



JÚLIO AUGUSTO DE CASTRO MIGUEL

**ESTRATÉGIAS DE SELEÇÃO DE LINHAGENS DE
FEIJOEIRO PARA MULTICARACTERES**

**LAVRAS – MG
2023**

JÚLIO AUGUSTO DE CASTRO MIGUEL

**ESTRATÉGIAS DE SELEÇÃO DE LINHAGENS DE FEIJOEIRO PARA
MULTICARACTERES**

Tese apresentada à Universidade Federal de Lavras, como parte das exigências do Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento de Plantas, área de concentração em Genética e Melhoramento de Plantas, para obtenção do título de Doutor.

Prof. Dr. Vinícius Quintão Carneiro
Orientador

Profa. Dra. Elaine Aparecida de Souza
Coorientadora

Prof. Dr. Tiago de Souza Marçal
Coorientador

**LAVRAS – MG
2023**

Ficha catalográfica elaborada pelo Sistema de Geração de Ficha Catalográfica da Biblioteca
Universitária da UFLA, com dados informados pelo(a) próprio(a) autor(a).

Miguel, Júlio Augusto de Castro.

Estratégias de seleção de linhagens de feijoeiro para
multicaracteres / Júlio Augusto de Castro Miguel. - 2023.

80 p. : il.

Orientador(a): Vinícius Quintão Carneiro.

Coorientador(a): Elaine Aparecida de Souza, Tiago de Souza
Marçal.

Tese (doutorado) - Universidade Federal de Lavras, 2023.

Bibliografia.

1. *Phaseolus vulgaris* L. 2. Seleção recorrente. 3.
Melhoramento genético. I. Carneiro, Vinícius Quintão. II. Souza,
Elaine Aparecida de. III. Marçal, Tiago de Souza. IV. Título.

JÚLIO AUGUSTO DE CASTRO MIGUEL

**ESTRATÉGIAS DE SELEÇÃO DE LINHAGENS DE FEIJOEIRO PARA
MULTICARACTERES**

STRATEGIES FOR SELECTION OF BEAN LINES FOR MULTI-TRAITS

Tese apresentada à Universidade Federal de Lavras, como parte das exigências do Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento de Plantas, área de concentração em Genética e Melhoramento de Plantas, para obtenção do título de Doutor.

APROVADA em 18 de julho de 2023.

Profa. Dra. Flávia Maria Avelar Gonçalves UFLA

Prof. Dr. José Eustáquio de Souza Carneiro UFV

Dra. Jussara Mencialha UFV

Prof. Dr. Vinícius Quintão Carneiro
Orientador

Profa. Dra. Elaine Aparecida de Souza
Coorientadora

Prof. Dr. Tiago de Souza Marçal
Coorientador

**LAVRAS – MG
2023**

A Deus, pela saúde, sabedoria, por todas as oportunidades oferecidas em toda minha vida e por sempre me fortalecer nos momentos mais difíceis

OFEREÇO

A minha mãe, Maria Nunes, pelo amor e apoio em todas as etapas e por ser a minha maior fonte de inspiração.

Ao meu pai Augusto de Castro Miguel (in memoriam), pelo exemplo de honestidade.

DEDICO

AGRADECIMENTOS

A Deus, pela saúde, sabedoria, por todas as oportunidades oferecidas em toda minha vida e por sempre me fortalecer nos momentos mais difíceis.

À minha querida mãe, Maria Nunes, pelo amor e maior exemplo de força, humildade, honestidade e por sempre estar do meu lado, te amo mãe.

À minha filha, Larissa, a quem dedico especialmente este trabalho, que embora pequena em idade é grande no meu pensamento, pai te ama.

Aos meus irmãos, especialmente Gilberto, Francisca e Cassimo pelo apoio, amizade, aconselhamento, palavras de incentivo e companheirismo em vários momentos da minha vida.

Ao meu tio, Pinto, e a minha avô, Elianda, por terem contribuído na minha educação e pelo apoio moral prestado.

A toda minha família e amigos que sempre estiveram ao meu lado torcendo por mim! Obrigado, pelo apoio, pelo carinho, pelo incentivo, pelo aconselhamento e pelos momentos de alegria e lazer.

Meus sinceros agradecimentos ao Programa de Pós-graduação em Genética e Melhoramento de Plantas da Universidade Federal de Lavras, pela oportunidade, suporte e estrutura para que eu obtivesse o título de Doutor. Tenho muito orgulho em ter cursado o mestrado e doutorado nesta casa, digna de grande reconhecimento e excelência.

Ao professor Vinícius Quintão Carneiro, por ter me orientado durante o doutorado, pelos ensinamentos, paciência, confiança e por se preocupar não só com a realização dessa pesquisa, mas também na minha trajetória acadêmica, profissional e bem-estar pessoal. Fico feliz por ter feito parte do seu grupo e da sua história!

Ao professor Tiago de Souza Marçal, por ter me coorientado durante o doutorado, pela disponibilidade, paciência no dia a dia, por ter permitido que esse trabalho se torna-se realidade e pelos conhecimentos transmitidos que foram muito essenciais à minha formação acadêmica e profissional.

A professora Elaine Aparecida de Souza, por ter me coorientado no doutorado e me orientado no mestrado, desempenhou um papel importante para minha vinda no doutorado, mas também contribuiu na minha trajetória acadêmica e profissional.

Aos demais professores do programa, Flávia, Evandro, Vânia, João Cândido, José Airton, Welison, Lucimara e Magno pelos valiosos ensinamentos. Em especial, gostaria de agradecer a professora Flavia que foi muito importante para minha presença no doutorado.

A todos os colegas do programa de melhoramento de feijão da UFLA. Aos que passaram pelo programa do feijão: Rafaela, Reberth, Lorena Dumba, Everton, Domingos Fernanda, Marcos, Leticia e Aline. Aos contemporâneos: Dique, Andreza, Danilo, João Vitor, Bruno, Constantino, Guilherme, Miguel. Cada um de vocês foi, de alguma forma, muito importante durante essa jornada. Agradeço, pela harmoniosa convivência e por tornarem nosso ambiente de trabalho mais alegre e divertido. Agradeço, em especial a Rafaela, por ter contribuído e transmitido o seu saber na organização das nossas atividades em diferentes etapas, é uma excelente pessoa, muito organizada e tem um coração muito grande.

A todos os colegas e amigos do Programa de Pós-graduação em Genética e Melhoramento de Plantas, pelo apoio, amizade e pelos momentos de lazer.

A Lilian Freitas, pelos ensinamentos, pelos momentos de descontração e lazer, por ser uma pessoa tão singular e sempre disposta a ajudar. Aos funcionários do Departamento de Biologia da UFLA: Rafael (sempre disposto a ajudar), Zelia, Rafaela, Felipão, Miller e aos técnicos de campo, Leo, Edésio, Zé Carlinho, Anderson e Eduardo pelo auxílio, prazerosa convivência e amizade.

A todos os meus conterrâneos (Moçambicanos) e amigos em Lavras pela ajuda e momentos de descontração e lazer. Em especial, ao Chembeze, Zitha, Arsénio, Ivan e Nasma pelo apoio e prazerosa convivência e amizade. Agradeço, em especial a Isabel, pelo apoio moral, palavras de incentivo e companheirismo.

A Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES), pela bolsa concedida durante o curso de doutorado.

À Universidade Púnguè (UniPúnguè) pela autorização na continuação dos meus estudos.

A todos que contribuíram direta ou indiretamente para a conclusão desse trabalho e para o meu crescimento profissional nesses quatro anos, meus sinceros agradecimentos.

RESUMO GERAL

O feijão-comum (*Phaseolus vulgaris* L.), é uma cultura de grande importância no cenário agropecuário mundial. No entanto, o feijão carioca representa o tipo comercial de feijão comum mais consumido e produzido no Brasil. Devido a maior preferência pelo feijão carioca, os programas de melhoramento dessa cultura têm se dedicado na obtenção de cultivares desse grupo comercial com adaptação às diferentes condições ambientais observadas nos Estados. A seleção recorrente tem sido uma estratégia fundamental que vem sendo utilizada para alcançar esse objetivo. A Universidade Federal de Lavras (UFLA) conduz dois programas de seleção recorrente para feijão carioca, sendo um visando produtividade de grãos e outro resistência à mancha angular. Fatores como a herança quantitativa dos caracteres de importância econômica e interação genótipos por ambientes são constantes desafios encontrados pelos melhoristas na identificação de linhagens superiores. O sucesso dos programas de seleção recorrente está associado a adequada avaliação das linhagens obtidas durante todo o processo. Nessa fase final do programa, ensaios intermediários são conduzidos em maior número de locais, safras e anos no intuito de identificar aquelas linhagens com potencial para serem incluídas em ensaios de valor de cultivo e uso (VCU). Nessa etapa são avaliados caracteres como produtividade de grãos, arquitetura de plantas e resistência a patógenos. Outro desafio encontrado pelos programas de melhoramento da cultura é a seleção destas linhagens quanto a multicares em multiambientes. Assim, o objetivo desse estudo foi dividido em dois capítulos: (1) selecionar linhagens de feijão dos programas de seleção recorrente da UFLA visando produtividade de grãos e resistência a mancha angular para compor ensaios de VCU; (2) verificar a aplicabilidade de estratégias de seleção de linhagens para multicares em multiambientes baseadas em análise de fatores e índice da distância genótipo a ideótipo. Nestes trabalhos foram avaliadas 35 linhagens de feijão oriundas dos dois programas de seleção recorrente de feijão carioca da UFLA. Os caracteres avaliados foram produtividade de grãos (PG), severidade a mancha angular (MA) e arquitetura de plantas (ArQ). Os experimentos foram conduzidos em Minas Gerais, entre 2017 a 2019. No primeiro capítulo foi verificada a existência da interação linhagens por ambientes de natureza simples para MA e ArQ e de natureza complexa para PG. Baseado na análise de adaptabilidade para PG e da seleção simultânea dos caracteres foram identificadas sete linhagens com ampla adaptabilidade para PG e com potencial para compor ensaios de VCU de feijão carioca no Estado de Minas Gerais. No capítulo 2, foi comparado o resultado da seleção das 20% melhores linhagens quanto aos multicares avaliados em multiambientes por meio do emprego de metodologias de análise de fatores, índice genótipo-ideótipo e adaptabilidade conforme Annicchiarico. A análise de fatores individualmente permitiu maximizar a seleção de linhagens para grupos de avaliações com padrão semelhante de resposta das linhagens quanto a caracteres específicos. O emprego do índice genótipo-ideótipo associado a análise de fatores apresentou um equilíbrio na seleção de linhagens tanto em condição de um mesmo caráter em multiambientes quanto de multicares em multiambientes.

Palavras-chave: *Phaseolus vulgaris* L. Seleção recorrente. Melhoramento genético.

ABSTRACT

Common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) is a crop of great importance in the world agricultural scenario. However, the carioca bean represents the most consumed and produced commercial type of common bean in Brazil. Due to the greater preference for carioca bean, breeding programs for this crop have been dedicated to obtaining cultivars of this commercial group with adaptation to the different environmental conditions observed in the States. Recurrent selection has been a key strategy that has been used to achieve this goal. The Federal University of Lavras (UFLA) conducts two recurrent selection programs for carioca common beans, one targeting grain yield and the other resistance to angular leaf spot. Factors such as quantitative inheritance of economically important traits and genotype-by-environment interaction are constant challenges encountered by breeders in identifying superior lines. The success of recurrent selection programs is associated with the proper evaluation of the lines obtained throughout this process. In this final phase of the program, intermediate trials are carried out in a larger number of locations, seasons, and years in order to identify those lines with the potential to be included in trials of value for cultivation and use (VCU). At this stage, traits such as grain yield, plant architecture, and resistance to pathogens are evaluated. Another challenge faced by crop breeding programs is the selection of these lines for multi-traits in multi-environments. Thus, the objective of this study was divided into two chapters: (1) select bean lines from UFLA's recurrent selection programs aiming at grain yield and resistance to angular leaf spot to compose VCU trial; (2) to verify the applicability of lines selection strategies for multi-traits in multi-environments based on factor analysis and genotype-to-ideotype distance index. In these studies, 35 bean lines from the two recurrent selection programs for carioca beans at UFLA were evaluated. The traits evaluated were grain yield (PG), angular leaf spot severity (MA), and plant architecture (ArQ). The experiments were conducted in Minas Gerais, between 2017 and 2019. In the first chapter, the existence between lines and environments interaction of a simple nature for MA and ArQ and of a complex nature for PG was verified. Based on the analysis of adaptability for PG and the simultaneous selection of traits, seven lines with wide adaptability for PG and with the potential to compose VCU trials of carioca bean in the State of Minas Gerais were identified. In chapter 2, the result of the selection of the 20% best lines was compared in terms of the multi-traits evaluated in multi-environments through the use of methodology factor analysis, genotype-ideotype index, and adaptability according to Annichiarico. The analysis of individual factors has allowed the maximization of the selection of lines for groups of evaluations with a similar pattern of response of the lines regarding specific traits. The use of the genotype-ideotype index associated with the analysis of factors presented a balance in the selection of lines both in conditions of the same trait in multi-environments and of multi-traits in multi-environments.

Keywords: *Phaseolus vulgaris* L. Recurrent selection. Genetic breeding.

SUMÁRIO

PRIMEIRA PARTE	11
INTRODUÇÃO GERAL	11
REFERÊNCIAS	15
SEGUNDA PARTE – ARTIGOS	19
ARTIGO 1 - SELEÇÃO DE LINHAGENS DE FEIJOEIRO DOS PROGRAMAS DE SELEÇÃO RECORRENTE DA UFLA VISANDO PRODUTIVIDADE DE GRÃOS E RESISTÊNCIA À MANCHA ANGULAR.....	19
1 INTRODUÇÃO.....	20
2 MATERIAL E MÉTODOS	22
3 RESULTADOS E DISCUSSÃO	25
4 CONCLUSÃO.....	42
AGRADECIMENTOS	42
REFERÊNCIAS	42
MATERIAL SUPLEMENTAR	47
ARTIGO 2 - ESTRATÉGIAS DE SELEÇÃO DE LINHAGENS DE FEIJÃO CARIOCA PARA MULTICARACTERES EM MULTIAMBIENTES.....	51
1 INTRODUÇÃO.....	53
2 MATERIAL E MÉTODOS	54
3 RESULTADOS E DISCUSSÃO	57
3.1 Seleção de linhagens visando multiambientes	57
3.2 Seleção de linhagens visando multicaracteres e multiambientes	67
4 CONCLUSÃO.....	70
AGRADECIMENTOS	70
REFERÊNCIAS	70
MATERIAL SUPLEMENTAR	77

PRIMEIRA PARTE

INTRODUÇÃO GERAL

O feijão é uma leguminosa de grãos mais importante para o consumo humano direto no mundo (BROUGHTON et al., 2003; DE RON et al., 2016) e constitui a principal fonte de proteínas amplamente utilizada na alimentação humana em muitos países da América Latina e da África. A produção global ultrapassa 27 milhões de toneladas, das quais cerca de 11,5 milhões de toneladas são produzidas na América Latina e África, numa área aproximadamente a 12 milhões de hectares (FAOSTAT, 2023).

O feijão comum (*Phaseolus vulgaris* L.) é a espécie mais cultivada entre as demais do gênero *Phaseolus*. O Brasil é o maior produtor e consumidor mundial dessa espécie, seu cultivo é difundido em todo o território nacional, e tem sido cultivado por agricultores de alta e baixa tecnologia. A produção de feijão comum no Brasil no ano de 2022 foi de 2,3 milhões de toneladas, numa área de 1,6 milhões de hectares, alcançando uma produtividade de aproximadamente 1465 kg ha⁻¹ (EMBRAPA, 2022). O tipo comercial carioca representa aproximadamente 70% do mercado consumidor no país (LEMOS et al., 2020; PEREIRA et al., 2021). Devido a esta grande demanda por este grupo comercial, os programas de melhoramento do feijoeiro desempenham importante função ao recomendarem novas cultivares melhoradas aos produtores do País.

Vários são os exemplos de cultivares de feijão recomendadas como BRS Pérola (MAPA, 1999), BRSMG Talismã (ABREU et al., 2004), BRS Estilo (MELO et al., 2010), BRSMG Madrepérola (CARNEIRO et al., 2012), IAC Milênio (CARBONELL et al., 2014), BRSMG Uai (RAMALHO et al., 2016), BRS FC104 (MELO et al., 2019), BRS IAC 1850 (CARBONELL et al., 2019), FC406 (PEREIRA et al., 2021), IAC 2051 (CARBONELL et al., 2021), BRSMG Amuleto (MAPA, 2021), BRSMG Zape (MAPA, 2021), BRS FC415 (EMBRAPA, 2023). Um número considerável das cultivares de feijão recomendadas no Brasil foram obtidas com o emprego da seleção recorrente, que tem sido empregada de forma eficiente no melhoramento desta cultura (ALVES et al., 2015; LEMOS; ABREU; RAMALHO, 2020; LIBRELON et al., 2020; PÁDUA et al., 2021). Um dos objetivos fundamentais da seleção recorrente é a possibilidade de aumentar a frequência dos alelos favoráveis a cada ciclo de seleção (RAMALHO et al., 2012). Além disso, permite obter novas linhagens a cada ciclo seletivo.

A seleção recorrente fenotípica tem sido empregada com eficiência no melhoramento do feijoeiro para caracteres com herdabilidades mais elevadas (ABREU et al., 2019; AMARO et al., 2007; ARANTES; ABREU; RAMALHO, 2010; PIRES et al., 2014; SILVA; RAMALHO; ABREU, 2007). Contudo, para características de herdabilidade baixa, como a produtividade grãos, tem sido empregada a seleção recorrente com base na avaliação de progênies. Esta estratégia tem proporcionado ganhos promissores para os caracteres produtividade de grãos (RAMALHO; ABREU; SANTOS, 2005; LEMOS; ABREU; RAMALHO, 2020; MENEZES JÚNIOR; RAMALHO; ABREU, 2008; RIBEIRO et al., 2019, 2021).

A Universidade Federal de Lavras (UFLA) conduz a mais de 20 anos dois exemplos de sucesso de programas de seleção recorrente visando feijão de grãos carioca. Atentos ao aumento da disseminação da mancha angular no Brasil, a UFLA em parceria com a EMBRAPA conduz um programa de seleção recorrente com objetivo de desenvolver linhagens de feijão carioca que acumulem alelos de resistência à mancha angular (ARANTES; ABREU; RAMALHO, 2010; LEMOS et al., 2020; LIBRELON et al., 2020; NAY et al., 2019; REZENDE et al., 2014). Neste programa já foram conduzidos mais de 20 ciclos e ainda se observam ganhos genéticos para resistência a mancha angular e indiretos para produtividade de grãos, mantendo variabilidade genética para o caráter alvo deste programa. AMARO et al. (2007) ao empregar a seleção recorrente visando a resistência à mancha angular obteve um ganho genético de 6,4% por ciclo para este caráter e uma resposta indireta de 8,9% para produtividade de grãos até o quinto ciclo de seleção recorrente.

A UFLA também conduz a mais de 20 anos um programa de seleção recorrente visando obter linhagens de feijão carioca com maior produtividade de grãos (LEMOS et al., 2020; RAMALHO; ABREU; SANTOS, 2005; SILVA et al., 2010). Cultivares como BRSMG Talismã, BRSMG Majestoso, BRSMG Uai e BRSMG Amuleto são oriundas deste programa de seleção recorrente. MENEZES JÚNIOR; RAMALHO; ABREU, (2008); SILVA et al. (2010) observaram progresso genético de 3,1% e 26,4% para produtividade de grãos após três e oito ciclos de seleção recorrente, respectivamente.

As linhagens obtidas nos programas de seleção recorrente da UFLA são avaliadas em ensaios intermediários conduzidos em três locais, em dois anos e nas três safras de cultivo quanto a diferentes caracteres. As linhagens que se sobressaem são incluídas no Ensaio de Valor de Cultivo e Uso do Estado de Minas Gerais que são conduzidos em parceria entre UFLA, UFV, EMBRAPA e EPAMIG. O valor fenotípico das linhagens, quando avaliadas em diferentes condições ambientais, é explicado pelos valores genotípicos, ambientais e também pela

interação entre as linhagens e o ambiente (LxA). Essa interação LxA é um desafio enfrentado pelos programas de melhoramento, uma vez que este componente consiste no desempenho diferencial das linhagens ao longo dos ambientes onde são avaliadas (CRUZ; CARNEIRO; REGAZZI, 2014; ELIAS et al., 2016).

A seleção baseada em um único caráter tem sido eficaz na obtenção de linhagens superiores, mas difícil quando vários caracteres são considerados simultaneamente (CRUZ; CARNEIRO; REGAZZI, 2014; MURAKAMI; CRUZ, 2004; RAMALHO et al., 2012). Dificuldade maior é incluída se a seleção destas linhagens é realizada em condição de multicares e multiambientes. Segundo OLIVOTO et al. (2019) e ROCHA; MACHADO; CARNEIRO, (2018) a identificação de genótipos que combinem alto desempenho e estabilidade em vários caracteres tem sido uma tarefa difícil. A utilização de análises multivariadas tem-se mostrado uma alternativa para seleção quanto a várias características simultaneamente (MURAKAMI; CRUZ, 2004; SILVA et al., 2021). Entretanto, poucas são as metodologias que permitem a seleção quanto a multicares e multiambientes de forma simultânea.

Diversos trabalhos têm tratado a aplicação de índices de seleção ao melhoramento de plantas, levando a ganhos em um conjunto de caracteres simultaneamente (FRANÇA et al., 2016; JUNQUEIRA et al., 2016; KUMAR et al., 2016; OLIVOTO et al., 2019; SILVA et al., 2021). Atualmente, há vários tipos de índices de seleção, tais como, índice clássico (HAZEL, 1943; SMITH, 1936), índice com base em soma de postos (MULAMBA; MOCK, 1978), índice de seleção FAI-BLUP (ROCHA; MACHADO; CARNEIRO, 2018) e índice da distância genótipo ideótipo (CARVALHO et al., 2002).

O emprego de análises baseada em distância dos genótipos a um ideótipo tem sido utilizada no feijoeiro e outras culturas tanto na seleção de progênies (CARVALHO et al., 2023; ROCHA et al., 2019) quanto de linhagens para multicares (ALMEIDA et al., 2020; MEIER et al., 2021; ROCHA; MACHADO; CARNEIRO, 2018) assim como para estudos pormenorizados de interação genótipos por ambientes para verificar a adaptabilidade fenotípica como o método do Centroide (REZENDE et al., 2020; ROCHA et al., 2005). Ao utilizar estas metodologias, que pode envolver características que apresentam elevada correlação, há necessidade de utilizar soluções que tratam de forma adequada esse problema como análises de componentes principais ou análise de fatores. Assim, a distância obtida no índice genótipo ideótipo pode ser baseada nos escores dos componentes principais ou dos fatores.

A análise de fatores é um dos métodos multivariados que permitem tratar variáveis colineares, ou seja, que apresentam correlações de magnitude mais elevadas. Esta metodologia

permite reduzir o grande número de variáveis originais em um pequeno número de variáveis denominadas fatores que são não correlacionados (CRUZ; CARNEIRO; REGAZZI, 2014). MURAKAMI; CRUZ, (2004) propõem a utilização da análise de fatores como uma metodologia de estratificação ambiental e recomendação de cultivares visando uma única variável. Diferente desta proposição, SMITH et al. (2021) também propõe a utilização desta metodologia para realizar a estratificação ambiental baseada em um princípio denominado pelos autores como iClass. Já ROCHA et al. (2019) evidenciam que o emprego da metodologia FAI-BLUP, que é baseada na análise de fatores aplicada na seleção de multicaracterísticas em multiambientes, permite capitalizar a interação progênes x safras e, conseqüentemente pode acelerar a recomendação de cultivares de feijão superiores quanto a diferentes caracteres e mais adaptadas a diferentes condições ambientais.

Diante do exposto, o objetivo deste trabalho foi de selecionar linhagens de feijão oriundas dos programas de seleção recorrente da UFLA visando produtividade de grãos e resistência a mancha angular para compor ensaios de VCU de feijão carioca no estado de Minas Gerais. Além disso, este trabalho visa verificar a aplicabilidade de estratégias de seleção de linhagens para multicaracterística em multiambientes baseadas em análise de fatores e índice da distância genótipo ideótipo.

