

**ADAPTABILIDADE E ESTABILIDADE DE LINHAGENS DE FEIJÃO-
COMUM PRETO NO NORTE E NOROESTE FLUMINENSE**

ANDRÉ FILIPE DINIZ DE SOUZA

**UNIVERSIDADE ESTADUAL DO NORTE FLUMINENSE
DARCY RIBEIRO**

**CAMPOS DOS GOYTACAZES - RJ
FEVEREIRO – 2026**

**ADAPTABILIDADE E ESTABILIDADE DE LINHAGENS DE FEIJÃO-
COMUM PRETO NO NORTE E NOROESTE FLUMINENSE**

ANDRÉ FILIPE DINIZ DE SOUZA

“Dissertação 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 Mestre em Genética e Melhoramento de Plantas.”

Orientador: Prof. Rogério Figueiredo Daher

CAMPOS DOS GOYTACAZES – RJ
FEVEREIRO – 2026

FICHA CATALOGRÁFICA

UENF - Bibliotecas

Elaborada com os dados fornecidos pelo autor.

S729

Souza, Andre Filipe Diniz de.

Adaptabilidade e estabilidade de linhagens de feijão-comum preto no Norte e Noroeste Fluminense / Andre Filipe Diniz de Souza. - Campos dos Goytacazes, RJ, 2026.

63 f.

Bibliografia: 39 - 47.

Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas) - Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro, Centro de Ciências e Tecnologias Agropecuárias, 2026.
Orientador: Rogerio Figueiredo Daher.

1. *Phaseolus vulgaris* L.. 2. análise de variância. 3. correlações de Spearman. 4. interação genótipos x ambientes. 5. modelos mistos. I. Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro. II. Título.

CDD - 631.5233

ADAPTABILIDADE E ESTABILIDADE DE LINHAGENS DE FEIJÃO-COMUM PRETO NO NORTE E NOROESTE FLUMINENSE

ANDRÉ FILIPE DINIZ DE SOUZA

“Dissertação 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 Mestre em Genética e Melhoramento de Plantas.”

Aprovada em 27 de fevereiro de 2026

Comissão Examinadora:



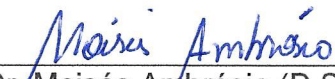
Documento assinado digitalmente

PAULO RICARDO DOS SANTOS

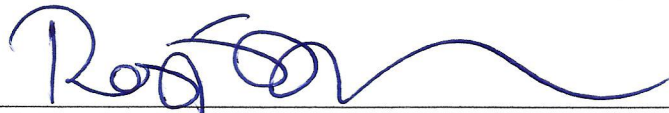
Data: 19/05/2026 15:05:57-0300

Verifique em <https://validar.iti.gov.br>

Prof. Paulo Ricardo dos Santos (D.Sc., Genética e Melhoramento de Plantas)
IFAP *Campus* Porto Grande


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


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


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

“Porque dele e por ele, e para ele, são todas as coisas; glória, pois, a ele eternamente”

Romanos 11:36

AGRADECIMENTOS

Aos meus pais, Reinaldo Cleiton Barros de Souza e Suelly de Araújo Diniz, pelos valores ensinados e empenho na minha formação de caráter.

Ao meu grande amigo, Genival Ferreira dos Santos Junior, pela amizade sincera, pelo companheirismo e camaradagem, pelas memórias de vivências inesquecíveis, momentos de estresse e alegria ao longo dessa caminhada. Obrigado por fazer parte desse processo.

Ao meu orientador, Prof. Rogério Figueiredo Daher, pela orientação dedicada, confiança, paciência e valiosos ensinamentos. Sua experiência e compromisso com a excelência acadêmica foram essenciais para a concretização deste trabalho.

A todos que, de alguma forma contribuíram no processo, meu sincero agradecimento.

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

SUMÁRIO

RESUMO	viii
ABSTRACT	xi
1. INTRODUÇÃO	1
2. OBJETIVOS	5
2.1. Objetivo geral	5
2.2. Objetivos específicos	5
3. REVISÃO BIBLIOGRÁFICA.....	6
3.1. Importância, produção e desafios da cadeia produtiva do feijão no Brasil ...	6
3.2. Origem e classificação do feijão-comum (<i>Phaseolus vulgaris</i> L.)	7
3.3. <i>Melhoramento genético do feijoeiro-comum: histórico e avanços</i>	8
3.4. Interação genótipos x ambientes (G x A)	9
3.5. Adaptabilidade e estabilidade	10
4. MATERIAL E MÉTODOS.....	13
4.1 Material vegetal.....	13
4.2 Locais e condições experimentais dos ensaios de Valor de Cultivo e Uso..	14
4.3 Análise estatística.....	15
3. RESULTADOS E DISCUSSÃO	24
4. CONCLUSÃO	38
REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS	39

LISTA DE FIGURAS

Figura 1. Precipitação em mm, temperatura do ar mínima e máxima em °C dos três ambientes onde foram avaliados dez genótipos de feijão-comum preto no estado do Rio de Janeiro nos anos de 2022 e 2023.....	14
---	----

LISTA DE TABELAS

Tabela 1. Genótipos de feijão-comum preto e suas origens avaliados em três ambientes do estado do Rio de Janeiro nos anos de 2022 e 2023.....	13
Tabela 2. Resumo da análise de variância individual para produtividade de grãos, em kg ha ⁻¹ , de dez genótipos de feijão-comum preto avaliados em três ambientes do estado do Rio de Janeiro nos anos de 2022 a 2023.	24
Tabela 3. Resumo da análise de variância conjunta para a característica produtividade, em kg ha ⁻¹ , de dez genótipos de feijão-comum preto avaliados em três ambientes do estado do Rio de Janeiro nos anos de 2022 a 2023.....	26
Tabela 4. Estimativas das interações complexas (%C) em três ambientes com dez genótipos de feijão-comum preto avaliados em três ambientes do estado do Rio de Janeiro nos anos de 2022 a 2023.	27
Tabela 5. Médias de produtividade, índices ambientais, produtividade máxima e mínima e classificação dos ambientes referentes a produtividade de grãos, em kg ha ⁻¹ , de dez genótipos de feijão-comum preto avaliados em três ambientes do estado do Rio de Janeiro nos de 2022 a 2023.....	28
Tabela 6. Estimativas da produtividade ($\hat{\beta}_{0i}$), dos estimadores de contribuição relativa de cada genótipos para interação G x A (θ_i e $\theta_{i(\%)}$), segundo o método de Plaisted & Peterson (1959), e Ecovalência (ω_i e $\omega_{i(\%)}$) , segundo o método de Wricke (1965), para produtividade de grãos, em kg ha ⁻¹ , de dez genótipos de feijão-	

comum preto avaliados em três ambientes do estado do Rio de Janeiro nos anos de 2022 a 2023.29

Tabela 7. Estimativas da produtividade ($\hat{\beta}_{0i}$), dos coeficientes de regressão ($\hat{\beta}_{1i}$), das variâncias dos desvios de regressão ($\hat{\sigma}_{di}^2$) e dos coeficientes de determinação (R^2) segundo o método de Eberhart & Russell (1966), índice de confiança geral (I_i), segundo o método de Annicchiarico (1992), de estatísticas não paramétricas (S_1 , S_2 e S_3), segundo o método de Huenh (1990), para produtividade de grãos, em kg ha⁻¹, de dez genótipos de feijão-comum preto avaliados em três ambientes do estado do Rio de Janeiro nos anos de 2022 a 2023.....30

Tabela 8. Estimativas da estabilidade (MHVG), adaptabilidade (PRVG e PRVG. μ) e adaptabilidade e estabilidade (MHPRVG e MHPRVG. μ) para produtividade de grãos, em kg ha⁻¹, de dez genótipos de feijão-comum preto avaliados em três ambientes do estado do Rio de Janeiro nos anos de 2022 a 2023.....33

Tabela 9. Correlações de Spearman (r) entre os parâmetros de estabilidade e média para produtividade de grãos, em kg ha⁻¹, de dez genótipos de feijão-comum preto avaliados em três ambientes do estado do Rio de Janeiro nos anos de 2022 a 2023.35

RESUMO

SOUZA, André Filipe Diniz; M. Sc.; Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro. Fevereiro de 2026. Adaptabilidade e estabilidade de linhagens de feijão-comum preto no Norte e Noroeste Fluminense. Orientador: Prof. D.Sc. Rogério Figueiredo Daher; Conselheiros: Prof. D.Sc. Marcelo Vivas e Prof. D.Sc. Geraldo de Amaral Gravina.

O feijão-comum (*Phaseolus vulgaris* L.), especialmente do grupo comercial preto, desempenha papel estratégico na segurança alimentar brasileira, constituindo uma das principais fontes de proteína vegetal consumidas pela população. Apesar de sua relevância socioeconômica, a produção no estado do Rio de Janeiro permanece insuficiente para atender à demanda interna, o que reforça a necessidade de fortalecimento de programas de melhoramento voltados à obtenção de cultivares mais produtivas, adaptadas e estáveis às condições edafoclimáticas locais. Nesse contexto, o presente estudo teve como objetivo identificar genótipos superiores de feijão-comum preto quanto à produtividade de grãos, adaptabilidade e estabilidade fenotípica, com base em dados provenientes de ensaios de Valor de Cultivo e Uso conduzidos nas regiões Norte e Noroeste Fluminense, nos anos agrícolas de 2022 e 2023. Foram avaliados dez genótipos, incluindo cultivares comerciais e linhagens experimentais oriundas de programas de melhoramento da Embrapa Arroz e Feijão e do Instituto Agronômico do Paraná, em delineamento experimental de blocos ao acaso, com três repetições, totalizando três ambientes de avaliação. A análise de variância evidenciou variabilidade genética significativa entre os genótipos e indicou elevada precisão experimental,

refletida pelos baixos coeficientes de variação. Na análise conjunta, verificou-se efeito significativo da interação genótipos x ambientes ($G \times A$), com predominância de interação de natureza complexa. Tal resultado evidencia alteração no desempenho relativo dos genótipos em função do ambiente, indicando que materiais superiores em determinadas condições podem não apresentar comportamento semelhante em outros cenários produtivos. A decomposição da interação demonstrou que a variabilidade ambiental exerceu forte influência sobre a produtividade de grãos, reforçando a importância da avaliação simultânea de adaptabilidade e estabilidade no processo de recomendação de cultivares. Os ambientes avaliados apresentaram contrastes quanto ao potencial produtivo, sendo o município de Bom Jesus do Itabapoana classificado como ambiente favorável, enquanto os ensaios conduzidos em Campos dos Goytacazes foram caracterizados como desfavoráveis. As análises de adaptabilidade e estabilidade fenotípica, conduzidas por metodologias clássicas baseadas em análise de variância (Plaisted & Peterson; Wricke; Annicchiarico), regressão linear (Eberhart & Russell), abordagens não paramétricas (Huehn) e modelos mistos via REML/BLUP, evidenciaram elevada concordância entre os métodos empregados. De modo geral, os resultados indicaram que a cultivar BRS FP 403 e a linhagem CNFP 17973 apresentaram desempenho superior, combinando elevada produtividade com comportamento previsível frente às variações ambientais. A cultivar BRS FP 403 destacou-se como o genótipo de maior produtividade média, aliada a elevada estabilidade fenotípica, sendo consistentemente classificada entre os materiais superiores pelos diferentes métodos avaliativos. De forma semelhante, a linhagem CNFP 17973 apresentou desempenho expressivo, configurando-se como material promissor para recomendação regional. Embora o método de Eberhart & Russell tenha indicado adaptabilidade específica a ambientes favoráveis para alguns genótipos, as demais metodologias apontaram desempenho estável e ampla adaptação para os materiais superiores. A análise baseada na Média Harmônica da Performance Relativa dos Valores Genéticos (MHPRVG), obtida via modelos mistos, confirmou a superioridade da BRS FP 403 e da CNFP 17973, evidenciando sua capacidade de aliar produtividade, adaptabilidade e estabilidade de forma simultânea. A avaliação das correlações entre os métodos demonstrou convergência na identificação de genótipos superiores, sobretudo entre as abordagens baseadas em análise de variância, métodos não paramétricos

e modelos mistos, reforçando a confiabilidade das inferências obtidas. A ausência de correlação significativa envolvendo o parâmetro de estabilidade da regressão de Eberhart & Russell sugere que tal método pode apresentar menor sensibilidade quando aplicado a conjuntos reduzidos de ambientes. De modo geral, os resultados evidenciam que a consideração da interação $G \times A$ é fundamental para o processo de seleção e recomendação de cultivares, sobretudo em ambientes com elevada heterogeneidade climática e de manejo. A utilização integrada de metodologias complementares mostrou-se eficiente na identificação de materiais superiores, contribuindo para maior segurança na recomendação agronômica. Conclui-se que a cultivar BRS FP 403 e a linhagem CNFP 17973 apresentam elevado potencial produtivo, ampla adaptabilidade e alta estabilidade fenotípica, configurando-se como genótipos promissores para cultivo nas regiões Norte e Noroeste do estado do Rio de Janeiro.

Palavras-chave: *Phaseolus vulgaris* L., análise de variância, correlações de Spearman, interação genótipos x ambientes, modelos mistos, regressão linear

ABSTRACT

SOUZA, André Filipe Diniz; M. Sc.; Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro. February 2022. Adaptability and stability of black common bean inbred lines in Northern and Northwestern Rio de Janeiro State. Adviser: D.Sc. Rogério Figueiredo Daher, Committee Members: D.Sc. Marcelo Vivas and D.Sc. Geraldo de Amaral Gravina.

