MODELOS MULTIVARIADOS NA SELEÇÃO DE GENÓTIPOS DE FEIJÃO PRETO NA REGIÃO NORTE FLUMINENSE

RAIANE MARIANI SANTOS

UNIVERSIDADE ESTADUAL DO NORTE FLUMINENSE DARCY RIBEIRO – UENF

> CAMPOS DOS GOYTACAZES – RJ DEZEMBRO -2022

MODELOS MULTIVARIADOS NA SELEÇÃO DE GENÓTIPOS DE FEIJÃO PRETO NA REGIÃO NORTE FLUMINENSE

RAIANE MARIANI SANTOS

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 Doutora em Genética e Melhoramento de Plantas.

Orientador: Prof. Rogério Figueiredo Daher

FICHA CATALOGRÁFICA

UENF - Bibliotecas Elaborada com os dados fornecidos pela autora.

S237 Santos, Raiane Mariani.

MODELOS MULTIVARIADOS NA SELEÇÃO DE GENÓTIPOS DE FEIJÃO PRETO NA REGIÃO NORTE FLUMINENSE / Raiane Mariani Santos. - Campos dos Goytacazes, RJ, 2023.

77 f.: il.

Bibliografia: 52 - 65.

Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) - Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro, Centro de Ciências e Tecnologias Agropecuárias, 2023. Orientador: Rogerio Figueiredo Daher.

1. ganhos de seleção; . 2. interação genótipo x ambiente. 3. *Phaseolus vulgaris* L.. 4. produtividade de grãos. 5. testes multiambientais.. I. Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro. II. Título.

CDD - 631.5233

MODELOS MULTIVARIADOS NA SELEÇÃO DE GENÓTIPOS DE FEIJÃO PRETO NA REGIÃO NORTE FLUMINENSE

RAIANE MARIANI SANTOS

"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 Doutora em Genética e Melhoramento de Plantas".

Aprovada em 20 de dezembro de 2022

Comissão Examinadora:

Prof. Paulo Ricardo dos Santos (D.Sc., Genética e Melhoramento de Plantas) - IFAP

rulo Priserdo dos

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

Dr. Moisés Ambrósio (D.Sc., Genética e Melhoramento de Plantas) - UENF

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

DEDICATÓRIA

A Deus, à minha prima Kamila, à minha tia Izabel DEDICO

AGRADECIMENTOS

Agradeço a Deus, pela proteção e por ter me mantido viva para concretizar mais essa etapa.

Agradecerei sempre à minha prima Kamila Mariani, minha tia Izabel, por ter me trazido de volta à vida, por não ter desistido de mim quando eu mesma havia desistido.

Agradecerei à minha filha Melina, a meu noivo Salmo, à minha família e a meus amigos, por existirem e por todo apoio emocional.

À Coordenação e Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES), pela concessão de bolsa de estudo.

Ao Prof. Dr. Rogério Figueiredo Daher, meus sinceros agradecimentos, pela orientação, pelas oportunidades dadas e pela confiança depositada.

Ao Benedito Fernandes de Souza Filho, da Pesagro-Rio (agroenergia e aproveitamento de resíduos), pela parceria, disponibilidade e apoio imprescindível.

Ao amigo e técnico agrícola Geraldo Francisco e funcionários da Pesagro, Campos-RJ (agroenergia e aproveitamento de resíduos), pelo apoio e dicas durante a condução do experimento.

Aos amigos de equipe Alexandre Gomes, Ana Késia, Wanessa Stida, Moisés Ambrósio, Josefa Grasiela, João Esdras, Cleudiane, Maxwel Nascimento, com certeza, vocês fizeram a diferença.

Ao colega de profissão e um anjo enviado por Deus, D.Sc. Adriano dos Santos, pela ajuda com a estatística, conselhos, dicas e força para não desistir dessa caminhada.

Ao secretário José Daniel, sempre prestativo e eficiente.

Aos membros da banca: meu conselheiro, Prof. Ph.D. Messias Gonzaga Pereira, sempre muito sábio; Pós-Doc D.Sc. Moisés Ambrósio, membro externo; D.Sc. Paulo Ricardo dos Santos, que participaram de todos os meus processos de formação de Mestrado e Doutorado com parceria, amizade e apoio.

Aos demais professores do Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento de Plantas, pelos ensinamentos.

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

SUMÁRIO

RESUM	10	vii
ABSTR	ACT	ix
1.	INTRODUÇÃO	1
2.	OBJETIVOS	3
2.1.	Gerais:	3
2.2.	Específicos:	3
3.	CAPÍTULOS	4
3. 1.	ADAPTABILIDADE E ESTABILIDADE GENOTÍPICA EM	FEIJÃO
	PRETO VIA ANÁLISE MULTIVARIADA E MODELOS MISTOS	4
3.1.1 .	INTRODUÇÃO	4
3.1.2 .	REVISÃO	6
3.1.2.1.	Aspectos gerais do feijão preto	6
3.1.2.2.	Interação Genótipos x Ambientes (GA)	7
3.1.2.3.	Adaptabilidade e estabilidade	9
3.1.3.	MATERIAL E MÉTODOS	12
3.1.3.1.	Descrição do local	12
3.1.3.2.	Delineamento Experimental e descrição dos tratamentos	13
3.1.3.3.	Análise estatística	14
3.1.4 .	RESULTADOS E DISCUSSÃO	17
3.1.5 .	CONCLUSÕES	27

3.2 .	ÍNDICE MULTICARACTERÍSTICA: SELEÇÃO E RECOMENDAÇÃO DE				
	LINHAGENS DE FEIJÃO PRETO COMO NOVAS CULTIVARES	.28			
3.2.1 .	INTRODUÇÃO	.28			
3.2.2 .	REVISÃO	.30			
3.2.2.1.	Melhoramento genético do feijoeiro	.30			
3.2.2.2.	Índice de seleção	.32			
3.2.3 .	MATERIAL E MÉTODOS	.34			
3.2.3.1.	Local de cultivo e delineamento experimental	.34			
3.2.3.2.	Análises estatísticas	. 35			
3.2.3.3.	Índice de estabilidade de múltiplas características (MTSI)	. 36			
3.2.3.4.	Índice de distância genótipo-ideótipo multicaracterística (MGIDI)	.37			
3.2.3.5.	Índice multicaracterística baseado em análise de fatores e distân	cia			
	genótipo-ideótipo (FAI-BLUP)	. 39			
3.2.3.6.	Índice Smith-Hazel	. 39			
3.2.4 .	RESULTADOS	.41			
3.2.5.	DISCUSSÃO	. 47			
3.2.6.	CONCLUSÕES	.51			
REFER	ÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS	.52			

RESUMO

SANTOS, Raiane Mariani; D.Sc.; Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro; dezembro de 2022. MODELOS MULTIVARIADOS NA SELEÇÃO DE GENÓTIPOS DE FEIJÃO PRETO NA REGIÃO NORTE FLUMINENSE. Orientador: Rogério Figueiredo Daher. Conselheiros: Prof.ª Rosana e Prof. Messias Gonzaga Pereira.

O feijão comum tem grande importância na alimentação da população brasileira, pois fornece uma dieta rica em vitaminas, fibras, minerais e principalmente em proteínas, o que pode proporcionar segurança alimentar para populações carentes em muitos países. No Brasil, o feijoeiro comum é submetido a diferentes condições ambientais, pois seu cultivo ocorre em vários estados e em diferentes épocas de semeadura. Deste modo, a identificação de cultivares com maior estabilidade fenotípica tem sido uma alternativa muito utilizada para atenuar os efeitos da interação genótipo-ambiente (GA). Todavia, para uma seleção eficiente de genótipos de feijão com alta produtividade e estabilidade, devem ser utilizados procedimentos estatísticos acurados, que promovam maior precisão na comparação das médias. Maior precisão e acurácia podem ser obtidas com o uso de diferentes métodos de estimativa da adaptabilidade e estabilidade dos genótipos. Além disso, na cultura do feijoeiro comum, o desenvolvimento de genótipos que associem caracteres agronômicos e de qualidade dos grãos com alta produtividade e estabilidade pode aumentar as chances dos melhoristas na indicação de novas cultivares. Diante do contexto, este estudo foi proposto em decorrência da necessidade de selecionar genótipos de feijão comum que reúnam alta produtividade e estabilidade para a região Norte Fluminense. Assim, o objetivo deste trabalho foi selecionar genótipos de feijão preto que reúnam simultaneamente alta produtividade, adaptabilidade e estabilidade, via métodos multivariados, modelo misto, índices multivariados, índice clássico de Smith e Hazel e análise genotype by yield*trait biplot. Para os estudos de adaptabilidade e estabilidade, os ensaios foram conduzidos nos municípios de Campos dos Goytacazes - RJ, Italva - RJ e Macaé- RJ, nos anos de 2016 e 2017. O delineamento experimental utilizado foi o de blocos casualizados, com 23 genótipos e 3 repetições. Após de detectar interação genótipos×ambientes (GA) significativa, a adaptabilidade e a estabilidade fenotípica dos genótipos foram analisadas pelos métodos AMMI, GGE Biplot e REML/BLUP. O modelo AMMI, aplicado com os BLUPs de genótipos, permite uma seleção de genótipos estáveis e com alto rendimento. Os genótipos N12, N13, P2, P11 e N20 têm boa adaptabilidade geral e alta produtividade, sendo indicados como opção de cultivo para os ambientes testados. As metodologias multivariadas usadas nesse trabalho e o modelo misto devem ser utilizados em conjunto para a seleção dos genótipos mais promissores. Para selecionar linhagens de feijão preto, utilizando índices multivariados, os ensaios foram conduzidos no município Campos dos Goytacazes - RJ, nos anos de 2020 e 2021. O delineamento experimental utilizado foi o de blocos casualizados, com 28 genótipos e 3 repetições. A seleção dos genótipos foi feita pelo índice de estabilidade de múltiplas características (MTSI), índice de distância genótipo-ideótipo multicaracterística (MGIDI), índice multicaracterística baseado em análise de fatores e distância genótipo-ideótipo (FAI-BLUP), indice Smith-Hazel e Genotype by Yield*Trait (GYT) Biplot. Os índices multivariados foram eficientes em selecionar os melhores genótipos de feijão preto. A utilização de índices multivariados e GYT possibilitou a seleção de genótipos precoces e com maior produtividade de grãos. As linhagens G9, G13, G17, G23 e G27 foram selecionadas com base no melhor desempenho para múltiplos caracteres, sendo as mais próximas do ideótipo, podendo ser recomendadas como novas cultivares.

Palavras-chave: ganhos de seleção; índice de seleção; interação genótipo x ambiente; *Phaseolus vulgaris* L.; produtividade de grãos; testes multiambientais.

ABSTRACT

SANTOS, Raiane Mariani; D.Sc.; Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro; December 2022. MULTIVARIATE MODELS IN THE SELECTION OF BLACK BEAN GENOTYPES IN THE NORTH FLUMINENSE REGION. Advisor: Rogério Figueiredo Daher. Conselheiros: Prof. Rosana e Prof. Messias Gonzaga Pereira.

Common beans are of great importance in the diet of the Brazilian population, as they provide a diet rich in vitamins, fiber, minerals and especially proteins, which can provide food security for needy populations in many countries. In Brazil, the common bean is subjected to different environmental conditions, as its cultivation occurs in several states and at different sowing times. Thus, the identification of cultivars with greater phenotypic stability has been a widely used alternative to attenuate the effects of genotype-by-environment (GA) interaction. However, for the efficient selection of bean genotypes with high productivity and stability, accurate statistical procedures must be used, which promote greater precision in the comparison of means. This greater precision and accuracy can be obtained using different methods to estimate the adaptability and stability of the genotypes. In addition, in the common bean crop, the development of genotypes that associate agronomic traits and grain quality with high productivity and stability can increase the chances of breeders in indicating new cultivars. Given the context, this study was proposed due to the need to select common bean genotypes that combine high productivity and stability for the North Fluminense region of Rio de Janeiro. Thus, the objective of this work was: to select black bean genotypes that simultaneously combine high productivity, adaptability, stability via multivariate methods, mixed model, multivariate indices, classic Smith and Hazel index and genotype by yield*trait biplot analysis. For the adaptability and stability studies, the tests were carried out in the municipalities of Campos dos Goytacazes - RJ, Italva - RJ and Macaé-RJ in the years 2016 and 2017. The experimental design used was completely randomized blocks, with 23 genotypes and 3 replications. After detecting a significant genotype x environment (GA) interaction, the adaptability and phenotypic stability of the genotypes were analyzed using the AMMI, GGE Biplot and REML/BLUP methods. The AMMI model applied with the genotype BLUPs allows the selection of stable genotypes with high yield; genotypes N12, N13, P2, P11 and N20 have good general adaptability and high productivity and are indicated as a cultivation option for the tested environments; multivariate methodologies used in these work and mixed models should be used together for the selection of the most promising genotypes. To select black bean lines, using multivariate indices, tests were carried out in Campos dos Goytacazes - RJ, in the years 2020 and 2021. The experimental design used was completely randomized blocks, with 28 genotypes and 3 replications. Genotype selection was performed using the multiple trait stability index (MTSI), multitrait genotype-ideotype distance index (MGIDI), multitrait index based on factor analysis and genotype-ideotype distance (FAI-BLUP), Smith-Hazel Index and Genotype by Yield*Trait (GYT) Biplot. Multivariate indices were efficient in selecting the best black bean genotypes; the use of multivariate indices and GYT allow the selection of early genotypes with higher grain yield. Lines G9, G13, G17, G23 and G27 were selected based on the best performance for multiple characters being closest to the ideotype and can be recommended as new cultivars.

Keywords: selection gains; selection index; genotype x environment interaction; *Phaseolus vulgaris* L.; grain yield; multienvironmental tests.

1. INTRODUÇÃO

A população mundial chegou à marca de 8 bilhões de habitantes em 2022, segundo o relatório *Word Population Prospects* 2022, da Organização das Nações Unidas (ONU). Isso posto, é necessário que a produção de alimentos atenda a demanda populacional de forma sustentável. O Brasil é um dos principais produtores de alimentos do mundo e tem papel fundamental nesse desafio. No que tange à produção de feijão, o país ocupa a terceira posição no ranking de maiores produtores mundiais (ONU, 2022).

O feijão comum (*Phaseolus vulgaris L.*) é um dos principais componentes da dieta do brasileiro, constituindo a principal fonte de proteínas, principalmente para a população de baixa renda, em razão do seu alto valor nutricional (Wainaina et al., 2021). Entre os tipos principais de feijão cultivados no país, destacam-se o feijão comum e o feijão-caupi. O feijão preto é mais produzido na região Sudeste, com destaque para o estado do Rio de Janeiro, com produtividade média de 1.418 kg ha-1 (Conab, 2022).

A produtividade média do feijão apresenta grande variação entre as regiões, em razão de diversos fatores, entre eles a interação genótipos x ambientes (GA), que corresponde à expressão diferencial de genes em função da variação ambiental (Cruz et al., 2012). Apesar de o feijão se adaptar a diversas condições edafoclimáticas, sua produtividade é fortemente influenciada pelo ambiente. Esse componente é bastante presente na cultura do feijoeiro pela forma de cultivo, ou seja, é cultivado em várias regiões do país sob diferentes condições ambientais e, por ser uma cultura de ciclo curto, é possível conseguir até três safras no ano. Isso posto, em programas de melhoramento de feijão comum, é essencial que

o melhorista utilize técnicas de manejo dessa interação, visando a um maior aproveitamento e eficiência na seleção de genótipos (Duarte; Vencovsky, 1999).

Nas fases finais de um programa de melhoramento, é importante a exploração dos efeitos da interação GA. Para isso, são empregadas análises de adaptabilidade e estabilidade para seleção de genótipos com desempenho previsível e responsivo ao ambiente, seja em condições específicas ou em condições amplas (Cruz et al., 2012). Adaptabilidade é a capacidade de os genótipos apresentarem rendimentos elevados e constantes em ambientes desfavoráveis, mas com habilidade de responder à melhoria das condições ambientais. Já a estabilidade é a capacidade de os genótipos apresentarem desempenho previsível frente às variações ambientais.

Diferentes métodos são aplicados para estimativas da adaptabilidade e estabilidade, cada um leva em consideração diferentes aspectos e é interessante que sejam utilizados de forma conjunta. Entre eles, vale mencionar o método efeitos aditivos e interação multiplicativa (AMMI), *Genotype + genotype-by-environment* (GGE Biplot) e método da máxima verossimilhança restrita/melhor predição linear não viesada (REML/BLUP). Vários estudos reportam o emprego desses métodos no melhoramento do feijão comum (Gelete et al., 2021; Melo et al., 2018; Mutari et al., 2022; Peixoto et al., 2016; Santos et al., 2019; Sozen et al., 2018).

Além dos esforços investidos no manejo da interação e seleção de genótipos produtivos com alta adaptabilidade e estabilidade, ainda vale enfatizar que, em geral, os genótipos são selecionados para mais de uma característica, o que denota a importância do emprego de índices de seleção. Estes índices têm como função otimizar a seleção, que constitui um caráter adicional, estabelecido pela combinação linear ótima de vários caracteres (Cruz et at., 2012). Existem diversos índices de seleção descritos na literatura que resultam em diferentes ganhos percentuais em cada caráter de interesse.

Em programas de melhoramento de feijão comum, os genótipos são avaliados em mais de uma safra e em diferentes anos, caracterizando ensaios multiambientes. Diante disso, um índice que pode ser bastante promissor na cultura do feijão é o índice *Multi-Trait Genotype-Ideotype Distance Index* (MGIDI). Esse índice foi proposto por Olivoto e Nardino (2021) e se baseia na seleção e recomendação de genótipos, com respaldo em informações de múltiplos caracteres.

2. OBJETIVOS

2.1 Geral

Selecionar, por meio de métodos e índices multivariados, genótipos de feijão comum preto que reúnam alta produtividade e estabilidade para indicação como nova cultivar para a região Norte Fluminense.

2.2 Específicos:

- Avaliar genótipos de feijão preto quanto à produtividade e a características morfoagronômicas;
- Selecionar genótipos de feijão preto que reúnam, simultaneamente, alta produtividade, adaptabilidade e estabilidade, via métodos multivariados e modelo misto;
- III. Selecionar linhagens de feijão preto, utilizando índices multivariados, índice clássico de Smith e Hazel e análise *genotype by yield*trait biplot*.