REFERÊNCIAS

- ABREU, A. et al. Genetic Progress after 18 Cycles of Recurrent Selection for Angular Leaf Spot Resistance in Brazil. **Bean Improvement Cooperative Meeting**, p. 80, 2019.
- ABREU, Â. F. B. et al. ‘BRSMG Talismã’: common bean cultivar with Carioca grain type. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 4, n. 3, p. 372–374, 2004.
- ALMEIDA, C. L. P. DE et al. Genotype-Ideotype distance index and multivariate analysis to select sources of anthracnose resistance in Capsicum spp. **European Journal of Plant Pathology**, v. 156, n. 1, p. 223–236, 2020.
- ALVES, A. F. et al. Genetic progress and potential of common bean families obtained by recurrent selection. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 15, n. 4, p. 218–226, 2015.
- AMARO, G. B. et al. Phenotypic recurrent selection in the common bean (*Phaseolus vulgaris* L) with carioca-type grains for resistance to the fungi *Phaeoisariopsis griseola*. **Genetics and Molecular Biology**, v. 30, n. 3, p. 584–588, 2007.
- ARANTES, L. DE O.; ABREU, Â. DE F. B.; RAMALHO, M. A. P. Eight cycles of recurrent selection for resistance to angular leaf spot in common bean. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 10, n. 3, p. 232–237, 2010.
- BROUGHTON, W. J. et al. Beans (*Phaseolus* spp.) - Model food legumes. **Plant and Soil**, v. 252, n. 1, p. 55–128, 2003.
- CARBONELL, S. A. M. et al. “IAC Milênio” - Common bean cultivar with high grain quality. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 14, n. 4, p. 273–276, 2014.
- CARBONELL, S. A. M. et al. IAC 1850: High yielding carioca common bean cultivar. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 19, n. 3, p. 378–381, 2019.
- CARBONELL, S. A. M. et al. IAC 2051: Common bean cultivar of carioca type with slow seed coat darkening. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 21, n. 2, p. 1–4, 2021.
- CARNEIRO, J. E. DE S. et al. BRSMG Madrepérola: Common bean cultivar with late-darkening Carioca grain. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 12, n. 4, p. 281–284, 2012.
- CARVALHO, P. A. DE et al. Multitrait selection in seedless grape hybrids in semiarid regions of Brazil. **Crop Science**, v. 12, n.1 p. 1-12, 2023.
- CARVALHO, C. G. P DE et al. Selection based on distances from ideotype. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 2, n. 2, p. 171-178, 2002.
- CRUZ, C. D.; CARNEIRO, P. C. S.; REGAZZI, A. J. **Modelos Biométricos Aplicados ao Melhoramento Genético**. 3a. ed. Viçosa: UFV, 2014.
- DE RON, A. M. et al. History of the common bean crop: Its evolution beyond its areas of origin and domestication. **Arbor**, v. 192, n. 779, p. 1-11, 2016.

ELIAS, A. A. et al. Half a century of studying genotype × Environment interactions in plant breeding experiments. **Crop Science**, v. 56, n. 5, p. 2090–2105, 2016.

EMBRAPA. **BRS FC415 feijão carioca**. Disponível em: <<https://www.embrapa.br/busca-de-publicacoes/-/publicacao/1151360/brs-fc415-feijao-carioca>>.

EMBRAPA. **Dados conjunturais da produção de feijão comum (Phaseolus vulgaris L.) e caupi (Vigna unguiculata (L.) Walp) no Brasil (1985 a 2021): área, produção e rendimento**. Disponível em: <<http://www.cnpaf.embrapa.br/socioeconomia/index.htm>>.

FAOSTAT. **Crops and livestock products**. Disponível em: <<https://www.fao.org/faostat/en/#data/QCL/visualize>>.

FRANÇA, Á. E. D. DE et al. Seleção simultânea em progênies de sorgo-sacarino por meio de índices de seleção. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 51, n. 10, p. 1737–1743, 2016.

HAZEL, L. N. the Genetic Basis for Constructing Selection Indexes. **Genetics**, v. 28, n. 6, p. 476–490, 1943.

JUNQUEIRA, V. S. et al. Bayesian multi-trait analysis reveals a useful tool to increase oil concentration and to decrease toxicity in *Jatropha curcas* L. **PLoS ONE**, v. 11, n. 6, p. 1–14, 2016.

KUMAR, B. et al. Selection indices to identify maize (*Zea mays* L.) hybrids adapted under drought-stress and drought-free conditions in a tropical climate. **Crop and Pasture Science**, v. 67, n. 10, p. 1087–1095, 2016.

LEMOS, R. D. C. et al. A half century of a bean breeding program in the south and alto paranaíba regions of minas gerais. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 20, n. 2, p. 1–8, 2020.

LEMOS, R. D. C.; ABREU, Â. D. F. B.; RAMALHO, M. A. P. Procedures for identification of superior progenies in successive generations of evaluation in common bean. **Scientia Agricola**, v. 77, n. 1, p. 1-7, 2020.

LIBRELON, S. S. et al. Increasing the efficiency of recurrent selection for angular leaf spot resistance in common bean. **Crop Science**, v. 60, n. 2, p. 751–758, 2020.

MAPA. **Pérola: Cultivar de feijão para o Rio Grande do Sul**. GOIÂNIA: [s.n.]. Disponível em: <<https://www.embrapa.br/busca-de-publicacoes/-/publicacao/216802/perola-cultivar-de-feijao-para-o-rio-grande-do-sul>>.

MAPA. **Quatro novas cultivares de feijão para Minas Gerais são recomendadas pela Epamig, UFV, UFLA e Embrapa**. Disponível em: <<http://www.agricultura.mg.gov.br/index.php/noticias-ci/story/4603-quatro-novas-cultivares-de-feijao-para-minas-gerais-sao-recomendadas-pela-epamig-ufv-ufla-e-embrapa?layout=print>>.

MEIER, C. et al. Genetic parameters and multiple-trait selection in wheat genotypes. **Pesquisa Agropecuária Tropical**, v. 51, p. 1-9, 2021.

MELO, L. C. et al. BRS Estilo - common bean cultivar with carioca grain, upright growth and

high yield potential. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 10, n. 4, p. 377–379, 2010.

MELO, L. C. et al. BRS FC104 – Super-early carioca seeded common bean cultivar with high yield potential. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 19, n. 4, p. 471–475, 2019.

MENEZES JÚNIOR, J. Â. N. DE; RAMALHO, M. A. P.; ABREU, Â. DE F. B. Seleção recorrente para três caracteres do feijoeiro. **Bragantia**, v. 67, n. 4, p. 833–838, 2008.

MULAMBA, N. N.; MOCK, J. J. Improvement of yield potential of the Eto Blanco maize (*Zea mays* L.) population by breeding for plant traits. **Egypt Journal of Genetics and Cytology**, v. 7, n. 1, p. 40–51, 1978.

MURAKAMI, D. M.; CRUZ, C. D. Proposal of methodologies for environment stratification and analysis of genotype adaptability. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 4, n. 1, p. 7–11, 2004.

NAY, M. M. et al. A review of angular leaf spot resistance in common bean. **Crop Science**, v. 59, n. 4, p. 1376–1391, 2019.

OLIVOTO, T. et al. Mean performance and stability in multi-environment trials II: Selection based on multiple traits. **Agronomy Journal**, v. 111, n. 6, p. 2961–2969, 2019.

PÁDUA, P. F. et al. Efficiency of a recurrent selection method to achieve resistance of common beans to *Pseudocercospora griseola* in a short period. **Ciencia e Agrotecnologia**, v. 45, p. 1-10, 2021.

PEREIRA, H. S. et al. BRS Fc406: Common Bean Cultivar With High Yield in the Rainy Season in Central Brazil. **Functional Plant Breeding Journal**, v. 3, n. 2, p. 115-120, 2021.

PIRES, L. P. M. et al. Recurrent mass selection for upright plant architecture in common bean. **Scientia Agricola**, v. 71, n. 3, p. 240–243, 2014.

RAMALHO, M. A. P. et al. **Aplicação da Genética Quantitativa no Melhoramento de Plantas Autógamas**. 1a. ed. Lavras-MG: UFLA, p. 522, 2012.

RAMALHO, M. A. P. et al. BRSMG Uai: common bean cultivar with carioca grain type and upright plant architecture CULTIVAR RELEASE. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 16, n. 16, p. 261–264, 2016.

RAMALHO, M. A. P.; ABREU, Â. D. F. B.; SANTOS, J. B. DOS. Genetic progress after four cycles of recurrent selection for yield and grain traits in common bean. **Euphytica**, v. 144, n. 1–2, p. 23–29, 2005.

REZENDE, B. A. et al. Severity evaluation methods in common bean recurrent selection programme for resistance to angular leaf spot. **Journal of Phytopathology**, v. 162, n. 10, p. 643–649, 2014.

REZENDE, W. S. et al. Half a century of studying adaptability and stability in maize and soybean in Brazil. **Scientia Agricola**, v. 78, n. 3, p. 1-9, 2020.

RIBEIRO, N. D. et al. Upright plant architecture traits and their relationship with grain yield in the selection of mesoamerican common bean lines cultivated at low altitude. **Crop Science**, v. 56, n. 1, p. 1–16, 2019.

RIBEIRO, T. et al. Recurrent selection to obtain drought-tolerant common bean progenies. **Genetics and Molecular Research**, v. 20, n. 3, p. 1-16, 2021.

ROCHA, J. R. DO A. S. DE C. et al. Selection of superior inbred progenies toward the common bean ideotype. **Agronomy Journal**, v. 111, n. 3, p. 1181–1189, 2019.

ROCHA, J. R. DO A. S. DE C.; MACHADO, J. C.; CARNEIRO, P. C. S. Multitrait index based on factor analysis and ideotype-design: proposal and application on elephant grass breeding for bioenergy. **GCB Bioenergy**, v. 10, n. 1, p. 52–60, 2018.

ROCHA, R. B. et al. Evaluation of the Centroid Method for Study of Environment Adaptability. **Ciencia Florestal**, v. 15, n. 3, p. 255–266, 2005.

SILVA, G. S. DA et al. Estimation of genetic progress after eight cycles of recurrent selection for common bean grain yield. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 10, n. 4, p. 351–356, 2010.

SILVA, F. B.; RAMALHO, M. A. P.; ABREU, Â. DE F. B. Seleção recorrente fenotípica para florescimento precoce de feijoeiro “Carioca”. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 42, n. 10, p. 1437–1442, 2007.

SILVA, L. A. et al. Multi-trait genomic selection indexes applied to identification of superior genotypes. **Bragantia**, v. 80, p. 1-13, 2021.

SMITH, A. et al. Plant Variety Selection Using Interaction Classes Derived From Factor Analytic Linear Mixed Models: Models With Independent Variety Effects. **Frontiers in Plant Science**, v. 1, p. 1–17, 2021.

SMITH, H. F. a Discriminant Function for Plant Selection. **Annals of Eugenics**, v. 7, n. 3, p. 240–250, 1936.

SEGUNDA PARTE – ARTIGOS

ARTIGO 1 - SELEÇÃO DE LINHAGENS DE FEIJOEIRO DOS PROGRAMAS DE SELEÇÃO RECORRENTE DA UFLA VISANDO PRODUTIVIDADE DE GRÃOS E RESISTÊNCIA À MANCHA ANGULAR

Artigo redigido conforme as normas da Crop Breeding and Applied Biotechnology. (**versão preliminar**).

Seleção de linhagens de feijoeiro dos programas de seleção recorrente da UFLA visando produtividade de grãos e resistência à mancha angular

Resumo: O feijão carioca é o tipo comercial mais produzido e consumido no Brasil. Objetivou-se com este estudo selecionar linhagens de feijão dos programas de seleção recorrente da UFLA visando produtividade de grãos e resistência à mancha angular para compor os ensaios de valor de cultivo e uso (VCU). Um total de 35 linhagens de feijão carioca de dois programas de seleção recorrente da UFLA foram avaliadas em três locais para produtividade de grãos, arquitetura de plantas e severidade de mancha angular. Realizou-se análises individuais e conjunta de variância para todas as características e análise de adaptabilidade fenotípica para produtividade de grãos pelo método do centroide. A seleção simultânea foi realizada com base no índice da distância genótipo ideótipo. Observou-se efeito significativo de interação entre linhagens e ambientes para todos os caracteres. Sete linhagens apresentaram ampla adaptabilidade para produtividade de grãos e possuem potencial para compor ensaios de VCU de feijão carioca no estado de Minas Gerais.

Palavras - chave: *Phaseolus vulgaris* L., adaptabilidade, seleção simultânea, VCU.

1 INTRODUÇÃO

O feijão comum (*Phaseolus vulgaris* L.) é a leguminosa mais consumida em todo mundo (Talukder et al. 2010; Moghaddam et al. 2017). Esta leguminosa é de grande importância para a alimentação humana pois é fonte de proteínas, vitaminas e fibra alimentar (Blair, 2010; Ribeiro et al. 2013; Hummel et al. 2018). Além disso, os grãos contêm altas concentrações de minerais como potássio, fósforo, cálcio, ferro, zinco e cobre (Blair et al. 2010; Talukder et al. 2010; Ribeiro et al. 2014; Maziero et al. 2015). Por ser base da dieta da população brasileira, o consumo per capita desta leguminosa no país (15 kg/hab/ano) é elevado (Ferreira et al. 2018). Esta leguminosa é consumida em praticamente em todos os Estados (Zanella et al. 2019) por pessoas de diferentes classes sociais, principalmente os de baixa renda (Stecking et al. 2017).

No Brasil é predominante o cultivo de feijão comum de grãos Mesoamericanos, que são de tamanho pequeno e possuem massa de 100 grãos inferior a 25 gramas (Blair et al. 2010). A produção na safra de 2021/2022 de feijão no Brasil foi cerca de 3,0 milhões de toneladas. O Estado de Minas Gerais é o segundo maior produtor nacional desta leguminosa, com uma produção de cerca de 485 mil toneladas na safra 2021/2022 (CONAB, 2023). O grupo comercial carioca (creme com estrias marrons) é responsável por aproximadamente 70% do mercado

consumidor dessa leguminosa no país (Carneiro et al., 2015; Lemos et al., 2020; Pereira et al., 2021). Devido a esta grande demanda por este grupo comercial, os programas de melhoramento do feijoeiro desempenham importante função ao recomendarem novas cultivares melhoradas aos produtores do País. Um número considerável das cultivares de feijão recomendadas no Brasil foram obtidas com o emprego da seleção recorrente (Abreu et al. 2004; Carneiro et al. 2012; Ramalho et al. 2016; Melo et al., 2019; Carbonell et al. 2019; Mapa, 2021; Embrapa, 2023).

A seleção recorrente fenotípica tem sido empregada com eficiência no melhoramento do feijoeiro para caracteres com herdabilidades mais elevadas como precocidade (Rosal et al. 2000; Silva et al. 2007), arquitetura de plantas (Pires et al. 2014), resistência a mancha angular (Amaro et al. 2007; Arantes et al. 2010, Abreu et al. 2019) e resistência a antracnose (Costa et al. 2019). Contudo, para características de herdabilidade baixa, como a produtividade de grãos, tem sido empregada a seleção recorrente com base na avaliação de progênies. Esta estratégia tem proporcionado ganhos promissores para os caracteres produtividade de grãos (Ramalho et al. 2005; Menezes Júnior et al. 2008; Ribeiro et al. 2019; Lemos et al. 2020; Ribeiro et al. 2021), resistência a murcha de fusário (Pereira et al. 2009; Batista et al. 2017; Rocha et al. 2019).

A Universidade Federal de Lavras (UFLA) conduz a mais de 20 anos dois exemplos de sucesso de programas de seleção recorrente visando feijão de grãos carioca. Atentos ao aumento da disseminação da mancha angular no Brasil, a UFLA em parceria com a EMBRAPA conduz um programa de seleção recorrente com objetivo de desenvolver linhagens de feijão carioca que acumulem alelos de resistência à mancha angular (Amaro et al. 2007; Arantes et al. 2010; Rezende et al. 2014; Nay et al. 2019; Lemos et al. 2020; Librelon et al. 2020; Pádua et al. 2021). Neste programa já foram conduzidos mais de 20 ciclos e ainda se observam ganhos genéticos para resistência a mancha angular e indiretos para produtividade de grãos, mantendo variabilidade genética para o caráter alvo deste programa. De forma similar ao programa de seleção recorrente para mancha angular, na UFLA também é conduzido um programa de seleção recorrente visando obter linhagens de feijão carioca com maior produtividade de grãos (Ramalho et al. 2005, Silva et al. 2010; Lemos et al. 2020). Cultivares como BRSMG Talismã, BRSMG Majestoso, BRSMG Uai e BRSMG Amuleto são oriundas deste programa de seleção recorrente.

As linhagens obtidas nos programas de seleção recorrente da UFLA têm sido avaliadas em ensaios intermediários conduzidos em três locais, em dois anos e nas três safras de cultivo quanto a diferentes caracteres. As linhagens que se sobressaem são incluídas no Ensaio de Valor de Cultivo e Uso do Estado de Minas Gerais que são conduzidos em parceria entre UFLA, UFV,

EMBRAPA e EPAMIG. Diante do exposto, o objetivo deste trabalho foi selecionar linhagens de feijão dos programas de seleção recorrente da UFLA visando produtividade de grãos e resistência a mancha angular para compor ensaios de VCU do Estado de Minas Gerais.

2 MATERIAL E METÓDOS

Nesse estudo foram avaliadas 31 linhagens de feijão carioca provenientes de dois programas de seleção recorrente da UFLA. Um no qual a seleção visando a recombinação sempre foi baseada na produtividade de grãos (UFLA-SRPG) (Ramalho et al. 2005; Menezes Júnior et al. 2008; Silva et al. 2010) e outro na resistência à mancha angular (UFLA-SRMA) (Amaro et al. 2007; Arantes et al. 2010; Rezende et al. 2014; Nay et al. 2019; Lemos et al. 2020; Librelon et al. 2020; Pádua et al. 2021). Além destas linhagens foram avaliadas também quatro testemunhas, totalizando 35 genótipos (Tabela 1). Estas 35 linhagens foram avaliadas em 13 ambientes conduzidas nas três safras (“águas”, “seca” e “outono-inverno”) dos anos de 2017 a 2019. Estes experimentos foram conduzidos no Estado de Minas de Gerais, nos municípios de Lavras (latitude: 21° 58’ S, longitude: 42° 22’ O, altitude: 918 m), Patos de Minas (latitude: 18° 34’ S, longitude: 46° 31’ L, altitude: 832 m) e Lambari (latitude: 21° 58’ S, longitude: 45° 21’ L, altitude: 887 m).

Tabela 1. Linhagens/cultivares de feijoeiro utilizadas nos experimentos e suas respectivas origens.

ORIGEM	LINHAGENS/CULTIVARES
Programa de seleção recorrente para produtividade (UFLA-SRPG)	CXV-46.8, CXIV-196, CXIV-71, CXIV-31, CXIV-76, CXIV-106, CXIV-77, CXIV-150, CXIV-145, CXIV-74, CXIV-124, CXV-2.29, CXV-34.13, CXV-35.23, CXV-35.3
Programa de seleção recorrente para resistência a mancha angular (UFLA-SRMA)	MAXIII-1, MAXIII-5, MAXIII-13, MAXIII-3, MAXIII-12, MAXIII-19, MAXIII-8, MAXIII-23, MAXIII-6, MAXIV-23, MAXIV-15, MAXIV-19, MAXIV-11, MAXIV-22, MAXIV-20, MAXIV-12
CONVÊNIO MG ¹	BRSMG Talismã ⁵
UFLA ²	Carioca MG ⁵
EMBRAPA ³	BRS Pérola ⁵

IAC⁴Carioca⁵

¹ CONVÊNIO MG: Convênio entre UFLA, UFV, EMBRAPA e EPAMIG; ²UFLA: Universidade Federal de Lavras; ³EMBRAPA: Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária; ⁴IAC: Instituto Agrônômico de Campinas; ⁵Cultivar

As linhagens foram avaliadas quanto a produtividade de grãos (PG), arquitetura de plantas (ArQ) e severidade a mancha angular (MA) e conduzidos em delineamento de blocos completamente casualizados. As parcelas experimentais constituídas de duas linhas de quatro metros, espaçadas de 0,6 metros. A densidade de plantio adotada foi de 15 sementes por metro. A adubação e os tratos culturais utilizados foram de acordo com o recomendado para a cultura do feijão no Estado de Minas Gerais (Carneiro et al. 2015).

A PG avaliada nas três repetições dos 13 experimentos, foi obtida nas duas linhas da parcela e extrapoladas em kg ha⁻¹. A MA foi avaliada em duas repetições de quatro experimentos por meio de escala de notas sugerida pelo CIAT (Schoonhoven e Pastor-Corrales 1987) e adaptada por Nietschie et al (2000). Nesta escala a nota 1 é atribuída às parcelas com plantas sem sintomas da doença e a nota 9 às parcelas com plantas com sintomas severos, que ocasionam a queda prematura das folhas e morte. Além destas, também avaliou-se a arquitetura das plantas (ArQ) nas três repetições de apenas cinco experimentos, por meio de escala de notas conforme Collicchio et al (1997), na qual a nota 1 refere-se às parcelas com plantas eretas, com uma haste e inserção alta das primeiras vagens e a nota 9 às parcelas com plantas com internódios longos e muito prostradas.

Os dados de avaliação das linhagens quanto as três características em cada experimento foram submetidas a análises individuais de variância, conforme o modelo:

$$Y_{ij} = \mu + B_j + G_i + e_{ij},$$

em que: Y_{ij} é o valor observado na parcela que contém o i -ésimo genótipo no j -ésimo bloco; μ é o intercepto; B_j é o efeito aleatório do j -ésimo bloco; G_i é o efeito fixo do i -ésimo genótipo e e_{ij} é o erro aleatório que incide na parcela do i -ésimo genótipo no j -ésimo bloco. O efeito de genótipos foi decomposto em linhagens e testemunhas (Test). Já o efeito de linhagens foi decomposto em linhagens do SRPG e do SRMA.

Também foram realizadas análises conjuntas de variância para cada característica, conforme o modelo:

$$Y_{ijk} = \mu + B/A_{jk} + G_i + E_j + GE_{ij} + e_{ij}$$

em que: Y_{ijk} é o valor observado do i -ésimo genótipo no j -ésimo experimento e k -ésimo bloco; μ é o intercepto; B/A_{jk} é o efeito do k -ésimo bloco dentro do j -ésimo experimento; G_i é o efeito fixo do i -ésimo genótipo; E_j é o efeito fixo do j -ésimo experimento; GE_{ij} é o efeito fixo da interação do i -ésimo genótipo com j -ésimo experimento; e_{ij} é o erro aleatório associado ao i -ésimo genótipo no j -ésimo experimento e k -ésimo bloco. O efeito de genótipos e da interação destes com os experimentos foram decompostos nos grupos linhagens (SRPG e SRMA) e testemunhas (Test).

Além das análises conjuntas de variância foram realizados estudos pormenorizados por meio da quantificação da porcentagem da parte complexa (PC%) da interação entre linhagens de cada grupo (UFLA-SRPG, UFLA-SRMA e Test) e os pares de experimentos conforme Cruz & Castoldi (1991). Também foi estimada para cada característica, a correlação de Spearman entre as médias das linhagens nos pares de experimentos. O efeito da interação em cada grupo de linhagens (UFLA-SRPG, UFLA-SRMA e Testemunhas) foi comparado por meio das médias da PC% entre linhagens e pares de experimentos.

O desempenho das linhagens quanto a PG nos experimentos foi verificada com auxílio da análise de adaptabilidade fenotípica proposta por Rocha et al. (2005). Conforme este método, os experimentos foram classificados em favoráveis e desfavoráveis com auxílio do índice ambiental (I_j) proposto por Finlay e Wilkinson (1963):

$$I_j = \frac{1}{g} \sum_i Y_{ij} - \frac{1}{ag} Y_{..},$$

em que: Y_{ij} é média da linhagem i no experimento j ; $Y_{..}$ é o somatório de todas as médias dos experimentos; a é o número de experimentos e g é o número de linhagens. Aqueles experimentos que apresentaram média inferior à média geral dos experimentos, ou seja, índice ambiental negativo foram considerados desfavoráveis. Os experimentos favoráveis foram os que apresentaram médias superiores à média geral dos experimentos, ou seja, apresentaram índice ambiental positivo.

