

JOSÉ TIAGO BARROSO CHAGAS

**MODELOS BAYESIANOS PROBABILÍSTICOS NO MELHORAMENTO DO
FEIJOEIRO**

Tese apresentada à Universidade Federal de Viçosa, como parte das exigências do Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento, para obtenção do título de *Doctor Scientiae*,

Orientador: José Eustáquio de Souza Carneiro

Coorientadores:

Kaio Olímpio das Graças Dias
Pedro Crescêncio Souza Carneiro

**VIÇOSA - MINAS GERAIS
2024**

**Ficha catalográfica elaborada pela Biblioteca Central da Universidade
Federal de Viçosa - Campus Viçosa**

T

C433m Chagas, José Tiago Barroso, 1996-
2024 Modelos bayesianos probabilísticos no melhoramento do
feijoeiro / José Tiago Barroso Chagas. – Viçosa, MG, 2024.
1 tese eletrônica (47 f.): il. (algumas color.).

Inclui apêndice.

Orientador: José Eustáquio de Souza Carneiro.

Tese (doutorado) - Universidade Federal de Viçosa,
Departamento de Agronomia, 2024.

Inclui bibliografia.

DOI: <https://doi.org/10.47328/ufvbbt.2024.121>

Modo de acesso: World Wide Web.

1. Feijão - Melhoramento genético. 2. *Phaseolus vulgaris*.
3. Interação genótipo- ambiente Feijão - Seleção - Avaliação.
I. Carneiro, José Eustáquio de Souza, 1960-. II. Universidade
Federal de Viçosa. Departamento de Agronomia. Programa de
Pós-graduação em Genética e Melhoramento. III. Título.

CDD 22. ed. 635.652

JOSÉ TIAGO BARROSO CHAGAS

**MODELOS BAYESIANOS PROBABILÍSTICOS NO MELHORAMENTO DO
FEIJOEIRO**

Tese apresentada à Universidade Federal de Viçosa, como parte das exigências do Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento, para obtenção do título de *Doctor Scientiae*.

APROVADA: 26 de fevereiro de 2024.

Assentimento:

Documento assinado digitalmente
 JOSE TIAGO BARROSO CHAGAS
Data: 06/04/2024 11:14:38-0300
Verifique em <https://validar.iti.gov.br>

José Tiago Barroso Chagas
Autor

Documento assinado digitalmente
 JOSE EUSTAQUIO DE SOUZA CARNEIRO
Data: 05/04/2024 20:13:15-0300
Verifique em <https://validar.iti.gov.br>

José Eustáquio de Souza Carneiro
Orientador

Aos meus pais e família.

AGRADECIMENTOS

Agradeço a Deus por sua infinita misericórdia.

Aos meus pais, José Nicodemos e Maria Vanusa, assim como aos meus queridos avós, Godofredo e Maria. Não posso deixar de expressar minha gratidão às minhas tias Valdirene e Vaneila, e aos meus tios Márcio e Marcos.

À Universidade Federal de Viçosa, pela oportunidade de desfrutar do conhecimento e ingressar na pós-graduação.

Ao meu orientador professor José Eustáquio pelos diversos ensinamentos que edificaram a minha conduta.

Ao meus coorientadores professor Pedro Crescêncio, professor Kaio Olímpio pela orientação e apoio.

Aos membros da banca de qualificação e defesa de tese pelas valiosas contribuições ao presente trabalho.

Aos funcionários do laboratório do programa Feijão e da estação experimental de Coimbra, Chiquinho, Gilberto, Pereira, Sebastião, Beto, Carlinhos, Potoca, Nilson, Fonseca e Douglas, por todo apoio na realização dos experimentos.

Aos meus amigos do programa Feijão pela ajuda no preparo, condução dos experimentos, além dos resultados obtidos fica a amizade de longa data.

Aos meus colegas do laboratório de biometria pela parceria, convivência e amizade.

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

Ao Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPQ) pelo apoio na realização de projetos do programa feijão UFV.

À Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado de Minas Gerais (FAPEMIG) pelo apoio na realização de projetos do programa feijão UFV.

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

“Dentro de nós há uma coisa que não tem nome, essa coisa é o que somos.”.

(José Saramago)

RESUMO

CHAGAS, José Tiago Barroso D.Sc., Universidade Federal de Viçosa, fevereiro de 2024. **Modelos Bayesianos probabilísticos no melhoramento do feijoeiro.** Orientador: José Eustáquio de Souza Carneiro. Coorientadores: Pedro Crescêncio Souza Carneiro e Kaio Olímpio das Graças Dias.

