

**PRODUTIVIDADE, ADAPTABILIDADE E ESTABILIDADE DE
GENÓTIPOS DE FEIJÃO-COMUM PRETO VIA REML/BLUP E GGE
BIPLOT**

VALDENISE SIMONE MELO MOULIN BREDÁ

**UNIVERSIDADE ESTADUAL DO NORTE FLUMINENSE
DARCY RIBEIRO**

**CAMPOS DOS GOYTACAZES - RJ
JULHO – 2025**

**PRODUTIVIDADE, ADAPTABILIDADE E ESTABILIDADE DE
GENÓTIPOS DE FEIJÃO-COMUM PRETO VIA REML/BLUP E GGE
BIPLOT**

VALDENISE SIMONE MELO MOULIN BREDÁ

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

Orientador: Prof. Rogério Figueiredo Daher

**CAMPOS DOS GOYTACAZES – RJ
JULHO – 2025**

FICHA CATALOGRÁFICA

UENF - Bibliotecas

Elaborada com os dados fornecidos pela autora.

B831 Breda, Valdenise Simone Melo Moulin.

Produtividade, adaptabilidade e estabilidade de genótipos de feijão-comum preto via REML/BLUP e GGE biplot / Valdenise Simone Melo Moulin Breda. - Campos dos Goytacazes, RJ, 2025.

122 f. : il.

Bibliografia: 99 - 115.

Tese (Doutorado em Produção Vegetal) - Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro, Centro de Ciências e Tecnologias Agropecuárias, 2025.
Orientador: Rogerio Figueiredo Daher.

1. *Phaseolus vulgaris* L.. 2. componentes principais. 3. interação genótipos x ambientes. 4. modelos mistos. 5. MHPRVG. I. Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro. II. Título.

CDD - 630

PRODUTIVIDADE, ADAPTABILIDADE E ESTABILIDADE DE GENÓTIPOS DE FEIJÃO-COMUM PRETO VIA REML/BLUP E GGE BIPLOT

VALDENISE SIMONE MELO MOULIN BREDÁ

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

Aprovada em 15 de julho de 2025

Comissão Examinadora:



Documento assinado digitalmente
GERALDO DE AMARAL GRAYNA
Data: 05/09/2025 09:21:07-0300
Verifique em <https://validar.itl.gov.br>

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



Documento assinado digitalmente
JOSEFA GRASIELA SILVA SANTANA
Data: 03/09/2025 19:13:45-0300
Verifique em <https://validar.itl.gov.br>

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



Documento assinado digitalmente
PAULO RICARDO DOS SANTOS
Data: 02/09/2025 23:02:27-0300
Verifique em <https://validar.itl.gov.br>

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



Documento assinado digitalmente
ROGERIO FIGUEIREDO DAHER
Data: 02/09/2025 21:46:25-0300
Verifique em <https://validar.itl.gov.br>

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

“E ainda que eu tivesse o dom da profecia e conhecesse todos os mistérios e toda a ciência, e tivesse toda a fé, até ao ponto de transportar montes, se não tivesse caridade, não seria nada”.

1 Coríntios 13:2

AGRADECIMENTOS

A Deus e à Mãe Santíssima expresso minha mais profunda gratidão pelo dom da vida e por todas as oportunidades concedidas, em especial pela dádiva de poder cursar e concluir o doutorado;

À minha amada mãe, amiga inseparável e grande amor da minha vida, Maria Genoveva Melo Moulin, que, com generosidade e dedicação, proporcionou-me os estudos e me acompanhou com amor e firmeza em todos os momentos;

Aos meus filhos, companheiros e amores, Augusto Melo Moulin Breda e Alexandre Melo Moulin Breda, agradeço por cada instante de dedicação, pelas leituras compartilhadas, pelas apresentações, conselhos, correções, pela companhia em eventos, pela paciência e, sobretudo, pela amizade constante. Verdadeiros amigos para todas as horas;

Ao meu orientador e amigo, professor Dr. Rogério Figueiredo Daher, bem como aos membros da banca examinadora, manifesto minha sincera gratidão pela orientação, paciência, generosidade, acolhimento e confiança. Sua contribuição foi essencial para a concretização deste trabalho;

À equipe do Laboratório de Engenharia Agrícola (LEAG) da Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro (UENF), especialmente aos Pós-Doutores Dr. Maxwell Rodrigues Nascimento e Dra. Josefa Grasiela Silva Santana, por tornarem possível a realização deste projeto com competência e dedicação.

À UENF e ao Programa de Pós-Graduação em Produção Vegetal, aqui representado pela professora Dra. Daniela Barros de Oliveira, agradeço pela oportunidade de concretizar mais um sonho acadêmico;

À colega doutoranda do Programa de Pós-Graduação em Produção Vegetal, M.Sc. Josilene Vargas Xavier pelo apoio solidário ao longo da trajetória;

Aos docentes do Programa de Pós-Graduação em Produção Vegetal, em especial ao professor Dr. Silvério de Paiva Freitas pelas valiosas aulas e orientações, que tanto contribuíram para minha formação acadêmica;

Ao Centro Estadual de Pesquisas em Agroenergia e Aproveitamento de Resíduos (CEPAAR), da Empresa de Pesquisa Agropecuária do Estado do Rio de Janeiro (Pesagro-Rio), na pessoa dos ilustres e admiráveis Dr. Benedito Fernandes

de Souza Filho e Dr. Silvino Amorim Neto pela confiança e por acreditarem na parceria que gerou resultados altamente satisfatórios;

Aos colegas de turma, cuja convivência tornou possível o enfrentamento dos desafios das disciplinas e a participação em eventos acadêmicos. Até a defesa final, prevaleceram o incentivo e a colaboração mútua;

Ao Instituto Federal de Educação, Ciência e Tecnologia do Espírito Santo (IFES) pela possibilidade de conciliar o trabalho com a realização do doutorado. Agradeço, ainda, ao Diretor-Geral, Dr. Rômulo Matos de Moraes, pelo constante apoio, incentivo e presença;

À equipe do Dinter IFES/UENF, em especial à coordenadora local, professora Dra. Monique Moreira Moulin, por sua dedicação e apoio incansáveis, fundamentais para esta conquista;

À minha chefe, Coordenadora da Coordenadoria de Registros Acadêmicos da Educação Básica (CRAEB), Dra. Séphora Neves da Silva Santos por seu apoio constante, conselhos valiosos, convivência enriquecedora e ensinamentos;

Ao professor Dr. Jéferson Luiz Ferrari, meu orientador de mestrado, pela presença significativa nos momentos decisivos;

E, por fim, a todas as pessoas que, direta ou indiretamente, contribuíram para o desenvolvimento deste trabalho, deixo o meu mais sincero agradecimento.

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

Muito Obrigada!

SUMÁRIO

RESUMO	xii
ABSTRACT.....	xiv
1 INTRODUÇÃO GERAL.....	16
2 OBJETIVOS.....	20
2.1 Objetivo geral.....	20
2.2 Objetivos específicos.....	20
3 REVISÃO DE LITERATURA	21
3.2 Fenologia do feijoeiro-comum	23
3.3 Aspectos econômicos do feijoeiro-comum	25
3.4 Melhoramento genético do feijoeiro-comum	27
3.5 Programa de melhoramento do feijoeiro-comum da Embrapa Arroz e Feijão	31
3.6 Interação Genótipos x Ambientes (G x A).....	34
3.7 Adaptabilidade e estabilidade fenotípica	37
3.8 Modelos mistos via REML/BLUP.....	44
3.9 GGE Biplot	49
4 CAPÍTULOS	53
4.1 Seleção de linhagens de feijão-comum preto de elevada produtividade para o estado do Rio de Janeiro via modelos mistos	53
4.1.1 Resumo	53
4.1.2 Abstract.....	54
4.1.3 Introdução.....	54
4.1.4 Material e métodos.....	58
4.1.4.1 Material vegetal	58
4.1.4.2 Locais e condições experimentais dos ensaios de VCU.....	59
4.1.4.3 Análise genético-estatística.....	60
4.1.5 Resultados e discussão	65
4.1.6 Conclusão.....	79
4.2 Seleção de genótipos de feijão-comum preto sob múltiplas condições ambientais usando análise GGE biplot	80
4.2.1 Resumo	80
4.2.2 Abstract.....	80

4.2.3	Introdução.....	81
4.2.4	Material e métodos.....	83
4.2.4.1	Material vegetal	83
4.2.4.2	Locais e condições experimentais dos ensaios de VCU.....	84
4.2.4.3	Análise genético-estatística.....	86
4.2.5	Resultados e discussão	87
4.2.6	Conclusão.....	98
	REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS	99
	APÊNDICE.....	116

LISTA DE TABELAS

Tabela 1. Genótipos de feijão-comum preto e suas origens avaliados em seis ambientes do estado do Rio de Janeiro, nos anos agrícolas de 2016 e 2017.....	59
Tabela 2. Resumo da análise de deviance individual referente à produtividade de grãos, em kg ha ⁻¹ , de 12 genótipos de feijão-comum preto avaliados em seis diferentes ambientes no estado do Rio de Janeiro, nos anos agrícolas de 2016 e 2017.....	66
Tabela 3. Estimativas dos parâmetros genéticos para produtividade de grãos, em kg ha ⁻¹ , de 12 genótipos de feijão-comum preto avaliados em seis ambientes do estado do Rio de Janeiro, nos anos agrícolas de 2016 e 2017.....	67
Tabela 4. Resumo da análise de deviance conjunta e estimativas dos parâmetros genéticos referentes à produtividade de grãos, em kg ha ⁻¹ , de 12 genótipos de feijão-comum preto avaliados conjuntamente e seis diferentes ambientes no estado do Rio de Janeiro, nos anos agrícolas de 2016 e 2017.....	69
Tabela 5. Estimativas de ganho genético predito (BLUP individual) para produtividade de grãos, em kg ha ⁻¹ , de 12 genótipos de feijão-comum preto avaliados conjuntamente em seis diferentes ambientes no estado do Rio de Janeiro, nos anos agrícolas de 2016 e 2017.....	73
Tabela 6. Estimativas de ganho genético predito para produtividade de grãos, em kg ha ⁻¹ , de 12 genótipos de feijão-comum preto avaliados conjuntamente em seis diferentes ambientes no estado do Rio de Janeiro, nos anos agrícolas de 2016 e 2017.....	74
Tabela 7. 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 12 genótipos de feijão-comum preto avaliados conjuntamente em seis diferentes ambientes, no estado do Rio de Janeiro, nos anos agrícolas de 2016 e.....	78
Tabela 8. Descrição dos genótipos de feijão-comum preto e dos seis ambientes testados no estado do Rio de Janeiro.....	84
Tabela 9. Análise de variância conjunta para a característica produtividade de grãos, em kg ha ⁻¹ , em seis ambientes com 12 genótipos de feijão-comum preto avaliados no estado do Rio de Janeiro, nos anos agrícolas de 2016 e 2017.....	87

LISTA DE FIGURAS

Figura 1. Precipitação em mm, temperatura do ar mínima, média e máxima em °C dos seis ambientes onde foram avaliados 12 genótipos de feijão-comum preto no estado do Rio de Janeiro, nos anos de 2016 e 2017.....	59
Figura 2. Precipitação em mm, temperatura do ar mínima, média e máxima em °C dos seis ambientes onde foram avaliados 12 genótipos de feijão-comum preto no estado do Rio de Janeiro nos anos de 2016 e 2017.....	85
Figura 3. Locais dos ensaios de Valor de Cultivo e Uso (VCU) de feijão-comum preto em três municípios do estado do Rio de Janeiro.....	85
Figura 4. A visão do biplot GGE "Qual Venceu Onde" mostra quais genótipos têm melhor desempenho e em qual ambiente. As linhas verticais e horizontais pontilhadas indicam os pontos onde os eixos PC1 e PC2 apresentam valores zero, respectivamente. As linhas vermelhas dividem o polígono em setores. Os vértices do polígono indicam genótipos superiores em cada setor. Descrição dos genótipos e dos ambientes testados na Tabela 8.....	90
Figura 5. Visão do biplot GGE de classificação "Média vs. Estabilidade". A linha reta com seta representa o eixo da média ambiental (EMA). O comprimento perpendicular do eixo da média aos genótipos indica a estabilidade de cada genótipo. Um comprimento perpendicular maior significa um nível maior de instabilidade para aquele genótipo. Descrição dos genótipos e dos ambientes testados na Tabela 8.....	92
Figura 6. Visão do biplot GGE de "Vetor Ambiental". Maior vetor ambiental = maior poder de discriminação; menor ângulo entre o vetor ambiental e a EMA = maior representatividade. Ângulos entre vetores ($<90^\circ$) = correlação positiva; Ângulos entre vetores ($>90^\circ$) = correlação negativa; Ângulos entre vetores ($= 90^\circ$) = correlação nula; Eixo médio ambiental (EMA).....	95
Figura 7. Visão do melhor genótipo no biplot GGE "Ranking de Genótipos" comparando genótipos em relação a um genótipo ideal.....	97

RESUMO

BREDA, Valdenise Simone Melo Moulin; D.Sc.; Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro; julho de 2025; Produtividade, adaptabilidade e estabilidade de genótipos de feijão-comum preto via REML/BLUP e GGE biplot; Orientador: D.Sc. Rogério Figueiredo Daher.

O feijão-comum, especialmente o grupo comercial preto, é um dos principais alimentos da dieta brasileira e importante fonte de proteínas, fibras e micronutrientes. Apesar disso, o estado do Rio de Janeiro ocupa posição marginal na produção nacional, destacando-se a necessidade de estratégias de melhoramento genético que levem em conta as particularidades edafoclimáticas da região. A interação genótipos x ambientes ($G \times A$) representa um dos principais desafios na seleção de cultivares superiores, dificultando a obtenção de materiais geneticamente superiores com estabilidade fenotípica e ampla adaptabilidade. Neste contexto, esta tese teve como objetivo identificar genótipos superiores de feijão-comum preto com alto rendimento de grãos, ampla ou específica adaptabilidade e estabilidade fenotípica por meio de duas metodologias complementares: modelos mistos (REML/BLUP) e análise gráfica GGE biplot. Foram avaliados 12 genótipos, sendo quatro cultivares comerciais (BRS FP403, BRS Esteio, IPR Tuiuiu e IPR Uirapuru) e oito linhagens experimentais com o prefixo CNFP, em ensaios de Valor de Cultivo e Uso (VCU) realizados entre 2016 e 2017, nos municípios de Campos dos Goytacazes, Macaé e Itaboraí, abrangendo seis ambientes distintos. Os experimentos foram conduzidos em delineamento em blocos ao acaso com três repetições, sendo a produtividade de grãos ajustada para umidade padrão de 13% e expressa em kg ha^{-1} . A variabilidade genética foi significativa, assim como a interação $G \times A$, o que indica a importância de considerar essas interações nos programas de melhoramento. A herdabilidade média entre os genótipos foi de 0,58 e a acurácia seletiva de 0,76, ambos considerados de alta magnitude, permitindo maior confiança nas inferências para seleção. A seleção simultânea com base na Média Harmônica da *Performance* Relativa dos Valores Genéticos (MHPRVG) foi eficaz na identificação de materiais superiores. As cultivares BRS Esteio e BRS FP403, juntamente com as linhagens CNFP 15684 e CNFP 15685, foram identificadas como promissoras para recomendação ampla ou específica, apresentando rendimento elevado e estabilidade satisfatória. A análise GGE biplot complementou os resultados ao evidenciar graficamente a interação $G \times A$ e classificar os genótipos

quanto à produtividade e estabilidade. A cultivar BRS Esteio foi identificada como o genótipo mais próximo do “genótipo ideal”, combinando elevada produtividade com ampla estabilidade em diferentes ambientes. Os genótipos CNFP 15684 e BRS FP403 também apresentaram alta produtividade, porém com menor estabilidade, sendo indicados para recomendações específicas. O genótipo CNFP 15676 destacou-se por seu desempenho em ambientes específicos como Campos dos Goytacazes (2016) e Italva (2017), evidenciando sua adaptabilidade restrita a determinadas condições. A análise dos ambientes indicou que Macaé, especialmente em 2016, apresentou maior poder discriminante na diferenciação dos genótipos, sendo o mais indicado para futuros testes de triagem de materiais superiores. Os resultados da GGE biplot mostraram que os seis ambientes se agruparam em três mega-ambientes distintos, com fortes correlações negativas entre alguns deles, o que reforça a necessidade de avaliação específica por ambiente ou grupo de ambientes. A integração entre os métodos REML/BLUP e GGE biplot demonstrou-se eficiente para a identificação de genótipos superiores com diferentes padrões de resposta. A convergência dos resultados evidencia a robustez das metodologias aplicadas e oferece subsídios sólidos para a recomendação de cultivares adaptadas às condições edafoclimáticas do estado do Rio de Janeiro.

Palavras-chave: *Phaseolus vulgaris* L., componentes principais, interação genótipos x ambientes, modelos mistos, MHPRVG.

ABSTRACT

BREDA, Valdenise Simone Melo Moulin; D.Sc.; State University of Northern Fluminense Darcy Ribeiro; July 2025; Productivity, adaptability, and stability of black common bean genotypes via REML/BLUP and GGE biplot; Adviser: D.Sc. Rogério Figueiredo Daher.

The common bean, particularly the black commercial group, is one of the main staple foods in the Brazilian diet and an important source of proteins, fibers, and micronutrients. Despite this, the state of Rio de Janeiro holds a marginal position in national production, highlighting the need for breeding strategies that consider the region's edaphoclimatic particularities. The genotype $\times$ environment (G $\times$ E) interaction is one of the main challenges in selecting superior cultivars, making it difficult to obtain genetically superior materials with phenotypic stability and broad adaptability. In this context, this thesis aimed to identify superior black common bean genotypes with high grain yield, broad or specific adaptability and phenotypic stability through two complementary methodologies: mixed models (REML/BLUP) and GGE biplot graphical analysis. A total of 12 genotypes were evaluated, including four commercial cultivars (BRS FP403, BRS Esteio, IPR Tuiuiu, and IPR Uirapuru) and eight experimental lines with the prefix CNFP, in Value for Cultivation and Use (VCU) trials conducted between 2016 and 2017 in the municipalities of Campos dos Goytacazes, Macaé, and Italva, covering six distinct environments. The experiments were carried out in a randomized block design with three replications, and grain yield was adjusted to a standard moisture content of 13% and expressed in kg ha^{-1} . Genetic variability was significant, as was the G $\times$ E interaction, indicating the importance of considering these interactions in breeding programs. The mean heritability among genotypes was 0.58, and the selection accuracy was 0.76, both considered high, allowing for greater confidence in selection inferences. Simultaneous selection based on the Harmonic Mean of the Relative Performance of Genetic Values (MHPRVG) was effective in identifying superior materials. The cultivars BRS Esteio and BRS FP403, along with the lines CNFP 15684 and CNFP 15685, were identified as promising for broad or specific recommendation, showing high yield and satisfactory stability. The GGE biplot analysis complemented the results by graphically revealing the G $\times$ E interaction and classifying the genotypes in terms of productivity and stability. Cultivar BRS Esteio was identified as the genotype closest to the "ideal genotype," combining high productivity

with broad stability across different environments. Genotypes CNFP 15684 and BRS FP403 also showed high productivity but with lower stability, making them suitable for specific recommendations. Genotype CNFP 15676 stood out for its performance in specific environments such as Campos dos Goytacazes (2016) and Italva (2017), demonstrating its restricted adaptability to certain conditions. Environmental analysis indicated that Macaé, particularly in 2016, had the greatest discriminating power in differentiating genotypes, making it the most suitable for future screening trials of superior materials. GGE biplot results showed that the six environments grouped into three distinct mega-environments, with strong negative correlations among some of them, reinforcing the need for specific evaluation per environment or group of environments. The integration of REML/BLUP and GGE biplot methods proved effective in identifying superior genotypes with different response patterns. The convergence of results demonstrates the robustness of the applied methodologies and provides solid support for recommending cultivars adapted to the edaphoclimatic conditions of the state of Rio de Janeiro.

Keywords: *Phaseolus vulgaris* L., principal components, genotype x environment interaction, mixed models, MHPRVG.

1 INTRODUÇÃO GERAL

O cultivo do feijoeiro-comum (*Phaseolus vulgaris* L.) é amplamente realizado por agricultores de diferentes escalas produtivas, abrangendo desde pequenos produtores familiares até grandes empreendimentos agrícolas, inseridos em distintos sistemas de manejo e distribuídos por todas as regiões do território brasileiro. Conforme relatado por Carneiro et al. (2015), a duração do ciclo fenológico da cultura pode variar entre 65 e 100 dias, a depender das características genotípicas das cultivares utilizadas e das condições edafoclimáticas predominantes. Essa amplitude de adaptação confere ao feijoeiro elevada versatilidade, possibilitando sua inserção tanto em sistemas agrícolas altamente tecnificados, com uso intensivo de irrigação e insumos, quanto em sistemas de baixa complexidade tecnológica, comumente associados à agricultura de subsistência.

No aspecto nutricional, o feijoeiro-comum constitui um dos principais alimentos básicos na dieta da população brasileira, destacando-se por seu elevado valor nutricional. Trata-se de uma fonte expressiva de proteínas, além de fornecer quantidades significativas de carboidratos, ferro e fibras alimentares (Silva et al., 2013). Dentre os diversos tipos de feijões cultivados no Brasil, sobressaem-se o feijão-comum de cor, que compreende todos os grupos comerciais de feijão-comum exceto o preto, o feijão-comum preto e o feijão-caupi (*Vigna unguiculata* (L.) Walp.). Especificamente, o feijão preto ocupa a segunda posição em volume de produção nacional, com estimativas para a safra 2024/2025 apontando uma produção de aproximadamente 819,7 mil toneladas, cultivadas em uma área de 469 mil hectares (CONAB, 2025).

A produção nacional de feijão, atualmente, apresenta-se insuficiente para suprir integralmente a demanda do mercado interno, o que resulta na necessidade de importação de aproximadamente 50 mil toneladas do grão, oriundas, em sua maioria, de países vizinhos como Argentina e Bolívia (CONAB, 2025). Paralelamente a esse déficit no abastecimento doméstico, o Brasil mantém um fluxo expressivo de exportação, concentrado principalmente em cultivares de feijões especiais, tais como os tipos comerciais roxo, rosinha, vermelho, jalo e rajado, cuja preferência é mais acentuada no mercado internacional, totalizando um volume exportado em torno de 169 mil toneladas. Esse paradoxo evidencia a complexidade do balanço entre oferta

e demanda, influenciado por aspectos de preferência de consumo regional, valor agregado e dinâmica comercial dos diferentes grupos comerciais (CONAB, 2025).

A produtividade média do feijoeiro-comum apresenta considerável variabilidade entre as diferentes regiões produtoras do Brasil, reflexo de múltiplos fatores, entre os quais se destaca a interação genótipos x ambientes (G x A). Essa interação refere-se à resposta diferencial dos genótipos em distintos contextos ambientais, decorrente da expressão variável de seus genes em função das condições edafoclimáticas (Cruz et al., 2012). Embora a espécie apresente ampla adaptabilidade a diferentes ambientes, a produtividade é fortemente condicionada por fatores ambientais, dada a sua elevada sensibilidade às variações no clima, solo e manejo. Tal característica é intensificada pelo fato de o feijoeiro ser cultivado em ampla escala geográfica sob sistemas de produção diversos e, devido ao seu ciclo vegetativo curto, permitir até três cultivos por ano agrícola (Carneiro et al., 2015).

Nesse contexto, a significativa presença da interação G x A na cultura torna-se um desafio técnico para os programas de melhoramento genético, exigindo o emprego de estratégias metodológicas que visem ao manejo eficiente dessa interação. A adoção de procedimentos estatísticos e experimentais adequados à identificação de genótipos superiores, tanto em termos de ampla adaptabilidade quanto de estabilidade produtiva, é fundamental para o aumento da eficiência seletiva e para o desenvolvimento de cultivares com desempenho consistente em diferentes ambientes (Duarte e Vencovsky, 1999).

O processo de desenvolvimento de novas cultivares de feijoeiro-comum é notoriamente influenciado pela ocorrência da interação G x A, a qual se manifesta pela variação na resposta fenotípica dos genótipos quando avaliados em diferentes condições ambientais, dificultando a eficácia da seleção e, conseqüentemente, a identificação de genótipos superiores de forma ampla e consistente (Cruz et al., 2014). Diante da expressiva variabilidade no desempenho dos genótipos frente aos distintos contextos edafoclimáticos e sistemas de manejo existentes nas diversas regiões produtoras, torna-se fundamental que os programas de melhoramento genético mantenham esforços contínuos no desenvolvimento e lançamento de cultivares adaptadas a ambientes diversos. Essa abordagem visa contemplar a heterogeneidade dos sistemas produtivos nacionais, assegurando alternativas tecnológicas adequadas tanto para pequenos agricultores quanto para grandes produtores inseridos em contextos altamente tecnificados (Souza et al., 2025).

A interação $G \times A$ pode ser desmembrada em dois componentes distintos: interação simples e interação complexa. A interação $G \times A$ é classificada como simples quando não há alteração na hierarquia de desempenho dos genótipos entre os diferentes ambientes avaliados, indicando que a superioridade relativa entre os materiais genéticos se mantém estável independentemente das condições ambientais. Por outro lado, a interação é considerada complexa quando há inversão na ordem de classificação dos genótipos entre os ambientes, evidenciando que um determinado genótipo pode apresentar desempenho superior em um ambiente específico, porém inferior em outro com condições contrastantes (Cruz et al., 2012).

Nas etapas finais de um programa de melhoramento genético, a avaliação dos efeitos da interação $G \times A$ torna-se fundamental. Para esse fim, são aplicadas metodologias de estimação de adaptabilidade e estabilidade, visando à seleção de genótipos com desempenho consistente e previsível em diferentes ambientes, abrangendo desde condições específicas até condições ambientais amplas (Cruz et al., 2012). A adaptabilidade refere-se à capacidade dos genótipos de expressarem elevados níveis de produtividade de forma estável em ambientes adversos, concomitantemente apresentando sensibilidade positiva à melhoria das condições ambientais. Por sua vez, a estabilidade caracteriza-se pela capacidade dos genótipos de manterem um desempenho uniforme e previsível diante das variações ambientais.

A estimação dos parâmetros de adaptabilidade e estabilidade pode ser realizada por meio de diversos métodos, fundamentados em distintos princípios estatísticos. Entre as metodologias empregadas, destacam-se as clássicas baseadas em análise de variância (ANOVA), exemplificadas por Annicchiarico (1992); aquelas fundamentadas em regressão linear, como o método de Eberhart e Russel (1966); as baseadas em regressão bissegmentada, conforme proposto por Cruz et al. (1989); as que utilizam análises de dados não-paramétricos, como o método de Lin e Binns (1988); bem como abordagens mais recentes, baseadas em componentes principais, como o GGE Biplot (Yan e Kang, 2019), método do AMMI (efeito aditivo e interação multiplicativa) (Zobel et al., 1988) e modelos mistos via REML/BLUP (Resende, 2016).

Nesse contexto, a abordagem baseada em modelos mistos por meio do procedimento da Máxima Verossimilhança Restrita/Melhor Predição Linear Não Viesada (REML/BLUP) configura-se como uma ferramenta estatística eficiente para a análise de experimentos de campo, possibilitando a decomposição da variância fenotípica em seus componentes genético, ambiental e da interação $G \times A$ (Resende,

2007). Além disso, essa metodologia permite a seleção de genótipos com base na Média Harmônica da *Performance* Relativa dos Valores Genéticos (MHPRVG), proporcionando inferências sobre o ganho genético predito, o desempenho médio dos genótipos em múltiplos ambientes, o desempenho específico por ambiente, bem como a seleção simultânea quanto aos critérios de produtividade, adaptabilidade e estabilidade (Nascimento et al., 2023; Souza et al., 2025).

Outra metodologia amplamente utilizada é a GGE Biplot, que, por meio da representação gráfica em biplots, permite a visualização do agrupamento de ambientes ou mega-ambientes, bem como a identificação de genótipos com desempenho superior em ambientes específicos. Essa abordagem possibilita, ainda, a seleção de genótipos com base na relação entre média de desempenho e estabilidade, na análise da capacidade discriminativa dos ambientes em relação à sua representatividade e na definição do genótipo ideal (ideótipo) para as condições avaliadas (Yan e Holland, 2010; Yan, 2011).

Neste contexto, o presente estudo teve como objetivo avaliar e selecionar genótipos superiores de feijão-comum do grupo comercial preto, com ampla adaptabilidade e elevada estabilidade fenotípica, por meio de ensaios multiambientes conduzidos sob as condições edafoclimáticas das regiões Norte e Noroeste Fluminense. Com base nos dados de produtividade de grãos, procedeu-se à estimativa dos componentes de variância e dos parâmetros genéticos associados a essa característica agrônômica. Adicionalmente, a seleção dos genótipos superiores foi realizada por meio de modelos mistos, via REML/BLUP, e por meio da análise gráfica do GGE Biplot, visando à identificação de materiais com desempenho superior, previsível e responsivo às variações ambientais.

2 OBJETIVOS

2.1 Objetivo geral

Avaliar a interação genótipos x ambientes (G x A) em relação à produtividade de grãos em genótipos de feijão-comum preto, utilizando ensaios de avaliação final de linhagens e cultivares.

2.2 Objetivos específicos

Analisar a interação G x A e estimar os parâmetros de adaptabilidade e estabilidade da produtividade de grãos em genótipos de feijão-comum preto;

Identificação e recomendação de genótipos superiores de feijão-comum preto com elevado potencial produtivo, comportamento previsível e alta responsividade a variações ambientais, por meio da aplicação de metodologias estatísticas avançadas para estimativa de adaptabilidade e estabilidade, utilizando as análises dos componentes principais, por meio da abordagem GGE biplot, e modelos mistos, baseados no método REML/BLUP.

3 REVISÃO DE LITERATURA

3.1 Origem e aspectos botânicos do feijoeiro-comum

A origem do feijoeiro-comum (*Phaseolus vulgaris*) tem sido objeto de debate entre diversos pesquisadores, especialmente no que se refere à sua região de domesticação inicial. Evidências arqueológicas e genéticas sugerem que a domesticação da espécie tenha ocorrido na Mesoamérica, possivelmente na região do atual México, por volta de 7.000 a.C. No entanto, com base em análises fitogeográficas, o botânico e geneticista russo Nikolai Vavilov propôs, ainda no início do século XX, a existência de dois centros primários de diversidade genética para o feijoeiro: o pool gênico Mesoamericano, abrangendo desde o sul dos Estados Unidos até o Panamá; e o pool gênico Andino, estendendo-se do norte do Peru ao noroeste da Argentina e norte do Chile. As cultivares pertencentes a esses dois pools gênicos têm sido classificadas em até doze grupos genéticos, ou seis raças, com base em características morfológicas, agronômicas e bioquímicas (Schoonhoven e Voysest, 1991).

Segundo Singh et al. (1991), esses grupos, por sua vez, encontram-se subdivididos em seis raças distintas, sendo três associadas ao pool gênico Mesoamericano (Durango, Jalisco e Mesoamérica) e três ao pool gênico Andino da América do Sul (Chile, Nueva Granada e Peru). A delimitação dessas raças tem sido corroborada por estudos que correlacionam os grupos de dissimilaridade genética aos respectivos centros de origem, utilizando a classificação das proteínas de reserva das sementes, conhecidas como faseolinas, em conjunto com marcadores morfológicos, isoenzimáticos e de DNA (Beebe et al., 2001).

A introdução do feijoeiro-comum no Brasil é atribuída a duas rotas principais de dispersão. A primeira, relacionada à introdução de genótipos com sementes pequenas, teria se originado no México e seguido ao longo da costa do Caribe, passando pela Colômbia e Venezuela, até alcançar o território brasileiro. A segunda rota estaria associada à entrada de genótipos com sementes grandes, oriundos diretamente da região dos Andes. Além dessas rotas, considera-se também a possibilidade de que variedades com sementes grandes tenham sido introduzidas por imigrantes europeus, onde esse tipo de genótipo é predominante (Vieira, 1988). Apesar de o Brasil não constituir um centro primário de domesticação da espécie, apresenta ampla diversidade genética do feijoeiro-comum, atribuída ao cultivo

contínuo ao longo do tempo e à introdução de genótipos pertencentes a diferentes pools gênicos (Burle et al., 2010).

De acordo com Schmutz et al. (2014), o feijoeiro-comum é classificado taxonomicamente da seguinte forma: Reino Plantae, Classe Dicotyledoneae, Subclasse Archichlamydeae, Ordem Rosales, Família Fabaceae (anteriormente Leguminosae), Subfamília Papilionoideae, Tribo Phaseoleae, Gênero *Phaseolus* L., e Espécie *Phaseolus vulgaris* L.