3. CAPÍTULOS

3.1. ADAPTABILIDADE E ESTABILIDADE GENOTÍPICA EM FEIJÃO PRETO VIA ANÁLISE MULTIVARIADA E MODELOS MISTOS

3.1.1. INTRODUÇÃO

O feijão comum é uma das leguminosas mais importantes para o consumo no mundo, por apresentar alta qualidade nutricional (Wainaina et al., 2021), ser rico em proteína (Hayat et al., 2014), ter propriedades antioxidantes e anti-inflamatórias e auxiliar na redução da obesidade e nas doenças cardiovasculares (Carbas et al., 2020). No Brasil, o feijão comum apresenta importância socioeconômica e constitui a principal fonte de proteína da população. O país é um dos maiores produtores e consumidores do mundo, com produtividade média de 1.303 kg ha⁻¹, variando de acordo com o local. Na região Norte/Nordeste, Sudeste, e Sul, os valores são de 627 kg ha⁻¹, 813 kg ha⁻¹ e 1339 kg ha⁻¹, respectivamente. Vale ressaltar que no estado do Rio de Janeiro, onde predomina o tipo feijão preto, a produtividade é de 1.222 kg ha⁻¹ (Conab, 2021).

Essa variação na produtividade pode ocorrer em razão da interação genótipo x ambiente (GA), interpretada como a diferença entre valores fenotípicos, ambientais e genotípicos, que pode ser simples ou complexa. A

interação complexa consiste no desempenho diferencial dos genótipos quando submetidos a diferentes ambientes e pode dificultar a seleção de genótipos para uma característica de interesse, como a produtividade, bem como pode reduzir o ganho com a seleção. Portanto, é importante o manejo dessa interação, principalmente nas fases finais de um programa de melhoramento, em que os genótipos promissores são testados em diferentes ambientes antes da recomendação (Cruz et al., 2012).

O melhorista pode utilizar estratégias para minimizar ou explorar os efeitos da interação GA. A exploração desses efeitos tem sido mais utilizada por ter como base o desenvolvimento de um genótipo amplamente adaptado de alto rendimento e que seja estável (Ajay et al., 2020). Para agregar esses três fatores, diversos modelos estatísticos foram desenvolvidos, sendo que cada um reflete diferentes aspectos e nenhum método único pode explicar adequadamente o desempenho do genótipo em vários ambientes Isso posto, para eficácia na seleção de genótipos testados em diferentes ambientes, é fundamental o emprego de métodos conjuntos sob abordagem empírica, considerando os efeitos principais aditivos e a interação multiplicativa (AMMI) e analíticos GGE biplot, além do emprego de modelos mistos REML/BLUP (Mohammadi et al., 2021).

O método AMMI tem como principal vantagem o foco direto na matriz de interação GA para identificar genótipos estáveis ou com adaptação específica, modelando padrões de interação úteis no dimensionamento logístico da rede de avaliação experimental (Gauch et al., 2008). O GGE biplot é eficaz para análise de mega-ambiente, que explica "quem ganhou onde", que genótipos específicos podem ser recomendados para mega-ambientes específicos (Yan, 2001). O uso de modelos mistos, tendo como base o procedimento da máxima verossimilhança restrita (REML), para obtenção de preditores lineares não enviesados (BLUP), também foi um grande avanço para a modelagem da interação GE (Piepho et al., 2008; Smith et al., 2014). No entanto, para resolver o problema da interpretação dos padrões agronômicos em uma tabela de médias genotípicas em diferentes ambientes, empregou-se o uso da média harmônica aplicada à matriz de valores genotípicos (Resende et al., 2014).

Diversos estudos são reportados na seleção de genótipos de feijão comum, empregando a combinação dos métodos AMMI e GGE biplot (Gelete et al., 2021; Melo et al., 2018; Sozen et al., 2018). GGE biplot e REML/BLUP

(Santos et al., 2019), porém, até o presente momento, inexistem na literatura trabalhos que empreguem métodos com abordagem analítica integrados ao modelo misto. Diante disso, o objetivo deste trabalho foi selecionar genótipos de feijão preto que reúnam, simultaneamente, alta produtividade, adaptabilidade e estabilidade, via métodos multivariados e modelo misto.

3.1.2. **REVISÃO**

3.1.2.1. Aspectos gerais da cultura do feijão preto

O feijão comum (*Phaseolus vulgaris* L.), família Fabaceae, é originário do continente americano (Vavilov, 1951). É um dos alimentos mais consumidos no mundo, constituindo a principal fonte de proteína para a população, principalmente aquela de baixa renda, isso em razão do seu alto valor nutricional (Wainaina et al., 2021) e do seu baixo custo, relacionado à importância socioeconômica. Essa leguminosa é importante ainda para a segurança alimentar pelo seu i) alto teor de proteina (Hayat et al., 2014), ii), se situando no topo das culturas sustentáveis (Robison et al., 2019), iii) sua ampla adaptação de cultivo (Crépon et al., 2010) e iv) sua fixação de nitrogênio no solo (Curatti e Rubio, 2014). Além disso, essa leguminosa pode ser cultivada por pequenos e médios produtores, visando a atender a todas as camadas sociais.

A qualidade nutricional dos grãos de feijão comum o coloca em posição de destaque por ser uma fonte de proteina de baixo custo (Keskin et al., 2022). Os valores de proteina presentes nos grãos de feijão variam de 19,3% a 23,9%, com base no peso seco (Baptista et al., 2017), e as principais frações proteicas nas sementes de leguminosas são as globulinas e albuminas. Além disso, apresenta propriedades antioxidantes e anti-inflamatórias, e auxilia na redução da obesidade e nas doenças cardiovasculares (Carbas et al., 2020). Vale mencionar que o feijão apresenta alto teor de fibra dietética total, cerca de 77,35 (Mannuramath e Jamuna, 2012), característica importante na função intestinal e na saúde gastrointestinal (Keskin et al., 2022).

A produção mundial de feijão comum concentra quase a metade (43,1%) na Ásia, seguido da América, com 29,4% (FAO, 2022). O Brasil atualmente é o

terceiro maior produtor mundial (2.989,90 milhões de toneladas), ficando atrás da Índia e Myanmar. As maiores produções regionais estão concentradas no Sul (926,2 mil t), Sudeste (680,9 mil t), Nordeste (660,2 mil t) e Centro-Oeste (591,0 mil t). Já a produtividade média é de 1.547 kg ha⁻¹, 1.670 kg ha⁻¹, 462 kg ha⁻¹ e de 2.007 kg ha⁻¹ nas regiões Sul, Sudeste, Nordeste e Centro-Oeste, respectivamente, (Conab, 2022). Esses valores englobam todas as classes de feijão produzidas no país, ou seja, feijão comum e feijão-caupi.

Apresentando apenas os valores referentes ao feijão-preto, a região Sudeste produz 12,8 mil t, com produtividade média de 813 kg ha⁻¹, que é baixa em comparação com a produtividade total de feijão. Já no estado do Rio de Janeiro, a produtividade é de 1.418 kg ha⁻¹, inferior à média nacional (1.430 kg ha⁻¹) (Conab, 2022). Em 2022, com a alta do preço do feijão comum, houve crescimento da demanda por feijão preto no Brasil, contribuindo para maiores expectativas de produção (IBRAFE, 2022). Vale reportar ainda que a produção nacional de feijão preto, em 2022, superou pela primeira vez o consumo interno em cerca de 100 toneladas.

Isso posto, o grande desafio é continuar produzindo alimentos visando a atender à demanda populacional, visto que a projeção é de 8 bilhões de habitantes até 2050 (ONU, 2022). Em um passado remoto, houve especulação de que a produção de alimentos não acompanharia o crescimento populacional, projeção não se concretizou em razão das inovações tecnológicas agrícolas, bem como do melhoramento genético de plantas, que é uma das estratégias mais eficientes para alcançar alta produtividade. Quando comparamos a produtividade de feijão nas diferentes regiões do Brasil, observamos variação nos valores, o que pode ocorrer devido a diversos fatores, entre eles a interação genótipos x ambientes (G x A). Apesar de o feijão apresentar adaptação a diversas condições edafoclimáticas, sua produtividade é fortemente influenciada pelo ambiente.

3.1.2.2. Interação Genótipos x Ambientes (GA)

A interação G x A é a expressão diferencial de genes em função da variação ambiental. Ela pode ser simples, quando a diferença de variabilidade genética é dentro dos ambientes. Ao passo que a interação complexa consiste no desempenho diferencial dos genótipos quando submetidos a diferentes

ambientes, ou seja, o genótipo apresenta desempenho superior em um ambiente, mas não em outro, dificultando a seleção de genótipos para a característica de interesse, como a produtividade, bem como reduzindo o ganho com a seleção (Cruz et al., 2012).

Os testes de avaliação de produtividade constituem uma das etapas mais onerosas dos programas de melhoramento de plantas, por consequência, os melhoristas precisam utilizar estratégias para maximizar a seleção. Quando esses testes são conduzidos em apenas um ambiente, a variância genética e a média geral podem ser superestimadas, isto é, podem conter componentes da interação G x A (Resende, 2007). Sua magnitude no fenótipo do caráter pode diminuir a correlação entre fenótipo e o genótipo, inflacionando a variância genética e, consequentemente, a herdabilidade e o ganho genético com a seleção (Rocha & Vello, 1999).

Em geral, há duas condições que contribuem para interação GA. A primeira condição é previsível e inclui todos os fatores permanentes do ambiente, como características gerais do clima, do tipo de solo, e também as características do ambiente, que variam de forma sistemática. Já a segunda condição é a variação imprevisível e inclui as flutuações variáveis do ambiente, como a distribuição de chuvas, e variações na temperatura do ar e umidade relativa do ar, entre outras (Allard e Bradshaw, 1964).

O feijão comum é cultivado em várias regiões do país sob diferentes condições ambientais e, por ser uma cultura de ciclo curto, é possível conseguir até três safras no ano. Isso posto, surgem outros componentes da interação genótipo x local (GL), genótipo x ano (GA) e genótipo x local x ano (GLA) (Borém et al., 2021). Esses componentes podem apresentar maior ou menor importância a depender do caráter de interesse. Para produtividade, as interações GA são muito importantes por se tratar de um caráter quantitativo, portanto, fortemente influenciado pelo ambiente. Por consequência, é imprescindível o manejo dessa interação, principalmente na etapa final do melhoramento, quando os genótipos promissores são testados em vários ambientes.

Diversos trabalhos reportam o estudo da interação GA na cultura do feijoeiro, considerando não apenas a produtividade, mas outros caracteres de interesse. Com o objetivo de estudar o efeito ambiental e da interação genótipos x ambientes para produtividade e qualidade comercial de grãos na indicação de

novas cultivares de feijoeiro comum para as Regiões Centro Sul e Central do Brasil, Pereira et al. (2017) conduziram um estudo com 62 ensaios e 16 genótipos. Os autores mostraram que o efeito de genótipos é mais importante para a qualidade comercial do que para a produtividade de grãos e que o efeito ambiental é igualmente importante para os três caracteres, indicando que a avaliação deve ser feita no maior número possível de ambientes.

Embora a interação GA, em alguns casos, seja reportada como uma dificuldade na seleção, o melhorista pode explorar seus efeitos e usar a favor da seleção, sendo, para isso, importante conhecer sua magnitude. Interações positivas associadas com características previsíveis do ambiente oferecem oportunidade de rendimentos mais elevados, tirando-se proveito desta interação (Duarte; Vencovsky, 1999).

Apesar da sua importância, não proporcionam informações pormenorizadas sobre o desempenho de cada genótipo frente às variações ambientais. A exploração desses efeitos tem sido mais utilizada por se basear no desenvolvimento de um genótipo amplamente adaptado, de alto rendimento, e estável (Ajay et al., 2020). Assim, empregamos análises de adaptabilidade e estabilidade, que permitem identificar cultivares de desempenho previsível e que sejam responsivas às variações ambientais, seja em condições específicas ou amplas (Cruz et al., 2012)

3.1.2.3. Adaptabilidade e estabilidade para AMMI, GGE e modelos mistos

Conforme reportado, o cultivo de feijão comum ocorre em várias locais, em mais de uma safra no ano, o que promove desempenho diferente frente às condições ambientais. Os efeitos da interação genótipos x ambientes sobre a adaptabilidade e estabilidade são de grande importância, visto que cada genótipo tem uma capacidade inerente de responder às mudanças ambientais. Assim, entre as estratégias usadas para desenvolver cultivares com baixos níveis de interação genótipos x ambientes, pontua a seleção de genótipos com alta adaptabilidade e estabilidade (Scapim et al., 2010).

Isso posto, é importante que o melhorista conheça a magnitude da interação GA e utilize técnicas adequadas para atenuar os desafios desse componente. Entre as técnicas recomendadas, estão as análises de

adaptabilidade e estabilidade fenotípica para selecionar genótipos com desempenho previsível, responsivos ao ambiente, seja em condições específicas ou amplas, embora parecidos, esses termos apresentam conceitos diferentes. (Cruz et al., 2012).

A adaptabilidade é a capacidade de os genótipos apresentarem rendimentos elevados e constantes em ambientes desfavoráveis, mas com habilidade de responder à melhoria das condições ambientais (Verma et al., 1978; Cruz et al., 2014). Já a estabilidade é a capacidade de os genótipos apresentarem desempenho previsível frente às variações ambientais (Mariotti et al., 1976). Existem vários métodos para estimar os parâmetros de adaptabilidade e estabilidade, estando sua escolha relacionada ao conjunto de dados experimentais, número de ambientes envolvidos e tipo de informação desejada Uma estratégia eficaz na seleção de genótipos avaliados em diferentes ambientes é a utilização de métodos conjuntos sob abordagem empírica, considerando os efeitos principais aditivos e interação multiplicativa (AMMI) e analíticos GGE biplot, além do emprego de modelos mistos REML/BLUP (Cruz et al., 2012).

O método AMMI (*Additive Main Effect and Multiplicative Interaction*), modelos de efeitos principais aditivos e interação multiplicativa, consiste na combinação de análise univariada e multivariada. Esta técnica expressa em um único modelo componentes aditivos para os efeitos principais de genótipos e de ambientes e componentes multiplicativos para os efeitos da interação GA (Zobel et al., 1988). Ainda de acordo com esses autores, este método permite maior detalhamento da interação GA, seleciona o genótipo mais produtivo, pois capitaliza interações positivas com o ambiente, permite informações precisas e faz uma representação gráfica dos resultados, facilitadno a interpretação.

O método GGE biplot proposto por Yan et al. (2000) possibilita a análise da interação GA de ensaios multiambientais. "GGE" refere-se ao efeito principal do *genotypes* (G) mais a interação *genotypes* × *environments* (GE), que são as duas fontes de variação relevantes para a avaliação de genótipos. Além disso, representa, graficamente, "quem-ganhou-onde". Esse método aborda a interação GA, possibilitando o agrupamento de genótipos e ambientes com desempenho similar, mostrando o genótipo com maior potencial e sua identificação em cada mega-ambiente, a relação entre ambientes, facilitando a identificação do ambiente na avaliação dos genótipos, indicando qual ambiente pode ser menos

favorável, e a relação entre genótipos, facilitando a comparação dos genótipos e do ordenamento para os parâmetros de produtividade e estabilidade (Yan, 2002; 2011).

Alguns estudos reportam a comparação e/ou a combinação dos métodos AMMI e GGE Biplot na seleção e recomendação de genótipos de feijão comum (Gelete et al., 2021; Melo et al., 2018; Mutari et al., 2022; Sozen et al., 2018). Estes métodos contemplam estruturas de dados balanceadas e não leva em conisderação a heterogeneidade da variância genética e a covariância dos dados de vários locais e safras. Assim, é recomendado o uso de modelos mistos baseados no procedimento da máxima verossimilhança restrita (REML) para obtenção de preditores lineares não enviesados (BLUP), o que resulta em grande avanço para a modelagem da interação GA (Piepho et al., 2008). Além disso, este modelo supera a capacidade preditiva dos modelos AMMI e GGE Biplot.

Segundo Resende (2004), o REML/BLUP baseia-se no pressuposto de que quanto menor o desvio padrão do desempenho genotípico entre dois ambientes, maior a média harmônica de seus valores genotípicos (MHVG). E em termos de adaptabilidade, refere-se ao desempenho relativo dos valores genotípicos (PRVG) por meio dos ambientes (Silva, 2011). Apresenta a vantagem de fazer a seleção simultaneamente para caracteres de produtividade, estabilidade e adaptabilidade, através da metodologia da média harmônica da performance relativa dos valores genéticos preditos (MHPRVG).

Alguns estudos reportam a integração dos métodos GGE Biplot e REML/BLUP na cultura do feijão comum (Peixoto et al., 2016; Santos et al., 2019), feijão-caupi (Abreu et al., 2019; Santos et al., 2016), soja (Albuquerque et al., 2022) e milho (Agyeman et al., 2022), entre outras culturas. No entanto, em relação à integração dos três métodos (AMMI, GGE Biplot e REML/BLUP) para verificar a adaptabilidade e a estabilidade em feijão comum não há relatos, até o presente momento, na literatura. A utilização conjunta dos modelos AMMI e GGE Biplot torna mais eficaz a exploração da interação genótipo x ambiente. Já a metodologia REML/BLUP resulta num ordenamento mais simples e direto, facilitando a seleção de genótipos simultaneamente para adaptabilidade ampla, estabilidade e produtividade. (HONGYU et al., 2015)

Vale mencionar que há estudos que reportam a integração desses métodos na cultura da cenoura. Silva et al. (2011) verificaram a adaptabilidade e a estabilidade de populações de cenoura diante de ambientes com cultivo orgânico e convencional e compararam pelos métodos AMMI, GGE biplot e REML/BLUP. Os autores mostraram que as análises AMMI e GGE Biplot foram bastante semelhantes na verificação da adaptabilidade e da estabilidade das populações de cenoura, tendo o GGE Biplot agrupado de maneira mais clara os ambientes mais favoráveis e desfavoráveis. A análise REML/BLUP se destacou das demais e, apesar de não informar sobre o agrupamento de locais mais semelhantes, apresenta os resultados em função de valores genotípicos, levando em consideração os parâmetros de adaptabilidade e estabilidade.