A seleção de progênies avaliadas em diferentes safras, locais e anos é um desafio para os melhoristas em programas de melhoramento de plantas. Isto porque, em geral, condições ambientais diversas podem promover a expressão diferencial dos genes envolvidos no controle dos caracteres de interesse, resultando na interação genótipos x ambientes ($G \times A$). Explorar a interação ($G \times A$) potencializa a seleção das progênies de desempenho mais estáveis ao longo dos ambientes. Tem se mostrado que os modelos bayesianos probabilísticos consideram os efeitos da interação $G \times A$ para computar o risco de recomendar um dado candidato à seleção. Assim, o objetivo com este trabalho foi utilizar um índice baseado em modelos bayesianos probabilísticos na seleção de famílias de feijoeiro, visando o melhoramento do feijão carioca. Para isto, 380 famílias de feijoeiro oriundas do terceiro ciclo de seleção recorrente do programa de melhoramento de feijão carioca da UFV foram avaliadas em quatro safras quanto às características produtividade de grãos (PROD), aspecto comercial de grãos (ACG) e arquitetura da planta (ARQ). O índice de seleção Bayesiano multiambientes utilizou a probabilidade da performance superior com a intensidade de seleção de 20% na identificação das famílias superiores. Dez famílias foram selecionadas, apresentando maior probabilidade de estarem dentre os candidatos destaques em todos os ambientes para as características PROD, ACG e ARQ de forma simultânea, quando comparadas às testemunhas de referência BRSMG Zape, BRSMG Madrepérola e BRS Pérola para as características PROD, ACG e ARQ, respectivamente. O índice de seleção se mostrou promissor na seleção de famílias em programa de melhoramento de feijão.

Palavras-chave: Interação genótipos x ambientes; Extração de linhagens; Seleção recorrente, Índice de seleção, *Phaseolus vulgaris* L.

ABSTRACT

CHAGAS, José Tiago Barroso, D.Sc., Universidade Federal de Viçosa, February, 2024. **Probabilistic Bayesian models in common bean breeding**. Advisor: José Eustáquio de Souza Carneiro. Co-advisers: Pedro Crescêncio Souza Carneiro and Kaio Olímpio das Graças Dias.

Selecting progenies evaluated in different seasons, locations and years is a challenge for breeders in plant breeding programs. This is because, in general, different environmental conditions can promote the differential expression of genes involved in interest's trait control, resulting in the genotypes x environments (G×E) interaction. Exploring the (G×E) interaction enables the selection of progenies with the most stable performance across environments. Probabilistic Bayesian models have been shown to consider the effects of the G×E interaction to compute the risk of recommending a given candidate for selection. The aim of this work was to use an index based on probabilistic Bayesian models to select bean families, with a view to carioca common bean breeding. To this end, 380 bean families from the third cycle of recurrent selection in the UFV carioca common bean breeding program was evaluated over four seasons for the traits grain yield (PROD), commercial grain appearance (ACG) and plant architecture (ARQ). The Bayesian multi-environment selection index used the probability of superior performance with a selection intensity of 20% to identify superior families. Ten families were selected with a higher probability of being among the outstanding candidates in all environments for the PROD, ACG and ARQ traits simultaneously, when compared to the reference witnesses BRSMG Zape, BRSMG Madrepérola and BRS Pérola for the PROD, ACG and ARQ traits, respectively. The selection index proved promising for selecting families in a bean breeding program.

Keywords: Genotype-by-environment interaction; Inbred lines extraction; Recurrent selection; Selection Index; *Phaseolus vulgaris* L.

LISTA DE ILUSTRAÇÕES

Figura 1 - Distribuição dos dados gerados pelo modelo e o ajuste com os dados reais para as características produtividade de grãos (A), aspecto comercial de grãos (B) e arquitetura de plantas (C), em feijão carioca.....	28
Figura 2 - Probabilidade condicional de pertencer ao grupo dos 20% com performance superior nos ambientes AGU19, INV20, SEC21 e SEC22 para as características PROD (A), ACG (B) e ARQ (C).....	30
Figura 3 - Probabilidade marginal de cada famílias e testemunha estar entre os 20% melhores em todos os ambientes em relação às características produtividade de grãos (A), aspecto comercial de grãos (B) e arquitetura de plantas (C)	32
Figura 4 - Famílias selecionadas com base no índice de seleção Bayesiano multiambientes para as características produtividade de grãos (PROD), aspecto comercial de grãos (ACG) e arquitetura de planta de feijão carioca (ARQ)	34
Figura 5 - Ranking das famílias selecionadas pelo de seleção Bayesiano multiambientes para as características PROD (A), ACG (B) e ARQ (C).....	35
Figura 6 - Probabilidade par-a-par da performance superior, em todos os ambientes, das 12 famílias de feijão carioca selecionadas para características de produtividade de grãos (A), aspecto comercial de grãos (B) e arquitetura de plantas de feijão carioca (C)	36
Figura S7 - Histograma da performance dos genótipos avaliados para PROD nas safras Inverno 2020, Seca 2021 e Seca 2022	44
Figura S8 - Histograma da performance dos genótipos avaliados para ACG nas safras Seca 2021 e Seca 2022	45
Figura S9 - Histograma da performance dos genótipos avaliados para ARQ nas safras Águas 2019, Inverno 2020, Seca 2021 e Seca 2022	46