As espécies cultivadas do gênero *Phaseolus* podem ser diferenciadas com base em características morfológicas específicas, como o formato do hilo, o tipo de germinação e as particularidades das bractéolas. Embora o gênero *Phaseolus* compreenda aproximadamente 55 espécies, apenas cinco foram efetivamente domesticadas: o feijoeiro-comum (*P. vulgaris* L.); o feijão-de-Lima, também conhecido como feijão-espadinho, feijão-fava ou feijão-fígado-de-galinha (*P. lunatus* L.); o feijão-da-Espanha, igualmente referido como feijão-Ayocote ou feijão-de-sete-anos (*P. coccineus* L.); o feijão-tepari (*P. acutifolius* A. Gray); e *P. polyanthus* Greenman (Debouck, 1999).

O gênero *Phaseolus* pertence à tribo Phaseoleae, a qual também inclui espécies de importância agronômica como o feijão-caupi (*Vigna unguiculata* (L.) Walp.), o feijão-guandu (*Cajanus cajan* (L.) Hunth) e a soja (*Glycine max* (L.) Merr.). A tribo Phaseoleae divergiu da tribo IRLC (Inverted Repeat-Lacking Clade) há aproximadamente 55 milhões de anos. Esta última é composta, majoritariamente, por leguminosas adaptadas a climas temperados, dentre as quais se destacam a ervilha (*Pisum sativum* L.), a alfafa (*Medicago sativa* L.), o grão-de-bico (*Cicer arietinum* Linn.) e a lentilha (*Lens culinaris*) (Lavin et al., 2005).

O feijoeiro-comum, por ser uma espécie pertencente ao grupo das angiospermas, está inserido entre as eudicotiledôneas, apresentando características morfológicas típicas desse grupo, como sistema radicular do tipo pivotante ou axial, peças florais organizadas em múltiplos de dois, quatro ou cinco, e sementes com dois cotilédones. Do ponto de vista fisiológico, trata-se de uma planta com metabolismo fotossintético do tipo C3, no qual o primeiro produto estável da fixação do carbono atmosférico é uma molécula com três átomos de carbono (3-fosfoglicerato). Esse processo ocorre no ciclo de Calvin, principal via de assimilação do dióxido de carbono na maioria das espécies vegetais. No entanto, plantas C3 estão sujeitas à fotorrespiração, um mecanismo que ocorre quando a enzima Rubisco fixa O₂ em vez

de CO₂, principalmente sob condições de alta temperatura, baixa concentração de CO₂ e alta luminosidade. A fotorrespiração reduz a eficiência fotossintética líquida, pois leva à perda de carbono previamente fixado e consome energia sem produzir açúcares. Em contraste, plantas C₄, como o milho (*Zea mays* L.) e a cana-de-açúcar (*Saccharum officinarum* L.), desenvolveram adaptações anatômicas e bioquímicas que minimizam ou evitam a fotorrespiração, resultando em maior eficiência no uso da luz e da água, especialmente em ambientes quentes e áridos (Taiz e Zeiger, 2024).

Classificado como uma planta anual, diploide ($2n=2x=22$) e predominantemente autógama, o feijoeiro-comum apresenta uma taxa de fecundação cruzada relativamente baixa, variando entre 3% e 5% (Burle et al., 2010). A morfologia floral dessa espécie favorece a autopolinização, uma vez que as anteras estão posicionadas no mesmo nível do estigma e são completamente envolvidas pela quilha floral. Durante a antese, quando ocorre a deiscência das anteras, os grãos de pólen são liberados diretamente sobre o estigma, promovendo a autofecundação de forma eficiente (Santos et al., 2015).

A classificação do feijoeiro-comum quanto ao hábito de crescimento baseia-se em características morfológicas, como o número de nós, o grau e o tipo de ramificação, o comprimento dos internódios, a capacidade de trepação e o padrão de florescimento, que pode ser de natureza determinada ou indeterminada. De acordo com Vieira et al. (2013), são reconhecidos quatro tipos principais de hábito de crescimento. O tipo I apresenta crescimento determinado, com gemas terminais reprodutivas tanto no caule principal quanto nos ramos laterais. Já os tipos II, III e IV são classificados como de crescimento indeterminado, caracterizando-se pela presença de gemas terminais vegetativas no caule e nos ramos. A distinção entre esses tipos está, principalmente, relacionada ao porte da planta: os tipos I e II possuem porte ereto; o tipo III apresenta porte prostrado; e o tipo IV é tipicamente trepador, com elevada capacidade trepadora.

3.2 Fenologia do feijoeiro-comum

De acordo com Laing et al. (1984), o ciclo fenológico do feijoeiro-comum é classificado em duas fases principais: vegetativa e reprodutiva. A fase vegetativa compreende os estádios V0 a V4, caracterizados da seguinte forma: V0 – germinação, correspondente ao início da protrusão da radícula a partir da semente; V1 –

emergência, definida pela emergência de 50% dos cotilédones acima da superfície do solo; V2 – expansão das folhas primárias, com o completo desenvolvimento do par de folhas opostas primárias; V3 – emissão da primeira folha trifoliolada com folíolos completamente expandidos; e V4 – desenvolvimento da terceira folha trifoliolada, também com folíolos plenamente expandidos. A fase reprodutiva, por sua vez, abrange os estádios R5 a R9, compreendendo: R5 – pré-floração, marcado pelo aparecimento do primeiro botão floral ou rácimo; R6 – floração, identificado pela abertura da primeira flor; R7 – formação de vagens, com a queda da corola da primeira vagem visível; R8 – enchimento de vagens, fase inicial do aumento de volume das vagens; e R9 – maturação fisiológica, caracterizada pelo início da descoloração ou secagem da primeira vagem.

A duração do ciclo de desenvolvimento do feijoeiro-comum é variável e está diretamente associada à cultivar utilizada, podendo oscilar entre 60 e 115 dias após a semeadura. Com base nesse intervalo, o ciclo é classificado em quatro categorias distintas, conforme proposto por Carneiro et al. (2015): superprecoce, precoce, médio e tardio. As cultivares de ciclo superprecoce atingem a maturidade fisiológica em até 60 dias após a semeadura; as de ciclo precoce, entre 61 e 70 dias; e as de ciclo médio, entre 71 e 90 dias. Esta última categoria pode ser subdividida em médio-precoce (71 a 80 dias) e médio-tardio (81 a 90 dias). Por fim, as cultivares de ciclo tardio apresentam maturação a partir de 91 dias após a semeadura.

Por se tratar de uma cultura de ciclo anual, a produção de feijão no Brasil está distribuída ao longo do ano em três safras principais, cujas delimitações temporais não são rigidamente estabelecidas devido à influência da sazonalidade e das variações climáticas regionais (Carneiro et al., 2015). A primeira safra, denominada “safra das águas”, também referida como “safra do Sul e Sudeste”, apresenta período de semeadura predominantemente entre os meses de agosto e outubro, podendo se estender até novembro e dezembro, com colheita iniciando em novembro e se prolongando até março, sendo mais intensiva em dezembro. A segunda safra, conhecida como “safra da seca” ou “safra do Nordeste e Sudeste”, ocorre com semeadura entre janeiro e abril e colheita no período de abril-maio a junho-julho. A terceira safra, frequentemente denominada “safra de outono-inverno”, “safra irrigada” ou “safra do Sudeste”, é caracterizada pela semeadura a partir de maio, com colheita entre os meses de agosto e outubro.

3.3 Aspectos econômicos do feijoeiro-comum

Os principais países produtores de feijão no cenário mundial são, em ordem decrescente de volume, Índia, Brasil, Myanmar, Tanzânia, China e Estados Unidos da América, que, em conjunto, respondem por aproximadamente 14,8 milhões de toneladas da produção global (FAO, 2025). Apesar de ocupar a segunda posição em termos de produção, o Brasil lidera o consumo mundial absoluto de feijão, com uma média per capita anual de 14,35 kg por habitante (CONAB, 2025). Esse elevado índice de consumo evidencia a relevância econômica e social do feijão no contexto nacional, sendo uma cultura amplamente difundida em praticamente todo o território brasileiro e cultivada por produtores de diferentes escalas e níveis tecnológicos (CONAB, 2025).

O feijão constitui, historicamente, um dos principais componentes da alimentação humana, tanto no Brasil quanto em diversos países ao redor do mundo, desempenhando papel fundamental na segurança alimentar, sobretudo entre as populações de baixa renda. Esse status se deve, em grande parte, ao seu elevado valor nutricional, destacando-se como uma importante fonte de proteínas de origem vegetal. De acordo com dados da Organização das Nações Unidas para Agricultura e Alimentação (FAO, 2025), o consumo global de todas as variedades de feijão atingiu aproximadamente 46,3 milhões de toneladas no ano de 2023, o que corresponde a 34,8% do total de leguminosas não oleaginosas consumidas mundialmente.

A produção brasileira de feijão apresenta relativa estabilidade entre as safras, mantendo-se consistentemente em torno de 3 milhões de toneladas anuais. Para o ciclo 2024/2025, a Companhia Nacional de Abastecimento (CONAB, 2025) projeta uma produção de aproximadamente 3,3 milhões de toneladas, com rendimento médio nacional estimado em 1.156 kg ha⁻¹, distribuídos em uma área cultivada de 2,8 milhões de hectares (CONAB, 2025). No contexto da produção nacional, as projeções para a safra 2024/2025 indicam que os estados do Paraná, Minas Gerais, Mato Grosso, Bahia e Goiás concentrarão cerca de 73% da produção total, correspondendo a aproximadamente 2,3 milhões de toneladas (CONAB, 2025). Em contrapartida, o estado do Rio de Janeiro ocupa a 26ª posição no ranking nacional de produção de feijão, com uma estimativa de 1,4 mil toneladas cultivadas em 900 hectares, apresentando produtividade média de 1.507 kg ha⁻¹.

No contexto regional, dados referentes à safra 2023/2024 indicam que os cinco principais municípios produtores de feijão no estado do Rio de Janeiro foram

Cachoeiras de Macacu, Macaé, Varre-Sai, Porciúncula e Casimiro de Abreu (IBGE, 2022). Dentre esses, destaca-se o município de Cachoeiras de Macacu, localizado na Região Metropolitana do estado, que respondeu por 40,7% da produção estadual. Esse desempenho expressivo resultou em uma produtividade média de 3.421 kg ha⁻¹, valor significativamente superior à média nacional, representando mais que o dobro do rendimento médio observado no país (IBGE, 2022; CONAB, 2025). Em seguida, o município de Macaé, situado na Região Norte Fluminense, embora tenha registrado aproximadamente um terço do volume produzido por Cachoeiras de Macacu, apresentou produtividade média igualmente elevada, alcançando 3.000 kg ha⁻¹ (IBGE, 2022).

No escopo deste estudo, ressalta-se o desempenho produtivo do município de Macaé, que, segundo os dados da mesma safra, obteve uma produção total de 222 toneladas de feijão em uma área cultivada de 74 hectares, resultando em produtividade média de 3.000 kg ha⁻¹ (IBGE, 2022). A cultura do feijoeiro está presente em aproximadamente 33% dos municípios fluminenses, abrangendo todas as regiões do estado. A produção é majoritariamente realizada por pequenos produtores rurais, inseridos no contexto da agricultura familiar, os quais, em grande parte, utilizam cultivares tradicionais ou crioulas, selecionadas e preservadas ao longo de diversas gerações.

O consumo de feijão no Brasil é marcado por elevada heterogeneidade, reflexo da ampla diversidade cultural e regional do país, bem como das distintas preferências dos consumidores em relação às características morfológicas e sensoriais dos grãos, tais como formato, dimensão, brilho e coloração (Carneiro et al., 2015). Essa variabilidade se reflete no padrão de consumo regional. Nos estados da Região Sul, no estado do Rio de Janeiro, em parte da Zona da Mata mineira e no sul do Espírito Santo, observa-se predominância do consumo do feijão do grupo comercial preto. Em contraposição, no estado de São Paulo e em grande parte do território mineiro, a preferência recai sobre o grupo comercial carioca, caracterizado por grãos bege com rajaduras marrons. Na Região Nordeste, o consumo é majoritariamente voltado ao feijão-de-corda (*Vigna unguiculata* (L.) Walp), também conhecido por diversas denominações regionais, como feijão-caupi, feijão-frade, feijão-fradinho, feijão-miúdo e feijão-macassar. Quando se consome o feijão-comum nessa região, há predileção pelo tipo mulatinho. Na Região Norte, prevalece o consumo de feijões dos grupos comerciais carioca, rajado, jalo e também do feijão-

caupi. Já na Região Centro-Oeste, os tipos mais consumidos do feijão-comum são os grupos comerciais carioca e rosinha (Carneiro et al., 2015).

3.4 Melhoramento genético do feijoeiro-comum

No Brasil, a produção de feijão-comum é majoritariamente conduzida por pequenos e médios produtores, cujos sistemas de cultivo se caracterizam por áreas de plantio reduzidas, baixa mecanização, uso de tecnologias de baixo custo e predominância de mão-de-obra familiar. No entanto, observa-se, nos últimos anos, um crescimento progressivo na participação de produtores tecnificados, o que tem favorecido o avanço dos programas de melhoramento genético. Esse cenário tem possibilitado o desenvolvimento de cultivares não apenas com elevado potencial produtivo e resistência e/ou tolerância às principais pragas e doenças, mas também com atributos agronômicos desejáveis, como porte ereto, tolerância ao acamamento e a estresses abióticos, além de melhorias na qualidade dos grãos (Melo et al., 2024).

De acordo com Pereira et al. (2022), os programas de melhoramento genético do feijão-comum têm desempenhado um papel fundamental na modernização e sustentabilidade da cultura, promovendo benefícios significativos a três setores estratégicos. Para os consumidores, o aprimoramento genético tem proporcionado grãos com maior qualidade, atendendo às exigências do mercado quanto a atributos como cor, brilho, tamanho e tempo de cocção. Para os produtores, as cultivares desenvolvidas apresentam características agronômicas superiores, como arquitetura de planta favorável à colheita mecanizada, maior estabilidade produtiva e melhor adaptação a diferentes sistemas de cultivo. No âmbito ambiental, as novas cultivares contribuem para a redução do uso de defensivos agrícolas, em virtude da manifestação de genes relacionados à resistência genética a pragas e doenças, além de possibilitarem maior produtividade por área, reduzindo a pressão por expansão de áreas agrícolas (Cavalheiro et al., 2023).

Os avanços obtidos pelos programas de melhoramento genético do feijão-comum foram determinantes para o expressivo incremento da produtividade nacional da cultura, que apresentou um aumento de 146,5%, passando de 469 kg ha⁻¹ em 1985 para 1.156 kg ha⁻¹ em 2025, mesmo diante de uma redução de 51,7% na área cultivada, que passou de 5,4 para 2,9 milhões de hectares no mesmo período (CONAB, 2025). Essa tendência indica uma intensificação da produção com maior

eficiência no uso dos recursos disponíveis. Contudo, observa-se uma redução gradual no interesse dos produtores pela cultura do feijão nas últimas quatro décadas, influenciada pela expansão de culturas com maior retorno econômico, como o milho (*Zea mays* L.) e a soja (*Glycine max* (L.) Merr.).

No Brasil, até a década de 1950, as atividades de melhoramento genético do feijoeiro-comum estavam concentradas em instituições como os Institutos Agrônômicos vinculados ao Ministério da Agricultura, o Instituto Agrônômico de Campinas (IAC) e a Universidade Federal de Viçosa (UFV). Entretanto, eventos climáticos adversos que afetaram severamente a produção nacional da cultura naquele período despertaram maior atenção por parte de órgãos públicos em diferentes esferas. Como resultado, houve uma ampliação significativa dos programas de melhoramento genético, com a incorporação de novas instituições públicas de pesquisa, tanto federais quanto estaduais, ao esforço nacional de desenvolvimento de cultivares mais adaptadas às condições edafoclimáticas brasileiras (Borém et al., 2021; Pereira et al., 2024).

A partir da segunda metade da década de 1960, foram instituídas organizações de relevância estratégica para o avanço do melhoramento genético do feijoeiro-comum, dentre as quais se destacam o Centro Internacional de Agricultura Tropical (CIAT), estabelecido em 1967 em Cali na Colômbia, e a Embrapa Arroz e Feijão, criada em 1974 no município de Santo Antônio de Goiás, Brasil. Essas instituições têm desempenhado papel fundamental no desenvolvimento de novas cultivares, totalizando mais de 30 materiais melhorados ao longo das últimas décadas. Entre os cultivares recentemente lançados, destacam-se o BRS FP 417, pertencente ao grupo comercial preto, caracterizado por ciclo normal, elevado potencial produtivo e resistência à antracnose e murcha-de-*fusarium*, e o BRS FC 104, do grupo carioca, que apresenta ciclo resistência moderada à antracnose e murcha-de-*fusarium* e elevado desempenho agrônômico (Aguilar et al., 2023; Melo et al., 2024).

As atividades de avaliação e seleção de cultivares de feijoeiro-comum preto no estado do Rio de Janeiro foram iniciadas em 1976, no Centro Estadual de Pesquisa em Agroenergia e Aproveitamento de Resíduos (CEPAAR) da Empresa de Pesquisa Pesagro-Rio. A partir de 1981, as primeiras cultivares foram recomendadas para cultivo extensivo na região Norte Fluminense, destacando-se 'Rio Tibagi' e 'Moruna' (Souza Filho e Andrade, 1981). Entre 1981 e 1984, foram lançadas novas cultivares: 'BR1 Xodó', 'BR2 Grande Rio' e 'BR3 Ipanema'. Além dessas, duas cultivares foram

recomendadas: 'Capixaba Precoce', desenvolvida pela antiga Emcapa, e 'Porrillo Sintético', oriunda do CIAT (Souza Filho, 1985). No período de 1985 a 1991, outras duas cultivares foram lançadas: 'Ouro Negro', recomendada para cultivo extensivo, e 'Varre-Sai', direcionada à região Noroeste Fluminense (Souza Filho et al., 1991). Entre 1990 e 1995, foi lançada a cultivar 'Xamego', resultado de um esforço conjunto entre pesquisadores dos estados do Rio de Janeiro, Goiás, Espírito Santo e o Distrito Federal (Pesagro-Rio, 1995).

A partir de 1995, os trabalhos de seleção e recomendação de cultivares de feijoeiro no estado do Rio de Janeiro foram intensificados por meio de uma parceria institucional com a Embrapa Arroz e Feijão. Nesse contexto, a PESAGRO-RIO passou a integrar as ações de validação e recomendação de diversas cultivares de feijão-comum preto, entre as quais se destacam: BRS Valente, BRS Grafite, BRS Supremo, BRS Expedito, BRS Campeiro, BRS Esplendor, BRS Esteio, BRS FP403 e mais recentemente, BRS FP417 (Aguiar et al., 2023).

Nesse contexto, a Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro (UENF) realizou recentemente o lançamento de duas cultivares de feijão preto: UENF 2014 e UENF Rio Paraíba, ambas destacando-se por sua elevada produtividade e qualidade dos grãos comerciais (Pereira et al., 2018a; Pereira et al., 2018b). Contudo, até o momento, a adaptação dessas cultivares foi confirmada apenas para as regiões Norte e Noroeste Fluminense, não havendo ainda registros de avaliação em outras mesorregiões do estado do Rio de Janeiro, como Centro Fluminense, Baixada Litorânea, Metropolitana do Rio de Janeiro e Sul Fluminense, tampouco em estados vizinhos com potencial para o cultivo da fabácea.

O melhoramento genético do feijoeiro-comum tem sido conduzido predominantemente por instituições públicas de pesquisa, uma vez que a cultura recebe limitada atenção por parte de empresas multinacionais, em razão de seu tradicional enquadramento como alimento de subsistência. Essa condição tem contribuído para uma menor alocação de investimentos e, consequentemente, para um ritmo de avanços tecnológicos mais lento quando comparado ao observado em culturas de maior expressão econômica, como a soja (*Glycine max* (L.) Merr.) e o milho (*Zea mays* L.). Apesar das restrições financeiras e logísticas enfrentadas, os programas públicos de melhoramento genético do feijoeiro têm desempenhado papel fundamental na geração de cultivares superiores, com aprimoramentos em características agrônomicas, fitossanitárias e tecnológicas, contribuindo

significativamente para a inserção e consolidação da cultura no cenário do agronegócio nacional (Souza et al., 2019).

O processo de melhoramento genético do feijoeiro-comum envolve múltiplas etapas metodológicas, entre as quais se destacam a seleção criteriosa de genitores, a condução de populações segregantes e, por fim, a recomendação de cultivares adaptadas às condições edafoclimáticas e às demandas do setor produtivo (Ramalho et al., 2012). Cada uma dessas fases exige decisões estratégicas por parte do melhorista, sendo a seleção o princípio central que orienta tanto a escolha dos genitores quanto a identificação de plantas ou linhagens promissoras ao longo das gerações.

Considerando a natureza predominantemente autógama da espécie, com taxa de fecundação cruzada inferior a 5%, os métodos de melhoramento comumente empregados incluem a introdução de linhagens ou cultivares, a seleção entre genótipos oriundos de populações compostas por misturas de linhagens puras, bem como o melhoramento por hibridação entre duas ou mais linhagens geneticamente distintas (Fehr, 1987). O objetivo final dessas estratégias é a obtenção de linhagens homozigóticas superiores e/ou cultivares com o maior número possível de alelos favoráveis para os caracteres de interesse agrônômico, fisiológico ou fitossanitário (Allard, 1971).

A escolha dos genitores representa uma etapa estratégica no melhoramento genético do feijoeiro-comum e deve ser conduzida com rigor metodológico, uma vez que a seleção baseada unicamente em características agrônômicas desejáveis não assegura, por si só, a obtenção de progênie com elevado mérito genético. Dentre as abordagens mais empregadas para a seleção de genitores na cultura, destacam-se os cruzamentos dialélicos, que possibilitam a estimativa da capacidade geral e específica de combinação entre os genitores, fornecendo subsídios sobre o valor genético aditivo e não-aditivo dos mesmos (Ramalho et al., 2012).

Uma vez definidos os genitores e os esquemas de cruzamentos a serem realizados para a geração de populações segregantes, torna-se necessário estabelecer o método de condução dessas populações. Diversas estratégias podem ser adotadas, cada uma com implicações específicas sobre o controle da variabilidade genética, o tempo de obtenção de linhagens homozigóticas e a eficiência da seleção. A escolha do método deve considerar os objetivos do programa de melhoramento, as características do material genético e os recursos disponíveis, sendo amplamente

discutida na literatura especializada (Fehr, 1988; Ramalho et al., 2012; Borém et al., 2021).

A etapa final do processo de melhoramento genético do feijoeiro-comum compreende a avaliação rigorosa dos genótipos promissores por meio de redes de ensaios de Valor de Cultivo e Uso (VCU), conduzidos em múltiplos ambientes representativos das condições edafoclimáticas às quais as cultivares serão submetidas. Esses ensaios são realizados em diferentes locais e safras, com o objetivo de estimar, de forma robusta, o desempenho agrônomo e a adaptabilidade e a estabilidade dos materiais genéticos em avaliação (Souza et al., 2023). No entanto, a presença significativa da interação $G \times A$ pode dificultar o processo seletivo, uma vez que essa interação reflete variações na resposta fenotípica dos genótipos em função das mudanças ambientais. Diante desse cenário, torna-se imprescindível a adoção de métodos estatísticos precisos e eficientes para quantificação e manejo da interação $G \times A$, de modo a garantir a seleção de genótipos com desempenho superior e estabilidade fenotípica em ampla faixa de ambientes.

Os ensaios de VCU seguem os critérios estabelecidos pela legislação brasileira para inscrição de cultivares no Registro Nacional de Cultivares (RNC), exigindo, no mínimo, dois anos de avaliação em três localidades distintas dentro de cada macrorregião de interesse, ou, alternativamente, três locais por dois anos consecutivos. Além disso, tais ensaios estão em conformidade com as exigências da Lei de Proteção de Cultivares (Lei nº 9.456/1997), a qual regula os direitos de propriedade intelectual sobre cultivares e viabiliza o lançamento comercial de linhagens promissoras selecionadas ao final do processo de melhoramento genético (Borém et al., 2021). O lançamento de uma nova cultivar constitui, portanto, a etapa conclusiva desse processo.

3.5 Programa de melhoramento do feijoeiro-comum da Embrapa Arroz e Feijão

O Programa de Melhoramento Genético do feijoeiro-comum, desenvolvido pela Embrapa Arroz e Feijão, constitui uma estratégia robusta e articulada em rede nacional para a geração, avaliação e recomendação de cultivares adaptadas a diferentes condições edafoclimáticas do Brasil. Este esforço se ancora na condução sistemática de ensaios de Valor de Cultivo e Uso (VCU), no fortalecimento de parcerias interinstitucionais e na rigorosa produção de sementes genéticas. O objetivo

fundamental consiste em identificar genótipos superiores, com alto potencial produtivo, resistência a doenças, boa arquitetura de planta e qualidade tecnológica dos grãos, visando atender às exigências do mercado consumidor, à sustentabilidade do sistema produtivo e à segurança alimentar da população (Melo, 2009).

A ampla diversidade de cultivo presente no território nacional exige uma abordagem regionalizada para a recomendação de cultivares de feijão-comum. Diante disso, o programa da Embrapa organiza suas atividades de avaliação em uma rede de ensaios cooperativos envolvendo instituições públicas de pesquisa, universidades, cooperativas agrícolas e empresas privadas. Essa articulação confere capilaridade, representatividade e confiabilidade aos dados gerados.

A rede de avaliação contempla a realização de ensaios nos principais estados produtores, que respondem por mais de 90% da produção nacional. Os experimentos são planejados com base nos diferentes tipos comerciais de grãos (carioca, preto, mulato, jalo, rajado, rosinha, roxo e grãos especiais) e obedecem a um rigoroso protocolo metodológico, que inclui o uso de delineamentos estatísticos apropriados, múltiplas repetições e avaliação de características agronômicas e tecnológicas. Os resultados obtidos subsidiam decisões quanto à continuidade das linhagens nas etapas subsequentes e, eventualmente, ao lançamento de novas cultivares.

O processo de avaliação das linhagens inicia-se com os ensaios de teste de progênes (TP), compostos por linhagens com padrão de grãos comerciais e conduzidos em ambientes controlados para análise preliminar de rendimento, arquitetura de planta e resistência a doenças de ocorrência natural. As linhagens selecionadas seguem para o Ensaio Preliminar de Linhagens (EPL), no qual são submetidas a avaliações adicionais em diferentes ambientes e condições experimentais (Melo, 2009).

Nos EPLs, as linhagens são analisadas quanto à produtividade de grãos, resistência a patógenos específicos (como *Colletotrichum lindemuthianum*, *Xanthomonas axonopodis* e o vírus do mosaico comum do feijoeiro), além de características tecnológicas como tempo de cocção, teor de proteínas e escurecimento dos grãos. As que se destacam avançam para o Ensaio Intermediário (EI), no qual são avaliadas em um número ampliado de ambientes e por ciclos produtivos distintos, seguindo o delineamento de blocos ao acaso com três repetições e parcelas de quatro linhas de 4 m (Melo, 2009).

As linhagens com desempenho superior, agronomicamente e tecnologicamente, são incorporadas aos ensaios de VCU. Estes são exigência legal para o registro de novas cultivares e seguem os critérios definidos pelo Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento (MAPA). Os ensaios de VCU abrangem diversos estados, com base no tipo de grão preferido localmente, e visam demonstrar a superioridade das novas linhagens em relação a testemunhas amplamente cultivadas.

Outro formato de ensaio de Valor de Cultivo e Uso (VCU) utilizado no contexto da recomendação e registro de cultivares é o denominado VCU-TAL (Teste de Adaptação Local). Esse tipo de ensaio tem como objetivo principal ampliar a indicação geográfica de cultivares já lançadas para outros estados brasileiros, além de contribuir para o atendimento do número mínimo de ambientes exigido para o registro de novas cultivares junto ao MAPA (Melo, 2009).

A produção de sementes genéticas acompanha paralelamente o processo de avaliação das linhagens, sendo fundamental para a garantia da identidade genética e da qualidade fisiológica das futuras cultivares. A metodologia adotada segue um rigoroso protocolo de multiplicação em etapas sucessivas para a produção de sementes do melhorista (SM) com práticas de isolamento, controle de qualidade e manejo sanitário adequados.

O processo inicia-se com a coleta de plantas representativas em campos de EPL, as quais são utilizadas para a obtenção de SM1 por meio de plantios individualizados. As gerações subsequentes (SM2, SM3 e SM4) envolvem a seleção visual de linhas homogêneas, plantio em blocos isolados, controle de misturas genéticas e avaliação morfológica dos grãos. A semente resultante (SM4) é então utilizada na geração de sementes genéticas (SG), que serão encaminhadas para a produção de sementes básicas e, posteriormente, certificadas (Melo, 2009).

De acordo com Melo (2009), diversos cuidados são adotados ao longo do processo, como a escolha de áreas com baixo histórico de incidência de doenças, rotação de culturas, isolamento espacial com plantio de gramíneas entre parcelas, e uso de equipamentos exclusivos para evitar contaminações cruzadas. A colheita é realizada manualmente, com triagem das plantas, secagem adequada, ensaque e limpeza padronizada. Todo o processo é documentado para garantir rastreabilidade e conformidade com os requisitos legais.

Para que uma nova cultivar seja registrada e protegida junto ao Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento (MAPA), é necessário apresentar evidências de sua produtividade, características agronômicas e de sua identidade genética. A caracterização morfofisiológica da cultivar, de acordo com Melo (2009), é realizada por meio dos ensaios de Distinguíbilidade, Homogeneidade e Estabilidade (DHE), que comprovam sua singularidade, uniformidade e estabilidade genética. O registro garante o direito de comercialização da semente, enquanto a proteção assegura a propriedade intelectual da cultivar.

A responsabilidade pelo processo de proteção e registro é da equipe de melhoramento, com apoio do Comitê Local de Propriedade Intelectual. O líder do projeto deve encaminhar ao Serviço Nacional de Proteção de Cultivares (SNPC) os seguintes documentos: i) formulário de solicitação de proteção, ii) descritores mínimos da espécie, iii) proposta de denominação, iv) relatório técnico da obtenção, v) declaração de amostra viva e vi) declaração juramentada quanto à veracidade das informações.

Para o registro no Registro Nacional de Cultivares (RNC), é indispensável a comprovação do Valor de Cultivo e Uso (VCU), com base em dados experimentais que demonstrem superioridade agronômica frente a duas ou mais testemunhas.

3.6 Interação Genótipos x Ambientes (G x A)

De acordo com Ramalho et al. (2012), o genótipo corresponde à constituição genética de um indivíduo, ao passo que o fenótipo representa as diferentes formas de expressão de uma determinada característica, cuja manifestação é influenciada tanto pelos fatores genéticos quanto pelas condições ambientais. Nesse contexto, o termo "ambiente" abrange todos os fatores não genéticos que afetam o crescimento e o desenvolvimento das plantas. A interação G x A refere-se à alteração no desempenho relativo dos genótipos em decorrência da variação ambiental (Borém et al., 2021). Complementarmente, Cruz et al. (2012) ressaltam que, em programas de melhoramento genético vegetal, o ambiente é definido de maneira ampla, incluindo variações espaciais (diferentes localidades), temporais (épocas e safras), níveis tecnológicos e demais condições edafoclimáticas e de manejo.

A expressão fenotípica de uma característica em um ambiente específico resulta da interação do genótipo com os fatores ambientais presentes. Contudo,

quando múltiplos ambientes são considerados, além dos efeitos genéticos e ambientais isolados, emerge um componente adicional: a interação $G \times A$. Essa interação refere-se à resposta diferencial dos genótipos quando expostos a variações ambientais, implicando em alterações no desempenho relativo dos mesmos entre diferentes condições ambientais (Cruz et al., 2014; Viana e Resende, 2014).

Os ensaios de avaliação de produtividade representam uma das etapas de maior custo operacional nos programas de melhoramento genético vegetal, o que demanda a adoção de estratégias que maximizem a eficiência da seleção. Quando esses ensaios são conduzidos em um único ambiente, há risco de superestimação da variância genética e da média geral, devido à possível incorporação de componentes da interação $G \times A$ na estimativa desses parâmetros (Resende, 2007). A magnitude da interação $G \times A$ pode reduzir a correlação entre o fenótipo observado e o valor genotípico verdadeiro, resultando em uma inflação da variância genética, o que compromete a acurácia da estimativa da herdabilidade e pode levar à superestimação do ganho genético esperado com a seleção (Rocha e Vello, 1999).

A fim de estimar e compreender a interação $G \times A$, é necessário submeter os genótipos a avaliações em múltiplos locais, épocas e anos agrícolas. Tal abordagem é fundamental, uma vez que os genótipos podem apresentar desempenhos relativos distintos em diferentes condições ambientais. Em outras palavras, uma cultivar pode expressar alto potencial produtivo em determinado ambiente, enquanto outra, adaptada a condições ambientais distintas, pode não manifestar desempenho equivalente nesse mesmo ambiente (Borém et al., 2021).