3.1.3. MATERIAL E MÉTODOS

3.1.3.1. Descrição do local

Os ensaios foram conduzidos nos municípios de Campos dos Goytacazes, Italva e Macaé, de 2016 a 2017 (Tabela 1). O município de Campos dos Goytacazes está localizado na região Norte do Estado do Rio de Janeiro, a 21º 19' 23" Sul e 41º 19' 40" Oeste, com altitude variando de 20 a 30 m. Segundo a classificação de Köppen, o clima da região é do tipo tropical úmido (Aw), com verão chuvoso, inverno seco. Segundo a Estação Climatológica, o município apresenta amplitude térmica pequena e precipitação média anual de 1.055,3 mm (Mendonça, 2014).

O município de Italva está localizado na mesorregião Noroeste Fluminense do Estado do Rio de Janeiro, a 21° 25' 15" Sul e 41° 41' 27" Oeste, com altitude de 36 m. O clima da região é classificado como tropical (Aw). O município de Italva está localizado na mesorregião Noroeste Fluminense do Estado do Rio de Janeiro, a 21° 25' 15" Sul e 41° 41' 27" Oeste, com altitude de 36 m. O clima da região é classificado como tropical (Aw).

Tabela 1. Informações sobre a localização dos seis experimentos de feijão preto no estado do Rio de Janeiro

Local	Safra	Ambiente
Campos dos Goytacazes -RJ	2016/1	A1
Campos dos Goytacazes -RJ	2016/2	A2
Campos dos Goytacazes -RJ	2017/1	А3
Campos dos Goytacazes -RJ	2017/2	A4
Macaé -RJ	2016/2	A5
ltalva	2017/1	A6

O município de Macaé está localizado a 22° 22' 15" sul e 41° 47' 13" oeste, com altitude de 7 m, fazendo parte da região Norte Fluminense. O clima da região é classificado como tropical (Aw), sendo quente e úmido na maior parte do ano, com temperaturas que variam entre 23 °C e 38 °C, amplitude térmica considerável, ocasionada pela troca de ventos entre o litoral e a serra.

3.1.3.2. Delineamento experimental e descrição dos tratamentos

Utilizou-se o delineamento experimental em blocos casualizados, com 23 genótipos (Tabela 2) e três repetições. A parcela experimental constituiu-se de quatro linhas com 4,0 metros de comprimento, espaçadas de 0,50 metros entre si, com densidade de semeadura de 15 sementes por metro, considerando como área útil as duas linhas centrais. A produtividade de grãos foi avaliada pela colheita manual das plantas contidas em duas fileiras de 4,0 m de comprimento, na área útil de cada unidade experimental. As plantas, após arrancadas, foram secas ao sol e, posteriormente, trilhadas mecanicamente. Os grãos foram pesados e posteriormente calculada a produtividade em kg ha-1 e corrigida a umidade para 13%.

Tabela 2. Relação de genótipos de feijão preto de ciclos normal e precoce
utilizados em três locais do Estado do Rio de Janeiro.

ID	Genótipo	Origem	ID	Genótipo	Origem
P1	BRS CAMPEIRO	Embrapa	N13	BRS ESTEIO	Embrapa
P2	BRS ESTEIO	Embrapa	N14	IPR TUIUIU	lapar
P3	IPR UIRAPURU	lapar	N15	IPR UIRAPURU	lapar
P4	CNFP 15658	Embrapa	N16	CNFP 15695	Embrapa
P5	CNFP 16324	Embrapa	N17	CNFP 15676	Embrapa
P6	CNFP 16332	Embrapa	N18	CNFP 15678	Embrapa
P7	CNFP 16335	Embrapa	N19	CNFP 15681	Embrapa
P8	CNFP 16337	Embrapa	N20	CNFP 15684	Embrapa
P9	CNFP 16369	Embrapa	N21	CNFP 15685	Embrapa
P10	CNFP 16387	Embrapa	N22	CNFP 15695	Embrapa
P11	CNFP 16422	Embrapa	N23	CNFP 15697	Embrapa
N12	BRS FP403	Embrapa	-	-	-

ID: Identificação; N = Ciclo normal; P = Ciclo precoce.

3.1.3.3. Análise estatística

O GGE-Biplot (*Genotype* + *genotype-by-environment*) é um método multivariado. Neste procedimento, os efeitos genotípicos são subtraídos da matriz de médias e, posteriormente, é feita a análise de componentes principais, sendo os efeitos de genótipos e da interação GxA tratados como multiplicativos. Assim, apenas o genótipo e a interação GxA são importantes e devem ser considerados de maneira simultânea. É possível fazer a análise gráfica da interação G x A dos dados em vários ambientes por meio do gráfico *biplot*, desenvolvido por Gabriel, (1971).

A análise GGE *Biplot* foi feita utilizando informação de médias fenotípicas, considerando o seguinte modelo:

$$\overline{Y}_{ij} - \mu = \textbf{G}_i + \textbf{A}_j + \textbf{G} \textbf{A}_{ij}$$

Em que \overline{Y}_{ij} representa a média fenotípica do genótipo i no ambiente j (combinações de locais e anos); μ , constante geral; G_i o efeito do genótipo i; $A_{j,}$ efeito do ambiente j; e $GA_{ij,}$ o efeito da interação entre o genótipo i e o ambiente j.

O modelo GGE *biplot* não separa o efeito de genótipo (G) do efeito da interação genótipo-ambiente (GA), mantendo-os juntos em dois termos multiplicativos, que podem ser visualizados na seguinte equação:

$$Y_{ij} - \mu - \beta_i = g_{i1}e_{1j} + g_{i2}e_{2j} + \epsilon_{ij}$$

Em que ${}^{Y}_{ij}$ é o desempenho esperado do genótipo i no ambiente j; μ , a constante geral das observações; ${}^{\beta}_{i}$, o efeito principal do ambiente j; ${}^{g}_{i1}$ e ${}^{e}_{1j}$, os escores principais para o i-ésimo genótipo no j-ésimo ambiente, respectivamente; ${}^{g}_{i2}$ e ${}^{e}_{2j}$, os escores secundários para o i-ésimo genótipo no j-ésimo ambiente, respectivamente; e ${}^{g}_{ij}$, o resíduo não explicado por ambos os efeitos. Assim, a construção do gráfico biplot no modelo GGE se dará pela dispersão simples de ${}^{g}_{i1}$ e ${}^{g}_{i2}$ para genótipos e ${}^{e}_{1j}$ e ${}^{e}_{2j}$ para ambientes e pela Decomposição em Valores Singulares (DVS), conforme a equação abaixo:

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

Em que h_1 e h_2 são os maiores autovalores do primeiro e segundo componentes principais ACP₁ e ACP₂, respectivamente; ξ_{i1} e ξ_{i2} são os autovetores do i-ésimo genótipo para ACP₁ e ACP₂, respectivamente; e η_{1j} e η_{2j} são os autovetores do j-ésimo ambiente para ACP₁ e ACP₂, respectivamente.

O método efeitos aditivos e interação multiplicativa (AMMI-Biplot) é uma combinação entre a análise de variância e a análise de componentes principais (ACP). Neste caso, os componentes aditivos são utilizados para estudar os efeitos aditivos e os componentes multiplicativos, para estudar a interação G x A. A análise AMMI foi feita considerando o seguinte método:

$$\overline{Y}_{ij} = \mu + g_i + a_j + \sum_{k=1}^n \lambda_k \gamma_{ik} \alpha_{jk} + r_{ij} + \epsilon_{ij}$$

Em que \bar{Y}_{ij} é a média de produtividade do genótipo i (i = 1, 2,...,36) no ambiente j (j = 1, 2,...,9); μ , a média geral dos experimentos; g_i , o efeito do

genótipo i; α_j , o efeito do ambiente j; k=1 o efeito da interação multiplicativa, em que λ_k é o valor singular e γ_{ik} e α_{jk} são os escores da ACP do eixo k para genótipo e ambiente, respectivamente e n é o número de eixos ou de componentes principais retidos para descrever o padrão da interação GxA; γ_{ij} , o efeito residual do modelo AMMI (ruído); e γ_{ij} , o erro experimental considerado de efeito aleatório.

O valor de estabilidade AMMI (ASV) foi usado como parâmetro estatístico. O ASV é definido em termos da distância euclidiana entre a origem do plano cartesiano e a coordenada do genótipo ou ponto do ambiente (Purchase et al., 2000), como na equação

$$ASV = \sqrt{\frac{IPCA1_{SQ}}{IPCA2_{SO}}(IPCA1_{score})}^{2} + [IPCA2_{score}]^{2}$$

Em que $^{IPCA1_{SQ}}$ é a soma de quadrados do IPCA1; e $^{IPCA2_{SQ}}$, a soma de quadrados do IPCA2. Quanto menor o valor de ASV, maior a estabilidade do genótipo.

No uso do modelo AMMI tradicional, quando a proporção da variância explicada no IPCA1 é baixa, pode haver uma interpretação enviesada em relação à estabilidade dos genótipos usando o *biplot* AMMI1, uma vez que os padrões da interação GA ainda são explicados no eixo restante do IPCA. Assim, para contornar este problema, Olivoto et al. (2019b) propuseram um novo índice de estabilidade, denominado WAASB (*Weighted Average of Absolute Scores*), que combina as características do modelo AMMI e BLUP. Este índice tem por base a média ponderada dos escores absolutos obtidos pela decomposição por valores singulares da matriz BLUP dos efeitos da interação em um modelo de efeito misto, conforme a seguinte equação.

$$WAASB_i = \sum_{k=1}^{p} |IPCA_{ik} \times EP_k| / \sum_{k=1}^{p} EP_k$$

Em que $WAASB_i$ é a média ponderada dos escores absolutos do genótipo i; $IPCA_{ik}$ é o escore do genótipo i no k-esimo IPCA; e EP_k é a variância explicada pelo k IPCA para k=1,2,...,p, sendo p=min(g-1; e-1). O genótipo mais estável é aquele com o menor valor de WAASB. Em razão da aplicação da técnica de decomposição por valores singulares, é possível a confecção de *biplots* semelhantes ao método AMMI, considerando agora um modelo de efeito misto.

Para o uso da metodologia de modelos lineares mistos, foi utilizado o método da máxima verossimilhança restrita/melhor predição linear não viesada (REML/BLUP) de acordo com o seguinte modelo:

$$y = X\beta + Z_g + W_i + e$$

Em que y, β , g, i e e correspondem, respectivamente, aos vetores de dados de efeitos fixos (médias de blocos por meio dos ambientes), efeitos dos genótipos (aleatório), efeitos da interação genótipo \times ambiente (aleatório) e de erros aleatórios; e X, Z e W representam matrizes de incidência para β , g e i, respectivamente. A medida simultânea de adaptabilidade e estabilidade para cada genótipo foi obtida por meio da Média Harmônica da Performance Relativa dos Valores Genotípicos (MHPRVG) de acordo com a seguinte equação:

Em que n é o número de ambientes; $PRVG_{ij} = VG_{ij}$, sendo VG_{ij} , o valor genético do genótipo i no ambiente j; e VG_j , a média genotípica no ambiente j. Todas as análises foram feitas utilizando os pacotes Ime4, metan e ggplot2 integrados ao software R (R Development Core Team, 2021).

3.1.4. RESULTADOS E DISCUSSÃO

Interações significativas entre genótipos e ambientes são comumente observadas nas fases finais da maioria dos programas de melhoramento. Efeitos significativos (p<0,01) do ambiente, interação GA e genótipos foram observados pela análise AMMI (Tabela 3). A soma dos quadrados (SQ) da interação GA foi maior em comparação com os efeitos principais do genótipo, indicando adequação da análise AMMI. O ambiente explicou cerca de 52% da soma total dos quadrados, indicando que os ambientes causaram a maior parte das variações na produtividade dos genótipos (Tabela 3). O efeito significativo para interação GA está relacionado à interação entre QTL (*quantitative trait locus*) e ambientes, visto ocorrerem expressões diferenciais dos QTLs ao longo dos ambientes (Mei et al., 2021).

Tabela 3. Resumo da análise de variância e teste de Gollob da análise AMMI para produtividade de grãos (kg ha⁻¹) de 23 genótipos de feijão preto no Norte Fluminense.

FV	GL	SQ	QM	F	Proporção	Acumulado
Amb	5	177.000.000	35.329.165	368,69**		_
Rep (Amb)	12	1.150.000	95.824	2,4**		
Gen	22	13.300.000	602.898	15,11**		
Gen x Amb	110	68.900.000	626.426	15,7**		
PC1	26	53.900.000	2.074.501	52,01**	78,3	78,3
PC2	24	7.430.000	309.675	7,76**	10,8	89,1
PC3	22	4.340.000	197.471	4,95**	6,3	95,4
PC4	20	1.730.000	86.453	2,17**	2,5	97,9
PC5	18	1.460.000	81.347	2,04**	2,1	100
Resíduo	264	10.500.000	39.889			
Total	523	339.000.000	648.956			

O efeito multiplicativo da interação GA foi decomposto pela análise de componentes principais (ACP), decompondo-se a SQGA, sendo adotado o critério "posdictivo" para seleção de modelos AMMI mais preditivos e parcimoniosos pelo teste FGollob (Gollob, 1968). Observou-se que a GA foi decomposta em cinco componentes altamente significativos. Os dois primeiros eixos (PC1 e PC2) explicaram 78,3% e 10,8% da soma de quadrado da interação GA, respectivamente, englobando 89,1% da interação GA total.

Deste modo, pode-se inferir que o modelo mais preditivo foi o AMMI5. Mas a utilização de eixos remanescentes, que contêm mais ruído do que o padrão, pode prejudicar a interpretação da adaptabilidade e da estabilidade via biplot (Agahi et al., 2020), em que o número reduzido de eixos pode ser suficiente para captar o padrão de variação da matriz GxA e facilitar a interpretação dos resultados da análise AMMI. Deste modo, optou-se por utilizar o modelo AMMI2, pois o padrão da interação GA associado aos outros componentes significativos (cerca de 10,8%) pode estar associado em grande parte a ruído.

No biplot do modelo AMMI1 (Figura 1A), a abscissa indica os efeitos principais (médias de genótipos) e a ordenada representa o primeiro eixo da interação (IPCA1). Quando os genótipos estão situados próximo do zero (origem), eles têm maior estabilidade nos ambientes testados. Pode-se observar que o genótipo P11 apresentou o maior valor de escore no eixo de interação. Por outro lado, os genótipos que menos contribuíram para a interação GxA apresentaram as menores coordenadas para o eixo IPCA1, deste modo, os mais estáveis foram: N15, P4, N16, N22 e P8. Todavia, esse conjunto de genótipos apresentara média de produtividade abaixo da média geral, com exceção do genótipo N22, que apresentou produtividade superior à média geral.

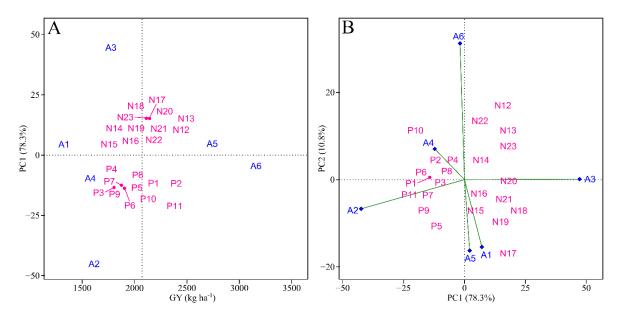


Figura 1. Biplot da análise AMMI1 (A) e AMMI2 (B) para produtividade de grãos (kg ha⁻¹) de 23 genótipos de feijão preto obtidos em seis ambientes no Norte Fluminense.

Os genótipos N12, N13, N23, N22 e N14 interagem de forma positiva com o ambiente A6, pois os pontos relativos a esses genótipos apontam para uma direção comum, e os vetores partem da origem com ângulo pequeno entre eles, podendo ser orientada pelo marcador do ambiente (Figura 1B). Os genótipos N17, N19, N15, entre outros, também mostraram interação específica positiva com os ambientes A5 e A1 por interpretação semelhante. Observa-se falta de adaptação dos genótipos N12, N13 e N22 (genótipos mais produtivos) com o ambiente A2 nos dois gráficos (marcadores apontando em direções opostas).

Com relação ao desempenho produtivo dos genótipos, aquele posicionado no vértice do polígono tem a maior distância da origem que todos os genótipos dentro do setor delimitado por ele, sendo classificados como os mais responsivos. Estes genótipos podem ser os melhores ou os piores em alguns ou em todos os ambientes e podem ser utilizados para identificar possíveis mega-ambientes. Os genótipos localizados no interior do polígono são os menos responsivos aos estímulos dos ambientes (Figura 2A).

Ao conectar os marcadores dos genótipos com as cinco linhas de igualdade, conforme ilustrado, percebe-se que, enquanto o *Biplot* produz oito setores os ambientes se dividem em três. Deste modo, os ambientes agrupados dentro desses setores são considerados similares em relação à influência ambiental gerada sobre os genótipos. Os genótipos localizados nos vértices do polígono têm maior distância da origem que todos os demais genótipos dentro do setor delimitado pelo polígono, podendo ser classificados como melhores ou piores genótipos em alguns ou em todos os ambientes (Yan and Tinker, 2006). Assim, os genótipos N13 e P11 foram os vértices do polígono que contém os ambientes. Por consequência, esses genótipos foram os mais favoráveis para aquele grupo de ambientes.

Todavia, deve-se observar que o genótipo N12 ficou localizado próximo do vértice com o genótipo N13. Deste modo, pode-se afirmar que estes genótipos têm o maior rendimento em pelo menos um dos ambientes e estão entre os genótipos com desempenho superior nos outros ambientes do grupo. Este resultado pode ser ratificado na Tabela 4, estando os genótipos N13, P11 assim como N12 entre os genótipos mais produtivos.

Outra importante observação é quando os genótipos incidem na origem dos vértices do polígono, mas não contêm nenhum ambiente agrupado, como o

genótipo P3, por exemplo, neste caso, são considerados desfavoráveis aos grupos de ambientes testados, revelando baixas responsividade e produtividade. Esse resultado é devido ao fato de que, mesmo com o massivo processo de seleção no decorrer do programa de melhoramento, ainda são identificados vários genótipos com baixa adaptabilidade e estabilidade fenotípica nos ensaios de VCU.