LISTA DE TABELAS

Tabela 1 - Teste de razão de verossimilhança (LRT) do efeito genotípico das famílias de feijão carioca para as características PROD, ACG e ARQ nas safras Águas 2019 (AGU19), Inverno 2020 (INV20), Seca 2021 (SEC21) e Seca 2022 (SEC22).....	26
Tabela 2 - Teste de razão de verossimilhança dos efeitos genotípico e da interação GxA das famílias de feijão carioca para as características PROD, ACG e ARQ sob análise conjunta de todas as safras.	27
Tabela 3 - Componentes de variância (CP), intervalos de credibilidade da distribuição à <i>posteriori</i> (IMDP – percentis de 0,05 e 0,95) associados aos efeitos de genótipos, ambientes, interação genótipos x ambientes (GxA) referentes às características produtividade de grãos (PROD), aspecto comercial de grãos (ACG) e arquitetura de plantas (ARQ) avaliadas em famílias de feijão carioca.....	29
Tabela S4 - Probabilidades condicionais (p) e medias ajustadas (m) das 12 famílias de feijão carioca selecionadas pelo índice de seleção Bayesiano multiambientes para a característica PROD nas safras Águas 2019 (A19), Inverno 2020 (I20), Seca 2021 (S21) e Seca 2022 (S22)	46
Tabela S5 - Probabilidades condicionais (p) e medias ajustadas (m) das 12 famílias de feijão carioca selecionadas pelo índice de seleção Bayesiano multiambientes para a característica ACG nas safras Inverno 2020 (INV20), Seca 2021 (SEC21) e Seca 2022 (SEC22).....	47
Tabela S6 - Probabilidades condicionais (p) e medias ajustadas (m) das 12 famílias de feijão carioca selecionadas pelo índice de seleção Bayesiano multiambientes para a característica ARQ nas safras Seca 2021 (SEC21) e Seca 2022 (SEC22) ...	47

SUMÁRIO

RESUMO	6
ABSTRACT	7
1. INTRODUÇÃO	12
2. REFERENCIAL TEÓRICO.....	14
2.1. Feijão comum.....	14
2.2. Melhoramento do feijoeiro	14
2.4. Inferência Bayesiana	17
3. MATERIAL E MÉTODOS.....	20
3.1. Material vegetal e delineamento experimental	20
3.2. Características avaliadas.....	20
3.3. Transformação da escala de notas	21
3.4. Análises individuais.....	21
3.5. Análise conjunta: modelo bayesiano multiambientes	22
3.6 Diagnóstico de convergência	23
3.7. Probabilidade da performance superior	23
3.8 Índice de seleção Bayesiano multiambientes	24
3.9. Probabilidade condicional da performance superior.....	25
3.10. Probabilidade par-a-par da performance superior.....	25
3.11. Seleção de famílias para extração de linhagens	26
4. RESULTADOS	26
4.1. Análises individuais e conjunta de variância.....	26
4.2. Ajuste do modelo Bayesiano	27
4.2. Probabilidade da performance superior	29
4.3. Índice de seleção Bayesiano multiambientes	33
5. DISCUSSÃO.....	36
6. CONCLUSÕES	39
REFERÊNCIAS	40
APÊNDICE – Arquivos suplementares.....	44

1. INTRODUÇÃO

O melhoramento do feijoeiro por seleção recorrente fundamenta-se na obtenção de progênies obtidas de múltiplas populações, seleção daquelas de maior valor genotípico visando a recombinação e extração de linhagens, à medida que avançam as gerações de endogamia (RAMALHO et al., 2012). Em geral, um elevado número de progênies é avaliado em diferentes ambientes (safras, anos e locais), o que resulta na ocorrência de interação genótipos x ambientes (GxA), dada pela resposta diferencial de genótipos face às variações ambientais (Cooper; DeLacy, 1994). A interação GxA é normalmente considerada na etapa final dos programas de melhoramento, quando o objetivo é a recomendação de linhagens. Nesta fase, as linhagens são avaliadas nos ensaios de valor de cultivo e uso (VCU), em vários locais, safras e anos. Nesse contexto, o objetivo é não só julgar o desempenho produtivo, mas também a adaptabilidade e estabilidade das linhagens.

Estudos, como o realizado por Lin e Binns (1991), têm evidenciado que os parâmetros de estabilidade são genéticos e, passíveis de serem melhorados. Logo, é essencial considerar esses aspectos não só na fase final (etapa de recomendação), mas também nas etapas iniciais dos programas de melhoramento de feijão. É fato que a utilização de estratégias para melhor exploração da interação GxA ao longo das etapas da rotina de melhoramento depende de tratamento genético e estatístico mais adequado das informações fenotípicas obtidas (Piepho et al., 2008; Salvador et al., 2022). Resta superar o desafio de adaptar a rotina dos programas de melhoramento para se beneficiar da consideração da interação GxA desde o início. O programa de melhoramento do feijoeiro da Universidade Federal de Viçosa (UFV) vem adotando estratégias de seleção de progênies superiores considerando os desafios listados anteriormente. Rocha et al. (2018) propuseram o índice de seleção baseado em análise de fatores e distância genótipo-ideótipo (FAI-BLUP), que permite a seleção de progênies para múltiplas características e ambientes.