Durante a avaliação de genótipos em ambientes variados, a interação $G \times A$ pode se manifestar de três formas distintas: ausência de interação, interação simples ou interação complexa. Quando não há interação, os genótipos mantêm desempenho estável, independentemente das variações ambientais, demonstrando robustez adaptativa. A interação simples ocorre quando há variação na magnitude da resposta dos genótipos entre os ambientes, mas sem alteração na sua ordenação, isto é, os genótipos mantêm o mesmo posicionamento relativo em termos de desempenho. Este tipo de interação é considerado de menor impacto para o melhoramento genético, pois permite a aplicação eficiente de estratégias de seleção direta. Em contraste, a interação complexa é caracterizada pela mudança na ordem de desempenho dos genótipos entre os ambientes, refletindo ausência de correlação linear entre as respostas genotípicas. Essa instabilidade dificulta a seleção e recomendação de

genótipos superiores, exigindo metodologias estatísticas mais robustas para a identificação de materiais com ampla adaptação ou adaptação específica (Cruz et al., 2012).

De modo geral, a interação $G \times A$ pode ser atribuída a duas condições principais. A primeira é de natureza previsível e está relacionada a fatores ambientais permanentes e sistemáticos, como as características climáticas médias, o tipo e a composição do solo, além de outros aspectos que variam de forma constante entre os ambientes, por exemplo, em uma região com temperaturas médias mais baixas, certos genótipos podem ter um desempenho melhor do que outros, e o mesmo pode ocorrer em uma região com maior disponibilidade de água ou solo mais fértil. A segunda condição é imprevisível e resulta de flutuações ambientais aleatórias, tais como a variabilidade na distribuição das precipitações, nas temperaturas médias do ar e na umidade relativa, entre outros fatores que escapam ao controle experimental. Estas interações podem ser muito mais difíceis de prever e de controlar, e podem levar a grandes variações no desempenho dos genótipos (Allard e Bradshaw, 1964).

A análise da interação $G \times A$ é de fundamental relevância nos programas de melhoramento genético de plantas, uma vez que essa interação exerce influência direta e dinâmica sobre a expressão fenotípica dos genótipos. Em decorrência disso, um genótipo que apresenta desempenho superior em determinado ambiente pode não manter essa superioridade em outro, comprometendo o ganho genético esperado por seleção e dificultando a identificação de genótipos superiores com ampla adaptabilidade (Nascimento et al., 2023). Para mitigar os efeitos dessa interação e minimizar seu impacto sobre a acurácia da seleção e a recomendação de cultivares, recomenda-se a condução de experimentos em um número elevado de ambientes (locais e safras). No entanto, essa estratégia, por si só, não é suficiente para esclarecer com precisão o padrão de desempenho genotípico sob diferentes condições ambientais.

Nesse contexto, a aplicação de metodologias de análise de adaptabilidade e estabilidade torna-se indispensável. Essas abordagens permitem a identificação de genótipos com resposta consistente e previsível frente às variações ambientais, possibilitando a recomendação de cultivares com base em sua *performance* média, sensibilidade às mudanças ambientais e consistência de rendimento (Cruz et al., 2014).

Diversos métodos estatísticos têm sido propostos e amplamente utilizados para a quantificação e interpretação da interação $G \times A$. Esses métodos são de grande importância para o melhoramento genético vegetal, pois fornecem subsídios para a compreensão do comportamento diferencial dos genótipos frente às variações ambientais, contribuindo de forma significativa para o delineamento de estratégias de seleção mais eficientes e robustas (Cruz et al., 2012).

3.7 Adaptabilidade e estabilidade fenotípica

O cultivo do feijão-comum é amplamente disseminado em distintas regiões edafoclimáticas do território nacional, sendo conduzido em múltiplas épocas de semeadura ao longo do ano. Essa diversidade de ambientes de cultivo expõe os genótipos a variações expressivas nas condições ambientais, resultando em desempenhos agronômicos diferenciados. Nesse contexto, os efeitos decorrentes da interação $G \times A$ sobre os parâmetros de adaptabilidade e estabilidade assumem papel central, uma vez que cada genótipo possui uma capacidade intrínseca de resposta às flutuações ambientais. Assim, entre as estratégias preconizadas para a obtenção de cultivares com menor sensibilidade à interação $G \times A$, destaca-se a seleção de genótipos que conciliem elevada adaptabilidade com estabilidade fenotípica satisfatória (Scapim et al., 2010).

Nas etapas finais de um programa de melhoramento genético, determinadas linhagens promissoras emergem como potenciais candidatas à recomendação comercial, por apresentarem atributos agronômicos desejáveis e aceitabilidade mercadológica. Nessa fase, torna-se imprescindível a avaliação dessas linhagens sob um amplo espectro de condições ambientais representativas da região-alvo, com vistas à confirmação de sua superioridade genotípica. O êxito no lançamento de uma nova cultivar está diretamente condicionado à sua elevada produtividade de grãos, bem como à expressão consistente de características agronômicas relevantes, mesmo diante da heterogeneidade ambiental (Melo et al., 2022).

Diante disso, é fundamental que o melhorista tenha pleno conhecimento da magnitude e da complexidade da interação $G \times A$, de modo a empregar metodologias analíticas adequadas que possibilitem sua quantificação e controle. Entre os procedimentos mais recomendados nesse contexto, destacam-se as análises de adaptabilidade e estabilidade fenotípica, que visam à identificação de genótipos com

desempenho previsível, seja para condições amplas, representando ampla adaptabilidade, seja para ambientes específicos, caracterizando adaptação restrita. Embora correlatos, os conceitos de adaptabilidade e estabilidade possuem distinções conceituais importantes e complementares, sendo ambos essenciais para subsidiar decisões no processo de seleção e recomendação de cultivares (Cruz et al., 2012).

De acordo com Vencovsky e Barriga (1992), embora os conceitos de adaptabilidade e estabilidade fenotípica estejam intrinsecamente relacionados, não devem ser tratados como sinônimos ou como manifestações de um único fenômeno. A adaptabilidade pode ser compreendida como a aptidão do genótipo em responder de maneira favorável tanto sob condições ambientais adversas quanto em ambientes que proporcionem melhoria nas condições de cultivo, evidenciando sua capacidade de ajuste fisiológico e agrônomo às variações ambientais. Por sua vez, a estabilidade refere-se à consistência do comportamento fenotípico do genótipo frente à heterogeneidade ambiental, expressando-se por meio de uma *performance* agrônoma previsível e pouco oscilante quando submetido a múltiplas condições edafoclimáticas (Cruz et al., 2014).

Diversas abordagens metodológicas têm sido amplamente descritas na literatura científica para o estudo e quantificação da interação $G \times A$, cada uma com fundamentos estatísticos específicos e aplicabilidades distintas. A seleção do método estatístico mais apropriado deve considerar, além da robustez analítica, critérios práticos como a simplicidade operacional e a clareza na interpretação dos resultados, de modo a garantir maior acurácia e aplicabilidade dos dados gerados no contexto do melhoramento genético de plantas. Dentre as principais metodologias clássicas, destacam-se aquelas baseadas na análise de variância (ANOVA), as quais possibilitam a decomposição da variabilidade total em suas respectivas fontes de variação (Yates e Cochran, 1938; Plaisted e Peterson, 1959; Wricke, 1965; Annicchiarico, 1992). Complementarmente, métodos baseados em regressão linear simples, como os propostos por Finlay e Wilkinson (1963) e Eberhart e Russell (1966), têm sido amplamente empregados para avaliar a resposta diferencial dos genótipos ao gradiente ambiental.

O método proposto por Yates e Cochran (1938) baseia-se na análise simultânea dos experimentos realizados em diferentes ambientes, seguida da decomposição da soma de quadrados atribuída aos efeitos dos ambientes e à interação $G \times A$. Essa decomposição é feita em componentes relacionados aos

ambientes dentro de cada genótipo avaliado. Genótipos com menores valores do parâmetro θ_i são considerados mais estáveis. O estimador correspondente é:

$$QM(A/G_i) = \frac{r}{a-1} \left[\sum_j Y_{ij}^2 - \frac{(Y_j)^2}{a} \right] \quad \text{Eq. 1}$$

Em que Y_{ij} : média do genótipo i ($i = 1, 2, \dots, g$), no ambiente j ($j = 1, 2, \dots, n$); e r : número de repetições associado ao genótipo e a é número total de ambientes.

O método proposto por Plaisted e Peterson (1959) quantifica a contribuição relativa de cada genótipo para a interação $G \times A$ e identifica aqueles de maior estabilidade. A estimativa foi obtida pela expressão:

$$\theta_i = \frac{\sum_j \sigma_{ga_{ii'}}^2}{g-1} \text{ com } i \neq i' \quad \text{Eq. 2}$$

Sendo:

$$\sigma_{ga_{ii'}}^2 = \frac{SQ_{(G_{ii'} \times A)}}{\frac{a-1}{r}} QMR \quad \text{Eq. 3}$$

Em que $SQ'_{(G'_{ii'} \times A)} = \frac{r}{2} \left[d_{ii'}^2 - \frac{1}{a} (Y_i - Y_i')^2 \right]$; e Eq. 4

$d_{ii'}^2 = j(Y_i - Y_i')^2$ (para $j = 1, 2, \dots, n$), sendo n o número de ambientes. Eq. 5

A contribuição relativa de cada genótipo foi calculada por:

$$\theta_i(\%) = \frac{\theta_i \times 100}{g\sigma_{ga}^2} \quad \text{Eq. 6}$$

A análise de estabilidade através do método da ecovalência foi proposto por Wricke (1965). A estimação é feita através da partição da soma de quadrados da interação $G \times A$. Assim, para cada genótipo, é estimada sua contribuição para a

interação G x A total, através da soma de quadrados da interação envolvendo todos os ambientes onde ele foi avaliado. A partição da soma de quadrados da interação G x A foi estimada de acordo com a equação:

$$\omega_i = \sum_{j=1}^n (ga)_{ij}^2 \quad \text{Eq. 7}$$

Sendo:

$$(ga)_{ij} = Y_{ij} - \bar{Y}_i - \bar{Y}_j - \bar{Y}_{..}, \quad \text{Eq. 8}$$

Em que Y_{ij} : média do genótipo i no ambiente j ; $\bar{Y}_i$: média do genótipo i em todos os ambientes; $\bar{Y}_j$ é a média do ambiente j para todos os genótipos; e $\bar{Y}_{..}$: média geral.

Assim, genótipos com baixos valores de ω_i têm menores desvios em relação aos ambientes e são mais estáveis.

O método proposto por Annicchiarico (1992) baseia-se na superioridade do genótipo em relação à média de cada ambiente. As medidas desta estabilidade são dadas por:

$$\omega_i = \hat{\mu}_i - z_{(1-\alpha)} \hat{\sigma}_{zi} \quad \text{Eq. 9}$$

Em que ω_i : índice de confiança; $\hat{\mu}_i$: média percentual; $z_{(1-\alpha)}$: percentil da função da distribuição normal padrão, para o qual a função de distribuição normal atinge o valor $1 - \alpha$, sendo $\alpha=0,25$; $\hat{\sigma}_{zi}$: desvio padrão dos valores Z_{ij} , associado ao i -ésimo genótipo.

Na metodologia de Finlay e Wilkinson (1963) é adotado o modelo de regressão linear simples, que mede a resposta de cada genótipo às variações ambientais, conforme o modelo abaixo:

$$Y_{ij} = \beta_{0i} + \beta_{1i}I_j + \delta_{ij} + \bar{\epsilon}_{ij} \quad \text{Eq. 10}$$

Em que Y_{ij} : média do i -ésimo genótipo, no j -ésimo ambiente, obtida através da transformação logarítmica dos dados; β_{0i} : média geral do i -ésimo genótipo; β_{1i} : coeficiente de regressão linear, que mede a resposta do i -ésimo genótipo à variação do ambiente; I_j : índice ambiental codificado ($\sum I_j = 0$), sendo $I_j = \bar{Y}_{.j} - \bar{Y}_{..}$; e δ_{ij} : desvio da regressão do i -ésimo genótipo no j -ésimo ambiente; e $\bar{\epsilon}_{ij}$: erro experimental médio associado à observação Y_{ij} .

De forma análoga ao método de Finlay e Wilkinson (1963), a metodologia proposta por Eberhart e Russell (1966) adota o modelo de regressão linear (Eq. 10).

O parâmetro β_{1i} , é utilizado como padrão de resposta do genótipo aos diferentes ambientes, sendo estimado segundo a seguinte expressão:

$$\hat{\beta}_{1i} = \frac{\sum_j Y_{ij} I_j}{\sum_i I_j^2} \quad \text{Eq. 11}$$

Em que Y_{ij} : média do i -ésimo genótipo no j -ésimo ambiente; I_j : índice ambiental, em que

$$I_j = \left[\left(\frac{Y_j}{p} \right) - \left(\frac{Y_{..}}{pn} \right) \right], \quad \text{Eq. 12}$$

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

Adicionalmente, modelos de regressão linear múltipla (Cruz et al., 1989) e métodos não paramétricos, que dispensam pressupostos de normalidade e homocedasticidade (Lin e Binns, 1988; Huehn, 1990; Kang e Phan, 1991), oferecem alternativas robustas em contextos com distribuição de dados não convencional.

O método proposto por Cruz et al. (1989) baseia-se na análise de regressão linear bissegmentada. O modelo segue a seguinte equação:

$$Y_{ij} = \beta_{0i} + \beta_{1i}I_j + \beta_{2i}T(I_j) + \delta_{ij} + \bar{\epsilon}_{ij} \quad \text{Eq. 13}$$

Em que Y_{ij} : média do i -ésimo genótipo no j -ésimo ambiente; β_{0i} : média geral do i -ésimo genótipo; β_{1i} : coeficiente de regressão linear; I_j : índice ambiental codificado

($\sum_j^i = 0$), sendo $I_j = \bar{Y}_j - \bar{Y}_{..}$; $T(I_j)$: variável independente; δ_{ij} : desvio de regressão; e $\bar{\epsilon}_{ij}$: erro experimental médio.

Na metodologia proposta por Lin e Binns (1988), o parâmetro P_i define a estabilidade de um genótipo e é definido como o quadrado médio da distância entre a média de um genótipo e a resposta média máxima para todos os locais, de modo que genótipos com menores valores correspondem aos de melhor desempenho. Assim, o estimador é dado pela equação:

$$P_i = \sum_{j=1}^n \frac{(Y_{ij} - M_j)^2}{2n} \quad \text{Eq. 14}$$

Em que P_i : parâmetro de estabilidade do i -ésimo genótipo; Y_{ij} : resposta do i -ésimo genótipo i no j -ésimo ambiente; M_j : resposta máxima observada entre todos os genótipos no j -ésimo ambiente; e n : número de ambientes.

O método proposto por Huenh (1990) analisa a estabilidade dos genótipos por meio das estatísticas S1, S2 e S3, baseadas na classificação dos genótipos nos vários ambientes em relação aos dados originais ou aos efeitos $\hat{G}A_{ij}$. As estimativas dos efeitos da interação G x A são obtidas pela expressão análoga à Eq. 8:

$$\hat{G}A_{ij} = Y_{ij} - \bar{Y}_{i.} - \bar{Y}_{.j} - \bar{Y}_{..}$$

Em que Y_{ij} : média do i -ésimo genótipo no j -ésimo ambiente; $\bar{Y}_{i.}$: média geral i -ésimo genótipo; $\bar{Y}_{.j}$: média geral j -ésimo ambiente; $\bar{Y}_{..}$: média geral do ensaio.

As medidas não paramétricas de estabilidade, denotadas por S1, S2 e S3, são obtidas conforme descrição a seguir.

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

$$S_{1i} = \frac{\sum_{j>j'} |r_{ij} - r_{ij'}|}{a \frac{(a-1)}{2}} \quad \text{Eq. 15}$$

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

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

$$S_{2i} = \frac{\sum_j (r_{ij} - \bar{r}_t)^2}{a - 1} \quad \text{Eq.16}$$

$$\text{Em que } \bar{r}_t = \frac{\sum_j r_{ij}}{a} \quad \text{Eq. 17}$$

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

$$S_{3i} = \frac{\sum_j |r_{ij} - \bar{r}_t|}{\bar{r}_t} \quad \text{Eq. 18}$$

O método proposto por Kang e Phan (1991) baseia-se no ranqueamento dos genótipos, com base nos estimadores $QM(A/G_i)$, de Yates e Cochran (1938), e θ_i , de Plaisted e Peterson (1959). Na sequência, ranqueiam-se os genótipos em ordem decrescente, com base nas estimativas das médias de produtividade. Os valores do ranqueamento de cada genótipo serão somados e, assim, obtida a soma das classificações, que constitui o estimador do método.

No campo da estatística multivariada, destacam-se o modelo AMMI (Additive Main Effects and Multiplicative Interaction), proposto por Zobel et al. (1988) e posteriormente aprimorado por Gauch e Zobel (1996), bem como a análise de componentes principais com o uso do GGE Biplot (Yan e Kang, 2019), ambos eficazes na identificação de padrões de adaptação e na visualização da interação $G \times A$ de forma gráfica e interpretativa.

A análise AMMI combina em um único modelo, componentes aditivos para os efeitos principais de genótipos e de ambientes e componentes multiplicativos para o efeito da interação (Duarte e Vencovsky, 1999). A resposta média do i -ésimo genótipo no j -ésimo ambiente é dada por:

$$Y_{ij} = \mu + G_i + A_j + k \sum \lambda_k a_{ik} t_{jk} + \rho_{ij} + \varepsilon_{ij} \quad \text{Eq. 19}$$

Em que μ : constante inerente a todas as observações, sendo a média geral ajustada; G_i : efeito aleatório do genótipo ajustado i ($i = 1, 2, \dots, g$ genótipos); A_j : efeito

aleatório do ambiente j ($j = 1, 2, \dots, a$ ambientes); λ_k : valor singular para o k -ésimo eixo do componente principal; a_{ik} : i -ésimo elemento do k -ésimo autovetor de genótipos; t_{jk} : j -ésimo elemento do k -ésimo autovetor de ambientes; ρ_{ij} : resíduo adicional, se todos os k -CPAs não são considerados, onde $k = \min (G-1; E-1)$. ε_{ij} : erro experimental médio associado à observação Y_{ij} .

Já os modelos mistos univariados REML/BLUP (Restricted Maximum Likelihood/Best Linear Unbiased Prediction), utilizado, segundo Resende et al. (2016), para estimar os componentes de variância e os valores genotípicos, têm se destacado por sua elevada precisão seletiva, especialmente em experimentos com estrutura hierárquica e dados não balanceados. A escolha do procedimento analítico mais apropriado deve ser orientada pelas características dos dados experimentais, notadamente o número de ambientes avaliados e a complexidade da interação observada (Cruz et al., 2012).

3.8 Modelos mistos via REML/BLUP

A predição acurada dos valores genéticos dos genótipos submetidos à seleção constitui etapa crucial no contexto do melhoramento genético de plantas, uma vez que orienta decisões estratégicas quanto à identificação e recomendação dos materiais superiores. Contudo, a obtenção desses valores genéticos depende do conhecimento prévio dos componentes de variância associados aos efeitos genéticos e ambientais. Dado que tais componentes não são observáveis diretamente, recorre-se à utilização de suas estimativas, obtidas por meio de modelos lineares mistos, ou seja, estruturas estatísticas que incorporam simultaneamente efeitos fixos (tais como a média geral e fatores controláveis do experimento) e efeitos aleatórios (incluindo os efeitos genotípicos e o erro experimental) (Resende, 2004).

A avaliação genotípica, portanto, envolve dois procedimentos interdependentes: a estimação dos componentes de variância, também denominados parâmetros genéticos, e a predição dos valores genotípicos de cada indivíduo ou linhagem. Parâmetros como a herdabilidade no sentido restrito e as correlações genéticas entre caracteres são essenciais para embasar o delineamento de estratégias de seleção mais eficientes e direcionadas, com vistas à maximização do progresso genético em programas de melhoramento (Resende, 2007).

Segundo Resende (2004), o método estatístico mais robusto e amplamente aceito para a estimação dos componentes de variância é o REML (Restricted Maximum Likelihood – Máxima Verossimilhança Restrita), o qual supera métodos clássicos ao reduzir vieses associados à estimação de variâncias em modelos mistos. Para a predição dos valores genéticos, utiliza-se o procedimento BLUP (Best Linear Unbiased Prediction – Melhor Predição Linear Não Viesada), considerado o mais eficiente em termos de acurácia seletiva, por proporcionar predições livres de viés e com variância mínima dentro da classe de preditores lineares (Resende, 2004).

A aplicação desse método em programas de melhoramento genético vegetal decorre de suas propriedades estatísticas desejáveis, que incluem: (i) melhor – no sentido de apresentar a menor variância de erro de predição ou estimação; (ii) linear – pois as predições são expressas como combinações lineares das observações fenotípicas disponíveis; e (iii) não viesado – dado que o valor esperado da predição corresponde, em média, ao valor verdadeiro do parâmetro estimado.

De acordo com Resende (2016), o método REML constitui uma extensão moderna e mais eficiente da análise de variância clássica (ANOVA), originalmente desenvolvida por Fisher (1925). O REML tem sido amplamente adotado em substituição à ANOVA, por proporcionar estimativas menos viesadas dos componentes de variância em modelos lineares mistos. Introduzido por Patterson e Thompson (1971), esse procedimento incorpora um ajuste nos graus de liberdade utilizados na estimação dos efeitos fixos, conferindo maior precisão e robustez às inferências estatísticas. Sua aplicação é particularmente eficaz na decomposição da variância fenotípica em seus distintos componentes, genéticos, ambientais e de interação $G \times A$, sendo, portanto, uma ferramenta indispensável nas análises de dados oriundos de experimentos multiambientais de melhoramento genético.

Conforme exposto por Resende (2004), os procedimentos estatísticos empregados em avaliações genéticas encontram-se intrinsecamente vinculados ao arcabouço teórico dos modelos mistos, podendo ser delineados, entre outros, em: i) modelos nos quais os tratamentos são considerados como efeitos aleatórios e os ambientes como efeitos fixos; e ii) modelos em que os tratamentos assumem a natureza de efeitos fixos e os ambientes, por sua vez, são tratados como aleatórios. Diante dessas configurações, as inferências estatísticas concernentes aos tratamentos genéticos são operacionalizadas, preferencialmente, via abordagem REML/BLUP quando os genótipos são modelados como efeitos aleatórios, e por meio

do procedimento REML/GLS no caso de genótipos tratados como efeitos fixos. Em ambas as abordagens, entretanto, a interação $G \times A$ é usualmente incorporada ao modelo como efeito aleatório, o que viabiliza a extrapolação das inferências para a população genotípica de referência, e não apenas para os indivíduos avaliados experimentalmente.

A modelagem dos efeitos de tratamento como aleatórios é de relevância fundamental no contexto do melhoramento genético quantitativo, pois representa a única via estatisticamente válida para a condução de seleção de natureza genética. Quando os efeitos genotípicos são tratados como fixos, a seleção realizada se restringe ao nível fenotípico, carecendo de base genética. A única estratégia estatística capaz de mitigar os efeitos ambientais residuais, presentes nas mensurações fenotípicas, consiste na aplicação do efeito de shrinkage ou retração, operacionalizado pela multiplicação do valor fenotípico ajustado por uma função da herdabilidade do caráter em seleção. Tal propriedade é inerente ao estimador REML/BLUP, conforme discutido por Resende (2007), e constitui um dos pilares metodológicos da moderna genética quantitativa aplicada à seleção recorrente de indivíduos superiores.

No contexto da análise de modelos lineares mistos, os efeitos presentes no modelo não são submetidos à avaliação estatística por meio do tradicional teste F, como é habitual nos modelos baseados em análise de variância (ANOVA). Para os efeitos aleatórios, a inferência estatística mais apropriada é conduzida por meio do teste da razão de verossimilhança (Likelihood Ratio Test – LRT), o qual se mostra especialmente eficaz na comparação de modelos hierárquicos aninhados que diferem quanto à inclusão de parâmetros específicos, por exemplo, o efeito aleatório de genótipos ou a variância genética aditiva, estimados mediante o procedimento de máxima verossimilhança. Do ponto de vista teórico, a estatística do LRT segue uma distribuição assintótica do tipo qui-quadrado, com graus de liberdade correspondentes à diferença no número de parâmetros estimados entre o modelo completo e o modelo reduzido (Viana e Resende, 2014).

Conforme preconizado por Viana e Resende (2014), pode-se realizar, em analogia à ANOVA convencional, uma análise denominada Análise de Deviance (ANADEV), fundamentada na estrutura dos modelos mistos e baseada nos seguintes procedimentos metodológicos: (i) obtenção do valor do logaritmo natural do ponto de

máximo da função de verossimilhança residual (L) para os modelos com e sem o efeito de interesse; (ii) cálculo da estatística de deviance, definida como:

$$D = -2 \cdot \log L, \quad \text{Eq. 20}$$

para ambos os modelos; (iii) determinação da diferença entre as deviances dos modelos aninhados (completo e reduzido), o que fornece a estatística da razão de verossimilhança; e (iv) avaliação da significância estatística dessa diferença por meio do teste qui-quadrado com 1 grau de liberdade, assumindo-se a hipótese nula de inexistência do efeito testado. Esta abordagem confere robustez e maior sensibilidade à detecção de componentes de variância de interesse, sendo particularmente útil em estudos de genética quantitativa e experimentação agrícola sob estruturas de dados complexas.

A análise estatística fundamentada nos procedimentos REML/BLUP estrutura-se na premissa de que, quanto menor for o desvio-padrão do comportamento genotípico dos indivíduos ao longo dos ambientes, maior será a média harmônica de seus valores genéticos preditos. Dessa forma, a seleção com base na Média Harmônica dos Valores Genéticos (MHVG) promove, de maneira simultânea, o incremento da produtividade média e da estabilidade genotípica. A adaptabilidade genotípica, por sua vez, é inferida por meio da *Performance* Relativa dos Valores Genéticos (PRVG), a qual expressa os valores genéticos estimados ou, alternativamente, os dados originais, como uma proporção relativa à média geral do respectivo ambiente, conforme delineado por Resende (2002).

No escopo dos modelos lineares mistos, a seleção genotípica simultânea para produtividade, estabilidade e adaptabilidade pode ser operacionalizada por meio do critério estatístico denominado Média Harmônica da *Performance* Relativa dos Valores Genéticos (MHPRVG). Tal abordagem permite a identificação de genótipos superiores considerando os três atributos de interesse de forma conjunta, apresentando uma série de vantagens metodológicas e inferenciais, entre as quais se destacam: (i) a modelagem dos efeitos genotípicos como aleatórios, o que assegura a inferência em nível genético e não apenas fenotípico; (ii) a robustez frente a dados desbalanceados, delineamentos experimentais não ortogonais, heterogeneidade de variâncias e correlação de erros intra-locais; (iii) a penalização dos valores genéticos em função da instabilidade observada, refletindo maior confiabilidade nas estimativas;

(iv) a aplicabilidade a qualquer número de ambientes experimentais; (v) a possibilidade de incorporação da adaptabilidade e estabilidade como critérios na seleção dentro de progênies; (vi) a não exigência de estimativas auxiliares, como coeficientes de regressão; (vii) a expressão dos resultados na própria unidade do caráter avaliado, facilitando a interpretação direta; e (viii) a estimativa concomitante do ganho genético com a seleção simultânea nos três atributos, conforme descrito por Resende (2002).

A crescente adoção do BLUP no contexto do melhoramento genético vegetal tem se consolidado como uma tendência em razão de sua ampla aplicabilidade e precisão estatística. Essa metodologia oferece inferências robustas mesmo na presença de desbalanceamentos, possibilita o uso de informações advindas de relações de parentesco, bem como permite a conexão entre ensaios realizados em diferentes épocas ou locais, independentemente de os tratamentos serem regulares ou irregulares (Resende, 2007). Tais características posicionam o BLUP como ferramenta indispensável para a seleção eficiente e acurada em programas modernos de melhoramento genético.

Diversos estudos recentes disponíveis na literatura científica têm empregado a metodologia de modelos mistos via procedimento REML/BLUP para a seleção de genótipos superiores de feijão-comum. Nascimento et al. (2023) avaliaram o rendimento de grãos de 14 genótipos de feijão-comum carioca de ciclo normal e 11 genótipos de ciclo precoce, em diferentes ambientes no estado de Pernambuco, ao longo de dois anos agrícolas consecutivos. Os autores constataram que os ambientes exerceram influência significativa sobre a expressão fenotípica dos genótipos avaliados, evidenciando a existência de adaptação específica. Destacaram-se os genótipos BRS Notável, BRS Estilo e BRS Pérola (ciclo normal) e CNFC 15875, BRS Notável e CNFC 15630 (ciclo precoce), os quais apresentaram os melhores desempenhos agrônômicos nos ambientes analisados, considerando simultaneamente os critérios de produtividade de grãos, adaptabilidade e estabilidade fenotípica.

De forma complementar, Silva et al. (2023) conduziram uma ampla avaliação da produtividade e da qualidade comercial de grãos de 17 genótipos de feijão-comum carioca em 79 ensaios distribuídos nas regiões Sul, Sudeste, Centro-Oeste e Nordeste do Brasil, ao longo de três anos agrícolas consecutivos. Os resultados indicaram interação G x A significativa para todos os caracteres analisados. A linhagem CNFC

15086 destacou-se por apresentar os maiores valores médios para produtividade de grãos e massa de 100 sementes, além de demonstrar elevada adaptabilidade e estabilidade fenotípica. No que se refere à qualidade visual dos grãos, a linhagem CNFC 15038 foi a mais promissora. Contudo, a linhagem CNFC 15097 foi recomendada para lançamento como nova cultivar (BRS FC406), por reunir atributos agrônômicos desejáveis, tais como: elevada produtividade de grãos, boa aparência comercial, rendimento de peneira, massa de 100 sementes, além de ampla adaptabilidade e estabilidade.

Mais recentemente, Souza et al. (2025) investigaram o desempenho agrônômico de 11 genótipos de feijão-comum preto em nove ambientes representativos do estado do Rio de Janeiro, ao longo de três anos agrícolas consecutivos. Os autores observaram estimativas elevadas de herdabilidade média (81%) e acurácia seletiva (90%), o que indica elevada eficiência do processo de seleção de genótipos superiores. Os ganhos genéticos preditos para produtividade de grãos variaram entre 1,03% e 9,49%, configurando boas perspectivas de avanço genético. A seleção simultânea para produtividade de grãos, adaptabilidade e estabilidade permitiu a identificação das linhagens CNFP 15290 e CNFP 15361 como as mais promissoras para recomendação e possível lançamento como cultivares comerciais de feijão-comum preto adaptadas às condições edafoclimáticas do estado do Rio de Janeiro.

3.9 GGE Biplot

O modelo estatístico GGE Biplot (Genotype main effects plus Genotype x Environment interaction), proposto por Yan et al. (2000), constitui uma abordagem multivariada robusta para a análise da interação G x A em experimentos conduzidos em múltiplos ambientes. A nomenclatura "GGE" refere-se à composição dos efeitos principais dos genótipos (G) somados à interação G x A (G x E), as quais representam as principais fontes de variação relevantes para a avaliação comparativa de genótipos em programas de melhoramento genético.

Essa metodologia permite a representação gráfica integrada dos componentes principais dessas fontes de variação, o que possibilita uma interpretação visual intuitiva e estatisticamente fundamentada de padrões complexos de interação. Através da análise de componentes principais (PCA – Principal Component Analysis),

os efeitos aditivos (principais) e os efeitos de interação (multiplicativos) são condensados em eixos ortogonais, permitindo a construção de biplots que representam simultaneamente genótipos e ambientes em um espaço bidimensional.

A técnica de componentes principais configura-se como uma abordagem estatística multivariada amplamente empregada para a redução dimensional de dados, cuja finalidade é condensar a informação contida em um conjunto de variáveis originais intercorrelacionadas por meio da construção de novos eixos ortogonais, denominados componentes principais, que consistem em combinações lineares dessas variáveis (Oliveira et al., 2019).

No escopo da análise GGE Biplot, os componentes principais são interpretados com base em sua contribuição para a explicação da variação dos efeitos genotípicos e da interação $G \times A$. O primeiro componente principal (CP1) representa a média de desempenho dos genótipos, estando diretamente associado à produtividade, ao passo que o segundo componente principal (CP2) é interpretado como medida de estabilidade fenotípica. Assim, um genótipo ideal, sob a ótica da metodologia GGE, é aquele que apresenta alto valor em CP1 (elevada produtividade) e valor próximo de zero em CP2 (alta estabilidade). Analogamente, um ambiente de teste ideal é aquele que apresenta elevado valor para CP1 (alto poder discriminativo) e valor próximo de zero para CP2 (maior representatividade da média ambiental), contribuindo significativamente para a identificação acurada de genótipos superiores.