O método dos centroides baseia-se na comparação de valores de distância cartesiana entre as linhagens avaliadas e quatro ideótipos obtidos a partir dos próprios valores de média das linhagens avaliadas em cada experimento (Rocha et al., 2005). Os ideótipos empregados neste método foram: (I) adaptabilidade geral, aquele que apresentou valores máximos em todos os experimentos; (II) adaptabilidade específica em experimentos favoráveis, que apresentou valor máximo em experimentos favoráveis e mínimos em experimentos desfavoráveis; (III)

adaptabilidade específica em experimentos desfavoráveis, que apresentou valores máximos em experimentos desfavoráveis e mínimos em favoráveis e (IV) mínima adaptabilidade, que correspondeu ao ideótipo que apresentou os menores valores observados em todos os experimentos avaliados.

A partir do valor de distância euclidiana média (d_i) entre cada linhagem avaliada e os quatro ideótipos, obteve-se a seguinte probabilidade espacial de cada linhagem para cada uma das classes de adaptabilidade fenotípica:

$$P_{d(i,j)} = \frac{\left(\frac{1}{d_i}\right)}{\sum_1^4 \frac{1}{d_i}} \times 100\%$$

em que: $P_{d(i,j)}$ é a probabilidade de apresentar padrão de adaptabilidade semelhante ao j-ésimo centroide e d_i é a distância da i-ésima linhagem ao j-ésimo centroide. Assim, foi obtida a probabilidade espacial de cada genótipo integrar cada uma das classes de adaptabilidade fenotípica. A classe principal das linhagens foi aquela que apresentou o maior valor de probabilidade.

Afim de se realizar a seleção simultânea das linhagens quanto aos três caracteres avaliados foi empregado o índice da distância genótipo-ideótipo, no qual, cada característica em cada ambiente foi considerada uma nova variável no índice. Entretanto, para estabelecer o ideótipo necessário para o cálculo da distância genótipo-ideótipo considerou-se que cada característica apresentou o mesmo peso em todas as safras. O ideótipo adotado nesta metodologia para PG foi a maior média observada em cada experimento. Já para as características MA e ArQ, o valor ótimo foi considerado igual ao mínimo observado em cada experimento, uma vez que nestas avaliações a nota 1 refere-se ao melhor genótipo. A partir das distâncias das linhagens ao ideótipo foi realizado a classificação destas e selecionou-se as 20% melhores para compor o ensaio de VCU. Todas as análises estatísticas foram realizadas com o auxílio do software GENES (CRUZ, 2016).

3 RESULTADOS E DISCUSSÃO

O efeito de linhagens foi significativo em todos os experimentos avaliados para PG, com exceção deste efeito no experimento conduzido em Lavras na safra da “seca” de 2019 (Tabela 2). Portanto, com exceção deste, foi observado que houve diferença significativa entre todas as linhagens avaliadas para todos os demais experimentos. O contraste entre linhagens e testemunhas (L vs Test) foi significativo em 77% dos experimentos. Assim, as linhagens

apresentaram médias estatisticamente superiores às testemunhas, o que evidencia a superioridade das linhagens dos programas de seleção recorrente UFLA-SRPG e UFLA-SRMA em termos de PG.

O efeito de linhagens do UFLA-SRPG foi significativo em todos os experimentos avaliados, com exceção dos conduzidos em Lavras nas safras de “outono-inverno” de 2018 e “seca” de 2019 e em Lambari nas safras “águas” de 2018 e “seca” de 2019 (Tabela 2). Já o efeito de linhagens do UFLA-SRMA foi significativo nos experimentos conduzidos em Lavras nas safras “águas” de 2017 e de 2019 e “outono-inverno” de 2018, em Patos de Minas nas safras “águas” de 2017 e “seca” de 2018 e em Lambari nas safras “águas” de 2018, “seca” de 2019. Assim, constatou-se que em 69% e 46% dos experimentos foi observada diferença significativa entre as linhagens de UFLA-SRPG e UFLA-SRMA, respectivamente. Também foi observado que o contraste entre linhagens destes dois programas foi significativo somente em 39% dos experimentos. Verifica-se, portanto, que estas linhagens elites de ambos os programas em média tem potencial semelhante em termos de PG na maioria dos experimentos.

As médias de PG dos experimentos apresentaram grande amplitude (1247,83 a 3122,36 kg ha⁻¹) ao longo dos anos, locais e safras. Valores semelhantes para este caráter foram observados por Tavares et al. (2017), Pereira et al. (2017), Ribeiro et al. (2018) e Ribeiro et al. (2019). As médias de PG das linhagens do programa UFLA-SRPG variaram entre 1335,47 a 3273,22 kg ha⁻¹, enquanto que as médias das linhagens do programa de UFLA-SRMA variaram de 1133,71 a 3100,23 kg ha⁻¹. Já as médias de PG das testemunhas variaram de 1147,17 a 2645,17 kg ha⁻¹. Verificou-se que de modo geral a média das linhagens elite dos programas de seleção recorrente da UFLA foram superiores às testemunhas (Tabela 2). Além disso, o progresso genético anual do programa UFLA SRPG foi de 0,35% para produtividade de grãos, e também tem se observado que as linhagens desse programa apresentam ótima qualidade comercial dos grãos (Lemos et al. 2020).

Os coeficientes de variação (CV) dos experimentos variaram entre 11,2 a 25,5%. Tais valores de CV são adequados a experimentos desta natureza, uma vez que têm sido observados valores semelhantes em outros trabalhos (Ribeiro et al. 2017; Ribeiro et al. 2019; Gabal et al. 2021). Além disso, quando se visa a recomendação de cultivares, o MAPA. (2022) restringe que devem ser utilizados somente experimentos com CV igual ou inferior a 25%. Neste trabalho somente o experimento conduzido em Lambari na safra das “águas” de 2018 apresentou valor ligeiramente superior (25,5%).

Tabela 2. Resumo das análises individuais de variância para produtividade de grãos (PG) em kg ha⁻¹ das 31 linhagens e quatro testemunhas avaliadas entre os anos de 2017 a 2019, nas safras das “águas”, “seca”, e “outono-inverno”, nos municípios de Lavras, Lambari e Patos de Minas, no estado de Minas Gerais.

FV	GL	Quadrados Médios			
		Lavras-Águas/2017	Lambari-Águas/2017	Patos de Minas-Águas/2017	Lavras-Seca/2018
Tratamento (T)	34	240469,99**	272181,2**	669426,52**	251732,28*
Linhagens (L)	30	208510,92**	217914,40**	580266,76**	266151,16**
L(SRPG)	14	193129,36*	277647,04**	391321,98*	391918,99 **
L(SRMA)	15	236128,57**	149366,18 ^{ns}	748961,72**	136473,99 ^{ns}
L(SRPG) vs L(SRMA)	1	9588,16 ^{ns}	409880,82 ^{ns}	695069,36 ^{ns}	450559,12 ^{ns}
Testemunha (Test)	3	210911,22 ^{ns}	88917,89 ^{ns}	755774,56 *	31569,22 ^{ns}
L vs Test	1	1287918,28**	2449974,99**	3085174,97**	479655,04**
Resíduos	68	102055,72	108235,23	192277,68	130573,22
Média geral		1671,82 (1083,00 – 2197,33) ⁺	1572,41(937,67 – 2316,67)	3122.36 (1983,67 – 3868,00)	1745,99 (810,33 – 2336,67)
Média (SRPG)		1722,09 (1284,33 – 2197,33)	1695,84 (1268,67 – 2316,67)	3273.22 (2525,00 – 3758,67)	1842,16 (810,33 – 2336,67)
Média (SRMA)		1701,77 (1302,00 – 2162,67)	1563,00 (1066,33 – 1849,00)	3100.23 (2166,67 – 3863,00)	1702,88 (1357,33 - 1999,67)
Média (Test)		1363,50 (1083,00 – 1698,00)	1147,17 (973,67 – 1296,00)	2645.17 (1983,67 – 3187,67)	1557,83 (1478,67 - 1701,33)
CV (%)		19,11	20,92	14,04	20,7

FV: Fonte de variação, GL: Grau de liberdade, SRPG: Seleção recorrente para produtividade de grãos, SRMA: Seleção recorrente para Mancha Angular, CV (%): Coeficiente de variação, ns: não significativo, **, *: Significativo a 1% e a 5% pelo teste F, respectivamente; ⁺: Valores entre parênteses representam a amplitude observada para os genótipos avaliados em cada experimento

Tabela 2. Continuação

FV	GL	Quadrados Médios		
		Lambari-Seca/2018	Patos de Minas-Seca/2018	Lavras-Inverno/2018
Tratamento (T)	34	287479,5**	221674,15**	554164,45**
Linhagens (L)	30	322877,81**	189135,10**	515203,92*
L(SRPG)	14	263714,75*	180204,86*	251612,72 ^{ns}
L(SRMA)	15	227527,22 ^{ns}	192143,82**	775565,43**
L(SRPG) vs L(SRMA)	1	2581419,41**	269027,78 ^{ns}	300058,00 ^{ns}
Testemunha (Test)	3	26831,42 ^{ns}	253888,22*	403275,89 ^{ns}
L vs Test	1	7474,52 ^{ns}	1101203,35**	2175645,90**
Resíduos	68	128759,42	78592,02	283839,78
Média geral		2016,76 (1313,67 - 2503,67)	2504,10 (1917,00 - 2988,00)	2542,90 (1222,33 - 3249,67)
Média (SRPG)		2185,80 (1631,33 - 2503,67)	2485,33 (2112,67 - 2988,00)	2653,27 (2201,00 - 3249,67)
Média (SRMA)		1852,42 (1313,67 - 2277,67)	2592,96 (2054,33 - 2900,33)	2539,60 (1222,33 - 3194,33)
Média (Test)		2040,25 (1921,67 - 2122,00)	2219,00 (1917,00 - 2562,67)	2142,17 (1659,67 - 2513,67)
CV (%)		17,79	11,2	20,95

FV: fonte de variação, GL: Grau de liberdade, SRPG: Seleção recorrente para produtividade de grãos, SRMA: Seleção recorrente para Mancha Angular, CV (%): Coeficiente de variação, ns: não significativo, **, *: Significativo a 1% e a 5% pelo teste F, respectivamente; +: Valores entre parênteses representam a amplitude observada para os genótipos avaliados em cada experimento

Tabela 2. Continuação

	GL	Quadrados Médios		
		Lavras-Águas/2018	Lambari-Águas/2018	Lavras-Seca/2019
Tratamento (T)	34	145819,91**	643800,36*	205250,26**
Linhagens (L)	30	150184,62**	612856,36*	141996,14 ^{ns}
L(SRPG)	14	137406,28*	319274,94 ^{ns}	130793,55 ^{ns}
L(SRMA)	15	109094,08 ^{ns}	818553,76**	129007,64 ^{ns}
L(SRPG) vs L(SRMA)	1	945439,55**	1637535,50*	493659,99*
Testemunha (Test)	3	76888,97 ^{ns}	428788,44 ^{ns}	270094,89*
L vs Test	1	221671,33 ^{ns}	2217155,85*	1908339,97**
Resíduos	68	74160,34	339650,71	88560,04
Média geral		1247,83 (841,67 – 1630,00)	2286,2 (1278,67 – 3717,67)	2097,31 (1318,00 – 2623,00)
Média (SRPG)		1335,47 (938,67 – 1630,00)	2475,44 (1855,33 - 2898,00)	2220,98 (1783,00 – 2623,00)
Média (SRMA)		1133,71 (841,67 – 1395,67)	2209,92 (1278,67 - 3717,67)	2075,19 (1662,00 – 2489,67)
Média (Test)		1375,75 (1215,00 - 1537,33)	1881,67 (1583,00 - 2433,00)	1722,00 (1318,00 – 2026,33)
CV (%)		21,82	25,5	14,19

FV: Fonte de variação, GL: Grau de Liberdade, SRPG: Seleção recorrente para produtividade de grãos, SRMA: Seleção recorrente para Mancha Angular, CV (%): Coeficiente de variação, ns: não significativo, **, *: Significativo a 1% e a 5% pelo teste F, respectivamente; +: Valores entre parênteses representam a amplitude observada para os genótipos avaliados em cada experimento.

Tabela 2. Continuação

FV	GL	Quadrados Médios		
		Lambari-Seca/2019	Lavras-Inverno/2019	Lavras-Águas/2019
Tratamento (T)	34	261008,53**	380553,74**	420692,74**
Linhagens (L)	30	241878,84*	373324,90*	439366,73**
L(SRPG)	14	202749,98 ^{ns}	442881,47*	393165,47**
L(SRMA)	15	278335,45*	326160,91 ^{ns}	410841,64**
L(SRPG) vs L(SRMA)	1	242833,85 ^{ns}	106992,9 ^{ns}	1514060,78**
Testemunha (Test)	3	363656,08*	554151,22*	123150,56 ^{ns}
L vs Test	1	526956,57*	76626,37 ^{ns}	753099,58*
Resíduos	68	124131,69	193321,17	109202,2
Média geral		1872,47 (1179,00 - 2471,67)	2157,3 (1433,00 - 2894,00)	2338,6 (1396,00 - 3158,33)
Média (SRPG)		1950,69 (1469,00 - 2356,67)	2182,62 (1472,00 - 2894,00)	2500,80 (1650,00 - 3158,33)
Média (SRMA)		1848,43 (1442,67 - 2471,67)	2114,75 (1433,00 - 2632,67)	2245,48 (1396,00 - 2872,33)
Média (Test)		1675,25 (1179,00 - 1992,67)	2232,50 (1855,33 - 2770,00)	2102,83 (1807,33 - 2268,00)
CV (%)		18,82	20,38	14,13

FV: fonte de variação, GL: Grau de liberdade, SRPG: Seleção recorrente para produtividade de grãos, SRMA: Seleção recorrente para Mancha Angular, CV (%): Coeficiente de variação, ns: não significativo, **, *: Significativo a 1% e a 5% pelo teste F, respectivamente; †: Valores entre parênteses representam a amplitude observada para os genótipos avaliados em cada experimento

O efeito de linhagens quanto a severidade a mancha angular (MA) foi significativo na safra da “seca” nos anos de 2018 e 2019 somente em Lavras (Tabela 3). Nestes experimentos houve uma maior variação nas médias das linhagens para este caráter se comparado com os experimentos conduzidos em Lambari, onde não foi detectada diferença significativa entre as linhagens. Uma possível explicação para isso seria a menor ocorrência em campo da *Pseudocercospora griseola* nestes experimentos. O efeito de linhagens do programa UFLA-SRMA foi significativo somente no experimento conduzido em Lavras na safra da “seca” de 2019, no qual foi observada uma variação na média destas linhagens de 2,0 a 6,5. Entre todos os experimentos, esta foi a maior variação observada entre as linhagens deste programa. Apesar dos valores de CV para MA estarem condizentes com os observados na literatura (Amaro et al., 2007, Arantes et al. 2010), o experimento conduzido em Lavras na safra da “seca” de 2019 foi o que apresentou melhor precisão experimental com um CV de 16,53%.

O efeito de linhagens UFLA-SRPG e das testemunhas quanto a MA foram significativos somente em Lavras na safra da “seca” de 2018. A média dos experimentos considerando somente as Test foram as que apresentaram maiores valores. Isso se deve à presença de Test altamente suscetíveis à mancha angular como por exemplo a cultivar Carioca MG. Também foi verificado contraste significativo entre linhagens e testemunhas (L vs Test) e entre linhagens dos programas UFLA-SRPG e UFLA-SRMA. Além disso, observou-se que as linhagens UFLA-SRMA apresentaram notas médias inferiores às observadas para as linhagens UFLA-SRPG e também às testemunhas. O que demonstra que as linhagens do programa UFLA-SRMA são superiores às do UFLA-SRPG e às testemunhas. Isso se justifica, pois, a seleção visando recombinação do programa UFLA-SRMA é totalmente realizada com base na identificação das plantas resistentes à mancha angular (Amaro et al., 2007; Nay et al. 2019). Esses resultados estão de acordo com os relatos da literatura sobre alto nível de resistência de linhagens obtidas a partir deste programa de melhoramento (Amaro et al. 2007; Arantes et al. 2010; Pereira et al. 2015; Rezende et al. 2014). Pádua et al. (2021) e Rezende et al. (2014) observaram progresso genético de 5,3% e de 2,0 a 4,0% visando resistência à mancha angular, respectivamente. Amaro et al. (2007) alcançaram um ganho genético de 6,4% por ciclo visando a resistência a mancha angular e uma resposta indireta na produtividade de grãos de 8,9% até o quinto ciclo de seleção recorrente. Arantes et al. (2010) obteve nesse mesmo programa um ganho indireto para produtividade de 2,3%. Portanto, esta estratégia tem se demonstrado capaz de obter ganhos na produtividade de grãos realizando seleção recorrente visando obtenção de linhagens resistentes a mancha angular (Arantes et al. 2010; Abreu et al. 2019; Nay et al. 2019).

Tabela 3. Resumo das análises individuais de variância para severidade a mancha angular (MA) das 31 linhagens e quatro testemunhas avaliadas entre os anos de 2018 a 2019, na safra da “seca”, nos municípios de Lavras e Lambari, no estado de Minas Gerais.

FV	GL	Quadrados Médios			
		Lavras-Seca/2018	Lambari-Seca/2018	Lavras-Seca/2019	Lambari-Seca/2019
Tratamento (T)	34	5,2**	0,60 ^{ns}	6,05**	1,62*
Linhagens (L)	30	2,36**	0,45 ^{ns}	6,45**	1,4 ^{ns}
L(SRPG)	14	2,53**	0,35 ^{ns}	0,99 ^{ns}	0,79 ^{ns}
L(SRMA)	15	0,23 ^{ns}	0,33 ^{ns}	3,30**	1,39 ^{ns}
L(SRPG) vs L(SRMA)	1	31,90**	3,81**	130,41**	10,22**
Testemunha (Test)	3	1,67*	0,67 ^{ns}	1,33 ^{ns}	1,79 ^{ns}
L vs Test	1	100,93**	4,79**	8,03**	7,73**
Resíduos	34	0,42	0,35	0,7	0,86
Média geral		3,16 (1,50 -7,50) ⁺	2,77 (2,0 – 4,00)	5,06 (2,00 – 7,50)	3,70 (2,00 – 6,00)
Média (SRPG)		3,47 (1,50 – 5,50)	2,93 (2,50 – 3,50)	6,43 (5,50 – 7,50)	4,00 (3,00 – 5,00)
Média (SRMA)		2,03 (1,50 – 3,00)	2,44 (2,00 -3,50)	3,53 (2,00 -6,50)	3,19 (2,00 – 5,00)
Média (Test)		6,50 (5,50 – 7,50)	3,50 (3,00 – 4,00)	6,00 (5,00 – 7,00)	4,63 (4,00 – 6,00)
CV (%)		20,43	21,39	16,53	25,02

FV: Fonte de variação, GL: Grau de liberdade, SRPG: Seleção recorrente para produtividade de grãos, SRMA: Seleção recorrente para Mancha Angular, CV (%): Coeficiente de variação, ns: não significativo, **, *: Significativo a 1% e a 5% pelo teste F, respectivamente. ⁺: Valores entre parênteses representam a amplitude observada para os genótipos avaliados em cada experimento.

Na análise individual de variância para arquitetura de plantas (ArQ) foi observado efeito significativo para linhagens em todos os experimentos avaliados, o que indica existência de pelo menos um contraste significativo entre as linhagens (Tabela 4). Para este caráter, o efeito das Test foi significativo para todos os experimentos, com exceção das safras “outono-inverno” em Lavras e “seca” em Lambari, ambas no ano de 2018. Já o efeito de linhagens do programa UFLA-SRPG foi significativo em todos os experimentos avaliados, com exceção da safra “seca” de 2018 em Lambari. Resultado similar foi observado para o efeito de linhagens do programa UFLA- SRMA.

Os CVs dos experimentos variaram de 18,54 a 37,25%. Em geral, verificou-se alta precisão experimental, uma vez que 83% dos experimentos apresentaram valores de CV inferiores a 25%, o que tem sido observado na literatura para esta característica (Barili et al. 2015; Pires et al. 2014). Verificou-se também que em 50% dos experimentos as médias das linhagens foram estatisticamente superiores às das Test. As médias para ArQ das linhagens do programa UFLA-SRPG em todos os experimentos variaram entre 4,60 a 6,44. As médias das linhagens do programa UFLA-SRMA variaram de 4,06 a 5,58. Apesar das médias dos experimentos serem superiores a nota 3, observou-se linhagens com notas de até 1,67, o que indica que existem linhagens adaptadas a colheita mecanizada. Já as médias das Test em todos os experimentos variaram de 5,50 a 7,66. As Test com menor nota nos experimentos apresentaram médias superiores a 3. Portanto, verifica-se uma superioridade das linhagens desenvolvidas nos programas de seleção recorrente da UFLA em relação às testemunhas.

Tabela 4. Resumo das análises individuais de variância para arquitetura de plantas (ArQ) das 31 linhagens e quatro testemunhas avaliadas entre os anos de 2017 a 2019, nas safras das “águas”, “seca”, e “outono-inverno”, nos municípios de Lavras e Lambari, no estado de Minas Gerais.

FV	GL	Quadrados Médios					
		Lavras-Águas/2017	Lambari Inverno/2017	Lavras-Águas/2018	Lavras-Inverno/2018	Lambari-Seca/2018	Lavras-Inverno/2019
Tratamento (T)	34	6,68**	5,34**	7,47**	7,92**	2,94*	6,47**
Linhagens (L)	30	5,17**	5,35**	6,70**	7,86**	2,05*	5,61**
L(SRPG)	14	5,95**	4,49**	4,17**	5,91*	1,84 ^{ns}	3,59*
L(SRMA)	15	4,28**	6,33**	9,27**	9,74**	1,4 ^{ns}	7,75**
L(SRMA) vs L(SRMA)	1	7,64*	2,85 ^{ns}	3,61 ^{ns}	6,71 ^{ns}	14,81**	1,63**
Testemunha (Test)	3	17,22**	6,33**	11,89**	6,33 ^{ns}	3,33 ^{ns}	10,33**
L vs Test	1	20,29**	1,82 ^{ns}	17,26**	14,73*	28,39**	20,61**
Resíduos	68	1,46	1,16	1,23	2,76	1,83	1,68
Média geral		5,28 (1,33 – 8,33) ⁺	5,8 (2,67 – 7,33)	5,04 (1,33 – 8,33)	4,46 (1,67 – 7,33)	6,22 (4,67 – 9,00)	5,27 (2,33 – 8,33)
Média (SRPG)		4,82 (1,33 – 6,33)	5,93 (3,00 – 7,33)	4,69 (1,67 – 5,67)	4,60 (1,67 – 7,00)	6,44 (5,33 – 7,67)	5,24 (3,00 – 7,00)
Média (SRMA)		5,40 (2,67 – 7,00)	5,58 (2,67 – 7,00)	5,08 (1,33 – 7,00)	4,06 (1,67 – 7,33)	5,65 (4,67 – 7,00)	4,98 (2,33 – 7,67)
Média (Test)		6,50 (3,00 – 8,33)	6,17 (4,00 – 7,00)	6,17 (3,67 – 8,33)	5,50 (3,67 – 6,67)	7,66 (6,67 – 9,00)	6,50 (4,00 – 8,33)
CV (%)		22,93	18,54	22,04	37,25	21,74	24,64

FV: fonte de variação, GL: Grau de liberdade, SRPG: Seleção recorrente para produtividade de grãos, SRMA: Seleção recorrente para Mancha Angular, CV (%): Coeficiente de variação, ns: não significativo, **, *: Significativo a 1% e a 5% pelo teste F, respectivamente. ⁺: Valores entre parênteses representam a amplitude observada para os genótipos avaliados em cada experimento.