Recentemente, Dias et al. (2022) propuseram um método Bayesiano probabilístico que computa o risco de um genótipo apresentar performance superior em ensaios multiambientes. Isto possibilitou abordar a recomendação de cultivares como probabilidade de risco relacionada à performance superior ao

longo de regiões alvo de recomendação. O pacote probBreed, desenvolvido em linguagem R, utiliza o método supracitado e está disponível aos usuários de forma simples e intuitiva no repositório oficial de pacotes R (CRAN) (Chaves et al. 2024). Além disso, por ser baseado em estatística bayesiana, permite o uso de informações *a priori* de experimentos anteriores, inferir sobre a estabilidade dos genótipos a partir da distribuição *a posteriori* do modelo e calcular probabilidades dentro de ambientes ou ao longo de todos os ambientes (Dias et al. 2022). Assim, o uso de metodologias Bayesianas pode ser de utilidade no melhoramento genético do feijoeiro.

A proposta de Dias et al. (2022) foi idealizada em um contexto univariado. No entanto, decisões em um programa de melhoramento são baseadas em um conjunto de caracteres de interesse. No feijão, por exemplo, não basta que um genótipo seja produtivo, há de se considerar o aspecto comercial dos grãos, característica responsável por determinação de preço de mercado, e a arquitetura de planta, característica fundamental para mecanização da cultura (Lemos; Abreu; Ramalho, 2020; Lemos et al., 2022). Neste contexto, a expansão do método de Dias et al. (2022) para a seleção de candidatos avaliados em múltiplos ambientes, considerando um conjunto de caracteres de interesse, utilizando um índice de seleção, torna-se uma alternativa promissora a ser adotada na etapa intermediária (etapa de seleção) dos programas de melhoramento de feijoeiro. Assim, o objetivo com este trabalho foi selecionar famílias utilizando um índice de seleção probabilístico derivado dos modelos Bayesianos, considerando o desempenho dos candidatos à seleção de forma multivariada e em multiambientes para uma tomada de decisão mais acurada.

2. REFERENCIAL TEÓRICO

2.1. Feijão comum

Segundo dados da FAO (2022), os feijões secos são bastante cultivados ao redor do mundo. A produção e área plantada dessa leguminosa foi estimada em 28,34 milhões de toneladas e 36,79 milhões de hectares em 2022. Esse volume expressivo da produção e áreas agrícolas ocupadas demonstram sua importância agrícola para a comunidade global. Conforme este levantamento, os três maiores produtores globais são Índia (6,61 milhões de toneladas), Brasil (2,84 milhões de toneladas) e Myanmar (2,66 milhões de toneladas). Contudo, se considerarmos somente o feijão comum (*Phaseolus vulgaris* L.), o Brasil é o maior produtor e consumidor dessa leguminosa chegando a produzir três milhões de toneladas anualmente (CONAB, 2024)

No Brasil, o cultivo de feijão comum (*Phaseolus vulgaris* L.) possui três safras definidas como a das águas, da seca e do inverno (Salvador; Pereira, 2021). O feijão comum é dividido quanto ao tipo comercial do grão: feijão do grupo comercial carioca, preto e cores. O feijão tipo carioca é o mais produzido e consumido no país, representando cerca de 70% da produção total de feijão comum, com maior produção na região Sudeste (Lemos, 2015). O feijão preto tem maior produção na região Sul do país, enquanto feijão do tipo cores tem maior produção na região sudeste (CONAB, 2022). Os estados do Paraná (733 mil toneladas), Minas Gerais (475 mil toneladas), Goiás (342 mil toneladas) e Mato Grosso (272 mil toneladas) destacam-se considerando a produção de feijão total nessas três safras (IBGE, 2022).

2.2. Melhoramento do feijoeiro

O melhoramento do feijoeiro no Brasil é conduzido por diversas instituições, sobretudo as públicas, como a Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária (Embrapa Arroz e Feijão), Universidade Federal de Viçosa (UFV), Universidade Federal de Lavras (UFLA), Instituto Agrônomo de Campinas (IAC), Instituto de Desenvolvimento Rural do Paraná (IDR) (Alves, 2012). O IAC foi a instituição pioneira em realizar cruzamentos orientados e desenvolvimento de cultivares do tipo preto e carioca, iniciando o melhoramento genético do

feijoeiro em 1932. O impacto da recomendação da cultivar Carioca, na década de 1970, foi tão expressivo para o mercado consumidor nacional que, cinco décadas após seu lançamento, tornou-se padrão de referência para os produtores, sendo preferida pela maioria da população brasileira tamanha a aceitação das suas características (IAC, 2014).

Após o estabelecimento da cultivar carioquinha como uma das favoritas do produtor e consumidor brasileiro, houve o lançamento de sucessivas cultivares de grãos tipo carioca. Os melhoristas sempre focaram em características agrônômicas importantes, como produção de grãos, arquitetura de plantas, resistência a doenças e pragas (Bezerra et al. 2021). Além destas, outra de grande importância é o aspecto comercial dos grãos, visto que o feijão é um alimento comercializado in natura (Paula et al. 2019).