Uma das contribuições mais significativas do GGE Biplot é a elucidação do conceito de "quem-ganhou-onde", evidenciando o genótipo de maior desempenho relativo dentro de cada 'mega-ambiente' identificado, além de permitir o agrupamento de genótipos e ambientes com comportamento similar. Tal representação gráfica viabiliza inferências acerca da adaptabilidade específica dos genótipos a determinados contextos ambientais, a identificação de ambientes discriminantes e representativos, bem como a avaliação da estabilidade fenotípica dos materiais genéticos testados (Yan, 2011; Yan e Kang, 2019).

Adicionalmente, o GGE Biplot propicia a visualização das correlações entre ambientes, favorecendo a definição de estratégias mais eficientes de amostragem ambiental e racionalização da rede experimental. A representação simultânea das distâncias e ângulos entre vetores ambientais e genotípicos facilita o ordenamento e a comparação dos materiais genéticos em relação aos atributos de produtividade e

estabilidade, características de interesse agrônomo fundamental em programas de seleção.

A metodologia GGE Biplot, portanto, consolida-se como uma ferramenta estatística multifuncional, versátil e de elevada capacidade discriminativa, possibilitando não apenas a seleção gráfica de genótipos superiores de forma acurada e visualmente acessível (Yan, 2014), como também a identificação de ‘mega-ambientes’, a caracterização de ambientes ideais e discriminativos, e a visualização comparativa entre os genótipos avaliados (Yan e Kang, 2019). Os biplots gerados são considerados representações gráficas de fácil interpretação, permitindo inferências robustas acerca do desempenho genotípico e das interrelações entre múltiplas características fenotípicas, tornando-se instrumentos valiosos em estudos de adaptabilidade e estabilidade em programas de melhoramento genético.

A literatura científica apresenta diversos estudos recentes que empregaram com êxito a metodologia dos componentes principais através das análises gráficas do GGE biplot na seleção de genótipos superiores em diferentes culturas agrícolas, incluindo o feijão-comum. Dentre esses trabalhos, destaca-se o estudo de Souza et al. (2023), que avaliaram a *performance* produtiva de 11 genótipos de feijão-comum preto em nove ambientes distintos no estado do Rio de Janeiro, ao longo de três anos agrícolas consecutivos. As análises revelaram efeitos significativos dos genótipos, dos ambientes e da interação $G \times A$, evidenciando a variabilidade nas respostas genotípicas frente às condições ambientais avaliadas. As representações gráficas oriundas da metodologia GGE biplot indicaram o município de Macaé como o local mais apropriado para discriminar o desempenho dos genótipos, em razão de sua elevada discriminância e representatividade. Nesse contexto, a linhagem CNFP 15290 destacou-se como a mais produtiva e estável, sendo recomendada para cultivo no estado do Rio de Janeiro.

De forma semelhante, Kaneko et al. (2023) conduziram uma avaliação com 14 genótipos de feijão-comum em 23 ambientes localizados no estado do Paraná, ao longo de três anos agrícolas consecutivos. A interação $G \times A$ foi analisada por meio de distintos métodos genético-estatísticos, incluindo regressão linear (Eberhart e Russell, 1968), análises multivariadas (GGE biplot e AMMI) e modelos mistos baseados em REML/BLUP. As avaliações foram realizadas considerando conjuntos de dados de dois e três anos de experimentação. Os resultados indicaram que, para os métodos baseados em regressão linear e modelos mistos, a variação no número

de anos de avaliação não interferiu significativamente na interpretação dos resultados. No entanto, nas análises multivariadas, a resposta dos genótipos aos ambientes apresentou variações conforme o período analisado. A pesquisa concluiu que dois anos de avaliação foram suficientes para subsidiar a recomendação de novas cultivares adaptadas a distintos ambientes, corroborando as diretrizes propostas por Melo et al. (2024), que recomenda a condução de experimentos por dois anos agrícolas por local, em substituição aos três anos anteriormente exigidos até 2015.

Baldin et al. (2021), por sua vez, analisaram o desempenho produtivo e a estabilidade de 27 genótipos de feijão-comum em 16 ensaios realizados em nove localidades do estado de Santa Catarina, distribuídos ao longo de dois anos agrícolas consecutivos, empregando o GGE biplot como ferramenta analítica. Os resultados indicaram que o genótipo CHC 01-175-1 apresentou, simultaneamente, alto rendimento e estabilidade, sendo considerado o mais próximo do ideótipo para a região avaliada. Esse genótipo também demonstrou desempenho agrônomo satisfatório tanto na primeira quanto na segunda safra, superando todas as testemunhas utilizadas, o que evidencia seu potencial para lançamento como nova cultivar. Além disso, os autores identificaram o município de Chapecó como o local ideal para a seleção de genótipos de feijão-comum em Santa Catarina, dada sua elevada capacidade discriminatória e representativa em ambas as safras.

Por fim, Santos et al. (2019) avaliaram o desempenho agrônomo de 32 genótipos de feijão-comum – sendo 17 do tipo carioca e 15 do tipo preto – em quatro municípios do estado de Pernambuco, durante um único ano agrícola. A seleção dos materiais foi realizada com base em metodologias de modelos mistos, via REML/BLUP, e análise multivariada por GGE biplot. Os autores observaram que os municípios de São João e Araripina foram altamente representativos, porém pouco discriminatórios, enquanto Arcoverde destacou-se por apresentar tanto alta representatividade quanto elevada capacidade de discriminação, sendo, portanto, mais indicado para a seleção de genótipos com ampla adaptação. Considerando a alta adaptabilidade e estabilidade de produção, os genótipos de destaque incluíram, para o grupo comercial preto, as linhagens CNFP 11995, 11983, 11985 e 11991, e para o grupo comercial carioca, as linhagens CNFC 11951 e 11954. Os autores concluíram que a compreensão aprofundada da interação $G \times A$ foi essencial para a identificação de genótipos promissores, com potencial para lançamento no estado de Pernambuco.

4 CAPÍTULOS

4.1 Seleção de linhagens de feijão-comum preto de elevada produtividade para o estado do Rio de Janeiro via modelos mistos

4.1.1 Resumo

O presente estudo teve como objetivo identificar e selecionar genótipos superiores de feijão-comum preto com elevado rendimento de grãos, ampla adaptabilidade e estabilidade fenotípica, utilizando modelos mistos baseados na metodologia REML/BLUP, em seis ambientes representativos do estado do Rio de Janeiro. Foram avaliados 12 genótipos, sendo oito linhagens experimentais e quatro cultivares comerciais, em ensaios conduzidos nos anos agrícolas de 2016 e 2017, em delineamento em blocos ao acaso com três repetições. A análise da produtividade de grãos foi conduzida por meio de modelos mistos univariados, os quais permitiram a estimação dos componentes de variância genéticos e ambientais por máxima verossimilhança restrita (REML) e a predição dos valores genotípicos por meio do melhor preditor linear não viciado (BLUP), ajustados para os efeitos ambientais e da interação genótipos x ambientes (G x A). Os efeitos genotípicos e da interação G x A foram estatisticamente significativos, evidenciando a existência de variabilidade genética e a importância da consideração da interação G x A nos processos seletivos. O Método da Média Harmônica da *Performance* Relativa dos Valores Genéticos (MHPRVG) mostrou-se eficiente na seleção simultânea quanto à produtividade, adaptabilidade e estabilidade. As cultivares BRS FP 403 e BRS Esteio, bem como as linhagens CNFP 15684 e CNFP 15685, apresentaram desempenho superior e estável em múltiplos ambientes. A herdabilidade média dos genótipos foi alta (0,58), com acurácia seletiva de 0,76, indicando elevada confiabilidade na predição genotípica. Os resultados evidenciam a robustez dos modelos mistos para a seleção de genótipos em caráter quantitativo sob influência ambiental e destacam a MHPRVG como ferramenta eficaz para seleção e recomendação de genótipos em programas de melhoramento genético conduzidos em diversos ambientes.

Palavras-chave: *Phaseolus vulgaris* L., adaptabilidade, estabilidade, interação genótipos x ambientes, REML/BLUP.

4.1.2 Abstract

This study aimed to identify and select superior black common bean genotypes exhibiting high grain yield, broad adaptability, and phenotypic stability using mixed models based on the REML/BLUP methodology across six representative environments in the state of Rio de Janeiro, Brazil. Twelve genotypes were evaluated, including eight experimental lines and four commercial cultivars, in trials conducted in the agricultural years of 2016 and 2017 growing seasons using a randomized complete block design with three replications. Grain yield was analyzed using univariate mixed models, which enabled the estimation of genetic and environmental variance components via Restricted Maximum Likelihood (REML) and the prediction of genotypic values using Best Linear Unbiased Prediction (BLUP), adjusted for environmental effects and genotypes x environments (G x E) interaction. Both genotypic effects and G x E interaction were statistically significant, highlighting the presence of genetic variability and the necessity of accounting for G x E interaction in selection strategies. The Harmonic Mean of Relative Performance of Genetic Values (MHPRVG) method proved effective for simultaneous selection regarding yield, adaptability, and stability. The cultivars BRS FP 403 and BRS Esteio, along with the lines CNFP 15684 and CNFP 15685, demonstrated superior and consistent performance across environments. The mean heritability among genotypes was high (0.58), with a selection accuracy of 0.76, indicating strong reliability of genotypic predictions. The results underscore the robustness of mixed model approaches for the selection of genotypes for quantitative traits under environmental influence and highlight MHPRVG as an effective tool for genotype selection and recommendation in plant breeding programs conducted across diverse environments.

Keywords: *Phaseolus vulgaris* L., adaptability, stability, genotypes x environments interaction, REML/BLUP.

4.1.3 Introdução

O feijão-comum (*Phaseolus vulgaris* L.) destaca-se como uma importante fabácea na alimentação humana, devido ao seu elevado teor de proteínas, carboidratos complexos e fibras alimentares, bem como à presença significativa de vitaminas do complexo B e minerais essenciais. Ademais, caracteriza-se por seu baixo

conteúdo lipídico e reduzida concentração de sódio (Silva et al., 2013). No contexto da dieta brasileira, a associação do feijão com o arroz constitui uma combinação nutricionalmente complementar, amplamente consumida e reconhecida por sua relevância na promoção de uma alimentação equilibrada e saudável.

A cultura do feijoeiro-comum apresenta ampla adaptação a distintas condições edafoclimáticas e níveis tecnológicos de manejo, podendo ser cultivada em sistemas monocultivo, consorciado ou em regime de cultivo intercalar. No Brasil, o cultivo distribui-se ao longo de três safras anuais: a primeira safra, denominada "safra das águas", com semeadura realizada entre agosto e outubro, predominante nas regiões Sul e Sudeste; a segunda safra, conhecida como "safra da seca" ou "safrinha", com plantio entre janeiro e março, abrangendo todas as unidades federativas do país e representando a maior área cultivada; e a terceira safra, ou "safra de inverno", com plantio entre maio e julho, concentrada nas regiões Centro-Sul e Nordeste (Carneiro et al., 2015). Tal distribuição das safras permite uma oferta contínua do produto no mercado ao longo de todo o ano.

O Brasil ocupa a segunda posição no ranking mundial de produção de feijão-comum, com uma estimativa para a safra 2024/2025 de aproximadamente 3,3 milhões de toneladas, resultando em uma produtividade média de 1.157 kg ha^{-1} , distribuída em uma área cultivada de 2,9 milhões de hectares (CONAB, 2025). No contexto nacional, as projeções indicam que os estados do Paraná, Minas Gerais, Mato Grosso, Bahia e Goiás respondem conjuntamente por 72% da produção total, correspondendo a 2,4 milhões de toneladas (CONAB, 2025). Em contrapartida, o estado do Rio de Janeiro ocupa a 26ª posição entre os produtores nacionais, com uma produção estimada em 1,4 mil toneladas, cultivadas em uma área de 0,9 mil hectares, alcançando uma produtividade média de 1.507 kg ha^{-1} .

A arquitetura da planta e o hábito de crescimento constituem características morfoagronômicas fundamentais que impactam diretamente a eficiência do processo de colheita no feijoeiro-comum. Linhagens com porte ereto e hábito de crescimento determinados (tipos I e II) são preferencialmente selecionadas em programas de melhoramento genético para o desenvolvimento de novas cultivares, devido à sua maior versatilidade às práticas mecanizadas (Carneiro et al., 2015). Ademais, a altura de inserção da primeira vagem representa um atributo agrônomo relevante, uma vez que valores mais elevados favorecem a preservação da qualidade dos grãos, ao

reduzir o contato direto das vagens com o solo e, conseqüentemente, minimizar perdas por deterioração (Carneiro et al., 2015).

Além dos atributos mencionados no parágrafo anterior, a produtividade de grãos destaca-se como uma característica de grande interesse em programa de melhoramento genético, em virtude de sua natureza quantitativa e complexa. Este caráter é fortemente influenciado por fatores ambientais e controlado por múltiplos loci gênicos de pequeno efeito, o que dificulta a seleção e a obtenção de cultivares com elevado potencial produtivo (Borém et al., 2017). A identificação e seleção de cultivares com elevado potencial produtivo podem ser otimizadas por meio da utilização de caracteres agronômicos secundários, desde que estes apresentem associação estatisticamente significativa e positiva com a produtividade de grãos. Entre esses caracteres, destacam-se o número de vagens por planta, o número médio de grãos por vagem e a massa de cem sementes, os quais têm sido consistentemente indicados como parâmetros indiretos eficientes na seleção para rendimento de grãos (Gonçalves et al., 2017).

Nos programas de melhoramento genético destinados ao desenvolvimento de novas cultivares de feijão, a interação genótipos x ambientes ($G \times A$) exerce influência significativa sobre o desempenho das linhagens frente às variações ambientais (Cruz et al., 2014). De acordo com Allard e Bradshaw (1964) e Borém et al. (2017), essa interação decorre de dois componentes distintos. O primeiro envolve fatores ambientais previsíveis, caracterizados por elementos permanentes do ambiente, tais como fotoperíodo, tipo e fertilidade do solo, toxicidade por alumínio, época de semeadura e práticas de manejo agrícola. O segundo componente refere-se aos fatores ambientais imprevisíveis, incluindo a variabilidade na distribuição das precipitações, umidade relativa do ar, temperatura do ar e do solo, além da incidência de patógenos e pragas.

A detecção da interação $G \times A$ em programas de melhoramento genético vegetal requer a quantificação de sua magnitude por meio de análises de adaptabilidade e estabilidade dos genótipos (Carvalho et al., 2016). Para esse fim, as avaliações das linhagens devem ser conduzidas em redes de ensaios multilocacionais, em âmbito nacional, permitindo a estimativa do valor de cultivo e uso (VCU). Esses dados fundamentam a recomendação das cultivares para cultivo nas regiões onde foram avaliadas, assegurando a sua adequação às condições edafoclimáticas específicas.

A adaptabilidade refere-se à capacidade dos genótipos em explorar de forma eficiente as variações ambientais, expressa pela sua resposta diferencial em produtividade frente aos distintos estímulos proporcionados pelos ambientes de cultivo. Por sua vez, a estabilidade diz respeito à consistência ou previsibilidade dessa resposta produtiva diante das flutuações ambientais (Cruz et al., 2012).

As análises de adaptabilidade e estabilidade têm como objetivo avaliar o desempenho previsível de um conjunto de genótipos em resposta às variações ambientais, seja em condições específicas (mega-ambientes) ou em ampla faixa de ambientes. Para essa finalidade, diversas metodologias estatísticas estão disponíveis, cuja seleção depende das características dos dados experimentais, notadamente o número de ambientes avaliados, o nível de precisão exigido e o tipo de inferência desejada. Ressalta-se que determinados métodos são considerados alternativos, enquanto outros apresentam caráter complementar, permitindo uma avaliação mais robusta do comportamento genotípico frente à interação $G \times A$ (Cruz et al., 2012).

Diversas metodologias têm sido empregadas para a quantificação da adaptabilidade e estabilidade fenotípica, visando ao desdobramento da interação $G \times A$. Essas abordagens incluem métodos baseados na decomposição dos componentes da análise de variância (ANOVA) (Annicchiarico, 1992), modelos de regressão linear simples (Eberhart e Russell, 1966), procedimentos não paramétricos (Lin e Binns, 1988), modelos mistos baseados em REML/BLUP (Resende, 2016) e técnicas multivariadas, como a análise de componentes principais empregada no modelo AMMI (Zobel et al., 1988; Gauch e Zobel, 1996).

No contexto dos modelos mistos, destaca-se o método da Média Harmônica da *Performance* Relativa dos Valores Genéticos preditos (MHPRVG), proposto por Resende (2002), que se baseia na análise dos valores genéticos por meio de modelos mistos e permite efetuar a seleção de genótipos considerando, simultaneamente, a produtividade, a adaptabilidade e a estabilidade dos genótipos.

O modelo misto univariado para a análise da interação $G \times A$ caracteriza-se por considerar os efeitos genotípicos como aleatórios, possibilitando, assim, a estimativa simultânea da adaptabilidade e estabilidade. Essa abordagem é particularmente robusta para a análise de dados desbalanceados, delineamentos experimentais não ortogonais e cenários com heterogeneidade de variâncias. Ademais, o modelo permite a modelagem de erros correlacionados dentro dos ambientes, bem como a seleção de indivíduos superiores dentro de progênies, com

valores genéticos preditos já ajustados quanto à instabilidade. Sua aplicabilidade estende-se a qualquer número de ambientes, garantindo flexibilidade analítica. Outro diferencial importante reside na obtenção de resultados expressos na unidade original do caráter avaliado, permitindo a interpretação direta como valores genéticos. Além disso, esta modelagem possibilita inferências estratégicas, como a seleção de genótipos para ambientes específicos, a identificação de genótipos com ampla estabilidade entre locais, a seleção de genótipos responsivos às melhorias ambientais (alta adaptabilidade) e a condução da seleção simultânea para produtividade, adaptabilidade e estabilidade (Santos et al., 2018).

O presente estudo teve como objetivo a identificação e seleção de genótipos superiores de feijão-comum preto que apresentem, de forma simultânea, elevada produtividade, ampla adaptabilidade e estabilidade fenotípica, por meio de modelos mistos, via REML/BLUP, de dados obtidos nos ensaios de Valor de Cultivo e Uso (VCU).

4.1.4 Material e métodos

4.1.4.1 Material vegetal

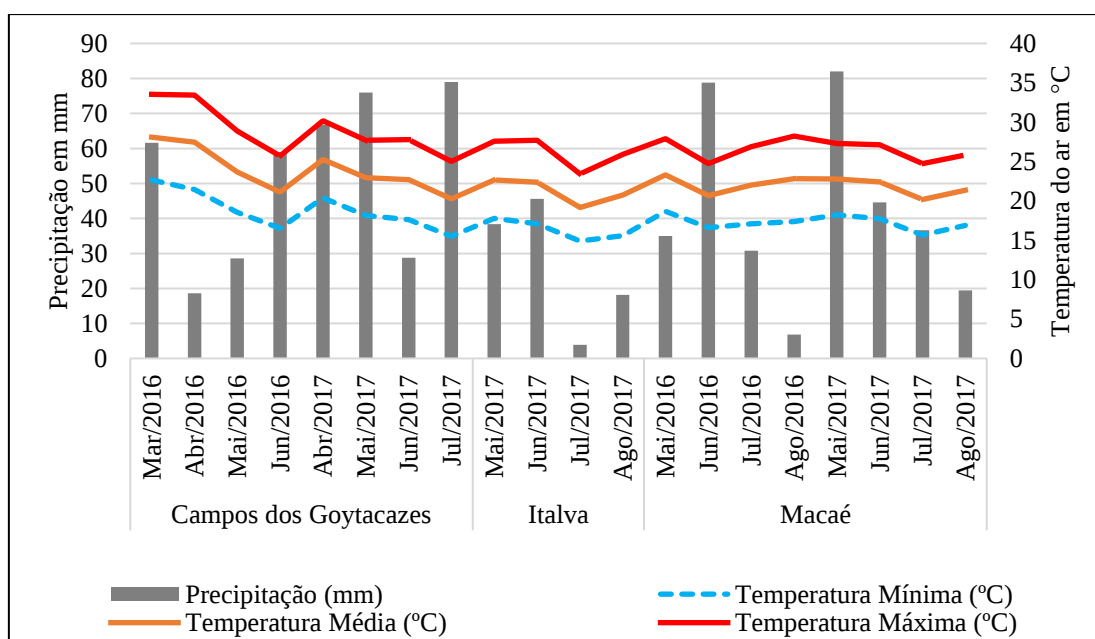
Foram avaliados doze genótipos de feijão-comum preto, incluindo oito linhagens experimentais, identificadas pelo prefixo 'CNFP', e quatro cultivares utilizadas como testemunhas (BRS Esteio, BRS FP403, IPR Tuiuiu e IPR Uirapuru) (Tabela 1). As linhagens experimentais foram desenvolvidas pelo Centro Nacional de Pesquisa de Arroz e Feijão (CNPAP) da Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária (Embrapa Arroz e Feijão).

Tabela 1. Genótipos de feijão-comum preto e suas origens avaliados em seis ambientes do estado do Rio de Janeiro, nos anos agrícolas de 2016 e 2017.

Nº	Genótipos	Tipo	Origem
1	BRS FP403	Cultivar	Embrapa Arroz e Feijão
2	BRS Esteio	Cultivar	Embrapa Arroz e Feijão
3	IPR Tuiuiu	Cultivar	IAPAR
4	IPR Uirapuru	Cultivar	IAPAR
5	CNFP 15670	Linhagem	Embrapa Arroz e Feijão
6	CNFP 15676	Linhagem	Embrapa Arroz e Feijão
7	CNFP 15678	Linhagem	Embrapa Arroz e Feijão
8	CNFP 15681	Linhagem	Embrapa Arroz e Feijão
9	CNFP 15684	Linhagem	Embrapa Arroz e Feijão
10	CNFP 15685	Linhagem	Embrapa Arroz e Feijão
11	CNFP 15695	Linhagem	Embrapa Arroz e Feijão
12	CNFP 15697	Linhagem	Embrapa Arroz e Feijão

4.1.4.2 Locais e condições experimentais dos ensaios de VCU

As avaliações foram realizadas nos anos agrícolas de 2016 e 2017, em três municípios do estado do Rio de Janeiro: Campos dos Goytacazes e Macaé, localizados na região Norte Fluminense, e Italva, pertencente à região Noroeste Fluminense (Figura 1).



Fonte: Agritempo (2025).

Figura 1. Precipitação em mm, temperatura do ar mínima, média e máxima em °C dos seis ambientes onde foram avaliados 12 genótipos de feijão-comum preto no estado do Rio de Janeiro, nos anos de 2016 e 2017.

O experimento foi conduzido em delineamento em blocos ao acaso, com três repetições. Cada parcela experimental consistiu em 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 valor de cultivo e uso (VCU) foi implantado em 22 de março de 2016, 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. Nos dias 18 e 19 de maio do mesmo ano, foram estabelecidos dois ensaios adicionais em diferentes localidades do município de Macaé: o primeiro no Assentamento Prefeito Celso Daniel, situado nas proximidades da sede municipal, e o segundo na Fazenda Ilha da Saudade, caracterizada pelo uso de práticas agrícolas tecnificadas. No ano subsequente, três novos ensaios foram conduzidos: o primeiro em 27 de abril de 2017, no mesmo local utilizado anteriormente em Campos dos Goytacazes; o segundo em 17 de maio de 2017, no município de Italva, em propriedade privada pertencente ao produtor rural Almerindo Correa da Silva; e o terceiro em 31 de maio de 2017, na Fazenda Ilha da Saudade, no município de Macaé.

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. (2015), bem como a irrigação por aspersão, quando necessária.

4.1.4.3 Análise genético-estatística

Para a análise estatística dos dados, inicialmente foi realizada a análise de variância individual por ambiente, com o propósito de estimar a variabilidade genética e testar a homogeneidade das variâncias. Empregou-se a metodologia de modelos mistos, utilizando a abordagem REML (*Restricted Maximum Likelihood*) para a

estimação dos componentes de variância e BLUP (*Best Linear Unbiased Prediction*) para a predição dos valores genotípicos. As análises foram conduzidas por meio do software SELEGEN REML/BLUP (Resende, 2007), aplicando-se o modelo 96, que corresponde ao delineamento em blocos casualizados, com teste de genótipos não aparentados e uma planta por parcela ou média de parcelas, representado na forma matricial por:

$$y = X_r + Z_g + e, \quad \text{Eq. 21}$$

em que y é o vetor de dados observados conhecidos, r é o vetor de efeitos de repetições desconhecidos (assumidos como fixos), g é o vetor dos efeitos genotípicos desconhecidos (assumidos como aleatórios), e é o vetor de erros (aleatórios) e X e Z são as matrizes de incidência para os referidos efeitos (Resende, 2002), sendo $g \sim N(0, G)$, $e \sim N(0, R)$, $E_{(y)} = X_r$ e $V_{(y)} = ZGZ' + R$, em que G é a matriz de variâncias e covariâncias dos efeitos genéticos e R é a matriz de variâncias e covariâncias dos erros. Para esse modelo, as equações de modelos mistos são (Resende, 2002):

$$\begin{pmatrix} X'R^{-1}X & X'R^{-1}Z \\ Z'R^{-1}X & Z'R^{-1} + G^{-1} \end{pmatrix} \begin{pmatrix} \hat{r} \\ \hat{g} \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} X'R^{-1}y \\ Z'R^{-1}y \end{pmatrix} \quad \text{Eq. 22}$$

Para a avaliação dos efeitos da interação $G \times A$, empregou-se a metodologia REML/BLUP por meio do modelo estatístico 54 disponível no software SELEGEN REML/BLUP (Resende, 2016). Este modelo é estruturado na forma matricial:

$$y = X_b + Z_g + W_c + e, \quad \text{Eq. 23}$$

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 $G \times A$ (aleatório), 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: $E: \begin{bmatrix} y \\ g \\ c \\ e \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} Xb \\ 0 \\ 0 \\ 0 \end{bmatrix}; \quad \text{Var}: \begin{bmatrix} g \\ c \\ e \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} I\sigma_g^2 & 0 & 0 \\ 0 & I\sigma_c^2 & 0 \\ 0 & 0 & I\sigma_e^2 \end{bmatrix}.$

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

$$\begin{bmatrix} X'X & X'Z & X'W \\ Z'X & Z'Z + I\lambda_1 & Z'W \\ W'X & W'Z & W'W + I\lambda_2 \end{bmatrix} \times \begin{bmatrix} \hat{b} \\ \hat{g} \\ \hat{c} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X'y \\ Z'y \\ W'y \end{bmatrix}, \text{ em que} \quad \text{Eq. 24}$$

$$\lambda_1 = \frac{\sigma_e^2}{\sigma_g^2} = \frac{(1-h_g^2-c^2)}{h_g^2}; \quad \text{Eq. 25}$$

$$\lambda_2 = \frac{\sigma_e^2}{\sigma_c^2} = \frac{(1-h_g^2-c^2)}{c^2}; \quad \text{Eq. 26}$$

em que h_g^2 = herdabilidade individual no sentido amplo em nível de bloco;

$$c^2 = \frac{\sigma_c^2}{(\sigma_g^2 + \sigma_c^2 + \sigma_e^2)}, \quad \text{Eq. 27}$$

corresponde ao coeficiente de determinação dos efeitos da interação G x A; 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;

$$\sigma_p^2 = \sigma_g^2 + \sigma_c^2 + \sigma_e^2, \quad \text{Eq. 28}$$

é a variância fenotípica individual;

$$\sum_{i=1}^n \frac{i_1 + i_2 + i_3 + \dots + i_n}{n}, \quad \text{Eq. 29}$$

é a média geral;

$$\hat{r}_{gloc} = \frac{\sigma_c^2}{(\sigma_g^2 + \sigma_c^2)} = \frac{h_g^2}{(h_g^2 + c^2)}, \quad \text{Eq. 30}$$

corresponde à correlação genotípica dos genótipos, através dos ambientes;

$$h_{mg}^2 = \frac{\sigma_g^2}{(\sigma_g^2 + \sigma_e^2/J)}, \quad \text{Eq. 31}$$

corresponde à herdabilidade da média dos genótipos; e

$$\hat{r}_{gg}^2 = \sqrt{\hat{h}_{mg}^2}, \quad \text{Eq. 32}$$

corresponde a acurácia na seleção de genótipos;

$$CVg\% = \frac{\sqrt{\sigma_g^2}}{\mu}, \quad \text{Eq. 33}$$

coeficiente de variação genético;

$$CVe\% = \frac{\sqrt{\sigma_e^2}}{\mu}, \quad \text{Eq. 34}$$

coeficiente de variação experimental;

$$Cvr = \frac{CVg\%}{CVe\%}, \quad \text{Eq. 35}$$

coeficiente de variação relativo.

Os estimadores iterativos dos componentes de variância, por REML, via algoritmo EM, são:

$$\hat{\sigma}_e^2 = \frac{[y'y - \hat{b}'X'y - \hat{g}'Z'y - \hat{c}'W'y]}{[N - r(x)]}, \quad \text{Eq. 36}$$

$$\hat{\sigma}_g^2 = \frac{[\hat{g}'\hat{g} + \hat{\sigma}_e^2 \text{tr}C^{22}]}{q}, \quad \text{Eq. 37}$$

$$\hat{\sigma}_c^2 = \frac{[\hat{c}'\hat{c} + \hat{\sigma}_e^2 \text{tr}C^{33}]}{s}, \quad \text{Eq. 38}$$

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 = número total de dados, número de genótipos e número de combinações genótipos x ambientes, respectivamente.

Por meio do modelo genético-estatístico escolhido, foram obtidos os preditores Blup (REML/BLUP) dos valores genotípicos livres da interação G x A, dados por $\hat{\mu} + \hat{g}_i$, em que $\hat{\mu}$ é a média de todos os ambientes e $\hat{g}_i$ é a predição do efeito genotípico. Para cada ambiente j , os valores genotípicos são preditos por $\hat{\mu}_j + \hat{g}_i + (\hat{g}e_{ij})$, em que $\hat{\mu}_j$ é a média do ambiente j ; $\hat{g}_i$ é o efeito do genótipo i , no ambiente j ; e $(\hat{g}e_{ij})$ é o efeito da interação G x A relativa ao genótipo i .

A predição dos valores genotípicos, que reúne a interação média (gem) nos diferentes ambientes, é dada por $\hat{\mu}_j + \hat{g}_i + (\hat{g}e)_{mj}$ e calculada por $\hat{\mu} + \{[(\hat{\sigma}_g^2 + \hat{\sigma}_c^2)/n]\hat{\sigma}_g^2\}\hat{g}_i$, em que $\hat{\mu}$ é a média de todos os ambientes; n é o número de ambientes; e $\hat{g}_i$ é o efeito genotípico específico (genótipo i).

A seleção dos genótipos superiores por meio do método da Média Harmônica da *Performance* Relativa dos Valores Genéticos (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 (estimada pela Média Harmônica da *Performance* Relativa dos Valores Genéticos – MHPRVG).

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

$$MHVG_i = \frac{n_i}{\sum_{j=1}^{n_i} \frac{1}{VG_{ij}}} \quad \text{Eq. 39}$$

Em que n_i : número de ambientes ($n = 6$) nos quais o genótipo i foi avaliado; e VG_{ij} : valor genotípico do genótipo i na safra j .

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

$$PRVG_i = \frac{1}{n_1} \sum_{j=1}^{n_i} \frac{VG_{ij}}{\mu_j} \quad \text{Eq. 40}$$

Em que n_1 : número de ambientes nos quais o genótipo i foi observado; μ_j : média do ambiente j ; VG_{ij} : valor genotípico predito do genótipo i no ambiente;

$$VG_{ij} = \mu_j + g_i + ge_{ij}, \quad \text{Eq. 41}$$

em que g_i é o efeito genotípico do genótipo i e o ge_{ij} é o efeito da interação G x A do genótipo i no ambiente j , ambos efeitos estimados via REML/BLUP.

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

$$MHPRVG_i = \frac{n_i}{\sum_{j=1}^{n_i} \frac{1}{PRVG_{ij}}} \quad \text{Eq. 42}$$

A significância dos efeitos aleatórios foi avaliada por meio do teste da razão de verossimilhança (*Likelihood Ratio Test* – LRT). Para os efeitos fixos, utilizou-se um teste F aproximado. Essa abordagem é comumente referida como “Análise de Deviance” (ANADEV). O LRT foi conduzido com base na diferença entre as deviâncias do modelo completo e do modelo reduzido (sem o efeito em avaliação), sendo a significância dessa diferença testada contra a distribuição qui-quadrado com um grau de liberdade.

4.1.5 Resultados e discussão

Na Tabela 2, a análise de deviance indicou que os efeitos dos genótipos foram estatisticamente significativos para a produtividade de grãos em todos os ambientes avaliados, conforme demonstrado pelo teste do qui-quadrado ao nível de 1% de

probabilidade. Observou-se ainda que os efeitos genotípicos responderam por uma fração substancial da variação total, explicando entre 50% e 85% (Tabela 3).

Tabela 2. Resumo da análise de deviance individual referente à produtividade de grãos, em kg ha⁻¹, de 12 genótipos de feijão-comum preto avaliados em seis diferentes ambientes no estado do Rio de Janeiro, nos anos agrícolas de 2016 e 2017.