The common bean (*Phaseolus vulgaris* L.), particularly from the black commercial group, plays a strategic role in Brazilian food security, constituting one of the main sources of plant protein consumed by the population. Despite its socioeconomic relevance, production in the state of Rio de Janeiro remains insufficient to meet internal demand, reinforcing the need to strengthen breeding programs aimed at developing cultivars that are more productive, adapted, and stable under local edaphoclimatic conditions. In this context, the present study aimed to identify superior black bean genotypes in terms of grain yield, adaptability, and phenotypic stability, based on data from Value for Cultivation and Use (VCU) trials conducted in the Northern and Northwestern regions of Rio de Janeiro during the 2022 and 2023 growing seasons. Ten genotypes were evaluated, including commercial cultivars and experimental lines from breeding programs of Embrapa Arroz e Feijão and Instituto Agronômico do Paraná, using a randomized complete block design with three replications, totaling three evaluation environments. Analysis of variance revealed significant genetic variability among genotypes and high experimental precision, reflected by low coefficients of variation. In the combined analysis, a significant genotype $\times$ environment interaction ($G \times E$) was observed, with

predominance of complex interaction. This result indicates changes in the relative performance of genotypes depending on the environment, suggesting that superior materials under certain conditions may not exhibit similar behavior in other production scenarios. The decomposition of the interaction demonstrated that environmental variability exerted strong influence on grain yield, highlighting the importance of simultaneously assessing adaptability and stability in cultivar recommendation. The evaluated environments differed in yield potential, with Bom Jesus do Itabapoana classified as a favorable environment, while trials conducted in Campos dos Goytacazes were characterized as unfavorable. Adaptability and phenotypic stability analyses, conducted using classical methodologies based on analysis of variance (Plaisted & Peterson; Wricke; Annicchiarico), linear regression (Eberhart & Russell), non-parametric approaches (Huehn), and mixed models via REML/BLUP, showed high agreement among methods. Overall, results indicated that the cultivar BRS FP 403 and the line CNFP 17973 exhibited superior performance, combining high productivity with predictable responses to environmental variation. The cultivar BRS FP 403 stood out as the genotype with the highest mean yield, associated with high phenotypic stability, consistently ranked among the best materials by different analytical methods. Similarly, the line CNFP 17973 showed expressive performance, emerging as a promising material for regional recommendation. Although the Eberhart & Russell method indicated specific adaptability to favorable environments for some genotypes, the remaining methodologies pointed to stable performance and broad adaptation for the superior materials. The analysis based on the Harmonic Mean of Relative Performance of Genetic Values (HMRPGV), obtained through mixed models, confirmed the superiority of BRS FP 403 and CNFP 17973, demonstrating their ability to simultaneously combine productivity, adaptability, and stability. Correlation analyses among methods showed convergence in the identification of superior genotypes, especially among approaches based on analysis of variance, non-parametric methods, and mixed models, reinforcing the reliability of the inferences obtained. The absence of significant correlation involving the stability parameter of the Eberhart & Russell regression suggests that this method may present lower sensitivity when applied to a reduced number of environments. Overall, the results highlight that considering the $G \times E$ interaction is fundamental for cultivar selection and recommendation, particularly in environments with high climatic and

management heterogeneity. The integrated use of complementary methodologies proved efficient in identifying superior materials, contributing to greater reliability in agronomic recommendation. It is concluded that the cultivar BRS FP 403 and the line CNFP 17973 exhibit high yield potential, broad adaptability, and high phenotypic stability, making them promising genotypes for cultivation in the Northern and Northwestern regions of Rio de Janeiro State.

Keywords: *Phaseolus vulgaris* L., analysis of variance, Spearman correlations, genotype × environment interaction, mixed models, linear regression.

1. INTRODUÇÃO

O feijão-comum (*Phaseolus vulgaris* L.) constitui uma relevante fonte de proteína na dieta de populações de países em desenvolvimento situados em regiões tropicais e subtropicais, com destaque para a América Latina, a África Oriental e a África Austral (FAO, 2026). No Brasil, o feijão integra tradicionalmente o padrão alimentar da população, sendo o país reconhecido como o maior consumidor e o segundo maior produtor mundial do grão (FAO, 2026). Seu cultivo é amplamente distribuído no território nacional, ocorrendo em praticamente todas as regiões, o que possibilita a obtenção de até três safras anuais (CONAB, 2026).

No ano de 2025, a produção nacional de feijão atingiu 3,1 milhões de toneladas, cultivadas em uma área aproximada de 2,7 milhões de hectares, resultando em produtividade média de 1.140 kg ha⁻¹ (CONAB, 2026). Nesse contexto, os estados do Paraná, Minas Gerais, Mato Grosso, Bahia, Goiás e São Paulo destacaram-se como os principais polos produtivos, respondendo conjuntamente por cerca de 74% da oferta nacional (CONAB, 2026). Em contraste, o estado do Rio de Janeiro, embora figure como o terceiro maior consumidor de gêneros alimentícios do país, apresentou produção inexpressiva, estimada em apenas 1.400 toneladas, volume insuficiente para atender a 1% de sua demanda interna (CONAB, 2026).

Entre as diferentes espécies cultivadas no Brasil, sobressaem o feijão-comum e o feijão-caupi (*Vigna unguiculata* (L.) Walp.). O feijão-comum do grupo comercial preto, com produção estimada em 811,3 mil toneladas, constitui a

segunda variedade mais produzida no país, sendo amplamente preferido nas regiões Sul e Sudeste, especialmente nos estados do Rio Grande do Sul, Santa Catarina, sul do Paraná, Rio de Janeiro, sudeste de Minas Gerais e sul do Espírito Santo (CONAB, 2026; Carneiro *et al.*, 2025).

As importações de feijão-comum, especialmente do grupo comercial preto, provenientes majoritariamente da Argentina e da Bolívia, apresentaram redução de 88% nos últimos seis anos. Em contrapartida, as exportações, notadamente de feijões-comuns especiais, como os dos grupos roxo, rosinha, vermelho, jalo e rajado, registraram incremento de 162% no mesmo período (CONAB, 2026).

Nas principais regiões produtoras de feijão, o cultivo do feijoeiro ocorre em três épocas distintas ao longo do ano agrícola: a safra das águas, com semeadura predominante entre agosto e dezembro na região Sul; a safra da seca, ou safrinha, conduzida entre dezembro e março em todo o território nacional; e a safra de inverno, estabelecida entre abril e junho (Carneiro *et al.*, 2025). Nessas mesmas regiões concentram-se os principais programas de melhoramento genético da cultura, conduzidos por instituições como a Embrapa Arroz e Feijão, o Instituto Agrônomo de Campinas, o Instituto de Desenvolvimento Rural do Paraná, Empresa de Pesquisa Agropecuária de Minas Gerais, a Universidade Federal de Lavras, a Universidade Federal de Viçosa e a Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro. Essas instituições desenvolvem esforços contínuos visando à obtenção de cultivares com maior potencial produtivo, maior estabilidade, tolerância a estresses bióticos e abióticos e características agronômicas e comerciais alinhadas às demandas do mercado consumidor.

A multiplicidade de épocas de semeadura, definida pelo zoneamento agrícola da cultura no Brasil, implica na exposição dos cultivos a ampla variabilidade de condições ambientais, frequentemente envolvendo uma mesma cultivar (Nascimento *et al.*, 2025). Essa heterogeneidade edafoclimática pode comprometer o desempenho agrônomo das cultivares, refletindo, em diversas situações, em reduções de produtividade e, conseqüentemente, na rentabilidade da atividade agrícola.

Diversos fatores influenciam o desenvolvimento de cultivares de feijão-comum e a expressão de seus caracteres fenotípicos, destacando-se a interação entre genótipos e ambientes, denominada interação G x A. Tal interação reflete a resposta diferencial dos genótipos às variações ambientais, sendo frequentemente

observada em cultivares comerciais que apresentam desempenho fenotípico distinto quando cultivadas em diferentes regiões de um mesmo estado.

A interação $G \times A$ pode ser decomposta em dois componentes. O primeiro, denominado simples, corresponde à resposta diferenciada dos genótipos frente aos ambientes, sem que haja alteração na sua ordem de classificação. O segundo, denominado complexo, está associado à baixa correlação entre o desempenho dos genótipos nos diferentes ambientes, sendo decorrente da mudança na classificação relativa dos genótipos (Cruz *et al.*, 2012). Essa interação reduz a associação entre o fenótipo observado e o genótipo, de modo que um material superior em determinado ambiente pode não apresentar desempenho equivalente em outro. Consequentemente, processos seletivos que não considerem adequadamente a interação $G \times A$ podem resultar na exclusão de genótipos altamente adaptados a condições ambientais específicas.

A quantificação da interação $G \times A$ é fundamental tanto para agricultores quanto para programas de melhoramento genético. Do ponto de vista dos agricultores, essa avaliação é relevante porque possibilita a utilização de cultivares menos sensíveis às variações de local e de ano, contribuindo para maior segurança produtiva e estabilidade econômica. Já para os melhoristas, a presença dessa interação indica a necessidade de desenvolver materiais adaptados a condições ambientais amplas e específicas. O cenário mais desejável seria a obtenção de cultivares com desempenho consistente ao longo de diferentes locais e safras, embora tal estabilidade seja raramente observada (Cruz *et al.*, 2012).

A presença da interação $G \times A$ possui importantes implicações nos programas de melhoramento genético, especialmente na fase de avaliação de linhagens visando à recomendação de novas cultivares. Nesse contexto, essa interação representa um dos principais desafios à seleção, em virtude da possibilidade de desempenho diferencial dos genótipos em função do ambiente (Cruz *et al.*, 2012). Dessa forma, torna-se necessária a condução de ensaios multilocais em redes experimentais, com o objetivo de estimar o Valor de Cultivo e Uso (VCU), subsidiando a recomendação de cultivares para diversas regiões de cultivo.

Para uma avaliação mais precisa do desempenho genotípico frente à variabilidade ambiental e para a adequada interpretação dos efeitos da interação $G \times A$, faz-se necessária a estimativa de parâmetros de adaptabilidade e estabilidade.

A adaptabilidade está associada à capacidade do genótipo em responder favoravelmente às variações ambientais, enquanto a estabilidade refere-se à previsibilidade do seu desempenho diante dessas variações (Cruz *et al.*, 2014). Tais análises fornecem subsídios essenciais para a seleção de genótipos com desempenho consistente e amplo potencial de recomendação.

Diversas metodologias têm sido empregadas na avaliação da adaptabilidade e estabilidade, visando ao desdobramento da interação $G \times A$. Conforme Cruz *et al.* (2012), tais métodos podem ser utilizados de forma conjunta, uma vez que alguns apresentam caráter alternativo, enquanto outros são complementares. Dentre as principais abordagens destacam-se os métodos clássicos baseados na análise de variância (Yates & Cochran, 1938; Plaisted & Peterson, 1959; Wricke, 1965; Annicchiarico, 1992), em modelos de regressão linear simples (Finlay & Wilkinson, 1963; Eberhart & Russell, 1966), regressão linear bissegmentada (Cruz *et al.*, 1989), métodos não paramétricos (Lin & Binns, 1988; Huehn, 1990) e as abordagens mais modernas baseadas em modelos mistos univariados, via REML/BLUP (Resende, 2007).

Diante do exposto, o presente estudo teve como objetivo identificar e selecionar genótipos superiores de feijão-comum do grupo preto que apresentem, de forma simultânea, elevada produtividade de grãos, ampla adaptabilidade e alta estabilidade fenotípica, com base na análise de dados provenientes de ensaios de Valor de Cultivo e Uso (VCU).

2. OBJETIVOS

2.1. Objetivo geral

Avaliar a interação genótipos x ambientes (G x A) na produtividade de grãos de genótipos de feijão-comum preto de ciclo médio por meio de ensaios de Valor de Cultivo e Uso (VCU).

2.2. Objetivos específicos

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

Avaliar a eficiência e determinar a correlação entre diferentes metodologias utilizadas na estimativa dos parâmetros de adaptabilidade e estabilidade fenotípica;

Identificar e recomendar genótipos de feijão-comum preto que apresentem desempenho previsível e sejam responsivos aos estímulos ambientais, além de apresentarem elevado potencial produtivo, a partir de metodologias de adaptabilidade e estabilidade.

3. REVISÃO BIBLIOGRÁFICA

3.1. Importância, produção e desafios da cadeia produtiva do feijão no Brasil

O feijão-comum (*Phaseolus vulgaris* L.) é uma das leguminosas mais consumidas no mundo, possuindo grande importância como alimento básico na nutrição humana (Rodrigues *et al.*, 2025.). No Brasil, o feijão-comum é amplamente cultivado em todas as regiões, oferecendo uma ótima relação custo-benefício, sendo essencial na segurança alimentar principalmente para comunidades de baixa renda (de Souza *et al.*, 2025.)

Apesar da relevância socioeconômica do feijão no Brasil, no período de 1981 a 2023, a área cultivada diminuiu mais de 56%, passando de 6,15 milhões de hectares para 2,69 milhões de hectares (Conab, 2023). Fatores como alta sensibilidade às condições climáticas, doenças e pragas, e concorrência com culturas mais rentáveis, como soja e milho, contribuem para redução do consumo, apesar disso, o Brasil se mantém entre os principais produtores mundiais, liderado pela produção concentrada nas regiões Sul, Sudeste e Centro-Oeste (IBGE, 2018).

O Projeto de Produção Integrada de Feijão-Comum desenvolvido pela Embrapa em colaboração com universidades e cooperativas, tem como objetivo melhorar a qualidade do produto para os mercados nacionais e internacionais, essas iniciativas buscam promover a diversificação através de variedades e garantir a certificação de variedades com maior potencial para exportação. Essas iniciativas são fundamentais para aumentar a competitividade do Brasil no mercado

internacional, que movimenta aproximadamente 2 bilhões de dólares (Coêlho, 2021).

Além de seu impacto econômico o feijoeiro é crucial para a agricultura familiar, que responde por 70% da produção do país, seu cultivo proporciona trabalho e renda, para pequenas, médias e grandes propriedades, fazendo parte da manutenção agrícola (Alves, 2016). A diversidade de variedades e métodos de cultivo apropriados são essenciais para aumentar a produtividade e lucratividade da cultura, associado a isso, o incentivo aos programas de melhoramento e a exportação são medidas que podem favorecer a viabilidade da produção de feijão no Brasil (Backes e Hemp, 2014).

3.2. Origem e classificação do feijão-comum (*Phaseolus vulgaris* L.)

O feijão-comum (*Phaseolus vulgaris* L.) é uma das leguminosas mais antigas cultivadas pelo ser humano, originado na Mesoamérica em áreas que atualmente correspondem aos países do México, Guatemala e partes da América Central e do Sul (Kaplan, 1981; Vavilov, 1931 por Debouck, 1991). A partir da identificação de populações selvagens da espécie, são apontados dois principais centros de origem, sendo um na América Central e o outro ao Sul dos Andes (Sul do Peru, Bolívia e Norte da Argentina) (Kaplan, 1981). Além disso, estudos recentes ainda apontam a possibilidade de um terceiro centro localizado na Colômbia (Carbonell *et al.*, 2021).

Arqueólogos sugerem que o feijão foi domesticado há mais de 10.000 anos, tornando-se um dos alimentos mais antigos da civilização, sendo disseminado mundialmente após a chegada dos europeus às Américas, e levado para várias regiões do mundo devido à sua capacidade de se adaptar a variadas condições edafoclimáticas (Gepts e Debouck, 1991).