As estratégias de melhoramento utilizados na cultura do feijoeiro são introdução de plantas, seleção de linhas puras em cultivares comerciais, hibridação e transgenia. A introdução de plantas consiste em introduzir, avaliar e recomendar linhagens ou cultivares de países ou regiões de melhoramento distintas numa dada região de interesse. A cultivar ouro negro é um exemplo de introdução de plantas de feijão de grão do tipo preto, linhagem originária de Honduras foi introduzida no Brasil pelo Centro Internacional de Agricultura Tropical (CIAT) (Henson et al. 1993).

A hibridação é o principal método de melhoramento utilizado na cultura do feijoeiro. Este método consiste em selecionar dois ou mais genitores superiores para as características de interesse e cruzá-los para obtenção de populações segregantes visando a extração de linhagens superiores. Outra estratégia de melhoramento quando se usa a hibridação é a seleção recorrente.

A seleção recorrente como estratégia de melhoramento foi proposta originalmente para culturas alógamas e aplicada para a seleção de progênies de milho (*Zea mays* L.). Suas etapas compreendem a obtenção de progênies, avaliação e seleção para a recombinação, obtendo a população melhorada. Esta estratégia, proposta por Hull (1945), resulta no incremento dos alelos favoráveis para as características de interesse à medida que avançam os ciclos de seleção e recombinação. Além disso, forma recombinantes que eventualmente desfazem ligações gênicas e mantém a variabilidade genética da população.

Apesar de ter sido proposta para alógamas, esta estratégia vem sendo empregada em diversas culturas autógamas para características como a produtividade de grãos em trigo *durum* (*Triticum turgidum* L. var. durum), trigo *bread* (*T. aestivum* L.), soja (*Glycine max* (L.) Merrill) e feijão (Olmedo-Arcega; Elias; Cantrell, 1995; Arantes; Abreu; Ramalho, 2010; Parakkunnel et al., 2016; Soares et al., 2020).

O progresso genético com a seleção recorrente no melhoramento do feijoeiro foi avaliado ao longo de um ciclo seletivo, utilizando as 20 linhagens mais produtivas de cada ciclo, avaliadas em dois ambientes. Verificou-se incremento de 8,6% na produtividade de grãos das linhagens na média dos ambientes, o equivalente a 293 kg ha⁻¹ (Alves et al., 2015). Em outro estudo, a eficiência da seleção recorrente foi avaliada utilizando as cinco melhores linhagens obtidas de quatro ciclos de seleção. As linhagens de cada ciclo foram plantadas e avaliadas em ensaio com repetição para as características produtividade de grãos e aspecto comercial de grãos, constatando-se ganho com a seleção entre os ciclos de 5,7% e 10,5% respectivamente (Ramalho; Abreu; Santos, 2005). Tais dados comprovam a eficiência da seleção recorrente em atingir os objetivos propostos.

Na estratégia de seleção recorrente utilizada no melhoramento do feijoeiro, são selecionadas linhagens superiores como parentais para as principais características de interesse. Posteriormente, formam-se blocos de cruzamentos para obtenção das populações segregantes, uma vez que utilizar apenas uma população, fruto de cruzamentos múltiplos, é um risco à variabilidade genética e às chances de reunir todos os alelos favoráveis. Por conta disto, delineamentos de cruzamentos, como dialelo circulante com diversos parentais, são opções frequentemente adotadas para aumentar a quantidade de populações derivadas de cruzamentos de interesse, bem como incrementar a variabilidade genética das gerações seguintes (Bearzoti; Vencovsky, 2002)

A seleção recorrente pode ser fenotípica ou com base na avaliação de famílias, a depender do tipo de caráter sob seleção. A escolha correta da estratégia é fundamental para alcançar os objetivos propostos, visto que estratégias com teste de progênies apresentam maior eficiência quando se trata de características quantitativas controladas por muito genes enquanto a seleção

massal é mais eficiente para características oligogênicas. Deste modo, a avaliação com teste de progênies já foi empregada no melhoramento do feijoeiro para os dois tipos de características (Arantes; Abreu; Ramalho, 2010; Pereira et al., 2019).

2.4. Inferência Bayesiana

A inferência Bayesiana pode ser definida como a realocação da credibilidade sobre as possibilidades (Khusche, 2015). A credibilidade pode ser realocada com base no uso de informações *a priori* ou pelo ajuste dos parâmetros aos dados. Os parâmetros que se desejam estimar podem ser medidas de posição, dispersão ou escala. A distribuição *a priori* significa o conhecimento prévio sobre os dados que pode ser vago ou muito informativa, junto com a função de verossimilhança (observações dadas os parâmetros), ao passo que parâmetros dados as observações, geram a distribuição *a posteriori* (Khusche, 2015).

Probabilidade condicionais são a base da inferência Bayesiana, tais como $P(A|B)$ a chance do evento A dada a ocorrência do evento B. No teorema de Bayes, podemos assumir A como um parâmetro de interesse e B como uma variável aleatória, $P(A|B)$ será a distribuição *a posteriori*, proporcional a função verossimilhança $P(B|A)$ multiplicada por uma *priori* do parâmetro (B), sob uma constante normalizadora de (B) $P(A|B) = \frac{P(B|A) \cdot P(A)}{P(B)}$. Em razão do problema de normalização do denominador do teorema de Bayes, é necessário utilizar a simulação de Monte Carlo com cadeia de Markov (MCMC) para gerar amostras da probabilidade posterior. Diversos algoritmos foram propostos para gerar amostras MCMC, como Metropolis, Metropolis-Hastings, Gibbs e Hamiltonian Monte Carlo (HMC) (Metropolis et al., 1953; Hastings, 1970; Geman; Geman, 1984; Neal, 1994).