Fonte de variação		Ambientes					
		I	II	III	IV	V	VI
Genótipos	Deviance	382,12	381,43	436,36	397,35	435,71	446,64
	LRT	12,09**	12,88**	9,35**	9,94**	7,64**	30,84**
Modelo completo	Deviance	370,03	368,55	427,01	387,41	428,07	415,8

** para nível de significância de 1% de probabilidade, respectivamente. Ambiente 1: Campos dos Goytacazes – 2016; Ambiente 2: Macaé I – 2016; Ambiente 3: Macaé II – 2016; Ambiente 4: Campos dos Goytacazes – 2017; Ambiente 5: Italva – 2017; Ambiente 6: Macaé – 2017.

O valor fenotípico representa a expressão observada nos ensaios de campo, sendo determinado pela interação entre os componentes genotípicos e ambientais. Assim, a variância fenotípica individual é resultante da soma da variância genotípica e da variância residual (ambiental). No presente estudo, verificou-se que a variância residual entre parcelas foi inferior à variância genotípica em todos os ambientes avaliados (Tabela 3). A superioridade da variância genotípica em relação ao componente residual indica que a característica analisada possui elevada herdabilidade, com predominância da determinação genética sobre os efeitos ambientais aleatórios. Tal resultado é favorável para os programas de melhoramento, uma vez que permite a identificação e a seleção mais eficiente de genótipos superiores, geneticamente predispostos à manifestação do fenótipo desejado.

Tabela 3. Estimativas dos parâmetros genéticos para produtividade de grãos, em kg ha⁻¹, de 12 genótipos de feijão-comum preto avaliados em seis ambientes do estado do Rio de Janeiro, nos anos agrícolas de 2016 e 2017.

Componente s de variância	Ambientes					
	I	II	III	IV	V	VI
σ_g^2	19.230,9 1	19.338,1 5	88.985,99	28.051,3 8	79.658,30	188.416,4 4
σ_e^2	12.134,1 0	11.378,1 5	73.282,63	21.711,4 1	79.468,27	33.189,81
σ_f^2	31.365,0 1	30.716,3 0	162.268,6 3	49.762,7 9	159.126,5 7	221.606,2 6
$\hat{r}_{gg}$	0,91	0,91	0,89	0,89	0,87	0,97
CVgi%	9,07	11,75	12,03	10,98	10,22	13,33
CVe%	7,21	9,01	10,92	9,66	10,21	5,59
CVr	1,26	1,30	1,10	1,14	1,00	2,38
Média	1.528,47	1.183,33	2.479,17	1.526,04	2.760,76	3.256,18

σ_g^2 : variância genotípica; σ_e^2 : variância residual; σ_f^2 : variância fenotípica individual; $\hat{r}_{gg}$: acurácia da seleção de genótipos; CVgi%: coeficiente de variação genotípica; CVe%: coeficiente de variação experimental; e CVr: coeficiente de variação relativa. Ambiente 1: Campos dos Goytacazes – 2016; Ambiente 2: Macaé I – 2016; Ambiente 3: Macaé II – 2016; Ambiente 4: Campos dos Goytacazes – 2017; Ambiente 5: Italva – 2017; Ambiente 6: Macaé – 2017.

Conforme a classificação proposta por Pimentel-Gomes (2022), os coeficientes de variação (CV) em experimentos agrícolas de campo são considerados: baixos quando inferiores a 10%; médios, entre 10% e 20%; altos, entre 20% e 30%; e muito altos quando superiores a 30%. Com base nesse referencial, verificou-se que, em dois terços dos ambientes avaliados, os coeficientes de variação experimental (CVe%) foram classificados como baixos, com valores variando de 5,59% (ambiente VI) a 9,66% (ambiente IV). Os demais ambientes apresentaram CVe% classificados como médios, com valores de 10,21% (ambiente V) e 10,92% (ambiente III), conforme apresentado na Tabela 3.

De acordo com Vencovsky (1978), o coeficiente de variação relativa (CVr) é uma medida que expressa a magnitude da variabilidade genética em relação à variabilidade ambiental, sendo um parâmetro indicativo da eficiência do potencial de seleção. Valores de CVr iguais ou superiores a 1 indicam uma condição altamente favorável à seleção, uma vez que a variância genética supera ou iguala a variância ambiental. No presente estudo, todos os ambientes avaliados apresentaram valores de CVr superiores a 1 (Tabela 3), indicando uma situação propícia para a seleção eficiente de genótipos superiores. Esses resultados corroboram a predominância da

variância genotípica em relação à variância residual observada (Tabela 3), reforçando a robustez da base genética da característica em análise.

A acurácia expressa a precisão das inferências relacionadas às médias genotípicas, refletindo a confiabilidade das estimativas para fins de seleção. Segundo Resende (2002), a acurácia tem a propriedade de indicar a fidelidade no ordenamento dos genótipos e a eficácia da inferência sobre o valor genotípico verdadeiro, sendo definida como a correlação entre os valores genotípicos preditos e os valores genotípicos reais. De acordo com a classificação proposta por Resende e Duarte (2007), a acurácia pode ser categorizada como baixa ($\hat{r}_{gg} \leq 0,50$), moderada ($0,50 < \hat{r}_{gg} \leq 0,70$), alta ($0,70 < \hat{r}_{gg} \leq 0,90$) e muito alta ($\hat{r}_{gg} > 0,90$). No presente estudo, as estimativas de acurácia obtidas (Tabela 3) variaram entre alta, com valores de 0,89, 0,89 e 0,87 nos ambientes III, IV e V, respectivamente; e muito alta, com valores de 0,91, 0,91 e 0,97 nos ambientes I, II e VI, respectivamente. Esses resultados indicam elevada precisão experimental e eficácia na seleção dos genótipos superiores para cada ambiente.

Verificou-se efeito significativo de genótipos ao nível de 5% de probabilidade, o que evidencia a existência de variabilidade genética entre os genótipos avaliados. Além disso, a interação G x A foi estatisticamente significativa ao nível de 1% de probabilidade, indicando que os genótipos apresentaram comportamentos distintos em função das variações ambientais. Esses resultados ressaltam a importância da consideração da interação G x A na seleção, de modo a identificar genótipos com ampla adaptabilidade ou com desempenho superior em ambientes específicos (Tabela 4).

Tabela 4. Resumo da análise de deviance conjunta e estimativas dos parâmetros genéticos referentes à produtividade de grãos, em kg ha⁻¹, de 12 genótipos de feijão-comum preto avaliados conjuntamente em seis diferentes ambientes no estado do Rio de Janeiro, nos anos agrícolas de 2016 e 2017.

Fonte de variação	Deviance	LRT
Genótipos	2456,96	4,10*
Interação G x A	2513,85	60,99**
Modelo completo	2452,86	-
Componentes de Variância (REML Individual)		Estimativas
Variância genotípica		15.539,17
Variância da interação G x A		55.076,42
Variância residual		38.526,90
Variância fenotípica individual		109.142,50
Herdabilidade individual no sentido amplo, livre da interação		0,14 ± 0,07
Herdabilidade da média dos genótipos		0,58
Acurácia da seleção de genótipos		0,76
Coeficiente de determinação da interação G x A		0,50
Correlação genotípica do desempenho nos diversos ambientes		0,22
Coeficiente de variação genotípico (%)		5,87
Coeficiente de variação experimental (%)		9,25
Coeficiente de variação relativo		0,64
Média geral		2.122,33

* ** para níveis de significância de 5% e 1% de probabilidade, respectivamente.

A variância fenotípica individual total foi decomposta em seus componentes: variância genotípica, variância da interação G x A e variância residual (ambiental). Para o caráter avaliado, a interação G x A foi responsável pela maior proporção da variância fenotípica, representando 50,46% do total, o que evidencia a predominância dos efeitos ambientais específicos sobre o desempenho dos genótipos (Tabela 4). Resultado semelhante foi observado por Nascimento et al. (2022), cujo estudo reportou que a variância da interação G x A respondeu por 57,95% da variância fenotípica na produtividade de grãos em genótipos de feijão-comum preto, reforçando a importância da interação G x A na expressão desse caráter.

Verificou-se que a variância genotípica apresentou a menor contribuição relativa para a variância fenotípica individual, correspondendo a apenas 14,24%. Esse resultado era esperado, considerando que a produtividade de grãos é uma característica de natureza quantitativa, controlada por múltiplos genes (herança poligênica) e fortemente influenciada por fatores ambientais. Resultados similares foram reportados por Souza et al. (2018), Lima et al. (2020) e Nascimento et al. (2023), cujas estimativas de contribuição genotípica para a variância fenotípica individual

foram de 11,63%, 0,44% e 1,91%, respectivamente. A quantificação da variância genotípica é fundamental em programas de melhoramento genético vegetal, pois permite estimar a fração da variação fenotípica atribuída aos efeitos genéticos aditivos, subsidiando a seleção de genótipos superiores com base em características de interesse agrônomo (Cruz et al., 2014).

De acordo com Sebbenn et al. (1998), coeficientes de variação genotípica ($CV_{gi}\%$) superiores a 7% são indicativos de ampla variabilidade genética entre os genótipos avaliados. No presente estudo, o caráter produtividade de grãos apresentou um $CV_{gi}\%$ inferior a esse limiar, com valor estimado em 5,87% (Tabela 4), sugerindo uma menor contribuição da variância genética aditiva para a expressão fenotípica dessa característica. Esse resultado está em consonância com os elevados valores de variância residual observados, os quais exerceram influência significativa sobre a variância fenotípica total, conforme demonstrado na Tabela 4. Resultados semelhantes foram reportados por Nascimento et al. (2022), ao investigarem genótipos de feijão-comum preto de ciclo normal e roxinho.

De acordo com a classificação proposta por Pimentel-Gomes (2022), o coeficiente de variação experimental ($CV_e\%$) obtido neste estudo, igual a 9,25% (Tabela 4), enquadra-se na categoria de baixa variabilidade experimental, indicando boa precisão dos dados experimentais. Em contraste, Lima et al. (2020) reportaram valores significativamente mais elevados de $CV_e\%$ para genótipos de feijão-comum carioca de ciclo precoce avaliados nos anos de 2015 e 2016, com coeficientes de 31,82% e 21,26%, respectivamente, sugerindo maior influência de fatores não controlados sobre os resultados experimentais nesses ensaios.

No que se refere ao coeficiente de variação relativa (CV_r), foi observado um valor inferior à unidade (0,64), o que indica baixa eficiência seletiva e, conseqüentemente, uma seleção mais onerosa e menos precisa de genótipos superiores, conforme evidenciado na Tabela 4. Resultados análogos foram encontrados por Nascimento et al. (2023), ao estimarem parâmetros genéticos em genótipos de feijão-comum carioca de ciclos precoce e normal, com valores de CV_r de 0,15 e 0,49, respectivamente, também indicativos de maior dificuldade no processo de seleção.

A correlação genotípica média do desempenho dos materiais genéticos ao longo dos diferentes ambientes avalia a consistência relativa do ordenamento dos genótipos em distintos contextos ambientais, fornecendo uma estimativa da

estabilidade classificatória dos mesmos. De acordo com os dados apresentados na Tabela 4, observou-se variação no ranqueamento dos genótipos entre os ambientes (Tabela 6), atribuída à baixa magnitude da correlação genotípica (0,22). Tal valor evidencia a presença expressiva da fração complexa da interação G x A, a qual dificulta a identificação de genótipos com ampla adaptabilidade. Resultado análogo foi descrito por Nascimento et al. (2023), que encontraram correlações genotípicas entre ambientes igualmente baixas ($\hat{r}_{gloc} = 0,11$ e $0,16$) para genótipos de feijão-comum carioca de ciclos precoce e normal, respectivamente, denotando instabilidade no desempenho genotípico frente à variação ambiental.

O coeficiente de determinação da interação G x A quantifica a proporção da variância fenotípica total atribuída à interação entre o genótipo e o ambiente, sendo, portanto, um indicador da capacidade preditiva dessa interação sobre as variações fenotípicas observadas. No presente estudo, o caráter analisado apresentou um coeficiente de determinação da interação G x A de magnitude intermediária (0,50), indicando que cerca de 50% da variância fenotípica individual é atribuída à referida interação (Tabela 4). Este valor revela uma contribuição substancial da interação G x A na modulação da expressão fenotípica dos genótipos nos diferentes ambientes testados, refletindo um padrão de resposta variável entre os contextos ambientais. Resultado análogo foi registrado por Nascimento et al. (2023), que estimaram valor equivalente para o coeficiente de determinação ao investigarem o desempenho de genótipos de feijão-comum carioca de ciclo normal, corroborando a relevância da interação G x A na expressão fenotípica dessa cultura.

A herdabilidade constitui um parâmetro genético fundamental, representando a proporção da variância fenotípica atribuível aos efeitos genéticos, em contraste com os efeitos ambientais, na expressão de uma característica. Esse parâmetro permite avaliar a eficácia da seleção, indicando o grau de previsibilidade do valor genético com base no fenótipo observado (Falconer, 1987).

A estimativa da herdabilidade pode ser realizada em dois níveis: no sentido amplo e no sentido restrito. A herdabilidade no sentido amplo é definida como a razão entre a variância genotípica total e a variância fenotípica total, incluindo todos os componentes da variância genética (aditiva, de dominância e epistática). Por outro lado, a herdabilidade no sentido restrito considera apenas a variância genética aditiva, sendo expressa pela razão entre a variância aditiva e a variância fenotípica total, refletindo exclusivamente o componente genético que pode ser transmitido à prole.

e, portanto, diretamente aproveitável nos programas de melhoramento genético (Falconer e Mackay, 1996).

Segundo Resende (2009), os coeficientes de herdabilidade podem ser classificados em diferentes magnitudes, sendo considerados de baixa magnitude quando $h^2 < 0,15$, moderada quando $0,15 \leq h^2 < 0,50$, e alta quando $h^2 \geq 0,50$. Na estimativa da herdabilidade no sentido amplo com base em parcelas individuais, são considerados os efeitos genotípicos totais, desprovidos das influências associadas à interação $G \times A$. Essa abordagem visa isolar a variância genética da variância ambiental, proporcionando uma medida mais acurada da contribuição genética para a expressão fenotípica do caráter avaliado. Verifica-se que o valor estimado de herdabilidade no presente estudo foi de 0,14, o que, segundo a classificação proposta por Resende (2009), corresponde a uma herdabilidade de baixa magnitude (Tabela 4). Ressalta-se que valores reduzidos de herdabilidade são comumente observados em características de natureza quantitativa, especialmente em espécies anuais, cuja expressão fenotípica é fortemente influenciada por variações ambientais (Resende, 2016). Nesse contexto, a aplicação de modelos mistos para a predição dos valores genéticos dos genótipos se mostra adequada, uma vez que tais modelos possibilitam a obtenção de ganhos genéticos satisfatórios mesmo em situações em que a herdabilidade é limitada, conforme evidenciado por Santos et al. (2018).

A estimativa da herdabilidade média dos genótipos foi de alta magnitude, com valor de 0,58 (Tabela 4). De acordo com Falconer (1987), valores elevados de herdabilidade indicam que a maior proporção da variância fenotípica observada pode ser atribuída à variabilidade genética entre os genótipos, o que reflete maior acurácia na seleção com base no fenótipo. Resultados consistentes com os obtidos neste estudo foram relatados por Souza et al. (2018) e Souza et al. (2025), os quais também identificaram estimativas de herdabilidade de magnitude comparável para características semelhantes, corroborando a expressiva contribuição genética para a expressão fenotípica do caráter avaliado.

De acordo com a classificação de acurácia proposta por Resende e Duarte (2007), o valor estimado para a acurácia de seleção obtido neste estudo foi elevado (0,76) (Tabela 4), sendo considerado de alta magnitude. Esse nível de precisão indica uma elevada confiabilidade na discriminação dos genótipos superiores, contribuindo para uma maior eficiência e segurança no processo de seleção voltado a essa característica específica. Resultados com magnitudes de acurácia semelhantes às

observadas no presente estudo foram reportados por Santos et al. (2018) e Souza et al. (2025), corroborando a consistência dos estimadores utilizados e a robustez da metodologia empregada na avaliação da acurácia seletiva.

Na avaliação dos genótipos de feijão-comum preto com base no desempenho médio em diferentes ambientes, as cultivares BRS FP403 e BRS Esteio e a linhagem CNFP 15684 apresentaram produtividade superior a 2.200 kg ha⁻¹ (Tabela 5). Dentre as linhagens, destaca-se a CNFP 15684, que obteve um ganho de produtividade de 128,22 kg ha⁻¹, correspondendo a um incremento de 6,04% em relação à cultivar IPR Uirapuru. Este resultado é consistente com a expectativa teórica do método utilizado, o qual, por ser de natureza conservadora e penalizar os valores genotípicos preditos, tende a manter a estabilidade do desempenho genético médio (valor genotípico predito, $\hat{\mu} + g$) mesmo sob variação ambiental, conforme descrito por Cruz et al. (2021).

Tabela 5. Estimativas de ganho genético predito (BLUP individual) para produtividade de grãos, em kg ha⁻¹, de 12 genótipos de feijão-comum preto avaliados conjuntamente em seis diferentes ambientes no estado do Rio de Janeiro, nos anos agrícolas de 2016 e 2017.

Ordem	Genótipos	g	$\hat{\mu} + g$	Ganho (%)	Nova Média	$\hat{\mu} + g + gem$
1	BRS FP403	150,61	2.272,93	7,10	2.272,93	2.361,90
2	BRS Esteio	147,23	2.269,56	7,02	2.271,25	2.356,53
3	CNFP 15684	86,80	2.209,13	6,04	2.250,54	2.260,41
4	CNFP 15676	10,71	2.133,03	4,66	2.221,16	2.139,36
5	CNFP 15685	4,20	2.126,53	3,77	2.202,24	2.129,01
6	CNFP 15695	-0,50	2.122,83	3,14	2.189,00	2.123,13
7	CNFP 15697	-2,63	2.119,69	2,68	2.179,10	2.118,14
8	CNFP 15681	-14,12	2.108,20	2,26	2.170,24	2.099,86
9	CNFP 15678	-40,80	2.081,53	1,79	2.160,38	2.057,42
10	CNFP 15670	-57,76	2.064,57	1,34	2.150,80	2.030,45
11	IPR Tuiuiu	-118,75	2.003,58	0,71	2.137,42	1.933,43
12	IPR Uirapuru	-166,00	1.956,33	0,00	2.122,33	1.858,27

Estimativas g: efeito genotípico; $\hat{\mu} + g$: valor genotípico predito; $\hat{\mu} + g + gem$: valor genotípico médio nos ambientes.

A identificação e a recomendação de genótipos que apresentem elevada estabilidade e ampla adaptabilidade aos diferentes ambientes avaliados constituem um elemento fundamental para a maximização da interação G x A (Carvalho et al., 2017). Dentre os diversos métodos utilizados para análise de adaptabilidade e estabilidade, destaca-se aquele que impõe menor penalização sobre os valores

genotípicos preditos, uma vez que capitaliza, de forma mais eficiente, os efeitos específicos da interação G x A em cada localidade (Carvalho et al., 2016). No entanto, a consideração agregada de todos os ambientes pode apresentar limitações na exploração eficiente da interação G x A. Essa abordagem tende a subestimar a variabilidade específica decorrente das respostas diferenciais dos genótipos frente às condições ambientais, o que compromete a acurácia na predição dos valores genéticos e, conseqüentemente, do ganho genético esperado (Carvalho et al., 2016).

Os resultados obtidos por meio da análise individual por ambiente ($\hat{\mu} + g + ge$) evidenciaram alterações na classificação do desempenho em produtividade de grãos dos genótipos selecionados nos seis ambientes avaliados (Tabela 6). Essas variações contrastam com aquelas observadas pela metodologia de seleção baseada nas estimativas dos componentes das médias pelo método BLUP, associadas à predição do valor genotípico ($\hat{\mu} + g$), considerando os ambientes de forma conjunta (Tabela 5).

Tabela 6. Estimativas de ganho genético predito para produtividade de grãos, em kg ha⁻¹, de 12 genótipos de feijão-comum preto avaliados conjuntamente em seis diferentes ambientes no estado do Rio de Janeiro, nos anos agrícolas de 2016 e 2017.

Ordem	Genótipos	$g + ge$	$\hat{\mu} + g + ge$	Ganho (%)	Nova Média
Campos dos Goytacazes - 2016					
1	CNFP 15676	222,21	1.750,68	14,54	1.750,68
2	CNFP 15681	156,7	1.685,17	12,39	1.717,93
3	BRS Esteio	106,12	1.634,59	10,58	1.690,15
4	CNFP 15678	50,29	1.578,76	8,76	1.662,30
5	CNFP 15684	33,87	1.562,34	7,45	1.642,31
6	BRS FP403	12,15	1.540,62	6,34	1.625,36
7	CNFP 15685	-15,54	1.512,94	5,29	1.609,30
8	CNFP 15670	-40,77	1.487,71	4,29	1.594,10
9	IPR Tuiuiu	-45,54	1.482,93	3,49	1.581,75
10	IPR Uirapuru	-101,78	1.426,69	2,47	1.566,24
11	CNFP 15697	-131,71	1.396,76	1,46	1.550,84
12	CNFP 15695	-245,99	1.282,48	0	1.528,47

Macaé I - 2016					
1	BRS FP403	292,02	1.475,36	24,68	1.475,36
2	CNFP 15670	90,44	1.273,78	16,16	1.374,57
3	BRS Esteio	75,14	1.258,48	12,89	1.335,87
4	IPR Tuiuiu	58,64	1.241,97	10,91	1.312,40
5	CNFP 15684	50,2	1.233,54	9,57	1.296,62
6	CNFP 15676	22,3	1.205,63	8,29	1.281,46
7	CNFP 15685	0,79	1.184,13	7,12	1.267,55
8	CNFP 15681	-63,49	1.119,84	5,56	1.249,09
9	CNFP 15695	-74,24	1.109,09	4,24	1.233,53
10	CNFP 15697	-81,59	1.101,74	3,13	1.220,36
11	IPR Uirapuru	-139,51	1.043,82	1,77	1.204,31
12	CNFP 15678	-230,72	952,62	0	1.183,33
Macaé II - 2016					
1	BRS FP403	390,01	2.869,18	15,73	2.869,18
2	BRS Esteio	328,55	2.807,72	14,49	2.838,45
3	CNFP 15684	249,55	2.728,72	13,02	2.801,87
4	CNFP 15697	192,09	2.671,26	11,7	2.769,22
5	CNFP 15678	130,82	2.609,98	10,41	2.737,37
6	CNFP 15676	79,74	2.558,90	9,22	2.707,63
7	CNFP 15685	64,99	2.544,16	8,27	2.684,27
8	CNFP 15681	-147,96	2.331,21	6,49	2.640,14
9	IPR Tuiuiu	-194,77	2.284,39	4,9	2.600,61
10	CNFP 15670	-223,79	2.255,38	3,51	2.566,09
11	CNFP 15695	-293,86	2.185,31	2,11	2.531,47
12	IPR Uirapuru	-575,38	1.903,79	0	2.479,17
Campos dos Goytacazes - 2017					
1	BRS Esteio	272,3	1.798,34	17,84	1.798,34
2	BRS FP403	260,77	1.786,81	17,47	1.792,58
3	CNFP 15697	150,03	1.676,07	14,92	1.753,74
4	CNFP 15685	23,6	1.549,64	11,58	1.702,72
5	CNFP 15684	20,3	1.546,34	9,53	1.671,44
6	CNFP 15670	-17,85	1.508,19	7,74	1.644,23
7	CNFP 15678	-25,45	1.500,59	6,4	1.623,71
8	CNFP 15681	-33,25	1.492,79	5,33	1.607,35
9	CNFP 15695	-34,54	1.491,50	4,48	1.594,48
10	IPR Tuiuiu	-140,2	1.385,84	3,12	1.573,61
11	IPR Uirapuru	-220,09	1.305,95	1,52	1.549,28
12	CNFP 15676	-255,61	1.270,43	0	1.526,04

Italva - 2017					
1	CNFP 15676	404,83	3.165,60	14,66	3.165,60
2	CNFP 15684	269,2	3.029,97	12,21	3.097,78
3	CNFP 15681	223,09	2.983,85	10,83	3.059,81
4	CNFP 15685	148,17	2.908,93	9,47	3.022,09
5	CNFP 15695	115,71	2.876,47	8,41	2.992,96
6	BRS Esteio	65,74	2.826,50	7,41	2.965,22
7	CNFP 15678	-6,31	2.754,46	6,32	2.935,11
8	BRS FP403	-104,59	2.656,17	5,05	2.900,24
9	CNFP 15670	-112,23	2.648,54	4,04	2.872,28
10	IPR Uirapuru	-186,76	2.574,01	2,96	2.842,45
11	CNFP 15697	-188,98	2.571,79	2,07	2.817,84
12	IPR Tuiuiu	-627,88	2.132,88	0	2.760,76
Macaé - 2017					
1	BRS FP403	587,05	3.843,23	18,03	3.843,23
2	BRS Esteio	557,35	3.813,54	17,57	3.828,38
3	CNFP 15695	537,72	3.793,90	17,22	3.816,89
4	CNFP 15684	205,35	3.461,53	14,49	3.728,05
5	CNFP 15697	35,04	3.291,22	11,81	3.640,68
6	CNFP 15685	-181,94	3.074,24	8,91	3.546,27
7	IPR Tuiuiu	-183,57	3.072,61	6,83	3.478,61
8	CNFP 15670	-247,04	3.009,14	5,03	3.419,92
9	CNFP 15681	-269,88	2.986,30	3,55	3.371,74
10	CNFP 15678	-308,03	2.948,15	2,25	3.329,38
11	IPR Uirapuru	-360,76	2.895,42	1,04	3.289,93
12	CNFP 15676	-371,28	2.884,90	0	3.256,18

Estimativas $g + ge$: efeito genotípico por ambiente; $\hat{\mu} + g + ge$: valor genotípico predito com capitalização da interação com os ambientes.

Na seleção dos genótipos superiores de feijão-comum preto, a análise conjunta de todos os ambientes (Tabela 5) resultou em ganhos genéticos preditos inferiores àqueles obtidos por meio da seleção específica por ambiente (Tabela 6). Tal resultado pode ser atribuído à maior eficiência da estratégia de seleção por ambiente ($\hat{\mu} + g + ge$) em capitalizar os efeitos específicos da interação $G \times A$, em comparação à seleção baseada nos valores genotípicos preditos ($\hat{\mu} + g$) obtidos a partir da análise agregada (Carvalho et al., 2016; Santos et al., 2018).

A cultivar BRS FP 403 apresentou desempenho superior, posicionando-se entre os três melhores genótipos em quatro dos seis ambientes avaliados, ocupando a primeira colocação em três desses ambientes. Por sua vez, a cultivar BRS Esteio destacou-se em cinco dos seis ambientes, figurando entre os três melhores genótipos, embora tenha alcançado o primeiro lugar apenas no ambiente de Campos dos Goytacazes – 2017 (Tabela 6). No entanto, a linhagem CNFP 15684 apresentou o

desempenho mais consistente em ambientes distintos, estando entre os cinco genótipos superiores em todos os ambientes avaliados (Tabela 6).

Verifica-se que o ambiente Macaé I – 2016 apresentou os menores valores genotípicos preditos, os quais oscilaram entre 952,62 kg ha⁻¹ e 1.475,36 kg ha⁻¹. Apesar disso, esse ambiente proporcionou os maiores ganhos genéticos relativos, correspondendo a 24,68% ou 292,03 kg ha⁻¹ acima da média geral do ambiente, quando comparado aos demais ambientes deste estudo. Destaca-se também o ambiente Macaé – 2017, que apresentou ganho máximo de 18,03% ou 587,05 kg ha⁻¹. Contudo, cabe salientar que a produtividade absoluta deste ambiente foi aproximadamente 2,8 vezes superior à observada em Macaé I – 2016 (Tabela 6).

A análise da interação G x A é complementada pela estimativa dos parâmetros de adaptabilidade e estabilidade, os quais fornecem, respectivamente, informações sobre a capacidade de resposta dos genótipos às variações ambientais e a previsibilidade do desempenho produtivo sob diferentes condições ambientais (Souza et al., 2025).

Com base no critério de médias dos ambientes associadas ao valor genotípico predito ($\hat{\mu} + g$) (Tabela 5) evidenciou-se que os três melhores genótipos foram consistentemente selecionados com base nos parâmetros de estabilidade, adaptabilidade e ambos os parâmetros, simultaneamente, conforme estimados pelos métodos da Média Harmônica dos Valores Genéticos (MHVG), da *Performance* Relativa dos Valores Genéticos (PRVG) e da Média Harmônica da *Performance* Relativa dos Valores Genéticos (MHPRVG), respectivamente, para a característica de produtividade de grãos (Tabela 7). As cultivares BRS FP 403 e BRS Esteio e a linhagem CNFP 15684 destacaram-se em todas as abordagens. Além disso, observou-se que 50% dos genótipos mantiveram posições equivalentes no ranqueamento comparativo entre os métodos utilizados. Resultados análogos foram relatados por Cruz et al. (2021), que observaram 40% de concordância no ordenamento dos genótipos de feijão-caupi ao comparar os rankings obtidos com base nos valores genotípicos preditos e pelo método MHPRVG. De forma ainda mais consistente, Souza et al. (2025) verificaram total correspondência entre os ordenamentos gerados por ambos os critérios, evidenciando elevada convergência metodológica.

Tabela 7. 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 12 genótipos de feijão-comum preto avaliados conjuntamente em seis diferentes ambientes, no estado do Rio de Janeiro, nos anos agrícolas de 2016 e 2017.

Nº	Genótipos	MHVG	PRVG	PRVG. μ	MHPRVG	MHPRVG. μ
1	BRS FP403	2.089,31	1,12	2.378,89	1,11	2.358,61
2	BRS Esteio	2.044,55	1,11	2.348,31	1,10	2.341,87
3	IPR Tuiuiu	1.747,66	0,93	1.968,64	0,92	1.951,85
4	IPR Uirapuru	1.628,75	0,88	1.860,84	0,87	1.852,78
5	CNFP 15670	1.832,87	0,97	2.062,65	0,97	2.056,54
6	CNFP 15676	1.851,22	1,01	2.144,08	1,00	2.113,37
7	CNFP 15678	1.746,75	0,96	2.043,49	0,95	2.026,42
8	CNFP 15681	1.843,18	0,99	2.110,06	0,99	2.099,56
9	CNFP 15684	1.946,26	1,06	2.242,28	1,06	2.239,97
10	CNFP 15685	1.867,48	1,01	2.132,93	1,00	2.130,47
11	CNFP 15695	1.754,04	0,97	2.066,51	0,96	2.042,53
12	CNFP 15697	1.825,23	0,99	2.109,23	0,99	2.097,93

MHVG, Média Harmônica dos Valores Genéticos; PRVG, *Performance* Relativa dos Valores Genéticos; PRVG. μ , refere-se à PRVG multiplicado pela média geral; MHPRVG, Média Harmônica da *Performance* Relativa dos Valores Genéticos; MHPRVG. μ refere-se à MHPRVG multiplicado pela média geral.

Observou-se ainda que o ordenamento dos genótipos obtidos pelos métodos do MHVG, PRVG e MHPRVG (Tabela 7) apresentaram divergências em relação aos resultados obtidos por meio da seleção específica em cada ambiente (Tabela 6), o que é sustentado pela baixa correlação observada entre os desempenhos genotípicos nos diferentes ambientes avaliados (Tabela 4). Esses resultados indicam que a identificação de genótipos com alto rendimento, previsibilidade e ampla adaptabilidade deve ser conduzida de forma regionalizada, considerando as particularidades edafoclimáticas de cada ambiente (Lima et al., 2020).

A neutralização dos efeitos ambientais proporcionada pelo uso do BLUP desempenha um papel fundamental na seleção genotípica, promovendo ganhos simultâneos em adaptabilidade e estabilidade, além de subsidiar decisões mais precisas quanto à recomendação de novas cultivares com elevado potencial produtivo (Resende, 2002). A manutenção da hierarquia genotípica observada entre os diferentes critérios de seleção (Tabelas 5 e 7) reforça a robustez das metodologias utilizadas, demonstrando a viabilidade de se identificar genótipos com alta produtividade, estabilidade e ampla adaptabilidade. A exceção foi observada na estratégia de seleção apresentada na Tabela 6, a qual refletiu uma interação G x A de

natureza complexa, resultando em alterações na ordenação dos genótipos e, consequentemente, em menor concordância com os demais métodos.

4.1.6 Conclusão

A elevada estimativa de herdabilidade em nível de média de genótipos para a produtividade de grãos favoreceu a seleção de genótipos superiores de feijão-comum preto.

As cultivares BRS FP403 e BRS Esteio, bem como as linhagens CNFP 15684 e CNFP 15685, apresentaram, simultaneamente, elevados rendimentos de grãos, ampla adaptabilidade e elevada estabilidade fenotípica.