O efeito da interação linhagens por ambientes foi significativo nas análises conjuntas de variância para PG, MA e ArQ (Tabela 5). Portanto, verificou-se que as linhagens apresentaram respostas diferentes ao longo dos ambientes avaliados. Resultado similar foi observado para as interações entre linhagens dos programas UFLA-SRPG e UFLA-SRMA com os ambientes. Assim, verifica-se a necessidade de estudos pormenorizados para o entendimento do comportamento destas linhagens. Já interação testemunhas por ambientes (Test x A) foi significativa somente para PG e MA. A ocorrência de interação genótipos por ambientes na cultura do feijoeiro têm sido frequentemente relatada na literatura, como para produtividade de grãos (Mendes et al. 2009; Lima et al. 2015; Pereira et al. 2017), para arquitetura de plantas (Moura et al. 2013; Pires et al. 2014; Barili et al. 2016). Para Collicchio et al. (1997), a interferência do ambiente prejudica os estudos sobre arquitetura de plantas do feijoeiro, dado que, a alta umidade, temperaturas elevadas e fertilidade excessiva, são condições que promovem maior desenvolvimento vegetativo das plantas, permitindo que as cultivares que se revelam eretas em um ambiente sejam capazes de se apresentar prostradas em outro.

A interação genótipos por ambientes é considerada um desafio no trabalho do melhorista, uma vez que, geralmente altera o ranqueamento nos diferentes locais, anos ou safras (Ramalho et al., 2012). O entendimento de como esta interação afeta os programas de melhoramento é necessário para auxiliar nas tomadas de decisão. Por isso, é de grande utilidade os estudos pormenorizados a respeito da natureza da interação genótipos por ambientes, que pode ser decomposta em partes simples ou complexa. Além da influência do ambiente, o componente genético tem grande influência nas estimativas desta decomposição.

Tabela 5. Resumo das análises conjuntas de variância para produtividade de grãos (PG) em Kg ha⁻¹, arquitetura da planta (ArQ) e Severidade a mancha angular (MA) das 31 linhagens e quatro testemunhas avaliadas entre os anos de 2017 a 2019, nas safras das “águas”, “seca”, e “outono-inverno”, nos municípios de Lavras, Lambari e Patos de Minas, no estado de Minas Gerais.

FV	PG		ArQ		MA	
	GL	QM	GL	QM	GL	QM
Bloco/Ambiente	26	304564,65	12	1,2	4	0,75
Tratamento (T)	34	1273181,87**	34	21,72**	34	7,19**
Linhagem (L)	30	971284,59**	30	16,96**	30	5,46**
L (SRPG)	14	339297,17**	14	12,17**	14	1,41**
L (SRMA)	15	1221162,30**	15	45,35**	15	1,38**
L (SRPG) vs L (SRMA)	1	6070942,87**	1	3,74 ^{ns}	1	123,39**
Testemunha (Test)	3	1440353,00**	3	45,35**	3	0,37 ^{ns}
L vs Test	1	9828586,91**	1	93,73**	1	79,65**
Ambiente (A)	12	25114903,41**	5	39,15**	3	69,9**
T x A	408	273422,65**	170	3,02**	102	2,09**
L x A	360	274031,93**	150	3,16**	90	1,74**
L (SRPG) x A	168	269710,35**	70	2,76**	42	1,08**
L (SRMA) x A	180	276416,51**	75	3,29**	45	1,29**
(L (SRPG) vs L (SRMA)) x A	12	298765,20*	5	6,7**	3	17,65**
Test x A	36	178962,13 **	15	2,02 ^{ns}	9	1,70 **
(L vs Test) x A	12	538525,82 **	5	1,87 ^{ns}	3	13,94 **
Resíduo	884	150258,4	408	1,68	136	0,58
Média geral	2090,46 (810,33 - 3863,00)		5,34 (1,33 - 9,00)		3,67 (1,50 – 7,50)	
Média (SRPG)	2194,13 (810,33 - 3758,67)		5,29 (1,33 - 7,66)		4,21 (1,50 – 7,50)	
Média (SRMA)	2052,33 (841,67 - 3863,00)		5,13 (1,33 - 7,66)		2,79 (1,50 – 6,50)	
Média (Test)	1854,24 (973,67 - 3187,67)		6,42 (3,00 - 9,00)		5,16 (3,00 – 7,50)	

FV: fonte de variação, GL: Grau de liberdade, QM: Quadrado médio SRPG: Seleção recorrente para produtividade de grãos, SRMA: Seleção recorrente para Mancha Angular, CV (%): Coeficiente de variação, ns: não significativo, **, *: Significativo a 1% e a 5% pelo teste F, respectivamente. †: Valores entre parênteses representam a amplitude observada para os genótipos avaliados em cada experimento.

Ao observar, para PG, a parte complexa da interação entre linhagens do programa UFLA-SRPG e pares de ambientes, detectou-se que em 98,72% dos pares de ambientes houve interação de natureza complexa (Tabela 6, Suplementar, Tabelas S1, S2 e S3). No caso da interação entre linhagens do programa UFLA-SRMA e pares de ambientes observou-se que em 89,74% dos pares de ambientes predominou interação de natureza complexa. Já ao considerar as testemunhas (Test) houve um menor percentual (53,85%) de pares de ambientes com interação complexa. Os percentuais médios da parte complexa da interação entre linhagens dos programas UFLA-SRPG, UFLA-SRMA e das testemunhas e os pares de ambientes foram 94,16, 74,55 e 55,92, respectivamente (Tabela 6). Também foi observado que em 39,74%, 7,69% e 14,10% dos pares de ambientes as estimativas da parte complexa foram superiores a 100% quando se avaliou as linhagens dos programas UFLA-SRPG, UFLA-SRMA e as testemunhas, respectivamente. Estes elevados percentuais da parte complexa indicam correlações negativas entre os pares de ambientes (Suplementar, Tabelas S1, S2 e S3), que ocorrem devido a grande alteração no ranqueamento das linhagens (Cruz & Castoldi 1991; Cruz et al. 2012). Estes resultados evidenciam que as linhagens do programa UFLA-SRPG apresentaram predomínio de interação complexa, ou seja, comportamentos diferenciados ao longo dos ambientes se comparadas com as linhagens do programa UFLA-SRMA e as Test (Tabela 6). Isso pode ser um indicativo que em condições favoráveis estas linhagens respondem com maiores produtividades, entretanto, em condições desfavoráveis estas linhagens apresentam baixas produtividades. Este deve ser um reflexo da forma que a seleção do programa UFLA-SRPG é conduzido, onde a seleção sempre é baseada na produtividade de grãos.

A interação linhagens do programa UFLA-SRMA e pares de ambientes foi menos pronunciada para a severidade de mancha angular se comparada com a interação entre linhagens UFLA-SRPG ou das testemunhas com os pares de ambientes (Tabela 6, Suplementar, Tabela S4). Isso pode ser constatado pelo menor percentual de pares de ambientes (66,67%) com interação complexa e com percentuais da parte complexa (16,67%) acima de 100%, que foram inferiores aos observados para as linhagens do UFLA-SRPG e para as testemunhas. O percentual médio da parte complexa de 74,59% para as linhagens do programa UFLA-SRMA também foi inferior ao observado para as outras linhagens (84,42% e 101,79%). Este resultado é um indicativo de que as linhagens do programa UFLA-SRMA, por apresentarem maior resistência, são mais estáveis ao longo dos ambientes. Essa maior resistência já foi descrita na literatura (Amaro et al. 2007; Arantes et al. 2010; Rezende et al. 2014; Nay et al. 2019; Librelon et al. 2020; Pádua et al. 2021).

A interação para ArQ entre testemunhas e pares de ambientes foi predominantemente de natureza simples com somente 13,33% dos pares de ambientes com natureza complexa (Tabela 6, Suplementar, Tabela S5). Além disso, o percentual médio da parte complexa destes pares de ambientes foi de 28,01%. Já se considerarmos as linhagens dos programas UFLA-SRPG e UFLA-SRMA, a interação predominante foi de natureza complexa, uma vez que nestes casos observou-se 100% e 73,33% dos pares de ambientes com este tipo de interação. Para estas linhagens, o percentual médio da parte complexa dos pares de ambientes foi de 75,63% e 57,44%. Destaca-se que nos programas UFLA-SRPG e UFLA-SRMA não ocorre a seleção para este caráter o que justifica não apresentar linhagens estáveis para arquitetura de plantas.

A interação linhagens (UFLA-SRPG e UFLA-SRMA) por ambientes foi predominantemente de natureza complexa para todos os caracteres avaliados (Tabela 6). A interação de natureza complexa deve-se sobretudo pela falta de correlação entre o desempenho das linhagens nos ambientes avaliados, resultando em posições relativas diferenciadas das linhagens nos ambientes (Cruz e Castoldi 1991; Cruz et al. 2012, Ramalho et al. 2012). Assim, selecionar as linhagens com base em suas médias dos ambientes pode não ser a estratégia de seleção mais recomendada. Deste modo, análises de adaptabilidade e estabilidade e índices de seleção que consideram efeito da interação das linhagens com os ambientes, seriam mais convenientes. As linhagens CXIV-196, CXIV-31, CXV-35.23, CXIV-77, CXIV-71, CXV-35.3, MAXIV-15, MAXIV-19 se destacaram por apresentarem ampla adaptabilidade quanto a produtividade de grãos.

Tabela 6. Resumo da porcentagem da parte complexa da interação linhagens (UFLA-SRPG, UFLA-SRMA e Test) por pares de ambientes para produtividade de grãos (PG), severidade de mancha angular (MA) e arquitetura de plantas (ArQ).

Parâmetros	PG			MA			ArQ		
	UFLA-SRPG	UFLA-SRMA	Test	UFLA-SRPG	UFLA-SRMA	Test	UFLA-SRPG	UFLA-SRMA	Test
Média	94,16	74,55	55,92	84,42	74,59	101,79	75,63	57,44	28,01
Máximo	122,79	109,88	140,94	106,7	120,11	128,78	102,64	87,96	76,88
Mínimo	47,03	17,53	0,72	60,04	31,09	44,83	52,73	36,66	0,79
PC > 50% ⁺	98,72	89,74	53,85	100	66,67	83,33	100	73,33	13,33
PC > 100% [*]	39,74	7,69	14,10	16,67	16,67	66,67	13,33	0	0

⁺: Porcentagem de pares de ambientes com interação linhagens por ambientes com parte complexa superior a 50%; ^{*}: Porcentagem de pares de ambientes com interação linhagens por ambientes com parte complexa superior a 100%.

Na análise de adaptabilidade e estabilidade para PG verificou-se que 65% das linhagens dos programas UFLA-SRPG e UFLA-SRMA apresentaram ampla adaptabilidade (Tabela 7). Portanto, estas linhagens são capazes de responder à melhoria do ambiente e também produzir satisfatoriamente a ambientes adversos. As linhagens CXIV-150, MAXIII-8, CXIV-74, MAXIII-5, CXIV-74, MAXIII-5, CXIV-106 foram consideradas de adaptabilidade a ambientes favoráveis, enquanto que a linhagem CXIV-76 foi classificada como de adaptabilidade a ambientes desfavoráveis. Nenhuma linhagem do programa UFLA-SRPG foi classificada com mínima adaptabilidade, enquanto que cinco linhagens do programa UFLA-SRMA foram alocadas neste grupo. Estes resultados constituem em evidências da eficiência do programa UFLA-SRPG (Abreu et al. 2019, Lemos et al. 2019; Lemos et al. 2020). Isso pode ser explicado pela seleção deste programa ser baseada exclusivamente na produtividade de grãos.

A linhagem CXIV-196 foi a que apresentou maior probabilidade associada à classe de ampla adaptabilidade (36,8%). Além desta, também merecem destaque as linhagens CXIV-31, CXV-35.23, CXIV-77, CXIV-71, CXV-35.3, MAXIV-15, MAXIV-19 por apresentarem valores de probabilidade superior a 30% associados à classe de ampla adaptabilidade. Estes resultados indicam que todas estas linhagens têm grande potencial para serem incluídas no ensaio de valor de cultivo uso (VCU) no Estado de Minas Gerais. Este resultado é baseado na adaptabilidade e estabilidade para PG. Com base na avaliação simultânea dos caracteres PG, MA e ArQ por meio do índice genótipo-ideótipo (Tabela 7) observou-se que as linhagens MAXIV-15, CXIV-77, MAXIV-12, MAXIII-3, CXIV-31, CXV-35.23, MAXIV-19 têm potencial para compor os ensaios de VCU de feijão carioca no estado de Minas Gerais.

Apesar das linhagens MAXIV-15 e MAXIV-19 serem oriundas do programa de seleção recorrente visando resistência a mancha angular, estas foram classificadas como de ampla adaptabilidade e apresentaram elevado potencial produtivo, superior a 2000 kg ha⁻¹. Abreu et al (2019) observou que a seleção para resistência a mancha angular pode proporcionar ganhos também na produtividade de grãos. Amaro et al. (2007) obteve nos primeiros cinco ciclos um ganho com a seleção recorrente visando a resistência a mancha angular de 6,4% por ciclo e uma resposta indireta na produtividade de grãos de 8,9 %. Além disso, verificou-se ganho indireto de produtividade de 2,3% até o oitavo ciclo (Arantes et al. 2010).

Todas as testemunhas (Carioca MG, Carioca, BRS Pérola e BRSMG Talismã) foram classificadas como de mínima adaptabilidade, ou seja, são pouco adaptadas. Constatou-se que de modo geral, as linhagens obtidas pelos programas de seleção recorrente de feijão carioca (UFLA-SRPG e UFLA-SRMA) apresentam comportamento superior às testemunhas. Resultado similar também foi observado por Lemos et al. (2020) avaliando linhagens elite

destes programas em ensaios em anos anteriores. Silva et al (2010) obtiveram progresso genético por ciclo de 3,3% na produtividade de grãos ao avaliar progênies provenientes do programa UFLA-SRPG. Outra evidencia da eficiência deste programa é a recomendação de diversas cultivares para Minas Gerais como por exemplo BRSMG Talismã (Ramalho et al. 2004), BRSMG Uai (Ramalho et al. 2016) e recentemente a BRSMG Amuleto, desenvolvidas pelo convênio entre UFLA, UFV, EPAMIG e EMBRAPA.

Tabela 7. Classificação das 31 linhagens e 4 testemunhas com base no índice da distância genótipo-ideótipo e padrões de adaptabilidade pelo método do centroide (Rocha et al., 2005) avaliadas nos municípios de Lavras, Lambari e Patos de Minas, no estado de Minas Gerais.

Linhagens	Classificação	Classe	Probabilidade			
			I	II	III	IV
MAXIV-15	1	I	33,3	26,1	21,5	19,1
CXIV-77	2	I	35,0	22,8	23,6	18,6
MAXIV-12	3	I	28,5	26,3	23,2	22,0
MAXIII-3	4	I	28,3	25,0	24,5	22,3
CXIV-31	5	I	36,5	24,0	21,6	17,9
CXV-35.23	6	I	35,4	24,0	22,2	18,4
MAXIV-19	7	I	32,6	32,2	17,6	17,6
CXV-35.3	8	I	33,4	23,2	24,1	19,3
CXV-2.29	9	I	29,5	25,8	23,3	21,4
CXIV-150	10	II	27,7	28,6	21,6	22,1
MAXIV-22	11	I	28,8	26,1	23,3	21,8
CXIV-124	12	I	29,4	25,3	23,8	21,5
MAXIII-23	13	I	27,0	23,5	26,4	23,1
CXIV-145	14	I	26,5	23,6	26,4	23,5
CXIV-196	15	I	36,8	26,2	19,7	17,4
CXIV-71	16	I	33,4	27,0	20,7	18,9
MAXIV-11	17	IV	23,4	23,7	26,2	26,7
CXV-46.8	18	I	29,6	24,0	25,0	21,4
MAXIV-20	19	I	29,6	27,9	21,6	20,9
CXV-34.13	20	I	27,4	26,5	23,4	22,8
MAXIII-8	21	II	24,2	26,1	23,9	25,8
MAXIII-1	22	I	27,6	26,5	23,3	22,6
MAXIII-12	23	IV	21,9	22,0	28,0	28,1
CXIV-74	24	II	27,3	28,7	21,7	22,3
MAXIII-5	25	II	26,9	27,9	22,3	22,9
MAXIII-6	26	I	28,7	26,2	23,3	22,0
CARIOCA MG	27	IV	22,2	23,2	26,4	28,2
CXIV-106	28	II	26,9	35,2	18,0	20,0
CXIV-76	29	III	24,9	23,1	27,2	24,9
MAXIII-19	30	IV	21,5	23,1	26,2	29,2
MAXIV-23	31	IV	17,5	20,1	25,6	36,7
BRS PÉROLA	32	IV	24,0	25,0	24,9	26,1
BRSMG TALISMA	33	IV	20,9	22,8	26,1	30,2

MAXIII-13	34	IV	15,7	17,8	25,6	40,8
IAC CARIOCA	35	IV	13,3	14,5	26,2	46,0

I: Ampla adaptabilidade; II: adaptabilidade a ambientes favoráveis; III: Adaptabilidade a ambientes desfavoráveis; IV: Mínima adaptabilidade;

4 CONCLUSÃO

As linhagens MAXIV-15, CXIV-77, MAXIV-12, MAXIII-3, CXIV-31, CXV-35.23, MAXIV-19 apresentaram ampla adaptabilidade para produtividade de grãos e tem potencial para compor os ensaios de VCU de feijão carioca no estado de Minas Gerais.

AGRADECIMENTOS

Os autores agradecem à Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES), ao Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq) e à Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado de Minas Gerais (FAPEMIG) pela bolsa e o apoio financeiro.

REFERÊNCIAS

- Abreu AFB, Miranda LP, Ramalho MAP, Souza EA, Pereira FAC, Carneiro VQ (2019) Genetic progress after 18 cycles of recurrent selection for angular leaf spot resistance in Brazil. In **2019 Biennial bean improvement meeting**. BIC, Fargo, p. 1-61.
- Amaro GB, Abreu AFB, Ramalho MAP and Silva FB (2007) Phenotypic recurrent selection in the common bean (*Phaseolus vulgaris* L) with carioca-type grains for resistance to the fungi *Phaeoisariopsis griseola*. **Genetics and Molecular Biology** 30:584-588.
- Arantes LO, Abreu AFB and Ramalho MAP (2010) Eight cycles of recurrent selection for resistance leaf spot reaction in common bean. **Crop Breeding and Applied Biotechnology** 10:232-237.
- Barili LD, Vale NM, Moura LM, Paula RG, Silva FF and Carneiro JES (2016) Genetic progress resulting from forty-three year of breeding of the carioca common bean in Brazil. **Genetics and Molecular Research** 15: gmr.1538523.
- Batista RO, Silva LC, Moura LM, Souza MH, Carneiro PCS, Carvalho Filho JLS and Carneiro JES (2017) Inheritance of resistance to fusarium wilt in common bean. **Euphytica** 133: 1-12.
- Blair MW, González LF, Kimani PM and Louis B (2010) Genetic diversity, inter-gene pool introgression and nutritional quality of common beans (*Phaseolus vulgaris* L.) from Central Africa. **Theoretical Applied Genetic** 121: 237-248.
- Borém A, Miranda GV and Fritsche-Neto R (2017) **Melhoramento de Plantas**. Ed UFV, Viçosa, 252p.

- Carbonell SAM, Chiorato AF, Bezerra LMC, Gonçalves JGR, Rovais SRS, Gonçalves GM and Paulino JFC (2021) IAC 2051: common bean cultivar of carioca type with slow seed coat darkening. **Crop Breeding and Applied Biotechnology** **21**: e36282128.
- Carbonell SAM, Chiorato AF, Bezerra LMC, Gonçalves JGR, Silva DA, Esteves JAF, Benchimol-Reis LL, Carvalho CRL, Barros VLNP, Freitas RS, Ticelli M and Gallo PB (2019) IAC 1850: High yielding carioca bean cultivar. **Crop Breeding and Applied Biotechnology** **19**: 378-381.
- Carneiro JES, Paula Júnior TJ, Borém A (2015) **Feijão: do plantio à colheita**. Ed. UFV, Viçosa, 283p.
- Carvalho CGP, Cruz CD, Viana JMS and Silva JH (2002) Selection based on distances from ideotype. **Crop Breeding and Applied Biotechnology** **2**: 171-178.
- Cirino VM, Oliari L, Lollato MA and Fonseca Júnior NS (2001) IAPAR 81. **Crop Breeding and Applied Biotechnology** **1**: 203-204.
- Cirino VM, Oliari L, Lollato MA and Fonseca Júnior NS (2001) IAPAR 81. **Crop Breeding and Applied Biotechnology** **1**: 205-206.
- Collicchio E, Ramalho MAP and Abreu AFB (1997) Associação entre o porte da planta e o tamanho dos grãos. **Pesquisa Agropecuária Brasileira** **32**: 297-304.
- CONAB – Companhia Nacional de Abastecimento (2023) Acompanhamento da safra brasileira de grãos safra 2021/22. Available at: <<https://www.conab.gov.br/info-agro/safras/graos>>. Accessed on outubro 14, 2022.
- Costa LC, Ramalho MAP, Abreu AFB, Costa KC and Souza EA (2019) Effectiveness of recurrent selection aiming anthracnose resistance in common bean. In **2019 Biennial bean improvement meeting**. BIC, Fargo, p. 54.
- Cruz CD (2016) Genes software- extended and integrated with the R, Matlab and Selegen. **Acta Scientiarum** **38**: 547-552.
- Cruz CD and Castoldi FL (1991) Decomposição da interação genótipos x ambientes em partes simples e complexas. **Revista Ceres** **38**: 422-430.
- Cruz CD, Regazzi AJ and Carneiro PCS (2012) **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. Ed. UFV, Viçosa, 253p.
- Ferreira CM, Figueredo RS and Luz TCLA (2018) Rice and bean: a multi-institutional intervention for Brazil. **Revista de Política Agrícola** **1**: 96-112.
- Gabal AAA, Aly MA, Abdallah SAM, Rady HM and Roshdy HKH (2021) Estimation of the variation coefficient and some local genetical resources of some common bean. **Egypt Academic Journal of Biological Science (H. Boany)** **12**: 41-57.
- Hongyu K, Silva FL, Oliveira ACS, Sarti DA, Araújo LB and Dias CTS (2015) Comparacao entre os modelos AMMI e GGE biplot para os dados de ensaios multi-ambientes. **Revista Brasileira de Biometria** **33**: 139-155.
- Hummel M, Hallahan BF, Brychkova G, Villegas JR, Guwela V, Chataika B, Curley E, McKeown PC, Morrison L, Talsma EF, Beebe S, Jarvis A, Chirwa R and Spillane C (2018) Reduction in nutritional quality and growing area suitability of common bean under climate change induced drought stress in Africa. **Scientific Reports** **8**: 1-11.

Leite ME, Dias JA, Souza DA, Alves FCA, Pinheiro LR and Santos JB (2016) Increasing the resistance of common bean to White mold through recurrent selection. **Scientia Agricola** **73**: 71-78.

Lemos RC, Abreu AFB and Ramalho MAP (2020) Procedures for identification of superior progênies in successive generations of evaluation in common bean. **Scientia Agricola** **77**:e20180105.

Lemos RC, Abreu AFB, Souza EA, Santos JB and Ramalho MAP (2020) A Half century of a bean breeding program in the south and alto Paranaíba regions of Minas Gerais. **Crop Breeding and Applied Biotechnology** **20**: e295420211.

Lemos LB, Mingote FCL, and Farinelli R (2015) Cultivares. In Lemos LB, Sorato RP, Ferrari S (eds) **Aspectos gerais da cultura do feijão *Phaseolus vulgaris* L.** Fundação de Estudos e Pesquisas Agrícolas e Florestas, São Paulo, p. 181-207.

Librelon SS, Pádua PF, Abreu AFB, Ramalho MAP and Souza EA (2020) Increasing the efficiency of recurrent selection for angular leaf spot resistance in common bean. **Crop Science** 1-8.

Lima DC, Abreu AFB, Ramalho MAP (2013) Efeito da interação progênies x ambientes com a seleção para múltiplos caracteres e na resposta correlacionada em feijão. In **7º Congresso Brasileiro de Melhoramento de Plantas**. Uberlândia, p. 1655-1658.