O feijoeiro, juntamente com outras espécies domesticadas e cultivadas na América, teria sido disseminado na Europa através do intercâmbio colombiano. De acordo Bellucci *et al.*, (2023), esta introdução de plantas, possibilitou a hibridização e a combinação ampla de conjuntos genéticos conferindo à espécie uma maior diversidade genética.

O *Phaseolus vulgaris* L., uma espécie da família Fabaceae, subfamília Papilionoideae e tribo Phaseoleae, é uma das cinco espécies domesticadas do

gênero *Phaseolus*, conforme destacado por Debouck em (1999). Esta é uma planta herbácea de crescimento diploide ($2n = 22$), cujo genoma é estimado em 521,1 Megabases, contendo 27.197 loci e 31.638 transcritos que codificam proteínas (Schmutz *et al.*, 2014), sua reprodução é majoritariamente autossuficiente, facilitada pelo processo de cleistogamia, onde a autopolinização acontece antes do surgimento das flores (Borém, 2009), mesmo que possam ocorrer taxas de fertilização cruzada variando de 1% a 5%, dependendo do genótipo e do ambiente (Steinhauser, 2016).

A espécie possui raízes pivotantes que se estendem por cerca de 20 cm, caule herbáceo e folhas pecioladas trifolioladas, com exceção das primeiras, que são simples e opostas (Leon, 1968). As inflorescências apresentam flores papilionadas formadas por uma bráctea, duas bractéolas e uma quilha formada pela união de duas pétalas inferiores, o ovário do gineceu é supracarpelar, unilocular e pluriovulado, ao passo que o do androceu é longitudinalmente deiscente (Moreira, 2014). O período de crescimento oscila entre 60 e 120 dias, sendo afetado por elementos genéticos e ambientais (Alves, 2016).

O padrão de crescimento, a espécie é categorizada em quatro categorias: tipo I, caracterizado por um crescimento fixo, e tipos II, III e IV, caracterizados por um crescimento variável, distinguindo-se pelo tamanho da planta e pela forma dos seus ramos (Jauer *et al.*, 2006).

De acordo com Singh *et al.*, (1991), a grande variabilidade morfológica do feijão-comum possibilita a distinção entre variedades selvagens e cultivadas, baseada no padrão de crescimento, no tamanho das folhas, flores, vagens e sementes. As sementes exibem variações na forma, cor e tamanho, com os grupos carioca, preto dominando a produção brasileira (CONAB, 2024). Esta diversidade genética é crucial para o aprimoramento da espécie e sua adaptação a diferentes condições edafoclimáticas.

3.3. Melhoramento genético do feijoeiro-comum: histórico e avanços

O melhoramento genético do feijão no Brasil data de 1930, iniciado no Instituto Agrônomo de Campinas (IAC), visando produtividade e tamanho da planta (Chiorato e Carbonell, 2014). A Embrapa Arroz e Feijão assumiu a liderança

no melhoramento do feijoeiro a partir dos anos 70, desenvolvendo variedades como BRS FP 403 e BRS FC 104 (Souza *et al.*, 2019).

As combinações de cultivares e linhagens para criar populações segregadas, com posterior escolha de linhagens avançadas favorecem o desempenho entre safras (Borém *et al.*, 2017). Dados obtidos da Conab (2025), no 4º Levantamento da Safra de Grãos 2024/25, indicam que a produção brasileira de feijão foi de 3,4 milhões de toneladas, e representou um aumento de 4,9% em comparação a safra anterior.

Mesmo com os avanços nos programas de melhoramento, a predominância de características como a reprodução autógama, dificulta o intercâmbio genético entre populações selvagens e domesticadas (Papa *et al.*, 2005), isso, combinado com a seleção artificial e à deriva genética, podem limitar consideravelmente a diversidade genética da espécie (Bitocchi *et al.*, 2012).

O progresso das tecnologias moleculares tem fornecido oportunidades no aprimoramento do feijoeiro, possibilitando o mapeamento genético e a detecção de marcadores genéticos para atributos relevantes (Schmutz *et al.*, 2014). Dessa forma, esses progressos possibilitaram a criação de cultivares mais resistentes e linhagens com maior potencial de adequação as variadas condições ambientais (Martins, 2015). Essa adequação reflete sua capacidade de se estabilizar e adaptar aos diferentes ambientes.

Logo, a criação de cultivares regionais, como a UENF 2014 e a UENF Rio Paraíba, adaptadas ao Norte e Noroeste Fluminense, destacam a importância de estratégias específicas para diversas regiões do Brasil (Pereira *et al.*, 2018).

3.4. Interação genótipos x ambientes (G x A)

A interação genótipo x ambiente (G x A) é crucial no aprimoramento genético, refletida na variação do desempenho entre genótipos em diferentes condições ambientais, essas diferenças resultam em variadas correlações entre características fenotípicas e genotípicas, dificultando a seleção de linhagens adaptadas (Alves *et al.*, 2020). A relação G x A pode ser simples, na ausência de inversão na performance dos genótipos entre os ambientes, ou complexa, se a performance diferir consideravelmente entre os ambientes, apresentando desafios para a sugestão de cultivares (Cruz e Regazzi, 2014; Borém *et al.*, 2017).

Os efeitos advindos da interação G x A estão ligados à diversidade genética entre os genótipos e à variabilidade dos ambientes, dessa forma, avaliar essas diferenças, exige a execução de experimentos multirregionais. Barros, (2019); Pereira *et al.* (2013) ressaltam que a regionalização climática brasileira favoreceu os experimentos, possibilitando a diminuição da quantidade de testes necessários para o registro de cultivares e a melhoria da precisão experimental.

Os testes de Valor de Cultivo e Uso (VCU), requeridos pelo Registro Nacional de Cultivares do Ministério da Agricultura, são cruciais para a sugestão de novas variedades de plantas, esses testes possibilitam avaliar a relevância da G x A e escolher cultivares adaptados a condições particulares (Barili *et al.*, 2015).

Para testes com interações complexas previstas na G x A, além dos testes em campos, Slafer (2003) propõe o uso de simulações computacionais para antecipar os efeitos da relação G x A em variados cenários, assegurando maior eficácia, redução de tempo e custos na escolha de linhagens promissoras (Podlich *et al.*, 1999). Tais alternativas são fundamentais para superar restrições ligadas ao alto custo e à complexidade operacional de ensaios em diversos cenários (Pereira *et al.*, 2010).

A análise de dados visando entender a interação G x A via técnicas estatísticas avançadas, como os modelos GGE Biplot e o AMMI são frequentemente empregados, possibilitando antecipar resultados, facilitar a visualização da interação e identificar os genótipos com ampla estabilidade ou adaptabilidade específica (Yan e Kang, 2019). Além destes, métodos baseados em modelos mistos através do REML/BLUP são eficientes na avaliação da estabilidade e adaptabilidade do feijoeiro (Resende *et al.*, 2016).

Considerando a importância da interação G x A no rendimento genotípico, além da regionalização dos experimentos, a utilização de germoplasmas, bem como de técnicas analíticas sofisticadas são fundamentais no melhoramento do feijão, favorecendo a identificação de genótipos com grande adaptabilidade e estabilidade fenotípica e que satisfaçam as necessidades produtivas em variados ambientes (Elias *et al.*, 2016; (Cruz e Regazzi, 2014).

3.5. Adaptabilidade e estabilidade

A avaliação da estabilidade e adaptabilidade faz parte do melhoramento do feijoeiro, dado que, seus atributos agrônômicos com caráter quantitativo são

fortemente afetados pelas condições ambientais (Borém *et al.*, 2017). A adaptabilidade está ligada à habilidade da planta de se beneficiar das mudanças ambientais, enquanto a estabilidade remete a sua constância em diversas circunstâncias, sua avaliação é crucial para o melhoramento genético, demandando avaliação em diversos ambientes para detectar cultivares estáveis e adaptáveis (Cruz e Regazzi, 2014; Barili *et al.*, 2015).

De acordo com Lin *et al.* (1986), a estabilidade pode ser categorizada de três formas, estabilidade biológica, agrônômica e fundamentada em desvios de regressão, cada uma delas remete a interação entre genótipo e ambiente ($G \times A$) sob distintas visões. A estabilidade biológica representa genótipos que apresentam pouca variação entre ambientes mesmo que menor produtividade, já a estabilidade do tipo agrônômica é a mais utilizada no melhoramento, representando genótipos com respostas semelhantes à média geral, por fim, a estabilidade fundamentada em desvios de regressão possibilita a identificação de genótipos constantes frente às alterações ambientais (Lin e Binns, 1988).

Com o objetivo de examinar a interação $G \times A$ e selecionar genótipos com maior adaptabilidade e estabilidade, várias metodologias são empregadas, tais como as baseadas na análise de variância propostos por Yates e Cochran (1938), visando identificar genótipos com menor variação entre ambientes (Cruz e Regazzi, 2014). A análise de variância combinada para estabelecer índices de confiança entre ambientes favoráveis e genótipos é amplamente utilizada para o feijoeiro (Annicchiarico, 1992).

Outra abordagem é o emprego da regressão linear para categorizar genótipos com base em sua adaptabilidade ampla ou específica (EBERHART e RUSSELL, 1966), esse método é frequentemente empregado no aprimoramento do feijão devido à sua simplicidade e eficiência (Pereira *et al.*, 2009).

O método de Lin e Binns (1988), aprimorado por Carneiro (1998), avalia a estabilidade através do índice P_i , resultado da diferença entre a produtividade média e máxima em cada ambiente. Daher *et al.*, (2003), trabalhando com clones de capim elefante constatou que genótipos com P_i reduzido são vistos como mais estáveis e rentáveis.

Os métodos multivariados, como o AMMI e o GGE Biplot, possibilitam uma avaliação mais criteriosa da $G \times A$, permitindo mensurar a adaptabilidade e estabilidade e avaliar a performance genotípica em diversos cenários (Yan e Kang,

2019). O uso dessa metodologia depende principalmente do número de ambientes analisados e da precisão requerida (Cruz *et al.*, 2014), alternativas como os modelos mistos REML/BLUP (Máxima Verossimilhança Restrita – REML e Melhor Preditor Linear Não Viesado – BLUP) permitem estimar parâmetros genéticos e ambientais de maneira mais precisa, levando em consideração estruturas complexas dos dados (Resende *et al.*, 2016).

A seleção de genótipos adaptados às condições de estresse específicas ou áreas definidas, minimiza os efeitos da interação G x A, isso torna essencial a utilização de ferramentas estatísticas e análises sólidas no processo de aprimoramento genético (Franceschini *et al.*, 2010; Carbonell *et al.*, 2007). Portanto, a escolha correta das metodologias de avaliação são fundamentais para reconhecer linhagens superiores em programas de melhoramento de feijão (Melo *et al.*, 2018).

4. MATERIAL E MÉTODOS

4.1 Material vegetal

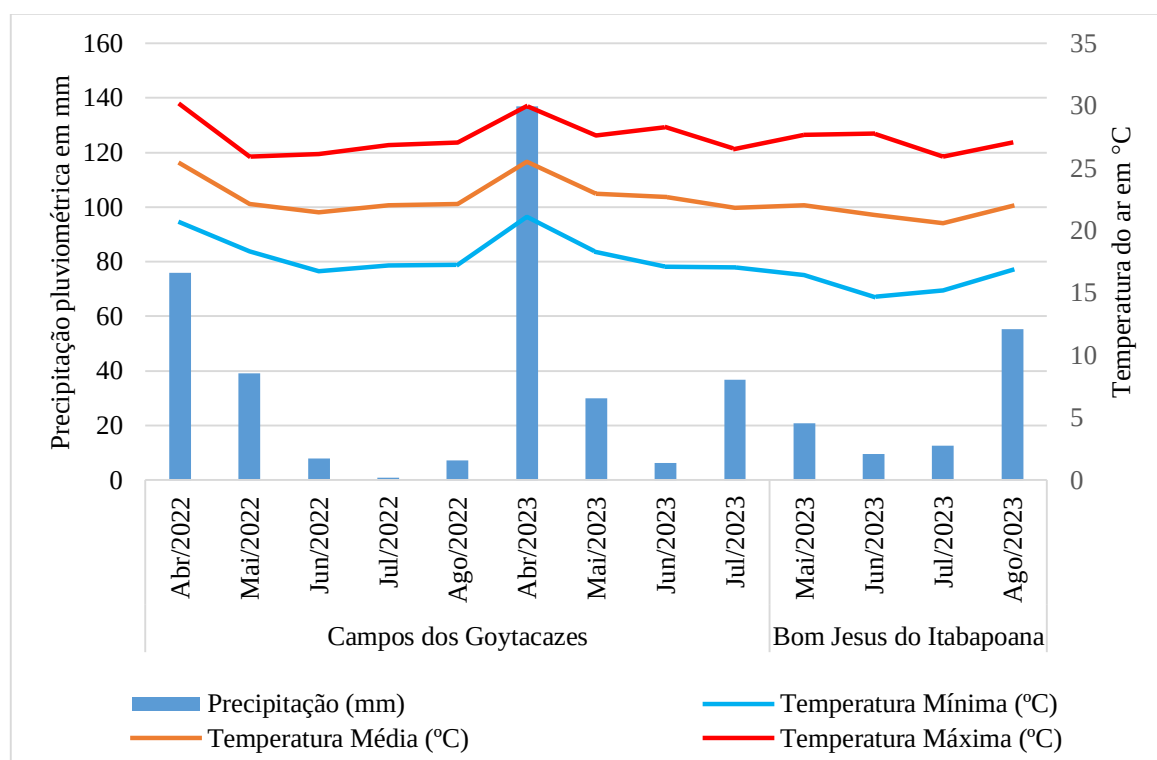
Foram avaliados dez genótipos de feijão-comum preto, incluindo seis linhagens experimentais, identificadas pelo prefixo 'CNFP', e quatro cultivares utilizadas como testemunhas, sendo duas cultivares (BRS FP403 e BRS FP417), desenvolvidas pela Embrapa Arroz e Feijão, duas cultivares desenvolvida pelo Instituto Agrônômico do Paraná (IPR Uirapuru e IPR Urutau) (Tabela 1). As linhagens experimentais foram desenvolvidas pelo Centro Nacional de Pesquisa de Arroz e Feijão (CNPAP) da Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária (Embrapa).

Tabela 1. Genótipos de feijão-comum preto e suas origens avaliados em três ambientes do estado do Rio de Janeiro nos anos de 2022 e 2023.

