



**UNIVERSIDADE FEDERAL DE GOIÁS
ESCOLA DE AGRONOMIA
PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM GENÉTICA E
MELHORAMENTO DE PLANTAS**

**POPULAÇÃO-ALVO DE AMBIENTES E
MODELAGEM DA INTERAÇÃO DE GENÓTIPOS
POR AMBIENTES EM FEIJÃO-COMUM**

DEMILA DUARTE DA MATA CRUZ

Orientador:
Prof. Dr. Rafael Tassinari Resende

Coorientador:
Dr. Alexandre Bryan Heinemann



UNIVERSIDADE FEDERAL DE GOIÁS
ESCOLA DE AGRONOMIA

TERMO DE CIÊNCIA E DE AUTORIZAÇÃO (TECA) PARA DISPONIBILIZAR VERSÕES ELETRÔNICAS DE TESES

E DISSERTAÇÕES NA BIBLIOTECA DIGITAL DA UFG

Na qualidade de titular dos direitos de autor, autorizo a Universidade Federal de Goiás (UFG) a disponibilizar, gratuitamente, por meio da Biblioteca Digital de Teses e Dissertações (BDTD/UFG), regulamentada pela Resolução CEPEC n° 832/2007, sem ressarcimento dos direitos autorais, de acordo com a [Lei 9.610/98](#), o documento conforme permissões assinaladas abaixo, para fins de leitura, impressão e/ou download, a título de divulgação da produção científica brasileira, a partir desta data.

O conteúdo das Teses e Dissertações disponibilizado na BDTD/UFG é de responsabilidade exclusiva do autor. Ao encaminhar o produto final, o autor(a) e o(a) orientador(a) firmam o compromisso de que o trabalho não contém nenhuma violação de quaisquer direitos autorais ou outro direito de terceiros.

1. Identificação do material bibliográfico

Dissertação Tese Outro*: _____

*No caso de mestrado/doutorado profissional, indique o formato do Trabalho de Conclusão de Curso, permitido no documento de área, correspondente ao programa de pós-graduação, orientado pela legislação vigente da CAPES.

Exemplos: Estudo de caso ou Revisão sistemática ou outros formatos.

2. Nome completo do autor

Demila Duarte da Mata Cruz

3. Título do trabalho

POPULAÇÃO-ALVO DE AMBIENTES E MODELAGEM DA INTERAÇÃO DE GENÓTIPOS POR AMBIENTES EM FEIJÃO-COMUM

4. Informações de acesso ao documento (este campo deve ser preenchido pelo orientador)

Concorda com a liberação total do documento SIM NÃO¹

[1] Neste caso o documento será embargado por até um ano a partir da data de defesa. Após esse período, a possível disponibilização ocorrerá apenas mediante:

a) consulta ao(à) autor(a) e ao(à) orientador(a);

b) novo Termo de Ciência e de Autorização (TECA) assinado e inserido no arquivo da tese ou dissertação. O documento não será disponibilizado durante o período de embargo.

Casos de embargo:

- Solicitação de registro de patente;
- Submissão de artigo em revista científica;
- Publicação como capítulo de livro;
- Publicação da dissertação/tese em livro.

Obs. Este termo deverá ser assinado no SEI pelo orientador e pelo autor.



Documento assinado eletronicamente por **Demila Duarte Da Mata Cruz, Discente**, em 11/08/2025, às 14:20, conforme horário oficial de Brasília, com fundamento no § 3º do art. 4º do [Decreto nº 10.543, de 13 de novembro de 2020](#).



Documento assinado eletronicamente por **Rafael Tassinari Resende, Professor do Magistério Superior**, em 11/08/2025, às 15:11, conforme horário oficial de Brasília, com fundamento no § 3º do art. 4º do [Decreto nº 10.543, de 13 de novembro de 2020](#).



A autenticidade deste documento pode ser conferida no site https://sei.ufg.br/sei/controlador_externo.php?acao=documento_conferir&id_orgao_acesso_externo=0, informando o código verificador **5469423** e o código CRC **CACB44E4**.

DEMILA DUARTE DA MATA CRUZ

**POPULAÇÃO-ALVO DE AMBIENTES E MODELAGEM DA
INTERAÇÃO DE GENÓTIPOS POR AMBIENTES EM
FEIJÃO-COMUM**

Dissertação apresentada ao Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento de Plantas, da Escola de Agronomia, da Universidade Federal de Goiás, como exigência parcial para obtenção do título de Mestra em Genética e Melhoramento de Plantas.
Área de concentração: Genética e Melhoramento de Plantas.

Orientador:

Prof. Dr. Rafael Tassinari Resende

Coorientadores:

Dr. Alexandre Bryan Heinemann

Goiânia, GO - Brasil

2025

Ficha de identificação da obra elaborada pelo autor, através do Programa de Geração Automática do Sistema de Bibliotecas da UFG.

Cruz, Demila Duarte da Mata

População-alvo de ambientes e modelagem da interação de genótipos por ambientes em feijão-comum [manuscrito] / Demila Duarte da Mata Cruz. - 2025.

XC, 90 f.: il.

Orientador: Prof. Dr. Rafael Tassinari Resende; co-orientador Dr. Alexandre Bryan Heinemann.

Dissertação (Mestrado) - Universidade Federal de Goiás, Escola de Agronomia (EA), Programa de Pós-graduação em Genética e Melhoramento de Plantas, Goiânia, 2025.

Bibliografia. Apêndice.

Inclui siglas, mapas, abreviaturas, símbolos, gráfico, tabelas, algoritmos.

1. Phaseolus vulgaris L.. 2. TPemap function. 3. ambientômica. 4. modelos lineares mistos. I. Resende, Rafael Tassinari, orient. II. Título.

CDU 633



UNIVERSIDADE FEDERAL DE GOIÁS

ESCOLA DE AGRONOMIA

ATA DE DEFESA DE DISSERTAÇÃO

Ata nº 138 da sessão de Defesa de Dissertação de **Demila Duarte da Mata Cruz**, que confere o título de Mestre em Genética e Melhoramento de Plantas, na área de concentração em Genética e Melhoramento de Plantas.

Aos onze dias do julho de dois mil e vinte e cinco, a partir das quatorze horas, na Sala de Reuniões do Setor de Melhoramento de Plantas - EA/UFG, realizou-se a sessão pública de Defesa de Dissertação intitulada "**POPULAÇÃO-ALVO DE AMBIENTES E MODELAGEM DA INTERAÇÃO DE GENÓTIPOS POR AMBIENTES EM FEIJÃO-COMUM**". Os trabalhos foram instalados pelo Orientador, Professor Rafael Tassinari Resende (PPGGMP/UFG), com a participação dos demais membros da Banca Examinadora: Doutora Paula Pereira Torga (EMBRAPA), membro titular externo e Doutor Renato de Carvalho Menezes (Ridesa/UFG), membro titular externo. Durante a arguição os membros da banca não fizeram sugestão de alteração do título do trabalho. A Banca Examinadora reuniu-se em sessão secreta a fim de concluir o julgamento da Dissertação, tendo sido a candidata **Aprovada** pelos seus membros. Proclamados os resultados pelo Presidente da Banca Examinadora, foram encerrados os trabalhos e, para constar, lavrou-se a presente ata que é assinada pelos Membros da Banca Examinadora.

TÍTULO SUGERIDO PELA BANCA

****sem alterações****



Documento assinado eletronicamente por **Rafael Tassinari Resende, Professor do Magistério Superior**, em 13/08/2025, às 10:43, conforme horário oficial de Brasília, com fundamento no § 3º do art. 4º do [Decreto nº 10.543, de 13 de novembro de 2020](#).



Documento assinado eletronicamente por **Paula Pereira Torga, Usuário Externo**, em 13/08/2025, às 11:45, conforme horário oficial de Brasília, com fundamento no § 3º do art. 4º do [Decreto nº 10.543, de 13 de novembro de 2020](#).



Documento assinado eletronicamente por **Renato De Carvalho Menezes, Usuário Externo**, em 13/08/2025, às 12:24, conforme horário oficial de Brasília, com fundamento no § 3º do art. 4º do [Decreto nº 10.543, de 13 de novembro de 2020](#).



A autenticidade deste documento pode ser conferida no site https://sei.ufg.br/sei/controlador_externo.php?acao=documento_conferir&id_orgao_acesso_externo=0, informando o código verificador **5568776** e o código CRC **B5D5DB83**.

Referência: Processo nº 23070.033686/2025-53

SEI nº 5568776

*“Tudo tem seu tempo determinado,
e há tempo para todo o propósito debaixo do céu”*

Eclesiastes 3:1

AGRADECIMENTOS

A Deus, por me conceder coragem, por me mostrar o caminho quando não via saídas, por me sustentar quando o peso se tornava insuportável e por me transformar de maneira inimaginável.

Ao Padre Erasmo, por toda a direção espiritual, por rezar comigo quando o medo me assombrava e por me ajudar a encontrar a paz e o amor de Cristo.

À minha família, em especial aos meus avós, que me ensinaram que o trabalho duro sempre encontra sua recompensa. À minha mãe, que me mostrou que mais importante do que o que fazemos é por quem fazemos. À minha tia Fernanda, que me ensinou que a paciência não é apenas uma virtude, mas a chave que abre todas as portas. À minha tia Sílvia, que não poupou palavras de conforto e admiração durante esse processo. E ao meu irmão, João Miguel, que me inspira a buscar sempre o meu melhor.

Ao meu orientador, Dr. Rafael Tassinari, por tantos ensinamentos, por confiar em mim, por estar sempre presente, por orientar meus passos e me permitir viver tantas experiências. Você é uma referência profissional para mim e foi decisivo para que eu chegasse até aqui.

Aos amigos, em especial à Alana, que mostra, todos os dias, que ser forte não é não sentir, mas sim seguir adiante, mesmo quando a vida nos testa além da conta. Me inspiro em toda a sua força e resiliência, e agradeço por sempre me lembrar que somos capazes de realizar tudo aquilo a que nos propomos, mesmo quando o cenário parece desfavorável. Ao Santiago, que desde o início confiou na minha decisão como se fosse dele também. Ao Handrei, que atravessou o caos ao meu lado e, com o tempo, me permitiu enxergar confiança e carinho em cada olhar e palavra de conforto.

À equipe do Laboratório de Melhoramento de Precisão, sem exceções: Eduardo Almeida, Lucas Lemes, Bruno Trevisan, César Galvão, Bruna de Mello, Marco Bahia, Marcos Bruno, João Victor e Renato Gomide. Talvez o verdadeiro sentido da vida não esteja na estrada em si, mas nos laços que cultivamos ao longo dela, nos corações que escolhemos carregar e que, de alguma forma, também nos carregam. Obrigada por me permitirem carregar vocês no meu coração, e por levarem, em cada um de vocês, uma parte de mim.

À Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior – CAPES, pela concessão da bolsa de estudos.

SUMÁRIO

| | |
|--|-----------|
| RESUMO..... | 5 |
| ABSTRACT | 6 |
| 1 INTRODUÇÃO | 7 |
| 2 REVISÃO BIBLIOGRÁFICA | 9 |
| 2.1 HISTÓRICO E IMPORTÂNCIA DO FEIJÃO-COMUM | 9 |
| 2.2 INTERAÇÃO DE GENÓTIPOS COM AMBIENTES | 11 |
| 2.3 AMBIENTÔMICA | 14 |
| 3 DEFINING TARGET POPULATION OF ENVIRONMENTS TO ENVIROMICS STUDIES USING R BASED GIS TOOLS | 20 |
| 4 INTERAÇÃO GENOTÍPICA EM REDE NACIONAL DE ENSAIOS DE FEIJÃO-COMUM NO BRASIL AO LONGO DAS TRÊS SAFRAS AGRÍCOLAS | 29 |
| RESUMO | 29 |
| ABSTRACT | 30 |
| 4.1 INTRODUÇÃO | 31 |
| 4.2 MATERIAL E MÉTODOS | 32 |
| 4.2.1 Experimentos e dados fenotípicos..... | 32 |
| 4.2.2 Modelagem estatística..... | 34 |
| 4.2.3 Estimacão dos efeitos e predicão dos valores genotípicos..... | 37 |
| 4.2.4 Imputacão de dados faltantes e construçao da matriz $G \times A$ | 38 |
| 4.2.5 Estratificacão de ambientes e GGE <i>Biplot</i> | 40 |
| 4.2.6 Índices de estabilidade e adaptabilidade..... | 41 |
| 4.2.7 Critério multicritério e classificacão dos genótipos | 42 |
| 4.3 RESULTADOS..... | 43 |
| 4.4 DISCUSSÃO | 64 |
| 4.3.1 Efeitos do ambiente e da safra sobre o desempenho produtivo do feijão | 64 |
| 4.3.2 Conectividade entre locais e implicacões para a definicão de mega-ambientes.. | 67 |
| 4.3.3 Estabilidade e adaptabilidade genotípica em diferentes contextos ambientais.. | 71 |
| 4.5 CONCLUSÕES | 75 |
| 5 CONSIDERAÇÕES FINAIS | 76 |
| 6 REFERÊNCIAS | 78 |
| APÊNDICE | 85 |

RESUMO

CRUZ, D. D. M. **População-alvo de ambientes e modelagem da interação de genótipos por ambientes em feijão-comum**. 2025. 90 f. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Escola de Agronomia, Universidade Federal de Goiás, Goiânia, 2025.¹

A variabilidade ambiental associada às mudanças climáticas globais impõe desafios significativos à agricultura. Diante desse cenário, compreender a interação entre genótipos \times ambientes ($G \times A$) torna-se essencial para desenvolver cultivares adaptadas e estáveis, com alto desempenho em diferentes condições. Para tanto, este trabalho foi realizado com o objetivo de avaliar a influência da interação $G \times A$ na produtividade do feijão-comum (*Phaseolus vulgaris* L.) por meio da análise de ensaios multiambientais (METs) conduzidos pela Embrapa Arroz e Feijão entre 2011 e 2018. Foram analisados 424 ensaios experimentais, sendo 241 ensaios do tipo carioca e 183 do tipo preto, totalizando 87 genótipos avaliados em 71 locais. A População Alvo de Ambientes (TPE, do inglês *Target Population of Environments*) foi caracterizada utilizando a função *TPEmap*, a qual, com base em polígonos geográficos, permite parametrizações como tamanho do pixel, buffers e concavidade. Essa abordagem possibilitou a identificação do padrão espacial dos experimentos e facilitou a integração dos dados genotípicos, ambientais e espaciais em estudos de ambientômica. A estimativa dos efeitos genéticos e ambientais foi realizada por meio de modelos lineares mistos REML/BLUP, complementada por análises multivariadas, como o GGE *Biplot*, e pela imputação de dados ausentes utilizando análise por componentes principais (PCA). A estratificação ambiental e a delimitação de mega-ambientes possibilitaram agrupar locais com características semelhantes, com base na presença ou ausência da interação $G \times A$, além de evidenciar a influência da distância geográfica nas respostas fenotípicas. A análise de estabilidade e adaptabilidade das cultivares foi baseada em um ranqueamento a partir dos índices PRVG, MHPRVG, Lin e Binns, W_i e FW, considerando-se suas particularidades, e revelou padrões distintos de comportamento entre as safras. Os resultados destacam o papel fundamental da modelagem estatística integrada à análise espacial para a recomendação de cultivares, direcionando as estratégias de melhoramento do feijão frente à heterogeneidade ambiental.

Palavras-chave: *Phaseolus vulgaris* L., *TPEmap function*, ambientômica, modelos lineares mistos.

¹ Orientador: Prof. Dr. Rafael Tassinari Resende. Universidade Federal de Goiás.

¹ Coorientador: Dr. Alexandre Bryan Heinemann. Embrapa Arroz e Feijão.

ABSTRACT

CRUZ, D. D. M. **Target Population of Environments and Modeling of Genotype-by-Environment Interaction in Common Bean.** 2025. 90 p. Master's Thesis (Genetics and Plant Breeding) – Escola de Agronomia, Universidade Federal de Goiás, Goiânia, 2025.¹

Environmental variability associated with global climate change imposes significant challenges to agriculture. In this context, understanding the genotype \times environment ($G \times E$) interaction becomes essential to develop adapted and stable cultivars with high performance under diverse conditions. Therefore, this study aimed to evaluate the influence of $G \times E$ interaction on the productivity of common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) through the analysis of multi-environment trials (METs) conducted by Embrapa Rice and Beans between 2011 and 2018. A total of 424 experimental trials were analyzed, including 241 carioca-type and 183 black-type trials, totaling 87 genotypes evaluated across 71 locations. The Target Population of Environments (TPE) was characterized using the TPEmap function, which, based on geographic polygons, allows parametrizations such as pixel size, buffers, and concavity. This approach enabled the identification of the spatial pattern of experiments and facilitated the integration of genotypic, environmental, and spatial data in envirotyping studies. The estimation of genetic and environmental effects was performed using REML/BLUP mixed linear models, complemented by multivariate analyses such as GGE Biplot and missing data imputation through principal component analysis (PCA). Environmental stratification and the definition of mega-environments allowed grouping locations with similar characteristics based on the presence or absence of $G \times E$ interaction and highlighted the influence of geographic distance on phenotypic responses. The analysis of cultivar stability and adaptability was based on a ranking derived from the PRVG, MHPRVG, Lin and Binns, Wi, and FW indices, considering their specificities, and revealed distinct behavioral patterns across growing seasons. The results underscore the fundamental role of integrated statistical modeling and spatial analysis in cultivar recommendation, guiding common bean breeding strategies in the face of environmental heterogeneity.

Keywords: *Phaseolus vulgaris* L., TPEmap function, envirotyping, linear mixed models.

¹ Advisor: Prof. Dr. Rafael Tassinari Resende. Universidade Federal de Goiás.

¹ Co-advisor: Dr. Alexandre Bryan Heinemann. Embrapa Arroz e Feijão.

1 INTRODUÇÃO

O feijão-comum (*Phaseolus vulgaris* L.) desempenha um importante papel na alimentação e na economia, tanto no Brasil quanto no mundo. Reconhecido como uma das principais fontes de proteínas vegetais, fibras, vitaminas e minerais, este alimento é consumido diariamente pela maior parte da população, sendo especialmente importante em regiões de baixa renda (Pereira et al., 2017; Melo et al., 2019). Além do valor nutricional, o feijão possui grande relevância econômica, figurando como uma das *Fabaceae* mais cultivadas no país e contribuindo significativamente para o mercado interno e externo (Ligarreto, 2023; Souza et al., 2023).

No Brasil, a cultura do feijão é cultivada em três safras ao longo do ano. De acordo com o quarto levantamento da Conab para a safra 2024/25, a área plantada foi de aproximadamente 1,214 milhão de hectares na primeira safra, seguida por 1,507 milhão de hectares na segunda safra e 492,8 mil hectares na terceira safra. Em termos de produção, a segunda safra, que possui a maior área cultivada, também apresentou o maior volume colhido: 1,534 milhão de toneladas. A primeira safra foi responsável por 1,088 milhão de toneladas. Já a terceira safra, embora detenha a menor área, destacou-se pela maior produtividade, alcançando 778,9 mil toneladas (CONAB, 2024).

Na cultura do feijão, a interação de genótipos por ambientes ($G \times A$) é reconhecida como um dos principais fatores que afetam a produtividade, exigindo estratégias específicas para identificar genótipos estáveis e adaptáveis (Melo et al., 2018). A variabilidade ambiental influencia diretamente processos fundamentais, como o metabolismo e a expressão gênica, ao longo do crescimento e desenvolvimento das plantas, destacando que a expressão gênica depende, em grande parte, das condições ambientais em que as culturas se desenvolvem (Xu, 2016).

Para enfrentar esses desafios, uma análise estatística das interações $G \times A$ é um requisito fundamental para o progresso em qualquer programa de melhoramento (Eeuwijk et al., 2016). Como o efeito ambiental desempenha um importante fator no rendimento e qualidade dos grãos, é essencial que esses atributos sejam avaliados em uma ampla diversidade de condições, incluindo diferentes safras, anos e locais (Pereira et al., 2017). Nesse cenário, a ambientômica surge como uma abordagem que integra técnicas de Sistemas

de Informação Geográfica (SIG) para caracterizar os ambientes de cultivo, oferecendo suporte para o progresso genético em programas de melhoramento. Essa caracterização permite uma melhor compreensão da interação entre genótipos e ambientes ($G \times A$), propiciando a predição do desempenho de genótipos em diferentes locais, incluindo aqueles em que experimentos não foram realizados (Resende et al., 2021; Costa-Neto et al., 2023).

Ademais, a ambientômica engloba a coleta, o processamento e a análise de dados ambientais com o objetivo de quantificar os impactos desses fatores em processos biológicos, considerando tanto os organismos individuais quanto suas interações (Costa-Neto et al., 2021). De acordo com Resende et al. (2024), essa abordagem envolve a caracterização de micro e macroambientes por meio de grandes conjuntos de dados ambientais, possibilitando a geração de recomendações genotípicas específicas para cada local e a realização de extrapolações preditivas que orientam decisões no melhoramento de plantas sob condições ambientais variáveis.

Quando se trata do feijão-comum, a integração de modelos estatísticos com séries históricas de dados ambientais tem se mostrado uma estratégia eficaz para prever os impactos climáticos nessa cultura no Brasil. Heinemann et al. (2022) ressaltam que o impacto da temperatura é particularmente relevante, com a produtividade de grãos sendo mais sensível ao estresse térmico durante a fase reprodutiva, especialmente nas macrorregiões Sul, Sudeste, Centro-Oeste e Nordeste.

Por fim, a compreensão das interações entre fatores genéticos e ambientais torna-se essencial para obter resultados consistentes no melhoramento genético (Costa-Neto et al., 2023). Assim, este trabalho teve como objetivo investigar como a aplicação de conceitos ambientômicos pode melhorar a eficiência das recomendações de cultivares de feijão-comum, baseados principalmente na definição da População-Alvo de Ambientes e na aplicação de modelos lineares mistos.

2 REVISÃO BIBLIOGRÁFICA

2.1 HISTÓRICO E IMPORTÂNCIA DO FEIJÃO-COMUM

O feijão-comum (*Phaseolus vulgaris* L.), pertencente à família *Fabaceae*, caracteriza-se por apresentar um fruto do tipo legume, conhecido como vagem, com duas valvas unidas por duas suturas, é uma das 55 espécies do gênero *Phaseolus*, destacando-se entre as cinco espécies cultivadas em termos de cultivo e consumo, com $2n = 22$ cromossomos (Ferreira et al., 2021). Originário dos neotrópicos de altitude média, é uma espécie com resistência ao estresse hídrico e com um ciclo de produção curto, variando de 55 a 90 dias (Marques et al., 2023). Sua domesticação ocorreu de forma independente na Mesoamérica e nos Andes, resultando em dois *pools* genéticos distintos: o Mesoamericano (que inclui o feijão preto) e o Andino (que inclui o feijão carioca) (Ramalho et al., 1993).

No Brasil, o feijão-comum é uma cultura de grande importância, sendo cultivado em grande parte do território nacional, nas mais variadas condições ambientais, sejam edafoclimáticas ou tecnológicas (Pereira et al., 2010). Distribuído em até três safras anuais: “Seca”, “Águas” e “Inverno”, cada uma apresenta características ambientais e práticas de manejo específicas, que variam conforme as condições climáticas das regiões e impactam diretamente a produtividade da cultura (Melo et al., 2010; Silva et al., 2013).

Em estados como Goiás, as condições climáticas permitem a realização das três safras anuais, distribuídas em janelas de plantio específicas: a safra das Águas (novembro a dezembro), a safra da Seca (janeiro a fevereiro) e a safra de Inverno (maio a junho), permitindo a produção ao longo de todo o ano (Heinemann et al., 2017) sendo esses períodos referentes à semeadura. No entanto, observa-se que essas safras apresentam diferenças expressivas em termos quantitativos, tanto em área plantada quanto em produtividade e produção. Segundo o quarto levantamento da CONAB (CONAB, 2025) para a safra 2024/25, a 1ª safra de feijão ocupa 908,0 mil hectares, com produtividade média de 1.199 kg ha⁻¹ e produção estimada em 1.088,7 mil toneladas. Já a 2ª safra, apesar de ocupar uma área maior, com 1.507,3 mil hectares, apresenta produtividade um pouco menor (1.018 kg ha⁻¹), resultando em uma produção de 1.534,3 mil toneladas. A 3ª safra, por sua vez, é a menor em área (492,8 mil hectares), mas apresenta produtividade relativamente alta (1.580 kg ha⁻¹), alcançando 778,9 mil toneladas.

Essa diversidade de condições ambientais, reforça a necessidade de avaliações multiambientais para determinação precisa da estabilidade e adaptabilidade das cultivares (Melo et al., 2007). Nesse contexto, a avaliação de genótipos em diferentes ambientes tem se mostrado estratégia fundamental para maximizar o ganho genético em programas de melhoramento. Essa abordagem permite identificar materiais superiores quanto à produtividade e resistência a doenças, considerando tanto a influência ambiental quanto a resposta diferencial dos genótipos (Melo et al., 2019).

Sendo assim, algumas pesquisas surgem com o intuito de elucidar a dinâmica da interação $G \times A$, em feijão-comum. Daemo (2024), por exemplo, avaliou dez genótipos de feijão-comum em duas localidades do sudoeste da Etiópia ao longo de dois anos e concluiu que o uso de ferramentas como os GGE *biplots* permitiu visualizar as interações $G \times A$, auxiliando na identificação de genótipos com ampla adaptabilidade ou com adaptação específica a determinados ambientes.

Ligarreto (2023), por sua vez, analisou genótipos de feijão-comum em três ambientes de alta altitude nos trópicos, com foco na biofortificação com ferro e zinco, além da estabilidade e adaptabilidade fenotípica. Neste estudo, foram encontradas diferenças estatísticas significativas entre os genótipos (G), os ambientes (A) e suas interações ($G \times A$). Com base nos valores de estabilidade obtidos pela análise AMMI, foi possível identificar cultivares e locais mais estáveis.

Já no Brasil, Souza et al. (2023) avaliaram cultivares de feijão-preto no estado do Rio de Janeiro com o objetivo de identificar materiais que combinassem alta produtividade, estabilidade e adaptabilidade em múltiplos ambientes, por meio da análise GGE *biplot*. Os efeitos dos genótipos, dos ambientes e da interação $G \times A$ foram significativos, evidenciando diferentes respostas dos genótipos aos ambientes avaliados.

Esses exemplos, entre outros estudos, ressaltam a importância de estratégias específicas e abordagens multivariadas para avaliar a estabilidade, adaptabilidade e produtividade dos genótipos, sendo imprescindíveis em programas de melhoramento genético. A identificação de genótipos produtivos, estáveis e adaptados a diferentes condições ambientais é fundamental para subsidiar a recomendação segura de cultivares. Como observado por Melo et al. (2007), a diversidade de condições ambientais em que o feijoeiro é cultivado requer que os ensaios sejam conduzidos em rede, realizados em múltiplos ambientes, permitindo estimar a interação $G \times A$ com maior precisão e garantir segurança na recomendação de genótipos.

2.2 INTERAÇÃO DE GENÓTIPOS COM AMBIENTES

A interação entre genótipos e ambientes ($G \times A$) é um fenômeno observado sempre que múltiplos genótipos são avaliados em diferentes ambientes, refletindo a variação na resposta fenotípica entre esses contextos. Esta permite compreender como diferentes genótipos respondem às variações ambientais e possibilita a identificação de cultivares mais adaptadas a diferentes condições (Euwijk et al., 2016).

No âmbito do melhoramento genético, a resposta distinta dos genótipos a diferentes ambientes é um dos maiores desafios enfrentados por programas de melhoramento, tanto em culturas vegetais quanto em espécies animais, pois influencia diretamente a seleção de materiais que sejam simultaneamente estáveis e adaptáveis (Resende et al., 2021; Piepho, 2022). Para superar esse desafio, compreender os fatores fisiológicos e bioquímicos que influenciam essa interação, é essencial ampliar o conhecimento sobre a variabilidade genética e a adaptação das populações (Cruz et al., 2012).

Nesse contexto, a adoção de testes conduzidos em múltiplos ambientes tem se mostrado uma abordagem relevante para avaliar como os genótipos se comportam em diferentes condições regionais, permitindo uma seleção mais precisa e alinhada às demandas locais (Piepho, 2022). Além disso, esses estudos exploram fenômenos relacionados, como plasticidade fenotípica, que consiste na capacidade de um mesmo genótipo manifestar diferentes fenótipos em resposta às variações nas condições ambientais. Essa capacidade de ajuste é reconhecida como um mecanismo adaptativo importante, permitindo maior flexibilidade e sobrevivência em cenários ambientais variáveis (Lima et al., 2017).

Contudo, é importante observar que, em algumas situações, as respostas plásticas podem ser consequências passivas da disponibilidade de recursos para o crescimento e desenvolvimento, o que evidencia a complexidade desse fenômeno. Além disso, há um interesse crescente nos mecanismos moleculares que regulam a plasticidade fenotípica e a interação $G \times A$ em populações de plantas (Des Marais et al., 2013).