Matos JW, Ramalho MAP and Abreu (2007) Trinta e dois anos do programa de melhoramento genético do feijoeiro comum em Minas Gerais. **Ciência e Agrotecnologia** **31**: 1749-1754.

Maziero SM, Ribeiro ND and Storck L (2015) Simultaneous selection in beans for architecture, grain yield and minerals concentration. **Euphytica** **205**: 369-380.

Melo LC, Pereira HS, Faria LC, Souza TLPO, Wendland A, Díaz JLC, Carvalho HWL, Melo CLP, Costa AF, Magaldi MCS and Costa JGC (2017) BRS FC402: High-yielding common bean cultivar with carioca grain, resistance to anthracnose and fusarium wilt. **Crop Breeding and Applied Biotechnology** **17**: 67-71.

Mendes FF, Ramalho MAP, Abreu AFB (2009) Índice de seleção para escolha de populações segregantes de feijoeiro-comum. **Pesquisa Agropecuária Brasileira** **44**: 1312-1318.

Mendes MP, Ramalho MAP and Abreu AFB (2012) Strategies in identifying individuals in a segregant population of common bean na implications of genotype x environment interaction in the sucesso f selection. **Genetics and Molecular Research** **11**: 872-880.

Menezes Júnior JAN, Ramalho MAP, Abreu AFB (2008) Seleção recorrente para três caracteres do feijoeiro. **Bragantia** **67**: 833-838.

Menezes Júnior JAN, Rezende Júnior LS, Rocha GS, Silva VMP, Pereira AC, Carneiro PCS, Peternelli LA, Carneiro JES (2013) Two cycles of recurrent selection in red bean breeding. **Crop Breeding and Applied Biotechnology** **13**: 41-48.

Moghaddam SM, Brick MA, Echeverria D, Thompson HJ, Brick LA, Lee R, Mamidi S and McClean PE (2018) Genetic architecture of dietary fiber and oligosaccharide content in a middle American panel of edible dry bean. **The Pant Genome** **11**:1-11.

Nelson R, Wiesner-Hanks T, Wissner R and Balint-Kurti P (2018) Navigating complexity to breed disease-resistant crops. **Nature Reviews Genetics** **19**: 21-33.

Nay MM, Souza TLPO, Raatz B, Mukankusi CM, Gonçalves-Vidigal MC, Abreu AFB, Melo LC and Pastor-Corrales MA (2019) A review of angular leaf spot resistance in common bean. **Crop Science** **59**: 1376-1391.

Pádua PF, Pereira R, Abreu AFB, Ramalho MAP and Souza EA (2021) Efficiency of a recurrent selection method to achieve resistance of common beans to *Pseudocercospora griseola* in short period. **Ciência e Agrotecnologia** **45**: e013421.

Pereira LA, Abreu AFB, Ramalho MAP, Vieira Júnior IC and Pires LPM (2017) Genetic progress estimation strategy for upright common bean plants using recurrent selection. **Genetics and Molecular Research** **16**: gmr 16019494.

Pereira MJZ, Ramalho MAP, Abreu AFB (2009) Inheritance of resistance to *Fusarium oxysporium f. sp. Phaseoli* Brazilian race 2 in common bean. **Scientia Agrícola (Piracicaba, Braz)** **66**: 788-792.

Pereira LA, Abreu AFB, Vieira Júnior IC, Pires LPM and Ramalho MAP (2017) Genetic progress estimation strategy for upright common bean plants using recurrent selection. **Genetics and Molecular Research** **16**: gmr16019494.

Pereira HS, Alvares RC, Silva FC, Faria LC and Melo LC (2017) Genetic, environment and genotype x environment interaction effects on the common bean grain yield and commercial quality. **Ciências Agrárias** **38**: 1241-1250.

Pereira HS, Wendland A, Melo LC, Del Peloso MJ, Faria LC, Costa JGC, Nascente AS, Díaz JLC, Carvalho HWL, Almeida VM, Melo CLP, Costa AF, Posse SCP, Souza JFS, Abreu AFB, Magaldi MCS, Guimarães CM and Oliveira JP (2012) BRS Notável: a medium-early-maturing, disease-resistant Carioca common bean cultivar with high yield potential. **Crop Breeding and Applied Biotechnology** **12**: 220-223.

Pires LPM, Ramalho MAP, Abreu AFB and Ferreira MC (2014) Recurrent mass selection for upright plant architecture in common bean. **Scientia Agrícola** **71**: 240-243.

Ramalho MAP, Abreu AFB and Santos JB (2005) Genetic progress after four cycles of recurrent selection for yield and grain traits in common bean. **Euphytica** **144**: 23-29.

Ramalho MAP, Abreu AFB, Santos JB and Nunes JAR (2012) **Aplicações da genética quantitativa no melhoramento de plantas autógamas**. Ed. UFLA, Lavras, 522p.

Rezende BA, Abreu AFB, Ramalho MA and Souza EA (2014) Severity evaluation methods in common bean recurrent selection programme for resistance to angular leaf spot. **Journal of Phytopathology** **162**: 643-649.

Ribeiro ND, Kläsener GR, Somavilla IP and Santos GG (2019) Upright plant architecture traits and their relationship with grain yield in the selection of Mesoamerican common bean lines cultivated at low altitude. **Genetics and Molecular Research** **18**: gmr18323.

Ribeiro ND, Domingues LS, Zemolin AEM and Possobom MTD (2013) Selection of common bean lines with high agronomic performance and high calcium and iron concentrations. **Pesquisa Agropecuária Brasileira** **48**: 1368-1375.

Ribeiro ND, Domingues LS, Gruhn EM, Zemolin AEM and Rodrigues JA (2014) Desempenho agrônomico e qualidade de cozimento de linhagens de feijão de grãos especiais. **Revista Ciência Agrônoma** **45**: 92-100.

- Ribeiro ND, Steckling SM, Maziero SM, Silva MJ, Klasener GR and Casagrande CR (2017) Experimental precision of grain yield components and selection of superior common bean lines. **Euphytica** **213**: 1-11.
- Ribeiro ND, Santos GG, Maziero SM and Steckling SM (2018) Phenological, plant architecture, and grain yield traits on common bean lines selection. **Revista Caatinga** **31**:657-666.
- Ribeiro T, Silva DA, Rovaris SRS, Gonçalves JGR, Carbonell SAM and Chiorato AF (2021) Recurrent selection to obtain drought-tolerant common bean progenies. **Genetics and Molecular Research** **20**: gmr18902.
- Rocha JRASC, Nunes KV, Carnero ALN, Marçal TS, Salvador FV, Carneiro PCS and Carneiro JES (2019) Selection of superior inbred progenies toward the common bean ideotype. **Agronomy Journal** **111**: 1181-1189.
- Rocha RB, Muro-Abad JI, Araújo EF and Cruz CD (2005) Avaliação do método centróide para estudo de adaptabilidade ao ambiente de clones de *Eucalyptus grandis*. **Ciência Florestal** **15**:255-266.
- Rosal CJS, Ramalho MAP, Gonçalves FMA, Abreu AFB (2000) Seleção precoce a produtividade de grãos no feijoeiro. **Bragantia** **59**: 181-195.
- Silva GS, Ramalho MAP, Abreu AFB and Nunes JAR (2010) Estimation of genetic progress after eight cycles of recurrent selection for common bean grain yield. **Crop Breeding and Applied Biotechnology** **10**:351-356.
- Silva FB, Ramalho MAP and Abreu AFB (2007) Seleção recorrente fenotípica para florescimento precoce de feijão 'Carioca'. **Pesquisa Agropecuária Brasileira** **42**: 1437-1442.
- Steckling SM, Ribeiro ND, Arns FD, Mezzomo HC and Possobom MTD (2017) Genetic diversity and selection of common bean lines based on technological quality and biofortification. **Genetics and Molecular Research** **16**: gmr16019527.
- Talukder ZI, Anderson E, Miklas PN, Blair MW, Osorno J, Dilawari M and Hossain KG (2010) Genetic diversity and selection of genotypes to enhance Zn and Fe content in common bean. **Canadian Journal of Plant Science** 1-60.
- Tavares T, Sousa S, Salgados F, Santos G and Fidelis MLR (2017) Adaptabilidade e estabilidade da produção de grão em feijão comum (*Phaseolus vulgaris*). **Sociedade de Ciências Agrárias de Portugal** **40**: 411-418.
- Zanella R, Meira D, Zdziarski AD, Brusamarello AP, Oliveira PH and Benin G (2019) Performance of common bean genotypes as a function of growing seasons and technological input levels. **Pesquisa Agropecuária Tropical** **49**: e54989.

MATERIAL SUPLEMENTAR

Tabela S1. Estimativas de correlação (r) entre os pares de ambientes e porcentagem da parte complexa (PC%) para produtividade grãos (PG) da interação entre as linhagens do programa UFLA-SRPG e os pares de ambientes (A).

A	r	PC (%)	A	r	PC (%)	A	r	PC (%)	A	r	PC (%)	A	r	PC (%)	A	r	PC (%)
1 x 2*	0,18	88,61	2 x 4	0,45	72,46	3 x 7	-0,56	122,79	4 x 11	0,25	80,98	6 x 9	0,09	91,47	8 x 11	0,33	79,65
1 x 3	0,32	75,18	2 x 5	0,19	89,91	3 x 8	0,12	80,96	4 x 12	-0,24	111,22	6 x 10	-0,30	112,96	8 x 12	0,32	65,18
1 x 4	-0,02	95,27	2 x 6	-0,52	121,32	3 x 9	0,15	91,42	4 x 13	-0,05	102,49	6 x 11	-0,07	103,50	8 x 13	0,24	73,48
1 x 5	0,39	76,28	2 x 7	-0,31	114,31	3 x 10	-0,10	91,95	5 x 6	-0,28	111,41	6 x 12	-0,14	97,95	9 x 10	-0,03	92,51
1 x 6	-0,36	116,38	2 x 8	0,40	70,22	3 x 11	-0,05	97,47	5 x 7	0,09	95,40	6 x 13	0,26	78,01	9 x 11	0,42	72,69
1 x 7	0,18	89,64	2 x 9	0,23	87,72	3 x 12	0,26	85,90	5 x 8	0,02	94,02	7 x 8	-0,42	115,30	9 x 12	0,09	94,08
1 x 8	-0,43	118,42	2 x 10	0,46	64,51	3 x 13	0,13	93,45	5 x 9	-0,15	106,58	7 x 9	-0,50	122,08	9 x 13	0,77	47,03
1 x 9	-0,29	110,94	2 x 11	0,21	87,31	4 x 5	0,07	94,53	5 x 10	-0,09	98,66	7 x 10	0,16	86,37	10 x 11	-0,07	101,21
1 x 10	0,29	82,34	2 x 12	0,00	97,38	4 x 6	-0,19	102,60	5 x 11	-0,18	107,71	7 x 11	0,05	96,97	10 x 12	-0,44	105,74
1 x 11	0,25	86,38	2 x 13	0,19	88,09	4 x 7	-0,10	102,35	5 x 12	0,29	80,21	7 x 12	-0,22	106,97	10 x 13	0,16	77,11
1 x 12	-0,31	107,26	3 x 4	-0,20	109,56	4 x 8	0,34	67,06	5 x 13	-0,05	100,37	7 x 13	-0,31	112,16	11 x 12	-0,50	116,51
1 x 13	-0,25	106,34	3 x 5	0,30	81,69	4 x 9	0,12	93,24	6 x 7	-0,22	109,33	8 x 9	0,39	67,86	11 x 13	0,42	69,83
2 x 3	0,19	88,66	3 x 6	-0,15	100,44	4 x 10	0,17	76,53	6 x 8	-0,15	106,45	8 x 10	-0,44	119,96	12 x 13	-0,14	106,55

*1: Lavra-Água/2017; 2: Lambari-Águas/2017; 3: Patos de Minas-Águas/2017; 4: Lavras-Seca/2018; 5: Lambari-Seca/2018; 6: Patos de Minas- Seca/2018, 7: Lavras-Inverno/2018; 8: Lavras-Águas/2018; 9: Lambari-Águas/2018; 10: Lavras-Seca/2019; 11: Lambari-Seca/2019; 12: Lavras-Inverno/2019; 13: Lavras-Águas/2019.

Tabela S2. Estimativas de correlação (r) entre os pares de ambientes e porcentagem da parte complexa (PC%) para produtividade grãos (PG) da interação entre as linhagens do programa UFLA-SRMA e os pares de ambientes (A).

A	r	PC (%)	A	r	PC (%)	A	r	PC (%)	A	r	PC (%)	A	r	PC (%)	A	r	PC (%)
1 x 2*	0,06	94,10	2 x 4	0,51	70,16	3 x 7	0,38	78,91	4 x 11	0,24	80,52	6 x 9	-0,24	91,29	8 x 11	-0,02	90,78
1 x 3	0,37	62,49	2 x 5	0,22	85,91	3 x 8	0,10	60,90	4 x 12	0,12	84,63	6 x 10	0,54	65,33	8 x 12	0,30	68,35
1 x 4	-0,21	106,81	2 x 6	0,57	64,34	3 x 9	0,26	85,90	4 x 13	0,22	73,77	6 x 11	0,40	75,21	8 x 13	-0,19	91,67
1 x 5	0,31	83,31	2 x 7	0,78	17,53	3 x 10	0,22	58,07	5 x 6	0,59	63,23	6 x 12	0,00	96,78	9 x 10	0,09	63,42
1 x 6	0,29	83,80	2 x 8	0,07	95,16	3 x 11	0,21	76,70	5 x 7	0,11	77,42	6 x 13	0,57	56,30	9 x 11	0,04	84,59
1 x 7	0,20	72,65	2 x 9	0,17	62,33	3 x 12	0,38	69,23	5 x 8	0,16	84,94	7 x 8	-0,14	73,51	9 x 12	-0,01	90,61
1 x 8	-0,20	102,99	2 x 10	0,68	56,30	3 x 13	0,16	87,12	5 x 9	-0,17	91,60	7 x 9	0,09	95,52	9 x 13	-0,16	102,34
1 x 9	0,20	71,47	2 x 11	0,65	52,37	4 x 5	0,13	90,13	5 x 10	0,37	74,83	7 x 10	0,61	29,90	10 x 11	0,62	51,39
1 x 10	0,13	88,65	2 x 12	0,18	82,47	4 x 6	0,23	86,06	5 x 11	0,06	96,20	7 x 11	0,77	29,99	10 x 12	0,35	69,21
1 x 11	0,21	88,35	2 x 13	0,46	58,84	4 x 7	0,39	47,32	5 x 12	0,24	85,38	7 x 12	0,16	82,48	10 x 13	0,61	43,20
1 x 12	-0,17	107,16	3 x 4	-0,25	85,54	4 x 8	0,33	80,93	5 x 13	0,45	68,85	7 x 13	0,59	56,95	11 x 12	-0,21	109,88
1 x 13	0,54	62,37	3 x 5	0,33	64,20	4 x 9	0,15	61,26	6 x 7	0,46	49,73	8 x 9	0,55	30,33	11 x 13	0,60	60,70
2 x 3	0,39	49,90	3 x 6	0,23	66,62	4 x 10	0,56	66,10	6 x 8	-0,23	107,30	8 x 10	0,23	87,35	12 x 13	0,08	95,36

*1: Lavra-Água/2017; 2: Lambari-Águas/2017; 3: Patos de Minas-Águas/2017; 4: Lavras-Seca/2018; 5: Lambari-Seca/2018; 6: Patos de Minas- Seca/2018, 7: Lavras-Inverno/2018; 8: Lavras-Águas/2018; 9: Lambari-Águas/2018; 10: Lavras-Seca/2019; 11: Lambari-Seca/2019; 12: Lavras-Inverno/2019; 13: Lavras-Águas/2019.

Tabela S3. Estimativas de correlação (r) entre os pares de ambientes e porcentagem da parte complexa (PC%) para produtividade grãos (PG) da interação entre as testemunhas e os pares de ambientes (A).

A	r	PC (%)	A	r	PC (%)	A	r	PC (%)	A	r	PC (%)	A	r	PC (%)	A	r	PC (%)
1 x 2*	-0,92	132,16	2 x 4	0,38	64,80	3 x 7	0,92	18,00	4 x 11	0,69	14,73	6 x 9	0,35	76,44	8 x 11	0,18	65,36
1 x 3	0,55	45,83	2 x 5	-0,36	102,44	3 x 8	0,56	25,29	4 x 12	-0,22	55,44	6 x 10	0,30	83,43	8 x 12	0,95	1,72
1 x 4	-0,44	89,73	2 x 6	-0,43	109,05	3 x 9	0,34	76,76	4 x 13	0,28	63,51	6 x 11	0,71	51,23	8 x 13	0,51	66,08
1 x 5	0,27	47,89	2 x 7	-0,88	118,09	3 x 10	0,59	48,38	5 x 6	0,95	1,44	6 x 12	0,62	51,24	9 x 10	0,48	68,55
1 x 6	0,45	73,33	2 x 8	-0,99	140,94	3 x 11	0,82	30,24	5 x 7	0,75	9,64	6 x 13	0,51	61,36	9 x 11	0,76	48,58
1 x 7	0,73	43,51	2 x 9	0,39	50,87	3 x 12	0,75	47,19	5 x 8	0,25	72,71	7 x 8	0,81	15,01	9 x 12	-0,34	114,97
1 x 8	0,95	6,35	2 x 10	-0,50	110,61	3 x 13	0,76	16,89	5 x 9	0,59	17,16	7 x 9	0,08	95,73	9 x 13	0,45	54,38
1 x 9	-0,60	121,60	2 x 11	-0,30	95,27	4 x 5	0,73	51,39	5 x 10	0,52	27,00	7 x 10	0,71	50,77	10 x 11	0,82	39,68
1 x 10	0,14	92,17	2 x 12	-0,97	114,21	4 x 6	0,60	25,46	5 x 11	0,89	3,50	7 x 11	0,71	53,40	10 x 12	0,39	70,28
1 x 11	0,05	93,84	2 x 13	-0,61	125,99	4 x 7	0,11	46,10	5 x 12	0,50	18,65	7 x 12	0,90	27,66	10 x 13	0,97	4,85
1 x 12	0,95	6,15	3 x 4	0,46	18,78	4 x 8	-0,48	113,79	5 x 13	0,68	28,57	7 x 13	0,85	17,92	11 x 12	0,35	78,11
1 x 13	0,30	79,46	3 x 5	0,94	0,72	4 x 9	0,91	2,67	6 x 7	0,74	46,08	8 x 9	-0,51	97,33	11 x 13	0,88	14,74
2 x 3	-0,64	92,63	3 x 6	0,94	7,21	4 x 10	0,22	48,66	6 x 8	0,36	62,21	8 x 10	0,40	58,03	12 x 13	0,56	39,44

*1: Lavra-Água/2017; 2: Lambari-Águas/2017; 3: Patos de Minas-Águas/2017; 4: Lavras-Seca/2018; 5: Lambari-Seca/2018; 6: Patos de Minas- Seca/2018, 7: Lavras-Inverno/2018; 8: Lavras-Águas/2018; 9: Lambari-Águas/2018; 10: Lavras-Seca/2019; 11: Lambari-Seca/2019; 12: Lavras-Inverno/2019; 13: Lavras-Águas/2019

Tabela S4. Estimativas de correlação (r) entre os pares de ambientes e porcentagem da parte complexa (PC%) para severidade de mancha angular (MA) da interação entre as linhagens dos programas UFLA-SRPG, UFLA-SRMA e das testemunhas (Test) e os pares de ambientes (A).

A	UFLA-SRPG		UFLA-SRMA		Test	
	r	PC (%)	r	PC (%)	r	PC (%)
1 x 2*	-0,16	73,57	-0,47	120,11	0	90,35
1 x 3	0,47	60,04	0,04	47,7	-0,67	128,78
1 x 4	-0,76	89,13	-0,02	71,14	-0,29	113,49
2 x 3	-0,38	106,7	0,45	31,09	0,71	44,83
2 x 4	0,68	88,51	-0,06	81,778	-0,76	123,99
3 x 4	0,2	88,56	-0,08	95,75	-0,22	109,27

*1: Lavras-Seca/2018; 2: Lambari-Seca/2018; 3: Lavras-Seca/2019; 4: Lambari-Seca/2019.

Tabela S5. Estimativas de correlação (r) entre os pares de ambientes e porcentagem da parte complexa (PC%) arquitetura de plantas (ArQ) da interação entre as linhagens dos programas UFLA-SRPG, UFLA-SRMA e das testemunhas (Test) e os pares de ambientes (A).

A	PG		MA		Test	
	r	PC (%)	r	PC (%)	r	PC (%)
1 x 2*	0,7	52,73	0,81	39,11	0,99	0,79
1 x 3	0,44	72,84	0,47	63,87	0,94	19,06
1 x 4	0,71	53,63	0,76	36,66	0,93	10,1
1 x 5	-0,07	88,69	0,45	57,59	0,5	41,34
1 x 6	0,59	59,67	0,64	53,33	0,97	7,03
2 x 3	0,28	84,96	0,19	87,96	0,88	23,98
2 x 4	0,59	62,68	0,72	48,57	0,89	32,6
2 x 5	-0,23	102,64	0,25	61,77	0,41	70,39
2 x 6	0,61	60,89	0,64	59,23	0,93	17,8
3 x 4	0,05	95,72	0,49	71,52	0,96	8,87
3 x 5	-0,16	100,3	0,33	47,23	0,57	44,51
3 x 6	0,59	63,47	0,61	61,46	0,99	6,51
4 x 5	-0,02	86,37	0,19	54,96	0,32	76,88
4 x 6	0,59	59,9	0,71	51,85	0,96	11,12
5 x 6	0,09	89,97	0,09	66,49	0,55	49,12

*1: Lavras-Águas/2017; 2: Lambari-Inverno/2017; 3: Lavras-Águas/2018, 4: Lavras-Inverno/2018; 5: Lambari-Seca/2018; 6: Lavras-Inverno/2019

**ARTIGO 2 - ESTRATÉGIAS DE SELEÇÃO DE LINHAGENS DE
FEIJÃO CARIOCA PARA MULTICARACTERES EM
MULTIAMBIENTES**

Artigo redigido conforme as normas da Agronomy Journal (**versão preliminar**).

Estratégias de seleção de linhagens de feijão carioca para multicares em multiambientes

RESUMO

A identificação de genótipos com alta produtividade, estabilidade e ampla adaptabilidade em multiambientes é um dos objetivos dos programas de melhoramento. Entretanto, essa seleção é influenciada pela interação genótipos por ambientes. Assim, objetivou-se com este trabalho verificar a aplicabilidade de estratégias de seleção de linhagens para multicares em multiambientes baseadas em análise de fatores e índice da distância genótipo-ideótipo. Um total de 35 linhagens de feijão carioca de dois programas de seleção recorrente da UFLA foram avaliadas nos municípios de Lavras, Patos de Minas e Lambari, no estado de Minas Gerais-Brasil, nas safras da seca, outono-inverno e águas de 2017 a 2019. Os experimentos foram avaliados no delineamento de blocos ao acaso com três repetições quanto a arquitetura de plantas (ArQ), severidade de mancha angular (MA) e produtividade de grãos (PG). Realizou-se análises individuais e conjunta de variância para todas as características. A seleção das linhagens foi realizada em dois cenários: seleção univariada em multiambientes e seleção multicares em multiambientes. A seleção das 20% melhores linhagens foram realizadas com base nos escores da análise de fatores, no índice genótipo-ideótipo associado a análise de fatores e na metodologia proposta por Annicchiarico. Estes resultados foram comparados com a seleção realizada na média das linhagens em todas as avaliações para cada característica. A comparação entre as estratégias de seleção foi realizada por meio do percentual de coincidência das 20% melhores linhagens. Observou-se que o efeito de interação linhagens por ambientes foi predominantemente de natureza simples para MA e ArQ, enquanto para PG houve predomínio da interação de natureza complexa. A análise de fatores individualmente permitiu maximizar a seleção de linhagens para grupos de avaliações com padrão semelhante de resposta das linhagens quanto a caracteres específicos. O emprego do índice genótipo-ideótipo associado a análise de fatores apresentou um equilíbrio na seleção de linhagens tanto em condição de um mesmo caráter em multiambientes quanto de multicares em multiambientes.