Genótipos	Tipo	Cruzamento	Origem
BRS FP 403	Cultivar	POT 51///ICA PIJÃO/XAN 170//BAC 16/XAN 91	Embrapa
BRS FP 417	Cultivar	BRS Esplendor x BRS Campeiro	Embrapa
IPR Uirapuru	Cultivar	-	IPR
IPR Urutau	Cultivar	-	IPR
CNFP 17968	Linhagem	BRS Esplendor x IPR Chopin	Embrapa
CNFP 17973	Linhagem	BRS Esplendor x BRS Supremo	Embrapa
CNFP 17978	Linhagem	BRS Esplendor x BRS Campeiro	Embrapa
CNFP 17979	Linhagem	BRS Esplendor x BRS Campeiro	Embrapa
CNFP 17984	Linhagem	BRS Esplendor x BRS Campeiro	Embrapa
CNFP 18552	Linhagem	CNFP 10805 x BRS Vereda	Embrapa

4.2 Locais e condições experimentais dos ensaios de Valor de Cultivo e Uso

Os ensaios foram realizados em duas áreas experimentais situadas no estado do Rio de Janeiro, nos municípios de Campos dos Goytacazes (anos agrícolas de 2022 e 2023) e Bom Jesus do Itabapoana (ano agrícola de 2023), totalizando três ambientes experimentais (Figura 1).



Fonte: Agritempo (2025)

Figura 1. Precipitação em mm, temperatura do ar mínima e máxima em °C dos três ambientes onde foram avaliados dez genótipos de feijão-comum preto no estado do Rio de Janeiro nos anos de 2022 e 2023.

O município de Campos dos Goytacazes está localizado na região Norte Fluminense, com coordenadas geográficas de 21° 19' 23" sul e 41° 19' 40" oeste, com altitude entre 20 e 30 metros. O clima local é classificado como Aw – tropical quente e úmido, segundo Köppen, caracterizado por verões chuvosos e invernos secos e precipitação média anual entre 1055 mm a 1500 mm. O município de Bom Jesus do Itabapoana localizado às margens do rio Itabapoana, que delimita a divisa com o estado do Espírito Santo, possui coordenadas geográficas de 21° 08' 02" sul e 41° 40'

48" oeste e altitude média de 88 metros, também é classificado como Aw – tropical quente e úmido, caracterizando-se por verões quentes e úmidos e invernos secos e amenos. A precipitação média anual varia entre 1.100 e 1.300 mm.

O experimento foi conduzido em delineamento em blocos ao acaso, com três repetições. Cada parcela experimental consistiu de quatro linhas de 4 m de comprimento, espaçadas entre si por 0,5 m, resultando em uma densidade populacional de 240.000 plantas por hectare. A área útil da parcela foi definida pelas duas linhas centrais, desconsiderando-se 0,5 m nas extremidades superior e inferior, totalizando 3 m². Para reduzir a interferência de fatores ambientais externos, foi estabelecida uma faixa de bordadura ao redor de toda a área experimental.

O primeiro ensaio de competição foi implantado em 28 de abril de 2022, no Centro Estadual de Pesquisa em Agroenergia e Aproveitamento de Resíduos (CEPAAR), vinculado à Empresa de Pesquisa Agropecuária do Estado do Rio de Janeiro (PESAGRO-Rio), localizado no município de Campos dos Goytacazes. No ano subsequente, dois novos ensaios foram conduzidos: o primeiro em 18 de abril de 2023, no mesmo local utilizado anteriormente em Campos dos Goytacazes; o segundo em 10 de maio de 2023, na área experimental do Instituto Federal Fluminense localizada no município de Bom Jesus do Itabapoana.

A colheita foi realizada na fase R9, 90 dias após a semeadura. A coleta de dados ocorreu nas duas fileiras centrais de cada parcela, descartando-se as fileiras de bordadura. Os dados foram registrados por meio da pesagem das amostras, ajustadas para 13% de umidade, com os resultados expressos em kg ha⁻¹.

Durante a condução dos experimentos, foram feitos os tratos culturais e fitossanitários recomendados para a cultura, segundo Carneiro *et al.* (2025), bem como a irrigação por aspersão, quando necessária.

4.3 Análise estatística

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

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

Em que Y_{ij} é o valor observado do i-ésimo genótipo no j-ésimo bloco; μ é a média geral; G_i é o efeito fixo do i-ésimo genótipo; B_j é o efeito aleatório do j-ésimo bloco; e ε_{ij} é o erro experimental.

De acordo com Pimentel-Gomes & Garcia (2002), a análise conjunta de experimentos é considerada apropriada quando a razão entre o maior e o menor quadrado médio residual é inferior a sete. Entretanto, quando essa razão excede esse valor, recomenda-se a formação de subgrupos experimentais com quadrados médios residuais relativamente homogêneos, a fim de reduzir a heterogeneidade e assegurar a validade das inferências estatísticas.

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

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

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

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

$$C = \frac{100 \sqrt{(1 - r) QMLI_j QMLI_{j'}}}{QMLI \cdot LO_{jj'}}$$

Em que r é a correlação entre média de um mesmo genótipo nos locais j e j'; $QMLI_j$ e $QMLI_{j'}$ são os quadrados médios entre os genótipos nos locais j e j'; e $QMLI \cdot LO_{jj'}$ é o quadrado médio da interação entre genótipos e os locais j e j'. Feita a decomposição da interação complexa, o estudo de adaptabilidade e estabilidade

fenotípica das linhagens de feijão-comum preto foi feito pelas metodologias clássicas baseadas em análise de variância (Plaisted & Peterson, 1959; Annicchiarico, 1992; Wricke, 1965), regressão linear simples (Finlay & Wilkinson, 1963) e análises não paramétricas (Huenh, 1990).

O método proposto por Plaisted & Peterson (1959) quantifica a contribuição relativa de cada genótipo para a interação G x A e identifica aqueles de maior estabilidade. Nesse método, o estimador do parâmetro que descreve a estabilidade é dado por:

$$\hat{\theta}_i = \frac{1}{g-1} \left[\sum_{i'=1}^g \hat{\sigma}_{(ga)_{ii'}}^2 \right] (i \neq i')$$

Sendo $\hat{\sigma}_{(ga)_{ii'}}$ é o componente da interação G x A, estimado pela análise de variância, a partir da análise conjunta de todos os ambientes, e um par de genótipos que envolve o genótipo i, sendo obtido pela seguinte fórmula:

$$\hat{\sigma}_{(ga)_{ii'}}^2 = \frac{SQ_{(G'_{ii'} \times A)}}{a-1} \text{QMR}$$

Em que: $SQ'_{(G'_{ii'} \times A)} = \frac{r}{2} \left[d_{ii'}^2 - \frac{1}{a} (Y_i - Y_{i'})^2 \right]$ e $d_{ii'}^2 = j(Y_{ij} - Y_{i'j})^2$ (para j = 1, 2, 3, ..., n); n é o número de ambientes.

A contribuição relativa de cada genótipo foi calculada por:

$$\hat{\theta}_{i(\%)} = \frac{\theta_i \times 100}{g\sigma_{ga}^2}$$

A análise de estabilidade segundo o método da ecovalência, proposto por Wricke (1965), é obtida por meio da decomposição da soma de quadrados da interação G x A. Dessa forma, para cada genótipo, estimou-se sua contribuição específica à interação total, considerando a soma de quadrados gerada pela interação em todos os ambientes nos quais foi avaliado. A decomposição da soma de quadrados da interação G x A foi realizada conforme a seguinte equação:

$$\omega_i = \sum_{j=1}^n (ga)_{ij}^2$$

Sendo ga estimado de acordo com a equação:

$$(ga)_{ij} = Y_{ij} - \bar{Y}_i - \bar{Y}_j - \bar{Y}_{..}$$

Em que Y_{ij} é a média do genótipo i no ambiente j ; $\bar{Y}_i$ é a média do genótipo i em todos os ambientes; $\bar{Y}_j$ é a média do ambiente j para todos os genótipos; e $\bar{Y}_{..}$ é a média geral. O somatório dos ω_i corresponde ao valor da soma de quadrados da interação $G \times A$. Dessa forma, é possível calcular a porcentagem da interação $G \times A$ referente a cada genótipo dada pela equação:

$$\omega_{i(\%)} = \left(\frac{\omega_i}{\sum_i \omega_i} \right) \times 100$$

Quanto menores os valores de ω_i e $\omega_{i(\%)}$, mais estáveis serão os genótipos.

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

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

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

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

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

Em que Y_{ij} é a média do i -ésimo genótipo no j -ésimo ambiente; I_j é o índice ambiental, obtido pela seguinte fórmula:

$$I_j = \left[\left(\frac{Y_{.j}}{p} \right) - \left(\frac{Y_{..}}{pn} \right) \right]$$

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

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

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

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

O parâmetro de estabilidade (σ_{di}^2) foi determinado segundo a seguinte expressão:

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

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

Em relação à estabilidade, os genótipos foram classificados em: materiais de alta ($\sigma_{di}^2 = 0$) e baixa estabilidade ($\sigma_{di}^2 \neq 0$). As estimativas para a variância dos

desvios de regressão foram testadas segundo a hipótese $H_0: \sigma_{di}^2 = 0$ e $H_1: \sigma_{di}^2 \neq 0$, utilizando-se o teste F segundo a seguinte expressão:

$$F = QMDi / QMR$$

Como medida auxiliar de comparação entre genótipos, foi utilizado o coeficiente de determinação R^2 (Cruz *et al.*, 2012), obtido de acordo com a seguinte equação:

$$R^2 = \left[\frac{SQ(Regressão\ linear)_i}{SQ\left(\frac{A}{G_i}\right)} \right] \times 100$$

Em que $SQ(Regressão\ linear)_i$ é a soma de quadrados da regressão linear do i-ésimo genótipo; e $Q\left(\frac{A}{G_i}\right)$ é a soma de quadrados de ambientes dentro do i-ésimo genótipo.

Annicchiarico (1992) destaca que toda prática agrícola está sujeita a riscos, os quais podem ser quantificados e utilizados como suporte no processo de decisão quanto à escolha de genótipos superiores. Com esse propósito, o autor propôs um método que gera uma medida de estabilidade denominada índice de confiança (I_i). Valores mais elevados desse índice indicam maior segurança na recomendação de cultivares.

Os procedimentos utilizados no método proposto por Annicchiarico (1992) para estimar o parâmetro de estabilidade iniciam-se com a conversão das médias de cada genótipo, em cada ambiente, para valores percentuais relativos à média do respectivo ambiente ($\bar{Y}_{ij}$). Em seguida, estimam-se o desvio-padrão ($\hat{\sigma}_{i.}$) e a média ($\bar{Y}_{i.}$) dessas porcentagens para cada genótipo. Com essas estimativas em mãos, calcula-se o índice de confiança (I_i) por meio do seguinte estimador:

$$I_i = \bar{Y}_{i.} - Z_{(1-\alpha)}(\hat{\sigma}_{i.})$$

Em que $Z_{(1-\alpha)}$ é o valor na distribuição normal estandardizada no qual a função de distribuição acumulada atinge o valor $(1 - \alpha)$, com nível de significância α pré-fixado pelo autor em 0,25.

O método proposto por Huenh (1990) analisa a estabilidade dos genótipos por meio das estatísticas S_1 , S_2 e S_3 , baseadas na classificação dos genótipos nos vários ambientes em relação aos dados originais ou aos efeitos $\widehat{GA}_{ij}$. As estimativas dos efeitos da interação G x A foram obtidas pela expressão:

$$\widehat{GA}_{ij} = Y_{ij} - Y_{i.} - Y_{.j} - Y_{..}$$

Em que Y_{ij} é a média do i-ésimo genótipo no j-ésimo ambiente; $Y_{i.}$ é a média geral i-ésimo genótipo; $Y_{.j}$ é a média geral j-ésimo ambiente; $Y_{..}$ é a média geral do ensaio.

As medidas não paramétricas de estabilidade, denotadas por S_1 , S_2 e S_3 , foram obtidas conforme descrição a seguir.

S_{1i} é a média das diferenças absolutas entre as classificações do genótipo i nos ambientes, dadas por:

$$S_{1i} = \frac{\sum_{j>j'} |r_{ij} - r_{ij'}|}{\frac{a(a-1)}{2}}$$

Em que r_{ij} é a classificação do genótipo i no ambiente j; e a é o número de ambientes.

S_{2i} é a variância das classificações do genótipo i nos ambientes, dada por:

$$S_{2i} = \frac{\sum_j (r_{ij} - \bar{r}_t)^2}{a - 1}$$

Em que $\bar{r}_t$ é obtido pela seguinte fórmula: $\bar{r}_t = \frac{\sum_j r_{ij}}{a}$

S_{3i} é a soma dos desvios absolutos de cada classificação em relação à média das classificações, dada por:

$$S_{3i} = \frac{\sum_j |r_{ij} - \bar{r}_t|}{\bar{r}_t}$$

Para a avaliação dos efeitos da interação G x A através de modelos mistos univariados, utilizou-se a metodologia REML/BLUP por meio do modelo estatístico 54 disponível no software SELEGEN REML/BLUP (Resende, 2007). Este modelo

é estruturado na forma matricial: $y = X_b + Z_g + W_c + e$, em que y é o vetor de valores observados, b é o efeito de blocos dentro de diferentes ambientes (fixo), g é o efeito de genótipos (aleatório), c é o efeito da interação G x A (aleatório), e e são os erros aleatórios, e X , Z e W são as matrizes de incidência para b , g e c , respectivamente. As distribuições e estruturas de médias (E) e variâncias (Var)

assumidas foram: $E: \begin{bmatrix} y \\ g \\ c \\ e \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} Xb \\ 0 \\ 0 \\ 0 \end{bmatrix}; \text{ Var: } \begin{bmatrix} g \\ c \\ e \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} I\sigma_g^2 & 0 & 0 \\ 0 & I\sigma_c^2 & 0 \\ 0 & 0 & I\sigma_e^2 \end{bmatrix}.$

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

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

$\frac{(1-h_g^2-c^2)}{c_g^2}$, em que $h_g^2 = \frac{\sigma_g^2}{(\sigma_g^2 + \sigma_c^2 + \sigma_e^2)}$, herdabilidade individual no sentido amplo em nível de bloco, sendo σ_g^2 é a variância genotípica; σ_c^2 é a variância da interação G x A; σ_e^2 é a variância residual entre parcelas; $\sigma_p^2 = \sigma_g^2 + \sigma_c^2 + \sigma_e^2$, é a variância fenotípica individual; $c^2 = \frac{\sigma_c^2}{(\sigma_g^2 + \sigma_c^2 + \sigma_e^2)}$, corresponde ao coeficiente de determinação dos efeitos da interação G x A.