Na inferência bayesiana são utilizadas probabilidades marginais e condicionais, as quais refletem a incerteza sobre um ou mais eventos. A probabilidade condicional interessa-se pela chance de um evento ocorrer dado que outro ocorrera anteriormente. Na probabilidade marginal, ignoram-se os demais eventos e calcula-se a incerteza somente sobre o evento de interesse

(Merkle; Furr; Rabe-Hesketh, 2019). As probabilidades condicionais e marginais podem ser calculadas utilizando modelos hierárquicos.

Modelos hierárquicos, também chamados multiníveis, são bastante utilizados na inferência bayesiana quando se deseja estimar parâmetros de efeitos aninhados. Estes modelos são úteis quando existem efeitos diretamente hierarquizados, como no caso de um genótipo “A” dentro de uma população “B”. Neste caso, há um parâmetro que se deseja estimar para a população e outro para o indivíduo. No entanto é preciso considerar que estes efeitos estão aninhados (Storopoli, 2021).

Em relação às *prioris*, elas representam o conhecimento sobre os parâmetros a serem estimados, podem ser informativas ou não informativas e multiplicadas pela função de verossimilhança das observações resultam na distribuição à posteriori. Seja a priori informativa, ela dominará a posteriori, influenciando o resultado. Caso a priori seja não informativa (uniforme), todos os valores são igualmente prováveis e a função de verossimilhança definirá a distribuição à posteriori dos dados. *Prioris* podem ser fracamente informativas definidas a partir da quantidade de informações disponíveis sobre os dados. Há ainda a divisão quanto às *prioris* conjugadas e não conjugadas, estas primeiras apresentam a mesma função de distribuição de probabilidades e as outras não (Gelman et al., 2013).

Algumas metodologias foram propostas para utilizar a inferência Bayesiana visando explorar a interação genótipos por ambientes ($G \times A$) tais como a abordagem com efeito aditivo principal e multiplicativo da interação (AMMI) Bayesiano (Crossa *et al.*, 2011), efeito principal de genótipo e efeito da interação $G \times A$ (GGE) Bayesiano (Jarquín et al., 2016), fator analítico bayesiano (Nuvunga et al., 2019) e bayesianos probabilísticos (Dias et al., 2022).

Os modelos bayesianos probabilísticos fundamentam-se na ideia de risco de Eskridge (1990) e invariância de Shukla (1972) para recomendar uma cultivar considerando a performance superior em todos os ambientes ou em ambientes específicos. Assim, classificam as cultivares de acordo com a probabilidade associada ao nível de risco em que o melhorista está disposto a tolerar (Dias et al., 2022). O método probabilístico explora as amostragens hamiltonianas para emular diferentes experimentos e perguntar quais genótipos apresentam performance superior em cada um destes, de modo que seja

possível estimar probabilidades par-a-par da performance superior às cultivares de referência (Chaves et al., 2024). Logo utilizar essas probabilidades de risco em um índice de seleção bayesiano pode ser uma alternativa para a etapa seleção de progênies em programas de melhoramento por seleção recorrente.

3. MATERIAL E MÉTODOS

3.1. Material vegetal e delineamento experimental

Trezentos e oitenta famílias oriundas do terceiro ciclo de seleção recorrente do programa de melhoramento de feijão carioca da UFV foram avaliadas em duas safras (Águas 2019 e Inverno 2020) nas gerações $S_{0:1}$ e $S_{0:2}$, em delineamento látice simples e triplo, respectivamente. As parcelas foram constituídas de uma linha de um metro de comprimento, espaçadas 0,5 m ($0,5 \times 1 \text{ m} = 0,5 \text{ m}^2$) com 20 testemunhas, constituindo 400 tratamentos, das quais apenas as cultivares BRSMG Madrepérola, BRS Pérola, BRSMG Uai e BRSMG Zape se repetiram nos ensaios.

Na geração $S_{0:2}$ foram selecionadas 117 famílias e estas avaliadas por mais duas safras (Seca 2021 e Seca 2022), constituindo as gerações $S_{0:3}$ e $S_{0:4}$. O delineamento experimental utilizado foi látice triplo com 121 tratamentos. As parcelas foram constituídas de uma linha de dois metros, espaçadas 0,5 m ($0,5 \times 2 \text{ m} = 1 \text{ m}^2$). Também foram incluídas nestas avaliações as mesmas quatro testemunhas comuns aos experimentos anteriores.

Todos os experimentos foram realizados na Unidade de Ensino, Pesquisa e Extensão de Coimbra (UEPE - Coimbra) pertencente à Universidade Federal de Viçosa, localizada no município de Coimbra, estado de Minas Gerais, Brasil (latitude $20^{\circ} 83' \text{ S}$, longitude $42^{\circ} 73' \text{ W}$ e altitude de 713 metros).