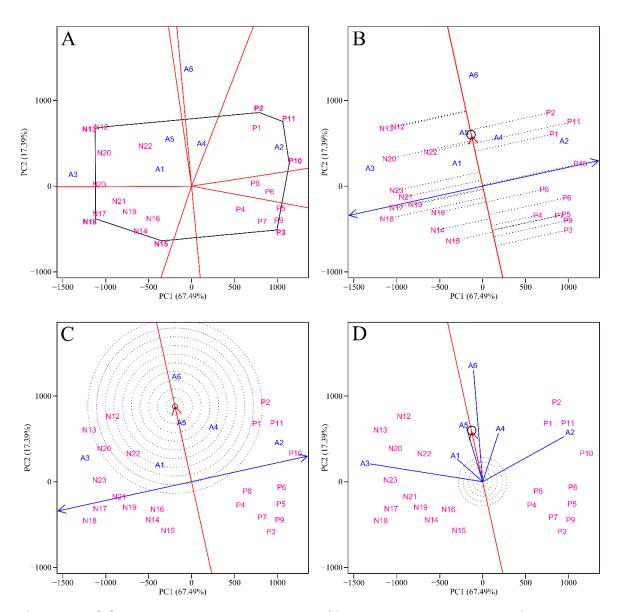


Figura 2. GGE *Biplot* representando o gráfico "qual ganhou onde" (*which won where*) (A); o *ranking* de produtividade de grãos com suas respectivas estabilidades (B); estimativa de um genótipo ideal (C) e discriminação e representatividade dos ambientes para a produtividade de grãos de 23 genótipos de feijão preto cultivados em seis ambientes no Norte Fluminense (D).

A estabilidade dos genótipos foi avaliada utilizando a coordenação do ambiente médio (CAM) (Figura 2B). Neste método, um ambiente ideal é definido pela média dos escores dos componentes principais de todos os ambientes, definidos pelo pequeno círculo. A linha que passa pela origem do *biplot* e pelo ambiente ideal é chamada de eixo do ambiente ideal e representa a CAM abscissa (linha vermelha). A CAM ordenada é o eixo que passa pela origem do *Biplot* e é perpendicular à CAM abscissa e indica maior efeito da interação genótipos x ambientes e menor estabilidade (linha azul) e ainda separa os genótipos que estão abaixo e acima da média (Yan et al., 2007; Yan and Tinker, 2006).

Isto posto, os genótipos mais produtivos, com projeção mais distante da origem no lado positivo da abscissa de CAM, foram N12, N13, P2, N20, N22, P11 e P1. Os genótipos N23 e N21 também apresentaram produtividade superior à média geral. No que concerne à estabilidade dos genótipos, quanto maior a projeção (linhas pontilhadas) na CAM ordenada, maior a instabilidade do genótipo. Assim, observa-se que o genótipo P11 seguido dos genótipos P10 e N16 foram os menos estáveis para produção de grãos com maior projeção da abscissa da CAM.

Já os genótipos N15, N22, P4 e N16 apresentaram menor projeção na abscissa da CAM, tendo sido relativamente estáveis. Deve-se considerar ainda que o genótipo N22, que tem produtividade superior à média geral, sendo assim uma ótima opção para o cultivo nos ambientes de teste.

O genótipo ideal deve ter alta produtividade média e mantê-la em todos os ambientes testados. Este genótipo ideal é definido graficamente pelo vetor de maior comprimento no PC1 e sem projeções em PC2, representado pela seta no centro dos círculos concêntricos (Figura 2C). Mesmo que este genótipo seja apenas uma estimativa do "ideótipo", ele é utilizado como referência para a avaliação dos demais (Yan e Tinker, 2006), pois será considerado mais promissor se estiver localizado mais próximo do genótipo ideal. Deste modo, os genótipos que estiverem no centro dos círculos concêntricos correspondem à estabilidade absoluta. Assim, observa-se que os genótipos N22 e N12, que estão contidos no oitavo círculo concêntrico, são os que mais se aproximaram do genótipo ideal, podendo ser considerados como desejáveis em relação à produtividade e à estabilidade.

No que tange aos ambientes (Figura 2D), de acordo com Yan e Tinker (2006), o ambiente de teste ideal deve discriminar os genótipos e ser representativo de todos os ambientes testados, ou seja, deve apresentar alto escore no primeiro componente principal (PC1) por ter maior capacidade de discriminação dos genótipos e pontuação nula no segundo componente principal (PC2), expressando maior capacidade de representar todos os outros ambientes.

O objetivo da avaliação do ambiente de teste é identificar aqueles que permitem diferenciar os genótipos com eficácia. Assim, esse deve ser representativo e apresentar maior discriminação dos genótipos. Isso é possível ao observar aqueles ambientes que tenham vetores mais longos, indicando serem mais discriminantes em relação aos genótipos, por conseguinte, os que apresentam vetores curtos são menos discriminantes, ou seja, todos os genótipos avaliados nesse ambiente se tornam semelhantes, não conseguindo expressar seu potencial genético de forma eficaz (Santos et al., 2019). Em relação à representatividade, se o ângulo formado entre o ambiente e a linha que passa pela média dos ambientes for pequeno, significa que tal ambiente é representativo.

Por conseguinte, pode-se observar que os ambientes A3, A6 e A2 têm maior capacidade de discriminação dos genótipos. Esses ambientes apresentaram fatores específicos que permitiram que a interação GA conseguisse gerar diferenças na performance dos genótipos. O manejo e as adubações foram semelhantes em todos os ambientes, assim é possível inferir que pequenas diferenças no tipo de solo, precipitação e temperatura foram os fatores ambientais que mostraram maior influência nesta diferenciação.

No que diz respeito à relação entre os ambientes, os cossenos dos ângulos entre os vetores de cada ambiente são relativos aos coeficientes de correlação genética entre eles. Deste modo, os ambientes A1, A5, A6 e A4 estão positivamente correlacionados, ou seja, o ângulo é menor que 90°. Essa associação consistente entre os quatro ambientes sugere que a mesma informação sobre os genótipos pode ser obtida nesses ambientes. Entretanto, quando consideramos os ambientes A3 e A2, A3 e A4, assim como A1 e A2, surgem correlações negativas entre esses ambientes, tornando assim a interação predominante complexa. Dessa forma, são verificadas diferenças de variabilidade entre os genótipos nos ambientes em que eles estão sendo avaliados, bem como

desempenho diferenciado dos genótipos nos ambientes. Isso dificulta a fidedigna seleção dos genótipos, uma vez que a hierarquia relativa referente ao desempenho nos diferentes ambientes não se manterá coincidente.

A interpretação conjunta para desempenho médio e estabilidade em relação à produtividade de grãos foi feita utilizando o WAASB (Figura 3). Ao contrário do conhecido biplot AMMI1 (Figura 1A), que considera apenas o primeiro IPCA, as ordenadas (WAASB) quantificam a estabilidade, considerando todos os valores possíveis de IPCA (Olivoto et al., 2019b). Os genótipos nos quadrantes I e II são considerados instáveis, ou seja, aqueles que mais contribuem para a interação GA. Os genótipos no quadrante I estão associados a uma baixa produtividade e no quadrante II, a uma produtividade superior à média. Os genótipos dos quadrantes III e IV apresentam maior estabilidade, ou seja, menor contribuição para interação GA. Entretanto, considerando a produtividade de grãos, apenas os genótipos no quadrante IV são considerados desejáveis, pois têm média superior e menor variação entre os ambientes, o que é explicado pelos valores WAASB.

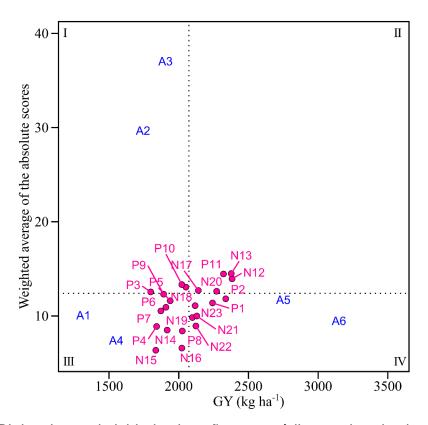


Figura 3. Biplot da produtividade de grãos *v*s média ponderada de pontuações absolutas (WAASB) de 23 genótipos de feijão preto cultivados em seis ambientes no Norte Fluminense.

Neste contexto, pode-se observar que os genótipos P4, N15, N14 e P7 têm alta estabilidade, mas baixa produtividade média. Já os genótipos P11, N20, N12 e N13 apresentaram média superior à média geral, sendo, porém, instáveis. Neste mesmo seguimento, os genótipos N22, N21, N23 e P1 exibiram média superior e estabilidade.

Esse resultado reforça os obtidos na análise AMMI1 e GGE biplot, em que os genótipos apresentaram baixa produtividade e alta estabilidade, havenddo, contudo divergência entre os genótipos produtivos e os estáveis. Essa diferença pode estar relacionada ao fato de a análise WAASB explicar 100% da variação captada pelos IPCAs, uma vez que considera todos os valores possíveis de IPCA. Já na análise AMMI1, apenas o primeiro componente principal é utilizado, explicando, neste caso, 78,3%; na análise GGE biplot, são utilizados os dois primeiros componentes, que explicam 84,88% da variação captada pelos componentes.

A mesma interpretação feita para genótipos pode ser feita para ambientes, deste modo, os ambientes incluídos no quadrante III podem ser considerados pouco produtivos e com baixa capacidade de discriminação dos genótipos. Os ambientes A5 E A6 incluídos no quadrante IV podem ser considerados produtivos, mas com baixa capacidade de discriminação. Já os ambientes A2 e A3 têm produtividade abaixo da média geral, mas são importantes na avaliação de grupos de genótipos por terem alta capacidade de discriminação.

Outra forma de interpretar o método AMMI é pelo uso da análise ASV. O ASV mede a contribuição de cada genótipo para a interação GA, considerando os dois primeiros IPCAs. Por este motivo, esta estatística pode ser utilizada como medida equivalente ao biplot AMMI2 para fins de classificação (Karimizadeh et al., 2016). Neste contexto, pode-se observar que os genótipos N15, P4, N16 e N22 continuaram sendo os genótipos mais estáveis pela análise ASV (Tabela 4). Já os genótipos P11, N18, P10 e N20 foram os que mais contribuíram para a interação GA. Todavia, a análise ASV indicou alterações no ranqueamento dos genótipos em relação ao AMMI1, deste modo, a análise ASV pode auxiliar o melhorista na seleção de genótipos, evitando erros na identificação apenas pela análise gráfica.

Mas é preciso considerar que os métodos AMMI e GGE Biplot captam apenas uma porcentagem da variabilidade total, o que pode comprometer a

análise, por serem obtidos padrões com menor precisão. Uma forma de contornar esse cenário seria a utilização de modelos mistos (Yang et al., 2009). O método REML/BLUP, utilizado na abordagem de modelos mistos, fornece resultados que são interpretados diretamente como valores genotípicos, já penalizados ou capitalizados pelas estimativas de estabilidade e de adaptabilidade (Silva et al., 2011).

Tabela 4. Valores genotípicos (BLUP), média harmônica da performance relativa dos valores genotípicos (MHPRVG) preditos pela análise REML/BLUP e valor de estabilidade AMMI (ASV) para a produtividade de grãos (kg·ha⁻¹) de 23 genótipos de feijão preto de ciclo precoce e ciclo normal no Norte Fluminense.

Genótipo	A1	A2	А3	A4	A5	A6	Média	ASV	MHPRVG
P1	1469	2229	1202	1961	3020	3509	1475	103,48	1,02
P2	1664	2315	1248	1953	3002	3739	1683	104,26	1,07
P3	970	2065	1124	1660	2226	2854	942	98,16	0,83
P4	1001	1628	1209	1852	2392	3052	975	60,95	0,86
P5	1259	2182	1147	1778	2572	2747	1250	102,79	0,91
P6	955	2198	1131	1452	2617	3160	925	102,84	0,86
P7	1064	2057	1170	1608	2466	2942	1042	90,51	0,87
P8	1579	2081	1311	1757	2223	3222	1592	78,71	0,96
P9	1220	2361	1209	1347	2449	2832	1208	102,92	0,88
P10	994	2198	991	1962	2546	3463	967	127,54	0,88
P11	1477	2619	1202	1975	3061	3498	1483	133,77	1,05
N12	1501	1519	2855	1801	2602	3899	1508	96,74	1,10
N13	1610	1269	2785	1815	2799	3865	1625	111,50	1,08
N14	1493	1308	2239	1397	2057	3068	1500	68,26	0,92
N15	1438	1090	1810	1316	2576	2874	1442	52,18	0,87
N16	1485	1332	2192	1525	2639	2981	1492	62,11	0,97
N17	1773	1238	2528	1236	3220	2823	1800	112,70	0,97
N18	1586	957	2598	1513	2757	2907	1600	128,52	0,92
N19	1703	1145	2270	1498	3016	2945	1725	88,94	0,97
N20	1540	1254	2707	1538	3047	3472	1550	112,83	1,04
N21	1501	1215	2512	1560	2926	3043	1508	99,16	0,99
N22	1235	1129	2099	1493	2889	3874	1225	66,69	0,95
N23	1368	1121	2660	1707	2538	3295	1367	111,84	0,97

P1 a P11: grupo precoce; N12 a N23: grupo normal. A1: Campos dos Goytacazes -RJ (Safra 2016/1); A2: Campos dos Goytacazes - RJ (Safra 2016/2); A3: Campos dos Goytacazes - RJ (Safra 2017/1); A4: Campos dos Goytacazes - RJ (Safra 2017/2); A5: Macaé -RJ (Safra 2016/2); A6: Italva - RJ (Safra 2017/1)

Os genótipos N12, N13, P2, P11 e N20 obtiveram valores genotípicos superiores ao longo dos ambientes e para o ambiente médio, de acordo com a análise REML/BLUP. Esses genótipos também foram os que apresentaram maiores índices no método MHPRVG, que seleciona simultaneamente genótipos com alta produtividade de grãos e adaptabilidade e estabilidade, apesar de não informar sobre os locais mais semelhantes. Assim, é importante salientar que houve concordância entre os métodos GGE Biplot e REML/BLUP para a discriminação dos melhores genótipos, fato também observado por Santos et al.(2016).

O uso de vários métodos para estimar a adaptabilidade e a estabilidade pode aumentar a confiabilidade na seleção, pois do ponto de vista do melhorista, a interpretação do Biplot "qual ganhou onde" (Figura 2A) pode facilitar a seleção de genótipos para determinados ambientes, explorando, assim, adaptações específicas. Essa interpretação é importante, visto que, na maioria dos casos, nenhum genótipo vence em todos os ambientes. Neste contexto, Olivoto et al. (2019b) citam que o uso do Biplot WAASB × GY (Figura 3) possibilita a interpretação conjunta de estabilidade e produtividade. Deste modo, o uso de métodos conjuntos permite a seleção e a recomendação de cultivares mais produtivas, estáveis e responsivas, tanto para a adaptação ampla quanto para a específica.

3.1.5. CONCLUSÕES

Metodologias multivariadas e modelos mistos devem ser utilizados em conjunto para a seleção dos genótipos estáveis e com alta produtividade de grãos.

Os genótipos de feijão N12 (BRS FP403), N13 (BRS ESTEIO), P2 (BRS ESTEIO), P11 (CNFP 16422) e N20 (CNFP 15684) apresentam boa adaptabilidade geral e alta produtividade, sendo indicados como opção de cultivo para os ambientes testados no Norte Fluminense.

3.2. ÍNDICE MULTICARACTERÍSTICA: SELEÇÃO E RECOMENDAÇÃO DE LINHAGENS DE FEIJÃO PRETO COMO NOVAS CULTIVARES

3.2.1. INTRODUÇÃO

O feijão comum é rico em proteína (Hayat et al., 2014), apresenta alta qualidade nutricional, propriedades antioxidantes e anti-inflamatórias e auxilia na redução da obesidade e nas doenças cardiovasculares (Carbas et al., 2020). Desta forma, é uma das leguminosas mais importantes para o consumo no mundo (Wainaina et al., 2021). É uma das principais fontes de ferro, zinco, ácido fólico e corresponde a 65% da proteína consumida por grande parte da população da África Oriental e América Latina (Coêlho et al., 2020).

O Brasil é um dos maiores produtores e consumidores do mundo, com produtividade média de 1.043 kg ha⁻¹ variando de acordo com o local (Conab, 2022). Isso foi possível devido aos esforços dos pesquisadores em desenvolver genótipos que agreguem combinação ideal de características com alto valor comercial. No entanto, reunir muitas características desejáveis em um único genótipo não é tarefa simples. A seleção de genótipos frequentemente apresenta alta complexidade, visto serem os caracteres agronômicos de importância econômica de natureza quantitativa (Nogueira et al., 2012).

Durante a fase final de desenvolvimento de cultivares de feijão, os melhoristas geralmente se concentram na seleção de poucas características específicas em conexão com a principal característica econômica, produtividade

de grãos. Isso ocorre porque a seleção baseada em múltiplas características pode perturbar o equilíbrio entre as características em razão da associação negativa entre diferentes características e sua interação com o ambiente (Kendal, 2019).

O genótipo que agrega uma combinação ideal de características, tanto morfológicas como fisiológicas, pode ser denominado de ideótipo (Rocha et al., 2018). Para auxiliar na seleção quando se trabalha com o objetivo de reunir diferentes características, são utilizados índices de seleção como o índice de Smith-Hazel (SH). Embora o índice SH seja amplamente utilizado como índice de seleção multicaracterística, há evidências de que sua adoção não é interessante para o melhoramento de plantas, seja em ensaios iniciais (Bhering et al., 2012) ou em etapas avançadas dos programas de melhoramento (Jahufer e Casler, 2015), que são frequentemente conduzidos em ensaios multiambientes (Dallo et al., 2019; Olivoto et al., 2019a; Woyann et al., 2020).

Para contornar as adversidades encontradas nos índices tradicionais, Olivoto e Nardino (2020) desenvolveram um novo índice de seleção simultânea baseado em análise de fatorial, conhecido como *Multi-Trait Genotype-Ideotype Distance Index* (MGIDI), focado na seleção de genótipos e recomendação de tratamentos com base em informações de múltiplos caracteres. O objetivo do índice proposto é avaliado por meio de simulações de Monte Carlo, em que o sucesso na seleção de caracteres com ganhos desejados é computado para diversos cenários, variando o número de genótipos, caracteres avaliados e estrutura de correlação entre caracteres (Olivoto e Nardino, 2020)

Neste mesmo contexto, Yan e Frégeau-Reid (2018) desenvolveram a abordagem "Genotype by Yield*Trait" (GYT) para selecionar os genótipos superiores com base nas multicaracterísticas. Em várias culturas, a característica mais importante é a produtividade de grãos, e as características secundárias são desejáveis apenas quando combinadas com alta produtividade. O GYT-biplot possibilita identificar os genótipos superiores que combinam produtividade de grãos com outras variáveis de importância, ao invés de selecionar apenas para o desempenho de características individuais (Kendal, 2019; Woyann et al., 2020). Dessa forma, na cultura do feijão, em que mais de uma característica é alvo de programas de melhoramento, deve-se dar preferência a metodologias que englobem análises multicaracteristicas na seleção de genótipos.