Palavras - chave: *Phaseolus vulgaris* L., melhoramento genético, análise de fatores.

1 INTRODUÇÃO

O feijão comum (*Phaseolus vulgaris* L.) é a espécie mais cultivada entre as demais do gênero *Phaseolus* (Broughton et al., 2003; Schmutz et al., 2014). Esta leguminosa é uma das mais importantes para o consumo humano e, por isso, é cultivado em todos os continentes do mundo (De Ron et al., 2016). O Brasil é o maior produtor e consumidor mundial dessa leguminosa, que é cultivada em todo o território nacional, na maior parte do ano, tanto em baixo como em alto nível tecnológico. No País, o feijão carioca é o principal tipo comercial, que representa aproximadamente 70% do mercado consumidor no país (Lemos et al., 2020; Pereira et al., 2021).

A grande demanda pelo feijão comum no Brasil justifica a importância dos programas de melhoramento para esta cultura, especialmente do tipo comercial carioca. Resultados expressivos já foram obtidos no melhoramento desta cultura para diferentes caracteres de importância agrônômica como produtividade (Aguiar et al., 2023; Amsalu et al., 2018; Lemos, Abreu, & Ramalho, 2020), arquitetura de plantas (Pereira et al., 2017; Ribeiro et al., 2019), resistência a patógenos (Amaro et al., 2007; Leite et al., 2016; Librelon et al., 2020; Pádua et al., 2022), qualidade comercial (Dias et al., 2021; Pereira et al., 2022), nutricional (Beebe, 2020; Huertas et al., 2022) e tecnológica dos grãos (Carvalho et al., 2017; Saradadevi et al., 2021; Steckling et al., 2017).

Diversas cultivares de feijão carioca já foram recomendadas no País para atender as demandas dos produtores. Apesar disso, a obtenção de novas cultivares que reúnam fenótipos de interesse para todos os caracteres é complexa, pois a maioria destes apresentam herança quantitativa e sofrem com grande influência do ambiente. Portanto, um dos grandes desafios dos programas de melhoramento do feijoeiro é a seleção simultânea de linhagens para vários caracteres, especialmente quando estas são avaliadas em duas ou mais condições ambientais.

Quando os genótipos são avaliados em múltiplos ambientes, além dos efeitos de genótipo e ambiente, surge o efeito adicional da interação genótipos por ambientes (GxA) (Cruz et al., 2014; De Leon et al., 2016; Eeuwijk et al., 2016; Malosetti et al., 2013), que consiste no comportamento diferencial dos genótipos ao longo das condições ambientais (local, ano e safra) as quais estes são submetidos (Cruz et al., 2014; Elias et al., 2016; Pereira et al., 2013; Ramalho et al., 2012). A seleção de genótipos quanto a um caráter com base na média de vários ambientes pode gerar equívocos, principalmente quando há baixa correlação entre os ambientes. Entretanto, essa estratégia de seleção já foi muito utilizada pelos programas de melhoramento do feijoeiro para recomendar novas cultivares. Assim, torna-se necessário nessas condições

utilizar metodologias que facilite a identificação das linhagens superiores na presença de interação GxA. Análises de adaptabilidade e estabilidade univariadas como a proposta por Annicchiarico (1992) tem sido utilizada para auxiliar nestas situações.

A utilização de análises multivariadas tem auxiliado os programas de melhoramento do feijoeiro na seleção de genótipos superiores para várias características de forma simultânea (Silva et al., 2021). O índice genótipo ideótipo é uma metodologia constantemente utilizada para seleção de progênies em programa de seleção recorrente do feijoeiro visando recombinação (Rocha et al., 2019), assim como também na seleção de linhagens de várias culturas visando incorporação em ensaios de valor de cultivo e uso (Lemos, Abreu, & Ramalho, 2020; Olivoto et al., 2019; Rocha et al., 2019; Singamsetti et al., 2023; Souza et al., 2020). Baseado nesse princípio de índice, Rocha et al. (2018) propuseram o índice FAI-BLUP para seleção de múltiplos caracteres e que tem sido adaptado para auxiliar na análise de dados na cultura do feijoeiro para selecionar progênies avaliadas em múltiplas gerações (Rocha et al., 2019). Entretanto, a utilização de metodologias de análise de dados que auxiliem a seleção para vários caracteres e em múltiplos ambientes ainda tem sido pouco explorada no melhoramento desta cultura.

A análise de fatores é uma metodologia multivariada que já foi proposta para ser utilizada visando auxiliar tanto na seleção para vários caracteres como também em múltiplos ambientes. Murakami & Cruz (2004) verificaram que esta metodologia pode ser utilizada simultaneamente para realizar estratificação ambiental e seleção de linhagens na etapa final de um programa de melhoramento. Porém, não existem na literatura trabalhos comparando esta estratégia de seleção com outras convencionalmente utilizadas pelos programas de melhoramento, principalmente em condição de interação GxA de natureza complexa. Diante do exposto, o objetivo deste trabalho foi verificar a aplicabilidade de estratégias de seleção de linhagens para multicaracterísticas em multiambientes baseadas em análise de fatores e índice da distância genótipo ideótipo.

2 MATERIAL E MÉTODOS

Neste estudo foram avaliadas 35 linhagens de feijão carioca, das quais 15 provenientes dos programas de seleção recorrente para produtividade (UFLA-SRPG) (Ramalho et al., 2005; Silva et al., 2010), 16 oriundas do programa de seleção recorrente para resistência a mancha angular (UFLA-SRMA) (Amaro et al., 2007; Arantes et al., 2010; Libreton et al., 2020; Nay et

al., 2019; Pádua et al., 2021; Rezende et al., 2014) e quatro cultivares, utilizadas como testemunhas. Todas as linhagens foram avaliadas num total de 12 experimentos conduzidos nas três safras de cultivo (“águas”, “seca” e “outono-inverno”) entre os anos de 2017 e 2019. Esses experimentos foram conduzidos nos municípios de Lavras (latitude: 21° 58’ S, longitude: 42° 22’ O, altitude: 918 m), Patos de Minas (latitude: 18° 34’ S, longitude: 46° 31’ L, altitude: 832 m) e Lambari (latitude: 21° 58’ S, longitude: 45° 21’ L, altitude: 887 m), no estado de Minas Gerais.

As linhagens foram avaliadas quanto a produtividade de grãos (PG), arquitetura de plantas (ArQ) e severidade a mancha angular (MA) em experimentos conduzidos em delineamento de blocos completamente casualizados. As parcelas experimentais foram constituídas de duas linhas de quatro metros e espaçadas de 0,6 metros. A densidade de plantio adotada foi de 15 sementes por metro. A adubação e os tratos culturais utilizados foram de acordo com o recomendado para a cultura do feijoeiro no Estado de Minas Gerais (Carneiro et al., 2015).

A PG, avaliada nas três repetições dos 12 experimentos, foi obtida nas duas linhas da parcela e extrapolada para kg ha^{-1} . A MA foi avaliada em duas repetições de três experimentos por meio de escala de notas sugerida pelo CIAT (Schoonhoven e Pastor-Corrales 1987) e adaptada por Nietsche et al. (2000). Nesta escala a nota 1 é atribuída às parcelas com plantas sem sintomas da doença e a nota 9 às parcelas com plantas com sintomas severos, que ocasionam a queda prematura das folhas e morte. Já a ArQ foi avaliada nas três repetições de somente cinco experimentos por meio de escala de notas conforme Collicchio et al. (1997), na qual a nota 1 refere-se às parcelas com plantas eretas, com uma haste e inserção alta das primeiras vagens e a nota 9 às parcelas com plantas com internódios longos e muito prostradas.

Os dados de avaliação das linhagens quanto as três características em cada experimento foram submetidas a análises individuais de variância, conforme o modelo:

$$Y_{ij} = \mu + B_j + G_i + e_{ij},$$

em que: Y_{ij} é o valor observado na parcela que contém o i -ésimo genótipo no j -ésimo bloco; μ é a média geral; B_j é o efeito aleatório do j -ésimo bloco; G_i é o efeito fixo do i -ésimo genótipo e e_{ij} é o erro aleatório que incide na parcela do i -ésimo genótipo no j -ésimo bloco.

Também foram realizadas análises conjuntas de variância para cada característica, conforme o modelo:

$$Y_{ijk} = \mu + B/A_{jk} + G_i + E_j + GE_{ij} + e_{ijk}$$

em que: Y_{ijk} é o valor observado do i -ésimo genótipo no j -ésimo experimento e k -ésimo bloco; μ é a média geral; B/A_{jk} é o efeito do k -ésimo bloco dentro do j -ésimo experimento; G_i é o efeito fixo do i -ésimo genótipo; E_j é o efeito fixo do j -ésimo experimento; GE_{ij} é o efeito fixo da interação do i -ésimo genótipo com j -ésimo experimento; e_{ijk} é o erro aleatório associado ao i -ésimo genótipo no j -ésimo experimento e k -ésimo bloco.

A seleção das linhagens foi realizada em dois cenários: (1) seleção univariada em multiambientes e (2) seleção multivariada em multiambientes. No primeiro cenário, as seleções foram realizadas na média dos ambientes desconsiderando a interação genótipos por ambientes (1.1), com base nos escores da análise de fatores (1.2), com base no índice genótipo-ideótipo associado a análise de fatores (1.3) e com auxílio da metodologia proposta por Annicchiarico, (1992) (1.4). Estas estratégias foram adotadas para todas as três características. As estratégias adotadas no cenário 2 foram: seleção com base nos escores da análise de fatores (2.1); seleção com base no índice genótipo-ideótipo associado a análise de fatores (2.2). No cenário 2 não foi empregada a metodologia proposta por Annicchiarico (1992).

As médias das linhagens em cada experimento quanto aos caracteres avaliados nos cenários 1 e 2 foram submetidas a análise de fatores nas estratégias de seleção 1.2, 1.3, 2.1 e 2.2. Para realização da análise de fatores foi adotado o modelo conforme Johnson & Wichern (1992):

$$X_j = l_{j1}F_1 + l_{j2}F_2 + \dots + l_{jm}F_m + \varepsilon_j,$$

em que, X_j é a j -ésima variável, com $j=1, 2, \dots, v$; l_{jk} é a carga fatorial para a j -ésima variável associada ao k -ésimo fator, sendo $k=1, 2, \dots, m$; F_k é o k -ésimo fator comum; ε_j é o fator específico. A escolha do número de fatores a ser utilizado nesta metodologia foi baseada no percentual da variação total explicada pelos fatores, que neste trabalho foi adotado o limiar igual ou superior a 70%.

A seleção nas estratégias 1.2 e 2.1 foi baseada nos escores dos fatores que apresentaram valores de carga fatorial (correlação) maiores ou iguais a 0,5. A seleção na estratégia 1.3 e 2.2 foi realizado com base no índice do genótipo ideótipo que calculou a distância euclidiana média entre cada linhagem e o ideótipo para os vários caracteres em múltiplos ambientes. Entretanto, as medidas de distância foram calculadas a partir dos valores dos escores das linhagens e do ideótipo obtidos na análise de fatores. Para o caráter PG considerou-se o valor ideal como a maior média da linhagem em cada um dos ambientes avaliados, enquanto que para MA e ArQ considerou-se como valor ideal a menor média de cada linhagem em cada experimento.

O método proposto por Annicchiarico (1992) foi adotado para seleção das linhagens avaliadas no cenário 1 (seleção univariada em multiambientes). Este método baseou-se no índice de confiança ou de recomendação de cada linhagem apresentar comportamento relativamente superior em relação a média de cada ambiente. O índice de recomendação foi estimado por $W_{i(g)} = \hat{\mu}_{i(g)} - Z_{(1-\alpha)} \hat{\sigma}_{zi(g)}$, atendendo todos os ambientes, em que: $\hat{\mu}_{i(g)}$ é a média percentual da linhagem i em relação à média geral; $Z_{(1-\alpha)}$ é o percentual da função de distribuição normal padrão, para o qual a função de distribuição acumulada atinge o valor $1 - \alpha$; $\hat{\sigma}_{zi(g)}$ é o desvio padrão dos valores Z_{ij} , da i -ésima linhagem, considerando seu comportamento em todos os ambientes.

A fim de comparar as diferentes estratégias de seleção foram utilizadas duas métricas: correlação de Pearson e índice de coincidência. Primeiro foram estimadas as correlações de Pearson entre os parâmetros das estratégias de seleção empregadas nos cenários 1 e 2 e as médias das linhagens em cada um dos experimentos/avaliações. Posteriormente, foi estimado o índice da coincidência da seleção das 20% melhores linhagens empregando as estratégias abordadas nos cenários 1 e 2 e a seleção direta em cada experimento/avaliação para o respectivo caráter. O índice de coincidência (C) foi mensurado conforme a seguir: $C = \frac{NCE}{NS}$; em que NCE é o número comum de linhagens selecionadas pela respectiva estratégia e a seleção direta em cada experimento para o respectivo caráter; e NS é o número total de linhagens a serem selecionadas considerando intensidade de seleção de 20%.

Todas as análises estatísticas foram realizadas com a auxílio do software GENES (Cruz, 2013).

3 RESULTADOS E DISCUSSÃO

3.1 Seleção de linhagens visando multiambientes

O efeito de linhagens nas análises individuais de variância foi significativo para todos os caracteres mensurados em todos os experimentos (Suplementar, Tabela S1, S2 e S3), indicando que existe pelo menos um contraste entre as linhagens estatisticamente diferente de zero. Nas análises conjuntas de variância, houve interação linhagens por ambientes (LxA) significativa para todos os caracteres (Suplementar, Tabela S4). Na presença de interação LxA as linhagens apresentam desempenho diferencial ao longo dos experimentos (De Leon et al.,

2016; Elias et al., 2016) e isso se deve à expressão diferenciada dos genes que controlam cada caráter (Cruz et al., 2014; Eeuwijk et al., 2016; Ramalho et al., 2012).

A interação LxA foi predominantemente de natureza simples para os caracteres severidade da mancha angular (MA) e a arquitetura de plantas (ArQ), uma vez que, a porcentagem da parte complexa da interação linhagens nos pares de ambientes (PC%) apresentou uma tendência de natureza simples (artigo 1). Resultados similares foram também observados em alguns trabalhos (Jeque, 2023; Possobom, 2018) para ArQ. Já para produtividade de grãos (PG) houve predomínio da interação de natureza complexa, uma vez que, a PC% foi superior a 50% (Artigo 1). Portanto, verificou-se que houve mudanças consideráveis de ranqueamento para PG nos diferentes experimentos. A natureza complexa da interação LxA para PG no feijoeiro também tem sido observada na literatura (Jeque, 2022; Pereira et al., 2011; Torga et al., 2013).

A seleção de linhagens quanto a ArQ e MA avaliadas em vários experimentos não se tem mostrado uma dificuldade no melhoramento do feijoeiro (Amaro et al., 2007; Arantes et al., 2010; Librelon et al., 2020; Nay et al., 2019; Pereira et al., 2017; Pereira et al., 2019; Ribeiro et al., 2019) devido a natureza simples da interação LxA. Nesta condição não há mudança considerável no ranqueamento das linhagens. Já para PG no feijoeiro, a seleção é um grande desafio devido a interação LxA ser de natureza complexa. Uma possível explicação é que o cultivo do feijoeiro é realizado em três safras (águas, seca e outono/inverno) que são completamente distintas quanto às condições climáticas e de ocorrência de doenças (Ramalho et al., 2012; Carneiro et al., 2015; Possobom, 2018), o que ocasiona as linhagens apresentarem desempenho distintos conforme a safra na qual é cultivada. Assim, os ensaios de valor de cultivo e uso (VCU) são conduzidos em diferentes condições de cultivo por estados do Brasil para tornar mais acurada a recomendação de novas cultivares de feijoeiro.

A seleção de linhagens de feijão em multiambientes é um grande desafio para os melhoristas desta cultura, especialmente em condições de interação LxA de natureza complexa. A seleção com base na média destes ambientes mostra-se bastante eficiente em condições de ausência de interação LxA ou na presença desta, porém de natureza simples. Entretanto, na condição de interação de natureza complexa, várias metodologias são empregadas no melhoramento do feijoeiro e milho para auxiliar a seleção de linhagens em multiambientes (Castiano et al., 2023; Morais et al., 2023; Murakami & Cruz, 2004; Olivoto et al., 2019; A. Smith et al., 2021; Smith et al., 2015). Uma das formas de atenuar o efeito da interação LxA de natureza complexa é a estratificação ambiental (Ramalho et al., 2012), que tem sido empregada por meio das metodologias baseadas na identificação de grupos de ambientes que

não apresentam interação GxA (Lin, 1982), em análise de fatores (Murakami & Cruz, 2004; Smith et al., 2021; Smith et al., 2015) ou em análise de GGE biplot (Hoyos-Villegas et al., 2016; Rezene, 2019; Santos et al., 2019; Yan, 2015).

As estimativas de correlações (r) entre a média das linhagens de MA considerando os três experimentos (MG) com as médias deste caráter em cada experimento foram de elevada magnitude ($r > 0,69$), especialmente nos experimentos conduzidos em Lavras ($r > 0,84$) (Tabela 1). Padrão similar foi observado ao empregar o método de Annicchiarico para auxiliar na seleção quanto a MA, com valores de correlação entre o parâmetro W_i e as médias dos experimentos em Lavras superiores a 0,80 e igual a 0,62 em experimento em Lambari. Apesar de se observar correlações elevadas entre os parâmetros das três estratégias de seleção, verifica-se que a média geral das linhagens ao considerar as três avaliações de MA apresentou correlação mais elevada ($r = 0,95$) com o parâmetro W_i , o que realça o padrão de similaridade entre estas duas estratégias de seleção (Tabela 1).

Tabela 1. Estimativas de correlações (r) e coincidências entre as estratégias de seleção - média geral (MG), índice de seleção (I) e índice de confiança (W_i) conforme Annicchiarico (1992) - e as três avaliações das 35 linhagens quanto a severidade a mancha angular.

Local	Safra	Ano	Correlações			Coincidência		
			MG	I	W_i	MG	I	W_i
Lavras	Seca	2018	0,85	0,69	0,81	0,88	0,88	0,88
Lavras	Seca	2019	0,87	0,56	0,82	1,00	0,88	1,00
Lambari	Seca	2019	0,70	0,91	0,62	1,00	1,00	0,75
Média			0,80	0,72	0,75	0,96	0,92	0,88
r (I)			0,83	1,00	0,74			
r (W_i)			0,95	0,74	1,00			

O emprego do índice de seleção baseado nos dois primeiros fatores que representaram 0,85 da variação observada para MA (Tabela 2) apresentou maior discrepância em relação a correlação com as demais estratégias de seleção (MG e W_i). As estimativas de correlação entre as distâncias das linhagens obtidas neste índice foi maior com a média das linhagens no experimento em Lambari ($r = 0,91$), enquanto as estimativas das correlações das outras duas estratégias foram mais elevadas com as médias dos experimentos em Lavras. Se observada a média das correlações ao considerar cada experimento nas três estratégias de seleção, verifica-se que houve maior correlação ($r = 0,80$) entre média geral das linhagens e médias destas em cada experimento.

A seleção das 20% melhores linhagens quanto a MA baseada na média dos três experimentos (MG) apresentou coincidência igual ou superior a 0,88 com a seleção deste percentual de linhagens nas três avaliações de MA (Tabela 1). Os maiores valores de coincidência nesta estratégia de seleção foram com os experimentos conduzidos em 2019 nas localidades de Lavras e Lambari. Esta estratégia foi a que apresentou maiores valores de coincidência, pois na média dos três experimentos as coincidências foram 0,96, 0,92 e 0,88 ao empregar a média geral, índice distância genótipo ideótipo e W_i proposto por Annicchiarico (1992), respectivamente.

Além de associada ao índice distância genótipo ideótipo, a análise de fatores também pode ser utilizada na seleção de linhagens superiores, conforme descrito por Murakami & Cruz (2004). Rocha et al. (2019) afirmam que a abordagem empregada no índice FAI-BLUP captura as informações multicaracterísticas permitindo a capitalização da interação GxA e pode acelerar o desenvolvimento de cultivares. Esta estratégia tem sido empregada em algumas oportunidades nas culturas do feijão milho, soja e capim elefante para seleção multiambientes (Ferrari et al., 2018; Garbuglio et al., 2007; Mendonça et al., 2007; Nardino et al., 2018; Rocha et al., 2018; A. Smith et al., 2021). Entretanto, esta metodologia ainda não foi empregada na seleção quanto a MA. Observa-se na Tabela 2 que as estimativas de comunalidades (Co) e a comunalidade média, apresentaram valores acima de 0,64, que conforme Cruz et al. (2014) e Murakami & Cruz (2004), tem sido aceitos como razoáveis valores de comunalidades.

Tabela 2. Estimativas de comunalidades (Co) e cargas fatoriais (FA) associadas às três avaliações de severidade de mancha angular (MA).

Local	Safra	Ano	Co	FA1	FA2
Lavras	Seca	2018	0,77	0,85 (1,00) ⁺	0,24
Lavras	Seca	2019	0,77	0,85 (0,88)	0,23
Lambari	Seca	2019	0,99	0,27	0,96 (0,88)
Média			0,85		

⁺ valores entre parênteses refere-se à coincidência em percentual de indivíduos selecionados por meio dos escores do respectivo fator e do ambiente em questão.

Os dois primeiros fatores para a análise quanto este caráter representou 85% da variação observada para esta característica nas três avaliações para MA. Apesar desta pequena redução na dimensionalidade (Tabela 2), foi possível observar que as cargas fatoriais do primeiro fator (FA1) para os experimentos conduzidos em Lavras (2018 e 2019) foram iguais a 0,85 (Tabela 1). Já o fator 2 (FA3) apresentou elevada carga fatorial (0,96) para o experimento conduzido em Lambari. Portanto, estes fatores foram empregados na seleção das 20% melhores linhagens

de feijão carioca avaliadas quanto a MA nestes experimentos. A seleção destas melhores linhagens baseada nos escores do FA1 apresentaram 100% e 87,5% de coincidência com as 20% melhores linhagens nos experimentos conduzidos em Lavras (2018 e 2019). Já a coincidência da seleção das 20% melhores linhagens para MA baseada nos escores do FA2 foi de 87,5% com as 20% melhores linhagens no experimento conduzido em Lambari. A associação dos escores destes dois fatores no índice genótipo ideótipo (I) proporcionou a seleção das 20% melhores linhagens com coincidência média com as melhores em cada local superior a 0,92 (Tabela 1). Portanto, é evidente a eficácia do uso desta estratégia de seleção de linhagens quanto a MA.

Segundo Johnson & Wichern (1992), as cargas fatoriais positivas superiores 0,7 indicam ambientes similares entre si e com alta correlação. Baseado nisso destaca-se, portanto, que houve uma estratificação ambiental para MA de modo a separar os experimentos de Lavras e Lambari. Uma possível hipótese para esta separação é que as raças de *Pseudocercospora griseola* comuns a Lavras são diferentes das observadas em Lambari, o que proporciona respostas diferentes das linhagens. Entretanto, ainda são poucos experimentos avaliados e não foram identificadas as raças encontradas nas duas localidades deste trabalho. Portanto, mais experimentos devem ser conduzidos para verificar esta estratificação.

Os elevados valores de correlação entre os parâmetros de cada estratégia e a média de cada experimento, assim como, as elevadas coincidências podem ser explicadas pela interação LxA ser predominantemente de natureza simples e aos valores mais elevados de herdabilidade para este caráter (Arantes et al., 2010; Librelon et al., 2020; Pádua et al., 2021). Portanto, verifica-se que a seleção para MA baseada na média geral é uma alternativa viável no melhoramento do feijoeiro para obtenção de linhagens resistentes em condição de interação LxA de natureza simples. Mencialha et al. (2022) empregaram esta estratégia na identificação de potenciais genitores de feijão do grupo comercial carioca resistentes a antracnose com auxílio de inoculação artificial de plantas em estágio V2.