O uso do método da Média Harmônica da *Performance* Relativa dos Valores Genéticos (MHPRVG) demonstra eficácia na identificação de genótipos superiores, ao integrar de forma robusta os critérios de adaptabilidade e estabilidade. Dessa forma, o MHPRVG permite uma avaliação mais precisa e confiável da *performance* genotípica em diferentes ambientes, sendo, portanto, uma ferramenta recomendável nos critérios de seleção e recomendação de genótipos superiores.

4.2 Seleção de genótipos de feijão-comum preto sob múltiplas condições ambientais usando análise GGE biplot

4.2.1 Resumo

Os ensaios de Valor de Cultivo e Uso (VCU) são essenciais para garantir que os agricultores tenham acesso a cultivares com alta produtividade e boa adaptação às condições locais. No entanto, devido à alta contribuição da interação genótipos x ambientes (G x A), a seleção de genótipos superiores é uma tarefa complexa que demanda estratégia diferenciada para sua eficiência. Assim, o objetivo deste estudo foi identificar genótipos ampla ou especificamente adaptados com estabilidade de rendimento de grãos de feijão-comum preto por meio da análise estatística GGE biplot. Para isso, foram utilizados os dados de rendimento de grãos de feijão-comum obtidos de ensaios de VCU. Os ensaios foram conduzidos em delineamento estatístico de blocos ao acaso, com três repetições, em Campos dos Goytacazes, Itaúva e Macaé, nos anos agrícolas de 2016 e 2017, em que as combinações local-ano totalizaram seis ambientes. Cada unidade experimental foi constituída de quatro linhas de 4 m de comprimento, espaçada a 0,5 m, totalizando uma população de 240 mil plantas ha⁻¹. A área útil compreendeu as duas linhas centrais, desprezando-se 0,5 m acima e abaixo, no total de 3 m². O estudo mostrou variabilidade significativa na produtividade dos genótipos de feijão-comum. A análise GGE biplot indicou uma interação significativa entre genótipo e ambiente. A cultivar BRS Esteio foi mais estável, com alto rendimento em diferentes ambientes. Os genótipos CNFP 15684 e BRS FP403 apresentaram boa produtividade, mas com menor estabilidade, exigindo recomendações específicas. Macaé é o ambiente mais adequado para triagem de materiais superiores de feijão-comum.

Palavras-chave: *Phaseolus vulgaris* L.; adaptabilidade e estabilidade; interação G x A; análise biplot.

4.2.2 Abstract

The Value for Cultivation and Use (VCU) trials are essential to ensure that farmers have access to cultivars with high productivity and good adaptation to local conditions.

However, due to the high contribution of the genotype x environment (G x E) interaction, the selection of superior genotypes is a complex task that requires a differentiated strategy for efficiency. Thus, the objective of this study was to identify broadly or specifically adapted genotypes with stable grain yield in common bean through GGE biplot statistical analysis. For this purpose, grain yield data from common bean VCU trials were used. The trials were conducted using a randomized complete block design with three replications in Campos dos Goytacazes, Itaiva, and Macaé in the agricultural years of 2016 and 2017, where the location-year combinations totaled six environments. Each experimental unit consisted of four rows, 4 meters in length, spaced 0.5 meters apart, totaling a population of 240.000 plants per hectare. The useful area comprised the two central rows, disregarding 0.5 meters from the ends, totaling 3 m². The study showed significant variability in the productivity of common bean genotypes. The GGE biplot analysis indicated a significant interaction between genotype and environment. The cultivar BRS Esteio was the most stable, with high yield across different environments. The genotypes CNFP 15684 and BRS FP403 showed good productivity but with lower stability, requiring specific recommendations. Macaé was identified as the most suitable environment for screening superior common bean genotypes.

Keywords: *Phaseolus vulgaris* L.; adaptability and stability; G×A interaction; biplot analysis.

4.2.3 Introdução

O feijão-comum (*Phaseolus vulgaris* L.) é uma importante espécie leguminosa utilizada como alimento essencial para a segurança nutricional e alimentar nas regiões tropicais ao redor do mundo (Castiano et al., 2023). No Brasil o cultivo do feijoeiro é particularmente valioso, pois ocorre em todas as regiões, evidenciando sua significativa importância para a agricultura nacional (Justino et al., 2025). Este alimento desempenha um papel crucial na dieta humana, pois constitui uma das fontes primárias de proteínas vegetais, ferro e vários outros micronutrientes essenciais (Caproni et al., 2018; Yemer et al., 2022). Além de seu valor nutricional, o feijão possui significativa importância socioeconômica, sendo amplamente cultivado em sistemas

agrícolas familiares, contribuindo para a subsistência de pequenos produtores e a diversidade alimentar da região (Martins, 2023).

No entanto, o impacto das mudanças climáticas tem prejudicado a produtividade do feijão-comum. Esse efeito é principalmente atribuível à falta de plasticidade da maioria dos genótipos, que não conseguem enfrentar os desafios emergentes de produção relacionados às condições climáticas extremamente variáveis (Zanella et al., 2019; Castiano et al., 2023). Esses desafios exigem foco na triagem de genótipos superiores em ensaios em múltiplos ambientes, tais como os ensaios de Valor de Cultivo e Uso (VCU), que são indispensáveis para alcançar as características necessárias ao desenvolvimento de novas variedades a serem recomendadas aos agricultores.

Diversos estudos com a cultura do feijoeiro-comum têm mostrado a importância da avaliação de genótipos para adaptação a uma combinação de diferentes ambientes (Kang et al., 2005; Santos et al., 2018, 2019; Melo et al., 2018; Rocha et al., 2020; Zuffo et al., 2020; Baldin et al., 2021; Castiano et al., 2023; Souza et al., 2023; Ambrósio et al., 2024a). Essa avaliação é mais significativa quando os materiais genéticos são expostos a múltiplos estresses apresentados pelos ambientes de teste que são semelhantes às condições reais de cultivo, em oposição à triagem tradicional, na qual as plantas são submetidas apenas a uma única condição de estresse (Araújo et al., 2015; Castiano et al., 2023). Dessa maneira, testes em locais representativos selecionados permitirão a identificação de ideótipos de feijão adequados às áreas de produção alvo e com elevado desempenho agrônômico, resultando consequentemente em maior produtividade.

Na agricultura, a interação genótipos x ambientes ($G \times A$) é um dos pontos críticos para a seleção de genótipos superiores (Pereira et al., 2016; Souza et al., 2023; Kebede et al., 2025). Essa interação pode comprometer a previsibilidade do desempenho dos genótipos em diferentes ambientes, tornando necessária a utilização de metodologias estatísticas robustas para identificar materiais genéticos que combinem alta produtividade, ampla adaptabilidade e estabilidade fenotípica (Zanella et al., 2019). Nesse contexto, a técnica GGE biplot tem se consolidado como uma das ferramentas mais eficientes na análise de dados provenientes de ensaios multiambientes em diferentes culturas (Yokomizo et al., 2017; Sousa et al., 2018; Oliveira et al., 2019; Naroui Rad e Bakhshi, 2021; Silva e Alcântara Neto, 2022; Souza et al., 2023; Guerra et al., 2024).

O GGE biplot é uma estatística de visualização gráfica baseada na análise de componentes principais (PCA), aplicada à matriz de dados centrada nos ambientes (Yan et al., 2000; Yan, 2001; Yan e Kang, 2003). Essa abordagem permite a visualização conjunta dos efeitos principais dos genótipos e da interação G x A, o que facilita a interpretação dos dados de forma integrada. Ao contrário de métodos tradicionais que consideram separadamente os efeitos genotípicos e ambientais, o GGE biplot foca nos efeitos relevantes à seleção, ou seja, nos efeitos do genótipo (G) e da interação G x A, eliminando os efeitos principais dos ambientes, que não são informativos para fins de comparação. A aplicação prática do GGE biplot permite identificar genótipos superiores com base em dois critérios fundamentais: adaptabilidade (capacidade de apresentar bom desempenho em diferentes ambientes) e estabilidade (consistência de desempenho ao longo dos ambientes testados). Além disso, o GGE biplot permite classificar ambientes quanto à capacidade de distinção entre genótipos, auxiliando na escolha dos locais mais eficientes para condução de futuros ensaios.

Embora seja um objetivo ideal selecionar cultivares de alto rendimento e amplamente adaptadas, essa situação é dificilmente alcançável na realidade quando há grandes interações G x A e uma clara diferenciação entre ‘mega-ambientes’. Portanto, o presente estudo teve como objetivo identificar genótipos ampla ou especificamente adaptados com estabilidade de rendimento de grãos de feijão-comum por meio da análise estatística GGE biplot utilizando dados de ensaios de Valor de Cultivo e Uso - VCU.

4.2.4 Material e métodos

4.2.4.1 Material vegetal

Um total de 12 genótipos de feijão-comum foram utilizados neste estudo, sendo quatro cultivares designadas como testemunhas (BRS Esteio, BRS FP403, IPR Tuiuiu e IPR Uirapuru) e oito linhagens, identificadas com o prefixo ‘CNFP’, desenvolvidas pelo Centro Nacional de Pesquisa de Arroz e Feijão (CNPAP) da Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária (Embrapa) (Tabela 8).

Tabela 8. Descrição dos genótipos de feijão-comum preto e dos seis ambientes testados no estado do Rio de Janeiro.

Genótipos			
Cód.	Nome	Tipo	Origem
G01	BRS FP403	Cultivar	Embrapa Arroz e Feijão
G02	BRS Esteio	Cultivar	Embrapa Arroz e Feijão
G03	IPR Tuiuiu	Cultivar	IAPAR
G04	IPR Uirapuru	Cultivar	IAPAR
G05	CNFP 15670	Linhagem	Embrapa Arroz e Feijão
G06	CNFP 15676	Linhagem	Embrapa Arroz e Feijão
G07	CNFP 15678	Linhagem	Embrapa Arroz e Feijão
G08	CNFP 15681	Linhagem	Embrapa Arroz e Feijão
G09	CNFP 15684	Linhagem	Embrapa Arroz e Feijão
G10	CNFP 15685	Linhagem	Embrapa Arroz e Feijão
G11	CNFP 15695	Linhagem	Embrapa Arroz e Feijão
G12	CNFP 15697	Linhagem	Embrapa Arroz e Feijão
Ambientes			
Cód.	Local	Ano	
Ca16	Campos dos Goytacazes	2016	
Ca17	Campos dos Goytacazes	2017	
Ma16 I	Macaé	2016	
Ma16 II	Macaé	2016	
Ma17	Macaé	2017	
It17	Italva	2017	

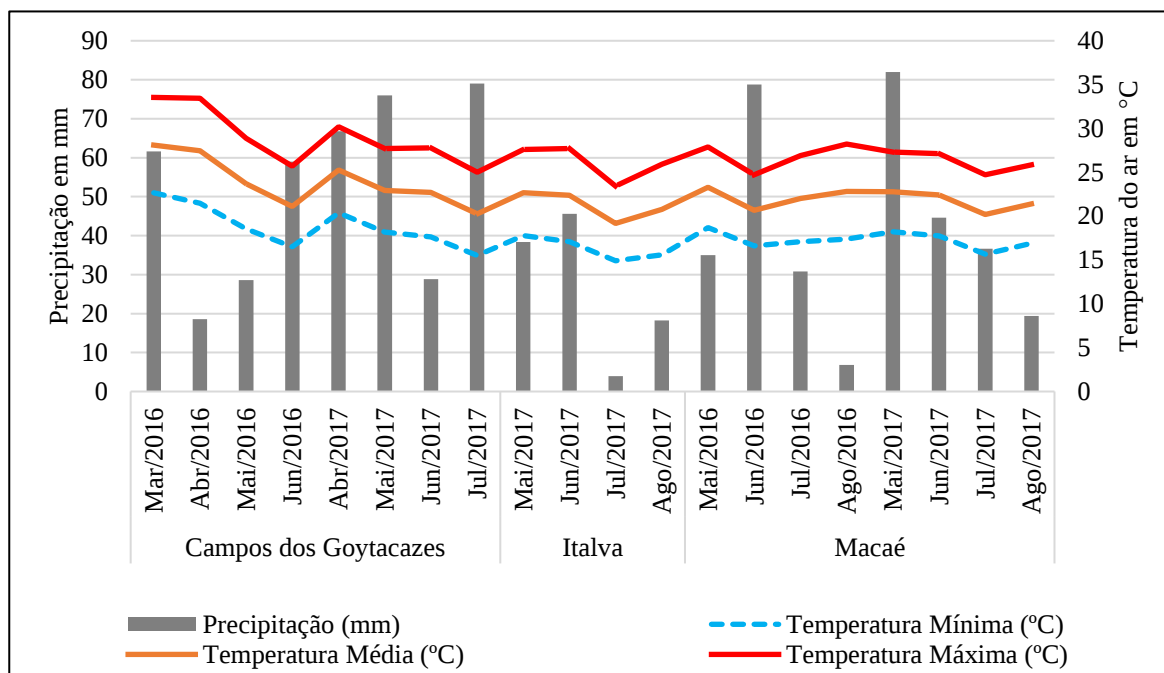
4.2.4.2 Locais e condições experimentais dos ensaios de VCU

As avaliações foram conduzidas durante os anos agrícolas de 2016 e 2017 com as seguintes distribuições de precipitação e temperatura (Figura 2), abrangendo três municípios do estado do Rio de Janeiro: Campos dos Goytacazes e Macaé, situados na região Norte Fluminense, e Italva, localizado na região Noroeste Fluminense (Figura 3).

O primeiro ensaio de competição foi instalado em março de 2016 no município de Campos dos Goytacazes. Em maio de 2016, outros dois ensaios foram instalados em duas localidades distintas situadas no município de Macaé. Na safra seguinte, outros três ensaios foram instalados, sendo o primeiro em abril de 2017 no município de Campos dos Goytacazes, o segundo em maio de 2017 no município de Italva e o último também em maio de 2017 no município de Macaé. A colheita foi realizada na fase R9, 90 dias após a semeadura. A coleta dos dados foi realizada nas duas fileiras centrais, sendo desprezadas as linhas de bordaduras. Os dados foram coletados pela

pesagem em gramas e a umidade ajustada a 13% e os resultados expressos em kg ha⁻¹.

Durante os ensaios experimentais, foram aplicados os tratos culturais e fitossanitários recomendados para a cultura, conforme Carneiro et al. (2015), além da irrigação por aspersão quando necessária.



Fonte: Agritempo (2025).

Figura 2. Precipitação em mm, temperatura do ar mínima, média e máxima em °C dos seis ambientes onde foram avaliados 12 genótipos de feijão-comum preto no estado do Rio de Janeiro nos anos de 2016 e 2017.

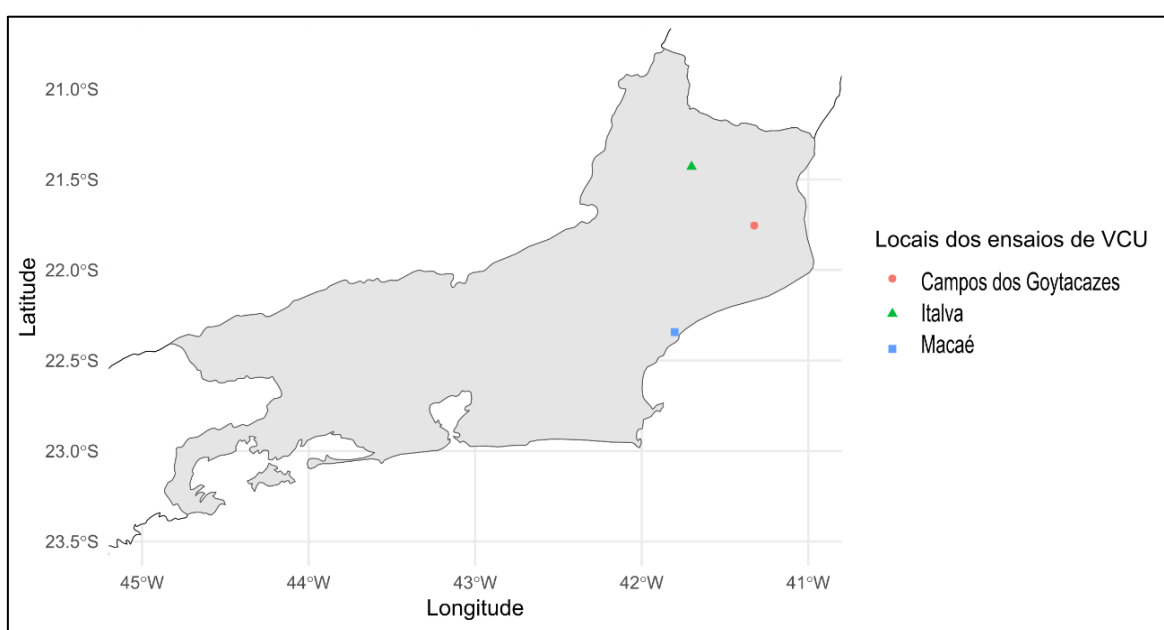


Figura 3. Locais dos ensaios de Valor de Cultivo e Uso (VCU) de feijão-comum preto em três municípios do estado do Rio de Janeiro.

4.2.4.3 Análise genético-estatística

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

$$Y_{ijk} = \mu + G_i + B_j + \varepsilon_{ij} \quad \text{Eq. 43}$$

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

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

$$Y_{ijk} = \mu + G_i + A_j + GA_{ij} + B/A_{kj} + \varepsilon_{ijk} \quad \text{Eq. 44}$$

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

A análise GGE biplot foi realizada usando o pacote GGE Biplot GUI do software estatístico R, conforme o seguinte modelo:

$$Y_{ij} - \mu = G_i + E_j + GE_{ij} \quad \text{Eq. 45}$$

Em que Y_{ij} : rendimento médio do genótipo i no ambiente j ; μ : média geral; G_1 : efeito principal do genótipo i para o ambiente j ; e GE_{1j} : interação específica entre o genótipo i e o ambiente j (Yan et al., 2007; Yan e Holland, 2010).

Os gráficos GGE biplot foram gerados pela dispersão simples de g_{i1} e g_{i2} para genótipos e e_{j1} e e_{j2} para ambientes, utilizando a Decomposição em Valores Singulares (DVS) de acordo com a seguinte equação:

$$Y_{ij} = \mu - \beta_j = \lambda_1 \xi_{i1} \eta_{1j} + \lambda_2 \xi_{i2} \eta_{2j} + \varepsilon_{ij} \quad \text{Eq. 46}$$

Em que λ_1 e λ_2 são os maiores autovalores do primeiro e segundo componentes principais, PC1 e PC2, respectivamente; ξ_{i1} e ξ_{i2} são os autovetores do genótipo i de PC1 e PC2, respectivamente; e η_{1j} e η_{2j} são os autovetores do ambiente j do PC1 e PC2, respectivamente (Yan e Kang, 2003).

As análises estatísticas foram executadas com auxílio dos programas GENES (Cruz, 2013) e R (R Core Team, 2021) para obtenção da ANOVA e GGE biplot, respectivamente.

4.2.5 Resultados e discussão

A análise de variância na produtividade do feijão-comum preto (Tabela 9) mostrou que o desempenho na produtividade de grãos foi afetado pelos fatores de ambientes (A), genótipos (G) e pela interação (G x A). Os efeitos foram significativos aos níveis de 1% e 5% de probabilidade pelo teste F. A presença de diferença para os ambientes no presente estudo indicou que cada ambiente é único e são necessários para identificar os melhores genótipos quanto à produtividade de grãos.

Tabela 9. Análise de variância conjunta para a característica produtividade de grãos, em kg ha⁻¹, em seis ambientes com 12 genótipos de feijão-comum preto avaliados no estado do Rio de Janeiro, nos anos agrícolas de 2016 e 2017.

Fonte de variação	GL	Quadrado médio
Blocos/Ambientes	12	72.933,07
Genótipos (G)	11	483.423,56*
Ambientes (A)	5	24.555.520,05**
Genótipos x Ambientes (G×A)	55	203.761,42**
Resíduo	132	38.526,54
Total	215	-
Média geral		2.122,33
CVg (%)		5,87
Cve (%)		9,25
CVg/Cve		0,63
>QMR/QMR<		6,98

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

Em ensaios de valor de cultivo e uso (VCU) nos quais os genótipos são investigados quanto ao seu desempenho e estabilidade entre ambientes de teste, é bastante comum cruzar efeitos de genótipo e ambiente. A análise conjunta da

variância mostrou que as interações entre genótipos e ambientes foram significativas, demonstrando a influência das mudanças ambientais na produtividade de grãos de doze genótipos de feijão-comum preto durante os anos de 2016 e 2017. A significância da interação G x A evidencia a ocorrência de desempenho diferenciado dos genótipos em resposta às variações ambientais (Figura 2), refletindo uma resposta atrelada aos materiais genéticos avaliados frente aos diversos locais e suas particularidades relacionadas às diferenças de temperatura e distribuição de precipitação (Santos et al., 2019; Khan et al., 2021).

Embora os genótipos tenham apresentado variação relevante, a mais importante fonte da variação foi devido ao ambiente, indicando que existem ambientes diversos e que este foi o fator que influenciou majoritariamente a produtividade de grãos. Esta situação confirma a necessidade da realização de estudos voltados à verificação de adaptabilidade e estabilidade fenotípica, com o propósito de identificar quais os genótipos combinam concomitantemente adaptabilidade e estabilidade, exibindo um elevado desempenho agrônomo diante das diferenças ambientais. Os ensaios de VCU são realizados anualmente por melhoristas com a intenção de recomendar cultivares aos agricultores e raramente são descontinuados, indicando sua grande importância para a agricultura e a economia, tais ensaios são provavelmente a pesquisa aplicada mais bem financiada na agricultura.

A porcentagem de variação resultante na análise GGE biplot dos dois principais componentes representou aproximadamente 79% e explica a variação devido a causas genéticas e a interação G x A juntas. Essa metodologia divide a soma dos quadrados do genótipo mais as interações genótipos por ambientes em componentes principais que são PC1 e PC2, cada um explicando a variação da produtividade de grãos de feijão-comum com uma proporção de 52,84% e 25,78%, respectivamente, onde PC1 está correlacionado ao principal efeito do genótipo, enquanto PC2 representa a fração da produtividade de grãos associada à interação G x A. Melo et al. (2018) e Souza et al. (2023) relataram cerca de 43,20% e 78,19% das variações de GGE em seus estudos com feijão-comum explicadas pelos dois primeiros componentes principais, respectivamente.

A diferença entre essas porcentagens evidencia que a explicação da variação total por meio dos componentes principais depende fortemente da variabilidade genética dos genótipos avaliados, das condições ambientais específicas de cada estudo e da magnitude da interação entre genótipos e ambientes. Assim, valores mais

altos ou mais baixos de explicação da variação em análises GGE biplot refletem as particularidades de cada experimento, indicando a complexidade da resposta dos genótipos em diferentes ambientes. Yan e Rajcan (2002) afirma que a produtividade agrícola é determinada pela combinação dos efeitos dos ambientes (A), dos genótipos (G) e da interação entre ambos ($G \times A$) e que embora os efeitos ambientais exerçam forte influência sobre o desempenho das culturas, a seleção de cultivares superiores deve considerar simultaneamente o desempenho dos genótipos e sua estabilidade diante da variação ambiental. Por esse motivo, a análise GGE biplot é altamente recomendada em ensaios multiambientes, pois permite identificar genótipos com alto desempenho médio, ampla ou específica adaptabilidade.

A visão poligonal "Qual Venceu Onde", ilustra a relação entre genótipos e ambientes (Figura 4). Os genótipos G01 (BRS FP 403), G02 (BRS Esteio), G03 (IPR Tuiuiu), G04 (IPR Uirapuru), G06 (CNFP 15676) e G09 (CNFP 15684) situam-se nos vértices do polígono, indicando seu desempenho superior em ambientes específicos (Yan et al., 2016). Dentre esses, os genótipos G01 (BRS FP 403) e G02 (BRS Esteio) apresentaram a maior produtividade de grãos em três dos seis ambientes testados: Ma16 I (Macaé I – 2016), Ma17 (Macaé – 2017) e Ca17 (Campos dos Goytacazes – 2017). Enquanto G06 (CNFP 15676) apresentou desempenho superior para dois ambientes: Ca16 (Campos dos Goytacazes – 2016) e It17 (Italva – 2017). Por fim, G09 (CNFP 15684) apresentou superioridade no desempenho para o ambiente Ma16 II (Macaé II – 2016). Nessa abordagem gráfica, a característica mais útil é a capacidade de mostrar quais genótipos são os melhores para um conjunto de dados de um ensaio multiambientes. Além disso, o gráfico "Qual Venceu Onde" demonstra conceitos importantes sobre o cruzamento da interação, distinção de ambientes e adaptações específicas (Negash et al., 2017; Rezene, 2019; Souza et al., 2023).

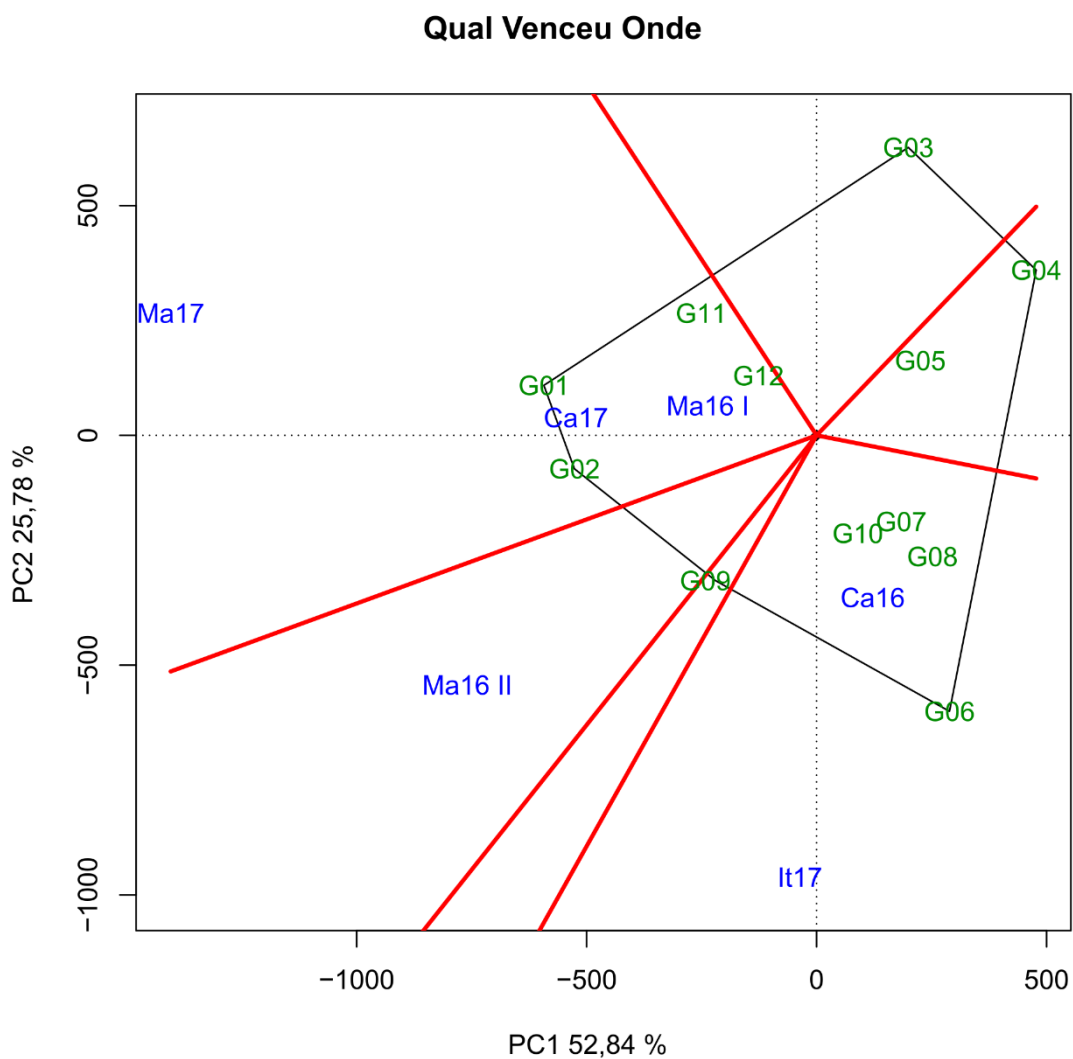


Figura 4. A visão do biplot GGE "Qual Venceu Onde" mostra quais genótipos têm melhor desempenho e em qual ambiente. As linhas verticais e horizontais pontilhadas indicam os pontos onde os eixos PC1 e PC2 apresentam valores zero, respectivamente. As linhas vermelhas dividem o polígono em setores. Os vértices do polígono indicam genótipos superiores em cada setor. Descrição dos genótipos e dos ambientes testados na Tabela 8.

Considerando os seis diferentes ambientes, os genótipos seguem uma classificação de acordo com a sua produtividade (Santos et al., 2019). O genótipo G02 (BRS Esteio) liderou essa classificação, mostrando-se o mais responsivo, seguido pelos genótipos G01 (BRS FP 403), G09 (CNFP 15684), G11 (CNFP 15695), G12 (CNFP 15697), G10 (CNFP 15685) e G06 (CNFP 15676) (Figura 5). A responsividade relacionada ao desempenho produtivo dos genótipos é medida quanto mais distante o genótipo se posiciona da origem do biplot, podendo ser positiva ou negativa em relação à produtividade média. Esses genótipos apresentaram produtividade de grãos superior à média dos 12 genótipos testados. Em contrapartida, os demais genótipos (G08, G07, G05, G03 e G04) tiveram desempenho abaixo da produtividade média de grãos de feijão-comum. A estabilidade dos genótipos é maior quando sua projeção em relação ao eixo médio ambiental (EMA) é menor, indicando assim a contribuição da interação $G \times A$. Os genótipos que apresentaram maior estabilidade e produtividade superiores à média foram G02 (BRS Esteio), G09 (CNFP 15684), G12 (CNFP 15697) e G10 (CNFP 15685). Isso sugere que esses genótipos têm uma capacidade de adaptação mais elevada às diversas combinações de fatores ambientais como luz, radiação, temperatura, água, nutrientes e manejo (Pereira, 2016). Os genótipos G05 (CNFP 15670) e G04 (IPR Uirapuru) apresentaram responsividade negativa em relação à produtividade de grãos nos ambientes testados, apesar de demonstrarem boa estabilidade.

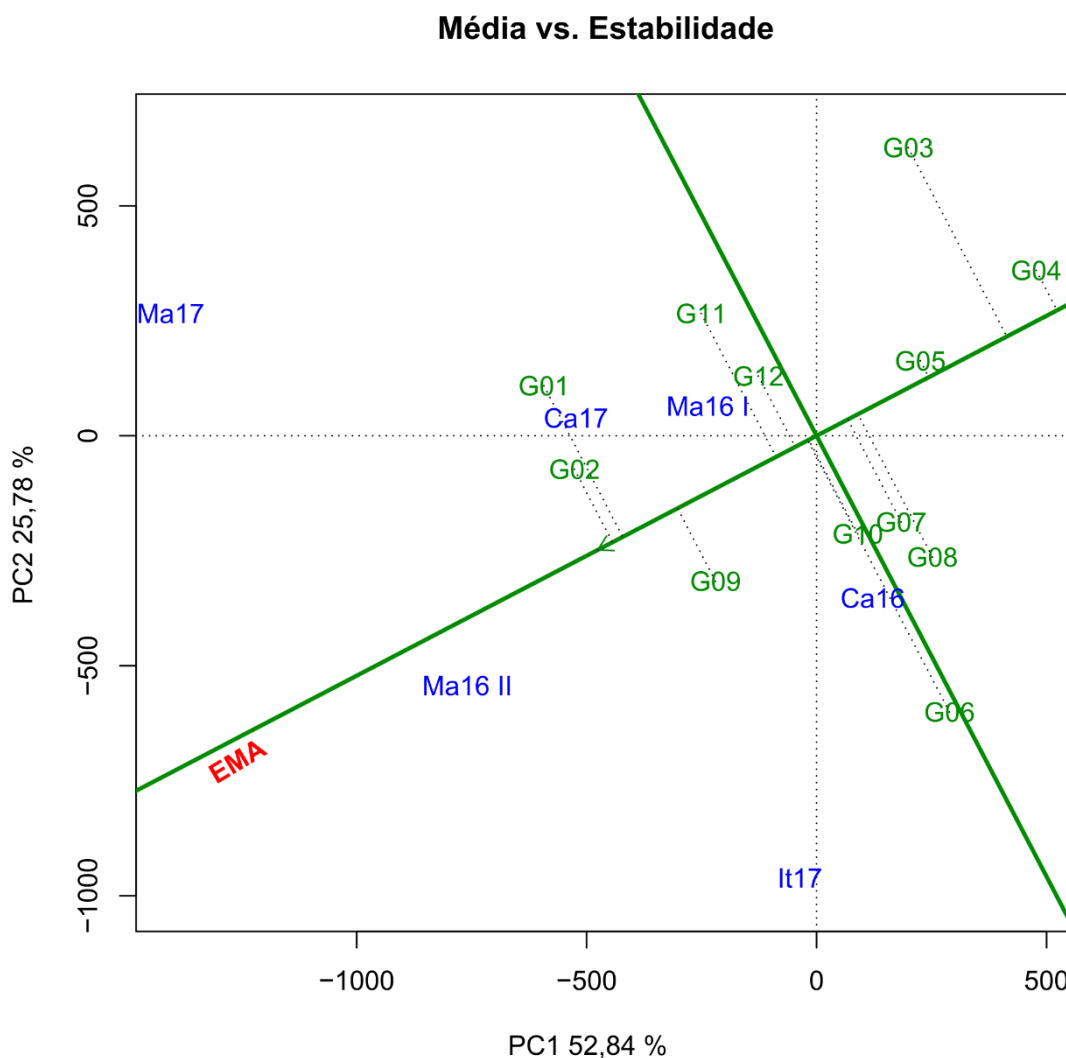


Figura 5. Visão do biplot GGE de classificação "Média vs. Estabilidade". A linha reta com seta representa o eixo da média ambiental (EMA). O comprimento perpendicular do eixo da média aos genótipos indica a estabilidade de cada genótipo. Um comprimento perpendicular maior significa um nível maior de instabilidade para aquele genótipo. Descrição dos genótipos e dos ambientes testados na Tabela 8.