A análise dessa interação tem o potencial de fornecer informações sobre as características dos genótipos, identificar materiais elite, determinar condições ambientais favoráveis, estabelecer objetivos de melhoramento e orientar práticas de manejo agrícola (Elias et al., 2016). Avanços recentes em técnicas de Sistema de Informação Geográfica (SIG,

do inglês *Geographic Information System - GIS*) têm contribuído com esse entendimento, permitindo maior precisão na seleção de genótipos mesmo em regiões ainda não testadas experimentalmente (Resende et al., 2019). Sendo que os modelos estatísticos que incorporam a $G \times A$ também são importantes neste cenário, e quando empregados aumentam a eficiência na recomendação de variedades agrícolas (Eeuwijk et al., 2016).

No entanto, o estudo da interação $G \times A$ continua sendo um desafio, exigindo cuidados na recomendação de genótipos superiores para áreas específicas. Esse desafio é amplificado pelas variações edáficas e climáticas em diferentes latitudes, longitudes e microambientes, em que pequenas alterações locais podem exercer um impacto significativo (Marcatti et al., 2017).

Diversos métodos têm sido aplicados para avaliar a $G \times A$, especialmente no caso do feijão-comum. A literatura científica apresenta ferramentas variadas para essa análise, entre as quais a análise de variância (ANOVA) destaca-se sendo uma das abordagens empregadas para particionar a variância em estudos multiambientais, permitindo identificar os efeitos genéticos, ambientais e da própria interação $G \times A$ (Melo et al., 2019). Quando associada a modelos multivariados, como a análise AMMI (*Additive Main Effects and Multiplicative Interaction*) (Piepho, 1995), a ANOVA também pode ser empregada, facilitando a seleção de genótipos estáveis e produtivos com base na variação do rendimento em múltiplos ambientes (Daemo, 2024; Melo et al., 2007).

O modelo AMMI (Piepho, 1995), que combina ANOVA com componentes principais (PCA), é amplamente reconhecido por sua eficácia na quantificação da $G \times A$. Além disso, sua representação gráfica por *biplots* facilita o zoneamento agrônomico e a seleção de genótipos adaptáveis a condições específicas ou amplas (Ligarreto, 2023; Melo et al., 2007; Daemo, 2024). Ferramentas complementares, como o GGE *biplot*, são amplamente utilizadas para identificar padrões de adaptabilidade e formar mega-ambientes, agrupando locais com condições semelhantes e auxiliando na recomendação de genótipos superiores (Melo et al., 2018; Daemo, 2024).

Métodos como os índices de Eberhart & Russell (1966) e o método de Lin & Binns (1988), amplamente utilizados na literatura, têm sido empregados para analisar a adaptabilidade e estabilidade genotípica. O índice de Eberhart & Russell (1966), fundamentado na regressão linear, avalia o desempenho genotípico em ambientes favoráveis e desfavoráveis, identificando materiais com estabilidade e consistência produtiva (Melo et al., 2007). Já o método de Lin & Binns (1988), foca no menor desvio em relação ao

desempenho ideal, destacando genótipos que combinam alta produtividade com estabilidade em múltiplos ambientes (Melo et al., 2018). O índice de Annicchiarico(1992) por sua vez, baseia-se em um índice de confiabilidade e identifica linhagens que superam a média ambiental com alta probabilidade, sendo eficiente tanto em ambientes favoráveis quanto desfavoráveis (Annicchiarico, 1992; Pereira et al., 2017). A aplicação considera três análises do índice de confiabilidade: um geral, que avalia o desempenho médio dos genótipos em todos os ambientes; um específico para ambientes favoráveis; e outro para ambientes desfavoráveis, tornando-o uma ferramenta eficiente para diferentes condições de cultivo.

Outra abordagem relevante é o método de Nunes et al. (2005) que aplica uma padronização das médias genotípicas para avaliar a estabilidade e adaptabilidade. Esse método tem demonstrado grande aplicabilidade em culturas como feijão, milho e soja, auxiliando na identificação de genótipos consistentes em cenários variados (Pereira et al., 2018).

Estudos aplicados reforçam a importância desses métodos no contexto prático. Por exemplo, Melo et al. (2007) avaliaram 20 genótipos de feijão-comum em 22 ambientes distintos nos estados do Paraná, Santa Catarina e São Paulo, na época das Águas (safra) e na Seca (safrinha) dos anos de 2002, 2003 e 2004. Utilizando metodologias como AMMI, Eberhart & Russell e Lin & Binns, o estudo identificou cultivares com alto potencial produtivo e estabilidade, destacando a importância de abordagens multiambientais para recomendações regionais.

Ainda, Pereira et al. (2017) avaliaram 16 linhagens de feijão-comum em 62 ambientes nas Regiões Centro-Sul e Central do Brasil. A análise utilizou o método de Annicchiarico (1992) para medir a adaptabilidade e estabilidade das linhagens, identificando linhagens com melhor desempenho, considerando principalmente a sua ampla adaptabilidade e qualidade superiores. Este trabalho reforça a importância de estratégias que combinem testes multiambientais e métodos analíticos para identificar genótipos confiáveis em diferentes condições ambientais.

Melo et al. (2018) analisaram 15 genótipos em vários ambientes no estado de Goiás, utilizando modelos como AMMI e GGE *biplot*, além de índices de estabilidade. Os resultados demonstram a relevância de estratégias específicas e ferramentas multivariadas para otimizar o desempenho agrícola em sistemas diversificados.

Souza et al. (2023) avaliaram 11 genótipos no estado do Rio de Janeiro, distribuídos em três localidades ao longo de três anos. A utilização do GGE *biplot* permitiu

identificar padrões de adaptabilidade e selecionar genótipos com melhor desempenho, combinando alta produtividade com ampla estabilidade. Além da localidade identificada como um ambiente ideal para testes de seleção devido ao seu poder discriminatório e representatividade.

Ainda, Daemo (2024) demonstraram a eficácia de métodos como AMMI e GGE *biplot* ao avaliar dez genótipos em duas localidades do sudoeste da Etiópia, ao longo de dois anos agrícolas. Identificando os Genótipos que se destacaram pela alta produtividade e estabilidade em múltiplos ambientes, reforçando a universalidade dessas ferramentas analíticas na recomendação de cultivares adaptadas, mesmo em condições agrícolas adversas.

O estudo de Reddy et al. (2024) aplicou a análise de estabilidade de Finlay & Wilkinson (1963) para avaliar o desempenho de 24 genótipos de feijão-comum em diferentes ambientes, com foco na estabilidade e adaptação do rendimento de vagens verdes por planta. A análise identificou genótipos estáveis, com coeficientes de regressão próximos de 1, indicando desempenho consistente em diferentes condições ambientais. Genótipos que demonstraram melhor desempenho em ambientes favoráveis ($b_i > 1$), enquanto outros, mostraram adaptação a ambientes menos favoráveis ($b_i < 1$). A aplicação do modelo evidenciou a importância da análise conjunta de produtividade e interação $G \times A$ para seleção de materiais com maior previsibilidade de desempenho em programas de melhoramento genético.

Esses exemplos evidenciam como a combinação de métodos estatísticos e multivariados, aliadas a estudos multiambientais, tem contribuído para avanços no melhoramento genético do feijão-comum. Além de maximizar a produtividade, esses estudos auxiliam no desenvolvimento de cultivares mais adaptadas às demandas regionais, promovendo maior eficiência e sustentabilidade na produção agrícola.

2.3 AMBIENTÔMICA

A ambientômica, traduzida do inglês "*Enviromics*" e inicialmente proposta por (Resende et al., 2019) no contexto do melhoramento genético de plantas, é aplicada para a caracterização dos ambientes de cultivo, incluindo o uso de técnicas de Sistemas de Informação Geográfica (SIG). Essa abordagem permite maior compreensão da interação $G \times A$ e possibilita a predição do desempenho de genótipos em diferentes locais, inclusive

naqueles em que experimentos ainda não foram realizados. Por integrar o conjunto das chamadas “ômicas”, a ambientômica amplia as possibilidades de caracterização ambiental, buscando estabelecer associações entre o ambiente atual, passado e futuro, considerando múltiplas localidades, manejos, épocas de plantio, cenários ambientais e genótipos (Costa-Neto et al., 2023)

A ambientipagem, um dos conceitos da ambientômica, contribui para a modelagem de culturas e a predição fenotípica ao integrar componentes funcionais como a interação $G \times A$, a resposta gênica a estímulos ambientais, os estresses bióticos e abióticos, além da fenotipagem integrativa (Xu et al., 2022). Por meio da coleta e do processamento sistemático de dados ambientais, torna-se possível identificar os principais fatores que afetam o desenvolvimento das plantas, incluindo temperatura, precipitação e propriedades do solo. Essa abordagem ganha relevância ao considerar que mudanças microambientais podem ativar ou suprimir a expressão gênica, resultando em plasticidade fenotípica, o que reforça a importância de recomendações detalhadas com base em gradientes ambientais (Marcatti et al., 2017).

Dado que essas variações ambientais influenciam diretamente a expressão gênica e o desempenho dos genótipos, a ambientômica se torna uma ferramenta importante para a tomada de decisões no melhoramento genético. Nesse contexto, a ambientômica busca identificar os fatores ambientais mais influentes no desenvolvimento vegetal, permitindo que essas informações sejam incorporadas de forma estratégica ao processo de seleção. Isso possibilita um direcionamento mais eficiente das condições ambientais na escolha e recomendação de genótipos adaptados e/ou estáveis (Resende et al., 2021).

Sendo assim, a ambientômica segue um fluxo de atividades (Figura 1.1), adaptada de Resende et al. (2024), que começa com a obtenção e organização de dados de ensaios multiambientais (MET), abrangendo informações genotípicas, experimentais e fenotípicas. Em seguida, é realizado o controle de qualidade dos dados fenotípicos, etapa na qual são identificados *outliers* e dados ausentes, além da verificação da estrutura experimental com o apoio de estatísticas e gráficos. Após o controle de qualidade, define-se a resolução espacial, ou seja, o tamanho do pixel para a análise espacial que será utilizado nas etapas seguintes de ambientipagem. Com os dados validados e a escala espacial definida, prossegue-se para o ajuste dos dados fenotípicos por modelo misto, removendo-se os efeitos locais e isolando o componente genético por meio de modelos lineares mistos, o que gera valores ajustados (y^*). Esses dados são então estruturados na matriz $G \times A$ (ou pixels),

organizando os valores fenotípicos ajustados em uma tabela com genótipos nas linhas e ambientes ou pixels nas colunas.

A partir disso, são feitas análises exploratórias da interação $G \times A$, investigando os padrões dessa interação por meio de *biplots*, modelos AMMI e índices de adaptabilidade e estabilidade. Uma vez caracterizada a interação $G \times A$, passa-se para a delimitação da População Alvo de Ambientes (TPE, do inglês *Target Population of Environments*), definindo a área geográfica de interesse com base em técnicas espaciais, como *buffers* ao redor dos locais de ensaio. Em seguida, ocorre a ambientipagem, que consiste na coleta e organização de dados ambientais (clima, solo, relevo), ajustando-os ao *grid* definido anteriormente.

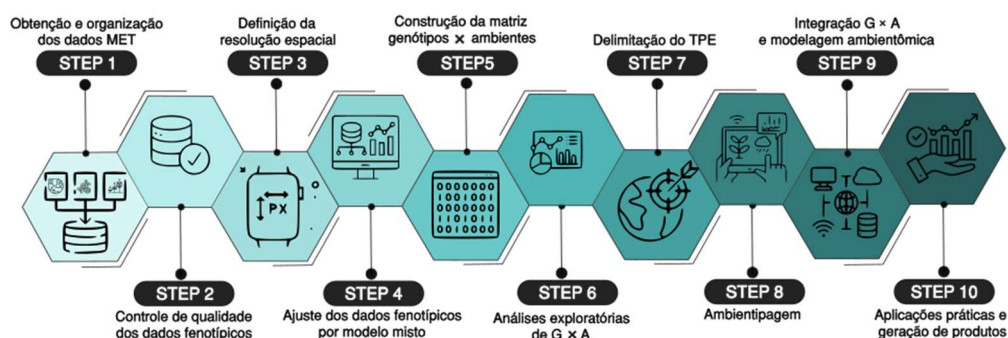


Figura 1. Fluxograma de trabalho para aplicação da ambientômica no melhoramento genético de plantas, com a integração de dados fenotípicos, ambientais e de SIG para aprimorar o melhoramento de precisão. O fluxo de trabalho inicia com a coleta, organização e padronização dos dados. As etapas subsequentes envolvem a definição da resolução espacial, ajustes por modelos mistos, construção da matriz e análise da interação $G \times A$, delimitação da população-alvo de ambientes (TPE), ambientipagem e modelagem ambientômica, orientando a seleção e recomendação de cultivares. A abordagem busca refinar a modelagem preditiva e otimizar a exploração da interação genótipos \times ambientes \times manejos.

Fonte: Adaptado de Resende et al. (2024).

Com esses dados integrados, avança-se para a modelagem ambientômica, combinando os dados fenotípicos ajustados com as covariáveis ambientais para prever a resposta genotípica em diferentes condições. Por fim, os resultados são aplicados na geração de produtos práticos, como mapas de recomendação de cultivares, zonas de melhoramento, métricas de desempenho e ferramentas de suporte à decisão no melhoramento vegetal. O processo envolve desde a obtenção e controle de qualidade dos dados de experimentos multiambientais (METs), passando pelo ajuste fenotípico, caracterização ambiental e análise

da interação $G \times A$, até a integração dos dados em modelos preditivos e a aplicação prática para recomendação de genótipos adaptados a diferentes zonas ambientais.

Segundo Resende et al. (2024), esse fluxo de trabalho é potencializado pelo uso de dados ambientais de alta resolução obtidos por sensoriamento remoto via satélite. Variáveis como temperatura, umidade do solo, Índice de Vegetação por Diferença Normalizada (NDVI, do inglês *Normalized Difference Vegetation Index*) e relevo são integradas a informações genéticas e fenotípicas, permitindo caracterizar os ambientes agrícolas com alta precisão ao longo do tempo e do espaço. Com essa integração, desenvolvem-se modelos preditivos capazes de indicar os genótipos mais adaptados a diferentes zonas ambientais.

Nesse contexto, o uso de informações geoespaciais para criar mapas de produtividade em função de variáveis climáticas e edáficas permite identificar áreas ideais para cada genótipo, otimizando a escolha dos ambientes para o melhoramento (Marcatti et al., 2017). O mapeamento dos melhores materiais genéticos para cada local, ou pixel, leva em consideração toda a gama de características ambientais que influenciam na expressão fenotípica das culturas. Essa abordagem garante que os genótipos selecionados sejam não apenas produtivos, mas também adaptáveis às condições específicas de cada região (Resende et al., 2021).

Para compreender essas particularidades de cada região, surgiram conceitos como macroambientes, mega-ambientes, *breeding zones* e população alvo de ambientes, que auxiliam na estratificação e direcionamento dos programas de melhoramento genético. Os macroambientes representam grandes regiões agroclimáticas com características semelhantes quanto a clima, solo e manejo, e os mega-ambientes, definidos como áreas onde os genótipos apresentam desempenho semelhante, o que reduz a interação $G \times A$. Sua identificação é feita por análises estatísticas, como *GGE-Biplot* e ANOVA par a par e o método de Tocher. A incorporação do geoprocessamento a essas análises permitiu o delineamento de zonas de melhoramento, também chamadas de *breeding zones*, que possibilitam a predição do desempenho de cultivares em locais sem experimentação direta, utilizando uma abordagem espacial baseada em pixels. Essas zonas, ao identificarem regiões com maior estabilidade genética, contribuem tanto para a recomendação de cultivares adaptadas quanto para a definição de locais estratégicos para futuros ensaios, conforme descrito por Costa-Neto et al. (2023). Outro conceito central para essa abordagem é a

População-Alvo de Ambientes, que define o conjunto de ambientes para os quais o programa de melhoramento é direcionado.

Conforme descrito por Heinemann et al. (2022), a análise de dados é fundamental para alcançar os objetivos da ambientômica, destacando sua importância na caracterização ambiental das condições de cultivo e na identificação de impactos significativos que influenciam a adaptação de uma espécie em seu contexto reprodutivo. Os fatores ambientais podem ser coletados por meio de múltiplas abordagens, incluindo ensaios ambientais, sistemas de informações geográficas, medição das propriedades do solo e da arquitetura da planta, e avaliação de organismos associados (Xu, 2016). Além disso, imagens de satélite em diferentes espectros, como visível e infravermelho, radar e multiespectrais, podem ser usados para caracterizar ambientes, permitindo a classificação de tipos de cobertura do solo, identificação de áreas agrícolas e mapeamento de topografia (Costa-Neto et al., 2021).

Com a recente introdução ao melhoramento genético, a ambientômica ainda está consolidando seu espaço na literatura científica, especialmente na cultura do feijão-comum. Um dos estudos pioneiros, nesse contexto, foi conduzido por Heinemann et al. (2022), que aplicaram conceitos de ambientômica para avaliar os efeitos do clima na adaptação de germoplasma de feijão-comum no Brasil. O estudo utilizou Modelos Aditivos Generalizados (GAM) para correlacionar variáveis ambientais, como temperatura, radiação solar e precipitação, com dados de produtividade de 424 ensaios realizados ao longo de 18 anos. Os resultados identificaram limites climáticos e fases críticas de desenvolvimento, destacando a sensibilidade da fase reprodutiva ao estresse térmico (temperaturas acima de 26 °C) e à precipitação ideal entre 200 e 300 mm nesse período. Essas descobertas têm orientado estratégias regionais e sazonais de melhoramento genético, maximizando o desempenho genotípico em diferentes cenários ambientais.

Embora a ambientômica tenha demonstrado avanços na integração de dados ambientais e genéticos para o melhoramento de culturas, a heterogeneidade espacial e temporal das condições ambientais, bem como as complexas interações entre genótipos e ambientes ($G \times A$) e genótipos, ambientes e manejos ($G \times A \times M$), continuam a representar desafios importantes. Conforme destacado por Resende et al. (2022), interações precisam ser cuidadosamente consideradas para que as técnicas de ambientômica sejam plenamente eficazes na predição de desempenho e produtividade de novas cultivares.

Portanto, o sucesso do melhoramento genético utilizando a ambientômica depende da capacidade de modelar e compreender essas variáveis complexas, garantindo que as estratégias sejam adaptadas de forma eficiente às condições específicas de cada ambiente. Esse enfoque promete contribuir para o desenvolvimento de cultivares mais produtivas, estáveis e adaptadas às condições climáticas. Embora análises ambientômicas não sejam tratadas diretamente nos capítulos seguintes, parte do conteúdo técnico abordado fornece suporte operacional para sua implementação, o que justifica a inserção deste tema na presente revisão.

CAPÍTULO 3

DEFINING TARGET POPULATION OF ENVIRONMENTS (TPE) FOR ENVIROMICS STUDIES USING R BASED GIS TOOLS ¹

Demila Duarte da Mata Cruz ²; Alexandre Bryan Heinemann ³; Gustavo Eduardo Marcatti ^{4,5}; Rafael Tassinari Resende ^{2,5}

¹ Capítulo publicado como artigo no periódico científico *Crop Breeding and Applied Biotechnology* (CBAB).

² Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento de Plantas, Universidade Federal de Goiás

³ Embrapa Arroz e Feijão

⁴ Universidade Federal de São João del-Rei

⁵ TheCROP – Precision Breeding Startup

CRUZ, D. D. M.; HEINEMANN, A. B.; MARCATTI, G. E.; RESENDE, R. T. **Defining Target Population of Environments (TPE) for enviromics studies using R based GIS tools.** *Crop Breeding and Applied Biotechnology*, Viçosa, MG, v. 25, n. 1, e50822519, 2025. Disponível em: <https://doi.org/10.1590/1984-70332025v25n1s09>.

Defining the target population of environments (TPE) for enviromics studies using R-based GIS tools

Demila D. M. Cruz¹, Alexandre B. Heinemann², Gustavo E. Marcatti^{3,4} and Rafael T. Resende^{1,4*}

Abstract: We present an R-based function for defining TPE as GIS-polygons, intended for use in enviromics studies. It offers customizable parameters, such as pixel size, buffer boundaries, and concavity, providing enhanced flexibility for G×E analysis. This tool optimizes genotypic, envirotypic, and spatial assessments, serving as a powerful resource for breeding research.

Keywords: 'TPEmap' function, precision breeding, envirotyping, G×E interaction, concave/convex hull, spatial analysis

INTRODUCTION

The concept of the target population of environments (TPE) has evolved significantly since its initial definition as the set of environments where genotypes are recommended based on performance in representative test environments (Comstock 1977, Allen et al. 1978). Chenu et al. (2011) stressed the importance of TPE in addressing genotype-by-environment (G×E) interactions, particularly in the context of water-deficit variability. Chapman et al. (2012) further broadened its scope by incorporating biotic and abiotic stresses, thus highlighting its role in improving crop adaptation to climate change. With advances in breeding technologies, Voss-Fels et al. (2018) integrated TPE into genomic selection, stressing the need for accurate environmental characterization. Crespo-Herrera et al. (2021) included socioeconomic factors in TPE considerations, while Cooper and Messina (2021) explored its application in multi-environment trials to improve management strategies and genotype predictions. Resende et al. (2021) applied TPE to enviromic-assisted selection. They used GIS tools for a detailed dissection of G×E interactions.


The concepts of TPE, mega-environments, and breeding zones are often conflated, yet they represent different scales of genotype adaptation. Mega-environments are broad regions characterized by relatively homogeneous environmental conditions, typically identified through environmental data analyses (Gauch and Zobel 1997, Gupta et al. 2013, Yan et al. 2022). In contrast, breeding zones are smaller sub-regions within mega-environments or TPEs, defined by specific environmental traits to reduce G×E interactions (Resende et al. 2021, Callister et al. 2024, Resende et al. 2024a). The integration of big data and advanced technologies has significantly improved the efficiency of

Crop Breeding and Applied Biotechnology
25(1): e50822519, 2025
Brazilian Society of Plant Breeding.
Printed in Brazil
<http://dx.doi.org/10.1590/1984-70332025v25n1s09>



*Corresponding author:

E-mail: rafael.tassinari@ufg.br

 ORCID: 0000-0002-7139-708X

Received: 12 September 2024

Accepted: 30 October 2024

Published: 10 January 2025

¹ Universidade Federal de Goiás, Avenida Esperança, s/n, Chácaras de Recreio Samambaia, 74690-900, Goiânia, GO, Brazil

² Embrapa - Arroz e Feijão, Rodovia GO-462, km 12, Zona Rural, 75375-000, Santo Antônio de Goiás, GO, Brazil

³ Universidade Federal de São João del-Rei, Rodovia MG-424, km 47, 35701-970, Sete Lagoas, MG, Brazil

⁴ TheCROP - Enviromics | Phenomics | Genomics. Avenida Esperança, 1533, Parque Tecnológico, FUNAPE, Campus Samambaia/ UFG, 74690-612, Goiânia, GO, Brazil

breeding programs by enabling the precise targeting of cultivars to specific environments, thereby increasing genetic gains (Costa-Neto and Fritsche-Neto 2021, Xu et al. 2022).

Clipping the TPE within a GIS framework involves integrating spatial data with environmental factors such as climate and soil characteristics, both of which have a significant impact on crop performance (Resende et al. 2024a). GIS tools play a critical role in mapping these factors and accounting for geographic variability. The complexity increases when this spatial data is combined with trials conducted in different environments to improve genotype performance and account for genotype-environment-management (G×E×M) interactions (Cooper and Messina 2021). The TPE may include continuous or discontinuous regions where environmental factors have unique effects on genotypes. Tools such as surrounding polygons derived from multi-environment trials using concave or convex hulls (Gombin et al. 2020) are instrumental in delineating the TPE. However, Olivoto and Lucio (2020) emphasize the challenges of conducting a comprehensive multi-environment trial (MET) analysis. These challenges could be mitigated through a GIS-based computational tool integrating phenotypic and geospatial data.

This approach streamlines the identification of environmental patterns within target areas, thereby ensuring that TPE accurately reflects real-world crop conditions (Resende et al. 2024b). The use of GIS makes it possible to cross-reference climatic, edaphic, and management data (Pebesma and Bivand 2023), providing an integrated perspective on genotype performance. The integration of GIS has been particularly effective in enviromics, where satellite and remote sensing data provide deeper insights into G×E interactions, enhancing strategies for crop improvement (Resende et al. 2024a). This paper introduces the R function ‘**TPEmap**’, designed to define precise TPEs by incorporating buffers and concavity adjustments. We demonstrate its application using a common bean dataset from the Brazilian Agricultural Research Corporation (Embrapa) Arroz & Feijão Breeding Program, as detailed by Heinemann et al. (2022).

METHODS

Herein we describe a function called ‘**TPEmap**’, designed to define geographic TPE polygons. This function delineates the entire area where experimental or on-farm trial data points serve as reference locations. The underlying premise is that any location where a crop is being bred, tested, or cultivated forms part of the target environment, while surrounding areas are included to account for environmental variability.

Geospatial data processing and analysis

Geospatial data processing began by loading the geographic coordinates of the MET and on-farm trial points. These shapefiles were processed using the ‘**sf**’ library in R (Pebesma and Bivand 2023). To ensure spatial compatibility with other datasets, the coordinates were transformed into the WGS 84 coordinate reference system (CRS; EPSG:4326). To facilitate the testing of different scenarios, we developed a ‘**generate_coordinates**’ function. This function allows for the simulation of any number of points within a specified area. While Brazil was used as the reference area in this study, the function can be applied to any location worldwide.

After processing and preparing the geospatial data, the next step was to apply buffers to the geographic coordinates (as shown in the Trial Buffers in Figure 1). These buffers represent phenotypic data collection points, such as breeding experiments or on-farm trial locations. By using the ‘**st_buffer**’ function from the ‘**sf**’ package, buffers were created at adjustable scales, measured in kilometers, around each data point. These individual buffer polygons were then merged using the ‘**st_union**’ function to form a single aggregated area of influence.

Building the TPE polygon using a concavity algorithm

The TPE polygon was constructed by using the ‘**concaveman**’ algorithm in R (Gombin et al. 2020), which generates a concave polygon adaptable to the geospatial points of interest. Following the creation of buffers around the trial points, these polygons were merged and converted into a set of points, forming the foundation for the concave polygon. The ‘**TPEmap**’ function provides flexibility for users by allowing adjustments to parameters such as buffer distance, concavity, and length threshold, enabling customization of the polygon to meet the specific needs of a study. The ‘**generate_coordinates**’ and ‘**TPEmap**’ functions, along with detailed instructions on how to use them, are available on GitHub [<https://github.com/Enviromics/TPE-mapping>].

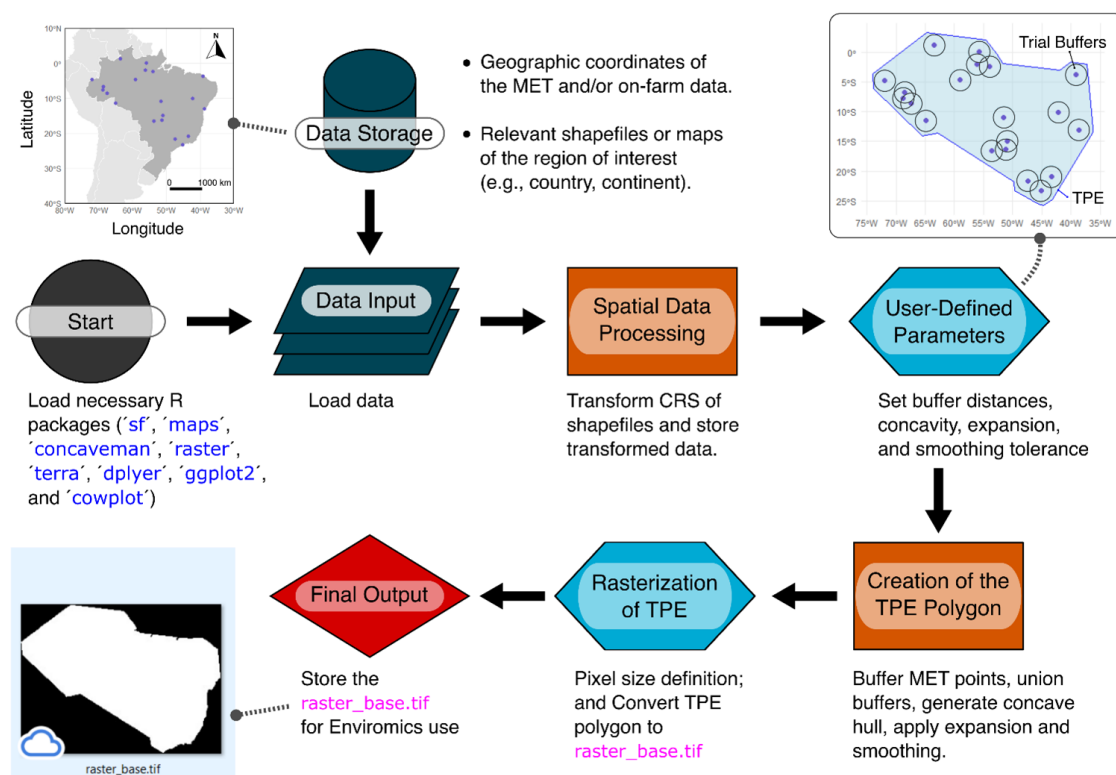


Figure 1. Geographical information system (GIS) flowchart for target population of environments (TPE) construction by using the 'TPEmap' function. The process includes: 1) loading and transformation of geospatial data; 2) definition of user-defined parameters (e.g., buffers, concavity, and smoothing); 3) creation of TPE polygon; and 4) rasterization. The output is the 'raster_base.tif' file, which serves as a foundational layer for enviromics analyses. This file integrates data from multi-environmental trials (MET) or on-farm trials with environmental information.