Diante deste contexto, o objetivo deste trabalho foi selecionar linhagens de feijão preto, utilizando o índice distância genótipo-ideótipo multicaracterística, índice clássico de Smith e Hazel, e avaliar os genótipos com características múltiplas por meio do *genotype by yield*trait biplot*.

3.2.2. REVISÃO

3.2.2.1. Melhoramento genético do feijoeiro

O melhoramento genético de plantas é a base para a segurança alimentar, que contempla um dos Objetivos de Desenvolvimento Sustentável (ODS) que consiste em Fome zero e agricultura sustentável – acabar com a fome alcançar a segurança alimentar e a melhoria da nutrição e promover a agricultura sustentável (Ipea, 2018). A maioria dos programas de melhoramento do feijoeiro foca seus esforços, principalmente, em desenvolver cultivares com alta produtividade (Baldin et al., 2021; Dala Corte et al., 2010), tolerância a pragas (Karungi et al., 2006) e doenças (Poletini et al., 2014; Salegua et al., 2020), tolerância à seca (Asemanrafat et al., 2017; Polania et al., 2016; SMITH et al., 2019;) e qualidade de grão (Carneiro et al., 2016; Kargiotidou et al., 2019).

No Brasil, o melhoramento genético do feijoeiro até a década de 1950 era desenvolvido pelos Institutos Agronômicos do Ministério da Agricultura, pelo Instituto de Campinas e Universidade Federal de Viçosa. No entanto, a produção foi fortemente impactada por motivos climáticos, o que provocou maior atenção dos demais órgãos públicos federais e estaduais, ampliando os programas de melhoramento de feijão no país para a Universidade Federal de Lavras, Embrapa Arroz e Feijão, Empresa de Pesquisa Agropecuária do Estado de Minas Gerais (Epamig), Instituto Agronômico do Paraná, Instituto Agronômico de Pernambuco, além de outras instituições de pesquisa (Borém, 2016; Borém et al., 2021).

Vale mencionar que diversos estudos apontam o progresso genético para produtividade de grãos ao longo dos anos (Abreu et al., 1994; Chiorato et al., 2010; Faria et al., 2014; Matos et al., 2007; Ribero et al., 2003). Isso significou incremento significativo no valor econômico da cultura do feijoeiro, melhoria na

qualidade tecnológica e nutricional, fatores atribuídos ao melhoramento genético da cultura, Assim, é notória a importância que o melhoramento de plantas exerce na cultura do feijoeiro e que, independentemente do programa de melhoramento, em geral são adotadas várias etapas de seleção de genitores, incluindo condução de populações segregantes e recomendação de cultivares (Ramalho et al., 2012).

Em cada etapa reportada, há várias atividades e/ou tomadas de decisão imprescindíveis para o sucesso de um programa de melhoramento genético. Em todas elas, o melhorista lança mão da seleção, seja na escolha dos genitores para obtenção de populações segregantes ou na escolha de linhas e/ou plantas para as próximas gerações. Considerando que o feijão é uma planta predominantemente autógama, com taxa de fecundação cruzada inferior a 5%, são aplicados como métodos a introdução de linhagens e/ou cultivares, a seleção em populações constituídas por uma mistura de linhas puras e o melhoramento por hibridação de duas ou mais linhagens (Fehr, 1987). No final do processo, o objetivo é obter linhagens homozigóticas e/ou cultivares com maior número possível de alelos favoráveis para os caracteres de interesse (Allard, 1971).

A seleção de genitores é uma etapa importante, que deve ser feita de forma criteriosa, pois quando é baseada apenas em caracteres agronômicos desejáveis, não há garantia de obtenção de progênies com alto potencial genético. Entre as técnicas mais utilizadas para seleção de genitores em feijoeiro, estão os cruzamentos dialélicos (Ramalho et al., 1988), que consideram os valores genéticos dos genitores e sua capacidade de se combinarem. Essa técnica analisa o delineamento genético, estimando parâmetros úteis na seleção de genitores para hibridação e no entendimento dos efeitos genéticos envolvidos na determinação dos caracteres (Cruz et al., 2012).

Existem vários métodos para esse propósito, entre eles, citam-se o proposto por Griffing (1956), em que são estimados os efeitos e as somas de quadrado de efeito de capacidade geral e específica de combinação; o método proposto Gardner e Eberhart (1966), em que são avaliados os efeitos de variedades e a heterose varietal; e o método o proposto por Hayman (1954), que dá informações sobre o mecanismo de herança do caráter em estudo, dos valores genéticos dos genitores utilizados e do limite de seleção. A escolha de um deles é feita segundo os objetivos do estudo. Diversos estudos têm empregado a

técnica de cruzamento dialélico em feijão comum (Arruda, et al., 2019; Ferreira et al., 2018; Pereira et al., 2019; Torres et al., 2022).

Após a seleção dos genitores e como eles serão cruzados para obter as populações segregantes, a próxima etapa é estabelecer o método de condução dessas populações. Há várias opções, cada uma apresenta suas particularidades e pode ser consultada em várias publicações (Borém, et al., 2021; Fehr, 1988; Ramalho et al., 2012). A decisão de escolha também consiste no custo envolvido na sua condução. Alguns estudos comparam os diferentes métodos de condução de populações segregantes em feijão comum (Dias et al., 2021; Raposo et al., 2000; Silva et al., 2008).

Já a etapa final do melhoramento genético do feijoeiro é caracterizada por uma série de avaliações dos genótipos potenciais em redes de ensaios de Valor de Cultivo e Uso (VCU) em vários ambientes, que incluem locais e anos, que representam as diversas condições de cultivo a que uma cultivar pode ser submetida (Pereira et al., 2009). Esse cenário pode dificultar a seleção de genótipos promissores, pois se for detectada presença da interação Genótipo Ambiente (GA), ou seja, a variação no desempenho de genótipos frente às condições ambientais, é necessária a utilização de métodos acurados para manejar. Além desse componente de interação, ainda vale reportar que, em geral, os genótipos são selecionados para mais de uma característica, com a necessidade de emprego de índices de seleção, essenciais na obtenção de maior confiabilidade e melhoria no valor genotípico populacional (Pereira et al., 2009).

Recentemente a UENF lançou duas cultivares de feijão preto, UENF 2014 e UENF Rio Paraíba, que apresentam alta produtividade e qualidade dos grãos comerciais. No entanto estas cultivares somente são adaptadas ao 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).

3.2.2.2. Índice de seleção

Os programas de melhoramento genético de feijão comum têm como principal interesse selecionar genótipos com alta produtividade. No entanto, há outros caracteres importantes a serem incorporados simultaneamente, incluindo

qualidade nutricional, resistência a doenças, entre outros. Todavia não é uma tarefa fácil. Assim, os índices de seleção têm como objetivo otimizar a seleção que constitui um caráter adicional, estabelecido pela combinação linear ótima de vários caracteres (Cruz et at., 2012).

Existem diversos índices de seleção descritos na literatura que resultam em diferentes ganhos percentuais em cada caráter de interesse. O primeiro índice para o melhoramento de plantas como critério de seleção foi proposto por Smith (1936). Hazel (1943) adaptou esse procedimento do melhoramento animal. É um índice paramétrico para o qual é necessário determinar o valor econômico relativo de cada caráter, sendo utilizadas matrizes de variância e covariância genotípica e fenotípica entre cada par de caracteres, com habilidade do melhorista para definir os pesos econômicos para cada um deles.

Esse índice é considerado genético, tendo em vista que, apesar de ponderar valores fenotípicos, usar as herdabilidades dos vários caracteres capitaliza também os benefícios da seleção entre os demais caracteres por considerar também as correlações genéticas e fenotípicas entre os caracteres. No entanto, esse índice não corrige os efeitos ambientais e não considera a correlação genética entre indivíduos aparentados (Viana e Resende, 2014).

Em programas de melhoramento de feijão comum, os genótipos são avaliados em mais de uma safra e em diferentes anos, caracterizando ensaios multiambientes. Isso posto, é importante o uso de índices robustos que capitalizem todos os efeitos aditivos de genótipo e ambiente e ainda a interação entre esses fatores, o que caracteriza o componente genótipo-ambiente-interação. Uma fragilidade dos índices de seleção linear é a colinearidade frequentemente observada no conjunto de características avaliadas, o que pode enviesar os coeficientes de regressão múltipla e, assim, corroer os ganhos de seleção (Silva et al., 2021)

Para atenuar os inconvenientes encontrados nos índices tradicionais, Olivoto e Nardino (2021) propuseram um índice de seleção simultânea baseado em análise de fatorial, conhecido como *Multi-Trait Genotype-Ideotype Distance Index* (MGIDI), com foco na seleção e recomendação de genótipos com base em informações de múltiplos caracteres. O ponto chave subjacente ao uso de MGIDI é a escolha de um genótipo ideal. Os melhoristas devem então identificar um

conjunto de caracteres-chave a serem utilizados, que certamente irão variar, dependendo do objetivo do estudo.

O índice MGIDI tem muitas aplicações práticas por permitir um processo de seleção único e fácil de interpretar. Além de lidar com características colineares, o índice MGIDI não requer o uso de pesos econômicos como no índice Smith e Hazel, no qual, podem ser previstos ganhos genéticos e econômicos para várias combinações possíveis de parâmetros genéticos e pesos econômicos assumidos (Burdon e Li, 2019). Isso significa que o índice MGIDI pode auxiliar os melhoristas a garantir ganhos de longo prazo em caracteres primários, como produtividade de grãos, sem comprometer os ganhos genéticos de caracteres secundários, como, por exemplo, altura da planta.

Vale mencionar que a aplicação do MGIDI no contexto da recomendação de genótipos em experimentos com plantas é promissora, mas ainda não explorada na literatura recente. Olivoto et al. (2022) enfatizam a necessidade de estender os fundamentos teóricos do MGIDI para analisar experimentos de plantas com informações sobre múltiplos caracteres, identificando tratamentos que proporcionem desempenho favorável para a maioria dos caracteres em estudo.

3.2.3. MATERIAL E MÉTODOS

3.2.3.1. Local de cultivo e delineamento experimental

Os ensaios foram conduzidos em Campos dos Goytacazes -RJ, nos anos de 2020 e 2021. O município está localizado na região Norte do Estado do Rio de Janeiro, a 21º 19' 23" sul e 41º 19' 40" oeste, com altitude variando de 20 a 30 m. Segundo a classificação de Köppen, o clima da região é classificado como tropical úmido (Aw), com verão chuvoso e inverno seco. Segundo a Estação Climatológica, o município apresenta amplitude térmica pequena e precipitação média anual de 1.055,3 mm (Mendonça, 2014).

Foi utilizado o delineamento experimental em blocos casualizados, com 28 genótipos (Tabela 1) e três repetições. A parcela experimental foi constituída por quatro linhas com 4,0 metros de comprimento, espaçadas de 0,50 metros entre si, com densidade de semeadura de 15 sementes por metro, considerando área útil as duas linhas centrais. As variáveis avaliadas foram dias de florescimento (DF), número de vagens por planta (NVP), número de sementes por vagem (NGV), comprimento da vagem (CV) e massa de cem grãos (MCG). A produtividade de grãos foi avaliada pela colheita manual das plantas contidas em duas fileiras de 4,0 m de comprimento na área útil de cada unidade experimental. As plantas, após arrancadas, foram secas ao sol e, posteriormente, trilhadas mecanicamente. Os grãos foram pesados e, posteriormente, calculada a produtividade em kg ha-1 e corrigida a umidade para 13%.

Tabela 1. Relação de genótipos de feijão preto normal e feijão preto precoce, utilizados em três locais do Estado do Rio de Janeiro.

ID	Genótipo	Tipo	Origem	ID	GEN	Tipo	Origem
G1	BRS-ESTEIO	Ν	Embrapa	G15	CNFP17494	Ν	Embrapa
G2	BRS-CAMPEIRO	Р	Embrapa	G16	CNFP17466	Р	Embrapa
G3	BRS-FP403	Ν	Embrapa	G17	CNFP19248	Ν	Embrapa
G4	IPR-UIRAPURU	Ν	lapar	G18	CNFP18310	Р	Embrapa
G6	IAC-VELOZ	Р	IAC	G19	CNFP19263	Ν	Embrapa
G7	CNFP16422	Р	Embrapa	G20	CNFP19740	Р	Embrapa
G7	CNPF16422	Ν	Embrapa	G21	CNFP19266	Ν	Embrapa
G8	CNFP17435	Ν	Embrapa	G22	CNFP19741	Р	Embrapa
G9	CNFP17058	Р	Embrapa	G23	CNFP19325	Ν	Embrapa
G10	CNFP17445	Ν	Embrapa	G24	CNFP19745	Р	Embrapa
G11	CNFP17457	Р	Embrapa	G25	CNFP19347	Ν	Embrapa
G12	CNFP17456	Ν	Embrapa	G26	CNFP19746	Р	Embrapa
G13	CNFP17489	Р	Embrapa	G27	CNFP19349	Ν	Embrapa
G14	CNFP17459	Ν	Embrapa	G28	CNFP19747	Р	Embrapa

ID: Identificação; N = Ciclo normal; P = Ciclo precoce.

3.2.3.2. Análises estatísticas

Para a metodologia de modelos lineares mistos, foi utilizado o método da máxima verossimilhança restrita/melhor predição linear não viesada (REML/BLUP) de acordo com o seguinte modelo:

$$y = Xb + Zg + Wc + e$$

Em que y, \mathbf{b} , \mathbf{g} , \mathbf{c} e \mathbf{e} correspondem, respectivamente, aos vetores de dados de efeitos fixos (médias de blocos através dos ambientes), efeitos dos genótipos (aleatório), efeitos da interação genótipo x ambiente (aleatório) e de erros aleatórios; e X, Z e W representam matrizes de incidência para b, g e c, respectivamente.

3.2.3.3. Índice de estabilidade de múltiplas características (MTSI)

A seleção para desempenho médio e estabilidade considerando multicaracterística foi baseada na distância genótipo-ideótipo (distância Euclidiana), usando as pontuações obtidas em uma análise fatorial exploratória da seguinte forma:

$$X = \mu + Lf + \varepsilon$$

$$F = Z(A^T R^{-1})^T$$

Em que F é uma matriz g x f com os escores fatoriais; Z é a matriz g x p com médias padronizadas; A é a matriz p x f de carregamentos canônicos e R é uma matriz de correlação p x p entre as características; e g, f e p representam o número de genótipos, fatores retidos e características analisadas, respectivamente.

Por definição, o ideótipo tem o maior WAASBY (100) para todas as variáveis analisadas. O WAASBY foi calculado de acordo com a equação:

$$\frac{\square}{\sum_{k=1}^{p} EP_k}$$

Em que WAASB é a média ponderada dos escores absolutos do i-ésimo genótipo; $IPCA_{ik}$ é o escore do i-ésimo genótipo no k-ésimo eixo de componentes principais de interação (IPCA); e EP_k é o valor da variância explicada pelo k-ésimo IPCA. O genótipo com menor valor de WAASB é considerado o mais estável (Olivoto et al., 2019a). A terceira e última etapa foi a estimativa do índice de estabilidade multicaracterística (MTSI), de acordo com a equação:

$$MTSI_i = \left[\sum_{j=1}^{f} (F_{ij} - F_j)^2\right]^{0,5}$$

Em que *MTSI_i* é o índice de estabilidade multicaracterística para o *i-ésimo* genótipo; F_{ij} é a *j-ésima* pontuação do *i-ésimo* genótipo; e F_j é a *j-ésima* pontuação do ideótipo. O genótipo com menor *MTSI* está mais próximo do ideótipo, apresentando, portanto, alto desempenho e estabilidade para todas as variáveis analisadas. O diferencial de seleção para desempenho médio foi calculado para cada característica, considerando uma intensidade de seleção de 30%.

3.2.3.4. Índice de distância genótipo ideótipo multicaracterística (MGIDI)

O índice de distância MGIDI proposto por Olivoto e Nardino (2020) foi usado para identificar os genótipos que agreguem de forma desejada a maioria das características dentro de cada ambiente. O MGIDI consiste em, conhecendo o genótipo ideal, reescalonar as variáveis para que todas se encontrem em um intervalo de 0-100 (Olivoto e Nardino, 2020), segundo a seguinte equação:

$$rX_{ij} = \frac{\eta_{nj} - \varphi_{nj}}{\eta_{oj} - \varphi_{oj}} x (\theta_{ij} - \eta_{oj}) + \eta_{nj}$$

Em que η_{nj} e φ_{nj} são os novos valores máximo e mínimo para o traço j após o reescalonamento, respectivamente; η_{oj} e φ_{oj} são os valores originais máximos e mínimos para o traço j, respectivamente; e θij é o valor original para a j-ésima característica do i-ésimo genótipo. Para DF, em que valores mais baixos são desejados, é considerado $\eta_{nj}=0$ e $\varphi_{nj}=100$. Para todas outras características, em que valores maiores são desejados, foi considerado $\eta_{nj}=100$ e $\varphi_{nj}=0$. Assim, o genótipo ideal seria aquele com 100 para todas as características após o reescalonamento.