Os estimadores iterativos dos componentes de variância, por REML, via algoritmo EM, são: $\hat{\sigma}_e^2 = \frac{[y'y - \hat{b}'X'y - \hat{g}'Z'y - \hat{c}'W'y]}{[N-r(x)]}$; $\hat{\sigma}_g^2 = \frac{[\hat{g}'\hat{g} + \hat{\sigma}_e^2 tr C^{22}]}{q}$; $\hat{\sigma}_c^2 = \frac{[\hat{c}'\hat{c} + \hat{\sigma}_e^2 tr C^{33}]}{s}$,

em que C^2 e C^3 advém de $C^{-1} = \begin{bmatrix} C_{11} & C_{12} & C_{13} \\ C_{21} & C_{22} & C_{23} \\ C_{31} & C_{32} & C_{33} \end{bmatrix}^{-1} = \begin{bmatrix} C^{11} & C^{12} & C^{13} \\ C^{21} & C^{22} & C^{23} \\ C^{31} & C^{32} & C^{33} \end{bmatrix}$, sendo C a

matriz dos coeficientes das equações de modelo misto; tr o operador traço matricial; $r(x)$ o posto da matriz X ; N , q , s são o número total de dados, o número de genótipos e o número de combinações G x A, respectivamente.

A seleção dos genótipos superiores por meio do método da Média Harmônica da Performance Relativa dos Valores Genotípicos (MHPRVG) foi baseada em três critérios distintos: (i) seleção fundamentada nos valores genéticos preditos, considerando o desempenho médio dos genótipos em todos os ambientes, sob a hipótese de ausência de interação G x A; (ii) seleção baseada nos valores genéticos preditos, levando em conta o desempenho específico dos genótipos em cada ambiente, considerando o efeito médio da interação G x A; e (iii) seleção simultânea visando à estabilidade (medida pela Média Harmônica dos Valores Genéticos –

MHVG), à adaptabilidade (avaliada pela Performance Relativa dos Valores Genéticos – PRVG) e à combinação simultânea de estabilidade e adaptabilidade (MHPRVG).

Tais parâmetros foram obtidos da seguinte forma:

a) A estimação da estabilidade foi obtida pelo método da MHVG dada pelo estimador:

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

Em que n é o número de ambientes ($n = 3$) nos quais o genótipo i foi avaliado, e Vg_{ij} é o valor genotípico do genótipo i na safra j .

b) A adaptabilidade foi mensurada pelos valores da PRVG, conforme a expressão:

c)

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

Em que M_j representa a média do rendimento das variáveis em questão no ambiente j .

d) A seleção simultânea quanto ao caráter mensurado, adaptabilidade e estabilidade é dada pela MHPRVG, sendo calculada pela seguinte expressão:

$$MHPRVG = 1/PRVG$$

O grau de concordância entre os diferentes métodos empregados foi avaliado pela utilização do coeficiente de Spearman (ρ), que considera o ordenamento dos genótipos, de acordo com cada um dos parâmetros dos métodos utilizados. A expressão para o cálculo do coeficiente de Spearman é dada por:

$$\rho = 1 - \frac{6 \sum_{i=1}^n d_i^2}{n(n^2 - 1)}$$

Em que ρ é o coeficiente de correção de Spearman; d_i^2 é a diferença entre as ordenações; e n é o número de partes de ordenações.

Todas as análises genético-estatísticas, assim como a avaliação das correlações entre as metodologias empregadas neste estudo, foram conduzidas por meio dos recursos computacionais disponibilizados pelo programa Genes (Cruz, 2016).

3. RESULTADOS E DISCUSSÃO

Para verificar a significância das fontes de variação e a homogeneidade das variâncias, realizou-se uma análise de variância individual para cada ambiente, conforme apresentado na Tabela 2.

Tabela 2. Resumo da análise de variância individual para produtividade de grãos, em kg ha⁻¹, de dez genótipos de feijão-comum preto avaliados em três ambientes do estado do Rio de Janeiro nos anos de 2022 a 2023.

Fonte de variação	GL	Quadrado médio		
		Ambiente 1	Ambiente II	Ambiente III
Blocos	2	9.486,63	1.520,83	3.754,13
Genótipos	9	224.202,06**	34.354,17*	384.657,72**
Resíduos	18	11.654,78	10.409,72	8.872,10
CVg (%)		9,98	3,62	10,50
CVe (%)		4,05	4,13	2,79
CVr		2,47	0,88	3,76
Média		2.665,93	2.469,17	3.372,13

* e **: significativo a 5% e 1% de probabilidade pelo teste F, respectivamente; ^{ns}: não significativo. Ambiente 1: Campos dos Goytacazes (2022); Ambiente 2: Campos dos Goytacazes (2023); Ambiente 3: Bom Jesus do Itabapoana (2023). GL: grau de liberdade; CVg (%): coeficiente de variação genotípico; CVe (%): coeficiente de variação experimental; CVr: coeficiente de variação relativo (CVg/CVe).

Na Tabela 2, observou-se que a fonte de variação genótipos apresentou significância estatística aos níveis de 1% e 5% de probabilidade ($P < 0,01$ e $P < 0,05$, respectivamente) pelo teste F em todos os ambientes avaliados. Tal significância denota que existe variabilidade significativa entre os genótipos para cada ambiente.

De acordo com Cruz *et al.* (2012), a análise de variância desempenha papel essencial ao permitir a mensuração da variabilidade genética entre os genótipos avaliados, bem como ao possibilitar a verificação da precisão experimental e a identificação de diferenças entre as variâncias residuais estimadas.

O coeficiente de variação obtido na análise de variância individual constitui um importante indicador da precisão experimental. Conforme proposto por Pimentel-Gomes (2022), esse parâmetro é classificado como baixo quando inferior a 10%, médio entre 10 e 20%, alto quando situado acima de 20% e até 30%, e muito alto quando ultrapassa 30%. Com base nesses critérios, verifica-se na Tabela 2 que os valores observados para todos os ambientes enquadram-se na categoria de baixa variação.

Coeficientes de variação reduzidos sugerem maior contribuição da variabilidade genética para a variação fenotípica total, condição favorável ao processo de seleção, uma vez que aumenta a eficiência na identificação de genótipos superiores com base na fração herdável da variância fenotípica. Esse comportamento é corroborado pelos valores da razão entre o coeficiente de variação genotípico e o coeficiente de variação experimental ($CV_g\%/CV_e\% > 1,0$), que foram superiores à unidade em dois dos três ambientes avaliados (Tabela 2).

A estimativa e a significância do quadrado médio da análise de variância conjunta, assim como a média, coeficientes de variação genotípico ($CV_g\%$), experimental ($CV_e\%$) e relativo (CV_r) bem como o valor da razão entre o maior e menor quadrado médio do resíduo ($>QMR/QMR<$) para a característica de produtividade de grãos ($kg\ ha^{-1}$), encontram-se na Tabela 3.

Tabela 3. Resumo da análise de variância conjunta para a característica produtividade, em kg ha⁻¹, de dez genótipos de feijão-comum preto avaliados em três ambientes do estado do Rio de Janeiro nos anos de 2022 a 2023.

Fonte de variação	GL	Quadrado médio	Valor de F
Blocos/Ambientes	6	4.920,53	-
Genótipos	9	246.256,37 ^{ns}	1,24
Ambientes	2	6.763.921,81**	1.374,63
Genótipos x Ambientes	18	198.478,79**	19,25
Resíduo	54	10.312,20	-
Total	89	-	-
Média geral			2.835,74
CVg (%)			2,57
CVe (%)			3,58
CVR			0,72
>QMR/QMR<			1,31

* e **: significativo a 5% e 1% de probabilidade pelo teste F, respectivamente; ^{ns}: não significativo.

Os quadrados médios do resíduo (QMR) obtidos nas análises de variância individuais para a produtividade de grãos (Tabela 2) resultaram em uma razão entre o maior e o menor QMR igual a 1,31 indicando homogeneidade relativa das variâncias. Essa condição viabiliza a inclusão de todos os ambientes na análise de variância conjunta (Tabela 3).

Os resultados da análise de variância conjunta (Tabela 3) indicaram que os efeitos dos ambientes e da interação G x A foram significativos ao nível de 1% de probabilidade pelo teste F. A significância da interação G x A evidencia a ocorrência de desempenho inconsistente dos genótipos em resposta às variações ambientais, refletindo uma resposta diferencial dos materiais genéticos avaliados frente aos distintos ambientes. Tal comportamento justifica a realização de estudos voltados à adaptabilidade e à estabilidade fenotípica, com o propósito de identificar genótipos que combinem responsividade aos estímulos ambientais, comportamento previsível diante das flutuações ambientais e elevado potencial produtivo.

De acordo com Nascimento *et al.* (2025), a presença da interação G x A evidencia a heterogeneidade das condições ambientais, as quais exercem influência marcante sobre o desempenho produtivo dos genótipos em diferentes locais de cultivo. Essa variação está associada à atuação de fatores imprevisíveis,

como mudanças nos padrões de precipitação, aumento da temperatura do ar, sobretudo em estádios fenológicos mais sensíveis da cultura (Figura 1), bem como às oscilações na ocorrência de pragas e doenças.

A análise da natureza da interação G x A para característica de produtividade de grãos é apresentada na Tabela 4. De acordo com o estimador proposto por Cruz & Castoldi (1991), o qual decompõe a interação G x A em parte complexa por pares de ambientes, das 3 comparações possíveis realizadas, duas foram do tipo complexa, ou seja, apresentaram estimativas acima de 50%.

Tabela 4. Estimativas das interações complexas (%C) em três ambientes com dez genótipos de feijão-comum preto avaliados em três ambientes do estado do Rio de Janeiro nos anos de 2022 a 2023.

Pares de ambientes	Interações complexas (%)
1 x 2	65,70
1 x 3	97,71
2 x 3	29,83

Ambiente 1: Campos dos Goytacazes (2022); Ambiente 2: Campos dos Goytacazes (2023); Ambiente 3: Bom Jesus do Itabapoana (2023).

Segundo Ramalho *et al.* (2012), a interação G x A de natureza complexa revela inconsistência no desempenho relativo dos genótipos ao longo dos diferentes ambientes testados. Assim, materiais que se destacam em determinadas condições podem não repetir esse comportamento em outros cenários, o que dificulta e encarece os processos de seleção e recomendação de cultivares. Para reduzir esse impacto, podem ser empregadas estratégias como a recomendação de genótipos adaptados a ambientes específicos, o estabelecimento de zoneamentos ecológicos e a seleção de cultivares com maior estabilidade fenotípica.

As médias gerais para a característica de produtividade de grãos em cada ambiente de avaliação com seus respectivos índices ambientais, encontram-se na Tabela 5.

Tabela 5. Médias de produtividade, índices ambientais, produtividade máxima e mínima e classificação dos ambientes referentes a produtividade de grãos, em kg ha⁻¹, de dez genótipos de feijão-comum preto avaliados em três ambientes do estado do Rio de Janeiro nos de 2022 a 2023.

Ambientes	Média	Índice ambiental	Máximo	Mínimo	Classificação
1	2665,93	-169,81	2921	2125	Desfavorável
2	2469,17	-366,58	2675	2483,34	Desfavorável
3	3372,13	536,39	3763,67	3534,34	Favorável

Ambiente 1: Campos dos Goytacazes (2022); Ambiente 2: Campos dos Goytacazes (2023); Ambiente 3: Bom Jesus do Itabapoana (2023).

O índice ambiental foi estimado com base na diferença entre a produtividade média observada em cada ambiente e a média geral considerando o conjunto de ambientes avaliados. Valores positivos desse índice indicam condições favoráveis ao desempenho dos genótipos, enquanto valores negativos estão associados a ambientes menos propícios à expressão produtiva.

Com base nos índices ambientais estimados para a produtividade de grãos (Tabela 5), verificou-se que apenas o ambiente de Bom Jesus do Itabapoana, no ano de 2023, apresentou valor positivo. Esse resultado sugere a influência de um manejo cultural conduzido em elevado nível técnico nesse local, o qual se mostrou superior ao adotado nos demais ambientes avaliados. Tal evidência reforça a relevância do controle antrópico sobre fatores ambientais previsíveis como componente essencial para a adequada expressão do potencial produtivo dos genótipos, além da contribuição do componente genético.

No ambiente de Campos dos Goytacazes, no ano de 2022, foi observada a maior discrepância entre as produtividades médias dos genótipos avaliados, com amplitude de 796 kg ha⁻¹ entre o material de maior e o de menor desempenho. Essa variação corresponde a um valor aproximadamente 3,8 vezes superior à diferença média verificada nos demais ambientes (Tabela 5).

As estimativas dos parâmetros de estabilidade com base em análises de variância realizadas pelos métodos de Plaisted & Peterson (1959) e de Wricke (1965), encontram-se na Tabela 6.

Tabela 6. Estimativas da produtividade ($\hat{\beta}_{0i}$), dos estimadores de contribuição relativa de cada genótipos para interação G x A ($\hat{\theta}_i$ e $\hat{\theta}_{i(\%)}$), segundo o método de Plaisted & Peterson (1959), e Ecovalência (ω_i e $\omega_{i(\%)}$), segundo o método de Wricke (1965), para produtividade de grãos, em kg ha⁻¹, de dez genótipos de feijão-comum preto avaliados em três ambientes do estado do Rio de Janeiro nos anos de 2022 a 2023.

Genótipos	Plaisted & Peterson (1959)			Wricke (1965)	
	$\hat{\beta}_{0i}$	$\hat{\theta}_i$	$\hat{\theta}_{i(\%)}$	ω_i	$\omega_{i(\%)}$
BRS FP 403	3.119,89	34.784,21	5,55	55.531,56	1,55
BRS FP 417	2.951,11	40.262,34	6,42	114.695,41	3,21
IPR Uirapuru	2.770,33	60.965,78	9,72	338.292,56	9,47
IPR Urutau	2.831,22	43.906,52	7,00	154.052,56	4,31
CNFP 17968	2.584,78	111.713,42	17,81	886.367,01	24,81
CNFP 17973	3.069,44	46.201,08	7,37	178.833,81	5,01
CNFP 17978	2.782,89	82.734,66	13,19	573.396,43	16,05
CNFP 17979	2.726,56	62.524,13	9,97	355.122,76	9,94
CNFP 17984	2.807,00	38.149,78	6,08	91.879,70	2,57
CNFP 18552	2.714,22	105.980,02	16,90	824.446,36	23,08
Média geral	2.835,74				

* e **: significativo a 5% e 1% de probabilidade pelo teste t, respectivamente; ^{ns}: não significativo.