An optional buffer can be applied during TPE polygon generation, allowing the user to expand the final area to include all desired influence zones. The 'st_simplify' function can be used to smooth out irregularities and small protrusions to improve the usability of the polygon, with the smoothing tolerance adjustable to the user's preference. Breeders may choose to define an external TPE without incorporating phenotypic trial data, with the goal of obtaining predictive results. However, such an approach cannot be validated by using appropriate cross-validation schemes (Resende et al. 2024b). An alternative validation strategy involves planting in the target region in the next cycle or season to confirm the model's predictions. For example, if data points from previous trials define the region, the model can be trained and validated using data from the same region (see Rogers and Holland 2022 for possible validation schemes). If the goal is to predict outcomes for a different region, such as another country, similar TPEs may be identified, but the predictions cannot be validated without new trials. This would necessitate additional cycles to generate and confirm the required validation data.

The final polygon is converted into a raster format, with the pixel size determined based on the specifications of the G×E study. The resulting file ('raster_base.tif') is prepared for use in Enviromics analyses, allowing for the integration of environmental data with the geographical locations of the trials. This ensures that the TPE accurately represents the environmental conditions of the regions of interest. For examples of potential enviromics results achievable using the base raster, refer to Resende et al. (2024a). Increase in pixel resolution (i.e., decrease in pixel granularity) can enhance spatial detail. However, this comes at the cost of a quadratic increase in the total number of pixels within the TPE, which requires more physical computational memory.

THE 'TPEMAP' FUNCTION ARGUMENTS

The **'TPEmap'** function was developed to facilitate the creation of a TPE for plant breeding, leveraging geospatial data from MET or on-farm trials. This function includes several user-defined parameters (Figure 1, "User-Defined Parameters"). Key arguments, detailed below, include adjustments for buffers, polygon concavity, and pixel size for rasterization:

- **'coordinates'**: A data frame containing the geographic coordinates of MET or on-farm trial points. The data frame must include two columns, **x** (longitude) and **y** (latitude), representing the location of each trial point.
- **'point_buffer'**: A numeric value specifying the buffer distance (in kilometers) to be applied around each point. This argument allows the user to adjust the TPE to include nearby regions of interest.
- **'concavity'**: A numeric value that controls the degree of polygon concavity. Lower values create a more detailed polygon, while higher values (approaching infinity) result in a convex hull.
- **'length_threshold'**: A numeric value that sets the edge length threshold in the concavity algorithm. Edge segments shorter than this threshold are excluded from the polygon's extra detail. This parameter helps balance the level of detail with computational efficiency.
- **'expansion_buffer'**: A numeric value defining an additional buffer distance (in kilometers) applied after generating the initial concave polygon, expanding the final TPE.
- **'simplify_tolerance'**: A numeric value that sets the tolerance level for simplifying the final polygon. This parameter allows users to smooth the polygon by removing excessive detail and minor irregularities.
- **'pixel_size'**: A numeric value that specifies the pixel size for rasterizing the TPE. This parameter is crucial during the conversion of the final polygon into a raster format.

FEATURES OF THE 'TPEMAP' FUNCTION

To demonstrate the functionality of the **'TPEmap'** function with a realistic example, we adapted the **'generate_coordinates'** function to simulate geographic coordinates for 100 points. These points represent locations such as experiments or plantings, ensuring their suitability for soybean cultivation (Silva et al. 2021). Protected and natural reserve areas were excluded from the simulations to ensure compliance with environmental regulations. Figure 2 showcases various configurations possible with **'TPEmap'**. Users can customize key parameters, including 1) buffer sizes, 2) concavity (concave hull), 3) length threshold (**'length_threshold'**), and 4) simplification tolerance (**'simplify'**).

Concavity and length threshold parameters are crucial for fine-tuning the TPE clipping process, allowing users to create polygons with varying levels of detail. These parameters enable the generation of polygons ranging from highly detailed, intricate shapes (e.g., Figure 2A and 2C) to simpler, more generalized, and convex shapes (e.g., Figure 2D). The **'TPEmap'** function also facilitates the visualization of different configurations by enabling adjustments to concavity values, such as varying it from 1 to 5. For cases requiring a convex hull, the concavity can be set to very high values (e.g., 1e5 in this context), providing a straightforward way to encapsulate all trial points within a broad, enclosing polygon.

APPLICATION TO COMMON BEAN MET DATA SET

The success of breeding strategies relies heavily on accurate environmental characterization and the alignment of MET data with the environments within the TPE (Cooper et al. 2023). In defining the TPE for common bean (*Phaseolus vulgaris* L.), we utilized MET coordinates from Embrapa Arroz & Feijão, encompassing three distinct crop season types: Rainfed (Figure 3A), Dryland (Figure 3B), and Winter (Figure 3C) (Heinemann et al. 2022).

This dataset includes 423 trials conducted across 71 unique geographic locations from 2011 to 2023. Depending on the regionalization of production areas, trials covered up to three different crop seasons (Figure 3D). Specifically, 26 trials were conducted in the Rainfed season; 12 in rotations of Dryland and Rainfed; 9 in Rainfed and Winter; 9 exclusively in Winter; 7 exclusively in Dryland; 5 in Dryland and Winter; and 3 locations encompassed all three seasons. Trials included 87 commercial cultivars, with 52 classified as "Carioca" type and 35 as "Preto" type.

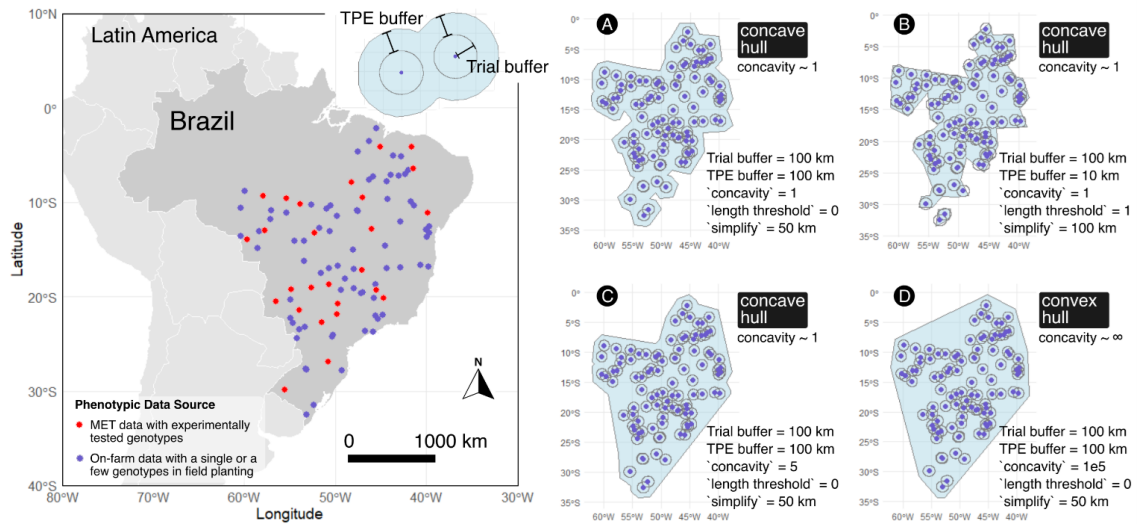


Figure 2. Definition of the target population of environments (TPE) polygon using different concavity and buffer parameters. (A) TPE polygon generated with a concavity of ~ 1 , a trial buffer of 100 km, a TPE buffer of 100 km, and a simplification tolerance of 50 km. This configuration includes 100 geographic points, 26 of which are breeding experiments (shown in red). (B) TPE polygon with a concavity of ~ 1 , a trial buffer of 100 km, a TPE buffer of 10 km, and a simplification tolerance of 100 km. (C) TPE polygon generated with a concavity of ~ 1 , a trial buffer of 100 km, a TPE buffer of 100 km, but with a concavity adjusted to 5. (D) TPE polygon produced as a convex hull (concavity $\sim \infty$), using a trial buffer of 100 km and a TPE buffer of 100 km. These configurations demonstrate how changes in concavity and buffer parameters affect the shape and fit of the polygon, highlighting areas of interest for enviromics analysis.

Figure 3E demonstrates the process of generating the surrounding polygons (concave hull) for the TPE using a concavity value of 2 and a 'length_threshold' of 10. Trial buffers ('point_buffer') of 100 km were applied around each data point. An additional 100 km buffer was then added to the TPE polygon for a total expansion of 200 km. The final polygon was then smoothed with a simplification tolerance of 50 km to create a more refined shape. This methodology is essential for identifying and mapping representative production areas that consider the different environmental conditions that common beans face in Brazil due to the country's bioclimatic diversity (Elias et al. 2021).

The success of a breeding program often hinges on achieving a balance between broad adaptation and targeted regional adaptation (Piepho and Möhring 2005). The different responses of common beans to climatic conditions during different growing seasons must be accounted for to ensure that the TPE reflects actual growing conditions in Brazil (Heinemann et al. 2022). The results reveal a wide distribution of experimental points across Brazil, encompassing diverse climatic zones and soil types. Using the 'TPEmap' function, we constructed a TPE polygon that integrates data from all three crop seasons, offering a comprehensive representation of common bean cultivation areas. The overlay of trials (Figure 3D) shows that incorporating data from multiple seasons is a practical approach to defining TPE that captures broad environmental variability. However, TPEs can be designed with different focuses: 1) broad, spanning multiple seasons; 2) season-specific, tailored to individual growing seasons; or 3) based on other stratification strategies used by breeding programs.

Considering modern envirotyping techniques, as described by Xu et al. (2022) and Resende et al. (2024a), the rasterized base with refined pixels can be used to extract environmental covariates essential for Enviromics studies and G×E interaction analyses at various spatial scales (Resende et al. 2021). Envirotyping data can be sourced from platforms such as WorldClim, Planet, NASAPower, ERA5, SRTM, MODIS, and SoilGrids (for details, see Resende et al. 2024a). Additionally, the 'EnvRtype' package facilitates access to NASAPower data (Costa-Neto et al. 2021). The resolution of the raster base ('raster_base') must match the resolution of the data sources, as the base may have a high level of refinement, while some platforms provide coarser pixel resolutions. For example, when the TPE was converted to a raster base (Figure 3F), a pixel size of 0.1° (~ 11.1 km) was used, resulting in 33,465 pixels within the TPE. However, refining the pixel size to 0.01° dramatically increases the number of pixels to 3,347,285, which presents significant computational challenges when downloading and processing environmental data.

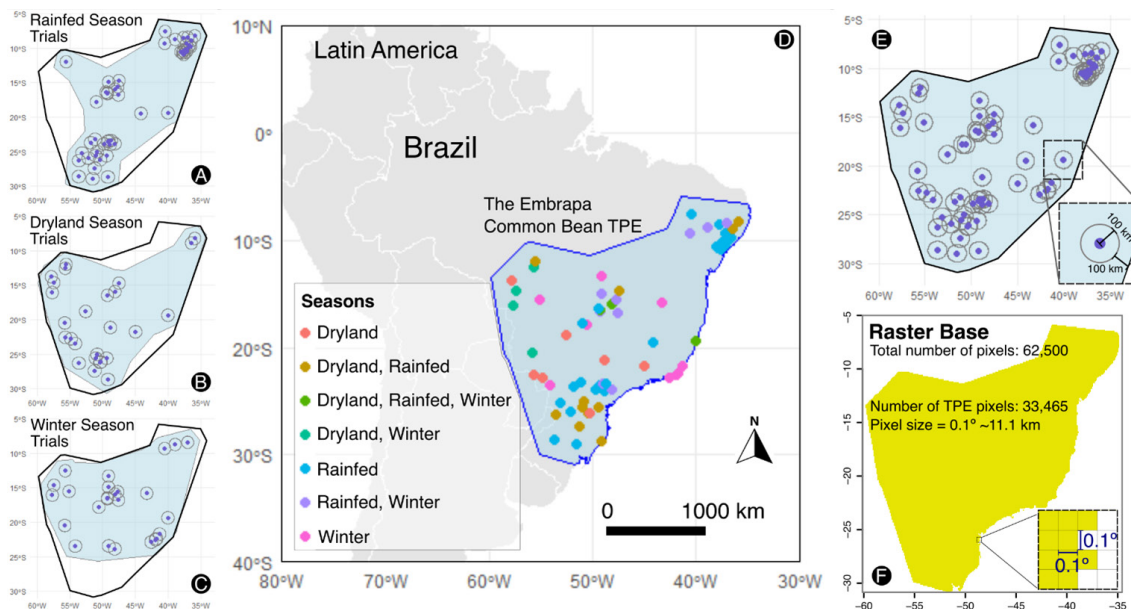


Figure 3. Definition of the target population of environments (TPE) for common beans across different trial types (seasons). (A) TPE polygon generated for rainfed season trials, applying the specified trial buffer. (B) TPE polygon generated for dryland season trials. (C) TPE polygon generated for winter season trials. (D) Final TPE polygon integrating all common bean trials across the three seasons. Different colors indicate the distribution of trials by season: dryland, rainfed, and winter. (E) Visualization of the combined trial buffers, representing all three seasons, along with the resulting TPE polygon. The buffer distances applied around trial points are highlighted. (F) Rasterized TPE base created with a pixel size of 0.1° (~11.1 km). The total number of pixels and the pixels contained within the TPE are displayed.

Detailed characterization of environmental types within the TPE is critical for directing breeding programs toward specific targets for adaptation to environmental stresses (Cooper et al. 2023). Results from Resende et al. (2024a) highlight the importance of environmental variables such as soil properties, radiation, and temperature in predicting genotypic performance. The resolution of pixels used to define the TPE plays a pivotal role in the quality of its representation. Smaller pixels provide greater spatial detail but achieving a balance between precision and computational efficiency is essential (Piepho 2022). This study highlights the importance of using GIS tools for the precise definition of TPEs. Such tools enable breeders to account for geographic variation and optimize G×E interaction analyses in envirotyping studies. By doing so, they enhance the adaptation and performance of crop varieties across diverse environmental conditions.

FINAL REMARKS

This article introduces a practical methodology for defining TPE using GIS-based tools and the ‘**TPEmap**’ R function. By incorporating spatial data, particularly the geographic coordinates of phenotypic data sources such as breeding trials and on-farm data, the method allows for the precise delimitation of TPE polygons. The core principle underlying this approach is that areas hosting breeding trials or planting sites, along with their surrounding regions, hold direct relevance for breeders. By focusing on these areas, this methodology optimizes breeding program efficiency, specifically targeting G×E interactions to achieve breeding goals. Through customizable parameters, including buffer distances, concavity, and other spatial adjustments, the ‘**TPEmap**’ adapts models to meet the specific needs of trials. This was effectively demonstrated using Embrapa’s common bean dataset. The tool improves the accuracy of mapping, facilitates informed decision-making in breeding programs, and generates raster to facilitate future data integration.

The future of TPE mapping has significant potential, including expanding its application to regions beyond the Americas and incorporating additional land-use data, such as agricultural areas outside protected zones and urban regions, with the ability to update in real time. Developing methods to subdivide TPEs into sub-TPEs, or breeding zones, could enhance

precision in targeting specific breeding goals. Current efforts aim to refine tools for determining the optimal pixel size and to enable efficient large-scale downloads of envirotypic data. Applying this methodology across a variety of crops and breeding programs will help validate its robustness and adaptability in diverse agricultural systems. Extending the accessibility of 'TPEmap' to Python, in addition to the existing R implementation, could broaden its adoption among breeders and researchers.

ACKNOWLEDGMENTS

The authors thank the Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES) for granting a master's scholarship to the first author (DDMC). We also thank the Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento de Plantas (PPGGMP) at the Universidade Federal de Goiás (UFG) for institutional support. Special thanks to Embrapa Arroz e Feijão for providing the data used in this study and to the Laboratório de Melhoramento de Precisão (LAMP) at the Escola de Agronomia of UFG for supporting the analyses and discussions.

DATA AVAILABILITY

The Embrapa geo coordinates datasets analyzed during the current research are available from the corresponding author upon reasonable request. The simulated datasets are available in: [<https://github.com/Enviromics/TPE-mapping>]¹⁹.

REFERENCES

- Allen FL, Comstock RE and Rasmusson DC (1978) Optimal environments for yield testing. *Agronomy Journal* **70**: 561-567.
- Callister AN, Costa-Neto G, Bradshaw BP, Elms S, Crossa J and Brawnner JT (2024) Enviromic prediction enables the characterization and mapping of *Eucalyptus globulus* Labill breeding zones. *Tree Genetics & Genomes* **20**: 3.
- Chapman SC, Chakraborty S, Dreccer MF and Howden SM (2012) Plant adaptation to climate change - opportunities and priorities in breeding. *Crop and Pasture Science* **63**: 251-268.
- Chenu K, Cooper M, Hammer GL, Mathews KL, Dreccer MF and Chapman SC (2011) Environment characterization as an aid to wheat improvement: Interpreting genotype-environment interactions by modelling water-deficit patterns in North-Eastern Australia. *Journal of Experimental Botany* **62**: 1743-1755.
- Comstock RE (1977) Quantitative genetics and the design of breeding programs. In Pollak E, Kempthorne O and Bailey TB (eds) *Proceedings of the international conference on quantitative genetics*. Iowa State University, Ames, p. 705-718.
- Cooper M and Messina CD (2021) Can we harness "Enviromics" to accelerate crop improvement by integrating breeding and agronomy? *Frontiers in Plant Science* **12**: 735143.
- Cooper M, Powell O, Gho C, Tang T and Messina C (2023) Extending the breeder's equation to take aim at the target population of environments. *Frontiers in Plant Science* **14**: 1129591.
- Costa-Neto G and Fritsche-Neto R (2021) Enviromics: bridging different sources of data, building one framework. *Crop Breeding and Applied Biotechnology* **21**: e393521S12.
- Costa-Neto G, Galli G, Carvalho HF, Crossa J and Fritsche-Neto R (2021) EnvRtype: a software to interplay enviromics and quantitative genomics in agriculture. *G3* **11**: jkab040.
- Crespo-Herrera LA, Crossa J, Huerta-Espino J, Mondal S, Velu G, Juliana P and Singh RP (2021) Target population of environments for wheat breeding in India: definition, prediction and genetic gains. *Frontiers in Plant Science* **12**: 638520.
- Elias JCF, Gonçalves-Vidigal MC, Ariani A, Valentini G, Martiniano-Souza MDC, Vaz Bisneta M and Gepts P (2021) Genome-environment association analysis for bio-climatic variables in common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) from Brazil. *Plants* **10**: 1572.
- Gauch HG and Zobel RW (1997) Identifying mega-environments and targeting genotypes. *Crop Science* **37**: 311-326.
- Gombin J, Vaidyanathan R and Agafonkin V (2020) concaveman: A very fast 2D concave hull algorithm. R package version 1.1.0. Available at <<https://CRAN.R-project.org/package=concaveman>>. Accessed on September 21, 2024.
- Gupta S, Rathore A, Yadav OP, Rai KN, Khairwal IS, Rajpurohit BS and Mahala RS (2013) Identifying mega-environments and essential test locations for pearl millet cultivar selection in India. *Crop Science* **53**: 607-619.
- Heinemann AB, Costa-Neto G, Fritsche-Neto R, da Matta DH and Fernandes IK (2022) Enviromic prediction is useful to define the limits of climate adaptation: a case study of common bean in Brazil. *Field Crops Research* **286**: 108628.
- Olivoto T and Lúcio AD (2020) Metan: An R package for multi-environment trial analysis. *Methods in Ecology and Evolution* **11**: 783-789.
- Pebesma E and Bivand R (2023) *Spatial data science: With applications in R*. Chapman and Hall/CRC, New York, 324p.
- Piepho HP (2022) Prediction of and for new environments: What's your model? *Molecular Plant* **15**: 581-582.
- Piepho HP and Möhring J (2005) Best linear unbiased prediction of cultivar effects for subdivided target regions. *Crop Science* **45**: 1151-1159.

- Resende RT, Hickey L, Amaral CH, Peixoto LL, Marcatti GE and Xu Y (2024a) Satellite-enabled enviromics to enhance crop improvement. **Molecular Plant** **17**: 848-866.
- Resende RT, Piepho HP, Rosa GJ, Silva-Junior OB, Silva FF, de Resende MDV and Grattapaglia D (2021) Enviromics in breeding: applications and perspectives on envirotypic-assisted selection. **Theoretical and Applied Genetics** **134**: 95-112.
- Resende RT, Xavier A, Silva PIT, Resende MP, Jarquin D and Marcatti GE (2024b) GIS-based G×E modeling of maize hybrids through enviromic markers engineering. **New Phytologist** **245**: 102-116.
- Rogers AR and Holland JB (2022) Environment-specific genomic prediction ability in maize using environmental covariates depends on environmental similarity to training data. **G3: Genes, Genomes, Genetics** **12**: jkab440.
- Silva EHFd, Antolin LAS, Zanon AJ, Junior ASA, de Souza HA, dos Santos Carvalho K and Marin FR (2021) Impact assessment of soybean yield and water productivity in Brazil due to climate change. **European Journal of Agronomy** **129**: 126329.
- Voss-Fels KP, Cooper M and Hayes BJ (2018) Accelerating crop genetic gains with genomic selection. **Theoretical and Applied Genetics** **132**: 669-686.
- Xu Y, Zhang X, Li H, Zheng H, Zhang J, Olsen MS and Qian Q (2022) Smart breeding driven by big data, artificial intelligence, and integrated genomic-enviromic prediction. **Molecular Plant** **15**: 1664-1695.
- Yan W, Nilsen KT and Beattie AD (2022) Mega-environment analysis and breeding for specific adaptation. **Crop Science** **62**: 59-70.



4 INTERAÇÃO GENOTÍPICA EM REDE NACIONAL DE ENSAIOS DE FEIJÃO-COMUM NO BRASIL AO LONGO DAS TRÊS SAFRAS AGRÍCOLAS

RESUMO

Diante da complexidade inerente à interação genótipos \times ambientes ($G \times A$) e dos impactos crescentes das mudanças climáticas sobre a agricultura, o objetivo deste trabalho foi investigar como diferentes genótipos de feijão-comum respondem a variações ambientais envolvendo locais, safras e anos, avaliando a contribuição de efeitos fixos e aleatórios na predição de desempenho, inclusive em locais e situações ainda não testadas. Foram utilizados dados de 424 ensaios multiambientais (METs) conduzidos pela Embrapa entre 2011 e 2018, envolvendo 87 genótipos em três safras (Águas, Seca e Inverno) distribuídas em 71 locais. Modelos lineares mistos foram ajustados com o método REML/BLUP para mensurar os efeitos genéticos e ambientais. Complementarmente, utilizaram-se análises multivariadas, como GGE *Biplot*, para decomposição e visualização da $G \times A$, além da técnica de imputação por componentes principais (*PCA imputation*) para o tratamento de dados ausentes. A modelagem estatística permitiu a seleção do modelo mais eficiente, com coeficiente de variação experimental médio de aproximadamente 19%. Índices de estabilidade e adaptabilidade foram empregados, incluindo Lin & Binns, Annicchiarico, Finlay & Wilkinson, PRVG e MHPRVG, integrados em uma pontuação composta para classificação dos genótipos. As normas de reação, baseadas nos BLUPs, indicaram que a safra da Seca foi a mais restritiva ($1521 \pm 563 \text{ kg ha}^{-1}$). A análise GGE *Biplot* permitiu identificar genótipos de alto rendimento e definir os mega-ambientes específicos por safra. Genótipos como BRS FP403 e BRS Esteio destacaram-se em ambientes favoráveis, enquanto materiais como CNFP 15359 apresentaram maior estabilidade em condições adversas. A estratificação ambiental revelou ainda que a distância geográfica influencia significativamente a resposta genotípica nas safras de Inverno e Seca. Os resultados reforçam o valor da modelagem estatística para orientar a recomendação local de cultivares e fortalecer as estratégias de melhoramento genético do feijão-comum frente à heterogeneidade ambiental.

Palavras-chave: *Phaseolus vulgaris* L., interação $G \times A$, imputação de dados, modelos lineares mistos.

ABSTRACT

GENOTYPIC INTERACTION IN A NATIONWIDE COMMON BEAN TRIAL NETWORK IN BRAZIL ACROSS THE THREE AGRICULTURAL SEASONS

Given the inherent complexity of genotype \times environment ($G \times E$) interactions and the increasing impact of climate change on agriculture, this study aimed to investigate how different common bean genotypes respond to environmental variations involving locations, seasons, and years, assessing the contribution of fixed and random effects in performance prediction, including in untested locations and conditions. Data from 424 multi-environment trials (METs) conducted by Embrapa between 2011 and 2018 were used, involving 87 genotypes across three growing seasons (rainy, dry, and winter) in 71 locations. Linear mixed models were fitted using the REML/BLUP method to estimate genetic and environmental effects. Additionally, multivariate analyses such as GGE Biplot were employed for decomposition and visualization of $G \times E$, along with principal component analysis (PCA) imputation for handling missing data. Statistical modeling enabled the selection of the most efficient model, with an average experimental coefficient of variation of approximately 19%. Stability and adaptability indices were applied, including Lin & Binns, Annicchiarico, Finlay & Wilkinson, PRVG, and MHPRVG, and were integrated into a composite score for genotype ranking. Reaction norms based on BLUPs indicated that the dry season was the most limiting (1521 ± 563 kg/ha). The GGE Biplot analysis enabled the identification of high-yielding genotypes and the definition of season-specific mega-environments. Genotypes such as BRS FP403 and BRS Esteio performed well in favorable environments, while materials like CNFP 15359 showed greater stability under adverse conditions. Environmental stratification also revealed that geographic distance significantly influences genotypic responses during the winter and dry seasons. The results underscore the value of statistical modeling in guiding local cultivar recommendations and strengthening common bean breeding strategies in the face of environmental heterogeneity.

Keywords: *Phaseolus vulgaris* L., $G \times E$ interaction, data imputation, linear mixed models.

4.1 INTRODUÇÃO

A interação de genótipos por ambientes ($G \times A$) é talvez o principal desafio na seleção e recomendação de cultivares, pois, as variações ambientais afetam fortemente o desempenho dos genótipos, influenciando a expressão fenotípica e alterando a classificação dos genótipos ao longo dos anos, das safras e dos locais, dificultando a identificação de indivíduos com desempenho estável em múltiplos ambientes (Firew et al., 2019; Monteverde et al., 2019). O que torna fundamental compreender essa dinâmica para embasar estratégias eficientes no melhoramento genético, principalmente em culturas agrícolas (Sakai et al., 2023), uma vez que algumas espécies, como o feijão-comum, podem apresentar até três safras anuais. Segundo a Companhia Nacional de Abastecimento (CONAB, 2022), as janelas de plantio para a cultura ocorrem de setembro a dezembro (safra das Águas), de janeiro a março (safra da Seca) e de maio a julho (safra de Inverno). Esta última, dependente de irrigação, evidencia perfis distintos de disponibilidade hídrica, precipitação e temperatura em cada safra, reforçando a necessidade de incorporar o manejo (M) na interação $G \times A \times M$, o que permite investigar melhor as especificidades e tornar mais eficientes os modelos preditivos.

Em espécies autógamas, como o feijão-comum, a heterogeneidade da variância genotípica entre progênies deve ser considerada para otimizar a seleção e manter a diversidade genética, garantindo avanços contínuos no melhoramento (Salvador et al., 2021). As mudanças climáticas impõem desafios adicionais que afetam diretamente a produção agrícola. Na América do Sul, estima-se uma redução na aptidão climática, tendo o calor e a Seca como principais fatores limitantes. Para mitigar esses impactos, a caracterização em larga escala das condições ambientais pode ser uma estratégia eficaz, pois facilita a escolha de cultivares adaptadas aos novos cenários climáticos (Heinemann et al., 2017). Sendo assim, diversos métodos estatísticos podem ser empregados para avaliar a influência da $G \times A$ em características agronômicas, sendo empregados para analisar a estrutura hierárquica das populações, a variabilidade entre progênies e os efeitos das condições ambientais sobre a expressão fenotípica (Salvador et al., 2021; Sakai et al., 2023).