Posteriormente, foi feita análise fatorial exploratória com rXij para agrupar as características relacionadas e reduzir a dimensionalidade dos dados, gerando cargas fatoriais para cada genótipo (Olivoto e Nardino, 2020), através da seguinte equação:

$$X = \mu + Lf + \varepsilon$$

Em que X é um vetor $p \times 1$ de observações reescalonadas; μ é o vetor $p \times 1$ de médias padronizadas; f é o vetor $p \times 1$ de fatores comuns; e ϵ é o vetor $p \times 1$ de resíduos, sendo $p \in f$ o número de características e fatores comuns retidos, respectivamente. Os autovalores e autovetores são obtidos da matriz de correlação de rXij, sendo retidos apenas os que apresentarem autovalores maiores que 1 (um), e os scores são obtidos pela equação:

$$F = Z(A^T R^{-1})^T$$

Em que F é uma matriz g x f com os escores fatoriais; Z é a matriz g x p com médias padronizadas; A é a matriz p x f de carregamentos canônicos e R é uma matriz de correlação p x p entre as características; e g, f e p representam o número de genótipos, fatores retidos e características analisadas, respectivamente. Então foi estimada a distância euclidiana entre os scores dos genótipos e os genótipos ideais, sendo calculado como o índice MGIDI (Olivoto e Nardino, 2020) pela equação:

$$MGIDI_i = \left[\sum_{j=1}^f (Y_{ij} - Y_j)^2\right]^{0.5}$$

Em que Y_{ij} é o score do *i-ésimo* genótipo no *j-ésimo* fator (i = 1, 2, , g; j = 1, 2, f), com g e f o número de genótipos e fatores, respectivamente; e Y_j é o *j-ésimo* score do ideótipo. O genótipo que apresenta menor MGIDI é mais próximo do ideótipo, apresentando valores desejados para todas as características avaliadas. O diferencial de seleção para todas as características foi calculado considerando uma intensidade de seleção de 30% assim, os genótipos com menor MGIDI, ou seja, mais próximos do ideótipo, foram selecionados.

3.2.3.5. Índice multicaracterístico baseado em análise de fatores e distância genótipo-ideótipo (FAI-BLUP)

Para obtenção do FAI-BLUP, estimou-se a distância entre o ideótipo e cada genótipo e, em seguida, converteu-se em uma probabilidade espacial, para que os genótipos pudessem ser classificados (Rocha et al., 2018). A fórmula de cálculo do índice FAI-BLUP é a seguinte:

$$P_{ij} = \frac{\frac{\mathbf{1}}{d_{ij}}}{\sum_{i=1,j=1}^{i=n,j=m} \frac{\mathbf{1}}{d_{ij}}}$$

Em que P_{ij} é a probabilidade de o genótipo (i=1, 2,...,n) ser semelhante ao ideótipo j (j=1, 2,...,m); e d_{ij} é a distância genótipo ao ideótipo j, com base na distância euclidiana média padronizada.

3.2.3.6. Índice Smith-Hazel

A fórmula de cálculo do índice Smith-Hazel (SH) do método clássico de avaliação de estabilidade multicaracterística é a seguinte:

$$I_i = \sum_k b_k \overline{y}_{ik}$$

Em que Ii é o valor do índice calculado para a progênie i; b_k é o coeficiente de ponderação do índice associado ao caráter k; e \overline{y}_{ik} é a média fenotípica da progênie i relativa ao caráter k. Os valores de b_k foram estimados por $b = P^{-1}Gxa$, em que P^{-1} é a inversa da matriz de covariâncias fenotípicas médias entre caracteres; G é a matriz das variâncias e covariâncias genotípicas na média de progênies entre os caracteres; e a é o vetor dos pesos econômicos dos caracteres. A intensidade de seleção utilizada foi de 30%.

3.2.3.7. Genotype by Yield*Trait (GYT) Biplot

A análise *Genotype by Yield*Trait* utilizou a teoria proposta por Yan e Frégeau-Reid (2018). Esta análise foi baseada nas informações das médias fenotípicas. Quando o melhorista pretende aumentar a variável, ela é multiplicada pela produtividade de grãos. Por outro lado, quando o interesse do melhorista for reduzir a característica, a média da variável, por exemplo, o número de dias para a floração é dividido pela produtividade de grãos. Os dados para análise GYT foram padronizados para a média de cada característica. A padronização foi feita de acordo com a equação:

$$P_{ij} = \left(T_{ij} - \frac{\overline{T}}{S_j}\right)$$

Em que P_{ij} é o valor padronizado do genótipo i para a variável ou combinação produtividade de grãos x característica j; T_{ij} é o valor original do genótipo i para a variável ou combinação produtividade de grãos x característica j na tabela GT ou GYT; \overline{T} é a média entre os genótipos para a variável ou combinação produtividade de grãos x característica j; e S_j é o desvio padrão para a variável ou combinação produtividade de grãos x característica j.

O GYT Biplot foi baseado nos dois primeiros componentes principais (PC) obtidos pela decomposição em valor singular (DVS). No entanto, a padronização foi feita para todos os dados utilizados na seleção simultânea. A DVS da tabela GYT foi convertida em autovalores de genótipos, autovalores de características e valores singulares de acordo com a equação proposta por Yan e Frégeau-Reid (2018):

$$P_{ij} = (d\lambda_1^\alpha \xi_{i\mathbf{1}}) \left(\frac{\lambda_1^{1-\alpha} \ \tau_{\mathbf{1}j}}{d}\right) + (d\lambda_2^\alpha \ \xi_{i\mathbf{2}}) \left(\frac{\lambda_2^{1-\alpha} \ \tau_{\mathbf{2}j}}{d}\right) + \varepsilon_{ij}$$

Em que ξ_{i1} e ξ_{i2} são os autovalores de PC1 e PC2 para o genótipo i, respectivamente; τ_{1j} e τ_{2j} são os autovalores de PC1 e PC2, respectivamente, para a combinação produtividade de grãos x característica j; $\lambda 1$ e $\lambda 2$ são os valores singulares de PC1 e PC2, respectivamente; α é o fator singular de partição do valor; d é a distância escalar escolhida para que o maior comprimento do vetor entre os genótipos permanecesse igual ao comprimento entre os caracteres; e ε_{ij} é o resíduo do ajuste do PC1 e PC2 para o genótipo i na combinação produtividade de grãos x característica j. Todas as análises foram feitas utilizando os pacotes lme4, metan e ggplot2 integrados, software R (R Development Core Team, 2021).

3.2.4. RESULTADOS

A estimativa da variância residual apresentou a maior proporção da variância fenotípica para todas as variáveis. Entretanto, para dias de florescimento (DF), a proporção da estimativa de variância genotípica (1,07) foi similar às estimativas da variância residual (1,08), refletindo diretamente em maior herdabilidade (Tabela 2).

As maiores estimativas de herdabilidade foram observadas para DF (0,50), MCG (0,42). As demais variáveis apresentaram valores baixos ou moderados para herdabilidade, variando de 0,08 para NVP a 0,19 para produtividade. Em relação à acurácia da seleção de genótipos, foram observadas variações de 0,46 a 0,87 para NVP e DF, respectivamente. A relação entre *CVg/CVr* variou de 0,30 para NVP a 1,0 para o caráter DF.

Tabela 2. Estimativa dos componentes de variância e parâmetros genéticos para dias para florescimento (DF), comprimento de vagem (CV), número de vagem por planta (NVP), número de grãos por vagem (NGV), massa de 100 grãos (MCG) e produtividade de grãos (PROD), avaliados em 28 genótipos de feijão preto.

Componente	DF	CV	NVP	NGV	MCG	PROD
$\widehat{\sigma}_{g}$	1,07	0,05	3,60	1,96	2,81	11580,09
$\widehat{\sigma}_r$	1,08	0,54	40,81	11,09	4,06	49532,12
$\widehat{\sigma}_f$	2,15	0,60	44,41	13,05	6,87	61112,20
h²	0,50	0,09	0,08	0,15	0,42	0,19
Acurácia	0,87	0,48	0,46	0,59	0,54	0,64
CVg	2,24	1,91	12,48	17,65	4,60	10,72
CVr	2,25	6,04	42,04	42,01	12,57	22,17
CVg / CVr	1,00	0,32	0,30	0,42	0,37	0,48

No que tange aos índices de seleção, foi assumida a intensidade de seleção de 30%, representada pelo círculo vermelho. Pode-se observar que o índice MTSI selecionou apenas quatro genótipos - G1, G3, G27 e G9 (Figura 1A). Já para o índice MGIDI, foram selecionados oito genótipos - G15, G19, G9, G1, G3, G27, G23 e G13 (Figura 1B). Os genótipos G2 e G25 ficaram muito próximos do ponto de corte (círculo vermelho) para os índices MTSI e MGIDI, respectivamente.

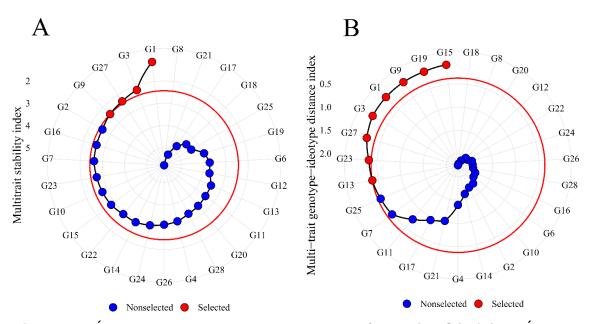


Figura 1. Índice de estabilidade multicaracterística (MTSI) (A) e Índice de distância de genótipo-ideótipo multicaracterística (MGIDI) (B) para 28 genótipos de feijão preto. Genótipos selecionados são indicados na cor vermelha e o círculo vermelho representa o ponto de corte de acordo com a pressão de seleção.

Os índices Smith-Hazel (Figura 2A) e FAI-BLUP (Figura 2B) selecionaram quatro genótipos, G17, G3, G23, G19 e G17, G13, G23 e G3, respectivamente. Vale ressaltar que os genótipos G17 e G23 foram selecionados pelos índices na mesma posição.

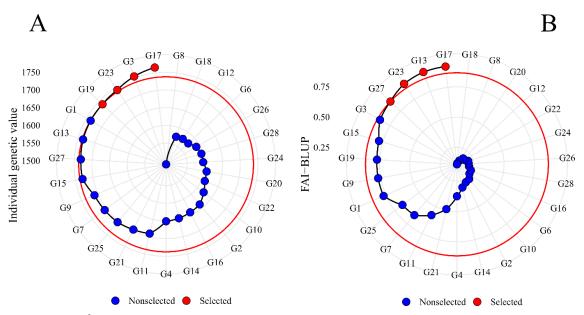


Figura 2. Índice Smith-Hazel (A) e índice FAI-BLUP (B) para 28 genótipos de feijão preto. Genótipos selecionados são indicados na cor vermelha e o círculo vermelho representa o ponto de corte de acordo com a pressão de seleção.

Os genótipos G3, G27 e G23 foram selecionados mais vezes, seguidos por G1, G9, G15, G19 e G13 (Figura 3), implicando que esses dois genótipos tiveram um desempenho melhor e mais estável em diferentes ambientes. Dos oito genótipos selecionados, o índice MGIDI compartilha os quatro selecionados pelo índice FAI-BLUP e índice SH. Os genótipos G3, G23 e G27 foram comuns a todos os índices, sugerindo que esses genótipos apresentam uma ampla adaptação, apresentando bom desempenho em diferentes ambientes. Já o genótipo G17 foi selecionado exclusivamente pelo índice FAI-BLUP e SH, sugerindo uma adaptação estreita desse genótipo.

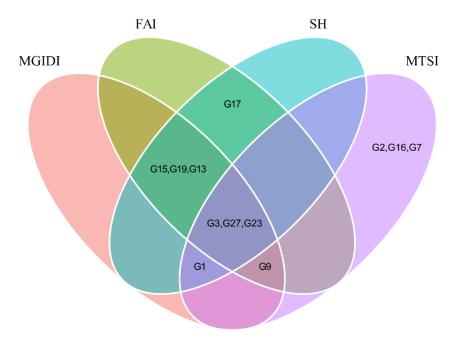


Figura 3. Diagrama de Venn com os genótipos selecionados pelo índice de estabilidade multicaracterística (MTSI), índice de distância de genótipo-ideótipo multicaracterística (MGIDI), índice Smith-Hazel (SH) e índice FAI-BLUP para 28 genótipos de feijão preto.

A variável MCG obteve o menor ganho na seleção direta (0,01), mas apresentou ganhos positivos nos índices de seleção indireta, variando de 3,10% a 6,15% para o índice FAI-BLUP e MTSI, respectivamente (Tabela 3). A variável NGV apresentou maior frequência de desvios de seleção (DS) negativos em todos os índices, com exceção do FAI-BLUP. Isso pode ocasionar uma elevada frequência de genótipos selecionados com desvios de seleção individuais negativos. Devemos considerar ainda que o objetivo da seleção da variável DF é redução, deste modo, apenas a seleção direta e o índice FAI-BLUP apresentaram ganhos para essa variável.

Entre as variáveis selecionadas, PROD, MCG e NVP apresentaram os maiores ganhos genéticos, 11,42%, 6,15% e 10,47%, respectivamente, no índice MTSI. Já em relação ao índice FAI-BLUP, ele foi o único a apresentar ganhos negativos para as variáveis CV e NVP, 0,14% e 6,09%, repectivamente. De maneira geral, o índice MTSI proporcionou ganhos totais maiores, ou seja, 28,3% para as variáveis com diferencial de seleção positivo

Tabela 3. Diferencial de seleção genética com base na seleção direta (DS) e indireta via índices MTSI, MGIDI, SH e FAI-BLUP para as características dias para florescimento (DF), comprimento de vagem (CV), número de vagem por planta (NVP), número de grãos por vagem (NGV), massa de 100 grãos (MCG) e produtividade de grãos (PROD), considerando uma intensidade de seleção de 30%.

Variável ₋	Diferencial de seleção (%)							
	SD	MTSI	MGIDI	SH	FAI-BLUP			
DF	-0,38 (0,82)	0,04 (0,08)	0,50 (1,08)	0,80 (1,73)	-0,75 (1,63)			
CV	0,28 (2,31)	0,02 (0,17)	0,10 (0,85)	0,15 (1,22)	-0,02 (0,14)			
NVP	0,43 (2,81)	1,60 (10,47)	1,24 (8,13)	1,29 (8,47)	-0,93 (6,09)			
NGV	0,31 (3,84)	-0,67 (8,48)	-0,90 (11,36)	-0,86 (10,8)	0,94 (11,90)			
MCG	0,01 (0,06)	1,21 (6,15)	0,65 (3,30)	0,68 (3,45)	0,61 (3,10)			
PROD	14,65 (1,46)	114,80 (11,42)	84,05 (8,37)	88,20 (8,78)	93,20 (9,28)			

A análise GT-biplot representou um total de 79,82% da variância, sendo 65,59% e 14,23% do PC1 e PC2, respectivamente (Figura 4A), enquanto a combinação genótipo por produtividade x variável apresenta PC1 (76,55%) e PC2 (21,16%), somando 97,71% da variância total explicada pelos dois primeiros eixos (Figura 4B). Ambas as abordagens apresentaram valores indicados como adequados para exibir graficamente os dados, em que mais de 70% deveriam explicar a variação dos dados.

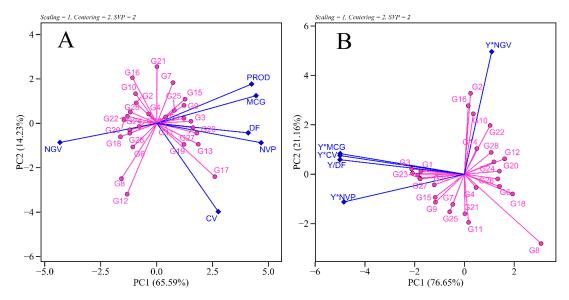
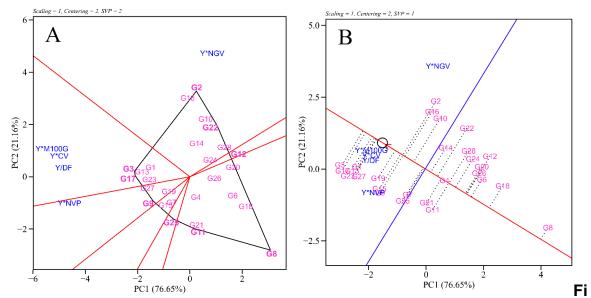


Figura 4. Genotype by trait biplot (A) e genotype by yield*trait biplot (B) de 28 genótipos de feijão preto, cultivados em 2020 e 2021.

Em relação ao biplot quem-venceu-onde (Figura 5A), observou-se formação de um polígono, resultante da ligação entre os genótipos com vértices mais longos em todas as direções. Em cada lado do polígono, foi traçada uma linha partindo da origem do Biplot (linha vermelha), dividindo-o em setores que representavam os perfis dos genótipos em relação às características. Nesse contexto, os genótipos localizados em cada vértice apresentaram os maiores valores para a combinação produtividade de grãos x característica.



gura 5. Biplot quem-venceu-onde considerando genotype by yield*trait (A) e média, adaptabilidade e estabilidade para genotype by yield*trait (B) de 28 genótipos de feijão preto, cultivados em 2020 e 2021.

O polígono apresentou formação de sete setores, mas apenas três continham as variáveis analisadas. No ápice do primeiro setor, o G2 apresentou os maiores valores para o Y*NGV e o genótipo G16 também apresentou potencial para esta combinação. Os genótipos G3 e G17 foram os melhores para as combinações Y*MCG, Y*CV e Y/DF. Já o genótipo G9 foi superior para a combinação Y*NVP.

Em relação ao gráfico "means x stabilities" (Figura 5B), são observadas duas linhas que se cruzam na origem do biplot (centro do gráfico). A linha vermelha é o eixo do testador médio (ETM). A localização do ETM na figura denota a colocação média de todos os vetores da combinação produtividade x

característica. A seta aponta para valores médios mais altos dos genótipos em todas as combinações de produtividade x característica. O ETM serve para classificar os genótipos com base em sua superioridade ou utilidade geral. Já a linha azul separa os genótipos com desempenho geral acima da média daqueles com desempenho geral abaixo da média (Yan and Frégeau-Reid, 2018).

A ordem dos genótipos que tiveram classificações superiores com base na capacidade de combinar produtividade de grãos e características alvo foi G3>G17>G23>G1>G27>G19. Por outro lado, G8, G18 e G6 foram considerados os piores em relação aos demais. O G3 e o G17 foram considerados os mais equilibrados para diversas características. Além disso, o G1 é o mais estável para a maioria das características, mas está dentro do grupo com desempenho geral abaixo da média.

3.2.5. DISCUSSÃO

As estimativas da relação *CVg/CVr* observadas indicam que, de forma geral, as variáveis analisadas apresentam maior expressão do componente ambiental em detrimento do componente genético e, consequentemente, menor ganho com seleção por meio dessas variáveis, pois obtiveram estimativas moderadas ou baixas de herdabilidades (h²). Todavia, considerando os valores do coeficiente de variação genético que quantifica a magnitude da variação genética disponível para seleção, pode-se inferir a existência de genótipos com constituição genética superior.