As estimativas de comunalidades (Co) e a média destas Co observadas na análise de fatores para ArQ apresentaram valores acima de 0,70, com exceção do experimento conduzido em Lavras na safra das águas de 2018. O primeiro fator obtido nesta metodologia representou 73% de toda variabilidade observada para este caráter (Tabela 3). Além disso, as cargas fatoriais relativas a este fator foram iguais ou superiores a 0,74 em todas as cinco avaliações para este caráter. Tais resultados revelaram que somente os escores deste fator foram suficientes para serem empregados na seleção quanto a ArQ considerando os cinco experimentos. Essa maior facilidade na seleção para este caráter em condição de multiambientes é explicada pela

interação LxA de natureza simples, o que indica que há uma correlação de alta magnitude entre os pares de avaliações de ArQ conduzidas neste trabalho. Ressalta-se que as avaliações de ArQ foram conduzidas nas águas e no outono/inverno e, portanto, devido a estes resultados verifica-se que esse tipo de avaliação pode ser conduzido nestes dois tipos de safras. Resultado similar também foi observado por Jeque (2023) em experimentos com feijão vermelho e Possobom (2018) conduzindo ensaios de feijão preto e carioca.

Tabela 3. Estimativas de comunalidades (Co), correlações (r), e coincidências entre as estratégias de seleção - média geral (MG), cargas fatoriais (FA) e índice de confiança (Wi) conforme Annicchiarico (1992) - e as cinco avaliações das 35 linhagens quanto a arquitetura de plantas (ArQ).

Local	Safr	Ano	Co	Correlações			Coincidência		
				FA1	MG	Wi	FA1	MG	Wi
Lavras	Águas	2017	0,81	0,90	0,90	0,81	0,88	0,88	0,50
Lambari	Inverno	2017	0,72	0,85	0,82	0,74	1,00	1,00	0,63
Lavras	Águas	2018	0,55	0,74	0,76	0,78	0,50	0,50	0,63
Lavras	Inverno	2018	0,75	0,87	0,87	0,82	0,88	0,88	0,63
Lavras	Inverno	2019	0,82	0,91	0,91	0,90	0,75	0,75	1,00
Média			0,73	0,86	0,85	0,81	0,80	0,80	0,68
r (Wi)				0,97	1,00				

As estimativas das correlações entre os parâmetros das três estratégias (FA1, MG e Wi) e as médias das linhagens nos experimentos avaliados quanto a ArQ foram similares (Tabela 3). Os valores destas correlações foram iguais ou superiores a 0,74, que são de elevada magnitude. As coincidências na seleção das 20% melhores linhagens considerando as estratégias FA1 e MG com a seleção direta por experimento foram superiores a 74%, com exceção do experimento conduzido em Lavras na safra das águas de 2018. Este menor valor de coincidência também foi associado aos menores valores de correlação ($r=0,74$ e $r=0,76$) para FA1 e MG, respectivamente. Já as coincidências da estratégia com emprego da metodologia de Annicchiarico (1992) foram inferiores às demais estratégias, com exceção dos experimentos conduzidos em Lavras nas safras das águas e inverno 2018 e 2019. Portanto, verifica-se que o emprego da média das linhagens considerando todos os experimentos ou utilizando análise de fatores são eficazes na seleção quanto a ArQ.

A seleção das 20% melhores linhagens quanto a PG baseada na média dos doze experimentos apresentou coincidências variando entre 0,13 e 0,75 com a seleção direta em cada um destes experimentos (Tabela 4). As correlações entre a média das linhagens em cada

experimento e a média considerando todos variou entre 0,39 e 0,73. Estes baixos valores de coincidências e correlações são explicados pela interação LxA ser predominantemente de natureza complexa e aos valores mais baixos de herdabilidade para este caráter (Castiano et al., 2023; Lemos, Abreu, & Ramalho, 2020; Possobom, 2018; Ramalho et al., 2012). Para auxiliar neste desafio dos programas de melhoramento do feijoeiro visando maior produtividade, tem se utilizado a metodologia de adaptabilidade proposta por Annicchiarico, (1992). Ao empregar esta abordagem verificou-se coincidências entre a seleção utilizando esta metodologia e a seleção direta na média de cada experimento variando entre 0 e 63%. As correlações entre os valores de W_i e as médias das linhagens em cada um dos experimentos variou entre 0,28 e 0,66. De modo geral, houve uma leve superioridade do emprego da média das linhagens considerando todos os experimentos se comparado ao uso do parâmetro W_i para seleção quanto a PG. A média das correlações e das coincidências por experimento ao utilizar a média geral (MG) foram 0,58 e 0,47, respectivamente, enquanto ao utilizar o parâmetro W_i foram 0,51 e 0,38. Esses resultados evidenciam que a interação LxA é um grande desafio, pois houve baixo acerto por experimento das linhagens selecionadas na média de todos os experimentos ou empregando a metodologia de adaptabilidade proposta por Annicchiarico (1992).

Tabela 4. Estimativas de correlações (r) e coincidências entre as estratégias de seleção - média geral (MG), índice de seleção (I) e índice de confiança (W_i) conforme Annicchiarico (1992) - e as 12 avaliações das 35 linhagens quanto a produtividade de grãos (PG).

Local	Safr	Ano	Correlações			Coincidência		
			MG	W_i	I	MG	W_i	I
Lavras	Águas	2017	0,54	0,38	-0,29	0,25	0,00	0,13
Patos	Águas	2017	0,71	0,61	-0,60	0,50	0,25	0,38
Lavras	Seca	2018	0,50	0,54	-0,53	0,63	0,63	0,75
Lambari	Seca	2018	0,54	0,53	-0,52	0,63	0,63	0,75
Patos	Seca	2018	0,47	0,35	-0,44	0,13	0,13	0,13
Lavras	Inverno	2018	0,67	0,56	-0,54	0,50	0,38	0,50
Lavras	Águas	2018	0,39	0,38	-0,53	0,50	0,50	0,63
Lambari	Seca	2018	0,65	0,48	-0,55	0,75	0,50	0,63
Lavras	Seca	2019	0,73	0,66	-0,61	0,38	0,38	0,50
Lambari	Seca	2019	0,69	0,62	-0,61	0,63	0,50	0,63
Lavras	Inverno	2019	0,39	0,28	-0,45	0,50	0,38	0,38
Lavras	águas	2019	0,73	0,66	-0,67	0,25	0,25	0,38
Média			0,58	0,51	-0,53	0,47	0,38	0,48
r (I)			-0,90	-0,94	1,00			
r (W_i)			0,96	1,00	-0,94			

As estimativas de Co observadas na análise de fatores para PG foram superiores a 0,64 em onze experimentos (Tabela 5), que segundo Cruz et al. (2014) é um valor razoável de comunalidade. Resultados similares foram obtidos por Garbuglio et al. (2007), Murakami & Cruz, (2004), Nardino et al. (2018) na cultura de milho, Ferrari et al. (2018) e Mendonça et al. (2007) na cultura da soja, Olivoto et al. (2019) na cultura da aveia. Já a comunalidade associada ao experimento conduzido em Lavras nas águas de 2019 foi de 0,62. Os cinco primeiros fatores para a análise quanto este caráter representaram 77% da variação observada para esta característica nos doze experimentos.

O FA1 representou 36,12% da variância total, sendo fortemente associado aos experimentos conduzidos em Patos de Minas (seca/2018), Lavras (outono-inverno/2018, seca/2019 e águas/2019) e Lambari (seca/2019). Estes experimentos apresentaram cargas fatoriais positivas superiores a 0,61 (Tabela 5), o que indica que a seleção nestas condições poderia ser realizada com base nos escores do FA1. O FA2 representou 15% da variação observada para PG nos 12 experimentos e apresentaram cargas fatoriais iguais a 0,58 e 0,87 com os experimentos em Lavras nas águas de 2018 e em Lambari nas águas em 2018, respectivamente. O FA3 apresentou cargas fatoriais iguais a 0,56 e 0,91 para os experimentos em Lambari na seca de 2018 e Lavras no outono-inverno de 2019. Já o FA5 apresentou carga fatorial igual a 0,81 para o experimento conduzido em Lavras na seca de 2018. Portanto, os fatores 1,2, 3 e 5 apresentaram cargas fatoriais positivas de elevada magnitude, o que indica que para estes experimentos a seleção dos valores mais elevados dos escores destes fatores proporcionaria a seleção das linhagens mais produtivas nestes experimentos. Entretanto, o FA 4 apresentou cargas fatoriais iguais a -0,60 e -0,88 para os experimentos conduzidos em 2017 (Patos de Minas e Lavras) e, portanto, os menores valores de escore deste fator estão associados às maiores produtividades.

Tabela 5. Estimativas de comunalidades (Co) e cargas fatoriais associadas às 12 avaliações de produtividade de grãos (Kg ha⁻¹).

Local	Safra	Ano	Co	FA1	FA2	FA3	FA4	FA5
Lavras	Águas	2017	0,85	0,25	0,08	-0,11	-0,88 (0,50)	0,01
Patos de Minas	Águas	2017	0,81	0,32	0,40	0,39	-0,60 (0,50)	-0,20
Lavras	Seca	2018	0,76	0,24	0,22	-0,03	0,04	0,81 (0,63)
Lambari	Seca	2018	0,83	0,05	-0,11	0,56 (0,38)	-0,51	0,48
Patos de Minas	Seca	2018	0,71	0,82 (0,63)	-0,05	0,09	-0,01	-0,18
Lavras	Inverno	2018	0,67	0,75 (0,50)	-0,01	0,03	-0,25	0,21
Lavras	Águas	2018	0,86	-0,18	0,58 (0,50)	0,52	0,16	0,44
Lambari	Águas	2018	0,84	0,18	0,87 (0,63)	0,06	-0,16	0,14
Lavras	Seca	2019	0,68	0,61 (0,50)	0,19	-0,01	-0,35	0,40
Lambari	Seca	2019	0,75	0,64 (0,38)	0,43	-0,19	-0,17	0,31
Lavras	Inverno	2019	0,85	0,09	0,09	0,91 (0,75)	0,02	-0,07
Lavras	Águas	2019	0,62	0,63 (0,38)	0,30	0,14	-0,21	0,26
Média			0,77					
r (MG)				0,63	0,46	0,34	-0,43	0,32

⁺ valores entre parênteses refere-se à coincidência de indivíduos selecionados por meio dos escores do respectivo fator e do ambiente em questão;

As coincidências de seleção utilizando os escores do FA1 em relação a seleção direta nos experimentos com maior carga fatorial para este fator variaram de 0,38 a 0,63 dentro os experimentos que apresentaram maior carga nesse fator (Tabela 5). Verifica-se que a seleção baseada nos escores do FA1 para PG é eficiente para aqueles experimentos que apresentaram cargas fatoriais superior a 0,80. A coincidência de seleção foi igual ou inferior a 0,50 nos experimentos com cargas fatoriais iguais ou inferiores a 0,75 para o FA1. Resultado similar foi observado na seleção empregando os fatores 2, 3 e 5. Portanto, a seleção empregando análise de fatores é mais eficaz quando é realizada em fatores que apresentam cargas fatoriais com os experimentos superiores a 0,80 (Garbuglio et al., 2007; Mendonça et al., 2007; Nardino et al., 2018; Olivoto et al., 2019).

O emprego do índice de seleção baseado em todos os fatores da análise proporcionou reunir a informação de PG dos 12 experimentos conduzidos (Tabela 6). A distância obtida no índice apresentou correlações com as médias dos experimentos variando de -0,67 a -0,29 (Tabela 4). Os valores de correlação próximos a 0 estão associados ao fato de existir experimentos com cargas fatoriais inferiores a 0,70 para todos os fatores. Os valores de correlação negativos entre índice e médias dos experimentos indicam que os menores valores do índice estariam associados aos maiores valores de médias de PG de cada experimento. Isso se deve ao princípio deste índice que quantifica a distância de cada linhagem em relação a um ideótipo, que é representado pela máxima produtividade de cada experimento (Rezende et al., 2020; Rocha et al., 2019). Assim, linhagens a serem selecionadas apresentam menores distâncias em relação ao ideótipo. Além disso, os valores de correlação próximos a 0 estão associados ao fato de existir experimentos com cargas fatoriais inferiores a 0,70.

O emprego da média das linhagens para PG considerando todos os experimentos ou o uso do índice de seleção associado a análise de fatores foram as estratégias que evidenciaram maior eficácia (Tabela 4), uma vez que a média das correlações e das coincidências de cada experimento nestas estratégias foram superiores em módulo que as observadas para a estratégia de seleção empregando o método proposto por Annicchiarico, (1992). A seleção na média dos experimentos é uma estratégia muito simples e prática, que muitos dos programas de melhoramento já utilizam na recomendação de cultivares. Entretanto, a interação LxA sempre é uma preocupação dos melhoristas principalmente quando esta é de natureza complexa, já que a resposta das linhagens pode ser diferente em cada experimento.

Apesar da similaridade de resultado, a análise de fatores possui a vantagem de entender melhor o comportamento das linhagens e permitir a estratificação ambiental. Esta estratégia proposta por Murakami & Cruz, (2004) permite realizar a estratificação ambiental e a

recomendação simultânea. No caso deste trabalho não houve um padrão de estratificação, pois poucos foram os locais avaliados e as safras não foram tão bem representadas nos experimentos. Assim, recomenda-se que maiores estudos devem ser realizados na cultura do feijoeiro com a análise de fatores visando produtividade em condição de multiambientes para verificar a possibilidade de estratificação visando tanto locais quanto safras.

3.2 Seleção de linhagens visando multicares e multiambientes

A seleção simultânea (MA, ArQ e PG) em multiambientes foi realizada com auxílio da análise de fatores na qual os seis primeiros fatores representaram 75% de toda a variação dos dados (Tabela 6). As estimativas de C_o observadas para cada experimento variaram de 0,61 a 0,87. Somente três experimentos apresentaram comunalidades inferiores a 0,64, que é considerada um bom valor de comunalidade (Cruz et al., 2014; Murakami & Cruz, 2004). Verificou-se também que a inclusão de maior número de variáveis na análise de fatores requereu maior número destes para representar toda a variação observada nos dados. Isso também foi observado ao realizar a análise multiambientes para MA, ArQ e PG individualmente.

As cargas fatoriais consideradas de elevada magnitude para o FA2 foram associadas às avaliações de ArQ nos diferentes experimentos. Estes valores foram iguais ou superiores a 0,74. Já no FA3 observou-se cargas fatoriais de elevada magnitude para as avaliações de MA. Os valores considerados moderados e elevados neste fator foram iguais ou superiores a 0,59. Assim, estes fatores podem ser empregados na seleção destes caracteres. A seleção com base nos escores de FA2 e FA3 apresentaram coincidências para as avaliações destes caracteres iguais ou superiores a 0,63, que é um bom percentual de acerto por experimento. Assim, o emprego da análise de fatores de forma simultânea tem se mostrado eficaz para os caracteres em que foi observado interação LxA de natureza simples.

Tabela 6. Estimativas de correlações (r) e coincidências, comunalidades (Co), cargas fatoriais associada a análise de fatores e índice genótipo ideótipo envolvendo severidade de mancha angular (MA), arquitetura de plantas (ArQ) e produtividade de grãos (PG) avaliadas em multiambientes.

Local	Safr	Ano	caráter	Co	FA1	FA2	FA3	FA4	FA5	FA6	Índice genótipo ideótipo	
											correlações	coincidência
Lavras	seca	2018	MA	0,82	0,23	0,02	0,82 (0,63)	-0,13	-0,17	-0,24	0,34	0,13
Lavras	seca	2019	MA	0,78	-0,05	0,01	0,87 (0,75)	0,06	0,11	0,06	0,15	0,38
Lambari	seca	2019	MA	0,66	0,31	0,41	0,59 (0,75)	-0,22	0,02	0,03	0,52	0,50
Lavras	águas	2017	PG	0,75	-0,34	0,04	-0,30	0,72 (0,38)	-0,04	0,16	-0,32	0,25
Patos de Minas	águas	2017	PG	0,76	-0,29	-0,15	-0,13	0,70 (0,75)	-0,01	-0,39	-0,63	0,38
Lavras	seca	2018	PG	0,71	-0,33	-0,21	-0,09	-0,081	0,74 (0,63)	0,04	-0,55	0,50
Lambari	seca	2018	PG	0,61	-0,21	0,08	0,33	0,59 (0,50)	0,19	-0,27	-0,33	0,25
Patos de Minas	seca	2018	PG	0,64	-0,59 (0,25)	-0,25	-0,33	0,07	-0,27	-0,19	-0,42	0,25
Lavras	inverno	2018	PG	0,69	-0,809 (0,63)	0,00	-0,12	0,15	0,01	-0,02	-0,48	0,38
Lavras	águas	2018	PG	0,82	0,03	-0,11	0,32	0,03	0,66 (0,50)	-0,51	-0,47	0,38
Lambari	águas	2018	PG	0,62	-0,18	-0,34	-0,02	0,36	0,58 (0,50)	-0,11	-0,55	0,38
Lavras	seca	2019	PG	0,71	-0,64 (0,63)	-0,05	-0,19	0,35	0,37	0,08	-0,61	0,25
Lambari	seca	2019	PG	0,75	-0,76 (0,75)	-0,29	-0,04	0,12	0,26	0,11	-0,54	0,50
Lavras	inverno	2019	PG	0,85	-0,03	0,09	0,05	0,15	0,08	-0,90 (0,75)	-0,49	0,38
Lavras	águas	2019	PG	0,68	-0,75 (0,63)	-0,02	0,09	0,21	0,21	-0,12	-0,47	0,13
Lavras	águas	2017	ArQ	0,87	0,24	0,89 (0,75)	-0,06	-0,07	-0,11	0,08	0,54	0,50
Lambari	Inverno	2017	ArQ	0,83	0,23	0,85 (0,88)	0,06	0,16	0,14	0,03	0,35	0,38
Lavras	águas	2018	ArQ	0,76	-0,15	0,74 (0,63)	-0,04	-0,32	-0,22	-0,20	0,22	0,25
Lavras	inverno	2018	ArQ	0,77	0,06	0,83 (0,75)	0,13	0,11	-0,21	0,07	0,49	0,38
Lavras	inverno	2019	ArQ	0,83	0,00	0,87 (0,75)	0,13	-0,07	-0,18	-0,13	0,41	0,38
Média				0,75							-0,15	0,34
r (MG) ⁺					-0,69 ¹	0,97 ²	0,96 ³	0,50 ¹	0,38 ¹	-0,31 ¹	1,00	

⁺ Correlação entre os escores do respectivo fator e as médias gerais das linhagens para: 1. produtividade de grãos; 2. arquitetura de plantas; 3. severidade de mancha angular; Valores entre parênteses refere-se à coincidência de indivíduos selecionados por meio dos escores do respectivo fator e do ambiente em questão; r- correlações.

As avaliações de PG em diferentes safras e locais apresentaram cargas fatoriais de magnitude moderada e elevada nos fatores FA1, FA4, FA5 e FA6, possibilitando a seleção para este caráter sob a influência da interação LxA (Tabela 6). Este resultado indica que os escores destes fatores podem ser empregados na seleção para PG para os experimentos nos quais a carga fatorial foi de moderada ou elevada magnitude (igual ou superior a 0,58 em módulo). A seleção para PG das 20% melhores linhagens com base nos escores destes fatores apresentaram coincidências com a seleção direta em cada experimento variando de 0,25 a 0,75. Baixos valores de coincidência foram observados naqueles experimentos que apresentaram baixos valores de Co e de carga fatorial no respectivo fator. Exemplo disso é a baixa coincidência (0,25) observada no FA1 para PG no experimento em Patos de Minas na safra da seca de 2018, no qual foi observado Co de 0,64 e carga fatorial de -0,59.

As correlações entre o índice genótipo-ideótipo associado a análise de fatores das linhagens e as médias destas para PG nos diferentes ambientes variaram de -0,63 a -0,32 (Tabela 6). Essas correlações foram negativas, pois quanto menor o valor deste índice maiores foram as médias das linhagens para PG em cada experimentos. As correlações de menor magnitude para PG foram de aproximadamente -0,60, observada em somente dois experimentos (Tabela 6). As correlações observadas para os caracteres MA e ArQ em todas as avaliações observadas na tabela 6 foram positivas e variaram entre 0,15 e 0,52 e entre 0,22 e 0,54, respectivamente. Somente uma avaliação de MA e uma de ArQ apresentaram correlações superiores a 0,50. O que indica que em sua maioria, as estimativas das correlações foram positivas de baixa magnitude. As correlações positivas indicaram que os menores valores de índice estarem associados às menores notas de MA e ArQ. Isso se deve ao fato que este índice baseia-se na distância de cada genótipo ao ideótipo observado no experimento.

As coincidências da seleção das 20% melhores linhagens quanto a PG, MA e ArQ ao utilizar o índice genótipo-ideótipo com a seleção direta em cada avaliação foram iguais ou inferiores a 0,50. Observa-se que a maioria das correlações e das coincidências para PG, MA e ArQ foram de baixa magnitude em módulo (Tabela 6). Um dos motivos desse resultado é que a seleção utilizando o índice genótipo-ideótipo é equilibrada para multicares (PG, MA e ArQ) em multiambientes. Na seleção de progênies de feijão utilizando índices da distância entre genótipos-ideótipos tem sido observado ganhos mais equilibrados nesta situação se comparado com a seleção direta (Rocha et al., 2019). Além disso, ressalta-se que as coincidências com a seleção em multiambientes para PG utilizando este índice sofre influência da natureza complexa da interação linhagens por pares de experimentos.

4 CONCLUSÕES

Todas as avaliações de um mesmo caráter com interação LxA de natureza simples apresentaram correlações de elevada magnitude com um único fator ao aplicar a metodologia de análise de fatores visando seleção de linhagens em multiambientes. Esse 6em multiambientes. Portanto, a análise de fatores individualmente permite maximizar a seleção de linhagens para grupos de ambientes com padrão semelhante de resposta das linhagens quanto a caracteres específicos.

O emprego do índice genótipo-ideótipo associado a análise de fatores apresentou um equilíbrio na seleção de linhagens tanto em condição de um mesmo caráter em multiambientes quanto de multicares em multiambientes. A seleção de linhagens para um caráter em multiambientes baseando-se na média geral ou utilizando o índice genótipo-ideótipo associado a análise de fatores foram similares quando os caracteres apresentaram tanto interação LxA de natureza simples (severidade da mancha angular e arquitetura de plantas) quanto de natureza complexa (produtividade de grãos).

AGRADECIMENTOS

Os autores agradecem à Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES), ao Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq) e à Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado de Minas Gerais (FAPEMIG) pela bolsa e o apoio financeiro.

REFERÊNCIAS

- Aguiar, M. S., Pereira, H. S., Souza, T. L. P. O. de, Faria, L. C. de, Costa, J. G. cáprio da, Magaldi, M. C. de S., Souza, N. P. de, Knupp, A. M., Almeida, V. M. de, & Melo, L. C. (2023). BRS FS313: Jalo type common bean cultivar with large beans and high yield. *Functional Plant Breeding Journal*, 5(2), 13–19. <http://dx.doi.org/10.35418/2526-4117/v5a2>
- Amaro, G. B., Abreu, Â. de F. B., Ramalho, M. A. P., & Silva, F. B. (2007). Phenotypic recurrent selection in the common bean (*Phaseolus vulgaris* L) with carioca-type grains for resistance to the fungi Phaeoisariopsis griseola. *Genetics and Molecular Biology*, 30(3), 584–588. <https://doi.org/10.1590/s1415-47572007000400014>
- Amsalu, B., Negash, K., Shiferaw, T., Tumussa, K., Tsegave, D., Claude, R. J., & Mukankusi, C. M. (2018). Progress of Common Bean Breeding and Genetics Research in Ethiopia. *Ethiopian Journal of Crop Science*, 6(3), 114–128.