Na análise GGE, o termo mega-ambiente refere-se à separação de uma ampla região de cultivo em diferentes zonas-alvo (Negash et al., 2017; Melo et al., 2018; Rezene, 2019; Kebede et al., 2025). Ambientes agrícolas, podem ser classificados como simples ou complexos, de acordo com o comportamento da interação entre genótipos e ambientes ($G \times A$). De acordo com Yan (2011) em ambientes simples, não há ocorrência de interações $G \times A$ cruzadas de forma significativa e repetível ao longo dos anos. Isso permite que a avaliação de cultivares seja realizada de maneira eficaz com poucos locais de teste, já que os genótipos mantêm desempenho consistente entre os ambientes. Por outro lado, ambientes complexos apresentam interações $G \times A$ cruzadas não repetíveis, o que implica variações no desempenho dos genótipos entre os diferentes locais e ao longo do tempo. Nesses casos em que uma região se apresenta como um ambiente complexo, torna-se necessária uma abordagem metodológica mais robusta, que envolva ensaios em múltiplos locais distintos como os ensaios de VCU. Tal estratégia é essencial para a seleção de cultivares com ampla adaptabilidade e estabilidade de desempenho em toda a região alvo, mesmo diante da variabilidade ambiental temporal e espacial.

A fim de maximizar o potencial produtivo das cultivares, agricultores costumam adotar práticas de manejo que visam controlar o ambiente de cultivo. No entanto, em situações em que esse controle não é viável, torna-se necessário contar com a estabilidade e adaptabilidade dos genótipos frente às variações ambientais locais. Nesse contexto, a cultura do feijão-comum demanda cultivares capazes de manter desempenho produtivo consistente mesmo sob condições edafoclimáticas contrastantes (Melo et al., 2018). Tal característica é decisiva para a competitividade agrônômica e garante a superioridade dos materiais genéticos em ensaios conduzidos em diferentes ambientes, como é evidenciado na superioridade das *performances* dos genótipos G01 (BRS FP 403) e G02 (BRS Esteio) para o ‘mega-ambiente’ que incluiu Macaé I – 2016, Macaé – 2017 e Campos dos Goytacazes – 2017. A superioridade das cultivares BRS FP 403 e BRS Esteio já foi relatada por Ambrósio et al. (2024b), ressaltando que essas cultivares apresentam características agrônômicas superiores e alta capacidade de adaptação a diferentes ambientes, justificando o resultado encontrado nos ensaios de VCU e que são materiais superiores. O genótipo G06 (CNFP 15676) foi o mais especificamente responsivo para o outro ‘mega-ambiente’ que compreendeu os locais Campos dos Goytacazes – 2016 e Italva – 2017.

A análise GGE biplot gerou seis setores a partir das linhas de igualdade referente aos ambientes avaliados, os quais se agruparam e se distribuíram em três destes seis setores. A presença de ângulos obtusos amplos (ou seja, fortes correlações negativas) entre os ambientes de teste é uma indicação de forte interação G x A. O ângulo maior que 90° (entre Ma17 e It17), implica que houve interações consideráveis resultando em uma correlação negativa entre esses ambientes (Figura 6). A distância entre dois ambientes mede sua similaridade na discriminação dos genótipos (Yan e Tinker, 2006). Deste modo, os ambientes Ca17 (Campos dos Goytacazes – 2017) e Ma16 I (Macaé I – 2016) agrupados à Ma17 (Macaé 2017) são considerados similares em relação à influência do ambiente sobre os genótipos, configurando a existência de correlação positiva entre esses ambientes, da mesma forma ocorreu para o ‘mega-ambiente’ que agrupou os ambientes Ca16 (Campos dos Goytacazes – 2016) e It17 (Italva – 2017). Além disso, o biplot “Vetor Ambiental” mostra o poder discriminante dos vetores dos ambientes, os quais são mais eficazes na discriminação dos genótipos quanto maior o comprimento do vetor, enquanto os vetores mais curtos são menos discriminativos, pois apresentaram características climáticas menos previsíveis (Negash et al., 2017). Dessa forma, os ambientes Ma17 (Macaé – 2017), Ma16 II (Macaé II – 2016) e It17 (Italva – 2017) evidenciaram um poder discriminante superior em comparação aos ambientes Ca16 (Campos dos Goytacazes – 2016), Ca17 (Campos dos Goytacazes – 2017) e Ma16 I (Macaé I – 2016).

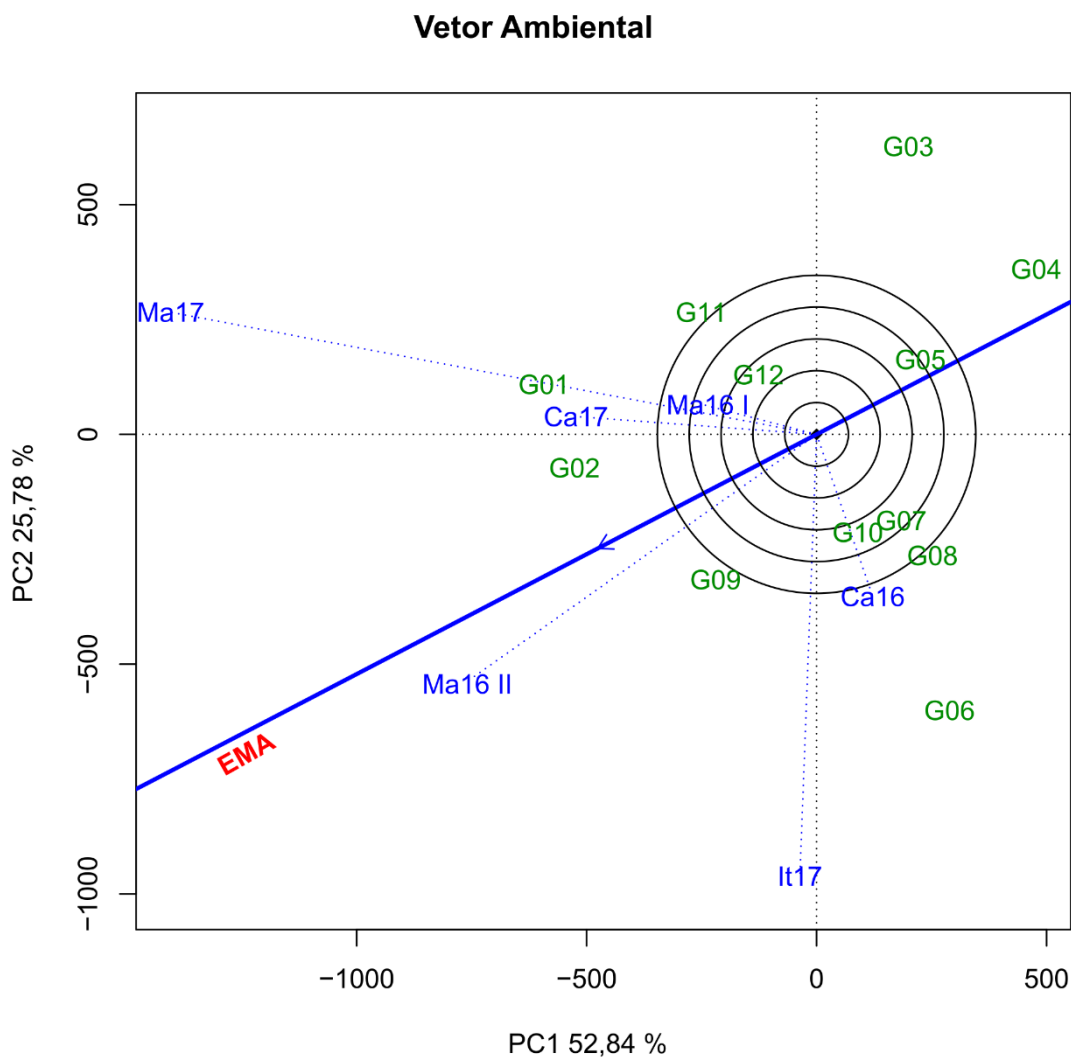


Figura 6. Visão do biplot GGE de “Vetor Ambiental”. Maior vetor ambiental = maior poder de discriminação; menor ângulo entre o vetor ambiental e a EMA= maior representatividade. Ângulos entre vetores ($<90^\circ$) = correlação positiva; Ângulos entre vetores ($>90^\circ$) = correlação negativa; Ângulos entre vetores ($= 90^\circ$) = correlação nula; Eixo médio ambiental (EMA).

Em ensaios como os de VCU, sempre que houver um agrupamento claro de locais de teste, seja o agrupamento repetível ou não, a avaliação dos genótipos deve ser conduzida dentro dos grupos de locais ('mega-ambientes') para evitar o descarte de genótipos especificamente adaptados (Yan, 2014). Nesse sentido, um ambiente com vetor longo e ângulo limitado oferece uma representação mais rica e precisa para avaliação dos genótipos (Yan e Tinker, 2006). Portanto, o ambiente de teste Ma16 II (Macaé II – 2016) ofereceu uma capacidade geral de identificação mais robusta em comparação com os outros ambientes, pois exibiu um vetor longo e com menor ângulo formado com EMA, podendo ser definido como um ambiente ideal (Santos et al., 2017; Souza et al., 2023). A condição ambiental diferenciada desse ambiente pode ser atribuída a uma heterogeneidade de condições ambientais existentes (Figura 2), como períodos de maior e menor precipitação média e diferenças de temperatura entre dia e noite, principalmente nos períodos críticos como germinação, florescimento e enchimento de grãos, pois são etapas com alta demanda de nutrientes e água (Martins Filho et al., 2022). Os resultados demonstram que os locais dos ensaios de VCU no estado do Rio de Janeiro apresentam diferenças edafoclimáticas que influenciam a produtividade de grãos e conseqüentemente selecionam diferentes genótipos em cada ambiente, conduzindo para recomendações de cultivares específicas. Portanto, as informações de genótipo obtidas para um desses ambientes não podem ser consideradas para os demais.

Com base na comparação de genótipos no biplot de ranqueamento, considerando simultaneamente desempenho médio e estabilidade, os genótipos com melhor desempenho produtivo nos seis ambientes testados foram G02 (BRS Esteio), G09 (CNFP 15684) e G01(BRS FP 403), seguidos dos demais genótipos G11 (CNFP 15695), G12 (CNFP 15697), G10 (CNFP 15685) e G06 (CNFP 15676), os quais apresentaram desempenho acima da produtividade média (Figura 7). Dos sete genótipos que apresentaram produtividade acima da média geral apenas G01 (BRS FP 403), G11 (CNFP 15695) e G06 (CNFP 15676) demonstraram alta contribuição em termos de interação G x A, isso significa que nem sempre genótipos superiores terão boa produtividade para todos os ambientes. Isso pode ser avaliado pelo comprimento das projeções dos genótipos ao EMA, que estão alocados no biplot em lados opostos do EMA, como G01 e G06 ou G11 e G06 (Figura 5). Quanto maior a contribuição de interação de outros ambientes, maior será essa projeção, indicando uma maior instabilidade fenotípica.

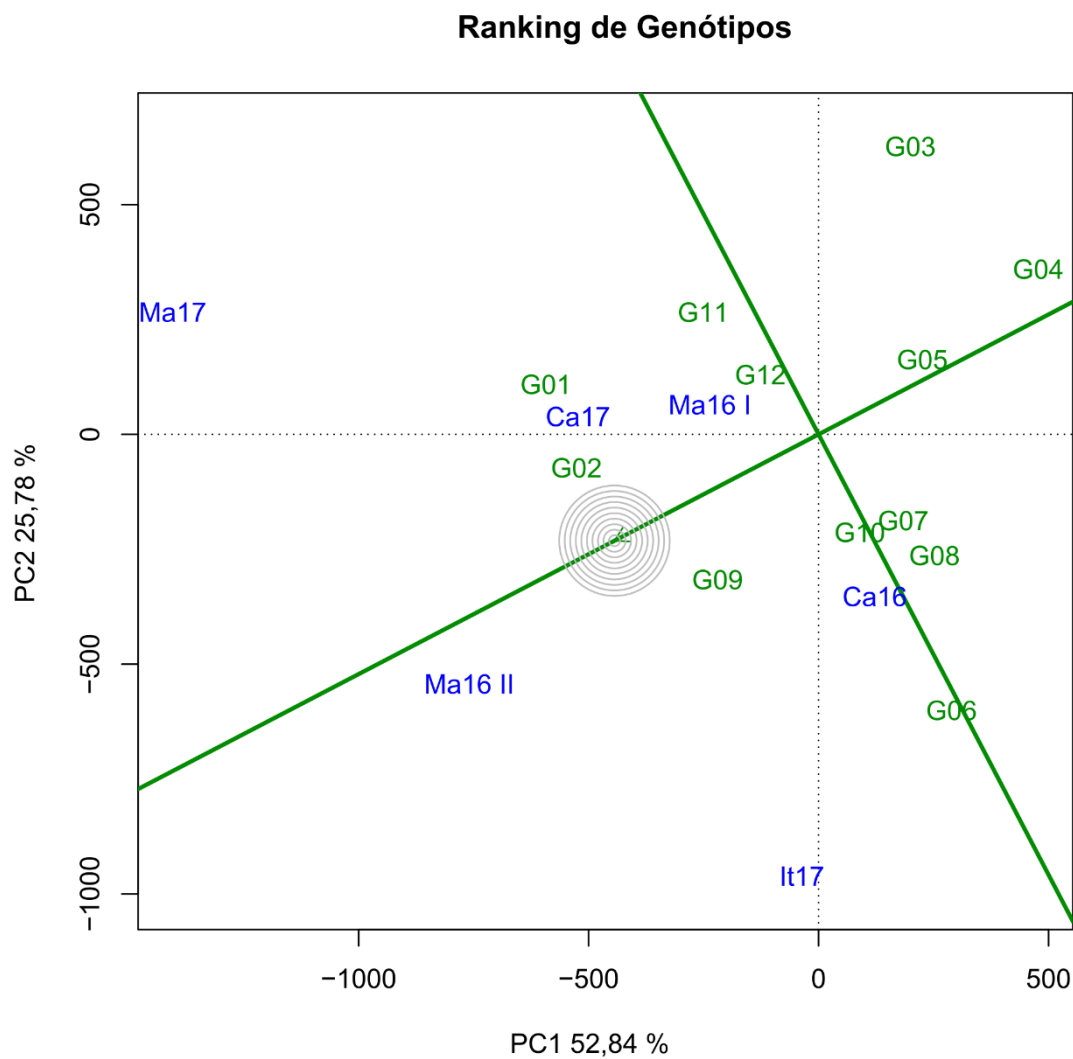


Figura 7. Visão do melhor genótipo no biplot GGE “Ranking de Genótipos” comparando genótipos em relação a um genótipo ideal.

Para que um genótipo seja considerado ideal, ele deve apresentar uma produtividade relativamente maior em todos os ambientes. Na análise GGE biplot, esse “genótipo ideal” foi definido pelo maior comprimento do vetor, representado por uma seta no centro do círculo concêntrico. Embora apenas representativo, esse genótipo serve de referência para a avaliação dos genótipos envolvidos nos ensaios de VCU. De acordo com o ranking de genótipos, os genótipos G02 (BRS Esteio), G09 (CNFP 15684) e G01 (BRS FP403) foram considerados os mais próximos do “genótipo ideal”, apresentando médias elevadas de produtividade e boa estabilidade.

Este estudo por meio da análise GGE biplot fornece informações úteis sobre os genótipos e ambientes onde foram realizados os ensaios de VCU de feijão-comum preto no estado do Rio de Janeiro. Três distintos grupos de ambientes foram delimitados, dentre estes o ambiente Macaé II – 2016, definido como “ambiente ideal”, é o que apresenta maior capacidade de discriminação de genótipos avaliados. A cultivar BRS Esteio é o genótipo que mais se aproxima da configuração de um “genótipo ideal”, sendo considerado o genótipo mais amplamente adaptado às condições edafoclimáticas do estado do Rio de Janeiro. As cultivares IPR Tuiuiu, IPR Uirapuru e a linhagem CNFP 15670 não devem ser recomendadas aos ambientes testados nos ensaios de VCU.

4.2.6 Conclusão

Os resultados obtidos neste estudo indicam que há variabilidade significativa nos genótipos de feijão-comum preto em relação à produtividade. Com base na avaliação da contribuição da interação $G \times A$ e da estabilidade para produtividade de grãos de genótipos de feijão-comum preto usando GGE biplot, pode-se concluir que há uma interação significativa entre genótipo e ambiente. A cultivar BRS Esteio é o genótipo mais estável, com alto rendimento em diferentes ambientes, enquanto os genótipos CNFP 15684 e BRS FP403 apresentam potencial produtivo com menor estabilidade, sendo, portanto, indicados a recomendações mais específicas. O município de Macaé é recomendado para triagem de materiais superiores de feijão-comum preto.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

Agritempo. Sistema de Monitoramento Agrometeorológico. Embrapa Informática Agropecuária. Disponível em: <https://www.agritempo.gov.br>. Acesso em 01 de maio de 2025.

Aguiar, M. S., Pereira, H. S., Souza, T. L. P. O., Faria, L. C., Costa, J. G. C., Torga, P. P., Guimarães, C. M., Souza Filho, B. F., Almeida, V. M., Melo, L.C. (2023) BRS FP417: Black common bean cultivar with high yield, high commercial-quality grain, and disease resistance. *Functional Plant Breeding Journal*, 5(16), 1-7. <http://dx.doi.org/10.35418/2526-4117/v5a16>.

Allard, R. W. (1971) *Princípios do melhoramento genético das plantas*. São Paulo: Edgard Blücher, 381 p.

Allard, R. W., Bradshaw, A. D. (1964) Implications of genotype-environmental interactions in applied plant breeding. *Crop Science*, 4(5), 503-508. <https://doi.org/10.2135/cropsci1964.0011183X000400050021x>.

Ambrósio, M., Daher, R. F., Santos, R. M., Santana, J. G. S., Vidal, A. K. F., Nascimento, M. R., Leite, C. L., de Souza, A. G., Freitas, R. S., Stida, W. F., Farias, J. E. C., Souza Filho, B. F., Melo, L. C., Santos, P. R. (2024a) Adaptability and stability of black bean genotypes with normal and early cycle. *Euphytica*, 220(22). <https://doi.org/10.1007/s10681-023-03282-2>.

Ambrósio, M., Daher, R. F., Santos, R. M., Santana, J. G. S., Vidal, A. K. F., Nascimento, M. R., Leite, C. L., Souza, A. G., Freitas, R. S., Stida, W. F., Farias, J. E. C., Souza Filho, B. F., Melo, L. C., Santos, P. R. (2024b) Multi-trait index: selection and recommendation of superior black bean genotypes as new improved varieties. *BMC Plant Biology*, 24(1), 525. <https://doi.org/10.1186/s12870-024-05248-5>.

Annicchiarico, P. (1992) Cultivar adaptation and recommendation from alfalfa trials in Northern Italy. *Journal of Genetics and Plant Breeding*, 46, 269-278. Disponível em:

https://www.researchgate.net/publication/292006732_Cultivar_adaptation_and_recommendation_from_alfalfa_trials_in_Northern_Italy. Acesso em 01 de maio de 2025.

Araújo, S. S., Beebe, S., Crespi, M., Delbreil, B., González, E. M., Gruber, V., Lejeune-Henaut, I., Link, W., Monteros, M. J., Prats, E., Rao, I., Vadez, V., Patto, M. C. V. (2015) Abiotic Stress Responses in Legumes: Strategies Used to Cope with Environmental Challenges. *Critical Reviews in Plant Sciences*, 34, 237–280. <https://doi.org/10.1080/07352689.2014.898450>.

Baldin, R. C., Kavalco, S. A. F., Woyann, L. G., Rodrigues Junior, A. A., Gobatto, D. R., Silva, G. R., Beninand, G., Finatto, T. (2021) Yield stability of common bean genotypes in the state of Santa Catarina, Brazil. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, 56, e02302. <https://doi.org/10.1590/S1678-3921.PAB2021.V56.02302>.

Beebe, S., Rengifo, J., Gaitan, E., Duque, M. C., Tohme, J. (2001) Diversity and Origin of Andean Landraces of Common Bean. *Crop Science*, 41(3), 854-862. <https://doi.org/10.2135/cropsci2001.413854x>.

Borém A., Miranda, G. V., Fritsche-Neto, R. (2017) *Melhoramento de plantas*. 7. ed. Viçosa: Editora UFV, 543p.

Borém, A., Miranda, G. V., Fritsche-Neto, R. (2021) *Melhoramento de plantas*. 8. ed. São Paulo: Oficina de Textos, 384 p.

Brasil (1997). Lei nº 9.456, de 25 de abril de 1997. *Lei de Proteção de Cultivares*.

Burle M. L., Fonseca J. R., Kami J. A., Gepts P. (2010) Microsatellite diversity and genetic structure among common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) landraces in Brazil, a secondary center of diversity. *Theoretical and Applied Genetics*, 121(5), 801-813. <https://doi.org/10.1007/s00122-010-1350-5>.

Caproni, L., Raggi, L., Tissi, C., Howlett, S., Torricelli, R., Negri, V. (2018) Multi-environment evaluation and genetic characterization of common bean breeding lines

for organic farming systems. *Sustainability (Switzerland)*, 10(3). <https://doi.org/10.3390/su10030777>.

Carneiro, J. E. S., Paula Júnior, T. J., e Borém, A. (2015) *Feijão: do plantio à colheita*. Viçosa: Editora UFV, 384 p.

Carvalho, L. C. B., Damasceno-Silva, K. J., Rocha, M. M., Oliveira, G. C. X. (2017) Genotype x environment interaction in cowpea by mixed models. *Revista Ciência Agronômica*, 48(5), 872-878. <https://doi.org/10.5935/1806-6690.20170103>.

Carvalho, L. P., Farias, F. J. C., Morello, C. L., Teodoro, P. E. (2016) Use of REML/BLUP methodology for selecting cotton genotypes with higher adaptability and productive stability. *Bragantia*, 75(3), 314-321. <https://doi.org/10.1590/1678-4499.275>.

Castiano, B. U. L., Kimurto, P. K., Ojwang, P. P. O. (2023) Stability of common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) genotypes for root system architecture and seed yield in multi-environments. *Field Crops Research*, 293, 108863. <https://doi.org/10.1016/J.FCR.2023.108863>.

Companhia Nacional de Abastecimento – CONAB. (2025) *Acompanhamento da safra brasileira de grãos*, Brasília, v. 12 – safra 2024/25, n. 7 (sétimo levantamento), p. 1-129. Disponível em: <<https://www.conab.gov.br/info-agro/safras/graos/boletim-da-safra-de-graos>>. Acesso em 01 de maio de 2025.

Cavalheiro, S. B., Melo, L. C., Souza, T. L. P. O., Pereira, H. S. (2023) Genetic parameters and selection of carioca common bean lines resistant to *fusarium* wilt. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, 58, e03313. <https://doi.org/10.1590/S1678-3921.pab2023.v58.03313>.

Cruz, C. D. (2013) GENES – Software para análise de dados em estatística experimental e em genética quantitativa. *Acta Scientiarum. Agronomy*, 35(3), 271–276. <https://doi.org/10.4025/actasciagron.v35i3.21251>.

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., Regazzi, A. J., Carneiro, P. C. S. (2012) *Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético*. 4. ed. Viçosa: UFV, 514p.

Cruz, C. D., Torres, R. A. A., Vencovsky, R. (1989) An alternative approach to the stability analysis proposed by Silva and Barreto. *Revista Brasileira de Genética*, 12(3), 567-580.

Cruz, D. P., Gravina, G. A., Vivas, M., Entringer, G. C., Souza, Y. P., Rocha, R. S., Jaeggi, M. E. P., Albuquerque, D. P., Amaral Junior, A. T., Gravina, L. M., Rocha, M. M., Silva, R. K. G. (2021) Combined selection for adaptability, genotypic stability and cowpea yield from mixed models. *Ciência Rural*, 51(9), e 20200540. <http://doi.org/10.1590/0103-8478cr20200540>.

Debouck, D. (1999) Diversity in Phaseolus species in relation to the common bean. In: Singh, S. P. (ed.) Common bean improvement in the twenty-first century. Dordrecht: Kluwer, p. 25-52.

Duarte, J. B.; Vencovsky, R. (1999) *Interação genótipos x ambientes: uma introdução à análise AMMI*. Ribeirão Preto: Sociedade Brasileira de Genética, 60p.

Eberhart, S. A., Russel, W. A. (1966). Stability parameters for comparing varieties. *Crop Science*, 6(1), 36-40. <https://doi.org/10.2135/cropsci1966.0011183X000600010011x>.

Falconer, D. S. (1987) *Introdução à genética quantitativa*. Viçosa: UFV, Imprensa Universitária, 279 p.

Falconer, D. S., Makay, T. F. C. (1996) *Introduction to quantitative genetics*. 4. ed. Harlow: Longman, 464 p.

FAO – Food and Agriculture Organization. Statistic/FAOSTAT. (2025) Disponível em:<http://faostat.fao.org/>. Acesso em 01 de junho de 2025.

Fehr, B. (1988) Prototype analysis of the concept of love and commitment. *Journal of Personality and Social Psychology*, 55(4), 557-579. <https://psycnet.apa.org/doi/10.1037/0022-3514.55.4.557>.

Fehr, W. R. (1987) *Principles of cultivar development*. Nova York: Mcmillian, 761 p.

Finlay, K. W., Wilkinson, G.N. (1963) The Analysis of Adaptation in a Plant-Breeding Programme. *Australian Journal of Agricultural Research*, 14(6), 742-754. <https://doi.org/10.1071/AR9630742>.

Fisher, R. A. (1925) *Statistical methods for research workers*. Edinburgh: Oliver and Boyd.

Garbuglio, D. D., Gerage, A. C., Araujo, P. M., Fonseca Júnior, N. S., Shioga, P. S. (2007) Análise de fatores e regressão bissegmentada em estudos de estratificação ambiental e adaptabilidade em milho. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, 42(2), 183-191. <https://doi.org/10.1590/S0100-204X2007000200006>.

Gauch, H. G., Zobel, R. W. (1996) AMMI Analysis of Yield Trials. In: Kang, M. S., & Gauch, H. G., (ed.) *Genotype by Environment Interaction*. Boca Raton: CRC Press, p. 85-122.

Guerra, J. V. S., Cavallin, I. C., Parrella, R. A. C., de Carvalho, A. J., Portugal, A. F., Anjos, J. R. N., Guedes, F. L., Godinho, V. de P. C. (2024) Adaptability and stability of biomass sorghum genotypes using GGE Biplot. *Revista Caatinga*, 38, e12509. <https://doi.org/10.1590/1983-21252025V3812509RC>.

Gonçalves, D. L., Barelli, M. A. A., Oliveira, T. C., Santos, P. R. J., Silva, C. R., Poletine, J. P., Neves, L. G. (2017) Genetic correlation and path analysis of common bean collected from Caceres Mato Grosso State, Brazil. *Ciência Rural*, 47(8), e20160815. <http://dx.doi.org/10.1590/0103-8478cr20160815>.

Huehn, M. (1990) Nonparametric measures of phenotypic stability. Part 1: theory. *Euphytica*, 47, 189-194. <https://doi.org/10.1007/BF00024241>.

Instituto Brasileiro de Geografia e Estatística – IBGE. (2022) Produção Agrícola Municipal – PAM. Disponível em: <https://www.ibge.gov.br>. Acesso em 01 de junho de 2025.

Justino, L. F., Heinemann, A. B., Matta, D. H., Stone, L. F., Gonçalves, P. A. de O., da Silva, S. C. (2025) Characterization of common bean production regions in Brazil using machine learning techniques. *Agricultural Systems*, 224, 104237. <https://doi.org/10.1016/J.AGSY.2024.104237>.

Kaneko, H. G. H., Fonseca Júnior, N. S., Cirino, V. M. (2023) Analysis of statistical methods to estimate genotype-by-environment interaction for yield-based selection of new bean cultivars and lines. *Semina: Ciências Agrárias*, 44(5), 1805-1824. <https://doi.org/10.5433/1679-0359.2023v44n5p1805>.

Khan, M. M. H., Rafii, M. Y., Ramlee, S. I., Jusoh, M., Al Mamun, M. (2021) AMMI and GGE biplot analysis for yield performance and stability assessment of selected Bambara groundnut (*Vigna subterranea* L. Verdc.) genotypes under the multi-environmental trials (METs). *Scientific Reports*, 11(1). <https://doi.org/10.1038/s41598-021-01411-2>.

Kang, M. S., Aggarwal, V. D., Chirwa, R. M. (2005). Adaptability and stability of bean cultivars as determined via yield-stability statistic and GGE biplot analysis. *Journal of Crop Improvement*, 15(1), 97–120. https://doi.org/10.1300/J411v15n01_08.

Kang M. S. Phan H. N. (1991) Simultaneous selection for high yielding and stable crop genotypes. *Agronomy Journal*, 83(1), 161-165. <https://doi.org/10.2134/agronj1991.00021962008300010037x>.

Kebede, G. Y., Assen, K. Y., Shuro, A. R. (2025) GGE biplot analysis for yield performance and stability of faba bean (*Vicia faba* L.) genotypes under multi environmental condition. *Ecological Genetics and Genomics*, 34, 100325. <https://doi.org/10.1016/J.EGG.2025.100325>.

Laing, D. R., Jones, P. G., Davis, H. G. (1984) Common Bean (*Phaseolus vulgaris* L.). In: Goldsworth, R. P., & Fisher, N. M. (ed.) The physiology of tropical field crops. New York: John Willey, p. 305-351.

Lavin, M., Herendeen, P. S., Wojciechowski, M. F. (2005) Evolutionary rates analysis of Leguminosae implicates a rapid diversification of lineages during the Tertiary. *Systematic Biology*, 54(4), 575–594. <https://doi.org/10.1080/10635150590947131>.

Lima, T. V., Santos, P. R., Oliveira, T. R. A., Nascimento, M. R., Costa, K. D. S., Costa, A. F., Silva, K. R. G., Oliveira, T. L. P., Araújo, E. R., Silva, J. W. (2020) Adaptability and stability of early carioca beans by mixed models. *Bioscience Journal*, 36(1), 173-182. <https://doi.org/10.14393/BJ-v36n0a2020-48288>.

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>.

Martins, G., Wander, A. E. (2023) Mapeamento da cadeia produtiva do feijão-comum no Brasil Mapping the common beans production chain in Brazil. *Revista Economia Política Desenvolvimento*, 14(32), 96–122. <https://doi.org/10.28998/2594-598X.2023v14n32p96-122>.

Martins Filho, J. B., Dantas, T. A. G., Moraes, C. S. B., Freitas, C. A. S. (2022) Demanda hídrica atual e futura de grãos no Município de Sobral-CE / Current and future grain water demand in the Municipality of Sobral-CE. *Brazilian Journal of Development*, 8(4), 22775–22791. <https://doi.org/10.34117/bjdv8n4-004>.

Melo, G. G., Santos, P. R., Gonçalves, R. J. S., Nascimento, M. R., Costa, A. F., Silva, J. W. (2022) Adaptability and stability of carioca bean pre-cultivars in Agreste-Sertão Pernambucano. *Revista Brasileira de Ciências Agrárias*, 17(3), e1697. <https://doi.org/10.5039/agraria.v17i3a1697>.

Melo, L. C. (2009) *Procedimentos para Condução de Experimentos de Valor de Cultivo e Uso em Feijoeiro Comum*. Santo Antônio de Goiás: Embrapa Arroz e Feijão, 104 p.