Deve-se salientar que, em populações avançadas, a variabilidade genética é menor que nas fases iniciais, e a probabilidade de obter genótipos com diferencial de seleção individual simultaneamente elevados é menor que em populações em fases iniciais submetidas a uma maior intensidade de seleção. Este fato justifica o uso de 30% de intensidade de seleção utilizado neste trabalho. Mas o delineamento experimental empregado nesta fase fornece estimativas mais acuradas dos valores genotípicos em razão do emprego de repetições e das avaliações em múltiplos locais. Além disso, a frequência de

genótipos que apresentam caracteres indesejáveis que afetam a produtividade como suscetibilidade a pragas e doenças é menor.

A precisão experimental foi avaliada por estimativas de acurácia seletiva. Este parâmetro reflete a qualidade das informações e dos procedimentos utilizados na predição dos valores genéticos. Essa medida está associada à precisão da seleção e se refere à correlação entre valores genéticos preditos e valores genéticos verdadeiros dos indivíduos (Pimentel et al., 2014). Neste contexto, foram observados valores moderados a altos de acurácia, o que representa boa precisão na identificação de indivíduos.

A maioria dos genótipos selecionados pelos índices foram as linhagens avançadas (Figuras 1 e 2). Deste modo, pode-se inferir que as linhagens selecionadas têm potencial genético para originar novas cultivares, apresentando as características desejadas e, deste modo, se diferenciando das cultivares já existentes no mercado. Devem ser observados, além dos indivíduos selecionados, aqueles próximos ao ponto de corte (círculo vermelho), o que sugere que estes genótipos podem apresentar características interessantes. Assim, o pesquisador deve investigar genótipos muito próximos do ponto de corte (Olivoto et al., 2019a).

Os diferenciais de seleção para comprimento de vagem foram baixos para a maioria dos índices. Os ganhos não tão expressivos podem ser explicados pelo fato de a seleção simultânea de várias características reduzir o ganho genético por característica individualmente. No entanto, para as características em que os ganhos foram mais reduzidos, Zetouni et al. (2017) destacam que esta redução pode ser equilibrada pelos ganhos genéticos no conjunto de características (Almeida et al., 2021).

No geral, o índice MGIDI proporcionou ganhos satisfatórios com boa efetividade ao selecionar os genótipos próximos do ideótipo em que são desejados maior tamanho de vagem, maior número de vagem por planta, massa de 100 grãos e maiores valores de produtividade. Entretanto, os ganhos obtidos nessas variáveis vêm acompanhados com redução no número de grãos por vagem. Diferenciais de seleção negativos são interessantes quando se visa à redução da variável no desenho do ideótipo. Dito isto, verificamos a possibilidade de sucesso na utilização do índice de seleção para redução do ciclo por meio da

variável dias para florescimento e aumento da produtividade de grãos, considerando o índice FAI-BLUP.

Ao comparar o índice clássico de Smith-Hazel com o índice FAI-BLUP, MTSI e MGIDI, o somatório dos diferenciais de seleção de SH mostra ganhos positivos (23,56%). Os ganhos totais de SH se situaram próximo dos encontrados para o índice MGIDI, quando consideramos a produtividade de grãos e os componentes da produção, mas o índice SH foi inferior ao observado para MTSI e FAI-BLUP.

Um programa de melhoramento baseado em ideótipo foca em multicaracterísticas simultaneamente. Este método difere de outras abordagens multivariadas no melhoramento de plantas, como o índice clássico de Smith-Hazel, que tende a focar em poucas características. Focar diretamente em poucas variáveis simplifica estatisticamente o problema (Van Oijen & Hoglind, 2016), porém informações importantes podem não ser consideradas nas análises de dados.

Assim, diversos estudos têm relatado a eficiência dos índices de seleção multivariados para seleção simultânea no melhoramento de plantas. Alguns exemplos incluem a seleção de genótipos de soja resistentes à seca e à salinidade (Zuffo et al., 2020), ideótipos de trigo para pão para adaptação a condições de semeadura precoce (Farhad et al., 2022), linhagens de milheto para resistência à mosca da parte aérea (Padmaja et al., 2022) e genótipos de grãode-bico tolerantes à seca (Hussain et al., 2021).

Na análise GYT-biplot (Figura 4), as variáveis tendem a ser positivamente correlacionadas, pois apresentam um componente de rendimento, mesmo que essas variáveis *per se* sejam negativamente correlacionadas (Yan & Frégeau-Reid, 2018). Essa abordagem permite hierarquizar os genótipos com base em seus níveis de combinações produtividade-características.

Com relação à Figura 5A, pode-se inferir que os genótipos G3 e G17 foram os melhores para combinar características de rendimento de grãos com massa dos grãos e precocidade. Nos programas de melhoramento do feijão, as cultivares não são selecionadas apenas quando apresentam grande produtividade de grãos, pois outras características como DF e MCG são importantes para melhorar a qualidade e, consequentemente, o valor final do produto. Como resultado, as características de precocidade e tamanho do grão são relevantes

nas análises para o ideótipo do feijão. Assim, buscando ampliar a variabilidade, seria interessante o cruzamento entre esses genótipos para obter populações segregantes com maior potencial produtivo e precocidade.

Essa superioridade pode ser explicada pela cultivar G3 (RS-FP403), que já é comercializada no mercado por suas características agronômicas superiores, além de sua capacidade de adaptação às condições do Cerrado e Mata Atlântica. A mesma interpretação pode ser feita para o genótipo G1 (BRS-Esteio), por ter se situado entre os genótipos com desempenho superior para o conjunto de variáveis.

Deve-se salientar ainda que 10 genótipos, incluindo a cultivar controle, estavam presentes naqueles setores que não continham quaisquer combinações de produtividade x características, o que implica que esses genótipos obtiveram o pior desempenho entre as características estudadas em combinação com a produtividade de grãos, em comparação com o restante dos genótipos.

A visualização do eixo do testador médio (ETM) no gráfico "means x stabilities" (Figura 5B) é um recurso exclusivo do biplot GYT, pois exibe as classificações dos genótipos concorrentes com base nos pontos fortes e fracos de cada genótipo, que não podem ser visualizados em outros biplots, incluindo biplot GT (Yan et al., 2019). Esta visão categorizou os grupos de genótipos inferiores e superiores separados pela linha azul.

Neste estudo, o ETM biplot agrupou 12 genótipos como superiores. Entre esses genótipos, G3, G17, G23 e G1 tiveram perfil superior de características, ou seja, mais próximo do ideótipo. Deve-se salientar que esses genótipos foram aqueles selecionados pelos índices multivariados, igualmente pelo índice de SH, indicando sua superioridade, assim como a coincidência dos índices com o método GYT biplot em selecionar genótipos superiores.

Outro ponto importante é que os genótipos próximos ao ponto de corte (Figura 1 e 2) estão presentes entre o grupo de genótipos superiores (Figura 5B), ratificando a importância de atenção a esse grupo de indivíduos, pois eles podem apresentar características de interesse. Em contraste, os demais genótipos inferiores tiveram um perfil de característica desfavorável, quando avaliados em combinação com a produtividade de grãos podendo, portanto, ser rejeitados com base nestas características múltiplas.

Quando o objetivo do programa de melhoramento for melhorar o desempenho de mais de uma característica, ferramentas semelhantes a GYT-biplot são de fundamentais, por permitirem a recomendação de genótipos com melhor desempenho de várias características simultaneamente. A combinação das análises GYT-biplot com índices de seleção multicaracterísticos e valores BLUP representou uma grande vantagem, também observada por Woyann et al. (2020). Isso está relacionado ao fato de a análise GYT-biplot e de os índices multicaracterísticos se destacarem como metodologias úteis que superam as metodologias clássicas para lidar com o cenário de multicaracterísticas e por ser uma ferramenta visual para descrever a performance dos genótipos e hierarquizálos. Em última análise, combinar essas análises melhora a confiabilidade dos resultados.

3.2.6. CONCLUSÕES

As linhagens G9 (CNFP17058), G13 (CNFP17489), G17 (CNFP19248), G23 (CNFP19325) e G27 (CNFP19349) foram selecionadas com base no melhor desempenho para múltiplos caracteres, sendo as mais próximas do ideótipo, podendo ser recomendadas como novas cultivares.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- Abreu, A., Ramalho, M. A. P., Santos, J. B., Martins, L. A. (1994). Progresso do melhoramento genético do feijoeiro nas décadas de setenta e oitenta nas regiões Sul e Alto Paranaíba em Minas Gerais. Embrapa Arroz e Feijão-Artigo em periódico indexado (ALICE).
- Abreu, H. K. A., Ceccon, G., Correa, A. M., Fachinelli, R., Yamamoto, E. L. M., & Teodoro, P. E. (2019). Adaptability and stability of cowpea genotypes via REML/BLUP and GGE BIPLOT. Embrapa Agropecuária Oeste-Artigo em periódico indexado (ALICE).
- Agahi, K., Ahmadi, J., Oghan, H.A., Fotokian, M.H., Orang, S.F. (2020). Analysis of genotype × environment interaction for seed yield in spring oilseed rape using the AMMI model. Crop Breed. Appl. Biotechnol. 20, 1–8. https://doi.org/10.1590/1984-70332020v20n1a2.
- Ajay, B. C., Bera, S. K., Singh, A. L., Kumar, N., Gangadhar, K., & Kona, P. (2020). Evaluation of genotypex environment interaction and yield stability analysis in peanut under phosphorus stress condition using stability parameters of AMMI model. Agricultural Research, 9(4), 477-486.
- Albuquerque, J. R. T. D., Lins, H. A., dos Santos, M. G., Freitas, M. A. M. D., Oliveira, F. S. D., Souza, A. R. E. D., ... & de Melo Jorge Vieira, P. F. (2022).

- Adaptability and stability of soybean (*Glycine max* L.) genotypes in semiarid conditions. Euphytica, 218(5), 1-12.
- Allard, R. W., & Bradshaw, A. D. (1964). Implications of genotype-environmental interactions in applied plant breeding 1. Crop Science, 4(5), 503-508.
- Almeida, G. Q., Rocha, J. R. A. S.C. R., Pessoa, H. P., Alves, F. M., Chaves, L. J. (2021). Selection of *Hancornia speciosa* germplasm accessions based on the FAI-BLUP index. Pesquisa Agropecuaria Tropical, v. 51, e67226, 8 p.
- Arruda, I. M., Moda-Cirino, V., Koltun, A., Zeffa, D. M., Nagashima, G. T., & Gonçalves, L. S. A. (2019). Combining ability for agromorphological and physiological traits in different gene pools of common bean subjected to water deficit. Agronomy, 9(7), 371.
- Asemanrafat, M., Honar, T. (2017). Effect of water stress and plant density on canopy temperature, yield components and protein concentration of red bean (*Phaseolus vulgaris* L. cv. Akhtar). International Journal of Plant Production, 11(2).
- Baldin, R. C., Kavalco, S. A. F., Woyann, L. G., Rodrigues Junior, A. A., Gobatto, D. R., Silva, G. R. D., ... & Finatto, T. (2021). Yield stability of common bean genotypes in the state of Santa Catarina, Brazil. Pesquisa Agropecuária Brasileira, 56.
- Baptista, A., Pinho, O., Pinto, E., Casal, S., Mota, C., & Ferreira, I. M. (2017). Characterization of protein and fat composition of seeds from common beans (*Phaseolus vulgaris* L.), cowpea (*Vigna unguiculata* L. Walp) and bambara groundnuts (*Vigna subterranea* L. Verdc) from Mozambique. Journal of Food Measurement and Characterization, 11(2), 442-450.
- Bhering, L. L., Laviola, B. G., Salgado, C. C., Sanchez, C. F. B., Rosado, T. B., & Alves, A. A. (2012). Genetic gains in physic nut using selection indexes. Pesquisa Agropecuária Brasileira, 47(3), 402–408. doi:10.1590/S0100-204X2012000300012.
- Borém, A., Miranda, G. V., & Fritsche-Neto, R. (2021). Melhoramento de plantas. Oficina de Textos.

- Burdon, R. D., Li, Y. (2019). Genotype-environment interaction involving site differences in expression of genetic variation along with genotypic rank changes: simulations of economic significance. Tree Genetics & Genomes, 15(1), 1-10.
- Carbas, B., Machado, N., Oppolzer, D., Ferreira, L., Brites, C., Rosa, E. A., Barros, A. I. (2020). Comparison of near-infrared (NIR) and mid-infrared (MIR) spectroscopy for the determination of nutritional and antinutritional parameters in common beans. Food chemistry, 306, 125509.
- Carneiro, S., Aspiazú, I., & Alves, É. E. (2016). Technological quality of grains of common beans selected genotypes from the carioca group Qualidade tecnológica de grãos de genótipos selecionados de feijão-comum do grupo carioca. Semina: Ciências Agrárias, Londrina, 37(4), 1721-1732.
- Chiorato, A. F., Carbonell, S. A. M., Vencovsky, R., Fonseca Júnior, N. D. S., & Pinheiro, J. B. (2010). Genetic gain in the breeding program of common beans at IAC from 1989 to 2007. Crop Breeding and Applied Biotechnology, 10, 329-336.
- Coêlho, M., Gonçalves-Vidigal, M. C., Vidigal Filho, P. S., Franzon, R. C., & Martins, V. S. R. (2020). Genetic diversity of *Colletotrichum lindemuthianum* races based on ITS-rDNA regions. Agronomy Science and Biotechnology, 6, 1–18.
- Conab, C.N. de A., 2021. Safra Brasileira de Grãos: boletim novembro /2022. https://www.conab.gov.br/info-agro/safras/graos/boletim-da-safra-de-graos.
- Conab, C.N. de A., 2022. Acompanhamento da safra brasileira. Grãos: Safra 2022/23, primeiro levantamento.
- Crépon, K., Marget, P., Peyronnet, C., Carrouee, B., Arese, P., & Duc, G. (2010). Nutritional value of faba bean (*Vicia faba* L.) seeds for feed and food. Field Crops Research, 115(3), 329-339.
- Cruz, C. D., Carneiro, P. C. S., & Regazzi, A. J. (2014). Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético. rev. e ampl. Viçosa: Ed. da UFV, 2.

- Cruz, C. D., Regazzi, A. J., & Carneiro, P. C. S. (2012). Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético 3ª ed. Viçosa: Editora UFV. 514p.
- Curatti, L., & Rubio, L. M. (2014). Challenges to develop nitrogen-fixing cereals by direct nif-gene transfer. Plant Science, 225, 130-137.
- Dalla Corte, A., Moda-Cirino, V., Arias, C. A. A., Toledo, J. F. F. D., & Destro, D. (2010). Genetic analysis of seed morphological traits and its correlations with grain yield in common bean. Brazilian Archives of Biology and Technology, 53, 27-34.
- Dalló, S. C., Zdziarski, A. D., Woyann, L. G., Milioli, A. S., Zanella, R., Conte, J., Benin, G. (2019). Across year and year-by-year GGE biplot analysis to evaluate soybean performance and stability in multi-environment trials. Euphytica, 215(6), 1–12. doi:10.1007/s10681-019-2438-x.
- Dias, P. A. S., Almeida, D. V., Melo, P. G. S., Pereira, H. S., & Melo, L. C. (2021). Effectiveness of breeding selection for grain quality in common bean. Crop Science, 61(2), 1127-1140.
- Duarte, J. B., & Vencovsky, R. (1999). Interação genótipos x ambientes: uma introdução à análise" AMMI". Série Monografias. Sociedade Brasileira de Genética, (9).
- Fao Food and Agriculture Organization of the United Nations **Crops and livestock products.** 2022 disponível em https://www.fao.org/faostat/en/#data/QCL/visualize . Acesso em: 25/11/2022.
- Farhad, M., Tripathi, S. B., Singh, R. P., Joshi, A. K., Bhati, P. K., Vishwakarma, M. K., et al. (2022). Multi-trait selection of bread wheat ideotypes for adaptation to early sown condition. Crop Sci. 62, 67–82. doi: 10.1002/csc2.20628.
- Faria, L. C., Melo, P. G. S., Pereira, H. S., Wendland, A., Borges, S. F., Diaz, J. L. C., ... & Melo, L. C. (2014). Genetic progress during 22 years of black bean improvement. Euphytica, 199(3), 261-272.

- Ferreira, L. U., Melo, P. G. S., Vieira, R. F., Lobo Junior, M., Pereira, H. S., Melo, L. C., & Souza, T. L. P. O. D. (2018). Combining ability as a strategy for selecting common bean parents and populations resistant to white mold. Crop Breeding and Applied Biotechnology, 18, 276-283.
- Gabriel, K.R., 1971. The biplot graphic display of matrices with application to principal component analysis. Biometrika 58, 453–467. https://doi.org/10.1093/biomet/58.3.453.
- Gauch, H.G., Piepho, H.-P., Annicchiarico, P., 2008. Statistical Analysis of Yield Trials by AMMI and GGE: Further Considerations. Crop Sci. 48, 866–889. https://doi.org/10.2135/CROPSCI2007.09.0513.
- Gelete, S. H., Mekbib, F., Fenta, B. A., & Teamir, M. (2021). Genotype-by-environment interaction on canning and cooking quality of advanced large-seeded common bean genotypes. Heliyon, 7(5), e06936.
- Gelete, S.H., Mekbib, F., Fenta, B.A., Teamir, M., 2021. Genotype-by-environment interaction on canning and cooking quality of advanced large-seeded common bean genotypes. Heliyon 7, e06936. https://doi.org/10.1016/j.heliyon.2021.e06936.
- Gollob, H.F., 1968. A statistical model which combines features of factor analytic and analysis of variance techniques. Psychometrika 33, 73–115. https://doi.org/10.1007/BF02289676.
- Hayat, I., Ahmad, A., Masud, T., Ahmed, A., Bashir, S., (2014). Nutritional and Health Perspectives of Beans (*Phaseolus vulgaris* L.): An Overview. Crit. Rev. Food Sci. Nutr. 54, 580–592. https://doi.org/10.1080/10408398.2011.596639.
- Hayat, I., Ahmad, A., Masud, T., Ahmed, A., Bashir, S., 2014. Nutritional and Health Perspectives of Beans (*Phaseolus vulgaris* L.): An Overview. Crit. Rev. Food Sci. Nutr. 54, 580–592. https://doi.org/10.1080/10408398.2011.596639.
- Hongyu, K., Silva, F. de L., Oliveira, A. C. S. de, Sarti, D. A., Araújo, L. B. de, Dias, C. T. dos S. (2015). Comparação entre os modelos AMMI e GGE biplot para os dados de ensaios multiambientais. Revista Brasileira de Biometria, 33(2), 139-155.