3.2. Características avaliadas

As características avaliadas foram arquitetura da planta (ARQ), aspecto comercial dos grãos (ACG) e produtividade de grãos (PROD). A ARQ foi avaliada segundo a escala de notas de 1 a 5, com adaptações de Collicchio, Ramalho e Abreu (1997). A nota 1 corresponde à planta ereta com uma haste e poucas ramificações e a nota 5 corresponde à planta completamente prostrada com muitas ramificações e guias muito longas. A característica ACG também foi avaliada segundo uma escala de notas de 1 a 5 adaptada de Ramalho, Pirola e Abreu (1998). A nota 1 corresponde ao grão típico padrão carioca: cor creme com estrias marrom-claras, fundo claro, sem halo, e grãos não achatados; e a

nota 5 corresponde ao grão totalmente fora do padrão do tipo carioca. A PROD foi convertida em kg ha⁻¹, considerando a produção obtida na área útil de cada parcela.

3.3. Transformação da escala de notas

A escala descritiva de notas (1 a 5) utilizada para os caracteres ACG e ARQ foi convertida para (0 a 4) segundo a proposta de Anjos et al. (2019), conforme equação a seguir (Equação 1).

$$\delta_{ui} = |S_{ui} - u| \quad (1)$$

em que δ_{ui} representa o valor fenotípico de cada genótipo i convertido na nova escala, S_{ui} é o valor fenotípico avaliado na escala original e u é o valor numérico do fenótipo indesejado, segundo a escala de notas utilizada.

3.4. Análises individuais

A análise dos experimentos foi realizada de forma individual em cada safra. Para PROD, foi utilizado o seguinte modelo estatístico (equação 2):

$$\mathbf{y} = \mathbf{X}_1\mathbf{r} + \mathbf{X}_2\mathbf{g} + \mathbf{Z}\mathbf{b} + \boldsymbol{\varepsilon} \quad (2)$$

onde $\mathbf{y}$ é o vetor das observações, $\mathbf{X}_1$ é uma matriz de incidência dos efeitos $\mathbf{r}$ de repetição assumidos como fixos, $\mathbf{X}_2$ é uma matriz de incidência dos efeitos $\mathbf{g}$ de genótipo assumidos como fixos, $\mathbf{Z}$ é uma matriz de incidência dos efeitos $\mathbf{b}$ de bloco assumidos como aleatórios e $\boldsymbol{\varepsilon}$ é o vetor dos erros aleatórios. Os efeitos aleatórios do modelo acima seguiram as seguintes distribuições (equação 3):

$$\mathbf{b} \sim N(0, \sigma_b^2 \mathbf{I}_b); \boldsymbol{\varepsilon} \sim N(0, \sigma_\varepsilon^2 \mathbf{I}_n) \quad (3)$$

em σ_b^2 é a variância de bloco e σ_ε^2 a do resíduo, $\mathbf{I}_b$ e $\mathbf{I}_n$ são matrizes identidades.

A análise individual para ACG e ARQ foi realizada utilizando o seguinte modelo estatístico (equação 4):

$$\mathbf{y} = \mathbf{X}_1\mathbf{g} + \mathbf{X}_2\mathbf{r} + \boldsymbol{\varepsilon} \quad (4)$$

onde $\mathbf{y}$ é o vetor das observações, $\mathbf{X}_1$ é uma matriz de incidência dos efeitos $\mathbf{g}$ de genótipo assumidos como fixos, $\mathbf{X}_2$ é uma matriz de incidência dos efeitos $\mathbf{r}$ de repetição assumidos como fixos e $\boldsymbol{\varepsilon}$ é o vetor dos erros aleatórios. Os efeitos aleatórios residuais seguiram a mesma distribuição supracitada. As análises individuais foram realizadas no software Asreml-R (Butler et al., 2023)

3.5. Análise conjunta: modelo bayesiano multiambientes

O modelo probabilístico Bayesiano proposto por Dias et al. (2022) foi ajustado para cada característica individualmente utilizando as médias das análises individuais. Os ambientes foram considerados como combinações entre as safras e anos. Foram definidas as *prioris* para os componentes de variância de genótipo, ambiente e da interação GxA (equação 5).

$$E[Y_{ij}] = \mu + g_i + a_j + (ga)_{ij} + \varepsilon_{ij} \quad (5)$$

onde $E[Y_{ij}]$ é a esperança dos valores fenotípicos do i -ésimo genótipo, avaliados no j -ésimo ambiente, g_i é o efeito de genótipos, a_j é o efeito de ambientes, ga_{ij} é o efeito da interação genótipos x ambientes e ε_{ij} é o efeito dos erros aleatórios.