A avaliação da estabilidade do desempenho dos genótipos pelo método de Plaisted & Peterson (1959), fundamentado na análise de variância, demonstra que os genótipos mais estáveis são aqueles que apresentam menores estimativas dos parâmetros $\hat{\theta}_i$ e $\hat{\theta}_{i(\%)}$. A ordenação dos estimadores em ordem decrescente resultou na seguinte classificação: BRS FP 403, CNFP 17984, BRS FP 417, IPR Urutau, CNFP 17973

, IPR Uirapuru, CNFP 17979, CNFP 17978, CNFP 18552 e CNFP 17968 (Tabela 6).

De forma análoga ao observado no modelo de Plaisted & Peterson (1959), o método proposto por Wricke (1965) considera como mais estável o genótipo que apresenta menor estimativa de ecovalência. Com base nas estimativas apresentadas na Tabela 6, verificou-se que o ordenamento dos genótipos foi idêntico em ambas as abordagens, evidenciando a consistência entre os métodos e indicando que qualquer uma das metodologias pode ser empregada na seleção de genótipos superiores quanto ao parâmetro de estabilidade.

As estimativas dos parâmetros de adaptabilidade e estabilidade realizadas pelo método de regressão linear simples (Eberhart & Russell, 1966) e dos parâmetros de estabilidade obtidas por meio de análise de variância, proposta por Annicchiarico (1992), e análises não-paramétricas (Huenh 1990), encontram-se apresentadas na Tabela 7.

Tabela 7. Estimativas da produtividade ($\hat{\beta}_{0i}$), dos coeficientes de regressão ($\hat{\beta}_{1i}$), das variâncias dos desvios de regressão ($\hat{\sigma}_{di}^2$) e dos coeficientes de determinação (R^2) segundo o método de Eberhart & Russell (1966), índice de confiança geral (I_i), segundo o método de Annicchiarico (1992), de estatísticas não paramétricas (S_1 , S_2 e S_3), segundo o método de Huenh (1990), para produtividade de grãos, em kg ha⁻¹, de dez genótipos de feijão-comum preto avaliados em três ambientes do estado do Rio de Janeiro nos anos de 2022 a 2023.

Genótipos	$\hat{\beta}_{0i}$	Eberhart & Russell (1966)			Annichiarico (1992)	Huenh (1990)		
		$\hat{\beta}_{1i}$	$\hat{\sigma}_{di}^2$	R^2 (%)	I_i	S_1	S_2	S_3
BRS FP 403	3.119,89	1,20*	-3.391,07 ^{ns}	99,99	108,72	0,67	0,33	1,00
BRS FP 417	2.951,11	1,19*	19.145,65*	96,56	100,47	2,67	4,00	1,00
IPR Uirapuru	2.770,33	0,68**	62.216,26**	75,88	92,80	4,00	10,33	1,10
IPR Urutau	2.831,22	0,87 ^{ns}	40.724,62**	88,63	96,09	2,67	4,33	0,74
CNFP 17968	2.584,78	0,19**	-2.856,33 ^{ns}	96,6	84,74	4,00	9,00	0,86
CNFP 17973	3.069,44	1,36**	-3.413,91 ^{ns}	100	104,72	2,67	4,33	1,75
CNFP 17978	2.782,89	1,51**	69.006,88**	93,44	90,14	4,00	9,33	1,05
CNFP 17979	2.726,56	0,64**	57.186,42**	75,41	91,33	2,67	4,33	0,56
CNFP 17984	2.807,00	0,97 ^{ns}	26.658,30**	93,32	95,83	3,33	6,33	0,94
CNFP 18552	2.714,22	1,38**	204.494,37**	80,62	85,96	3,33	8,33	1,00
Média geral	2.835,74							

A produtividade de grãos ($\hat{\beta}_{0i}$) apresentou variação de 2.584,78 kg ha⁻¹, observada na linhagem CNFP 17968, a 3.119,89 kg ha⁻¹, registrada para a cultivar BRS FP 403. Esses valores evidenciam o elevado potencial produtivo do conjunto de genótipos avaliados, sobretudo quando comparados às médias nacional (1.140 kg ha⁻¹) e estadual (1.354 kg ha⁻¹) referentes à safra 2024/2025 (CONAB, 2026). Ademais, verificou-se que 30% dos genótipos analisados apresentaram produtividade acima da média geral (Tabela 6). Conforme destacado por Vencovsky & Barriga (1992), genótipos que apresentam médias de produtividade superiores à média geral tendem a apresentar melhor adaptação.

Verificou-se que a cultivar IPR Urutau e a linhagem CNFP 17984 apresentaram coeficientes de regressão estatisticamente iguais à unidade ($\hat{\beta}_{1i} = 1$), contudo exibiram produtividade média inferior à média geral ($\hat{\beta}_{0i} < \text{média geral}$). Esses resultados indicam que tais genótipos possuem adaptabilidade ampla às diferentes condições ambientais avaliadas, embora não tenham mantido níveis de produtividade em torno da média geral (Tabela 6).

Constatou-se que as cultivares BRS FP 403, BRS FP 417 e a linhagem CNFP 17973, além de apresentarem produtividade média superior à média geral ($\hat{\beta}_{0i} > \text{média geral}$), exibiram coeficientes de regressão significativamente superiores à unidade ($\hat{\beta}_{1i} > 1$). Tal comportamento caracteriza adaptabilidade específica a ambientes favoráveis, indicando elevada capacidade desses genótipos em responder positivamente às melhorias nas condições ambientais, com consequentes incrementos expressivos em produtividade. Nesse sentido, a recomendação de uso desses materiais deve ser criteriosa, visto que, em ambientes desfavoráveis, associados a menor nível tecnológico e/ou maior instabilidade climática, seus rendimentos tendem a ser reduzidos.

Em contraste, a cultivar IPR Uirapuru e as linhagens CNFP 17968 e CNFP 17979 apresentaram coeficientes de regressão significativamente inferiores à unidade ($\hat{\beta}_{1i} < 1$), evidenciando adaptabilidade específica a ambientes desfavoráveis. Esses materiais apresentam menor capacidade de resposta à melhoria das condições ambientais, porém tendem a expressar desempenho relativamente mais estável em ambientes restritivos (Tabela 6).

No que se refere à seleção de genótipos com base exclusiva na adaptabilidade, admite-se que os materiais de maior interesse agrônômico sejam aqueles capazes de expressar desempenho consistente em condições ambientais contrastantes, não sendo, portanto, desejáveis genótipos com adaptabilidade específica ($\hat{\beta}_{1i} > 1$ ou $\hat{\beta}_{1i} < 1$). Nesse sentido, a avaliação conjunta dos parâmetros $\hat{\beta}_{0i}$ e $\hat{\beta}_{1i}$ evidenciou a inexistência de genótipos que associassem produtividade média superior à média geral ($\hat{\beta}_{0i} > \text{média geral}$) a coeficiente de regressão estatisticamente igual à unidade ($\hat{\beta}_{1i} = 1$). Tal constatação indica que a identificação de genótipos superiores, sob esse enfoque, deverá necessariamente fundamentar-se em recomendações específicas, considerando as particularidades dos ambientes de cultivo.

A variância dos desvios de regressão ($\hat{\sigma}_{di}^2$) constitui a estimativa responsável por caracterizar o parâmetro de estabilidade no método proposto por Eberhart &

Russell (1966). Verificou-se que apenas três genótipos apresentaram desvios não significativos ($\hat{\sigma}_{di}^2 = 0$), o que indica elevada estabilidade de desempenho, demonstrando que esses materiais mantiveram sua produtividade média de forma consistente nos diferentes ambientes avaliados e foram pouco influenciados pelas variações ambientais. Em contraste, os demais genótipos apresentaram desvios de regressão significativos ($\hat{\sigma}_{di}^2 \neq 0$), revelando comportamento produtivo imprevisível e maior sensibilidade às variações ambientais.

Em relação às estimativas dos coeficientes de determinação (R^2), medida que auxilia na comparação entre genótipos e expressa o grau de ajuste do modelo aos rendimentos observados para cada material avaliado, verificou-se que 80% dos genótipos apresentaram valores de R^2 superiores a 80%. Segundo Cruz *et al.* (2012), esse patamar é considerado um referencial adequado para que a regressão explique de forma satisfatória o comportamento produtivo de um genótipo em função do ambiente (Tabela 6).

O genótipo ideal, segundo Eberhart & Russell (1966), é aquele que apresenta alta produtividade ($\hat{\beta}_{0i} >$ média geral), coeficiente de regressão igual à unidade ($\hat{\beta}_{1i} = 1$) (adaptabilidade geral) e variância dos desvios de regressão igual a zero ($\hat{\sigma}_{di}^2 = 0$) (estabilidade alta). Nesse contexto, observou-se que nenhum genótipo reuniu, simultaneamente, as três condições desejáveis. Ainda assim, a cultivar BRS FP 403 e a linhagem CNFP 17973 destacaram-se por apresentarem elevada produtividade associada a alta estabilidade, sendo, portanto, indicadas para cultivo em ambientes favoráveis.

Com base nos resultados da análise de estabilidade obtidos pelo método de Annicchiarico (1992), as cultivares BRS FP 403 e BRS FP 417, bem como a linhagem CNFP 17973, apresentaram os maiores valores do estimador I_i (Tabela 7), evidenciando maior estabilidade produtiva.

A metodologia proposta por Annicchiarico (1992) permite expressar de forma objetiva a estabilidade genotípica, contribuindo para a tomada de decisão nos programas de melhoramento (Cruz *et al.*, 2012). Considerando o caráter dinâmico e recorrente desses programas, trata-se de uma abordagem que pode ser empregada com eficiência no processo decisório quanto à permanência ou à exclusão de genótipos, conferindo maior segurança e agilidade às etapas de seleção.

De acordo com os parâmetros de estabilidade estimados pela metodologia de Huehn (1990), a cultivar BRS FP 403 destacou-se como a mais estável entre os

genótipos avaliados, por apresentar as menores estimativas para os parâmetros S_1 , S_2 e S_3 , aliadas a produtividade acima da média geral. Adicionalmente, a linhagem CNFP 17973 também apresentou estimativas favoráveis para a produção de grãos, configurando-se como o segundo genótipo mais estável. Segundo essa abordagem, genótipos que exibem menor variância nos postos são considerados mais estáveis.

O parâmetro de estabilidade definido no método de Eberhart & Russell (1966) mostrou-se concordante com os métodos de Huehn (1990) e de Annicchiarico (1992), ao identificar a cultivar BRS FP 403 e a linhagem CNFP 17973 como os genótipos de comportamento mais previsível, isto é, aquele que apresenta maior estabilidade frente às variações ambientais.

As estimativas dos parâmetros de adaptabilidade (PRVG), estabilidade (MHVG) e adaptabilidade e estabilidade (MHPRVG), simultaneamente, para produtividade de grãos, obtidas por meio da metodologia de modelos mistos univariados via REML/BLUP, conforme proposto por Resende (2007), encontram-se apresentadas na Tabela 8.

Tabela 8. Estimativas da estabilidade (MHVG), adaptabilidade (PRVG e PRVG. μ) e adaptabilidade e estabilidade (MHPRVG e MHPRVG. μ) para produtividade de grãos, em kg ha⁻¹, de dez genótipos de feijão-comum preto avaliados em três ambientes do estado do Rio de Janeiro nos anos de 2022 a 2023.

Nº	Genótipos	MHVG	P	PRVG	PRVG. μ	P	MHPRVG	MHPRVG. μ	P
1	BRS FP 403	3.046,82	1	1,10	3.106,35	1	1,10	3.105,85	1
2	BRS FP 417	2.978,31	6	1,07	3.046,44	6	1,07	3.043,36	6
3	IPR Uirapuru	2.875,76	2	1,04	2.938,83	2	1,03	2.934,79	2
4	IPR Urutau	2.785,11	4	1,00	2.836,51	4	1,00	2.835,74	4
5	CNFP 17968	2.759,59	9	0,99	2.810,17	9	0,99	2.806,23	9
6	CNFP 17973	2.738,46	3	0,98	2.786,30	3	0,98	2.775,58	3
7	CNFP 17978	2.699,13	8	0,97	2.760,99	7	0,97	2.741,76	7
8	CNFP 17979	2.674,58	7	0,97	2.745,29	8	0,96	2.734,50	8
9	CNFP 17984	2.605,43	10	0,95	2.700,91	10	0,94	2.666,32	10
10	CNFP 18552	2.592,03	5	0,93	2.629,42	5	0,92	2.604,28	5

P: posição do genótipo; μ : média geral.

O ordenamento dos genótipos com base nos parâmetros de adaptabilidade (PRVG) e de estabilidade (MHVG) evidenciou concordância de 80%, indicando que a seleção de genótipos superiores fundamentada tanto na adaptabilidade ampla quanto

na elevada estabilidade constitui estratégia eficiente. Adicionalmente, verificou-se que a classificação dos genótipos com base na adaptabilidade apresentou elevada similaridade àquela obtida a partir do critério que considera simultaneamente adaptabilidade e estabilidade (MHPRVG). Com base nas estimativas da média harmônica da performance relativa dos valores genéticos, os genótipos BRS FP 403, CNFP 17973 e BRS FP 417 destacaram-se como os de melhor desempenho.

No que se refere ao ordenamento dos genótipos com base nos parâmetros de adaptabilidade, estabilidade e na análise conjunta desses atributos, Souza *et al.* (2025), ao avaliarem o desempenho de genótipos de feijão-comum do grupo preto no estado do Rio de Janeiro, verificaram total concordância entre as classificações obtidas pelos métodos PRVG e MHPRVG. Adicionalmente, constatou-se concordância superior a 80% entre os ordenamentos estabelecidos pelos métodos PRVG e MHVG. Resultado semelhante foi reportado por Souza *et al.* (2018), ao avaliarem o rendimento de genótipos de feijão-comum do grupo carioca no estado de Pernambuco. De modo análogo, Nascimento *et al.* (2024), ao avaliarem genótipos de milho destinados à produção de minimilho no estado do Espírito Santo, também observaram plena concordância entre os ordenamentos gerados com base nos métodos PRVG e MHPRVG.

Verificou-se que a maioria dos resultados obtidos pelos distintos métodos empregados neste estudo apresentou elevada concordância. Conforme os métodos propostos por Huenh (1990), Annicchiarico (1992) e Resende (2007), a cultivar BRS FP 403 e a linhagem CNFP 17973 foram classificadas como detentoras de ampla adaptabilidade, elevada estabilidade e alto potencial produtivo de grãos. Entretanto, quando avaliados pelo método de Eberhart & Russell (1966), esses genótipos evidenciaram adaptabilidade específica a ambientes favoráveis, indicando maior responsividade às melhorias nas condições de cultivo. Por fim, os métodos de Plaisted & Peterson (1959) e Wricke (1965) mostraram-se concordantes ao indicarem a cultivar BRS FP 403 e a linhagem CNFP 17984 como a mais recomendadas para cultivo na região avaliada.