Os modelos estatísticos que incorporam a interação $G \times A$ aumentam significativamente a eficiência na recomendação de variedades agrícolas (Eeuwijk et al.,

2016), uma vez que permitem captar a resposta diferencial dos genótipos frente à variação ambiental. Dentre esses, destacam-se os modelos lineares mistos, baseados no método da Máxima Verossimilhança Restrita (REML, do inglês *Restricted Maximum Likelihood*) e na Melhor Previsão Linear Não Viesada (BLUP, do inglês *Best Linear Unbiased Predictions*), os quais possibilitam estimar com maior precisão os valores genotípicos das cultivares. Esses modelos são especialmente vantajosos por sua capacidade de lidar com dados desbalanceados e estruturas hierárquicas, frequentemente observadas em ensaios agrícolas, além de separar de forma mais acurada os efeitos genéticos dos efeitos ambientais. Quando aplicados em programas de melhoramento, favorecem a identificação de genótipos superiores e estáveis, maximizando tanto o ganho genético esperado quanto a eficiência da seleção em diferentes ambientes.

Ademais, o estudo da interação $G \times A$ continua sendo um desafio, exigindo cuidados na recomendação de genótipos superiores para áreas específicas. Métodos que combinam análise de variância com decomposição de valores singulares multivariados, são amplamente utilizados para descrever a $G \times A$ em programas de melhoramento (Carvalho et al., 2017; Monteverde et al., 2019). Com isso, a partir de dados de ensaios multiambientais (METs), respeitando a estrutura produtiva nacional e contemplando as três safras anuais de feijão-comum no Brasil, este trabalho avalia os efeitos de genótipo, local, ano e safra sobre a produtividade do feijão, utilizando modelos mistos para analisar os impactos decorrentes de múltiplos efeitos fixos e aleatórios. Além disso, a análise de estabilidade e adaptabilidade das cultivares foi baseada em um ranqueamento a partir dos índices PRVG, MHPRVG, Lin & Binns, Wi e FW, considerando-se as particularidades de cada método.

4.2 MATERIAL E MÉTODOS

4.2.1 Experimentos e dados fenotípicos

Os dados foram obtidos a partir de ensaios multiambientais (*Multi-Environment Trials* – METs), provenientes dos testes de Valor de Cultivo e Uso (VCU), conduzidos pela Embrapa Arroz e Feijão entre os anos de 2011 e 2018, que avaliaram diferentes genótipos de feijão-comum sob variadas condições ambientais e sistemas de cultivo em diversas regiões do Brasil. Ao todo, foram analisados 424 experimentos, sendo 241 ensaios com cultivares do tipo carioca e 183 do tipo preto. Essas avaliações incluíram 87 genótipos

distintos, sendo 52 do tipo carioca e 35 do tipo preto, testados em 71 localidades ao longo das três safras de cultivo no país: Safra das Águas (Primeira Safra), Safra da Seca (Segunda Safra) e Safra de Inverno (Terceira Safra) (Figura 4.1).

Os ensaios seguiram delineamento em blocos casualizados (DBC) e o desempenho agrônômico e a qualidade das cultivares foram avaliados com base no Valor de Cultivo e Uso (VCU), conforme as diretrizes para recomendação de novas variedades. As coordenadas geográficas (longitude e latitude) foram concatenadas para criar identificadores únicos de local (LOC). Adicionalmente, foram geradas variáveis para caracterizar os experimentos (EXP), os blocos dentro de cada experimento (BLC) e as combinações entre local, ano e safra.

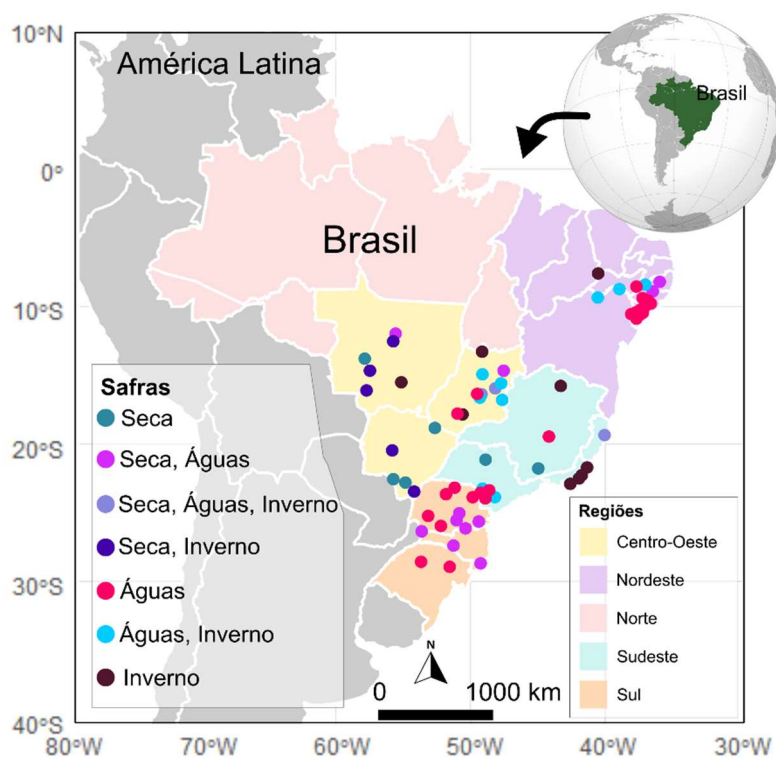


Figura 4.1. Distribuição espacial dos ensaios Multiambientais (METs) de feijão conduzidos pela Embrapa entre 2011 e 2018. Os pontos representam combinações de safras testadas em cada local, utilizadas para a definição da População-Alvo de Ambientes (TPE).

Os dados foram submetidos a um processo de filtragem para remoção de valores discrepantes, onde foram mantidas apenas as observações com produtividade entre 500 e 5500 kg ha⁻¹. Dentre os genótipos analisados, as cultivares BRS Estilo, Pérola, BRS Esteio e BRS FP403 foram destacadas como referência, em decorrência da sua ampla adoção no

mercado, alto potencial produtivo e qualidade comercial dos grãos. Embora não tenham sido utilizadas como testemunhas experimentais, a rigor, estas cultivares serviram como grupos de referência para comparação com as demais.

4.2.2 Modelagem estatística

Para ajustar os efeitos dos fatores experimentais e estimar os componentes de variância correspondentes, utilizou-se modelos lineares mistos, ajustados com a função *lmer()* do pacote *lme4* no *software* R (R Core Team, 2024).

O modelo completo (*mod0*) incluiu todas as fontes de variação disponíveis, servindo como ponto de partida para ajustes subsequentes. Considerou-se a variância genética entre genótipos (GEN), os efeitos ambientais associados a localidades (LOC) e anos (ANO), bem como as interações entre esses fatores. Além disso, incorporou-se os efeitos experimentais (EXP), os blocos dentro de cada experimento (BLC) e o efeito de safra. A formulação geral do modelo *mod0* foi a seguinte:

$$\begin{aligned}
 y = & \text{SAFRA} + (1 | \text{GEN}) + (1 | \text{LOC}) + (1 | \text{ANO}) + \\
 & (1 | \text{LOC:ANO}) + (1 | \text{SAFRA:LOC}) + (1 | \text{EXP}) + (1 | \text{BLC}) + \\
 & (1 | \text{GEN:LOC}) + (1 | \text{GEN:ANO}) + (1 | \text{GEN:SAFRA}) + \\
 & (1 | \text{GEN:LOC:ANO}) + (1 | \text{GEN:LOC:SAFRA}) + (1 | \text{GEN:ANO:SAFRA}) + \\
 & (1 | \text{GEN:LOC:ANO:SAFRA})
 \end{aligned}$$

Em que cada termo aleatório foi modelado com $N(0, \sigma^2)$, representando a variabilidade associada a cada fonte de variação. Na forma clássica, o modelo misto pode ser representado por:

$$\begin{aligned}
 y = X\beta + Z_1g + Z_2u_1 + Z_3u_2 + Z_4u_3 + Z_5u_4 + Z_6u_5 + Z_7u_6 + Z_8g_1 + Z_9g_2 \\
 + Z_{10}g_3 + Z_{11}g_4 + Z_{12}g_5 + Z_{13}g_6 + Z_{14}g_7 + e
 \end{aligned}$$

Em que:

$X\beta$: vetor de efeitos fixos, incluindo SAFRA;

Z_1g : efeito aleatório de GEN, ou seja, o desvio genético de cada genótipo
($g \sim N(0, \sigma_g^2)$);

Z_2u_1 : efeito aleatório de LOC ($u_1 \sim N(0, \sigma_{loc}^2)$);

Z_3u_2 : efeito aleatório de ANO ($u_2 \sim N(0, \sigma_{ano}^2)$);

Z_4u_3 : efeito aleatório da interação LOC:ANO ($u_3 \sim N(0, \sigma_{loc:ano}^2)$);

Z_5u_4 : efeito aleatório da interação SAFRA:LOC ($u_4 \sim N(0, \sigma_{safra:loc}^2)$);

Z_6u_5 : efeito aleatório de EXP ($u_5 \sim N(0, \sigma_{exp}^2)$);

Z_7u_6 : efeito aleatório de BLC ($u_6 \sim N(0, \sigma_{blc}^2)$);

Z_8g_1 : efeito aleatório da interação GEN:LOC ($g_1 \sim N(0, \sigma_{gen:loc}^2)$);

Z_9g_2 : efeito aleatório da interação GEN:ANO ($g_2 \sim N(0, \sigma_{gen:ano}^2)$);

$Z_{10}g_3$: efeito aleatório da interação GEN:SAFRA ($g_3 \sim N(0, \sigma_{gen:safra}^2)$);

$Z_{11}g_4$: efeito aleatório da interação GEN:LOC:ANO

$g_4 \sim N(0, \sigma_{gen:loc:ano}^2)$);

$Z_{12}g_5$: efeito aleatório da interação GEN:LOC:SAFRA

$g_5 \sim N(0, \sigma_{gen:loc:safra}^2)$);

$Z_{13}g_6$: efeito aleatório da interação GEN:ANO:SAFRA

$g_6 \sim N(0, \sigma_{gen:ano:safra}^2)$);

$Z_{14}g_7$: efeito aleatório da interação GEN:LOC:ANO:SAFRA

$g_7 \sim N(0, \sigma_{gen:loc:ano:safra}^2)$);

e : erro residual $\sim N(0, \sigma_e^2)$;

Para avaliar a significância de diferentes componentes e a contribuição dos fatores e interações, foram ajustados modelos reduzidos (*mod1* a *mod5*) a partir do *mod0*, cada um com diferentes combinações de efeitos fixos e aleatórios (Tabela 4.1).

Tabela 4.1. Estrutura dos modelos ajustados (*mod0* a *mod5*) e as fontes de variação fixas e aleatórias mantidas e/ou removidas em cada versão.

| Modelo | Estrutura do modelo |
|-------------|--|
| <i>mod0</i> | $y = \text{SAFRA} + (1 \text{GEN}) + (1 \text{LOC}) + (1 \text{ANO}) +$ $(1 \text{LOC}:\text{ANO}) + (1 \text{SAFRA}:\text{LOC}) + (1 \text{EXP}) + (1 \text{BLC}) +$ $(1 \text{GEN}:\text{LOC}) + (1 \text{GEN}:\text{ANO}) + (1 \text{GEN}:\text{SAFRA}) +$ $(1 \text{GEN}:\text{LOC}:\text{ANO}) + (1 \text{GEN}:\text{LOC}:\text{SAFRA}) + (1 \text{GEN}:\text{ANO}:\text{SAFRA}) +$ $(1 \text{GEN}:\text{LOC}:\text{ANO}:\text{SAFRA})$ |
| <i>mod1</i> | $y = \text{SAFRA} + (1 \text{GEN}) + (1 \text{LOC}) + (1 \text{ANO}) + (1 \text{BLC}) +$ $(1 \text{GEN}:\text{LOC}) + (1 \text{GEN}:\text{ANO}) + (1 \text{GEN}:\text{SAFRA}) +$ $(1 \text{GEN}:\text{LOC}:\text{ANO}) + (1 \text{GEN}:\text{LOC}:\text{SAFRA}) + (1 \text{GEN}:\text{ANO}:\text{SAFRA}) +$ $(1 \text{GEN}:\text{LOC}:\text{ANO}:\text{SAFRA})$ |
| <i>mod2</i> | $y = \text{SAFRA} + (1 \text{GEN}) + (1 \text{LOC}) + (1 \text{ANO}) + (1 \text{BLC}) +$ $(1 \text{GEN}:\text{LOC}) + (1 \text{GEN}:\text{ANO}) + (1 \text{GEN}:\text{SAFRA}) +$ $(1 \text{GEN}:\text{LOC}:\text{ANO}) + (1 \text{GEN}:\text{LOC}:\text{SAFRA}) + (1 \text{GEN}:\text{ANO}:\text{SAFRA})$ |
| <i>mod3</i> | $y = \text{SAFRA} + (1 \text{GEN}) + (1 \text{LOC}) + (1 \text{ANO}) + (1 \text{BLC}) +$ $(1 \text{SAFRA}:\text{LOC}) + (1 \text{SAFRA}:\text{GEN}) +$ $(1 \text{SAFRA}:\text{GEN}:\text{LOC}) + (1 \text{SAFRA}:\text{GEN}:\text{ANO}) +$ $(1 \text{GEN}:\text{LOC}) + (1 \text{GEN}:\text{ANO}) + (1 \text{GEN}:\text{LOC}:\text{ANO}) +$ $(1 \text{SAFRA}:\text{GEN}:\text{LOC}:\text{ANO})$ |
| <i>mod4</i> | $y = \text{SAFRA} + (1 \text{GEN}) + (1 \text{LOC}) + (1 \text{ANO}) + (1 \text{BLC}) +$ $(1 \text{GEN}:\text{LOC}) + (1 \text{GEN}:\text{ANO}) + (1 \text{GEN}:\text{SAFRA}) +$ $(1 \text{GEN}:\text{LOC}:\text{ANO}:\text{SAFRA})$ |
| <i>mod5</i> | $y = \text{SAFRA} + (1 \text{GEN}) + (1 \text{LOC}) + (1 \text{ANO}) + (1 \text{BLC}) +$ $(1 \text{GEN}:\text{LOC}) + (1 \text{GEN}:\text{ANO}) + (1 \text{GEN}:\text{SAFRA})$ |

A seleção do modelo estatístico mais adequado foi realizada com base na comparação entre os modelos testados. Para isso, utilizou-se o método de Máxima Verossimilhança Restrita (REML), presente no pacote *lme4* (Bates et al., 2015) que garante maior precisão na estimação dos componentes de variância, especialmente para os efeitos aleatórios. A comparação entre os modelos considerou os critérios de Akaike (AIC) (Akaike,

1974) e log-verossimilhança (LogLik) (Hamilton, 1994), além da verificação de convergência, singularidade e análise dos componentes de variância. Foram estimadas a variância residual e a variância genética, cujas proporções em relação à variância total também foram calculadas. Para avaliar a precisão experimental, foi determinado o coeficiente de variação experimental (CVE). Com base nesses critérios, os resultados foram comparados e o modelo que melhor equilibrou qualidade de ajuste e parcimônia foi selecionado.

4.2.3 Estimação dos efeitos e predição de valores genotípicos

Após a seleção do modelo mais adequado com base nos critérios de informação e diagnóstico de ajuste, procedeu-se a reconstrução dos fenótipos preditos (valores ajustados) a partir da combinação dos efeitos fixos e aleatórios estimados pelo modelo.

Os efeitos fixos associados às safras foram obtidos diretamente dos coeficientes estimados pelo modelo. Para os efeitos aleatórios, extraiu-se os componentes correspondentes às interações entre genótipo, local e safra, conforme a seguinte estrutura: GEN:LOC:SAFRA, SAFRA:LOC, GEN:LOC, GEN:SAFRA, GEN e LOC. Esses componentes foram somados para cada combinação única de genótipo, local e safra, resultando nos valores fenotípicos ajustados, os BLUPs (*Best Linear Unbiased Predictors*).

Os BLUPs foram empregados para reconstruir os fenótipos preditos, sendo organizados de forma a garantir a correta associação entre genótipos e ambientes avaliados. A combinação dos componentes individuais permitiu o cálculo do BLUP final, o qual reflete a influência ajustada de cada fator na predição fenotípica e viabiliza uma análise detalhada da interação genótipos \times ambientes \times safras ($G \times A \times M$, sendo safra a unidade de manejo “M”).

Em seguida, foi criada uma *data frame* contendo todas as combinações únicas de genótipo, local e safra presentes no experimento. Para cada combinação, os respectivos BLUPs e efeitos fixos foram atribuídos mediante pareamento, permitindo compor uma estimativa final do valor fenotípico ajustado (BLUP + efeitos fixos) para cada unidade observacional. Esse valor foi calculado como a soma dos componentes disponíveis para cada instância, possibilitando a reconstrução dos fenótipos esperados mesmo na presença de dados ausentes em determinadas interações.

Posteriormente, os valores preditos foram normalizados para a escala original da variável fenotípica garantindo maior acessibilidade aos resultados. As estimativas reconstruídas foram utilizadas para gerar gráficos contendo normas de reação, representando o comportamento genotípico ao longo dos ambientes (locais e anos), com cada linha correspondente a um genótipo e as facetas organizadas por safra.

4.2.4 Imputação de dados faltantes e construção da matriz $G \times A$

Os experimentos foram conduzidos em três safras distintas (Águas, Inverno e Seca), com análises realizadas separadamente para cada uma. Devido à natureza desbalanceada dos dados, a matriz genótipos \times ambientes ($G \times A$), isto é, que é uma matriz com índices de genótipos (materiais genéticos) nas linhas e os ambientes nas colunas, apresentam muitos valores ausentes. Para evitar viés na interpretação da interação $G \times A$ e possibilitar análises comparativas adequadas, empregou-se a imputação de dados ausentes utilizando a Análise de Componentes Principais (PCA *imputation*), implementada pela função *imputePCA* do pacote *missMDA* no *software* R.

Para determinar o número ideal de componentes principais a serem retidos no processo de imputação (*npc*), adotou-se um critério empírico baseado na correlação entre a matriz de covariância dos dados originais (com valores ausentes) e a matriz de covariância da versão imputada. Diferentes valores de *npc* foram testados (de 1 a 20), e aquele que apresentou maior correlação preditiva foi selecionado para a imputação final.

Além disso, a eficiência do processo foi avaliada por meio de um procedimento de validação cruzada com 10 *folds* (*k-fold* = 10), no qual um subconjunto dos dados observados foi removido intencionalmente e posteriormente imputado, possibilitando a comparação entre os valores estimados e os reais. A avaliação foi baseada no Erro Médio Quadrático (RMSE), Erro Absoluto Médio (MAE) e Correlação Preditiva (*r*) (Tabela 4.2). Somente após validar a qualidade da imputação a matriz $G \times A$ foi preenchida com os valores estimados, garantindo que todos os genótipos estivessem representados em todos os locais e possibilitando a aplicação posterior das métricas de estabilidade e adaptabilidade.

Tabela 4.2. Resultados da validação cruzada ($k\text{-fold} = 10$) para imputação de valores ausentes por Análise de Componentes Principais (PCA) em três safras produtivas de feijão-comum no Brasil (Águas, Inverno e Seca). Em cada safra, o número de componentes principais (ncp) foi selecionado empiricamente com base na correlação preditiva entre a matriz de covariância original (com dados faltantes) e a matriz de covariância imputada.

| <i>Fold</i> | Safra “Águas”, ncp=6 | | | Safra “Inverno”, ncp=5 | | | Safra “Seca”, ncp=10 | | |
|-------------|----------------------|------------|----------------|------------------------|------------|----------------|----------------------|------------|----------------|
| | rmse | mae | Cor_val | rmse | mae | Cor_val | rmse | mae | Cor_val |
| 1 | 81,83 | 55,59 | 0,73 | 96,47 | 70,94 | 0,68 | 76,41 | 54,81 | 0,73 |
| 2 | 85,10 | 59,28 | 0,74 | 104,00 | 73,56 | 0,68 | 88,87 | 64,26 | 0,69 |
| 3 | 70,80 | 50,04 | 0,88 | 76,00 | 60,88 | 0,77 | 108,44 | 74,56 | 0,51 |
| 4 | 79,40 | 54,88 | 0,79 | 99,20 | 66,38 | 0,67 | 92,06 | 69,81 | 0,56 |
| 5 | 72,93 | 51,61 | 0,81 | 100,18 | 70,07 | 0,68 | 90,76 | 64,02 | 0,59 |
| 6 | 72,14 | 55,28 | 0,82 | 88,07 | 66,27 | 0,75 | 88,97 | 69,23 | 0,63 |
| 7 | 75,86 | 55,62 | 0,81 | 88,04 | 64,26 | 0,70 | 89,62 | 58,51 | 0,58 |
| 8 | 68,31 | 53,19 | 0,87 | 97,43 | 67,05 | 0,64 | 105,53 | 64,31 | 0,45 |
| 9 | 71,99 | 52,53 | 0,80 | 104,57 | 74,17 | 0,60 | 70,70 | 55,04 | 0,72 |
| 10 | 68,04 | 47,85 | 0,84 | 96,41 | 71,92 | 0,67 | 88,10 | 67,22 | 0,73 |
| | | | 0,81 | | | 0,68 | | | 0,62 |

* **RMSE**: erro quadrático médio da raiz; **MAE**: erro absoluto médio; **Cor_val**: correlação entre valores imputados e observados.

O desbalanceamento amostral entre locais foi representado por meio de matrizes do tipo *heatmap*, geradas separadamente para cada safra. Nessas matrizes, cada célula indica o número de genótipos compartilhados entre dois locais distintos, permitindo visualizar a sobreposição de materiais genéticos testados em pares de ambientes. As diagonais representam o total de genótipos avaliados por local, enquanto os elementos fora da diagonal evidenciam a conectividade genotípica entre locais geográficos distintos.

4.2.5 Estratificação de ambientes e análise GGE *biplot*

Utilizou-se o método GGE *Biplot* (Yan et al., 2000; Yan et al., 2022) para a representação gráfica da interação entre genótipos e ambientes ($G \times A$). Essa abordagem baseia-se na análise de componentes principais (PCA), aplicada aos efeitos principais dos genótipos e da interação $G \times A$, permitindo uma visualização mais intuitiva e informativa dos dados. O método possibilita identificar os genótipos com melhor desempenho em cada ambiente, verificar a presença de genótipos vencedores por ambiente (padrão “*which-won-where pattern*”) e avaliar a capacidade discriminatória e a representatividade dos ambientes testados.

O padrão “*which-won-where pattern*” corresponde à identificação gráfica dos genótipos com melhor desempenho relativo em diferentes grupos de ambientes. Isso é feito por meio da formação de setores no gráfico, delimitados por linhas que partem do centro do *Biplot*. Assim, o gráfico é dividido em setores, e cada setor engloba um grupo de ambientes que compartilham uma mesma tendência de resposta. O genótipo no vértice de cada setor é considerado o mais adaptado àquele conjunto de ambientes. Assim, essa visualização permite responder graficamente à pergunta “qual genótipo venceu em qual ambiente?”, facilitando a tomada de decisão no processo de seleção.

O GGE *Biplot* foi construído com base no ajuste do modelo `gge()`, no *software* R. As informações extraídas a partir da interpretação gráfica possibilitaram a identificação de genótipos mais responsivos, ambientes mais seletivos, e a formação de agrupamentos ambientais, o que contribuiu para a compreensão da estabilidade e da adaptabilidade dos materiais testados frente às diferentes condições edafoclimáticas.

A análise da interação $G \times A$ foi complementada pela identificação de mega-ambientes, agrupando locais com respostas genotípicas similares. Para tanto, aplicou-se a estratificação ambiental utilizando a função `env_stratification` do pacote `metan` (Olivoto et

al., 2020). A partir desses procedimentos, foram estabelecidos agrupamentos ambientais que subsidiaram análises subsequentes relacionadas à estabilidade e adaptabilidade dos genótipos frente às diferentes condições edafoclimáticas avaliadas.

Para avaliar a composição dos mega-ambientes for realizado uma análise de correlações de BLUPs entre os locais, com base no modelo misto mais adequado (*mod0*), selecionado entre os seis modelos avaliados (*mod0 a mod5*). Inicialmente, foi construída uma matriz genotípica por local, considerando a interseção de genótipos avaliados em comum. Em seguida foram calculadas as correlações de *ranking* genético entre os pares de locais por meio do coeficiente de Spearman, sendo as combinações geradas com base nos nomes das colunas correspondentes aos ambientes. Essas correlações foram então relacionadas às respectivas distâncias geográficas entre os locais, e os resultados foram representados graficamente. Para melhor visualização da tendência entre distância e similaridade genotípica, foram ajustados modelos de regressão linear e curvas suavizadas utilizando o método LOESS (*Locally Estimated Scatterplot Smoothing*), estando em consonância com o trabalho realizado por Bahia et al. (2025).

4.2.6 Índices de estabilidade e adaptabilidade

Para avaliar a estabilidade e adaptabilidade dos genótipos foram calculadas diferentes métricas com base no desempenho ajustado dos genótipos nos ambientes testados. Esses índices foram obtidos a partir dos valores imputados e organizados em uma matriz de genótipos por locais.

Inicialmente, utilizou-se a Produtividade Média (*Mean_Yield*), representando a média da produtividade ajustada para cada genótipo avaliado nos diferentes ambientes. Posteriormente, aplicou-se o Índice de Lin & Binns (Lin & Binns, 1988), que avalia a estabilidade relativa dos genótipos penalizando os desvios em relação ao maior rendimento observado em cada ambiente. Genótipos com menores valores desse índice são considerados mais estáveis.

A confiança no desempenho dos genótipos, considerando simultaneamente a média e a variabilidade relativa entre ambientes, foi avaliada pelo Índice de Annicchiarico (W_i) (Annicchiarico, 1992). Além disso, empregou-se o coeficiente de Finlay & Wilkinson (FW) (Finlay & Wilkinson, 1963) para examinar a responsividade dos genótipos às variações ambientais. Nesse coeficiente, valores próximos a 1 indicam desempenho proporcional às

condições ambientais, valores superiores indicam maior sensibilidade a ambientes favoráveis, enquanto valores inferiores indicam maior estabilidade sob condições adversas.

Finalmente, foram calculadas métricas adicionais relacionadas à performance relativa dos genótipos em relação à média dos ambientes testados, incluindo a Performance Relativa dos Valores Genotípicos (PRVG), que permite comparações relativas entre genótipos, e a Média Harmônica da Performance Relativa dos Valores Genotípicos (MHPRVG), obtida pela média harmônica das PRVGs individuais de cada genótipo em todos os ambientes, representando uma medida integrada da estabilidade e adaptabilidade global dos materiais avaliados.

4.2.7 Critério multicritério e classificação dos genótipos

Após a obtenção dos índices de produtividade, estabilidade e adaptabilidade, foi calculado um índice composto para a classificação final dos genótipos, considerando separadamente os tipos de feijão preto e carioca. Para isso, os valores obtidos foram normalizados em uma escala comum variando de 0 a 1, utilizando a seguinte transformação:

$$X' = \frac{X - X_{min}}{X_{máx} - X_{min}}$$

Em que: X' representa o valor normalizado, e X_{min} e $X_{máx}$ correspondem aos valores mínimo e máximo do índice considerado. O índice final foi calculado pela soma ponderada dos seguintes critérios:

$$Score = Mean_{yield} + (1 - LinBinns) + Wi + PRVG + MHPRVG$$

Em que:

Produtividade Média ($Mean_{yield}$): contribuiu diretamente para a classificação;
Índice de Lin & Binns ($LinBinns$) penalizou desvios elevados em relação ao melhor desempenho;

Índice de Annicchiarico Wi favoreceu genótipos com maior estabilidade relativa.

Índice PRVG e MHPRVG são índices adicionais que contribuem para a avaliação do desempenho e adaptabilidade dos genótipos.

O desvio padrão da produtividade (*SD_Yield*) não foi incluído diretamente na pontuação composta devido à redundância interpretativa com os demais índices de estabilidade utilizados.

Após o cálculo da pontuação composta, os genótipos foram classificados em ordem decrescente. Os cinco genótipos melhor classificados foram selecionados, excluindo-se inicialmente os genótipos de referência predefinidos, sendo "BRS ESTILO", "PÉROLA" para o tipo carioca, e "BRS ESTEIO" e "BRS FP403" para o tipo preto. Esses genótipos de referência foram posteriormente reintegrados à lista final para permitir comparações diretas com os demais materiais avaliados. Todas as análises foram realizadas utilizando o *software* R.