- IPEA- Instituto de Pesquisa Econômica Aplicada. In: ODS Metas Nacionais dos Objetivos de Desenvolvimento Sustentável. 2018. Disponível em https://www.ipea.gov.br/portal/images/stories/PDFs/livros/livros/180801_ods metas_nac_dos_obj_de_desenv_susten_propos_de_adequa.pdf. Acesso em 01 de dezembro de 2022.
- Jahufer, M. Z. Z., Casler, M. D. (2015). Application of the Smith-Hazel Selection Index for Improving Biomass Yield and Quality of Switchgrass. Crop Science, 55(3), 1212–1222. doi:10.2135/cropsci2014.08.0575.
- Kargiotidou, A., Papathanasiou, F., Baxevanos, D., Vlachostergios, D. N., Stefanou, S., & Papadopoulos, I. (2019). Yield and Stability for agronomic and seed quality traits of common bean genotypes under Mediterranean conditions. Legume Research-An International Journal, 42(3), 308-313.
- Karimizadeh, R., Asghari, A., Chinipardaz, R., Sofalian, O., Ghaffari, A., 2016.
 Determining yield stability and model selection by ammi method in rain-fed durum wheat genotypes. Turkish J. F. Crop. 21, 174–183.
 https://doi.org/10.17557/tjfc.17390.
- Karungi, J., Ekbom, B., & Kyamanywa, S. (2006). Effects of organic versus conventional fertilizers on insect pests, natural enemies and yield of *Phaseolus vulgaris*. Agriculture, ecosystems & environment, 115(1-4), 51-55.
- Kendal, E. (2019). Comparing durum wheat cultivars by genotype x yield x trait and genotype x trait biplot method. Chilean Journal of Agricultural Research, 79(4), 512-522. DOI: http://dx.doi.org/10.4067/S0718-58392019000400512.
- Keskin, S. O., Ali, T. M., Ahmed, J., Shaikh, M., Siddiq, M., & Uebersax, M. A. (2022). Physico-chemical and functional properties of legume protein, starch, and dietary fiber—A review. Legume Science, 4(1), e117.
- Mannuramath, M., Jamuna, K. V. (2012). Physico-chemical characteristics of legume seed coat fibre. **International Journal of Science and Research.** v. 3, n.7, 2227–2232.
- Mariotti, J. A., Oyarzabal, E. S., & Osa, J. M. (1976). Análisis de estabilidad y adaptabilidad de genotipos de caña de azúcar, 1: Interacciones dentro de una

- localidad experimental.; Stability and adaptability analysis of sugarcane genotypes, 1: Interactions within and experimental site. Revista Agronómica del Noroeste Argentino (Argentina). 13(1-4), 105-127.
- Matos, J. W. D., Ramalho, M. A. P., & Abreu, Â. D. F. B. (2007). Trinta e dois anos do programa de melhoramento do feijoeiro comum em Minas Gerais. Ciência e Agrotecnologia, 31, 1749-1754.
- Mei, X., Dong, E., Liang, Q., Bai, Y., Nan, J., Yang, Y., Cai, Y., 2021. Identification of QTL for fasciated ear related traits in maize. Crop Sci. 61, 1184–1193. https://doi.org/10.1002/csc2.20435.
- Melo, P.G.S., Alvares, R.C., Pereira, H.S., Braz, A.J.B.P., Faria, L.C., Melo, L.C., 2018. Adaptability and stability of common bean genotypes in family farming systems. Pesqui. Agropecu. Bras. 53, 189–196. https://doi.org/10.1590/S0100-204X2018000200007.
- Mendonça, J.C. (2014). Vista do Gestão de águas no baixo Paraíba do Sul: região hidrográfica IX do estado do Rio de Janeiro, in: Totti, M.E., Soffiati, A. (Eds.), Gestão de Águas No Baixo Paraíba Do Sul.
- Mutari, B., Sibiya, J., Gasura, E., Kondwakwenda, A., Matova, P. M., & Chirwa, R. (2022). Genotype x environment interaction and stability analyses of grain yield and micronutrient (Fe and Zn) concentrations in navy bean (*Phaseolus vulgaris* L.) genotypes under varied production environments. Field Crops Research, 286, 108607.
- Nogueira, A. P. O., Sediyama, T., Sousa, L. B.; Hamawaki, O. T., Cruz, C. D., Pereira, D. G., Matsuo, E. (2012). Análise de trilha e correlações entre caracteres em soja cultivada em duas épocas de semeadura. Bioscience Journal, v. 28, n. 6, p. 877-888.
- Olivoto, T., & Nardino, M. (2021). MGIDI: toward an effective multivariate selection in biological experiments. Bioinformatics, 37(10), 1383-1389.
- Olivoto, T., Diel, M. I., Schmidt, D., & Lúcio, A. D. (2022). MGIDI: a powerful tool to analyze plant multivariate data. Plant Methods, 18(1), 1-13.

- Olivoto, T., Lúcio, A. D. C., Silva, J. A. G., Sari, B. G., Diel, M. I. (2019a). Mean Performance and Stability in Multi-Environment Trials II: Selection Based on Multiple Traits. *Agronomy Journal*, 111(6), 2961–2969. doi:10.2134/agronj2019.03.0221.
- Olivoto, T., Lúcio, A.D.C., da Silva, J.A.G., Marchioro, V.S., de Souza, V.Q., Jost, E., (2019b). Mean performance and stability in multi-environment trials i: Combining features of AMMI and BLUP techniques. Agron. J. 111, 2949–2960. https://doi.org/10.2134/agronj2019.03.0220.
- Olivoto, T., Nardino, M. (2020). MGIDI: towards an effective multivariate selection in biological experiments. Bioinformatics. 37(10), 1383–1389.
- ONU Organização das Nações Unidas. **Word Population Prospects 2022:** Sumary of Results. United Nations, New Nova York, 2022. Disponível em: https://www.un.org/development/desa/pd/sites/www.un.org.development.desa.pd/files/wpp2022_summary_of_results.pdf Acesso em: 01/12/2022.
- Padmaja, P. G., Kalaisekar, A., Tonapi, V. A., Madhusudhana, R. (2022). A multi-season analysis of barnyard millet (*Echinochloa frumentacea*) germplasm lines for shoot fly resistance and multi-trait stability. Plant Breed. 141, 399–407. doi: 10.1111/pbr.13011.
- Peixouto, L. S., Nunes, J. A. R., & Furtado, D. F. (2016). Factor analysis applied to the G+ GE matrix via REML/BLUP for multi-environment data. Crop Breeding and Applied Biotechnology, 16, 1-6.
- Pereira, D. G., Faria, L. C., Souza, T. L. P. O., Melo, L. C., & Pereira, H. S. (2019). Selection of parents and segregating populations of black bean resistant to fusarium wilt with high yield and seed weight. Embrapa Arroz e Feijão-Artigo em periódico indexado (ALICE).
- Pereira, H. S., Melo, L. C., Alvares, R. C., de Cássia Silva, F., & de Faria, L. C. (2017). Genetic, environmental and genotype x environment interaction effects on the common bean grain yield and commercial quality. Semina: Ciências Agrárias, 38(3), 1241-1250.

- Pereira, H. S., Melo, L. C., Del Peloso, M. J., Faria, L. C. D., Costa, J. G. C. D., Díaz, J. L. C., ... & Wendland, A. (2009). Comparison of methods for phenotypic adaptability and stability analysis in common bean. Pesquisa Agropecuária Brasileira, 44, 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.
- Pimentel, A. J. B., Guimarães, J. F. R., de Souza, M. A., de Resende, M. D. V., Moura, L. M., Rocha, J. R. A.S. C. R., Ribeiro, G. (2014) Estimação de parâmetros genéticos e predição de valor genético aditivo de trigo, utilizando modelos mistos. *Pesqui Agropecu Bras* 49: 882–890.
- Polania, J. A., Poschenrieder, C., Beebe, S., & Rao, I. M. (2016). Effective use of water and increased dry matter partitioned to grain contribute to yield of common bean improved for drought resistance. Frontiers in plant science, 7, 660.
- Poletine, J. P., Gonçalves-Vidigal, M. C., Coimbra, G. K., Moiana, L., Vidigal Filho, P. S., Lacanallo, G. F., & de Lima Castro, S. A. (2014). Promising genotypes of common bean in relation to grain yield and resistance to anthracnose in Maringa and Umuarama counties. Journal of Food, Agriculture & Environment, 12(2), 614-619.
- Pour-Aboughadareh, A., Khalili, M., Poczai, P., & Olivoto, T. (2022). Stability Indices to Deciphering the Genotype-by-Environment Interaction (GEI) Effect: An Applicable Review for Use in Plant Breeding Programs. *Plants*, *11*(3), 414.
- Purchase, J.L., Hatting, H., van Deventer, C.S., 2000. Genotype × environment interaction of winter wheat (*Triticum aestivum* L.) in South Africa: II. Stability analysis of yield performance. South African J. Plant Soil 17, 101–107. https://doi.org/10.1080/02571862.2000.10634878.
- Ramalho, M. A. P., Abreu, A. D. F., Santos, J. D., & Nunes, J. A. R. (2012). Aplicações da genética quantitativa no melhoramento de plantas autógamas. Lavras: Ufla, 365-456.

- Ramalho, M. A., Santos, J. D., & Pereira Filho, I. A. (1988). Choice of parents for dry bean (*Phaseolus vulgaris* L.) breeding. I. Interactions of mean components by generation and by location. Embrapa Milho e Sorgo-Artigo em periódico indexado (ALICE).
- Raposo, F. V., Ramalho, M. A. P., & Abreu, A. D. F. B. (2000). Comparação de métodos de condução de populações segregantes do feijoeiro. Pesquisa Agropecuária Brasileira, 35, 1991-1997.
- Resende, M. D. V. (2004). Métodos estatísticos ótimos na análise de experimentos de campo.
- Resende, M. D. V. (2007) Matemática e estatística na análise de experimentos e no melhoramento genético. 1ª. ed. Colombo: Embrapa, v. 1, 561p.
- Resende, M.D. V., Silva, F.F.E., Azevedo, C.F., 2014. Estatística Matemática, Biométrica e Computacional: Modelos Mistos, Multivariados, Categóricos e Generalizados (REML/BLUP), Inferência Bayesiana, Regressão Aleatória, Seleção Genômica, QTL-GWAS, Estatística Espacial e Temporal, Competição, Sobrevivência, 1st ed. Visconde do Rio Branco: Suprema.
- Ribeiro, N. D., Possebon, S. B., & Storck, L. (2003). Genetic gain in agronomic traits in common bean breeding. Ciência Rural, 33, 629-633.
- Robinson, G. H. J., Balk, J., & Domoney, C. (2019). Improving pulse crops as a source of protein, starch and micronutrients. Nutrition bulletin, 44(3), 202-215.
- Rocha, J. R. A. S. C., Machado, J. C., Carneiro, C. S. (2018). Multitrait index based on factor analysis and ideotype-design: proposal and application on elephant grass breeding for bioenergy. GBC Bioenergy, v. 10, p. 52-60.
- Rocha, M. D. M., Vello, N. A. (1999). Interação genótipos e locais para rendimento de grãos de linhagens de soja com diferentes ciclos de maturação. Bragantia, 58, 69-81.
- Salegua, V., Melis, R., Fourie, D., Sibiya, J., & Musvosvi, C. (2020). Grain yield, stability and bacterial brown spot disease of dark red kidney dry bean

- (*Phaseolus vulgaris* L.) genotypes across six environments in South Africa. Australian Journal of Crop Science, 14(9).
- Santos, A. dos, Ceccon, G., Teodoro, P.E., Correa, A.M., Alvarez, R.C.F., Da Silva, J.F., Alves, V.B., 2016. Adaptability and stability of erect cowpea genotypes via REML/BLUP and GGE biplot. Bragantia 299–306. https://doi.org/10.1590/1678-4499.280.
- Santos, A. dos, Torres, F.E., Rodrigues, E.V., de Andrea Pantaleão, A., Teodoro, L.P.R., Bhering, L.L., Teodoro, P.E., 2019. Nonlinear regression and multivariate analysis used to study the phenotypic stability of cowpea genotypes. HortScience 54, 1682–1685. https://doi.org/10.21273/HORTSCI14322-19.
- Santos, P.R. de O., Albuquerque, T.R., Skeen, P., Nascimento, M.R., Costa, K.D., Araújo, E.R., Pereira, H.S., Da Costa, A.F., 2019. GGE Biplot and REML/BLUP based-analysis of yield stability and adaptability for common beans in multi-environment trials. Rev. Bras. Ciencias Agrar. 14, 1–8. https://doi.org/10.5039/agraria.v14i2a5657.
- Scapim, C. A., Pacheco, C. A. P., do Amaral Júnior, A. T., Vieira, R. A., Pinto, R.
 J. B., & Conrado, T. V. (2010). Correlations between the stability and adaptability statistics of popcorn cultivars. Euphytica, 174(2), 209-218.
- Silva, G. F. O., Melo, P. G. S., Melo, L. C., Bassinello, P. Z., Del Peloso, M. J., & Faria, L. C. (2008). Efficiency of methods for conducting segregating populations in the breeding of common beans for protein quality.
- Silva, G. O. D., Carvalho, A. D. F. D., Vieira, J. V., & Benin, G. (2011). Verificação da adaptabilidade e estabilidade de populações de cenoura pelos métodos AMMI, GGE biplot e REML/BLUP. Bragantia, 70, 494-501.
- Smith, M. R., Veneklaas, E., Polania, J., Rao, I. M., Beebe, S. E., & Merchant, A. (2019). Field drought conditions impact yield but not nutritional quality of the seed in common bean (*Phaseolus vulgaris* L.). PLoS One, 14(6), e0217099.

- Sozen, O., Karadavut, U., Ozcelik, H., Bozoglu, H., Akcura, M., 2018. Genotype x environment interaction of some dry bean (*Phaseolus vulgaris* L.) genotypes. Legum. Res. 41, 189–195. https://doi.org/10.18805/LR-354.
- Torres, M. H. R. M., Souza, T. L. P. O. D., Melo, L. C., & Pereira, H. S. (2022). Combining ability for resistance to Fusarium wilt and yield in black bean. Pesquisa Agropecuária Brasileira, 56.
- Van Oijen M, Hoglind M (2016). Toward a Bayesian procedure for using process based models in plant breeding, with application to ideotype design. Euphytica, 207, 627–643.
- Vavilov, N. I. (1951). The origin, variation, immunity and breeding of cultivated plants Vol. 72, No. 6, p. 482.
- Verma, M. M., Chahal, G. S., & Murty, B. R. (1978). Limitations of conventional regression analysis a proposed modification. Theoretical and Applied Genetics, 53(2), 89-91.
- Viana, A. P. (2014). Genética quantitativa no melhoramento de fruteiras. Interciência. 296p.
- Wainaina, I., Wafula, E., Sila, D., Kyomugasho, C., Grauwet, T., Van Loey, A., Hendrickx, M., 2021. Thermal treatment of common beans (*Phaseolus vulgaris* L.): Factors determining cooking time and its consequences for sensory and nutritional quality. Compr. Rev. Food Sci. Food Saf. 20, 3690–3718. https://doi.org/10.1111/1541-4337.12770.
- Woyann, L. G., Meira, D., Matei, G., Zdziarski, A. D., Dallacorte, L. V., Madella, L. A., & Benin, G. (2020). Selection indexes based on linear-bilinear models applied to soybean breeding. Agronomy Journal, 112(1), 175–182. doi:10.1002/agj2.20044.
- Yan, W. (2011). GGE biplot vs. AMMI graphs for genotype-by-environment data analysis. Journal of the Indian Society of Agricultural Statistics, 65(2), 181-193.

- Yan, W., & Frégeau-Reid, J. (2018). Genotype by Yield*Trait (GYT) biplot: a novel approach for genotype selection based on multiple traits. Scientific Reports, 8(1), 1-10. DOI: https://doi.org/10.1038/s41598-018-26688-8.
- Yan, W., & Kang, M. S. (2002). GGE biplot analysis: A graphical tool for breeders, geneticists, and agronomists. CRC press.
- Yan, W., 2001. GGEbiplot—A Windows Application for Graphical Analysis of Multienvironment Trial Data and Other Types of Two-Way Data. Agron. J. 93, 1111–1118. https://doi.org/10.2134/AGRONJ2001.9351111X.
- Yan, W., Frégeau-Reid, J., Mountain, N., & Kobler, J. (2019). Genotype and management evaluation based on Genotype by Yield*Trait (GYT) analysis. Crop Breeding, Genetics and Genomics, 1, e190002. DOI: https://doi.org/10.20900/cbgg20190002.
- Yan, W., Kang, M.S., Ma, B., Woods, S., Cornelius, P.L., 2007. GGE biplot vs. AMMI analysis of genotype-by-environment data. Crop Sci. 47, 643–655. https://doi.org/10.2135/cropsci2006.06.0374.
- Yan, W., Tinker, N.A., 2006. Biplot analysis of multi-environment trial data: Principles and applications Biplot analysis of multi-environment trial data: Principles and applications. Can. J. Plant Sci. 6, 623–644.
- Yang, R.C., Crossa, J., Cornelius, P.L., Burgueño, J., 2009. Biplot analysis of genotype x environment interaction: Proceed with caution. Crop Sci. 49, 1564–1576. https://doi.org/10.2135/cropsci2008.11.0665.
- Zetouni, L., Henryon, M., Kargo, M., Lassen, J. (2017). Direct multitrait selection realizes the highest genetic response for ratio traits. Journal of Animal Science, v. 95, n. 5, p. 1921-1925.
- Zobel, R. W., Wright, M. J., & Gauch Jr, H. G. (1988). Statistical analysis of a yield trial. Agronomy journal, 80(3), 388-393.
- Zuffo, A. M., Steiner, F., Aguilera, J. G., Teodoro, P. E., Teodoro, L. P. R., and Busch, A. (2020). Multi-trait stability index: A tool for simultaneous selection of

soya bean genotypes in drought and saline stress. J. Agron. Crop Sci. 206, 815–822. doi: 10.1111/jac.12409.