As correlações entre a média de produtividade de grãos e os diferentes métodos de avaliação da estabilidade genotípica foram determinadas com base no coeficiente de correlação de Spearman (r), conforme apresentado na Tabela 9.

Tabela 9. Correlações de Spearman (r) entre os parâmetros de estabilidade e média para produtividade de grãos, em kg ha⁻¹, de dez genótipos de feijão-comum preto avaliados em três ambientes do estado do Rio de Janeiro nos anos de 2022 a 2023.

	$\hat{\beta}_{0i}$	$\hat{\sigma}_{di}^2$	ω_i	$\omega_{i(\%)}$	I_i	$\hat{\theta}_i$	$\hat{\theta}_{i(\%)}$	S_1	S_2	S_3	MHVG
$\hat{\beta}_{0i}$	1	-0,45 ^{ns}	-0,85 ^{**}	-0,85 ^{**}	0,96 ^{**}	-0,85 ^{**}	-0,85 ^{**}	-0,59 ^{ns}	-0,65 [*]	0,43 ^{ns}	0,96 ^{**}
$\hat{\sigma}_{di}^2$		1	0,50 ^{ns}	0,50 ^{ns}	-0,50 ^{ns}	0,50 ^{ns}	0,50 ^{ns}	0,32 ^{ns}	0,58 ^{ns}	0,17 ^{ns}	-0,50 ^{ns}
ω_i			1	1,00 ^{ns}	-0,89 ^{**}	1,00 ^{ns}	1,00 ^{ns}	0,49 ^{ns}	0,64 [*]	-0,14 ^{ns}	-0,89 ^{**}
$\omega_{i(\%)}$				1	-0,89 ^{**}	1,00 ^{ns}	1,00 ^{ns}	0,49 ^{ns}	0,64 [*]	-0,14 ^{ns}	-0,89 ^{**}
I_i					1	-0,89 ^{**}	-0,89 ^{**}	-0,64 [*]	-0,71 [*]	0,36 ^{ns}	1,00 ^{ns}
$\hat{\theta}_i$						1	1,00 ^{ns}	0,49 ^{ns}	0,64 [*]	-0,14 ^{ns}	-0,89 ^{**}
$\hat{\theta}_{i(\%)}$							1	0,49 ^{ns}	0,64 [*]	-0,14 ^{ns}	-0,89 ^{**}
S_1								1	0,90 ^{**}	0,16 ^{ns}	-0,64 [*]
S_2									1	0,18 ^{ns}	-0,71 [*]
S_3										1	0,36 ^{ns}
MHVG											1

* e **: significativo ao nível de 5 e 1% de probabilidade pelo teste t, respectivamente; ^{ns}: não significativo.

Os resultados apresentaram significância estatística aos níveis de 1% e 5% de probabilidade pelo teste t, evidenciando a concordância entre a maioria dos métodos avaliados. De modo geral, verificou-se alta concordância entre as estimativas dos parâmetros de estabilidade geradas pelos métodos de Wricke (1965) e Annicchiarico (1992), Wricke (1965) e Huenh (1990), Wricke (1965) e Resende (2007); Annicchiarico (1992) e Huenh (1990); Plaisted & Peterson (1959) e Huenh (1990), Plaisted & Peterson (1959) e Resende (2007); e Huenh (1990) e Resende (2007). Além disso, observou-se concordância entre a produtividade média dos genótipos ($\hat{\beta}_{0i}$) e o métodos de Wricke (1965), Annicchiarico (1992), Plaisted & Peterson (1959), Huenh (1990) e Resende (2007).

O parâmetro $\hat{\beta}_{0i}$ apresentou correlação positiva, significativa e superior a 90% com o índice de confiança geral ($\hat{\beta}_{0i} \times I_i = 0,96$ e $\hat{\beta}_{0i} \times MHPRVG = 0,96$), segundo os métodos de Annicchiarico (1992) e Resende (2007), respectivamente. Esses achados indicam forte associação entre a produtividade média dos genótipos e os métodos baseado em análises de variância e modelos mistos univariados, demonstrando a sensibilidade dessas metodologias na identificação da adaptação específica dos genótipos a diferentes condições ambientais.

Verificou-se, ainda, a existência de correlação positiva, de magnitude moderada e estatisticamente significativa, entre as estimativas de estabilidade obtidas pelos métodos de Plaisted & Peterson (1959) e Huenh (1990) ($\hat{\theta}_i \times S_2 = 0,64$; $\hat{\theta}_{i(\%)} \times S_2 = 0,64$). Resultado semelhante foi observado na comparação entre os métodos de Wricke (1965) e Huenh (1990) ($\omega_i \times S_2 = 0,64$; $\omega_{i(\%)} \times S_2 = 0,64$) (Tabela 9). Essa consistência entre as abordagens metodológicas também se reflete nas classificações apresentadas nas Tabelas 6 e 7, nas quais a cultivar BRS FP 403 é indicada como altamente estável segundo ambos os critérios.

Por outro lado, o parâmetro $\hat{\beta}_{0i}$ apresentou correlações negativas, de alta magnitude e estatisticamente significativas, com os métodos de Wricke (1965) ($\hat{\beta}_{0i} \times \omega_i = -0,85$; $\hat{\beta}_{0i} \times \omega_{i(\%)} = -0,85$) e de Plaisted & Peterson (1959) ($\hat{\beta}_{0i} \times \hat{\theta}_i = -0,85$; $\hat{\beta}_{0i} \times \hat{\theta}_{i(\%)} = -0,85$), bem como correlação negativa de magnitude moderada com o método de Huenh (1990) ($\hat{\beta}_{0i} \times S_2 = -0,65$).

Adicionalmente, observaram-se correlações negativas e significativas, de elevada magnitude, entre o método de Wricke (1965) e os métodos de Annicchiarico (1992) ($\omega_i \times I_i = -0,89$; $\omega_{i(\%)} \times I_i = -0,89$) e de Resende (2007)

($\omega_i \times MHPRVG = -0,89$; $\omega_{i(\%) \times I_i = -0,89$; $\omega_{i(\%) \times MHPRVG = -0,89$). Resultados semelhantes foram verificados nas correlações entre o método de Plaisted & Peterson (1959) e os métodos de Annicchiarico (1992) e Resende (2007), também de natureza negativa e estatisticamente significativa.

Por fim, constataram-se correlações negativas, significativas e de magnitude moderada entre o método de Huenh (1990) e os métodos de Annicchiarico (1992) ($S_1 \times I_i = -0,64$) e de Resende (2007) ($S_1 \times MHPRVG = -0,64$; $S_2 \times MHPRVG = -0,71$).

Esses resultados indicam que menores valores dos índices de estabilidade baseados na análise de variância e em abordagens não paramétricas estão associados a maiores médias de produtividade dos genótipos. Dessa forma, apesar da inversão de sinais nas correlações observadas, as metodologias demonstraram convergência na interpretação da estabilidade genotípica.

Observa-se que o parâmetro de estabilidade proposto por Eberhart & Russell (1966) não apresentou correlação estatisticamente significativa com os demais métodos avaliados. Infere-se que esse resultado possa estar associado ao número reduzido de ambientes, o que pode ter contribuído para a ausência de significância nas correlações estimadas. Em contraste, Breda *et al.* (2025) relataram resultados distintos, ao constatarem correlação positiva, significativa e de elevada magnitude entre os métodos de Eberhart & Russell (1966) e Wricke (1965). Nesse estudo os autores avaliaram a performance dos genótipos de feijão-comum em seis ambientes.

4. CONCLUSÃO

A linhagem CNFP 17973, seguida das cultivares BRS FP 403 e BRS FP 417, apresentaram produtividade superior à média geral, sendo, portanto, classificadas como genótipos de melhor adaptação.

Os métodos propostos Plaisted & Peterson (1959), Wricke (1965), Huenh (1990), Annicchiarico (1992), Eberhart e Russell (1966) e Resende (2007) mostraram-se concordantes quanto às estimativas de estabilidade fenotípica, indicando que qualquer uma dessas metodologias pode ser adotada de forma confiável para a avaliação desse parâmetro.

Com base nos valores estimados pela média harmônica da performance relativa dos valores genéticos preditos, foi possível selecionar a cultivar BRS FP 403 e a linhagem CNFP 17973 como genótipos de elevada produtividade, ampla adaptabilidade e alta estabilidade fenotípica, sendo, portanto, recomendadas para cultivo nas regiões Norte e Noroeste Fluminense.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- AGRITEMPO. (2024). Sistema de Monitoramento Agrometeorológico. Embrapa Informática Agropecuária. <https://www.agritempo.gov.br/br/>
- Alves, L. P. Caracterização morfo agronômica e molecular de feijão-comum. 2016. 63f. Dissertação. Mestrado em Genética e Melhoramento-Universidade Federal do Espírito Santo. 2016.
- Alves, M. V. *et al.* (2020). Desempenho agronômico e qualitativo de cultivares de feijoeiro dos grupos comerciais carioca e especial na época de inverno. *Revista de la Facultad de Agronomía*, 119(1), 1-8.
- Annicchiarico, P. (1992). Cultivar adaptation and recommendation from alfalfa trials in Northern Italy. *Journal of Genetics and Plant Breeding*, 46, 269-278. [DOI não disponível]
- Backes, R. L., & Hemp, S. (2014). A soberania do Feijão. *Revista Agropecuária Catarinense*, 27(1), 1-3.
- Barili, L. D., Vale, N. M., Amaral, R. C., Carneiro, J. E. S., Silva, F. F., & Carneiro, P. C. S. (2015). Adaptabilidade e estabilidade e a produtividade de grãos em cultivares de feijão preto recomendadas no Brasil nas últimas cinco décadas. *Ciência Rural*, 45(11), 1980-1986. 2015.

- Barili, L. D., Vale, N. M. D., Prado, A. L. D., Carneiro, J. E. D. S., Silva, F. F., & Nascimento, M. (2015). Genotype-environment interaction in common bean cultivars with carioca grain, recommended for cultivation in Brazil in the last 40 years. *Crop Breeding and Applied Biotechnology*, 15(4), 244-250.
- Barros, M. S. (2019). Implicações da interação de genótipos com ambientes na recomendação de cultivares de feijoeiro comum: validação de regras e importância de fatores ambientais. 2019.
- Bellucci, E., Benazzo, A., Xu, C., Bitocchi, E., Rodrigues, M., Alseekh, S., Vittori, V. D., Gioia, T., Neumann, K., Cortinovis, G., Frascarelli, G., Murube, E., Trucchi, E., Nanni, L., Ariani, A., Logozzo, G., Shin, J. H., Liu, C., Liangjiang, Ferreira, J. J., Campa, A., Attene, G., L.Morrell, P., Bertorelle, G., Graner, A., Gepts, P., Fernie, A. R., Jackson, S. A., Papa, R. (2023). Selection and adaptive introgression 35 guided the complex evolutionary history of the European common bean. *Nature Communications*, 4, 1908, 1-8. 2023. <https://doi.org/10.1038/s41467-023-37332-z>
- Berny Mier y Teran, J. C., Konzen, E. R., Palkovic, A., Tsai, S. M., Gepts, P. (2020). Exploration of the yield potential of Mesoamerican wild common beans from contrasting eco-geographic regions by nested recombinant inbred populations. *Frontiers in Plant Science*, 11, e 346.
- Bitocchi, E., Nanni, L., Bellucci, E., Rossi, M., Giardini, A., Zeuli, P. S., Logozzo, G., Stougaard, J., McClean, P., Attene, G., & Papa, R. (2012). Mesoamerican origin of the common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) is revealed by sequence data. *National Center for Biotechnology Information*, 109, (14), e788-96. <https://doi.org/10.1073/pnas.1108973109>
- Borém, A., Miranda, G. V., & Fritsche-Neto, R. (2017). *Melhoramento de plantas* – 7ª edição. Viçosa: Editora UFV, 543.
- Borém, A., & Caixeta, E. T. (2009). *Marcadores moleculares*. 2. Ed. Viçosa: Editora da UFV.
- Box, G. E. P., & Cox, D. R. (1964). An analysis of transformations. *Journal of the Royal Statistical Society*, 26, 211-252.

- Breda, V. S. M. M., Daher, R. F., Nascimento, M. R., Santana, J. G. S., Ambrósio, M., Vidal, A. K. F., Freitas, R. S., Souza, A. G., Santos, P. R., Xavier, J. V., Gravina, G. A., Souza Filho, B. F., Costa, E. S. (2025). Genotype × environment interaction and estimates of grain yield adaptability and stability in black common bean genotypes in Brazil. *Crop Science*, 65(6), e70213. <https://doi.org/10.1002/csc2.70213>
- Carbonell, S. A. M., Chiorato, A. F., & Bezerra, L. M. C. (2021). A planta e o Grão de Feijão e as formas de apresentação aos consumidores. In: FERREIRA, C. M.; BARRIGOSS, J. A. F. *Arroz e Feijão: tradição e segurança alimentar*. 1ª ed. Brasília: Embrapa, 116 p.
- Carbonell, S. A. M., Chiorato, A. F., Resende, M. D., Dias, L. D. S., Beraldo, A. L. A., & Perina, E. F. (2007) Estabilidade de cultivares e linhagens de feijoeiro em diferentes ambientes no Estado de São Paulo. *Bragantia*, 66(2), 193-201.
- Carneiro, J. E., Paula Júnior, T., & Borém, A. (2025). *Feijão: do plantio à colheita*. Viçosa: Editora UFV, 313 p.
- Carneiro, P. C. S. (1998). *Novas metodologias de análise da adaptabilidade e estabilidade de comportamento*. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento) – Universidade Federal de Viçosa. 155 p.
- Chiorato, A. F. & Carbonell, S. A. M. (2014). O melhoramento genético de feijoeiro no Instituto Agrônômico IAC (1932 a 2014). *O Agrônomo*, 64-66, 6-13.
- Coêlho, J. D. (2021). *Feijão: produção e mercados. Caderno Setorial ETENE, Banco do Nordeste do Brasil*. Fortaleza, ano 5, n.197.
- Companhia Nacional de Abastecimento. (2022). Acompanhamento da safra Brasileira de grãos. Disponível em: [CONAB - Produção de feijão-preto supera consumo em cerca de 100 mil toneladas](#) . Acesso em: 22 de dezembro de 2024.
- Companhia Nacional de Abastecimento. (2024). Acompanhamento da safra Brasileira de grãos. Disponível em: [CONAB - Nova estimativa para a produção de grãos na safra 2023/2024 está em 297,54 milhões de toneladas](#). Acesso em: 27 de dezembro de 2024.