4.3 RESULTADOS

A visualização da Figura 4.1 indica que a safra das Águas predomina nas regiões Sul e Nordeste, enquanto a safra da Seca é frequente no Centro-Oeste, Sudeste e Sul. Por sua vez, a safra de Inverno ocorre principalmente no Centro-Oeste e Sudeste, regiões que também apresentam condições edafoclimáticas e infraestrutura adequadas para o cultivo do feijão-comum em até três safras anuais, refletindo uma maior flexibilidade nos sistemas de produção.

Considerando a disposição espacial dos experimentos, foi realizada uma análise descritiva da produtividade dos genótipos de feijão, agrupando-os por local conforme as combinações de rotações de safra, com o objetivo de verificar como diferentes safras e regiões influenciam o desempenho produtivo das cultivares. Os resultados, apresentados na Tabela 4.3, indicam que os locais que realizaram apenas uma safra anual, seja nas Águas, na Seca ou no Inverno, exibiram padrões distintos de rendimento. A safra das Águas, quando avaliada isoladamente, apresentou uma produtividade média de $2.236 \pm 952 \text{ kg ha}^{-1}$. Os locais que cultivaram apenas na Seca registraram os menores rendimentos médios ($1.375 \pm 630 \text{ kg ha}^{-1}$) e o menor teto produtivo observado (3.974 kg ha^{-1}). E a safra de Inverno, considerada isoladamente, mostrou uma produtividade intermediária de $1.759 \pm 782 \text{ kg ha}^{-1}$, com um valor máximo de 5.085 kg ha^{-1} .

Tabela 4.3. Estatísticas descritivas da produtividade (kg ha⁻¹) dos genótipos de feijão-comum, considerando as três safras anuais (Águas, Seca e Inverno), de forma isolada e agrupada conforme a configuração de safras nos locais experimentais, com base nos dados obtidos em ensaios multiambientais entre 2011 e 2018, incluindo a análise das safras por região.

| Safras | Número de Locais | Número de Experimentos | Número de Genótipos | Anos Avaliados | Regiões Predominantes | Produtividade Média (kg ha ⁻¹) ± DP | Produtividade Mínima (kg ha ⁻¹) | Produtividade Máxima (kg ha ⁻¹) | |
|--|----------------------|------------------------|---------------------|----------------|-----------------------|---|---|---|------|
| Por local (combinações de rotações de safras) | Águas | 26 | 86 | 85 | 2011 - 2017 | Centro-Oeste, Nordeste, Sudeste, Sul | 2236 ± 952 | 500 | 5483 |
| | Águas, Inverno | 9 | 73 | 85 | 2011 - 2017 | Centro-Oeste, Nordeste, Sudeste | 2150 ± 1043 | 500 | 5462 |
| | Águas, Inverno, Seca | 3 | 78 | 87 | 2011 - 2017 | Centro-Oeste, Sudeste | 2080 ± 944 | 501 | 5485 |
| | Águas, Seca | 12 | 102 | 81 | 2011 - 2018 | Centro-Oeste, Nordeste, Sul | 2450 ± 1122 | 501 | 5485 |
| | Inverno | 9 | 34 | 54 | 2013 - 2017 | Centro-Oeste, Sudeste | 1759 ± 782 | 500 | 5085 |
| | Inverno, Seca | 5 | 32 | 61 | 2011 - 2017 | Centro-Oeste | 1807 ± 834 | 500 | 4480 |
| | Seca | 7 | 18 | 71 | 2011 - 2018 | Centro-Oeste, Nordeste, Sudeste, Sul | 1375 ± 630 | 502 | 3974 |
| Por tipo de safra | Águas | 50 | 226 | 85 | 2011 - 2018 | Centro-Oeste, Nordeste, Sudeste, Sul | 2325 ± 870 | 500 | 5485 |
| | Inverno | 25 | 127 | 87 | 2011 - 2017 | Centro-Oeste, Nordeste, Sudeste | 2138 ± 751 | 501 | 5484 |
| | Seca | 27 | 70 | 85 | 2011 - 2018 | Centro-Oeste, Nordeste, Sudeste, Sul | 1521 ± 563 | 501 | 5405 |

(continuação)

| | Safras | Número de Locais | Número de Experimentos | Número de Genótipos | Anos Avaliados | Produtividade Média (kg ha ⁻¹) ± DP | Produtividade Mínima (kg ha ⁻¹) | Produtividade Máxima (kg ha ⁻¹) |
|---------------------|---------|------------------|------------------------|---------------------|----------------|---|---|---|
| Centro-Oeste | Águas | 10 | 30 | 85 | 2011 - 2017 | 1924 ± 933 | 500 | 5200 |
| | Inverno | 15 | 48 | 87 | 2011 - 2018 | 2306 ± 955 | 501 | 5484 |
| | Seca | 13 | 28 | 77 | 2011 - 2018 | 1308 ± 649 | 501 | 4252 |
| Nordeste | Águas | 18 | 43 | 81 | 2011 - 2017 | 2250 ± 855 | 500 | 4807 |
| | Inverno | 3 | 7 | 63 | 2011 - 2016 | 1578 ± 675 | 525 | 3770 |
| | Seca | 3 | 3 | 19 | 2011 - 2012 | 1632 ± 297 | 980 | 2308 |
| Sudeste | Águas | 7 | 12 | 61 | 2011 - 2017 | 2378 ± 1161 | 505 | 5482 |
| | Inverno | 8 | 21 | 54 | 2011 - 2016 | 1705 ± 771 | 510 | 5084 |
| | Seca | 2 | 2 | 20 | 2011 - 2012 | 2029 ± 648 | 666 | 3418 |
| Sul | Águas | 15 | 44 | 81 | 2011 - 2017 | 2744 ± 1098 | 512 | 5485 |
| | Seca | 9 | 16 | 79 | 2011 - 2012 | 1769 ± 813 | 501 | 5405 |

Quando são realizadas mais de uma época por local, é possível identificar padrões distintos de resposta. Por exemplo, a combinação entre as safras das Águas e da Seca apresentou a maior produtividade média entre todas, com $2.450 \pm 1.122 \text{ kg ha}^{-1}$, apresentando valores superiores aos observados nas safras únicas. Em contrapartida, a inclusão das três safras no mesmo local resultou em uma leve redução dessa média, para $2.080 \pm 944 \text{ kg ha}^{-1}$, possivelmente devido ao acúmulo de estresses ambientais ou à exaustão dos recursos produtivos ao longo do ciclo anual. As combinações entre Águas e Inverno ($2.150 \pm 1.043 \text{ kg ha}^{-1}$), bem como entre Inverno e Seca ($1.807 \pm 834 \text{ kg ha}^{-1}$), reforçam a tendência de que a presença da safra das Águas eleva os rendimentos médios, enquanto sua ausência está associada a valores mais baixos.

Igualmente, a produtividade dos genótipos foi avaliada isoladamente para cada safra, cujos resultados também estão apresentados na Tabela 4.3, que resume o desempenho médio nas safras das Águas, Seca e Inverno, independentemente das combinações de cultivo. Essa análise revelou diferenças expressivas entre as épocas de cultivo. A safra das Águas apresentou o maior rendimento médio ($2.325 \pm 870 \text{ kg ha}^{-1}$), além de concentrar o maior número de experimentos (226) e locais avaliados (50). Embora com média inferior, a safra de Inverno também apresentou produtividade elevada ($2.138 \pm 751 \text{ kg ha}^{-1}$), mas com o menor número de locais avaliados (25) e número de experimentos (127). Em contraste, a safra da Seca registrou o menor rendimento médio entre as três ($1.521 \pm 563 \text{ kg ha}^{-1}$), foram testadas em 25 locais e com o menor número de experimentos (70).

Ao comparar esses resultados com os dados de produtividade segundo a configuração das safras por local, observa-se que ambientes com apenas uma safra anual tendem a apresentar produtividades inferiores às médias gerais por safra. Por exemplo, nos locais onde a safra das Águas foi conduzida isoladamente, a produtividade média foi de $2.236 \pm 952 \text{ kg ha}^{-1}$, valor inferior ao observado na análise geral dessa safra. O mesmo padrão se repete na safra da Seca, cuja média foi de $1.375 \pm 630 \text{ kg ha}^{-1}$ nos locais com cultivo exclusivo, além de registrar o menor teto produtivo (3.974 kg ha^{-1}). A safra de Inverno também apresentou esse comportamento, enquanto sua média geral foi de $2.138 \pm 751 \text{ kg ha}^{-1}$, nos locais com cultivo restrito ao Inverno o valor médio foi de $1.759 \pm 782 \text{ kg ha}^{-1}$. Já nos locais em que o Inverno foi conduzido em combinação com a safra das Águas, os rendimentos foram superiores ($2.150 \pm 1.043 \text{ kg ha}^{-1}$).

Ainda, foi realizada a análise da produtividade do feijão-comum considerando as diferentes regiões brasileiras. Conforme apresentado na Tabela 4.3, a região Sul se

destacou como a mais produtiva, especialmente na safra das Águas, com média de $2.744 \pm 1.098 \text{ kg ha}^{-1}$ e a maior produtividade máxima observada (5.485 kg ha^{-1}). A região Centro-Oeste apresentou bom desempenho na safra de Inverno, com média de $2.306 \pm 955 \text{ kg ha}^{-1}$. Em contrapartida, a safra da Seca foi, de modo geral, a menos produtiva em todas as regiões, com destaque para o Centro-Oeste, que obteve a menor média (1.308 kg ha^{-1}). O Nordeste também apresentou baixa produtividade nessa safra (1.632 kg ha^{-1}), embora com menor variabilidade ($\pm 297 \text{ kg ha}^{-1}$). A região Sudeste, por sua vez, demonstrou alta variabilidade na safra das Águas, com desvio-padrão de $\pm 1.161 \text{ kg ha}^{-1}$, indicando instabilidade entre os ambientes avaliados.

De forma complementar, observa-se que alguns grupos de feijão e determinadas safras não foram contemplados em todas as regiões, além do comportamento produtivo variar entre as safras, conforme evidenciado no Apêndice A. No Centro-Oeste, por exemplo, a safra de maior produtividade foi a de Inverno (2.306 kg ha^{-1}). Já nas regiões Nordeste, Sul e Sudeste, a safra das Águas apresentou os maiores valores médios de produtividade, com 2.250 , 2.378 e 2.744 kg ha^{-1} , respectivamente. O Apêndice A também mostra que o tipo Preto não foi avaliado na safra da Seca para as regiões Nordeste e Sudeste, além da ausência de dados para ambos os tipos de feijão na região Sul.

Diante da variabilidade observada na produtividade em função da safra e das combinações de rotações por local, buscou-se quantificar o impacto dos diferentes fatores experimentais sobre a produtividade do feijão-comum por meio do ajuste de modelos lineares mistos (Tabela 4.4). Essa abordagem permitiu decompor a variância associada aos efeitos aleatórios, testar a significância dos efeitos fixos e comparar diferentes estruturas de modelagem (*mod0* a *mod5*), de forma a identificar a especificação estatística mais adequada para representar os dados observados.

O modelo completo (*mod0*), que incluiu 14 efeitos aleatórios, apresentou o melhor desempenho estatístico entre os modelos comparados. Essa performance foi evidenciada pelos menores valores de AIC (291188,3) e BIC (291329,8), bem como pelo maior valor de log-verossimilhança (-145576,1), indicando um ajuste superior com penalização mínima pela complexidade do modelo. Além disso, *mod0* convergiu corretamente e não apresentou singularidade, reforçando sua estabilidade numérica.

Tabela 4.4. Comparação entre diferentes modelos lineares mistos (*mod0 a mod5*) ajustados para análise da produtividade do feijão-comum. Os modelos diferem quanto à inclusão de efeitos aleatórios e são avaliados com base em critérios de ajuste, precisão e variabilidade genética, para identificar o mais adequado ao conjunto de dados.

| Modelo | Parâmetros Aleatórios | Número de Parâmetros Aleatórios | AIC | BIC | LogLik | C ¹ | S ² | CVe | Ve | σ ² |
|-------------|--|---------------------------------|----------|----------|----------|----------------|----------------|-----------|-----------|----------------|
| <i>mod0</i> | GEN, LOC, ANO, LOC:ANO, SAFRA:LOC, EXP, BLC, GEN:LOC, GEN:ANO, GEN:SAFRA, GEN:LOC:ANO, GEN:LOC:SAFRA, GEN:ANO:SAFRA, GEN:LOC:ANO:SAFRA | 14 | 291188,3 | 291329,8 | 145576,1 | Sim | Não | 19,2 9 | 17,5 2 | 0,8 7 |
| <i>mod1</i> | GEN, LOC, ANO, BLC, GEN:LOC, GEN:ANO, GEN:SAFRA, GEN:LOC:ANO, GEN:LOC:SAFRA, GEN:ANO:SAFRA, GEN:LOC:ANO:SAFRA | 11 | 292723,5 | 292841,4 | 146346,8 | Sim | Não | 19,2 8 | 16,6 4 | 0,8 2 |
| <i>mod2</i> | GEN, LOC, ANO, BLC, GEN:LOC, GEN:ANO, GEN:SAFRA, GEN:LOC:ANO, GEN:LOC:SAFRA, GEN:ANO:SAFRA | 10 | 292841,7 | 292951,8 | 146406,9 | Não | Sim | 19,5 2 | 16,9 5 | 0,7 4 |
| <i>mod3</i> | GEN, LOC, ANO, BLC, SAFRA:LOC, SAFRA:GEN, SAFRA:GEN:LOC, SAFRA:GEN:ANO, SAFRA:GEN:LOC:ANO | 9 | 292608,0 | 292710,2 | 146291,0 | Não | Não | 19,2 8 | 16,8 1 | 0,8 9 |
| <i>mod4</i> | GEN, LOC, ANO, BLC, GEN:LOC, GEN:ANO, GEN:SAFRA, GEN:LOC:ANO:SAFRA | 8 | 292729,9 | 292824,2 | 146353,0 | Sim | Não | 19,2 9 | 16,6 5 | 0,7 9 |
| <i>mod5</i> | GEN, LOC, ANO, BLC, GEN:LOC, GEN:ANO, GEN:SAFRA | 7 | 293668,0 | 293754,5 | 146823,0 | Sim | Não | 21,2 9 | 20,0 4 | 0,3 4 |

* GEN: genótipo; LOC: local; ANO: ano; SAFRA: safra agrícola; EXP: experimento; BLC: blocos dentro de local e safra; AIC: Critério de Informação de Akaike; BIC: Critério de Informação Bayesiano; LogLik: Logaritmo da verossimilhança; C¹: Convergência; S²: Singular; CVe: Coeficiente de variação experimental (%); Ve: Variância do erro experimental (residual); σ²: Variância genética entre genótipos.

Em relação à variância genotípica (σ^2) o *mod0* foi o que melhor capturou a variabilidade atribuída aos genótipos ($\sigma^2 = 0,871$), com erro residual ($V_e = 17,522$) e coeficiente de variação experimental ($CV_e = 19,291$) dentro da faixa considerada aceitável, evidenciando também boa precisão para as estimativas fenotípicas ajustadas. Entre os demais modelos, o *mod1*, com 11 efeitos aleatórios, apresentou boa qualidade de ajuste ($\sigma^2 = 0,822$) e precisão experimental semelhante ($CV_e = 19,289$; $V_e = 16,639$), mesmo com leve aumento nos critérios AIC e BIC. O *mod4* evidenciou desempenho próximo, embora com menor σ^2 (0,793). Em contraste, o *mod5* teve o pior desempenho, com menor σ^2 (0,339), maior V_e (20,036) e maior CV_e (21,294), refletindo baixa capacidade explicativa.

Em contrapartida, os modelos *mod2* e *mod3* não convergiram adequadamente, sendo estatisticamente inviáveis, apesar dos AICs competitivos. Dessa forma, o *mod0* foi selecionado como o modelo mais adequado para representar a estrutura de variação nos ensaios multiambientais de feijão-comum, por aliar alta capacidade de explicação da variabilidade genética com ajuste estável e critérios estatísticos favoráveis. O *mod1* pode ser considerado como alternativa simplificada, caso a redução de parâmetros seja necessária sem grande perda de qualidade no ajuste. Após a seleção do modelo mais adequado (*mod0*), procedeu-se à análise de variância para os efeitos fixos e à decomposição da variância para os efeitos aleatórios (Tabela 4.5). Os resultados da análise de variância para o efeito fixo revelaram que o efeito de safra foi significativo. Além disso, a soma de quadrados da safra (121.074.486) indica que esse fator explica uma parcela expressiva da variação na produtividade, evidenciando magnitude importante nas médias entre as épocas de cultivo. Esse resultado reforça que o desempenho produtivo dos genótipos está intrinsecamente relacionado às condições ambientais específicas de cada safra, o que justifica sua inclusão como efeito fixo no modelo.

Quanto às variâncias estimadas para os efeitos aleatórios incluídos no modelo completo, observa-se que a variância associada aos experimentos (EXP) foi expressiva ($\sigma^2 = 344.417,7$), representando 35,40% da variância total, refletindo a heterogeneidade dos ensaios. Entre os efeitos ambientais, destacaram-se a interação entre safra e local (SAFRA:LOC; $\sigma^2 = 164.622,6$), a variação entre locais (LOC; $\sigma^2 = 102.325,9$) e a interação entre local e ano (LOC:ANO; $\sigma^2 = 94.066,7$), o que evidencia a forte influência dos ambientes de cultivo sobre a produtividade. O componente residual ($\sigma^2 = 170.477,0$) também apresentou valor elevado, refletindo variações não explicadas diretamente pelo modelo.

Tabela 4.5. Resultados da análise de variância do modelo completo (*mod0*), considerando Safra como efeito fixo, e decomposição da variância dos componentes aleatórios associados à produtividade de genótipos de feijão-comum.

| Efeitos Fixos | SumSQ | MeanSq | DF | DenDF | Fc | p-valor |
|---------------|----------|----------|----|--------|--------|----------|
| Safra | 1,21E+08 | 40358162 | 3 | 60,493 | 236,74 | 0,00 *** |

| Efeitos Aleatórios | Variância | Desvio Padrão | Variância (%) |
|--------------------|-----------|---------------|---------------|
| GEN:LOC:ANO:SAFRA | 51140 | 226,14 | 5,25% |
| GEN:LOC:ANO | 8544 | 92,43 | 0,87% |
| GEN:LOC:SAFRA | 14603,1 | 120,84 | 1,50% |
| GEN:LOC | 3680,9 | 60,67 | 0,37% |
| GEN:ANO:SAFRA | 751,8 | 27,42 | 0,07% |
| BLC | 3907,3 | 62,51 | 0,40% |
| GEN:ANO | 665,2 | 25,79 | 0,06% |
| GEN:SAFRA | 4640,5 | 68,12 | 0,47% |
| EXP | 344417,7 | 586,87 | 35,40% |
| LOC:ANO | 94066,7 | 306,7 | 9,66% |
| SAFRA:LOC | 164622,6 | 405,74 | 16,92% |
| GEN | 8473,5 | 92,05 | 0,87% |
| LOC | 102325,9 | 319,88 | 10,51% |
| ANO | 512,8 | 22,65 | 0,05% |
| Residual | 170477 | 412,89 | 17,52% |
| Total | 972829 | - | 100,00% |

SumSQ: soma de quadrados; **MeanSQ:** média dos quadrados; **DF:** graus de liberdade; **DenDF:** graus de liberdade do denominador; **Fc:** F calculada para o teste do efeito fixo; **p-valor:** probabilidade associada ao teste F; **GEN:** genótipos; **LOC:** locais; **EXP:** experimentos; **BLC:** blocos;

Do ponto de vista genético, observou-se uma variância de 8.473,5 associada ao efeito principal de genótipo (GEN). As interações mais expressivas envolveram combinações com quatro fatores (GEN:LOC:ANO:SAFRA; $\sigma^2 = 51.140,0$) e três fatores (GEN:LOC:SAFRA; $\sigma^2 = 14.603,1$), indicando que a resposta dos genótipos foi específica às diferentes combinações de ambiente, ano e safra. As demais interações, como GEN:LOC:ANO, GEN:LOC, GEN:SAFRA e GEN:ANO, contribuíram com menos de 1% cada, refletindo efeitos mais pontuais.

Com a seleção do modelo mais adequado, foram extraídos os efeitos fixos e aleatórios para reconstruir os valores fenotípicos ajustados. Os resultados desse processo estão representados na Figura 4.2. No painel A (Figura 4.2A), são exibidos os valores fenotípicos (BLUP + efeito fixo) organizados por ambiente, ordenados conforme o potencial produtivo. Observa-se um gradiente crescente de produtividade à medida que o ambiente se

torna mais favorável, evidenciando que o desempenho genotípico acompanha o aumento no potencial dos ambientes. Já no painel B (Figura 4.2B), a norma de reação apresenta as variações ao longo dos anos. Observa-se que, apesar das flutuações climáticas, a produtividade média geral manteve-se relativamente estável, indicando certa consistência no comportamento dos materiais genéticos ao longo dos anos. Esse resultado está alinhado com a baixa variância explicada pela interação entre genótipos e anos ($GEN:ANO = 0,06\%$) obtida a partir do *mod0*, encontrada anteriormente na estimação dos efeitos e predição dos valores genotípicos.

Entre os genótipos de referência, que apresentaram respostas distintas ao longo das análises, a BRS FP403 se destacou por apresentar elevada produtividade e estabilidade em diferentes ambientes. Seu desempenho consistente sugere que esse material responde positivamente a ambientes produtivos e mantém bons rendimentos, tanto na análise por ambiente (Figura 4.2A), quanto na avaliação ao longo dos anos (Figura 4.2B).

Ao analisar as safras de forma única, Águas e Inverno apresentaram maior dispersão entre os genótipos, indicando uma resposta diferencial mais acentuada entre os materiais nessas épocas. Dentre as três épocas analisadas, a safra das Águas apresentou os maiores rendimentos médios, enquanto a safra da Seca apresentou a menor produtividade.

Após a análise inicial das normas de reação com base nos valores preditos de produtividade (BLUP + efeitos fixos), foi realizada uma etapa complementar com o objetivo de reduzir os efeitos da ausência de dados nas avaliações originais. Para isso, as normas de reação foram reconstruídas utilizando um conjunto de dados com valores imputados (Figura 4.3 A, B e C).

Os resultados da imputação (Tabela 4.2) mostraram que a safra das Águas apresentou o melhor desempenho na recuperação dos dados, com o número de componentes principais (ncp) ajustado para seis, resultando em uma correlação preditiva média de 0,813, erro quadrático médio (RMSE) de 72,14 e erro absoluto médio (MAE) de 55,28. Essa forte associação entre os valores imputados e observados indica que a imputação preservou adequadamente a estrutura original dos dados, mantendo a hierarquia dos genótipos e reduzindo variações extremas.

Na safra de Inverno, o ajuste ideal foi alcançado com $ncp = 5$, resultando em uma correlação preditiva de 0,687, RMSE médio de 100,18 e MAE médio de 70,07. Embora a precisão seja ligeiramente inferior à da safra das Águas, os resultados ainda foram satisfatórios para garantir uma análise equilibrada e completa da interação $G \times A$. Já na safra

Seca, foi necessário um maior número de componentes ($n_{cp} = 10$), refletindo a maior variabilidade ambiental e a menor previsibilidade dos padrões produtivos. Ainda assim, a imputação produziu uma correlação preditiva de 0,624, com RMSE médio de 88,10 e MAE de 67,22, sendo eficaz para evitar perda de informações relevantes e garantir a avaliação equitativa de todas as cultivares.



Figura 4.2. Valores preditos da produtividade dos genótipos de feijão-comum, representados pelos BLUPs + *Fixed*. (A) Norma de reação para a interação $G \times A$, com os ambientes ordenados pelo potencial produtivo dentro de cada safra. (B) Norma de reação para a interação Genótipos \times Anos, com a produtividade ao longo dos anos para cada safra.

A Figura 4.3 (A1, B1 e C1) apresenta as normas de reação dos genótipos com base nos valores imputados, possibilitando a comparação direta entre genótipos ao longo dos diferentes ambientes. Para a safra das Águas (Figura 4.3A1), observa-se novamente o gradiente crescente de produtividade à medida que os ambientes se tornam mais favoráveis.

Esse padrão também se repete nas safras de Inverno (Figura 4.3B1) e Seca (Figura 4.3C1), sugerindo que a imputação preservou a estrutura dos dados e não distorceu as tendências genótípicas já observadas anteriormente. A presença de linhas contínuas para todos os genótipos indica que agora todos foram representados em todos os locais, o que viabiliza a aplicação de métricas de estabilidade e adaptabilidade em escala completa.

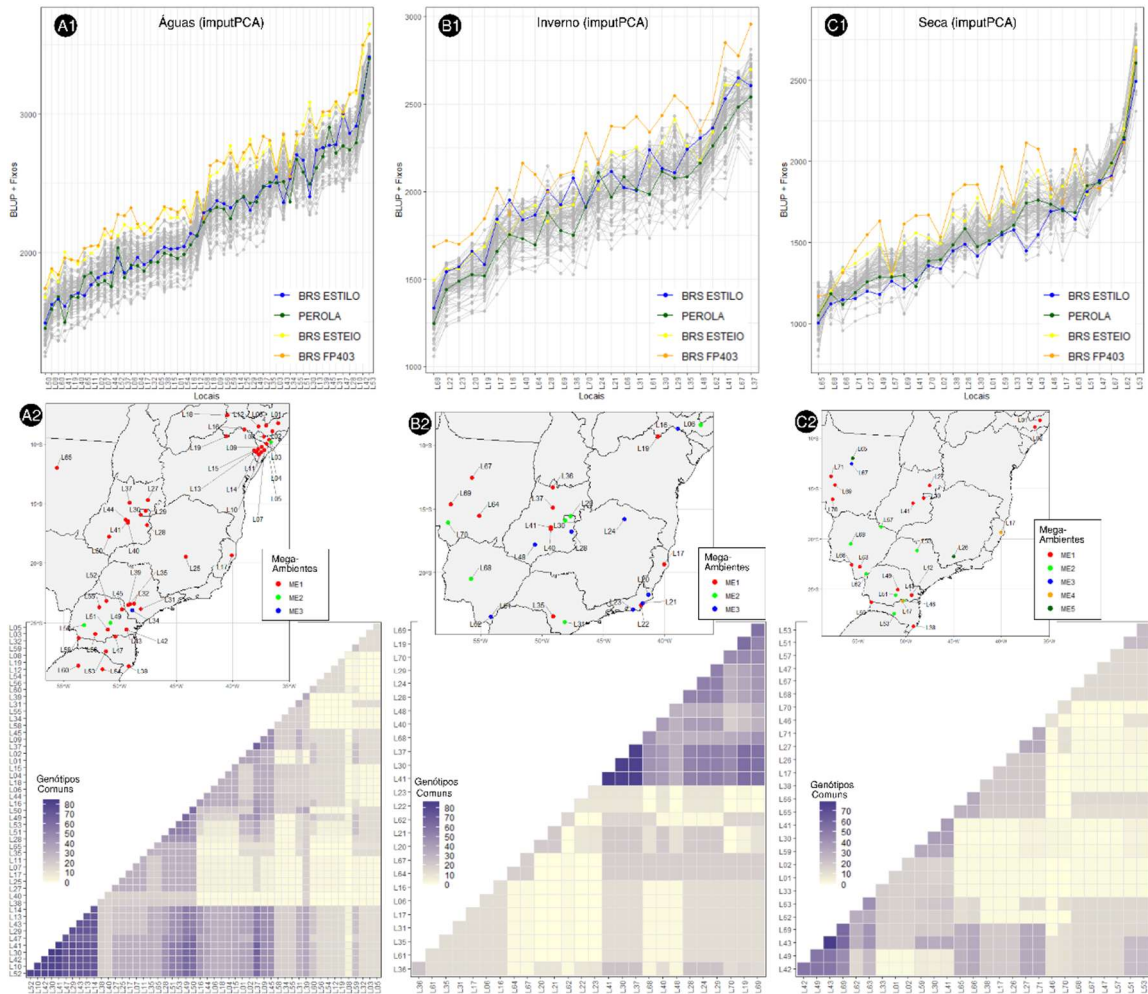


Figura 4.3. (A1, B1, C1): Norma de reação da produtividade ajustada dos genótipos de feijão-comum em diferentes ambientes e sua estabilidade ao longo dos anos, com base nos valores de BLUP + *Fixed* obtidos a partir dos valores imputados. (A2, B2, C2): *A1, B1, C1: Mapas com a categorização dos locais em mega-ambientes (ME) por cores, segundo a similaridade de desempenho genotípico. As matrizes triangulares abaixo mostram o número de genótipos em comum entre locais (escala do claro ao escuro). * A2 = safra das Águas; B2 = safra de Inverno; C2 = safra da Seca.

