande final de plantas (EST) e produtividade de grãos de onze genótipos de feijão preto do ensaio de valor de cultivo e uso, avaliados no município de Campos dos Goytacazes no ano de 2018.

Ordem	Genótipos	ALT		APV		CR		NVP	CV		DV		EST	PROD			
		cm	a	cm	b	cm	b		cm	a	mm	b		plantas ha <sup>-1</sup>	kg ha <sup>-1</sup>	a	
1	BRS Esteio	94,37	a	19,77	b	11,37	b	10,47	b	9,53	a	10,70	a	168.333,33	b	1.556,67	a
2	BRS FP403	79,53	a	18,63	b	10,93	b	11	b	9,23	b	9,97	b	186.666,67	a	1.464,17	a
3	CNFP 16379	72,43	a	20,03	b	12,27	b	8,80	b	8,90	b	8,57	c	168.333,33	b	1.469,17	a
4	CNFP 16380	74,03	a	22	a	12,47	b	10,07	b	8,87	b	9,03	c	172.500	b	1.222,50	a
5	CNFP 16383	87,50	a	25,83	a	17,03	a	15,13	a	9,17	b	8,97	c	170.833,33	b	1.668,33	a
6	CNFP 16384	80,87	a	20,17	b	14,80	a	9,13	b	10,07	a	9,47	b	185.000	a	1.226,67	a
7	CNFP 16404	87,80	a	23,77	a	13,60	a	12,07	b	9,20	b	9,60	b	190.833,33	a	1.700,83	a
8	CNFP 16416	82,30	a	22,93	a	11,60	b	10,70	b	9	b	8,43	c	184.166,67	a	1.205,83	a
9	CNFP 16459	88,07	a	21,70	a	14,20	a	15,60	a	8,73	b	9,37	b	170.833,33	b	1.426,67	a
10	IPR Tuiuiu	78,20	a	20,07	b	13,90	a	14,53	a	9,10	b	8,47	c	165.000	b	1.389,17	a
11	IPR Uirapuru	82,10	a	18,30	b	14,77	a	14,23	a	9,47	a	8,50	c	173.333,33	b	1.174,17	a

As médias seguidas das mesmas letras não diferem entre si pelo teste Scott e Knott a 1% de probabilidade.