- Annicchiarico, P. (1992). Cultivar adaptation and recommendation from alfalfa trials in Northern Italy. *J. Genet. & Breed*, 46, 269–296. <https://www.researchgate.net/publication/292006732>
- Arantes, L. de O., Abreu, Â. de F. B., & Ramalho, M. A. P. (2010). Eight cycles of recurrent selection for resistance to angular leaf spot in common bean. *Crop Breeding and Applied Biotechnology*, 10(3), 232–237. <https://doi.org/10.1590/s1984-70332010000300008>
- Beebe, S. (2020). Biofortification of Common Bean for Higher Iron Concentration. *Frontiers in Sustainable Food Systems*, 4, 1–6. <https://doi.org/10.3389/fsufs.2020.573449>
- Broughton, W. J., Hernández, G., Blair, M., Beebe, S., Gepts, P., & Vanderleyden, J. (2003). Beans (*Phaseolus* spp.) - Model food legumes. *Plant and Soil*, 252(1), 55–128. <https://doi.org/10.1023/A:1024146710611>
- Carneiro, J. E. de S., Paula Junior, T. J. de, & Borém, A. (2015). *Feijão: do plantio à colheita* (5th ed.). Embrapa Arroz e Feijão.
- Carvalho, B. L., Ramalho, M. A. P., Júnior, I. C. V., & de Fátima Barbosa Abreu, Â. (2017). New strategy for evaluating grain cooking quality of progenies in dry bean breeding programs. *Crop Breeding and Applied Biotechnology*, 17(2), 115–123. <https://doi.org/10.1590/1984-70332017v17n2a18>
- 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, 1–15. <https://doi.org/10.1016/j.fcr.2023.108863>
- Collicchio, E., Ramalho, M. A. P., & Abreu, A. de F. B. (1997). Associação entre o porte da planta do feijoeiro e o tamanho dos grãos. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, 32(3), 297–304.
- 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* (3a ed.). Universidade Federal de Viçosa.
- De Leon, N., Jannink, J. L., Edwards, J. W., & Kaeppler, S. M. (2016). Introduction to a special issue on genotype by environment interaction. *Crop Science*, 56(5), 2081–2089. <https://doi.org/10.2135/cropsci2016.07.0002in>
- De Ron, A. M., González, A. M., Rodiño, A. P., Santalla, M., Godoy, L., & Papa, R. (2016). History of the common bean crop: Its evolution beyond its areas of origin and domestication. *Arbor*, 192(779), 1–11. <https://doi.org/10.3989/arbor.2016.779n3007>
- Dias, P. A. S., Almeida, D. V., Melo, P. G. S., Pereira, H. S., & Melo, L. C. (2021). Effectiveness of breeding selection for grain quality in common bean. *Crop Science*, 61(2), 1127–1140. <https://doi.org/10.1002/csc2.20422>

- Eeuwijk, F. A. Van, Bustos-Korts, D. V., & Malosetti, M. (2016). What should students in plant breeding know about the statistical aspects of genotype \times Environment interactions? *Crop Science*, *56*(5), 2119–2140. <https://doi.org/10.2135/cropsci2015.06.0375>
- Elias, A. A., Robbins, K. R., Doerge, R. W., & Tuinstra, M. R. (2016). Half a century of studying genotype \times Environment interactions in plant breeding experiments. *Crop Science*, *56*(5), 2090–2105. <https://doi.org/10.2135/cropsci2015.01.0061>
- Ferrari, M., Carvalho, I. R., Pelegrin, A. J. de, Nardino, M., Szareski, V. J., Olivoto, T., Rosa, T. C. da, Follmann, D. N., Pegoraro, C., Maia, L. C. da, & Souza, V. Q. de. (2018). Path analysis and phenotypic correlation among yield components of soybean using environmental stratification methods. *Australian Journal of Crop Science*, *12*(2), 193–202. <https://doi.org/10.21475/ajcs.18.12.02.pne488>
- Garbuglio, D. D., Gerage, A. C., Araújo, P. M. de, Fonseca Junior, N. da 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>
- Hoyos-Villegas, V., Wright, E. M., & Kelly, J. D. (2016). GGE biplot analysis of yield associations with root traits in a mesoamerican bean diversity panel. *Crop Science*, *56*(3), 1081–1094. <https://doi.org/10.2135/cropsci2015.10.0609>
- Huertas, R., Karpinska, B., Ngala, S., Mkandawire, B., Maling'a, J., Wajenkeche, E., Kimani, P. M., Boesch, C., Stewart, D., Hancock, R. D., & Foyer, C. H. (2022). Biofortification of common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) with iron and zinc: Achievements and challenges. *Food and Energy Security*, *12*, 1–27. <https://doi.org/10.1002/fes3.406>
- Jeque, D. A. S. (2022). *Potencial de Linhagens de Feijão Vermelho no Campo das Vertentes de Minas Gerais*. Universidade Federal De Lavras.
- Johnson, N. A., & Wichern, D. W. (1992). *Applied multivariate statistical analysis* (E. Cliffs, 3rd ed.). Prentice Hall.
- Leite, M. E., Dias, J. A., de Souza, D. A., Alves, F. C., Pinheiro, L. R., & dos Santos, J. B. (2016). Increasing the resistance of common bean to white mold through recurrent selection. *Scientia Agricola*, *73*(1), 71–78. <https://doi.org/10.1590/0103-9016-2015-0084>
- Lemos, R. D. C., Abreu, Â. D. F. B., & Ramalho, M. A. P. (2020). Procedures for identification of superior progenies in successive generations of evaluation in common bean. *Scientia Agricola*, *77*(1), 2–7. <https://doi.org/10.1590/1678-992x-2018-0105>
- Lemos, R. D. C., Abreu, Â. de F. B., de Souza, E. A., Dos Santos, J. B., & Ramalho, M. A. P. (2020). A half century of a bean breeding program in the south and alto paranaíba regions of minas gerais. *Crop Breeding and Applied Biotechnology*, *20*(2), 1–8. <https://doi.org/10.1590/1984-70332020v20n2a27>
- Librelon, S. S., Pádua, P. F. de, Abreu, Â. de F. B., Ramalho, M. A. P., & Souza, E. A. de. (2020). Increasing the efficiency of recurrent selection for angular leaf spot resistance in common bean. *Crop Science*, *60*(2), 751–758. <https://doi.org/10.1002/csc2.20010>

- Lin, C. S. (1982). Grouping genotypes by a cluster method directly related to genotype-environment interaction mean square. *Theoretical and Applied Genetics*, 62(3), 277–280. <https://doi.org/10.1007/BF00276251>
- Malosetti, M., Ribaut, J. M., & van Eeuwijk, F. A. (2013). The statistical analysis of multi-environment data: Modeling genotype-by-environment interaction and its genetic basis. *Frontiers in Physiology*, 4, 1-17. <https://doi.org/10.3389/fphys.2013.00044>
- Mencalha, J., Dias, M. A., de Souza, E. A., Carneiro, P. C. S., Carneiro, V. Q., & Carneiro, J. E. de S. (2022). Potential parents of carioca bean for use in breeding aiming resistance to *Colletotrichum lindemuthianum*. *Agronomy Journal*, 114(4), 2159–2168. <https://doi.org/10.1002/agj2.21067>
- Mendonça, O., Carpentieri-Pípolo, V., Garbuglio, D. D., & Fonseca Junior, N. da S. (2007). Análise de fatores e estratificação ambiental na avaliação da adaptabilidade e estabilidade em soja. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, 42(11), 1567–1575. <https://doi.org/10.1590/s0100-204x2007001100008>
- Morais, O. P., Müller, B. S. F., Valdisser, P. A. M. R., Brondani, C., & Vianello, R. P. (2023). Genomic prediction for drought tolerance using multi-environment data in a common bean (*Phaseolus vulgaris*) breeding program. *Crop Science*, 1–17. <https://doi.org/10.1002/csc2.21000>
- Murakami, D. M., & Cruz, C. D. (2004). Proposal of methodologies for environment stratification and analysis of genotype adaptability. *Cropp Breeding and Applied Biotechnology*, 4(1), 7–11. <https://doi.org/10.12702/1984-7033.v04n01a02>
- Nardino, M., Baretta, D., Carvalho, I. R., Olivoto, T., Follmann, D. N., Pelegrin, A. J. de, Szarecki, V. J., Lautenchleger, F., Rosa, T. C. da, Barbosa, M. H., Konflanz, V. A., Barros, W. S., & Souza, V. Q. de. (2018). Environment Stratification in the Evaluation of Corn Hybrids in Southern Brazil. *Journal of Agricultural Science*, 10(10), 333. <https://doi.org/10.5539/jas.v10n10p333>
- Nay, M. M., Souza, T. L. P. O., Raatz, B., Mukankusi, C. M., Pastor-Corrales, M. A., Abreu, A. F. B., & Melo, L. C. (2019). A review of angular leaf spot resistance in common bean. *Crop Science*, 59(4), 1376–1391. <https://doi.org/10.2135/cropsci2018.09.0596>
- Nietsche, S., Borém, A., Rocha, R. C., Caixeta, E. T., Barros, E. G., & Moreira, M. A. (2000). Fontes de resistência à mancha-angular do feijoeiro no Brasil. *Revista Ceres*, 47, 567–572.
- Olivoto, T., Lúcio, A. D. C., da Silva, J. A. G., Sari, B. G., & Diel, M. I. (2019). Mean performance and stability in multi-environment trials II: Selection based on multiple traits. *Agronomy Journal*, 111(6), 2961–2969. <https://doi.org/10.2134/agronj2019.03.0221>
- Pádua, P. F., Barcelos, Q. de L., Pereira, F. A. C., Gomes, L. de B. W., & de Souza, E. A. (2022). Identification of sources of resistance to race 63-63 of *Pseudocercospora griseola* in common bean lines. *Crop Breeding and Applied Biotechnology*, 22(1), 1–9. <https://doi.org/10.1590/1984-70332022V22N1A05>
- Pádua, P. F., Pereira, R., Abreu, Â. de F. B., Ramalho, M. A. P., & Souza, E. A. (2021).

- Efficiency of a recurrent selection method to achieve resistance of common beans to pseudocercospora griseola in a short period. *Ciencia e Agrotecnologia*, 45, 1-10. <https://doi.org/10.1590/1413-7054202145013421>
- Pereira, H. S., Costa, A. F. da, Melo, L. C., Del Peloso, M. J., Faria, L. C. De, & Wendland, A. (2013). Interação entre genótipos de feijoeiro e ambientes no Estado de Pernambuco: estabilidade, estratificação ambiental e decomposição da interação. *Semina: Ciências Agrárias*, 34(6), 2603–2614. <https://doi.org/10.5433/1679-0359.2013v34n6p2603>
- Pereira, H. S., Melo, L. C., Del Peloso, M. J., Faria, L. C. de, & Wendland, A. (2011). Complex interaction between genotypes and growing seasons of carioca common bean in Goiás/Distrito Federal. *Crop Breeding and Applied Biotechnology*, 11(3), 207–215. <https://doi.org/10.1590/s1984-70332011000300002>
- Pereira, H. S., Souza, T. L. pessoa O. de, Aguiar, M. S., Faria, L. C. de, Costa, J. G. C. da, Magaldi, M. C. de S., Souza, N. P. de, Knupp, A. M., Guimaraes, C. M., Carvalho, H. W. L. de, Almeida, V. M. de, & Melo, L. C. (2022). BRS FC415_ Common bean cultivar with high yield, commercial quality, slow seed coat darkening, and resistance to soil pathogens. *Functional Plant Breeding Journal*, 4(2), 33–39.
- Pereira, H. S., Souza, T. P. O. de, Faria, L. C. de, Aguiar, M. S., Wendland, A., Costa, J. G. C. da, Díaz, J. L. C., Magaldi, M. C. de S., Nilda, P. de S., Carvalho, H. W. L. de, Antônio, F. da C., Melo, C. L. P. de, Almeida, V. M. de, & Melo, L. C. (2021). Brs Fc406: Common Bean Cultivar With High Yield in the Rainy Season in Central Brazil. *Functional Plant Breeding Journal*, 3(2), 115–120. <https://doi.org/10.35418/2526-4117/v3n2a10>
- Pereira, L. A., Abreu, A. F. B., Vieira Júnior, I. C., Pires, L. P. M., & Ramalho, M. A. P. (2017). Genetic progress estimation strategy for upright common bean plants using recurrent selection. *Genetics and Molecular Research*, 16(1), 1–9. <https://doi.org/10.4238/gmr16019494>
- Pereira, R., de Fátima Barbosa Abreu, Â., Nalin, R. S., & de Souza, E. A. (2019). Phenotyping for angular leaf spot severity and its implication in breeding common bean for resistance. *Scientia Agricola*, 76(5), 415–423. <https://doi.org/10.1590/1678-992x-2017-0394>
- Possobom, M. T. D. F. (2018). *Diversidade genética de linhagens de feijão preto e “Carioca” recomendadas no brasil nos últimos 50 anos*. Departamento de Fitotecnia, Universidade Federal de Viçosa.
- Ramalho, M. A. P., Abreu, Â. D. F. B., & Santos, J. B. Dos. (2005). Genetic progress after four cycles of recurrent selection for yield and grain traits in common bean. *Euphytica*, 144(1–2), 23–29. <https://doi.org/10.1007/s10681-005-5694-x>
- Ramalho, M. A. P., Abreu, Â. de F. B., Santos, J. B. dos, & Nunes, J. A. R. (2012). *Aplicação da Genética Quantitativa no Melhoramento de Plantas Autógamas* (1a ed.). Universidade Federal de Lavras.
- Rezende, B. A., Abreu, Â. de F. B., Ramalho, M. A. P., & Souza, E. A. de. (2014). Severity evaluation methods in common bean recurrent selection programme for resistance to angular leaf spot. *Journal of Phytopathology*, 162(10), 643–649.

- <https://doi.org/10.1111/jph.12238>
- Rezende, W. S., Cruz, C. D., Borém, A., & Rosado, R. D. S. (2020). Half a century of studying adaptability and stability in maize and soybean in Brazil. *Scientia Agricola*, *78*(3), 1-9. <https://doi.org/10.1590/1678-992x-2019-0197>
- 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), 35-44. <https://doi.org/10.5539/jps.v8n1p35>
- Ribeiro, N. D., Kläsener, G. R., Somavilla, I. P., & Dos Santos, G. G. (2019). Upright plant architecture traits and their relationship with grain yield in the selection of mesoamerican common bean lines cultivated at low altitude. *Genetics and Molecular Research*, *18*(2), 1–13. <https://doi.org/10.4238/gmr18323>
- Rocha, J. R. do A. S. de C., Machado, J. C., & Carneiro, P. C. S. (2018). Multitrait index based on factor analysis and ideotype-design: proposal and application on elephant grass breeding for bioenergy. *GCB Bioenergy*, *10*(1), 52–60. <https://doi.org/10.1111/gcbb.12443>
- Rocha, J. R. do A. S. de C., Nunes, K. V., Carneiro, A. L. N., Marçal, T. de S., Salvador, F. V., Carneiro, P. C. S., & Carneiro, J. E. S. (2019). Selection of superior inbred progenies toward the common bean ideotype. *Agronomy Journal*, *111*(3), 1181–1189. <https://doi.org/10.2134/agronj2018.12.0761>
- Santos, P. R. dos, Oliveira, T. R. A. de, Skeen, P., Nascimento, M. R., Costa, K. D. da S., Araújo, E. R., Pereira, H. santos, & Costa, A. F. da. (2019). GGE Biplot and REML/BLUP based-analysis of yield stability and adaptability for common beans in multi-environment trial. *Agronomy*, *14*(2), 1–8. <https://doi.org/105039/agrariav142a5657>
- Saradadevi, R., Mukankusi, C., Li, L., Amongi, W., Mbiu, J. P., Raatz, B., Ariza, D., Beebe, S., Varshney, R. K., Huttner, E., Kinghorn, B., Banks, R., Rubyogo, J. C., Siddique, K. H. M., & Cowling, W. A. (2021). Multivariate genomic analysis and optimal contributions selection predicts high genetic gains in cooking time, iron, zinc, and grain yield in common beans in East Africa. *Plant Genome*, *14*(3), 1–16. <https://doi.org/10.1002/tpg2.20156>
- Schmutz, J., McClean, P. E., Mamidi, S., Wu, G. A., Cannon, S. B., Grimwood, J., Jenkins, J., Shu, S., Song, Q., Chavarro, C., Torres-Torres, M., Geffroy, V., Moghaddam, S. M., Gao, D., Abernathy, B., Barry, K., Blair, M., Brick, M. A., Chovatia, M., Jackson, S. A. (2014). A reference genome for common bean and genome-wide analysis of dual domestications. *Nature Genetics*, *46*(7), 707–713. <https://doi.org/10.1038/ng.3008>
- Silva, G. S. da, Ramalho, M. A. P., Abreu, A. de F. B., & Nunes, J. A. R. (2010). Estimation of genetic progress after eight cycles of recurrent selection for common bean grain yield. *Crop Breeding and Applied Biotechnology*, *10*(4), 351–356. <https://doi.org/10.1590/s1984-70332010000400010>
- Silva, L. A., Peixoto, M. A., Peixoto, L. de A., Romero, J. V., & Bhering, L. L. (2021). Multi-trait genomic selection indexes applied to identification of superior genotypes. *Bragantia*, *80*, 1–13. <https://doi.org/10.1590/1678-4499.20200381>

- Singamsetti, A., Zaidi, P. H., Seetharam, K., Vinayan, M. T., Olivoto, T., Mahato, A., Madankar, K., Kumar, M., & Shikha, K. (2023). Genetic gains in tropical maize hybrids across moisture regimes with multi-trait-based index selection. *Frontiers in Plant Science*, *14*, 1–16. <https://doi.org/10.3389/fpls.2023.1147424>
- Smith, A. B., Ganesalingam, A., Kuchel, H., & Cullis, B. R. (2015). Factor analytic mixed models for the provision of grower information from national crop variety testing programs. *TAG. Theoretical and Applied Genetics. Theoretische Und Angewandte Genetik*, *128*(1), 55–72. <https://doi.org/10.1007/s00122-014-2412-x>
- Smith, A., Norman, A., Kuchel, H., & Cullis, B. (2021). Plant Variety Selection Using Interaction Classes Derived From Factor Analytic Linear Mixed Models: Models With Independent Variety Effects. *Frontiers in Plant Science*, *12*, 1–17. <https://doi.org/10.3389/fpls.2021.737462>
- Souza, M. H. de, Júnior, J. D. P., Steckling, S. D. M., Mencialha, J., Dias, F. dos S., Rocha, J. R. do A. santos de C., Carneiro, P. C. S., & Carneiro, J. E. de S. (2020). New genotypic adaptability and stability analyses using Legendre polynomials and genotype-ideotype distances. *BioRxiv*, 1–32. <https://doi.org/https://doi.org/10.1101/2020.05.01.072090>
- Steckling, S. de M., Ribeiro, N. D., Arns, F. D., Mezzomo, H. C., & Possobom, M. T. D. F. (2017). Genetic diversity and selection of common bean lines based on technological quality and biofortification. *Genetics and Molecular Research*, *16*(1), 1–13. <https://doi.org/10.4238/gmr16019527>
- Torga, P. P., Santos Melo, P. G., Pereira, H. S., de Faria, L. C., Del Peloso, M. J., & Melo, L. C. (2013). Decomposition of the interaction of common black bean group genotypes with the environment. *Agricultural Sciences*, *04*(12), 683–688. <https://doi.org/10.4236/as.2013.412092>
- Yan, W. (2015). Mega-environment Analysis and Test Location Evaluation Based on Unbalanced Multiyear Data. *Crop Science*, *55*(1), 113–122. <https://doi.org/10.2135/cropsci2014.03.0203>

MATERIAL SUPLEMENTAR

Tabela S1. Resumo das análises individuais de variância para severidade a mancha angular (MA) das 35 linhagens avaliadas entre os anos de 2018 a 2019, na safra da “seca”, nos municípios de Lavras e Lambari, no estado de Minas Gerais.

FV	GL	Quadrados médios		
		Lavras-Seca/2018	Lavras-Seca/2019	Lambari-Águas/2019
Bloco	1	0,357	0,229	0,357
Linhagem	34	5,200**	6,052**	1,626**
Resíduo	34	0,416	0,700	0,857
Média geral		3,157	5,057	3,700
CV (%)		20,428	16,534	25,022

FV: Fonte de variação; GL: Grau de liberdade; **: Significativo a 1% pelo teste F.

Tabela S2. Resumo das análises individuais de variância para arquitetura de plantas (ArQ) das 35 linhagens avaliadas entre os anos de 2017 a 2019, nas safras das “águas” e “outono-inverno”, nos municípios de Lavras e Lambari, no estado de Minas Gerais

FV	GL	Quadrados médios				
		Lavras-Águas/2017	Lambari-Inverno/2017	Lavras-Águas/2018	Lavras-Inverno/2018	Lavras-Inverno/2019
Bloco	2	0,238	0,371	0,067	0,600	1,067
Linhagem	34	6,676**	5,337**	7,466**	7,923**	6,467**
resíduo	68	1,464	1,156	1,233	2,757	1,684
Média geral		5,276	5,800	5,038	4,457	5,267
CV (%)		22,930	18,535	22,043	37,2521	24,642

FV: Fonte de variação; GL: Grau de liberdade; **: Significativo a 1% pelo teste F.

Tabela S3. Resumo das análises individuais de variância para produtividade de grãos (PG) em kg ha⁻¹ das 35 linhagens avaliadas entre os anos de 2017 a 2019, nas safras das “águas”, “seca”, e “outono-inverno”, nos municípios de Lavras, Lambari e Patos de Minas, no estado de Minas Gerais.

FV	GL	Quadrados médios			
		Lavras-Águas/2017	Patos de Minas-Águas/2017	Lavras-Seca/2018	Lambari-Seca/2018
Bloco	2	56895,610	228192,152	110575,152	402301,838
Linhagem	34	240469,987**	669426,517**	251732,284*	287479,501**
Residuo	68	102055,717	192277,682	130573,221	128759,417
Média geral		1671,819	3122,362	1745,990	2016,762
CV (%)		19,109	14,043	20,695	17,792

FV: Fonte de variação; GL: Grau de liberdade; **, *: Significativo a 1% e a 5% pelo teste F, respectivamente.

Tabela S3. Continuação

FV	GL	Quadrados médios			
		Patos de Minas-Seca/2018	Lavras-Inverno/2018	Lavras-Águas/2018	Lambari-Águas/2018
Bloco	2	115900,467	5646,667	35073,038	1184151,114
Linhagem	34	221674,148**	554164,447**	145819,909**	643800,357*
resíduo	68	78592,016	283839,784	74160,342	339650,712
Média geral		2504,095	2542,895	1247,838	2286,200
CV (%)		11,195	20,951	21,824	25,492

FV: Fonte de variação; GL: Grau de liberdade; **, *: Significativo a 1% e a 5% pelo teste F, respectivamente.

Tabela S3. Continuação

FV	GL	Quadrados médios			
		Lavras-Seca/2019	Lambari-Seca/2019	Lavras-Inverno/2019	Lavras-Águas/2019
Bloco	2	328609,438	189036,695	41707,610	102695,229
Linhagem	34	205250,262**	261008,533**	380553,740*	420692,741**
resíduo	68	88560,036	124131,685	193321,168	109202,199
Média geral		2097,304	1872,467	2157,295	2338,600
CV (%)		14,190	18,816	20,381	14,131

FV: Fonte de variação; GL: Grau de liberdade; **, *: Significativo a 1% e a 5% pelo teste F, respectivamente.

Tabela S4. Resumo das análises conjuntas de variância para severidade a mancha angular (MA), arquitetura da planta (ArQ) e produtividade de grãos (PG) em Kg ha⁻¹ das 35 linhagens avaliadas entre os anos de 2017 a 2019, nas safras das “águas”, “seca”, e “outono-inverno”, nos municípios de Lavras, Lambari e Patos de Minas, no estado de Minas Gerais.

FV	MA		ArQ		PG	
	GL	QM	GL	QM	GL	QM
Bloco/Ambiente	3	0,314	10	0,469	24	264679,417
Linhagem (L)	34	7,956**	34	23,268**	34	1160134,808**
Ambiente (A)	2	67,043**	4	24,755**	11	24622773,689**
L x A	68	2,460**	136	2,650**	374	283812,511**
Resíduo	102	0,657	340	1,659	816	153760,3317
Média geral		3,971		5,168		2133,636

FV: Fonte de variação; GL: Grau de liberdade; QM: Quadrados médios; **, *: Significativo a 1% e a 5% pelo teste F, respectivamente.