A resposta dos genótipos permanece coerente com as análises anteriores, em que o genótipo BRS FP403 mantém a liderança em produtividade em quase todos os ambientes e safras, com desempenho notavelmente superior em locais de maior potencial. O material BRS Esteio também se destaca positivamente, enquanto BRS Estilo e Pérola mantêm desempenho intermediário e mais estável.

Também se nota que na safra das Águas (Figura 4.3A1) apresenta ampla variação na produtividade entre os genótipos, acompanhando claramente o gradiente ambiental, de forma que o genótipo se torna mais produtivo à medida que o ambiente melhora. Na safra de Inverno (Figura 4.3B1), a imputação suavizou oscilações abruptas, resultado em maior continuidade nas respostas genotípicas. E na safra Seca (Figura 4.3C1), os dados originais apresentavam maior homogeneidade, e a imputação promoveu alterações mínimas. Portanto, o processo de imputação contribuiu para reduzir a variabilidade extrema entre ambientes e reforçou a confiabilidade da análise das normas de reação.

Com os valores imputados, os ambientes foram estratificados e agrupados em mega-ambientes (Figura 4.3 A2, B2, C2). Na safra das Águas (Figura 4.3A2), houve a formação de três mega-ambientes: ME1 (vermelho), ME2 (verde) e ME3 (azul). O ME1 foi o mais predominante, com ampla distribuição pelo país, contemplando as regiões Nordeste, Centro-Oeste, Sudeste e Sul, abrangendo desde o Rio Grande do Sul até o extremo nordeste. O ME2 teve representatividade mais limitada, localizado em poucos pontos no Sul, especificamente no estado do Paraná, e no Nordeste, no estado de Alagoas. Já o ME3 apareceu em um único local, no estado de São Paulo.

Na safra de Inverno (Figura 4.4B2), também foram identificados três mega-ambientes (ME1, ME2 e ME3). O ME1 (vermelho) teve ampla distribuição, abrangendo os estados de Goiás, Mato Grosso, São Paulo, Rio de Janeiro e Espírito Santo. O ME2 (verde) apresentou menor frequência, ocorrendo em Brasília, Mato Grosso, Mato Grosso do Sul, São Paulo e Pernambuco. O ME3 (azul) concentrou-se predominantemente na porção sudeste e sul do mapa.

Na safra da Seca (Figura 4.4C2), foram identificados cinco mega-ambientes: ME1, ME2, ME3, ME4 e ME5. O ME1 (vermelho) teve a distribuição mais ampla e fragmentada, especialmente em Goiás, Minas Gerais, Rio Grande do Sul e Paraná. O ME2 (verde) ficou restrito a locais específicos da região Sul e Sudeste do país, nos estados do Mato Grosso do Sul, São Paulo, Paraná e Santa Catarina. O ME3 (azul) teve a menor representatividade, identificado em único ponto no Mato Grosso. O ME4 (amarelo) com

apenas um ponto identificado na região leste, no estado do Espírito Santo e outro no Sul, em Santa Catarina. Por fim, o ME5, também com menor distribuição, com mega-ambientes formado no Mato Grosso e em Minas Gerais.

A matriz de similaridade apresentada abaixo dos mapas (Figura 4.3) revela altos níveis de sobreposição genotípica entre os locais pertencentes a um mesmo mega-ambiente, indicando que essas regiões testaram, em sua maioria, conjuntos semelhantes de genótipos. A matriz (a) (Figura 4.3A2) é a mais adequada para análises de agrupamento de ambientes e seleção de genótipos estáveis, pois apresenta alta conectividade. Esse padrão é evidenciado pela coloração densa e escura, especialmente na parte inferior esquerda, sinalizando que diversos locais compartilham muitos genótipos. A matriz (b) (Figura 4.3B2) mostra um agrupamento regionalizado com boa conectividade interna, mas baixa conectividade externa. Isso é percebido pela concentração de tons escuros em uma pequena área, indicando que apenas um grupo de locais compartilha muitos genótipos entre si, enquanto os demais apresentam baixa sobreposição. Por sua vez, a matriz (c) (Figura 4.3C2) apresenta menor utilidade analítica, devido à baixa sobreposição genotípica. A coloração mais clara e a ausência de grandes blocos escuros sugerem uma similaridade geral reduzida, o que pode comprometer a consistência das conclusões entre os locais.

Para complementar a análise da interação $G \times A$, foi realizada a análise GGE *Biplot*. Os resultados para a safra das Águas (Figura 4.4A) mostram que o primeiro componente principal (PC1) explicou 85,21% da variação, enquanto o segundo componente (PC2) respondeu por 3,87%, totalizando 89,08% da variabilidade capturada. Essa alta explicação indica que o gráfico GGE *Biplot* representa bem a interação entre genótipos e ambientes para essa safra. A dispersão ampla dos ambientes no gráfico evidencia forte influência ambiental sobre o desempenho dos genótipos e alta interação $G \times A$. Genótipos como CNFC 15839, CNFC 15893, CNFC 15854 e CNFC 15859 demonstraram maior estabilidade produtiva em locais de menor potencial. Em contrapartida, BRS Esteio e CNFC 15697 apresentaram alto rendimento em ambientes mais produtivos. Outros genótipos, como BRS Notável, PR 139 e CNFC 15044, exibiram desempenho equilibrado e boa adaptação a diferentes condições. Já CNFC 15269, CNFC 15309 e CNFC 15304 destacaram-se por seu alto desempenho em ambientes específicos, refletindo alta responsividade. As cultivares comerciais BRS Estilo e Pérola mantiveram produtividade estável, com menor variação entre ambientes. Ambientes como L60, L55 e L52 favoreceram CNFC 15097, enquanto L12, L35 e L18 foram mais adequados para CNFC 15697.

Na safra de Inverno (Figura 4.4B), o PC1 explicou 74,01% da variação, e o PC2 explicou 11,67%, indicando uma dispersão maior dos genótipos em comparação à safra das Águas. Genótipos como BRS Esteio e BRS FP403 apresentaram alta produtividade em ambientes favoráveis, como L29, L70, L31 e L06, mas mostraram sensibilidade a variações ambientais. Já IPR Uirapuru e CNFP 15292, localizados no quadrante superior esquerdo, destacaram-se por desempenho superior em ambientes específicos, mas com baixa adaptação geral. Já os ambientes L16, L24, L48 e L36, impuseram maiores limitações ao desempenho de alguns genótipos.

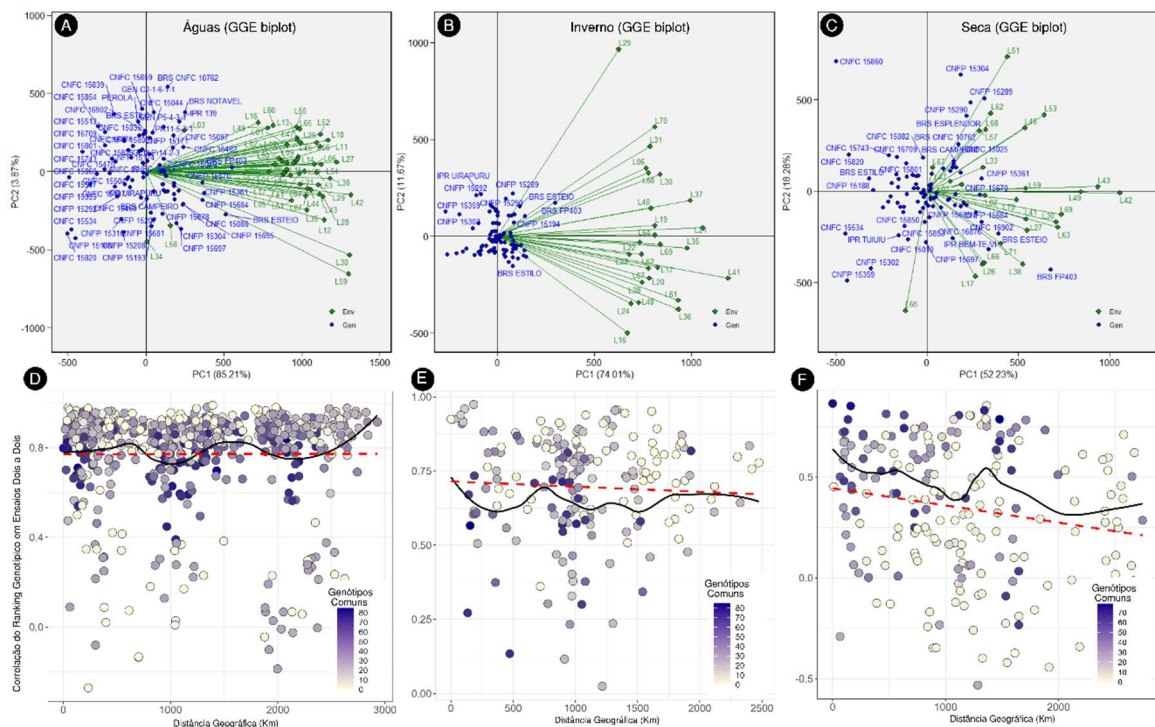


Figura 4.4. *A, B, C: Gráficos GGE *Biplot* por safra de cultivo
 *D, E, F: Relação entre a correlação genotípica (entre BLUP's, eixo Y) e a distância geográfica (eixo X) entre pares de locais, com pontos coloridos conforme o número de genótipos em comum. As linhas preta e vermelha representam tendências ajustadas (*LOESS*).
 * D = safra das Águas; E = safra de Inverno; F = safra da Seca.

Na safra Seca (Figura 4.4C), o PC1 explicou 52,23% da variação e o PC2, 18,28%, totalizando 70,51%. Esse valor relativamente baixo indica uma interação $G \times A$ mais complexa, com maior dispersão entre ambientes e genótipos. O genótipo CNFP 15289 destacou-se pelo alto rendimento em locais de boa produtividade (L51, L53, L62), mas apresentou maior sensibilidade a condições adversas. Já o CNFP 15860, posicionado

isoladamente no gráfico, teve bom desempenho em ambientes específicos, mas com baixa adaptabilidade geral. No quadrante inferior esquerdo, genótipos como CNFP 15359 e CNFP 15302 exibiram maior estabilidade produtiva, com desempenho regular em diferentes ambientes, independentemente das variações climáticas. Essa mesma região concentrou ambientes de menor potencial, como L65, onde os rendimentos foram mais baixos. Por fim, ambientes como L17, L66, L26 e L38 representaram condições extremas de cultivo.

Sobre a correlação genotípica entre os BLUPs e a distância geográfica entre pares de locais, na Figura 4.4D, referente à safra das Águas, observa-se alta similaridade genotípica entre os ambientes ao longo de toda a extensão das distâncias analisadas, independentemente do afastamento geográfico. A linha *LOESS* exibe flutuações sutis, com uma leve depressão entre 500 e 1500 km, sugerindo variação regional, mas sem perda significativa de genótipos comuns. A linha de regressão linear confirma essa estabilidade com uma inclinação levemente negativa. A alta densidade de pontos escuros reforça essa ampla conectividade entre os ambientes, indicando menor seletividade ambiental. Essa observação é corroborada pelo valor da linha de tendência linear (0,9588), que indica uma correlação praticamente nula entre distância geográfica e similaridade genotípica. Em outras palavras, a distribuição dos genótipos nos ambientes não depende da distância entre os locais, uma vez que os genótipos semelhantes são encontrados tanto em locais próximos quanto distantes.

Na Figura 4.4E, referente à safra de Inverno, a relação entre distância geográfica e similaridade genotípica é mais clara e acentuada. A curva *LOESS* decresce de forma brusca até cerca de 700 km. A linha de regressão linear apresenta inclinação negativa marcada, com o valor de 0,4702, indicando uma correlação negativa moderada. Logo, à medida que aumenta a distância entre os ambientes, há uma tendência clara de redução da semelhança climática. A predominância de pontos mais claros no gráfico indica menor compartilhamento genotípico e possível heterogeneidade ambiental, o que pode limitar o uso de genótipos amplamente adaptáveis e favorecer seleções mais específicas. A linha *LOESS* acentua esse padrão ao mostrar uma queda rápida até cerca de 700 km, em que a similaridade climática entre os locais já é consideravelmente baixa, estabilizando-se após esse ponto.

Na Figura 4.4F, relativa à safra da Seca, a resposta genotípica é ainda mais sensível à distância. A curva *LOESS* apresenta queda acentuada até aproximadamente 1000 km, seguida de leve elevação, sugerindo que a resposta genotípica se diferencia progressivamente com o aumento da distância. A linha de tendência linear exibe um declínio

constante, reforçando esse padrão. No entanto, o valor da linha vermelha é 0,0107, o que sugere uma correlação praticamente nula entre distância geográfica e similaridade da resposta genotípica. Apesar da inclinação visual negativa, esse valor estatístico indica que, de forma linear, a distância por si só não explica bem a variabilidade na resposta dos genótipos. Ainda assim, a análise não linear (*LOESS*) revela nuances importantes: uma queda acentuada na similaridade até cerca de 1000 km e posterior leve recuperação. Esse comportamento sugere que há efeitos locais e interações ambientais que não seguem uma relação linear simples com a distância, mas que ainda influenciam fortemente o desempenho dos genótipos. Portanto, embora o modelo linear aponte baixa correlação, o padrão não linear evidencia uma forte influência ambiental complexa, característica comum em cenários de alta interação $G \times A$ como os observados na Seca.

Por fim, a análise dos índices de produtividade, estabilidade e adaptabilidade evidenciou o impacto das condições ambientais sobre o desempenho dos genótipos. Para o tipo carioca (Tabela 4.6), na safra das Águas, o genótipo de maior destaque foi BRS Notável, que apresentou a mais alta produtividade ($2.368,01 \text{ kg ha}^{-1}$), menor desvio padrão (417,57), boa estabilidade fenotípica ($W_i = 100,22$) e alto desempenho genético (MHPRVG = 1,055), o que lhe garantiu o primeiro lugar no *rank*. Em seguida, destacaram-se os genótipos CNFC 15462 e CNFC 15086, com produtividades próximas ($2.363,51$ e $2.363,15 \text{ kg ha}^{-1}$, respectivamente), estabilidade elevada ($W_i = 101,18$ e $100,91$) e alto valores genéticos (MHPRVG = 1,053 e 1,052). O CNFC 15462, em especial, apresentou o menor valor de Lin & Binns (33.213,09), destacando a sua estabilidade. Na terceira colocação do *rank* figurou o genótipo CNFC 15097, com produtividade de $2.332,45 \text{ kg ha}^{-1}$ e com pequena variação (DP = 421,01) e bom índice de estabilidade ($W_i = 99,40$; MHPRVG = 1,039).

Na safra de Inverno (Tabela 4.6), os genótipos de maior destaque foram CNFC 15070, CNFC 16902 e CNFC 15462. O genótipo CNFC 15070 apresentou a maior produtividade da estação ($2.080,90 \text{ kg ha}^{-1}$), aliada ao mais elevado MHPRVG (1,072) e PRVG (1,073), garantindo o primeiro lugar no *rank*. Em segundo lugar ficou o CNFC 16902, que associou alta estabilidade ($W_i = 100,87$), baixo Lin & Binns (40.110,64) e alto desempenho genético (MHPRVG = 1,069). O genótipo CNFC 15462, novamente entre os melhores, com produtividade de $2.058,11 \text{ kg ha}^{-1}$, bom *score* (5,32) e valor genético harmônico de 1,060, posicionando-se em terceiro lugar.

Tabela 4.6. Produtividade, estabilidade e adaptabilidade de genótipos de feijão do tipo Carioca, avaliados nas safras das Águas, Inverno e Seca, com base nos índices de produtividade média, desvio padrão, estabilidade e adaptabilidade, além da pontuação composta utilizada para ranqueamento.

| Águas | | | | | | | | | | |
|----------------|-------------|--------------------------------------|---------------|-----------|--------|-------|-------|--------|-------|------|
| | Genótipo | Produtividade (kg ha ⁻¹) | Desvio padrão | LinBinns | Wi | FW | PRVG | MHPRVG | Score | Rank |
| 21 | CNFC 15097 | 2332,45 | 421,01 | 47073,07 | 99,40 | 0,983 | 1,040 | 1,039 | 5,22 | 3 |
| 20 | CNFC 15086 | 2363,15 | 435,99 | 33672,52 | 100,91 | 1,016 | 1,053 | 1,052 | 5,17 | 4 |
| 53 | PR11-5-3-1 | 2335,35 | 427,88 | 46318,18 | 100,47 | 1,001 | 1,040 | 1,040 | 5,11 | 5 |
| 50 | IPR 139 | 2347,71 | 431,85 | 41397,91 | 99,54 | 1,003 | 1,045 | 1,045 | 5,07 | 6 |
| 47 | CNFP 15697 | 2356,99 | 438,68 | 34802,24 | 101,21 | 1,025 | 1,049 | 1,049 | 5,06 | 7 |
| 4 | BRS ESTILO | 2247,91 | 445,34 | 94891,18 | 95,54 | 1,037 | 0,999 | 0,998 | 3,48 | 37 |
| 52 | PEROLA | 2217,43 | 435,81 | 110337,6 | 93,61 | 1,015 | 0,986 | 0,985 | 3,34 | 38 |
| 24 | CNFC 15462 | 2363,51 | 422,76 | 33213,09 | 101,18 | 0,987 | 1,054 | 1,053 | 5,56 | 2 |
| 6 | BRS NOTAVEL | 2368,01 | 417,57 | 34212,96 | 100,22 | 0,970 | 1,056 | 1,055 | 5,69 | 1 |
| Inverno | | | | | | | | | | |
| | Genótipo | Produtividade (kg ha ⁻¹) | Desvio padrão | LinBinns | Wi | FW | PRVG | MHPRVG | Score | Rank |
| 24 | CNFC 15462 | 2058,11 | 320,51 | 41982,10 | 101,75 | 0,995 | 1,061 | 1,060 | 5,32 | 3 |
| 20 | CNFC 15086 | 2073,38 | 328,87 | 36758,99 | 102,78 | 1,021 | 1,069 | 1,068 | 5,31 | 4 |
| 53 | PR11-5-3-1 | 2039,81 | 325,87 | 51651,10 | 100,13 | 1,004 | 1,051 | 1,050 | 4,95 | 5 |
| 40 | CNFC 15853 | 2030,73 | 325,55 | 53222,39 | 101,21 | 1,013 | 1,046 | 1,045 | 4,93 | 6 |
| 3 | CNFC 10762 | 2034,38 | 329,18 | 49147,74 | 101,92 | 1,027 | 1,048 | 1,047 | 4,93 | 7 |
| 4 | BRS ESTILO | 2018,79 | 326,21 | 64165,32 | 97,86 | 0,999 | 1,040 | 1,039 | 4,63 | 16 |
| 52 | PEROLA | 1908,79 | 325,81 | 120692,50 | 93,21 | 1,006 | 0,982 | 0,981 | 3,37 | 40 |
| 46 | CNFC 16902 | 2074,91 | 320,13 | 40110,64 | 100,87 | 0,982 | 1,070 | 1,069 | 5,42 | 2 |
| 18 | CNFC 15070 | 2080,90 | 322,38 | 36667,28 | 102,08 | 0,993 | 1,073 | 1,072 | 5,49 | 1 |

(continuação)

| Seca | | | | | | | | | | |
|------|-------------|--------------------------------------|---------------|----------|--------|-------|-------|--------|-------|------|
| | Genótipo | Produtividade (kg ha ⁻¹) | Desvio padrão | LinBinns | Wi | FW | PRVG | MHPRVG | Score | Rank |
| 6 | BRS NOTAVEL | 1633,90 | 336,90 | 45154,54 | 96,796 | 0,980 | 1,035 | 1,034 | 5,175 | 3 |
| 37 | CNFC 15826 | 1614,01 | 333,67 | 46972,94 | 98,60 | 0,981 | 1,022 | 1,021 | 5,008 | 4 |
| 45 | CNFC 16876 | 1624,34 | 333,82 | 46160,50 | 95,17 | 0,965 | 1,029 | 1,027 | 5,002 | 5 |
| 17 | CNFC 15049 | 1620,38 | 342,65 | 46269,08 | 98,43 | 1,007 | 1,025 | 1,024 | 4,980 | 6 |
| 12 | CNFC 15025 | 1619,57 | 354,31 | 46580,96 | 97,99 | 1,041 | 1,023 | 1,022 | 4,809 | 7 |
| 4 | BRS ESTILO | 1497,73 | 339,02 | 115913,6 | 88,980 | 0,989 | 0,945 | 0,944 | 1,561 | 81 |
| 52 | PEROLA | 1553,49 | 349,10 | 76192,55 | 93,121 | 1,024 | 0,980 | 0,979 | 2,512 | 62 |
| 5 | BRS FC402 | 1623,80 | 322,90 | 41360,41 | 96,096 | 0,935 | 1,030 | 1,028 | 5,197 | 2 |
| 46 | CNFC 16902 | 1658,88 | 313,88 | 31893,48 | 96,005 | 0,894 | 1,054 | 1,051 | 5,835 | 1 |

Na safra da Seca (Tabela 4.6), o genótipo CNFC 16902 foi o principal destaque, apresentando a maior produtividade média ($1.658,88 \text{ kg ha}^{-1}$), o menor desvio padrão (313,88), o menor valor de W_i (96,005) e o mais elevado MHPRVG (1,051) da safra, o que evidencia sua alta performance, estabilidade e ampla adaptabilidade, assegurando o primeiro lugar no *ranking*. Na segunda posição, o genótipo BRS FC402, com produtividade de $1.623,80 \text{ kg ha}^{-1}$, alta estabilidade ($W_i = 96,096$) e *score* de 5,197.

Para o tipo preto (Tabela 4.7), na safra das Águas, o genótipo BRS FP403 se destacou como o material de melhor desempenho, reunindo a maior produtividade média (2.515 kg ha^{-1}), a melhor estabilidade ($\text{Lin} \ \& \ \text{Binns} = 1.686$) e elevada adaptabilidade ($W_i = 105,8$). Seus valores de Performance Relativa dos Valores Genotípicos ($\text{PRVG} = 1,12$) e de Média Harmônica da Performance Relativa dos Valores Genotípicos ($\text{MHPRVG} = 1,12$) confirmam desempenho superior à média dos ambientes. Apesar de apresentar um coeficiente de Finlay & Wilkinson ($\text{FW} = 1,02$), que sugere leve responsividade a ambientes mais favoráveis, o material manteve alta estabilidade, sendo o primeiro colocado no *ranking* final da safra. O genótipo CNFP 15670 (2.424 kg ha^{-1}) também se destacou, com bom equilíbrio entre produtividade e estabilidade ($\text{Lin} \ \& \ \text{Binns} = 14.845$), figurando como segundo melhor classificado. A cultivar BRS Esteio também apresentou alta produtividade (2.497 kg ha^{-1}), boa estabilidade ($\text{Lin} \ \& \ \text{Binns} = 2.991$) e alta adaptabilidade ($W_i = 105,6$). Os índices de desempenho genotípico ($\text{PRVG} = 1,11$; $\text{MHPRVG} = 1,11$) reforçam seu potencial, enquanto o $\text{FW} = 1,04$ indica uma resposta levemente acima da média em ambientes de maior produtividade, ocupando a terceira posição no *rank*.

Na safra de Inverno (Tabela 4.7), a BRS FP403 manteve-se como primeiro colocado, com produtividade média de 2.229 kg ha^{-1} , excelente estabilidade ($\text{Lin} \ \& \ \text{Binns} = 1.716$) e o maior índice de adaptabilidade ($W_i = 107,8$). Os valores de $\text{PRVG} = 1,15$ e $\text{MHPRVG} = 1,15$ reafirmam seu desempenho consistentemente superior, o coeficiente $\text{FW} = 1,08$ indica alta responsividade a ambientes produtivos. A cultivar CNFP 15194 também se destacou, com produtividade de 2.079 kg ha^{-1} , boa estabilidade ($\text{Lin} \ \& \ \text{Binns} = 28.604$) e índices de adaptabilidade elevados ($W_i = 103,5$; $\text{FW} = 1,04$). Os valores de $\text{PRVG} = 1,07$ e $\text{MHPRVG} = 1,07$ indicam desempenho superior à média dos genótipos, garantindo a segunda colocação no *rank*. A CNFP 15361 obteve desempenho produtivo satisfatório (2.030 kg ha^{-1}) e estabilidade moderada ($\text{Lin} \ \& \ \text{Binns} = 52.160$), mantendo $W_i = 99,1$ e $\text{PRVG} = 1,05$, o que assegurou sua terceira colocação no *rank*.

Tabela 4.7. Produtividade, estabilidade e adaptabilidade de genótipos de feijão do tipo Preto, avaliados nas safras das Águas, Inverno e Seca, com base nos índices de produtividade média, desvio padrão, estabilidade e adaptabilidade, além da pontuação composta utilizada para ranqueamento.

| Águas | | | | | | | | | | |
|----------------|---------------|--------------------------------------|---------------|----------|--------|-------|-------|--------|-------|------|
| | Genótipo | Produtividade (kg ha ⁻¹) | Desvio padrão | LinBinns | Wi | FW | PRVG | MHPRVG | Score | Rank |
| 22 | BRS ESTEIO | 2497,12 | 448,42 | 2991,52 | 105,61 | 1,040 | 1,113 | 1,112 | 4,86 | 3 |
| 27 | CNFP 15361 | 2429,15 | 436,47 | 13043,10 | 104,14 | 1,019 | 1,083 | 1,082 | 4,71 | 4 |
| 2 | CNFP 15684 | 2424,18 | 437,70 | 13948,79 | 103,75 | 1,021 | 1,080 | 1,080 | 4,62 | 5 |
| 24 | BRS ESPLENDOR | 2347,02 | 423,27 | 39242,10 | 100,08 | 0,985 | 1,046 | 1,045 | 4,34 | 6 |
| 15 | CNFP 15676 | 2336,33 | 424,81 | 43687,22 | 100,61 | 0,994 | 1,041 | 1,040 | 4,23 | 7 |
| 29 | CNFP 15676 | 2333,34 | 426,71 | 45784,81 | 99,49 | 0,993 | 1,039 | 1,039 | 4,10 | 8 |
| 3 | CNFP 15695 | 2359,71 | 440,07 | 33478,11 | 101,47 | 1,029 | 1,050 | 1,050 | 3,98 | 9 |
| 23 | CNFP 15670 | 2424,17 | 428,50 | 14845,74 | 103,31 | 0,999 | 1,081 | 1,080 | 4,88 | 2 |
| 4 | BRS FP403 | 2515,41 | 438,99 | 1686,69 | 105,81 | 1,016 | 1,123 | 1,121 | 5,28 | 1 |
| Inverno | | | | | | | | | | |
| | Genótipo | Produtividade (kg ha ⁻¹) | Desvio padrão | LinBinns | Wi | FW | PRVG | MHPRVG | Score | Rank |
| 24 | CNFP 15361 | 2030,36 | 322,45 | 52160,24 | 99,12 | 0,990 | 1,046 | 1,045 | 4,04 | 3 |
| 33 | IPR BEM-TE-VI | 2023,54 | 328,20 | 54238,08 | 101,07 | 1,024 | 1,042 | 1,041 | 3,95 | 4 |
| 8 | BRS ESTEIO | 2053,11 | 336,72 | 38469,89 | 99,90 | 1,035 | 1,057 | 1,056 | 3,94 | 5 |
| 10 | CNFP 15174 | 1975,81 | 317,60 | 75917,24 | 99,50 | 0,99 | 1,017 | 1,017 | 3,78 | 6 |
| 29 | CNFP 15178 | 1969,26 | 319,88 | 78909,53 | 100,08 | 1,00 | 1,014 | 1,014 | 3,71 | 7 |
| 7 | CNFP 15684 | 2025,93 | 337,76 | 51399,97 | 98,93 | 1,04 | 1,043 | 1,042 | 3,70 | 8 |
| 5 | CNFP 15171 | 1952,22 | 316,13 | 89087,63 | 99,30 | 0,99 | 1,005 | 1,005 | 3,63 | 9 |
| 13 | CNFP 15194 | 2079,13 | 334,66 | 28604,70 | 103,51 | 1,042 | 1,071 | 1,070 | 4,29 | 2 |
| 6 | BRS FP403 | 2229,30 | 352,44 | 1716,37 | 107,80 | 1,080 | 1,150 | 1,148 | 5,00 | 1 |

(continuação)

| Seca | | | | | | | | | | |
|------|---------------|--------------------------------------|---------------|----------|-------|-------|-------|--------|-------|------|
| | Genótipo | Produtividade (kg ha ⁻¹) | Desvio padrão | LinBinns | Wi | FW | PRVG | MHPRVG | Score | Rank |
| 31 | IPR BEM-TE-VI | 1665,87 | 324,38 | 30255,85 | 95,74 | 0,919 | 1,058 | 1,055 | 4,62 | 3 |
| 22 | CNFP 15361 | 1656,05 | 342,06 | 30518,46 | 98,27 | 0,992 | 1,048 | 1,047 | 4,47 | 4 |
| 27 | CNFP 15684 | 1642,40 | 339,43 | 35032,97 | 96,81 | 0,984 | 1,040 | 1,038 | 4,22 | 5 |
| 6 | CNFP 15174 | 1636,42 | 340,51 | 37508,91 | 97,88 | 0,997 | 1,035 | 1,034 | 4,18 | 6 |
| 23 | CNFP 15670 | 1651,16 | 366,91 | 36248,97 | 96,39 | 1,065 | 1,043 | 1,040 | 4,01 | 7 |
| 5 | CNFP 15171 | 1630,78 | 348,09 | 40548,70 | 97,32 | 1,019 | 1,031 | 1,030 | 3,98 | 8 |
| 8 | CNFP 15178 | 1620,79 | 346,60 | 45681,16 | 96,56 | 1,013 | 1,025 | 1,023 | 3,80 | 9 |
| 3 | BRS ESTEIO | 1678,40 | 333,90 | 23161,50 | 97,74 | 0,961 | 1,064 | 1,062 | 4,84 | 2 |
| 4 | BRS FP403 | 1744,93 | 325,19 | 14262,07 | 94,93 | 0,862 | 1,111 | 1,103 | 5,59 | 1 |

Já na safra da Seca (Tabela 4.7), a BRS FP403 novamente se destacou como o genótipo de melhor desempenho, com maior produtividade média (1.744 kg ha⁻¹), menor valor de instabilidade (Lin & Binns = 14.262) e alta adaptabilidade (Wi = 94,9). Embora o coeficiente de FW = 0,86 indique menor responsividade a ambientes altamente favoráveis para essa safra, seus valores de PRVG = 1,11 e MHPRVG = 1,10 demonstram excelente desempenho relativo, classificando como a primeira colocada do *rank* também nesta safra. A BRS Esteio manteve boa performance, com produtividade de 1.678 kg ha⁻¹, estabilidade moderada (Lin & Binns = 23.161) e Wi = 97,7, além de índices de desempenho genético relevantes (PRVG = 1,06; MHPRVG = 1,06), que garantiram a segunda colocação. O genótipo IPR Bem-te-vi apresentou produtividade de 1.665 kg ha⁻¹ e bom equilíbrio entre adaptabilidade (Wi = 95,7) e estabilidade (Lin & Binns = 30.255), com valores de PRVG = 1,06 e MHPRVG = 1,05, posicionando-se em terceiro lugar na safra da Seca.