- Companhia Nacional de Abastecimento. (2024) Acompanhamento da safra Brasileira de grãos. 2024. Disponível em: CONAB - Boletim da Safra de Grãos. Acesso em: 29 de dezembro de 2024.
- Companhia Nacional de Abastecimento. (2026). *Acompanhamento da safra brasileira de grãos – safra 2025/2026*. v. 13, n. 5. Brasília: Conab, 112 p.
- Companhia Nacional de Abastecimento. (2023) Companhia Nacional de Abastecimento. *Agro Conab*. Brasília, DF, v. 2, n. 2,.
- Costa, G. A. P. *et al.* (2024). Melhoramento genético do feijão comum: origem, diversidade e qualidade das sementes. *Caderno Pedagógico*, 21(10), e8659.
- Cruz, C. D. (2016). Genes software: extended and integrated with the R, Matlab and Selegen. *Acta Scientiarum. Agronomy*, 38(4), 547-552. <https://doi.org/10.4025/actasciagron.v38i4.32629>
- Cruz, C. D., Carneiro, P. C. S., & Regazzi, A. J. (2014). *Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético*. Viçosa: Editora UFV, 668 p.
- Cruz, C. D., & Castoldi, F. L. (1991). Decomposição da interação genótipos x ambientes em partes simples e complexa. *Revista Ceres*, 38, 422-430. [DOI não disponível]
- Cruz, C. D., & Regazzi, A. J. (1997). *Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético*. Viçosa: Editora UFV.
- Cruz, C. D., Regazzi, A. J., & Carneiro, P. C. S. (2012) *Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético*. Viçosa: Editora UFV, 514 p.
- Cruz, C. D., Torres, R. A. A., & Vencovsky, R. (1989) An alternative approach to the stability analysis proposed by Silva and Barreto. *Revista Brasileira de Genética*, 12(3), 567-580. [DOI não disponível]
- Daher, R. F., Pereira, M. G., Amaral Júnior, A. T., Pereira, A. V., Lédo, F. J. da S., & Daros, M. (2003). Estabilidade da produção forrageira em clones de capim-elefante (*Pennisetum purpureum* Schum.). *Ciência agrotecnológica*, 27(4), 788-797.

- De souza, Alexandre Gomes *et al.* (2025). Genótipos de feijão preto para adaptabilidade, estabilidade e produtividade via modelos mistos para o estado do Rio de Janeiro, Brasil. *Ciencia rural*, v. 55, n. 3, p. 4.
- Debouck, D. G. (1999). Diversity in *Phaseolus* species in relation to the common bean. *In: Common bean improvement in the twenty-first century*. Netherlands: Springer Netherlands, p.25-52.
- Debouck, D. G. (1991). Systematics and morphology. *In: Schoonhoven, A. V., & Voysest, O. (Ed.). Common beans: research for crop improvement*. Cali: CIAT, p.55-118.
- Domene, S., Ghedini, N. S. R. V., & Steluti, J. (2021). Importância nutricional do arroz e do feijão. *Arroz e feijão: tradição e segurança alimentar*, p. 147-163.
- Carbonari, L. T. S. *et al.* (2021) Implicações da interação genótipo x ambiente na indicação de cultivares de feijão em Santa Catarina, Brasil. *Revista Brasileira de Ciências Agrárias*, 16 (4), 1-8.
- Eberhart, S. A., & Russell, W. A. (1966). Stability parameters for comparing varieties. *Crop Science*, 6, 36-40. [DOI não disponível]
- Elias, A. A., Robbins, K. R., Doerge, R., & Tuinstra, M. R. (2016). Half a century of studying genotype × environment interactions in plant breeding experiments. *Crop Science*, 56(5), 2090-2105.
- Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária – EMBRAPA. (2025). Produção de feijão. Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária. [Produção - Portal Embrapa](#). Acessado em 09/03/25.
- Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária – EMBRAPA. Ciência e tecnologia tornaram o Brasil um dos maiores produtores mundiais de alimentos. Disponível em: [Ciência e tecnologia tornaram o Brasil um dos maiores produtores mundiais de alimentos - Portal Embrapa](#). Acesso em: 13 janeiro de 2025.
- Falconer, D. S., & Mackay, T. F. C. (1998). *Introduction to quantitative genetics*. 4.ed. Essex: Logemann, 464 p.

- FAO – Food and Agriculture Organization. Statistic/FAOSTAT. (2026). Disponível em:<<http://faostat.fao.org/>>. Acessado em 01 de fevereiro de 2026.
- Finlay, K. W., & Wilkinson, G. N. (1963). The analysis of adaptation in a plant-breeding programme. *Australian journal of agricultura research*, 14(6), 742-54. <https://doi.org/10.1071/AR9630742>
- Franceschi, L., Benin, G., Marchioro, V. S., Martin, T. N., Silva, R. R., & Silva, C. L. (2010). Métodos para análise de adaptabilidade e estabilidade em cultivares de trigo no estado do Paraná. *Bragantia*, 69(4), 797-805.
- Gepts, P., & Debouck, D. G. (1991). Origin, domestication, and evolution of the common bean (*Phaseolus vulgaris*). In: Schoonhoven, A. V., & Voysest, O. (Ed.). Common beans: research for crop improvement. Cali: CIAT, p.7-53.
- Huehn, M. (1990). Nonparametric measures of phenotypic stability. Part 1: theory. *Euphytica*, 47, 189-19. <https://doi.org/10.1007/BF00024241>
- Jauer, A., Dutra, L. M. C. D., Zabet, L., Unry, D., Ludwig, M. P., Farias, J. R., Garcia, D. C., Lúcio, A. D., Filho, O. A. L., & Porto, M. D. de M. (2006). Efeitos da população de plantas e de tratamento fitossanitário no rendimento de grãos do feijoeiro comum, Cultivar “TPS Nobre. *Ciência Rural*, 36, 1374-1379.
- Kaplan, Lawrence. (1981). What is the origin of the common bean. *Economic Botany*, 35(2), 240-254.
- Kavalco, S. A. F. et al. (2018). Adaptabilidade e estabilidade de cultivares e linhagens de feijão no estado de Santa Catarina. *Agropecuária Catarinense*, 31(3), 62-66.
- Köppen, W. (1948). *Climatologia: con un estudio de los climas de la tierra*. Fondo de Cultura Económica. México, 479 p.
- Leon, J. (1968). Fundamentos botânicos de los cultivos tropicales. San José: IICA, 487 p.
- Lin, C. S., & Binns, M. R. (1988). A superiority measure of cultivar performance for cultivar x location data. *Canadian Journal of Plant Science*, 68(1), 193-198. <https://doi.org/10.4141/cjps88-018>

- Lin, C. S., Binns, M. R., & Lefkovitch, L. P. (1986). Stability analysis. Where do we stand? *Crop Science*, 26, 894-899.
- Martins, S. M. (2015). Estratégias de melhoramento do feijoeiro-comum para altos teores de ferro e zinco. 2015. 92f. Dissertação. Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento de Plantas - Universidade Federal de Goiás.
- Melo, P. G. S., Alvares, R. C., Pereira, H. S., Braz, A. J. B. P., Faria, L. C., & Mel, L. C. (2018). Adaptability and stability of common bean genotypes in family farming systems. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, 53(2), 189-196.
- Moreira, S. S. (2014). Aspectos do desenvolvimento em feijão-comum (*Phaseolus vulgaris* L.) inoculados com *Trichoderma* spp. 2014. 82f. Dissertação de Mestrado. Programa de pós-graduação em Biodiversidade Vegetal- Universidade Federal de Goiás.
- Nascimento, M. R., Melo, G. G., Oliveira, L. A., Silva, A. Q., Silva, C. P. Santos, P. R., & Daher, R. F. (2024). Combined selection for productivity, adaptability, and stability in corn genotypes for baby corn production. *Crop Science*, 64(4), 2158-2169. <https://doi.org/10.1002/csc2.21259>
- Papa, R., Acosta, J., Delgado-Salinas, A., & Gepts, P. (2005). A genome-wide analysis of differentiation between wild and domesticated *Phaseolus vulgaris* from Mesoamerica. *Theoretical and Applied Genetics*, 111, 1147-1158.
- Pereira, H. S., Costa, A. F., Melo, L. C., Del Peloso, M. J., Faria, L. C., & Wendland, A. (2013). Interação entre genótipos de feijoeiro e ambientes no Estado de Pernambuco: estabilidade, estratificação ambiental e decomposição da interação. *Semina Ciências Agrárias*, 34(6), 2603-2613.
- Pereira, H. S., Melo, L. C., Faria, L. C., Del Peloso, M. J., Costa, J. G. C., Rava, C. A., & Wendland, A. (2009). Adaptabilidade e Estabilidade de genótipos de feijoeiro comum com grãos tipo carioca na Região Central do Brasil. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, 44(1), 29-37. <https://doi.org/10.1590/S0100-204X2009000100005>
- Pereira, H. S.; Melo, L. C.; Silva, S. C.; Del Peloso, M. J.; Faria, L. C.; Costa, J. G. C.; Magaldi, M. C. S.; Wendland, A. (2010). *Regionalização de áreas*

produtoras de feijão comum para recomendação de cultivares no Brasil. Santo Antônio de Goiás: Embrapa Arroz e Feijão.

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. 2018.

Pimentel-Gomes, F. (2022). *Curso de Estatística Experimental*. Piracicaba: FEALQ, 451 p.

Pimentel-Gomes, F., & Garcia, C. H. (2002). *Estatística aplicada a experimentos agronômicos e florestais: exposição com exemplo e orientações para uso*. Piracicaba: FEALQ, 310 p.

Plaisted, R. L., & Peterson, L. C. (1959). A technique for evaluating the ability of selections to yield consistently in different locations or seasons. *American Potato Journal*, 36, 381-385. <https://doi.org/10.1007/BF02852735>

Podlich, D., Cooper, M., Basford, K., & Geiger, H. (1999). Computer simulation of a selection strategy to accommodate genotype environment interactions in a wheat recurrent selection programme. *Plant Breeding*, 118(1), 17-28.

Resende, M. D. V. (2007). *SELEGEN-REML/BLUP: sistema estatístico e seleção genética computadorizada via modelos lineares mistos*. Colombo: Embrapa Florestas, 359 p.

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: Editora UFLA, 456 p.

Resende, M. D. V. (2016). Software Selegen-REML/BLUP: a useful tool for plant breeding. *Crop Breeding and Applied Biotechnology*, 16(4), 330-339.

Rodrigues, Adryano Silva *et al.* (2025). O Feijão na Agroindústria. *CONECTA AFYA*, v. 1, n. 1.

Schmutz, J., Mcclean, P., Mamidi, S., Albert Wu, G., Canhão, S. B., Grimwood, J., Jenkins, J.; Shu, S., Qijian, C., Chávarro, C., Torres, M., Geffroy, V., Moghaddam, S. M., Gao, D., Abernathy, B. A., Barry, k., Blair, M., Tijolo, M.,

- Chovatia, M., Gepts, P., Goodstein, D. M., Gonzales, M., Hellsten, U., Hyten, D. L., Jia, G., Kelly, J. D., Kudrna, D., Lee, R., Richard, M. M. S., Miklas, P. N., Osorno, J. M., Rodrigues, J., Thareau, V., Urrea, C. A., Wang, M., Yu, Y., Zhang, M., Umaasa, H., Cregan, P. B., Rokhsar, D. S., & Jackson, S. E. (2014). A reference genome for common bean and genome-wide analysis of dual domestications. *Nature Genetics*, 46, 707-713.
- Singh, S.P., Gepts, P., & Debouck, D. G. (1991). Races of common bean (*Phaseolus vulgaris*, Fabaceae). *Economic Botany*, 45, 379-396.
- Slafer, G. Genetic basis of yield as viewed from a crop physiologist's perspective. *Annals of Applied Biology*, 142(2), 117-128.
- Souza, A. G., Daher, R. F., Nascimento, M. R., Souza Filho, B. F., Melo, L. C., Gravina, G. A., Ambrósio, A., Santana, J. G. S., Vidal, A. K. F., Santos, R. M., Leite, C. L., Farias, J. E. C., Freitas, R. S., & Rocha, R. S. (2025). Black bean genotypes for adaptability, stability, and productivity via mixed models for the state of Rio de Janeiro, Brazil. *Ciência Rural*, 55(3), 1-9. <https://doi.org/10.1590/0103-8478cr20230069>
- Souza, T. L. P. O. et al. (2019). BRS FP 403: cultivar de feijão preto com alta produtividade e qualidade de grãos, moderada resistência à murcha de *Fusarium* e podridões radiculares. Santo Antônio de Goiás: Embrapa Arroz e Feijão, 9 p.
- Souza, Y.P., Santos, P.R., Nascimento, M.R., Costa, K.D.S., Lima, T.V., Oliveira, T.R.A., Costa, A.F., Pereira, H.S., & Silva, J.W. (2018). Assessing the genotypic performance of carioca beans through mixed models. *Ciência Rural*, 48(7), 1-7. <https://doi.org/10.1590/0103-8478cr20170761>
- Steel, R. G. D., Torrie, J. H., & Dickey, D. A. (1997). *Principles and Procedures of Statistics: a Biometrical Approach*. New York: McGraw-Hill, p. 352-358.
- Steinhauser, N. S. (2016). Potencial de variedades locais de feijão comum (*Phaseolus vulgaris* L.) quanto à resistência à antracnose em condições de campo. 2016. 34 p. Monografia. Graduação em Agronomia-Universidade Federal de Santa Catarina.

- Tsutsumi, C. Y., Bulegon, L. G., & Piano, J. T. (2015). Melhoramento genético do feijoeiro, avanços, perspectivas e novos estudos. *Nativa*, 3(3), 217-223.
- Vavilov, N. (1931). Linnaeus species as a system. *Bulletin Applied Botanic Genetic*, 3, 109-134.
- Vencovsky, R., & Barriga, P. (1992) *Genética Biométrica no Fitomelhoramento*. Ribeirão Preto: SBG, 496 p.
- Wricke G. (1965) Zur Berechnung der Ökovalenz bei Sommerweizen und Hafer. *Zeitschrift für Pflanzenzüchtung*, 52(91), 127-138. [DOI não disponível]
- Yate, F., Cochran, W. G. (1938) The analysis of groups of experiments. *Journal of Agricultural Science*, 28, 556- 580.
<https://doi.org/10.1017/S0021859600050978>