Melo, L. C., Pereira, H. S., Faria, L. C., Aguiar, M. S., Costa, J. G. C., Wendland, A., Díaz, J. L. C., Carvalho, H. W. L., Costa, A. F., Almeida, V. M., Melo, C. L. P., Ito, M., Magaldi, M. C. S., Souza, N. P., Souza, T. L. P. O. (2019) BRS FC104 – Super-early carioca seeded common bean cultivar with high yield potential. *Crop Breeding and Applied Biotechnology*, 19(4), 471-475. <https://doi.org/10.1590/1984-70332019v19n4c67>.

Melo, L. C., Souza, T. L. P. O, Aguiar, M. S., Faria, L. C., Costa, J. G. C., Torga, P. P., Guimarães, C. M., Carvalho, H. W. L., Almeida, V. M., Pontes Júnior, V.A., Pereira, H.S. (2024) BRS FC422: Common bean cultivar with large carioca bean grain and resistance to diseases. *Functional Plant Breeding Journal*, 6(6), 1-7. <http://dx.doi.org/10.35418/2526-4117/v6a06>.

Melo, P. G. S., Alvares, R. C., Pereira, H. S., Braz, A. J. B. P., Faria, L. C., Melo, L. C. (2018) Adaptability and stability of common bean genotypes in family farming systems. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, 53(2), 189–196. <https://doi.org/10.1590/S0100-204X2018000200007>.

Naroui Rad, M. R., Bakhshi, B. (2021) GGE biplot tool to identify melon fruit weight stability under different drought conditions. *International Journal of Vegetable Science*, 27(3), 220–230. <https://doi.org/10.1080/19315260.2020.1805538>.

Nascimento, M. R., Daher, R. F., Santos, P. R., Souza, A. G. (2022) Adaptability and stability of black and purple bean genotypes. *Pesquisa Agropecuária Tropical*, 52, e71631. <https://doi.org/10.1590/1983-40632022v5271631>.

Nascimento, M. R., Santos, P. R., Costa, A. F., Daher, R. F., Oliveira, T. R. A., Souza, A. G., Costa, K. D. S., Silva, K. R. G., Araújo, E. R., Santana, S. R. A., Silva, J. W. (2023) Genotypic selection of pre-cultivars of carioca and early carioca beans for the Agreste-Sertão of Pernambuco, Brazil. *Ciência Rural*, 53(6), e20220031. <https://doi.org/10.1590/0103-8478cr20220031>.

Negash, K., Tumsa, K., Amsalu, B., Gebeyehu, S., Atero, B., Assefe, S., Teso, B., Arega, A., Rezene, Y. (2017) Grouping of Environments for Testing Navy Bean in Ethiopia. *Ethiop. J. Agric. Sci.*, 27(2). Disponível em:

<https://www.ajol.info/index.php/ejas/article/view/156185>. Acesso em 01 de maio de 2025.

Oliveira, T. R. A., Carvalho, H. W. L., Oliveira, G. H. F., Costa, E. F. N., Gravina, G. A., Santos, R. D., Carvalho Filho, J. L. S. (2019) Hybrid maize selection through GGE biplot analysis. *Bragantia*, 78(2), 166–174. <https://doi.org/10.1590/1678-4499.20170438>.

Patterson, H. D., Thompson, R. (1971) Recovery of Inter-Block Information When Block Size Are Unequal. *Biometrika*, 58(3), 545-554. <https://doi.org/10.2307/2334389>
 Pereira, A. (2016). Plant abiotic stress challenges from the changing environment. *Frontiers in Plant Science*, 7. <https://doi.org/10.3389/fpls.2016.01123>.

Pereira, H. S., Alvares, R. C., Melo, L. C., Costa, A. F., Carvalho, H. W. L., Faria, L. C., Souza, T. L. P. O. (2016) Genotype by environment interaction of “carioca” seeded common bean advanced lines in northeastern Brazil. *Semina: Ciências Agrárias*, 37(4), 1745–1756. <https://doi.org/10.5433/1679-0359.2016v37n4p1745>.

Pereira, H. S., Souza, T. L. P. O., Aguiar, M. S., Faria, L. C., Costa, J. G. C., Torga, P. P., Martins, S. M., Guimarães, C. M., Almeida, V. M., Melo, L.C. (2024) ‘BRS FC416’: carioca common bean cultivar with high commercial quality of grain and resistance to *Fusarium* wilt, anthracnose, and common bacterial blight. *Functional Plant Breeding Journal*, 6(3), 1-7. <http://dx.doi.org/10.35418/2526-4117/v6a03>.

Pereira, H. S., Souza, T. L. P. O., Faria, L. C., Aguiar, M. S., Costa, J. G. C., Diaz, J. L. C., Magaldi, M. C. S., Souza, N. P., Knupp, A. M., Carvalho, H. W. L., Costa, A. F., Melo, C. L. P., Almeida, V. M., Melo, L. C. (2022) BRS FC409: Common bean cultivar with high nutritional value and *fusarium* and *curtobacterium* wilt resistance. *Functional Plant Breeding Journal*, 4(1), 101-107. <http://dx.doi.org/10.35418/2526-4117/v4n1a10>.

Pereira, M. G., Catarina, R. S., Ribeiro, E. H., Miranda, J. M. (2018a). UENF 2014: a new common bean cultivar. *Crop Breeding and Applied Biotechnology*, 18(1), 126-129. <https://doi.org/10.1590/1984-70332018v18n1c16>.

Pereira, M. G., Ribeiro, E. H., Catarina, R. S., Miranda, J. M. (2018b) 'UENF Rioparaíba': a new common bean cultivar. *Crop Breeding and Applied Biotechnology*, 18(4), 437-439. <https://doi.org/10.1590/1984-70332018v18n4c64>.

Pesagro-Rio. (1995). *Xamego: feijão preto de porte ereto e alta produtividade*. Niterói: Pesagro-Rio. (Pesagro-Rio. Folder).

Pimentel-Gomes, F. (2022) *Curso de Estatística Experimental*. 15. ed. Piracicaba: FEALQ, 451p.

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>.

R Core Team. (2021) *R: A language and environment for statistical computing*. R Foundation for Statistical Computing. <https://www.R-project.org/>.

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, p. 365-456.

Resende, M. D. V. (2002) *Genética biométrica e estatística no melhoramento de plantas perenes*. Brasília: Embrapa Informação Tecnológica, 975 p.

Resende, M. D. V. (2004) *Métodos estatísticos ótimos na análise de experimentos de campo*. Colombo: Embrapa Florestas, 57 p.

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

Resende, M. D. V. (2009) *Genética biométrica e estatística no melhoramento de plantas perenes*. Colombo: Embrapa Florestas, 975 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. <http://dx.doi.org/10.1590/1984-70332016v16n4a49>.

Resende, M. D. V., Duarte, J. B. (2007) Precisão e controle de qualidade em experimentos de avaliação de cultivares. *Pesquisa Agropecuária Tropical*, 37(3), 182-194. Disponível em: <https://revistas.ufg.br/pat/article/view/1867>. Acesso em 01 de maio 2025.

Rezene, Y. (2019) GGE-Biplot Analysis of Multi-Environment Yield Trials of Common Bean (*Phaseolus vulgaris* L.) in the southern Ethiopia. *Journal of Plant Studies*, 8(1). <https://doi.org/10.5539/jps.v8n1p35>.

Rocha, M. D. M., Vello, N. A. (1999) Interação genótipos e locais para rendimento de grãos de linhagens de soja com diferentes ciclos de maturação. *Bragantia*, 58(1), 69-81. <https://doi.org/10.1590/S0006-87051999000100009>.

Rocha, R. S., Santos, P. R., Oliveira, T. R. A., Daher, R. F., Nascimento, M. R., Souza, A. G., Oliveira, L. J. S., Silva, K. R. G., Costa, K. D. S., Costa, A. F., Santos, H. P. (2020) Estimation of adaptability and stability of early strains of “Carioca” and black beans (*Phaseolus vulgaris*) in Pernambuco State, Brazil. *Australian Journal of Crop Science*, 14(2), 1835–2707. <https://doi.org/10.21475/ajcs.20.14.02.p2121>.

Santos, A. dos, Amaral Júnior, A. T. do, Kurosawa, R. do N. F., Gerhardt, I. F. S., Fritsche Neto, R. (2017) GGE Biplot projection in discriminating the efficiency of popcorn lines to use nitrogen. *Ciência e Agrotecnologia*, 41(1), 22–31. <https://doi.org/10.1590/1413-70542017411030816>.

Santos, F., Marza, F. (2020) Selection of forage oat genotypes through GGE Biplot and BLUP 1. *BioRxiv*. <https://doi.org/10.1101/2020.03.10.986422>.

Santos, J. B., Gavilanes, M. L., Vieira, R. F., Pinheiro, L. R. (2015) Botânica. In: Carneiro, J. E. S., Paula Júnior, T. J., Borém, A. (ed.) Feijão: do plantio à colheita. Viçosa: Editora UFV, p. 37-66.

Santos, P. R., Costa, K. D. S., Nascimento, M. R., Lima, T. V., Souza, Y. P., Costa, A. F., Silva, J. W. (2018) Simultaneous selection for yield, stability, and adaptability of carioca and black beans. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, 53(6), 736–745. <https://doi.org/10.1590/S0100-204X2018000600010>.

Santos, P. R., Oliveira, T. R. A., Skeen, P., Nascimento, M. R., Silva Costa, K. D., Araújo, E. R., Pereira, H. S., Costa, A. F. (2019) GGE Biplot and REML/BLUP based-analysis of yield stability and adaptability for common beans in multi-environment trials. *Revista Brasileira de Ciências Agrárias*, 14(2), 1–8. <https://doi.org/10.5039/agraria.v14i2a5657>.

Scapim, C. A., Pacheco, C. A. P., Amaral Junior, A. T., Vieira, R. A., Pinto, R. J. B., Conrado, T. V. (2010) Correlations between the stability and adaptability statistics of popcorn cultivars. *Euphytica*, 174(2), 209-218. <https://doi.org/10.1007/s10681-010-0118-y>.

Schmutz, J., McClean, P. E., Mamidi, S., Wu, G. A., Cannon, S. B., Grimwood, J., Jackson, S. A. (2014) A reference genome for common bean and genome-wide analysis of dual domestications. *Nature genetics*, 46, 707-713. <https://doi.org/doi:10.1038/ng.3008>.

Schoonhoven, A. V., Voysest, O. (1991) *Common beans: research for crop improvement*. Cali: CIAT, CAB International, 980 p.

Sebbenn, A. M., Siqueira, A. C. M. F., Kageyama, P. Y., Machado, J. A. R. (1998) Parâmetros genéticos na conservação da cabreúva – *Myroxylon peruiferum* L.F. Allemão. *Scientia Forestalis*, 53, 31-38. Disponível em: <https://www.ipef.br/publicacoes/scientia/nr53/cap3.pdf>. Acesso em 01 de maio de 2025.

Silva, A. C. F., Melo, P. G. S., Melo, L. C., Bassinello, P. Z., Pereira, H. S. (2013) Eficiência de métodos de melhoramento para teor de fibra e produtividade de grãos em progênies de feijoeiro comum. *Bragantia*, 72(4), 326-331. <https://doi.org/10.1590/brag.2013.046>.

Silva, C. A., Abreu, A. F. B., Ramalho, M. A. P. (2013) Genetic control of zinc and iron concentration in common bean seeds. *African Journal of Agricultural Research*, 11(8), 1001-1008. <https://doi.org/10.5897/AJAR12.2172>.

Silva, F. C., Martins, S. M., Pereira, H. S., Melo, P. G. S., Melo, L. C. (2023) Strategies for the selection of common bean lines for yield and commercial grain quality. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, 58, 1-9. DOI: <https://doi.org/10.1590/S1678-3921.pab2023.v58.03403>.

Silva, J. S., Alcântara Neto, F. (2022) Yield of soybean genotypes identified through GGE biplot and path analysis. *PLOS ONE*, 17(10), e0274726. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0274726>.

Singh, S. P., Gepts, P., Debouck, D. G. (1991). Races of common bean (*Phaseolus vulgaris*, Fabaceae). *Economic Botany*, 45:379-396. <https://doi.org/10.1007/BF02887079>.

Sousa, M. B. E., Damasceno-Silva, K. J., Rocha, M. D. M., Menezes Júnior, J. A. N., Lima, L. R. L. (2018) Genotype by environment interaction in cowpea lines using GGE biplot method. *Revista Caatinga*, 31(1), 64–71. <https://doi.org/10.1590/1983-21252018v31n108rc>.

Souza, A. G., Daher, R. F., Nascimento, M. R., Souza Filho, B. F., Melo, L. C., Gravina, G. A., Ambrósio, M., 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), e20230069. <http://doi.org/10.1590/0103-8478cr20230069>.

Souza, A. G., Daher, R. F., Santana, J. G. S., Ambrosio, M., Nascimento, M. R., Vidal, A. K. F., Souza Filho, B. F., Melo, L., Gravina, G. A., Santos, R. M., Leite, C. L., Farias, J. E. C., Stida, W. F., Rocha, R. S. (2023) Adaptability and stability of black bean genotypes for Rio de Janeiro, by GGE biplot analysis. *Crop Breeding and Applied Biotechnology*, 23(2), 1–8. <https://doi.org/10.1590/1984-70332023v23n2a15>.

Souza, T. L. P. O., Pereira, H. S., Peloso, M. J. D., Faria, L. C., Costa, J. G. C., Wendland, A., Díaz, J. L. C., Magaldi, M. C. S., Aguiar, M. S., Carvalho, H. W. L., Souza Filho, B. F., Melo, C. L. P., Costa, A. F., Almeida, V. M., Posse, S. C. P., Melo, L. C. (2019) BRS FP403: high-yielding black-seeded common bean cultivar with superior grain quality and moderate resistance to *fusarium* wilt. *Crop Breeding and Applied Biotechnology*, 19(2), 240-244. <https://doi.org/10.1590/1984-70332019v19n2c34>.

Souza, Y. P., Santos, P. R., Nascimento, M. R., Costa, K. D. S., Lima, T. V., Oliveira, T. R. A., Costa, A. F., Pereira, H. S., Silva, J. W. (2018) Assessing the genotypic performance of carioca beans through mixed models. *Ciência Rural*, 48(7), e20170761. <http://dx.doi.org/10.1590/0103-8478cr20170761>.

Souza Filho, B. F. (1985) *Indicação de novas cultivares de feijão para o estado do Rio de Janeiro*. Niterói: Pesagro-Rio, 4 p. (Pesagro-Rio. Comunicado técnico, 146).

Souza Filho, B. F., Andrade, M. J. B. (1981) *Indicação de cultivares de feijão para o Norte Fluminense*. Niterói: Pesagro-Rio, 3 p. (Pesagro-Rio. Comunicado técnico, 100).

Souza Filho, B. F., Fernandes, G. M. B., Andrade, M. J. B., Araújo, G. A. A., Vieira, C. (1991) *Ouro Negro e Varre-Sai: novas cultivares de feijão para o estado do Rio de Janeiro*. Niterói: Pesagro-Rio, 2 p. (Pesagro-Rio. Comunicado técnico, 211).

Steel, R. G. D., Torrie, J. H., Dickey, D. A. (1997) *Principles and procedures of statistics: a biometrical approach*. Nova York: McGraw-Hill Science, Engineering & Mathematics, 666 p.

Taiz, L., Moller, I. M., Murphy, A., Zeiger, E. (2024) *Fisiologia e desenvolvimento vegetal*. 7. ed. Porto Alegre: Editora Artmed, 864 p.

Vencovsky, R. (1978) Herança quantitativa. In: Paterniani, E. (ed.) *Melhoramento e produção de milho no Brasil*. Piracicaba: Fundação Cargill.

Vencovsky, R., Barriga, P. (1992) *Genética biométrica no fitomelhoramento*. Ribeirão Preto: Sociedade Brasileira de Genética, 496 p.

Viana, A. P., Resende, M. D. V. (2014) *Genética quantitativa no melhoramento de fruteiras*. Rio de Janeiro: Interciência, 296 p.

Vieira, C. (1988) *Phaseolus*: Genetic Resources and breeding in Brazil. *In*: Gepts, P. (ed.) *Resources of Phaseolus Beans*, p. 467-483.

Vieira, C., Paula Júnior, T. J., Borém, A. (2013) *Feijão*. 2. ed. Viçosa: Editora UFV, 600 p.

Wricke, G. (1965) Zur berechnung der okovalenz bei sommerweizen und hafer. *Zeitschrift Pflanzenzuchtg*, 52, 127-138.

Yan, W. (2001) SOFTWARE GGEbiplot-A Windows Application for Graphical Analysis of Multienvironment Trial Data and Other Types of Two-Way Data. *Agronomy Journal*, 93, 1111–1118. <http://www.ptinet>.

Yan, W. (2014) *Crop Variety Trials: Data Management and Analysis*. Hoboken: Wiley-Blackwell, 360 p.

Yan, W. (2011) GGE Biplot vs. AMMI Graphs for Genotype-by-Environment Data Analysis. *Journal of the India Society of Agricultural Statistics*, 65(2), 181-193. Disponível em: https://www.researchgate.net/publication/304347399_GGE_biplot_vs_AMMI_graphs_for_genotype-by-environment_data_analysis. Acesso em 01 de maio de 2025.

Yan, W., Frégeau-Reid, J., Pageau, D., Martin, R. (2016) Genotype-by-environment interaction and trait associations in two genetic populations of oat. *Crop Science*, 56(3), 1136–1145. <https://doi.org/10.2135/CROPSCI2015.11.0678>.

Yan, W., Holland, J. B. (2010) A heritability-adjusted GGE biplot for test environment evaluation. *Euphytica*, 171(3), 355–369. <https://doi.org/10.1007/s10681-009-0030-5>.

Yan, W., Hunt, L. A., Sheng, Q., Szlavniks, Z. (2000) Cultivar Evaluation and Mega-Environment Investigation Based on the GGE Biplot. *Crop Science*, 40(3), 597–605. <https://doi.org/10.2135/CROPSCI2000.403597X>.

Yan, W., Kang, M. S. (2003) *GGE biplot analysis: a graphical tool for breeders, geneticists, and agronomists*. Boca Raton: CRC Press LLC, 286 p.

Yan, W., Kang, M. S. (2019) *GGE biplot analysis: A graphical tool for breeders, geneticists, and agronomists*. Boca Raton: CRC Press. 286p.

Yan, W., Kang, M. S., Ma, B., Woods, S., Cornelius, P. L. (2007) GGE biplot vs. AMMI analysis of genotype-by-environment data. *Crop Science*, 47(2), 643–655. <https://doi.org/10.2135/cropsci2006.06.0374>.

Yan, W., e Rajcan, I. (2002) Biplot analysis of test sites and trait relations of soybean in Ontario. *Crop Science*, 42, 11–20.

Yan, W., Tinker, N. A. (2006) Biplot analysis of multi-environment trial data: Principles and applications. *Canadian Journal of Plant Science*, 86(3), 623–645. <https://doi.org/10.4141/P05-169>.

Yates, F., Cochran, W. G. (1938) The analysis of groups of experiments. *The Journal of Agricultural Science*, 28(4), 556-580. <http://dx.doi.org/10.1017/S0021859600050978>.

Yemer, G. K., Bisewur, E. A., Yirga, M. T., Mekonnen, E. W., Goshu, A. D., Seid, N. A., Sisay, A. T., Gedamu, A. M., Demelash, F. S. (2022) Performance Evaluation of Small white Common Bean Genotypes in Eastern Amhara, Ethiopia. *Agro Bali: Agricultural Journal*, 5(3), 392–402. <https://doi.org/10.37637/ab.v5i3.948>.

Yokomizo, G. K. I., Farias Neto, J. T., Hongyu, K., Oliveira, M. D. S. P. (2017) Análise GGE biplot na avaliação de características de cachos em Açaizeiros da região Amazônica. *Mundo Amazônico*, 8(1). <https://doi.org/10.15446/ma.v8n1.63456>.

Zanella, R., Meira, D., Zdziarski, A. D., Brusamarello, A. P., Oliveira, P. H., Benin, G. (2019) Performance of common bean genotypes as a function of growing seasons and technological input levels¹. *Pesquisa Agropecuária Tropical*, 49, e54989. <https://doi.org/10.1590/1983-40632019V4954989>.

Zobel, R. W., Wright, M. J., Gauch, H.G. (1988) Statistical analysis of a yield trial. *Agronomy Journal*, 80(3), 388-393. <https://doi.org/10.2134/agronj1988.00021962008000030002x>.

Zuffo, A. M., Steiner, F., Aguilera, J. G., Teodoro, P. E., Teodoro, L. P. R., Busch, A. (2020) Multi-trait stability index: A tool for simultaneous selection of soya bean genotypes in drought and saline stress. *Journal of Agronomy and Crop Science*, 206(6), 815–822. <https://doi.org/10.1111/jac.12409>.

APÊNDICE

Tabela suplementar 1. Resumo da análise de variância individual para a característica produtividade, em kg ha⁻¹, em seis ambientes com doze genótipos de feijão preto avaliados no estado do Rio de Janeiro nos anos de 2016 e 2017.

Fonte de variação	GL	Quadrado Médio					
		Ambientes					
		I	II	III	IV	V	VI
Blocos	2	16.944,44	1.302,08	139.114,58	31.267,19	163.815,80	85.154,34
Genótipos	11	69.827,97**	69.393,94**	340.246,21**	105.867,47**	318.450,55**	598.444,49**
Resíduos	22	12.133,84	11.377,84	73.281,25	21.710,94	79.466,37	33.189
Média		1.528,47	1.183,33	2.479,17	1.526,04	2.760,76	3.256,18
CVg (%)		9,07	11,75	12,03	10,98	10,22	13,33
CVe (%)		7,21	9,01	10,92	9,65	10,21	5,59
CVg/Cve		1,26	1,3	1,1	1,14	1	2,38

** : significativo a 1% de probabilidade pelo teste F, respectivamente. Ambiente 1: Campos dos Goytacazes – 2016; Ambiente 2: Macaé I – 2016; Ambiente 3: Macaé II – 2016; Ambiente 4: Campos dos Goytacazes – 2017; Ambiente 5: Itálva – 2017; Ambiente 6: Macaé – 2017.

Tabela suplementar 2. Estimativas de produtividade de grãos, em kg ha⁻¹, de doze genótipos de feijão-comum preto, avaliados em seis ambientes do estado do Rio de Janeiro nos anos de 2016 e 2017.

Genótipos	Ambientes					
	I	II	III	IV	V	VI
BRS FP403	1.508,33 Da	1.508,33 Da	2.925 Ba	1.812,67 Da	2.597 Cb	3.945,33 Aa
BRS Esteio	1.625 Ca	1.241,67 Da	2.850 Ba	1.827,67 Ca	2.807,67 Ba	3.909,33 Aa
IPR Tuiuiu	1.500 Ca	1.283,33 Ca	2.266,67 Bb	1.381 Cb	2.014,33 Bc	3.057,67 Ac
IPR Uirapuru	1.441,67 Ca	1.050 Ca	1.808,33 Bc	1.293,67 Cb	2.569,33 Ab	2.850,33 Ac
CNFP 15670	1.491,67 Da	1.308,33 Da	2.216,67 Cb	1.518 Db	2.636 Bb	2.965,33 Ac
CNFP 15676	1.800 Ca	1.208,33 Da	2.575 Ba	1.208,67 Db	3.258 Aa	2.796 Bc
CNFP 15678	1.600 Ba	908,33 Ca	2.650 Aa	1.504,33 Bb	2.762,67 Aa	2.886 Ac
CNFP 15681	1.725 Ca	1.108,33 Da	2.300 Bb	1.488,67 Cb	3.039,67 Aa	2.927 Ac
CNFP 15684	1.550 Ca	1.225 Ca	2.766,67 Ba	1.531 Cb	3.072,67 Ba	3.489,33 Ab
CNFP 15685	1.508,33 Ca	1.183,33 Da	2.558,33 Ba	1.554,33 Cb	2.942,67 Aa	3.031 Ac
CNFP 15695	1.225 Ea	1.091,67 Ea	2.116,67 Cb	1.483,67 Db	2.903,67 Ba	3.919,33 Aa
CNFP 15697	1.366,67 Da	1.083,33 Da	2.716,67 Ba	1.711,67 Ca	2.528,67 Bb	3.300,33 Ac

Médias seguidas pela mesma letra maiúscula na linha e mesma letra minúscula na coluna pertencem ao mesmo grupo pelo algoritmo de Scott-Knott (1974) ao nível de 5 % de probabilidade. Ambiente 1: Campos dos Goytacazes – 2016; Ambiente 2: Macaé I – 2016; Ambiente 3: Macaé II – 2016; Ambiente 4: Campos dos Goytacazes – 2017; Ambiente 5: Italva – 2017; Ambiente 6: Macaé – 2017.

Tabela suplementar 3. Estimativas das interações complexas (%C) em seis ambientes com doze genótipos de feijão preto avaliados no estado do Rio de Janeiro nos anos de 2016 e 2017.

Ambientes	Interações complexas (%)
1 x 2	95,90
1 x 3	55,61
1 x 4	107,85
1 x 5	49,05
1 x 6	82,32
2 x 3	53,92
2 x 4	77,41
2 x 5	86,63
2 x 6	35,77
3 x 4	37,77
3 x 5	88,55
3 x 6	70,54
4 x 5	93,62
4 x 6	22,10
5 x 6	96,04

Tabela suplementar 4. Médias gerais e índices ambientais, referente produtividade de grãos, em kg ha⁻¹, de doze genótipos de feijão preto, avaliados no estado do Rio de Janeiro nos anos de 2016 e 2017.

Ambientes	Média	Índice ambiental	Classificação
1	1.528,47	-593,85	Desfavorável
2	1.183,33	-938,99	Desfavorável
3	2.479,17	356,84	Favorável
4	1.526,04	-596,28	Desfavorável
5	2.760,76	638,44	Favorável
6	3.256,18	1133,85	Favorável
Média	2.122,33		

Ambiente 1: Campos dos Goytacazes – 2016; Ambiente 2: Macaé I – 2016; Ambiente 3: Macaé II – 2016; Ambiente 4: Campos dos Goytacazes – 2017; Ambiente 5: Italva – 2017; Ambiente 6: Macaé – 2017.

Tabela suplementar 5. Estimativas dos coeficientes de regressão, desvios de regressões e coeficiente de determinação (R^2) segundo o método de Eberhart e Russell (1966) e Ecovalência, segundo o método de Wricke (1965), para a característica produtividade, em kg ha^{-1} , avaliada em seis ambientes com doze genótipos de feijão preto no estado do Rio de Janeiro nos anos de 2016 e 2017.

Genótipos	Eberhart e Russell (1966)				Wricke (1965)	
	$\hat{\beta}_{0i}$	$\hat{\beta}_{1i}$	$\hat{\sigma}_{di}^2$	$R^2(\%)$	ω_i	$\omega_{i(\%)}$
BRS FP403	2.382,64	1,11 ^{ns}	97.470,96**	90,48	1.445.042,56	12,89
BRS Esteio	2.376,81	1,18**	30.101,68*	96,50	843.396,38	7,53
IPR Tuiuiu	1.917,08	0,77**	49.199,64**	89,19	1.263.556,45	11,27
IPR Uirapuru	1.835,42	0,85*	27.652,49*	93,85	711.817,56	6,35
CNFP 15670	2.022,50	0,83**	-7.066,97 ^{ns}	99,02	379.682,31	3,39
CNFP 15676	2.140,83	0,95 ^{ns}	145.411,56**	82,98	1.923.258,70	17,16
CNFP 15678	2.051,81	0,96 ^{ns}	40.367**	93,68	653.174,15	5,83
CNFP 15681	2.097,92	0,92 ^{ns}	46.332,47**	92,37	780.849,85	6,97
CNFP 15684	2.272,36	1,1498*	-6.665,27 ^{ns}	99,46	303.834,57	2,71
CNFP 15685	2.129,58	0,97 ^{ns}	8.910,03 ^{ns}	97,34	272.872,07	2,43
CNFP 15695	2.123,19	1,29**	86.496,89**	93,50	2.080.801,58	18,57
CNFP 15697	2.117,78	1,02 ^{ns}	32.560,79**	95,12	548.591,69	4,90

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

Tabela suplementar 6. Parâmetros de adaptabilidade e estabilidade segundo o método de Cruz et al. (1989) para a característica produtividade, em kg ha⁻¹, avaliada em seis ambientes com doze genótipos de feijão preto no estado do Rio de Janeiro nos anos de 2016 e 2017.

Genótipos	$\hat{\beta}_{0i}$	MD	MF	$\hat{\beta}_{1i}$	$\hat{\beta}_{1i} + \hat{\beta}_{2i}$	$\hat{\sigma}_{di}^2$	R ² (%)
BRS FP403	2.382,64	1.609,72	3.155,56	1,13ns	2,32*	396.009,01**	91,46
BRS Esteio	2.376,81	1.564,72	3.188,89	2,34*	2,26*	144.660,24*	97,06
IPR Tuiuiu	1.917,08	1.388,06	2.446,11	-4,07**	0,70 ^{ns}	202.278,54**	91,19
IPR Uirapuru	1.835,42	1.261,67	2.409,17	-2,93**	1,24 ^{ns}	107.268,77*	95,93
CNFP 15670	2.022,50	1.439,17	2.605,83	-2,87**	-0,35 ^{ns}	19.476,62 ^{ns}	99,17
CNFP 15676	2.140,83	1.405,56	2.876,11	0,49 ^{ns}	-4,19**	411.951,65**	88,93
CNFP 15678	2.051,81	1.337,50	2.766,11	0,44 ^{ns}	-3,45**	62.373,02 ^{ns}	98,15
CNFP 15681	2.097,92	1.440,56	2.755,28	-0,94 ^{ns}	-1,53 ^{ns}	218.964,32**	92,94
CNFP 15684	2.272,36	1.435,28	3.109,44	2,68**	-0,39 ^{ns}	6.681,34 ^{ns}	99,85
CNFP 15685	2.129,58	1.415,28	2.843,89	0,10 ^{ns}	-2,16*	30.648,95 ^{ns}	99,06
CNFP 15695	2.123,19	1.266,67	2.979,72	3,04**	6,33**	60.822,58 ^{ns}	99,01
CNFP 15697	2.117,78	1.387,22	2.848,33	0,57 ^{ns}	-0,77 ^{ns}	171.024,08**	95,41

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

Tabela suplementar 7. Correlações de Spearman entre os parâmetros de estabilidade e adaptabilidade e média para a característica produtividade, em kg ha⁻¹, avaliada em seis ambientes com doze genótipos de feijão preto no estado do Rio de Janeiro nos anos de 2016 e 2017.

	$\hat{\beta}_{0i}$	Eberhart e Russel (1966)			Wricke (1965)		Cruz et al. (1989)					
		$\hat{\beta}_{1iE\&R}$	$\hat{\sigma}_{diE\&R}^2$	R ² (%)	ω_i	$\omega_{i(\%)}$	MD	MF	$\hat{\beta}_{1iC}$	$\hat{\beta}_{1i} + \hat{\beta}_{2i}$	$\hat{\sigma}_{diC}^2$	R ² (%)
$\hat{\beta}_{0i}$	1	0,77**	0,08 ^{ns}	0,06 ^{ns}	0,17 ^{ns}	0,17 ^{ns}	0,60*	0,95**	0,79**	0,11 ^{ns}	0,14 ^{ns}	0,02 ^{ns}
$\hat{\beta}_{1iE\&R}$		1	-0,11 ^{ns}	0,24 ^{ns}	0,14 ^{ns}	0,14 ^{ns}	0,15 ^{ns}	0,89**	0,96**	0,34 ^{ns}	-0,19 ^{ns}	0,32 ^{ns}
$\hat{\sigma}_{diE\&R}^2$			1	-0,93**	0,86**	0,86**	0,04 ^{ns}	0,09 ^{ns}	0,03 ^{ns}	0,06 ^{ns}	0,74**	-0,73*
R ² (%)				1	-0,82**	-0,82**	0,11 ^{ns}	0,09 ^{ns}	0,17 ^{ns}	0,02 ^{ns}	-0,85**	0,88**
ω_i					1	1,00 ^{ns}	-0,05 ^{ns}	0,24 ^{ns}	0,22 ^{ns}	0,41 ^{ns}	0,66*	-0,65*
$\omega_{i(\%)}$						1	-0,05 ^{ns}	0,24 ^{ns}	0,22 ^{ns}	0,41 ^{ns}	0,66*	-0,65 ^{ns}
MD							1	0,46 ^{ns}	0,17 ^{ns}	0,08 ^{ns}	0,19 ^{ns}	-0,03 ^{ns}
MF								1	0,92**	0,24 ^{ns}	0,06 ^{ns}	0,09 ^{ns}
$\hat{\beta}_{1iC}$									1	0,27 ^{ns}	-0,13 ^{ns}	0,27 ^{ns}
$\hat{\beta}_{1i} + \hat{\beta}_{2i}$										1	-0,08 ^{ns}	0,08 ^{ns}
$\hat{\sigma}_{diC}^2$											1	-0,97**
R ² (%)												1

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