Por fim, os resultados das três safras demonstram que o BRS FP403 apresenta um perfil altamente desejável para programas de melhoramento genético, combinando ampla adaptabilidade (Wi > 100), elevada estabilidade (menor Lin & Binns em todas as safras) e desempenho superior de produtividade, com os maiores valores de MHPRVG em ambientes contrastantes. Sua performance consistente, tanto em condições favoráveis quanto adversas, reflete não apenas alta produtividade média, mas também uma forte previsibilidade de desempenho.

4.4 DISCUSSÃO

4.4.1 Efeitos do ambiente e da safra sobre o desempenho produtivo do feijão

Os resultados deste estudo evidenciam que os experimentos foram conduzidos em conformidade com a estrutura produtiva nacional, contemplando as três principais safras do feijão-comum no Brasil, bem como as principais regiões produtoras. Esse padrão produtivo é caracterizado por três safras principais, sendo a primeira a safra das Águas, com plantio entre setembro e dezembro e colheita de janeiro a abril; a segunda, a safra da Seca, com plantio entre janeiro e março e colheita de maio a julho; e a terceira, a safra de Inverno, dependente de irrigação, onde a janela de plantio ocorre entre maio e julho, com colheita entre agosto e setembro (CONAB, 2022).

A análise da distribuição das safras mostra que há diferentes tendências entre as regiões brasileiras, em que a sua compreensão exige a consideração da infraestrutura disponível e as condições edafoclimáticas de cada local. Como as safras das Águas e da Seca são, em geral, realizadas sob cultivo de sequeiro, enquanto a safra de Inverno é conduzida com irrigação (Heinemann et al. 2016), os locais que produzem nessa última condição demandam a implementação de infraestrutura adequada para viabilizar a produção. Nesse sentido, no Centro-Oeste e no Sudeste há uma combinação entre sistemas irrigados e de sequeiro, o que oferece maior flexibilidade no planejamento agrícola e possibilita o cultivo das três safras ao longo do ano. A concentração da safra de Inverno nessas regiões está diretamente associada à disponibilidade de infraestrutura, especialmente de irrigação, evidenciando que a viabilidade produtiva também depende de fatores estruturais. Já no Sul e no Nordeste predomina a safra das Águas, refletindo a forte dependência dessas regiões do regime de chuvas.

A partir da análise da distribuição das safras e de seus dados de produtividade média, foi possível verificar os impactos de cada época de cultivo sobre o desempenho da cultura e compreender suas dinâmicas produtivas. A safra das Águas apresentou o maior rendimento médio entre as três épocas quando considerada isoladamente, com 2.325 ± 870 kg ha⁻¹. Embora os locais que cultivam exclusivamente nessa safra, a produtividade foi inferior (2.236 ± 952 kg ha⁻¹), essa tendência é corroborada pela análise por regiões em que o maior valor médio da safra das Águas foi registrado na região Sul, com 2.744 ± 1.098 kg ha⁻¹, além da maior produtividade máxima observada no estudo (5.485 kg ha⁻¹), demonstrando o potencial produtivo elevado dessa época quando as condições edafoclimáticas são favoráveis. Por outro lado, a região Sudeste evidenciou alta variabilidade (± 1.161 kg ha⁻¹) nessa mesma safra, indicando instabilidade nos ambientes avaliados.

Em contrapartida, ao mudarmos as estimativas de parâmetros de avaliação e considerarmos as regiões, nota-se que a maior média de produtividade da safra de Inverno foi observada no Centro-Oeste (2.306 ± 955 kg ha⁻¹), superando inclusive os valores médios da safra das Águas em algumas regiões. Essa safra depende quase exclusivamente de irrigação e ocorre majoritariamente em áreas que possuem infraestrutura hídrica, como o Cerrado e parte do Sudeste. Em termos gerais, a produtividade média da safra de Inverno foi de 2.138 ± 751 kg ha⁻¹, representando um desempenho próximo ao da safra das Águas. No entanto, quando se avaliam locais que cultivam exclusivamente na safra de Inverno, a média

foi inferior ($1.759 \pm 782 \text{ kg ha}^{-1}$), sugerindo influência direta da qualidade do manejo irrigado e da limitação de ambientes mais propensos à estabilidade produtiva. Ressalta-se ainda que essa safra não foi analisada na região Sul, o que limita comparações diretas com a região de maior desempenho na safra das Águas.

Já a safra da Seca, conduzida majoritariamente em sistema de sequeiro, apresentou o pior desempenho, em todas as estimativas avaliadas. A produtividade média geral foi de $1.521 \pm 563 \text{ kg ha}^{-1}$, sendo ainda mais baixa nos locais em que essa safra foi realizada isoladamente ($1.375 \pm 630 \text{ kg ha}^{-1}$). Quando avaliada por região, a safra da Seca manteve-se como a de menor rendimento em todas as áreas analisadas. O pior desempenho regional foi observado no Centro-Oeste (1.308 kg ha^{-1}), seguido pelo Nordeste ($1.632 \pm 297 \text{ kg ha}^{-1}$), que embora tenha registrado baixa produtividade, apresentou menor variabilidade, indicando certa homogeneidade nos ambientes ou no manejo.

Isso evidencia que a produtividade do feijão-comum não depende apenas do potencial genético das cultivares, mas também da sua interação com o ambiente. Pereira et al. (2018) demonstraram essa variabilidade ao observarem produtividades entre 965 e 3.247 kg ha^{-1} , reforçando a importância da escolha de materiais genéticos adaptados a cada ambiente. De forma semelhante, Heinemann et al. (2016) encontraram que a safra das águas apresentou produtividade média de 3.655 kg ha^{-1} em ambientes altamente favoráveis, enquanto nos ambientes favoráveis foi de 2.870 kg ha^{-1} ; e na safra da Seca enquanto nos ambientes favoráveis foi de 2.870 kg ha^{-1} , refletindo a maior limitação ambiental associada ao cultivo durante o período seco. Filla et al. (2022) reportaram médias de 2.164 kg ha^{-1} , enquanto Silva et al. (2023) registraram até 2.880 kg ha^{-1} , ressaltando a influência do ambiente e do manejo sobre o desempenho do feijão-comum.

Ainda, Nascimento et al. (2024) relataram ampla variação na produtividade dos genótipos, com médias oscilando entre 1.409 kg ha^{-1} e 2.991 kg ha^{-1} , a depender das condições dos ambientes avaliados. Segundo os autores, locais com melhores condições proporcionaram maiores rendimentos, enquanto ambientes mais restritivos limitaram significativamente o teto produtivo dos genótipos, comportamento que também foi observado na comparação entre as safras deste estudo, no qual a safra da Seca apresentou os menores valores, enquanto as maiores médias foram registradas na safra das Águas. Nesse mesmo contexto, Souza et al. (2025) observaram resultados semelhantes ao avaliarem genótipos de feijão preto no estado do Rio de Janeiro, encontrando valores de produtividade entre 1.678 kg ha^{-1} e 2.210 kg ha^{-1} . Essa variação reforça que a escolha dos locais para

condução dos ensaios e a definição dos ambientes-alvo são fatores determinantes na seleção de materiais mais produtivos, adaptáveis e estáveis. Por fim, segundo Heinemann et al. (2017), a heterogeneidade ambiental resulta em variações no rendimento do feijão-comum entre regiões, mostrando as diferentes respostas da produtividade às condições ambientais.

4.4.2 Conectividade entre locais e implicações para a definição de mega-ambientes

Diante da variabilidade ambiental, da complexidade associada à interação $G \times A$ e das dificuldades na recomendação de cultivares, surge a necessidade de agrupar ambientes que compartilham características em comum. Nesse contexto, a estratificação ambiental é uma ferramenta importante para o melhoramento genético de plantas, pois permite minimizar a interação $G \times A$ e realizar seleções de cultivares mais adaptadas, tornando o programa ainda mais eficiente. Para realizar a estratificação ambiental, pode-se partir da identificação de características agroclimáticas em comum entre os locais, como regime de chuvas, temperatura, tipo de solo e práticas de manejo predominantes, agrupando-os em chamados macro-ambientes. Alternativamente, essa estratificação pode ser feita com base na interação $G \times A$, o que resulta na formação dos mega-ambientes. Esse tipo de estratificação baseia-se no pressuposto de que existem grupos de locais nos quais os genótipos apresentam desempenho semelhante, ou seja, em que a interação $G \times A$ é minimizada. Quando essa interação não é significativa, os ambientes podem ser agrupados dentro de um mesmo mega-ambiente, caso contrário, pertencem a mega-ambientes distintos. Para que essa segmentação seja confiável, é essencial que haja consistência nas respostas genotípicas entre os ambientes agrupados, o que pode ser avaliado por meio da correlação genotípica e da quantidade de genótipos em comum entre os locais.

Nesse sentido, a criação de modelos lineares mistos é fundamental, pois fornece a base para estimar as correlações fenotípicas entre os ambientes, cujos resultados serão posteriormente utilizados na definição dos mega-ambientes. Os dados apresentados na Tabela 4.5 permitem quantificar os fatores ambientais de maior influência sobre a cultura, incluindo as interações entre eles e a estimativa de suas variâncias. Observa-se que os Ensaios Experimentais representaram a principal fonte de variação nos dados (35,4%), seguidos pela interação safra \times local (16,92%) e pelo efeito isolado do local (10,51%). Esses achados destacam a importância do desenvolvimento de modelos preditivos e de recomendações ajustadas tanto ao local quanto à safra de cultivo. Dessa forma, torna-se

essencial a adoção de modelos estatísticos capazes de captar a variabilidade entre as diferentes fontes ambientais, como estratégia para compreender os fatores que determinam o desempenho da cultura.

Já a quantidade de genótipos comuns entre os locais está apresentada na Figura 4.3 (A2, B2 e C2) por meio de um *heatmap*, o qual permite avaliar a confiabilidade da correlação genotípica entre pares de ambientes. Isso se deve ao fato de que, quanto maior o número de genótipos compartilhados, maior será a confiança na estimativa da correlação, uma vez que essas variáveis são diretamente proporcionais. Assim, a interação $G \times A$ pode ser estimada com maior precisão quando os genótipos são avaliados em múltiplos locais. Em contrapartida, a escassez de genótipos em comum pode aumentar o erro do modelo, dificultando a distinção entre efeitos ambientais e genéticos. Nesses casos, a baixa sobreposição genotípica tende a gerar correlações instáveis, o que compromete tanto a identificação de mega-ambientes quanto a interpretação da interação $G \times A$. Logo, o *heatmap* atua como um filtro de confiabilidade para os padrões observados nos gráficos de correlação em função da distância.

Adicionalmente, os gráficos que relacionam a correlação genotípica entre os BLUPs e a distância geográfica entre pares de locais (Figura 4.4 D, E, F) mostram o quão estáveis são os *rankings* genotípicos entre os ambientes. As correlações, extraídas das componentes de variância estimadas no modelo misto, permitem inferir em que medida o desempenho de um genótipo em um local se mantém em outro. De modo geral, quanto maior a variância da interação $G \times A$ e menor a variância atribuída ao genótipo, menor será essa correlação. Assim, à medida que os ambientes se distanciam geograficamente, os *rankings* dos genótipos tendem a se alterar. Além disso, também é possível identificar os tipos de resposta entre os dados por meio do padrão conhecido como “*decay*”. O termo *decay*, no contexto da interação $G \times A$, refere-se à redução da correlação entre os efeitos genotípicos (por exemplo, BLUPs) à medida que aumenta a distância entre os locais de avaliação. Esse comportamento é analisado por meio de curvas como *LOESS* ou regressões lineares, que permitem avaliar a consistência da resposta genotípica ao longo do espaço geográfico.

Esse fenômeno indica o grau de similaridade no desempenho dos genótipos em locais distintos, sendo um aspecto essencial para a identificação de mega-ambientes. Quando ocorre baixo *decay*, ou seja, quando as correlações genotípicas se mantêm elevadas mesmo entre locais geograficamente distantes, presume-se a existência de um único bloco ambiental coeso. Por outro lado, um *decay* acentuado revela forte diferenciação ambiental, sugerindo

a necessidade de segmentação entre os ambientes. De forma análoga, o conceito de LD *decay* (decaimento do desequilíbrio de ligação), utilizado na genética, descreve a perda de correlação entre alelos de diferentes loci à medida que aumenta a distância física entre eles no genoma. Um LD longo e estável indica regiões com baixa recombinação e forte ligação entre os marcadores, enquanto um LD *decay* rápido evidencia intensa recombinação e a presença de blocos gênicos independentes. Assim, tanto o *decay* quanto o LD *decay* expressam o grau de coesão entre ambientes ou entre marcadores genéticos, servindo como base para decisões de segmentação em suas respectivas áreas de estudo.

Usando essas informações, é possível ver na Figura 4.4 D, que a safra das Águas apresenta um platô elevado de correlações genotípicas, com a maioria dos pontos acima de 0,8, mesmo em distâncias superiores a 2000 km. A curva *LOESS* apresenta leves oscilações, mas mantém-se estável, o que indica que a reclassificação de genótipos entre pares de locais é mínima, independentemente da distância entre eles. Há, portanto, forte consistência na resposta genotípica entre os ambientes considerados. A ausência de padrão de decaimento com a distância sugere que esses ambientes compartilham uma mesma base adaptativa, o que dispensa a divisão em múltiplos mega-ambientes, ao menos sob a ótica da estabilidade dos *rankings* de BLUPs. Esse padrão, equivalente a um LD estável, caracteriza um único bloco coeso, sem necessidade de segmentação. Esses achados corroboram com a análise de *env_stratification* (Figura 4.3 A2), em que mesmo propondo a existência de três mega-ambientes, observa-se o predomínio do ME1, com baixa incidência dos demais, indicando a homogeneidade entre os locais, para essa safra. A matriz triangular de sobreposição genotípica reforça essa interpretação ao evidenciar uma alta densidade de genótipos em comum entre os ambientes, aumentando a confiabilidade do modelo.

Na Figura 4.4 E, referente à safra de Inverno, observa-se que a correlação média é inferior àquela da safra das Águas, mas a dispersão dos dados é maior, apresentando pontos com baixa correlação mesmo entre locais geograficamente próximos. A curva *LOESS* flutua, enquanto a linha vermelha de tendência linear apresenta um leve declínio. Esse padrão indica um início de *decay*, porém acompanhado de grande ruído local, indicando que fatores específicos do ambiente influenciam a resposta genotípica. De forma análoga ao LD *decay*, nesse gráfico é possível verificar o padrão LD *decay* intermediário e instável. Diante disso, pode-se considerar a formação de dois ou três mega-ambientes para a safra de Inverno, desde que essa decisão seja respaldada por análises complementares, como *clustering* ambiental e uso de covariáveis, como evidenciada pelo modelo *env_stratification*.

Na Figura 4.4 F, referente à safra da Seca, observa-se o único painel que apresenta um padrão claro de *decay*, no qual a correlação entre os *rankings* genotípicos diminui com o aumento da distância geográfica e a curva *LOESS* apresenta um declínio com variações abruptas. Além disso, as correlações são, em geral, mais baixas e há maior ocorrência de valores negativos. Esse comportamento indica um forte efeito da interação $G \times A$, com perda de consistência nos *rankings* genotípicos à medida que os locais se distanciam. Tais evidências justificam a necessidade de divisão em mega-ambientes, para garantir predições confiáveis. Essa interpretação é coerente com a figura 4.3 C2, em que contempla a estratificação proposta pelo método *env_stratification*, em que propõe a formação de até cinco mega-ambientes, refletindo ampla dispersão dos dados. A segmentação sugerida encontra respaldo na análise de *decay* e na baixa sobreposição genotípica observada entre os locais. O padrão identificado é análogo a um LD *decay* rápido, caracterizado por forte recombinação e ausência de coesão, o que reforça a necessidade de uma divisão clara entre ambientes.

Diante da complexidade da interação $G \times A$, sua variância e estimativa dos efeitos genéticos e ambientais, ressaltamos a importância da aplicação de estatísticos para verificar a relevância desses efeitos sobre a produtividade dessa cultura. Na literatura encontramos trabalhos semelhantes, tais como o Heinemann et al. (2017), no qual evidencia a necessidade de métodos estatísticos adequados para representar essa variabilidade para a cultura do feijão-comum. Adicionalmente, Chimenez-Frazon et al. (2022), ao avaliarem a produtividade do feijão-comum em 13 ambientes, identificaram variações nas variâncias experimentais, justificando o uso de modelagem mista com estimativas via REML/BLUP. Carvalho et al. (2020) ressaltaram a importância de considerar os ambientes específicos ao estimar ganhos genéticos em feijões do grupo preto, destacando a influência do solo e clima no desempenho genotípico. Abreu et al. (2019), ao analisarem genótipos de feijão-caupi, observaram predominância dos efeitos ambientais e da interação $G \times A$, com 80% de concordância entre GGE *Biplot* e REML/BLUP na seleção dos melhores materiais para o Mato Grosso do Sul. Santos et al. (2019) também demonstraram que a combinação dessas metodologias permitiu identificar genótipos produtivos, estáveis e responsivos para ampla ou específica adaptação no Brasil. Rizzardi et al. (2017) demonstraram que o uso da REML na estimação dos componentes de variância garante maior confiabilidade na seleção de genótipos superiores.

Vale salientar que para a aplicação eficaz dos modelos mistos, é fundamental considerar a conectividade entre os genótipos avaliados, visando maior assertividade nas predições. Nesse sentido, Resende et al. (2024) destacam que a análise $G \times A$ em múltiplos ambientes permite identificar padrões de adaptação e estabilidade, enquanto Costa-Neto et al. (2023) e Daemo (2024) reforçam o papel da segmentação ambiental na recomendação de cultivares. Já a análise por GGE *Biplot* permitiu destacar padrões de adaptação e estabilidade, evidenciando a influência da segmentação ambiental na definição de mega-ambientes. Tais resultados corroboram com Heinemann et al. (2022), que ressaltam a importância da estratificação ambiental e do uso de modelos preditivos para maximizar a estabilidade produtiva sob diferentes condições agrícolas.

4.4.3 Estabilidade e adaptabilidade genotípica em diferentes contextos ambientais

A aplicação dos índices de estabilidade e adaptabilidade, como os propostos por Lin & Binns, Annicchiarico (FW), PRVG e MHPRVG, mostrou-se eficiente na avaliação do desempenho dos genótipos de feijão-comum ao longo das diferentes safras (Águas, Seca e Inverno). Esses métodos permitiram ranquear as cultivares e recomendar os genótipos conforme a especificidade para cada safra.

Para a safra das Águas, o BRS Notável reafirmou seu potencial como genótipo superior, combinando elevado rendimento ($2.368,01 \text{ kg ha}^{-1}$) com estabilidade fenotípica (menor desvio padrão: 417,57) e ampla adaptabilidade ($W_i = 100,22$), atributos desejáveis para estratégias de indicação de cultivares voltadas à recomendação ampla. A consistência do desempenho desse material, mostrada por indicadores como o maior MHPRVG (1,055), reforça que sua performance não está restrita a ambientes específicos, mas sim sustentada por ampla adaptabilidade genotípica. Esse padrão também foi observado em genótipos como CNFC 15462 e CNFC 15086, que apresentaram produtividades próximas ($2.363,51$ e $2.363,15 \text{ kg ha}^{-1}$), alta estabilidade ($W_i = 101,18$ e $100,91$) e elevados valores genéticos (MHPRVG = 1,053 e 1,052). A CNFC 15462 destacou-se pelo menor valor de Lin & Binns (33.213,09), refletindo sua superior estabilidade. Por outro lado, a CNFC 15097, embora tenha obtido produtividade inferior ($2.332,45 \text{ kg ha}^{-1}$), apresentou pequena variação (DP = 421,01) e adequados índices de estabilidade e adaptabilidade ($W_i = 99,40$; MHPRVG = 1,039), apresentando terceira colocação do *ranking* geral.

Na safra de Inverno, os resultados evidenciaram uma maior variabilidade de respostas entre os ambientes, o que ressalta a importância de considerar não apenas o rendimento médio, mas também as estimativas de estabilidade e adaptabilidade na avaliação dos genótipos. Embora a CNFC 15070 tenha obtido a maior produtividade (2.080,90 kg ha⁻¹), seu destaque não se restringiu ao rendimento, mas também à elevada estabilidade e adaptabilidade fenotípica, refletidas nos maiores índices de MHPRVG (1,072) e PRVG (1,073), o que o posicionou como primeiro colocado no *ranking*. A presença de outros genótipos com bom desempenho em ambientes específicos, como a CNFC 16902, que obteve alta estabilidade ($W_i = 100,87$), baixo valor de Lin & Binns (40.110,64) e ótimo desempenho genético (MHPRVG = 1,069), indica que há alternativas promissoras para recomendações específicas. A CNFC 15462, mais uma vez entre os melhores genótipos, obteve produtividade de 2.058,11 kg ha⁻¹, *score* de 5,32 e valor genético harmônico de 1,060, posicionando-se como uma opção viável para ambientes variados.

A safra da Seca caracterizou-se pelas menores produtividades médias e pela maior dispersão entre os escores avaliativos, evidenciando uma forte interação $G \times A$, expressividade recorrente em contextos marcados por estresse hídrico e temperaturas elevadas. Nessa safra, o genótipo CNFC 16902 foi o principal destaque, demonstrando resiliência por meio de rendimento superior (1.658,88 kg ha⁻¹), alta estabilidade (menor desvio padrão: 313,88; menor W_i : 96,005) e adaptabilidade consistente (MHPRVG = 1,051), atributos que sustentam sua competitividade mesmo em condições desfavoráveis. Outros materiais, como a BRS FC402, evidenciaram desempenho produtivo semelhante (1.623,80 kg ha⁻¹), com boa estabilidade ($W_i = 96,096$) e *score* de 5,197, posicionando-se como uma alternativa viável, ainda que com estabilidade ligeiramente inferior.

Para o tipo Preto, na safra das Águas, a cultivar BRS FP403 reafirmou seu potencial como o material de melhor desempenho, combinando a maior produtividade (2.515 kg ha⁻¹), elevada estabilidade (menor Lin & Binns: 1.686) e ampla adaptabilidade ($W_i = 105,8$), indicativo de uma performance fenotípica média para uma maior amplitude de ambientes. A consistência do desempenho desse material foi reforçada pelos índices PRVG e MHPRVG (ambos = 1,12), que evidenciaram superioridade média nos ambientes avaliados. Apesar de apresentar $FW = 1,02$, indicando leve responsividade a ambientes mais favoráveis, o genótipo manteve estabilidade, o que reforça seu desempenho consistente. Outros genótipos como a CNFP 15670 (2.424 kg ha⁻¹), com estabilidade (Lin & Binns = 14.845), e BRS Esteio (2.497 kg ha⁻¹), com alta adaptabilidade ($W_i = 105,6$) e estabilidade

(Lin & Binns = 2.991), também apresentaram bom equilíbrio entre rendimento e estabilidade, ocupando a segunda e terceira posições no *ranking* geral, respectivamente.

Na safra de Inverno, a BRS FP403 manteve-se como o primeiro colocada, com produtividade média de 2.229 kg ha⁻¹, estabilidade (Lin & Binns = 1.716) e o maior índice de adaptabilidade (Wi = 107,8). Os valores de PRVG e MHPRVG (1,15) reafirmam seu desempenho consistentemente superior, mesmo sob condições menos favoráveis. O coeficiente FW = 1,08 indica responsividade a ambientes produtivos, sem perda de estabilidade. A linhagem CNFP 15194 também obteve desempenho satisfatório, com produtividade de 2.079 kg ha⁻¹, estabilidade adequada (Lin & Binns = 28.604) e índices de adaptabilidade elevados (Wi = 103,5; FW = 1,04), além de PRVG e MHPRVG = 1,07, o que lhe garantiu a segunda colocação. A linhagem CNFP 15361 manteve com alto desempenho produtivo (2.030 kg ha⁻¹), com estabilidade moderada (Lin & Binns = 52.160), Wi = 99,1 e PRVG = 1,05, posicionando-se em terceiro lugar no *ranking* da safra.

Na safra da Seca, a BRS FP403 novamente se destacou como o genótipo de melhor desempenho, com a maior produtividade média (1.744 kg ha⁻¹) e elevada adaptabilidade (Wi = 94,9). Apesar do coeficiente FW = 0,86, que sugere menor responsividade a ambientes altamente favoráveis, os valores de PRVG = 1,11 e MHPRVG = 1,10 atestam sua superioridade produtiva e estabilidade relativa, garantindo sua primeira colocação no *ranking* da safra. A cultivar BRS Esteio apresentou produtividade competitiva (1.678 kg ha⁻¹), estabilidade moderada (Lin & Binns = 23.161) e adaptabilidade satisfatória (Wi = 97,7), com valores genéticos relevantes (PRVG = 1,06; MHPRVG = 1,06), o que assegurou a segunda colocação. O genótipo IPR Bem-te-vi, com produtividade de 1.665 kg ha⁻¹, mostrou equilíbrio entre adaptabilidade (Wi = 95,7) e estabilidade (Lin & Binns = 30.255), com PRVG = 1,06 e MHPRVG = 1,05, posicionando-se na terceira colocação.

Diante desses resultados, a definição de genótipo superior refere-se àquele material genético que apresenta alta produtividade de forma consistente, aliada a estabilidade e ampla adaptabilidade em diferentes ambientes, demonstrando confiabilidade real. Em contrapartida, o conceito de sorte geográfica aplica-se aos genótipos que exibem alta produtividade apenas em condições ou locais específicos, sem manter essa performance de forma generalizada, revelando uma vantagem pontual que não se sustenta em contextos variados. Com base nessa distinção, observa-se que o genótipo BRS FP403 reuniu elevada produtividade com baixa variabilidade entre ambientes e alta adaptabilidade, demonstrando desempenho consistente e confiável, o que o caracteriza-se como um genótipo superior. Em

contrapartida, materiais genéticos com desempenho expressivo apenas em determinadas condições, embora produtivos, apresentaram elevada variabilidade e menor adaptabilidade, o que evidencia sua sensibilidade às variações ambientais e os configura como exemplos de “sorte geográfica”.

A análise das três safras avaliadas evidencia que a variabilidade ambiental exerce forte influência sobre o desempenho dos materiais, especialmente na safra da Seca, quando fatores como estresse hídrico e altas temperaturas acentuam a dispersão dos resultados. Nesse cenário, torna-se evidente a importância da estabilidade e da adaptabilidade, pois genótipos que apresentam este desempenho são os que efetivamente garantem rendimento confiável em condições adversas. Um exemplo adicional é a BRS Esteio, que, apesar de apresentar produtividade intermediária, mostrou adequado desempenho em estabilidade e adaptabilidade, sendo considerado confiável para diferentes ambientes e reforçando que esses atributos são tão relevantes quanto a produtividade na seleção e recomendação de cultivares.

Com base na literatura, os índices de estabilidade e adaptabilidade empregados se mostram eficiente para avaliar o desempenho dos genótipos de feijão-comum. Nascimento et al. (2024), por exemplo, avaliaram 11 genótipos de feijão-comum do grupo comercial preto em cinco locais e constataram concordância entre os métodos tradicionais de regressão linear (Lin & Binns e Eberhart & Russell) e a multivariada (GGE *Biplot*) na identificação dos genótipos com desempenho superior e estável. De forma semelhante, Baldin et al. (2021) avaliaram o rendimento de grãos de 27 genótipos de feijão em 16 ensaios conduzidos em nove locais no estado de Santa Catarina, no Brasil, onde observaram que a maior parte da variabilidade na produtividade dos genótipos foi atribuída aos efeitos ambientais, incluindo locais e anos agrícolas, e à interação $G \times A$, cujo efeito significativo foi confirmado por meio das análises GGE *biplot*.

Chimenez-Frazon et al. (2022), de forma semelhante, utilizaram o método média harmônica da performance relativa predita (HMRPGV) para classificar estatisticamente os genótipos superiores quanto à ampla adaptabilidade, alta estabilidade e elevado desempenho em produtividade de grãos. Souza et al. (2025) utilizaram o método HMRPGV, associado ao REML/BLUP, para ranquear genótipos de feijão-preto, em que análise integrada via HMRPGV demonstrou eficiente, corroborando resultados obtidos por métodos clássicos, já que as linhagens selecionadas coincidiram amplamente com aquelas identificadas pelo método de Lin & Binns, indicando alta correlação entre os índices.

4.5 CONCLUSÕES

- i) A análise individual das safras revelou maior dispersão entre os genótipos nas épocas das Águas e do Inverno.
- ii) A imputação dos dados ausentes por meio da análise de componentes principais (PCA) preservou a consistência do desempenho genotípico antes e após o preenchimento dos dados, reforçando a confiabilidade das estimativas fenotípicas (BLUP + efeitos fixos).
- iii) A safra das Águas apresentou consistência na resposta dos genótipos, sem evidência de decaimento na similaridade entre os ambientes. Na safra de Inverno, observou-se um leve decaimento associado a ruídos locais. A safra da Seca mostrou clara perda de consistência nos rankings genotípicos com o aumento da distância entre os locais, refletindo intensa interação $G \times A$.
- iv) A safra das Águas favoreceu a definição de um único mega-ambiente, a safra de Inverno indica a viabilidade de subdivisão em dois ou três e safra da Seca e reforçando a necessidade de estratificação em múltiplos mega-ambientes.
- v) O genótipo BRS FP403 se destacou, apresentando a melhor produtividade média em todas as safras, associada a alta estabilidade e ampla adaptabilidade, atributos que o qualificam como um candidato ideal para recomendações amplas.

5 CONSIDERAÇÕES FINAIS

População Alvo de Ambientes (TPE, do inglês *Target Population of Environments*) representa a área de interesse do melhorista, abrangendo tanto macrorregiões quanto microrregiões, desde grandes áreas agrícolas até subdivisões locais onde cultivares são testadas e cultivadas. Diante dessa relevância, a definição da TPE a partir de ensaios experimentais (*Multi-Environment Trials* - MET) e lavouras comerciais (*on-farm*), utilizando a função *TPEmap*, tem se mostrado eficiente, além de permitir ajustes das estimativas dos parâmetros conforme o objetivo final do material, tais como o tamanho dos *pixels*, os *buffers* e a concavidade. O tamanho do *buffer*, por exemplo, pode ser adaptado à heterogeneidade da paisagem agrícola, possibilitando que a caracterização espacial contemple tanto variações locais quanto padrões regionais mais amplos. Isso torna o processo de seleção de genótipos mais eficiente e representativo, além de ser uma ferramenta flexível para a avaliação das condições ambientais e espaciais.

Os modelos lineares mistos mostraram-se eficientes para quantificar a variação ambiental e a magnitude da interação $G \times A$, permitindo o uso dos BLUPs (*Best Linear Unbiased Predictions*) e para mensurar os efeitos genéticos e ambientais. Segundo os resultados, a imputação de dados também teve resultado satisfatório para preencher valores faltantes, especialmente nos casos em que determinados genótipos não foram testados em todos os ambientes.

A análise da similaridade entre ambientes ao longo das safras revelou distintos padrões de consistência na resposta genotípica, com implicações importantes para a definição de mega-ambientes. Na safra das Águas, não se observou evidência de decaimento na similaridade entre os locais, indicando forte consistência genotípica e sugerindo que os ambientes compartilham uma base adaptativa comum, o que favorece a definição de um único mega-ambiente. Já na safra de Inverno, embora o padrão de decaimento seja mais leve, foram identificados ruídos locais relacionados a fatores específicos, o que aponta para a viabilidade de subdivisão em dois ou três mega-ambientes, especialmente ao se considerar a estabilidade dos *rankings* genotípicos. Por fim, a safra da Seca apresentou o padrão mais acentuado de decaimento da similaridade entre ambientes, com alta variabilidade nas

respostas genotípicas e perda de consistência nos *rankings* à medida que os locais se distanciam, evidenciando uma forte interação $G \times A$ e reforçando a necessidade de delimitação de múltiplos mega-ambientes para essa safra.

Por fim, a análise combinada dos índices de estabilidade e adaptabilidade tem se mostrado ainda mais eficiente para compreender o comportamento genotípico, ampliando a recomendação de cultivares de forma mais assertiva. Ademais, as estimativas provindas de diferentes índices de modo conjunto propiciam maior informatividade e confiabilidade associadas ao caráter de interesse.

6 REFERÊNCIAS

ABREU, H. K. A. de; CECCON, G.; CORREA, A. M.; FACHINELLI, R.; YAMAMOTO, E. L. M.; TEODORO, P. E. Adaptability and stability of cowpea genotypes via REML/BLUP and GGE BILOT. **Bioscience Journal**, v. 35, n. 4, p. 1071-1082, 2019. <http://dx.doi.org/10.14393/bj-v35n4a2019-42125>.

ANNICCHIARICO, P. Cultivar adaptation and recommendation from alfafa trials in Northern Italy. **Journal of Genetics and Plant Breeding**, v.46, p.269-278, 1992.

BALDIN, R. C.; KAVALCO, S. A. F.; WOYANN, L. G.; RODRIGUES JUNIOR, A. A.; GOBATTO, D. R.; SILVA, G. R. da; BENIN, G.; FINATTO, T. Estabilidade produtiva de genótipos de feijão no estado de Santa Catarina. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 56, e02302, 2021. DOI: 10.1590/S1678-3921.pab2021.v56.02302.

BATES, D.; MACHLER, M; BOLKER, B; WALKER, S. Fitting linear mixed-effects models using lme4. **Journal of statistical software**, v. 67, p. 1-48, 2015.
CARVALHO, L. C. B.; DAMASCENO-SILVA, K. J.; ROCHA, M. M.; OLIVEIRA, G. C. X. Genotype x environment interaction in cowpea by mixed models. **Revista Ciencia Agronomica**, v. 48, n. 5, 872-878, 2017. <https://doi.org/10.5935/1806-6690.20170103>

CONAB. Companhia Nacional de Abastecimento. **Acompanhamento da safra brasileira de grãos (nono levantamento)**, Brasília. v. 9, p. 1-142, 2024.

BAHIA, M. A. M.; MARCATTI, G. E.; BRESEGHELLO, F.; MELO, P. G. S.; DIAS, Kaio O. G.; XU, Y.; RESENDE, R. T. Predictive Ability of Enviromic Modeling in G×E Interactions for Upland Rice Site Recommendations. **bioRxiv**, preprint, 5 abr. 2025. <https://doi.org/10.1101/2025.04.05.647387>.

CONAB. Companhia Nacional de Abastecimento. **Acompanhamento da safra brasileira de grãos**, v. 12, safra 2024/25, nº 4. Disponível em: <https://www.conab.gov.br/>. Acesso em: 02 abr. 2025.

CONAB. Companhia Nacional de Abastecimento. **Calendário de plantio e colheita de grãos no Brasil 2022**. Brasília: Conab, 2022. Disponível em: <http://www.conab.gov.br>. Acesso em: 17 jun. 2025.

CARVALHO, L. C. B.; DAMASCENO-SILVA, K. J. ; ROCHA, M. de M.; OLIVEIRA, G. C. X. Genotype x environment interaction in cowpea by mixed models. **Revista Ciência Agrônômica**, [S.L.], v. 48, n. 5, p. 872-878, 2017. GN1 Sistemas e Publicacoes Ltd.. <http://dx.doi.org/10.5935/1806-6690.20170103>.

CARVALHO, I. R.; DA SILVA, J. A. G.; FERREIRA, L. L.; SZARESKI, V. J.; DEMARI, G. H.; LAUTENCHLEGER, F.; MENEGHELLO, G. E.; MATTER, E. M.; MAGANO, D. A.; DE SOUZA, V. Q. REML/BLUP applied to characterize important

agronomic traits in segregating generations of bean (*Phaseolus vulgaris* L.). **Australian Journal of Crop Science**, v. 14, n. 3, p. 391–399, 1 mar. 2020.

COSTA-NETO, G.; FRITSCHÉ-NETO, R. Enviromics: bridging different sources of data, building one framework. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 21, e 393521S12, 2021. <https://doi.org/10.1590/1984-70332021v21sa25>

CHIMENEZ-FRANZON, R.; GONÇALVES-VIDIGAL, M. C.; VALENTINI, G.; DOMINGOS MOIANA, L.; SOTO, R. I. C.; SOUSA, L. L.; FILHO, P. S. V. Genetic parameters, yield adaptability and stability of common bean obtained through mixed model's analyses. **Agronomy Science and Biotechnology**, v. 8, p. 1–16, 25 fev. 2022.

COSTA NETO, G. M. F.; FRITSCHÉ NETO, R. Enviromics: bridging different sources of data, building one framework. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, Viçosa, v. 21, art. e393521S12, p. 1–14, 2021. DOI: 10.1590/1984-70332021v21Sa25.

COSTA-NETO, G. M. F.; RESENDE, R. T.; FRITSCHÉ-NETO, R.; HEINEMANN, A. B. Ambientômica. *In: Melhoria de Precisão*, Brasília: Embrapa, 2023. p. 195-226. <https://ainfo.cnptia.embrapa.br/digital/bitstream/doc/1155985/1/36769.pdf>

CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. 3. ed. Viçosa: UFV, 2012. 514 p.

DAEMO, B. B. Genotype by environment interaction and performance stability of common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) cultivars grown in Dawuro zone, Southwestern Ethiopia. **Open Agriculture**, v. 9, n. 1, 2024. <https://doi.org/10.1515/opag-2022-0288>

DES MARAIS, D. L.; HERNANDEZ, K. M.; JUENGER, T. E. Genotype-by-environment interaction and plasticity: Exploring genomic responses of plants to the abiotic environment **Annual Review of Ecology, Evolution, and Systematics**, v. 44, n. 1, p. 5-29, 2013. <https://doi.org/10.1146/annurev-ecolsys-110512-135806>

EBERHART, S. A.; RUSSELL, W. A. Stability parameters for comparing varieties. **Crop Science**, v. 6, p. 36–40, 1966. DOI: 10.2135/cropsci1966.0011183X000600010011x

EEUWIJK, F. A. V.; BUSTOS-KORTS, D. V.; MALOSETTI, M. What Should Students in Plant Breeding Know About the Statistical Aspects of Genotype × Environment Interactions? **Crop Science**, v. 56, n. 5, p. 2119-2140, 2016. <https://doi.org/10.2135/cropsci2015.06.0375>

ELIAS, A. A.; ROBBINS, K. R.; DOERGE, R. W.; TUINSTRÁ, M. R. Half a Century of Studying Genotype × Environment Interactions in Plant Breeding Experiments. **Crop Science**, v. 56, n. 5, 2090-2105, 2016. <https://doi.org/10.2135/cropsci2015.01.0061>

FERREIRA, C. M.; ALEXANDRE, J.; BARRIGOSSÍ, F.; TÉCNICOS, E. **Arroz e feijão tradição e segurança alimentar**, Brasília: Embrapa, 2021.

FILLA, V. A.; COELHO, A. P.; BETTIOL, J. V. T.; LEAL, F. T.; LEMOS, L. B.; ROSALEN, D. L. Model performance in estimating the yield of common bean cultivars.

Revista Ciencia Agronomica, v. 54, p. e20217835, 2022. <https://doi.org/10.5935/1806-6690.20230002>

FINLAY, K. W.; WILKINSON, G. N. The analysis of adaptation in a plant-breeding programme. **Australian journal of agricultural research**, v. 14, n. 6, p. 742-754, 1963.

FIREW, A. M.; AMSALU, B.; TSEGAYE, D. Additive main effects and multiplicative interaction (AMMI) and genotype main effect and genotype by environment interaction (GGE) biplot analysis of large white bean (*Phaseolus vulgaris* L.) genotypes across environments in Ethiopia. **African Journal of Agricultural Research**, v. 14, n. 35, p. 2135-2145, 2019. <https://doi.org/10.5897/ajar2019.14180>

HEINEMANN, A. B.; COSTA-NETO, G.; FRITSCHÉ-NETO, R.; MATTA, D. H.; FERNANDES, I. K. Enviromic prediction is useful to define the limits of climate adaptation: A case study of common bean in Brazil. **Field Crops Research**, v. 286, 108628, 2022. <https://doi.org/10.1016/j.fcr.2022.108628>

HEINEMANN, A. B.; RAMIREZ-VILLEGAS, J.; STONE, L. F.; DIDONET, A. D. Climate change determined drought stress profiles in rainfed common bean production systems in Brazil. **Agricultural and Forest Meteorology**, v. 246, p. 64-77, 2017. <https://doi.org/10.1016/j.agrformet.2017.06.005>

HEINEMANN, A. B.; RAMÍREZ-VILLEGAS, J.; SOUZA, T. L. P. O. de; DIDONET, A. D.; DI STEFANO, J. G.; BOOTE, K. J.; JARVIS, A. Drought impact on rainfed common bean production areas in Brazil. **Agricultural and Forest Meteorology**, v. 225, p. 57-74, 2016. DOI: 10.1016/j.agrformet.2016.05.010.

LANDAU, E. C.; MOURA, L. Evolução da Produção de Feijão (*Phaseolus vulgaris*, *Fabaceae*). In: LANDAU, E. C.; SILVA, G. A.; MOURA, L.; HIRSCH, A.; GUIMARAES, D. P. **Dinâmica da produção agropecuária e da paisagem natural no Brasil nas últimas décadas: produtos de origem vegetal**. Brasília: Embrapa, 2020. p. 739-798.

LIGARRETO, G. Genotype x environment interaction in the iron and zinc biofortification of common bean grains. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 23, n. 2, e43782321, 2023. <https://doi.org/10.1590/1984>

LIMA, N. R. W.; SODRÉ, G. A.; LIMA, H. R. R.; PAIVA, S. R.; LOBÃO, A. Q.; COUTINHO, A. J. Plasticidade Fenotípica. **Revista de Ciência Elementar**, v. 5, n. 2, p. 1-7, 2017. <https://doi.org/10.24927/rce2017.017>

LIN, C. S.; BINNS, M. R. A superiority measure of cultivar performance for cultivar× location data. **Canadian journal of plant science**, v. 68, n. 1, p. 193-198, 1988.

MARCATTI, G. E.; RESENDE, R. T.; RESENDE, M. D. V.; RIBEIRO, C. A. A. S.; SANTOS, A. R.; CRUZ, J. P.; LEITE, H. G. GIS-based approach applied to optimizing recommendations of Eucalyptus genotypes. **Forest Ecology and Management**, v. 392, p. 144-153, 2017. <https://doi.org/10.1016/j.foreco.2017.03.006>

MARQUES, L. P.; PINA, T. P. Desempenho agrônomo de cultivares de feijão (*Phaseolus vulgaris*) em solo latossolo vermelho eutrófico. **Revista Puxirum**, v. 1, n. 2, 2023. <https://doi.org/10.33872/puxirum.v1n2.e008>

MELO, L. C. **Procedimentos para condução de experimentos de Valor de Cultivo e Uso em Feijoeiro Comum**. Santo Antônio de Goiás: Embrapa Arroz e Feijão, 2009.

MELO, L. C.; MELO, P. G. S.; FARIA, L. C.; DIAZ, J. L. C.; DEL PELOSO, M. J.; RAVA, C. A.; COSTA, J. G. C. Interaction with environment and stability of common bean genotypes in the South Centre Region of Brazil. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 42, p. 715-723, 2007. <https://doi.org/https://doi.org/10.1590/S0100-204X2007000500015>

MELO, L. C.; DEL PELOSO, M. J.; PEREIRA, H. S.; FARIA, L. C.; COSTA, J. G. C.; DÍAZ, J. L. C.; RAVA, C. A.; WENDLAND, A.; ABREU, Â. F. B. BRS Estilo-Common bean cultivar with Carioca grain, upright growth and high yield potential. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 10, p. 377-379, 2010. <https://doi.org/https://doi.org/10.1590/S1984-70332010000400015>

MELO, L. C.; SILVA, A. C. F.; PEREIRA, H. S.; MELO, P. G. S.; SOUZA, T. L. P. O. Genetic diversity as an additional selection criterion in a carioca common bean recurrent selection program for resistance to common bacterial blight. **Genetics and Molecular Research**, v. 18, n. 4, p. 1-15, 2019. <https://doi.org/10.4238/gmr18368>

MELO, P. G. S.; ALVARES, R. C.; PEREIRA, H. S.; BRAZ, A. J. B. P.; FARIA, L. C.; MELO, L. C. Adaptability and stability of common bean genotypes in family farming systems. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 53, n. 2, p. 189-196, 2018. <https://doi.org/10.1590/S0100-204X2018000200007>

MONTEVERDE, E.; GUTIERREZ, L.; BLANCO, P.; PÉREZ DE VIDA, F.; ROSAS, J. E.; BONNECARRÈRE, V.; QUERO, G.; MCCOUCH, S. Integrating Molecular Markers and Environmental Covariates To Interpret Genotype by Environment Interaction in Rice (*Oryza sativa* L.) Grown in Subtropical Areas. **G3 Genes Genomes Genetics**, v. 9, n. 5, p. 1519-1531, 2019. <https://doi.org/10.1534/g3.119.400064>

NASCIMENTO, M. R.; DAHER, R. F.; AMARAL JÚNIOR, A. T.; GRAVINA, G. A.; SOUZA FILHO, B. F.; SOUZA, A. G.; AMBRÓSIO, M.; SANTANA, J. G. S.; VIDAL, A. K. F.; FREITAS, R. S.; LEITE, C. L.; SANTOS, P. R.; COSTA, A. F.; MELO, L. C. Selection of black bean pre-cultivars based on adaptability and stability for the State of Rio de Janeiro. **Brazilian journal of biology**, v. 84, p. e286241, 2024.

NUNES, J. A. R.; RAMALHO, M. A. P.; ABREU, A. F. B. Graphical method in studies of adaptability and stability of cultivars. **Annual Report of the Bean Improvement Cooperative**, v. 48, p. 182-183, 2005.

OLIVEIRA, G. M.; WANDER, A. E. Mapeamento da cadeia produtiva do feijão-comum no Brasil. **Revista Economia Política Do Desenvolvimento**, v. 14, n. 32, p. 96-122, 2023. <https://doi.org/10.28998/2594-598X.2023v14n32p96-122>

OLIVOTO, T.; LÚCIO, A. D. metan: An R package for multi-environment trial analysis. **Methods in Ecology and Evolution**, v. 11, n. 6, p. 783-789, 2020.

PEREIRA, H. S.; ALVARES, R. C.; SILVA, F. C.; FARIA, L. C.; MELO, L. C. Genetic, environmental and genotype x environment interaction effects on the common bean grain yield and commercial quality. **Semina: Ciências Agrárias**, v. 38, n. 3, p. 1241-1250, 2017. <https://doi.org/10.5433/1679-0359.2017v38n3p1241>

PEREIRA, H. S.; FARIA, L. C.; WENDLAND, A.; COSTA, J. G. C.; SOUZA, T. L. P. O.; MELO, L. C. Genotype by environment interaction for disease resistance and other important agronomic traits supporting the indication of common bean cultivars. **Euphytica**, v. 214, n. 1, 2018. <https://doi.org/10.1007/s10681-017-2093-z>

PEREIRA, H. S.; MELO, L. C.; FARIA, L. C.; DEL PELOSO, M. J.; DÍAZ, J. L. C.; WENDLAND, A. Indication of common bean cultivars based in joint evaluation of different growing seasons. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 45, n. 6, p. 571-578, 2010. <https://doi.org/10.1590/S0100-204X2010000600006>

PIEPHO, H. P. Implication of correlations among some common stability statistics. **Theoretical and Applied Genetics**, v. 90, n. 3-4, p. 457-461, mar. 1995. DOI:10.1007/BF00221990

PIEPHO, H. P. Prediction of and for new environments: What's your model? **Molecular Plant**, v. 15, n. 4, p. 581-582, 2022. <https://doi.org/10.1016/j.molp.2022.01.018>

R CORE TEAM. R: A language and environment for statistical computing. R Foundation for Statistical Computing, 2024. <https://www.r-project.org/>

RAMALHO, M. A. P.; SANTOS, J. B.; ZIMMERMANN, M. J. O. **Genética quantitativa em plantas autógamas: aplicações ao melhoramento do feijoeiro**. Goiânia: Universidade Federal de Goiás, 1993. 271 p.

RAMALHO, M. A. P.; DIAS, L. A. S.; CARVALHO, B. L. Contributions of plant breeding in Brazil-progress and perspectives. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 2, p. 111-120, 2012. <https://doi.org/https://doi.org/10.1590/S1984-70332012000500012>

REDDY, B. R.; PANDEY, M.; SINGH, J.; SINGH, P. M.; RAI, N. Principal Component Analysis and Stability of Genotypes in French Bean (*Phaseolus vulgaris* L.). **Legume Research**, v. 47, n. 5, p. 745-750, 1 abr. 2024.

RESENDE, R. T.; PIEPHO, H.; ROSA, G. J.M.; SILVA-JUNIOR, O. B.; SILVA, F. F. e; RESENDE, M. D. V. de; GRATTAPAGLIA, D. Enviromics in breeding: applications and perspectives on envirotypic-assisted selection. **bioRxiv**, 2019. <https://doi.org/10.1101/726513>.

RESENDE, R. T.; CHENU, K.; RASMUSSEN, S. K.; HEINEMANN, A. B.; FRITSCHENETO, R. Editorial: Enviromics in Plant Breeding. **Frontiers in Plant Science**, v. 13, 2022. <https://doi.org/10.3389/fpls.2022.935380>

RESENDE, R. T.; HICKEY, L.; AMARAL, C. H.; PEIXOTO, L. L.; MARCATTI, G. E.; XU, Y. Satellite-enabled enviromics to enhance crop improvement. **Molecular Plant**, v. 17, n. 6, p. 848-866, 2024. <https://doi.org/10.1016/j.molp.2024.04.005>

RESENDE A, R. T.; XAVIER, A.; SILVA, P. I. T.; RESENDE, M. P. M.; JARQUIN, D.; MARCATTI, G. E. GIS-based $G \times E$ modeling of maize hybrids through enviromic markers engineering. **New Phytologist**, v. 245, n. 1, p. 102-116, 2024. <https://doi.org/10.1111/nph.19951>

RESENDE, R. T.; PIEPHO, H. P.; ROSA, G. J. M.; SILVA-JUNIOR, O. B.; SILVA, F. F.; RESENDE, M. D. V.; GRATTAPAGLIA, D. Enviromics in breeding: applications and perspectives on envirotypic-assisted selection. **Theoretical and Applied Genetics**, v. 134, n. 1, p. 95-112, 2021. <https://doi.org/10.1007/s00122-020-03684-z>

RIZZARDI, D. A.; CONTRERAS-SOTO, R. I.; FIGUEIREDO, A. S. T.; ANDRADE, C. A. B.; SANTANA, R. G.; SCAPIM, C. A. Generalized mixed linear modeling approach to analyze nodulation in common bean inbred lines. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 52, n. 12, p. 1178-1184, 2017. <https://doi.org/10.1590/s0100-204x2017001200006>

SAKAI, T.; FUJIOKA, T.; UEMURA, T.; SAITO, S.; TERAUCHI, R.; ABE, A. Whole-genome analysis of recombinant inbred rice lines reveals a quantitative trait locus on chromosome 3 with genotype-by-environment interaction effects. **G3: Genes, Genomes, Genetics**, v. 13, n. 6, 2023. <https://doi.org/10.1093/g3journal/jkad082>

SALVADOR, F. V.; ANJOS, R. S. R.; MARÇAL, T. S.; ROCHA, J. R. A. S. C.; PEREIRA, G. S.; PAULA, R. G.; CARNEIRO, P. C. S.; CARNEIRO, J. E. S. Accounting for heterogeneous genotypic variance of progenies within populations in autogamous plant breeding: An evaluation in common bean. **Crop Science**, v. 61, n. 6, p. 3947-3961, 2021. <https://doi.org/10.1002/csc2.20590>

SANTOS, P. R.; DE OLIVEIRA, T. R. A.; SKEEN, P.; NASCIMENTO, M. R.; DA SILVA COSTA, K. D.; ARAÚJO, E. R.; PEREIRA, H. S.; DA COSTA, A. F. GGE Biplot and REML/BLUP based-analysis of yield stability and adaptability for common beans in multi-environment trials. **Revista Brasileira de Ciências Agrárias**, v. 14, n. 2, p. 1–8, 2019.

SILVA, O. F.; WANDER, A. E. **O Feijão-Comum no Brasil Passado, Presente e Futuro**. Santo Antônio de Goiás: Embrapa Arroz e Feijão, 2013.

SILVA, O. F.; WANDER, A. E.; DIAZ, J. L. C.; MARANGON, M. A. Impacto econômico da nova cultivar de feijão-comum (*Phaseolus vulgaris* L.) BRS FP403 no sul do Brasil. In: 61º Congresso da Sociedade Brasileira de Economia, Administração e Sociologia Rural (SOBER), Piracicaba, 2023. **Anais [...]**, Piracicaba: ESALQ/USP, 2023. <https://doi.org/10.29327/sober2023.620587>

SOUZA, A. G.; DAHER, R. F.; SANTANA, J. G. S.; AMBROSIO, M.; NASCIMENTO, M. R.; VIDAL, A. K. F.; SOUZA FILHO, B. F.; MELO, L. C.; GRAVINA, G. A.; SANTOS, R. M.; LEITE, C. L.; FARIAS, J. E. C.; STIDA, W. F.; ROCHA, R. S.

Adaptability and stability of black bean genotypes for Rio de Janeiro, by GGE biplot analysis. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 23, n. 2, 2023. <https://doi.org/10.1590/1984>

S OUZA, A. G.; DAHER, R. F.; NASCIMENTO, M. R.; FILHO, B. F. de S.; MELO, L. C.; GRAVINA, G. de A.; AMBRÓSIO, M.; SANTANA, J. G. S.; VIDAL, A. K. F.; SANTOS, R. M.; LEITE, C. L.; FARIAS, J. E. C.; FREITAS, R. de S.; ROCHA, R. S. Black bean genotypes for adaptability, stability, and productivity via mixed models for the state of Rio de Janeiro, Brazil. **Ciencia Rural**, v. 55, n. 3, 2025.

XU, Y. Envirotyping for deciphering environmental impacts on crop plants. **Theoretical and Applied Genetics**, v. 129, n. 4, p. 653-673, 2016. <https://doi.org/10.1007/s00122-016-2691-5>

XU, Y.; ZHANG, X.; LI, H.; ZHENG, H.; ZHANG, J.; OLSEN, M. S.; VARSHNEY, R. K.; PRASANNA, B. M.; QIAN, Q. Smart breeding driven by big data, artificial intelligence, and integrated genomic-enviromic prediction. **Molecular Plant**, v. 15, n. 11, p. 1664-1695, 2022. <https://doi.org/10.1016/j.molp.2022.09.001>

YAN, W.; KANG, M. S. **GGE biplot analysis**: A graphical tool for breeders, geneticists, and agronomists. Boca Raton: CRC press, 2002.

YAN, W.; HUNT, L. A.; SHENG, Q.; SZLAVNICS, Z. Cultivar evaluation and mega-environment investigation based on the GGE biplot. **Crop science**, v. 40, n. 3, p. 597-605, 2000.

APÊNDICES

Apêndice A. *Box-plot* da produtividade (kg ha^{-1}) dos genótipos de feijão-comum, considerando as três safras anuais (Águas, Seca e Inverno) e os dois tipos comerciais (Carioca e Preto), com base em dados obtidos em ensaios multiambientais realizados entre 2011 e 2018.