As distribuições assumidas *a priori* foram a distribuição normal e a *HalfCauchy* com variância e as estruturas relacionadas aos termos do modelo conforme apresentado nas equações 6 a 9:

$$g_i \sim N(0, S^{[g]}) \quad (6)$$

$$a_j \sim N(0, S^{[a]}) \quad (7)$$

$$(ga)_{ij} \sim N(0, S^{[ga]}) \quad (8)$$

$$\sigma \sim HalfCauchy(0, S^{[\sigma]}) \quad (9)$$

A distribuição assumida para as hiper-*prioris* dos efeitos de genótipos e de ambientes foi a distribuição *HalfCauchy*, visando aplicar uma restrição quanto à ocorrência de valores negativos, uma vez que se deseja estimar os componentes de variância genotípico, ambiental e da interação GxA positivos (equações 10 a 12):

$$S^{[g]} \sim \text{HalfCauchy}(0, \phi) \quad (10)$$

$$S^{[a]} \sim \text{HalfCauchy}(0, \phi) \quad (11)$$

$$S^{[ga]} \sim \text{HalfCauchy}(0, \phi) \quad (12)$$

onde ϕ é um hiperparâmetro global definido como $\phi = \max(y) \times 10$, $\max(y)$ representa o máximo valor do vetor de observações. Este processo é realizado de tal forma que a priori seja fracamente informativa e as observações dominem a distribuição a *posteriori*. Foram utilizadas quatro cadeias de Markov com 4000 amostragens e descarte (*burn-in*) de 50% das amostragens.

3.6 Diagnóstico de convergência

O fator de redução de escala foi usado para medir a convergência das Simulações de Monte Carlo com cadeia de Markov. *Rhat* próximo a um indica maior fator de redução e melhor convergência (Gelman et al., 2013). A curva de distribuição dos dados empíricos foi comparada com a curva amostrada pelo modelo bayesiano como forma de diagnóstico visual da convergência.

3.7. Probabilidade da performance superior

Dias et al. (2022) propuseram o método da probabilidade da performance superior para calcular a chance de um genótipo ser recomendado em ensaios multiambientais. O método probabilístico explora as amostragens hamiltonianas para emular diferentes experimentos, perguntar quais genótipos apresentam performance superior em cada um destes, de modo que seja

possível estimar probabilidades marginais, condicionais e par-a-par da performance superior.

Definida a intensidade de seleção, é calculada a probabilidade de os genótipos pertencerem ao grupo superior baseado nos seus respectivos valores genotípicos. O algoritmo Hamiltoniano Monte Carlo amostra os genótipos em processo iterativo e gera a distribuição a *posteriori* dos modelos bayesianos ajustados. Partindo dessa amostragem, é calculada a taxa de sucesso como a quantidade de vezes que o genótipo foi selecionado pela quantidade total de eventos amostrados (equação 13). A porcentagem de genótipos selecionada foi de 20%.

$$\Pr(\hat{g}_i \in \Omega | y) = \frac{1}{s} \sum_{s=1}^s I(\hat{g}_i^{(s)} \in \Omega | y) \quad (13)$$

onde $\hat{g}_i$ é o valor genotípico, Ω é o grupo com performance superior dada a intensidade de seleção desejada, S representa a quantidade de amostras da distribuição à posteriori, y é o vetor de observações e (s) representa a quantidade de amostras da distribuição à posteriori. A probabilidade marginal da performance superior é a probabilidade de uma progênie pertencer ao grupo dos selecionados em todos os ambientes avaliados.

3.8 Índice de seleção Bayesiano multiambientes

O índice de seleção Bayesiano multiambientes utiliza o risco associado à família selecionada, dada uma intensidade de seleção, apresentar desempenho superior ao longo dos ambientes para as características de interesse. A partir das probabilidades marginais da performance superior de cada progênie pertencer ao grupo dos 20% superiores para cada característica em cada ambiente foi obtido um *rank* para cada progênie para cada característica. O índice de seleção Bayesiano é dado pela soma destes *ranks* conforme equação 14.

$$BSIM_i = \sum_{m=1}^t RankProbSup \quad (14)$$

onde i representa as progênies e m o total de características avaliadas.

3.9. Probabilidade condicional da performance superior

A probabilidade condicional da performance superior estima a chance de um genótipo pertencer ao grupo superior em um ambiente específico. A probabilidade de um i^{th} genótipo avaliado no j^{th} ambiente pertencer ao subgrupo dos genótipos superiores é dada pela equação 16.

$$Pr(\hat{g}_{ij} \in \Omega_j | y) = \frac{1}{s} \sum_{s=1}^S I(g_{ij}^{(s)} \in \Omega_j | y) \quad (16)$$

onde s é a quantidade de amostras avaliadas da distribuição à *posteriori* gerada pelo modelo bayesiano de análise multiambientes, g_{ij} é a probabilidade marginal do genótipo pertencer ao subgrupo dos genótipos superiores Ω_j , S representa a quantidade de amostras da distribuição à posteriori, y é o vetor de observações e (s) representa a quantidade de amostras da distribuição à posteriori.

3.10. Probabilidade par-a-par da performance superior

A probabilidade par-a-par da performance superior refere-se à probabilidade de genótipo i apresentar maior probabilidade da performance superior ao longo dos ambientes do que um genótipo i' (equação 17).

$$Pr(\hat{g}_i > \hat{g}_{i'} | y) = \frac{1}{s} \sum_{s=1}^S I(\hat{g}_i^{(s)} > \hat{g}_{i'}^{(s)} | y) \quad (17)$$

onde $g_i > g_{i'}$ é a probabilidade marginal de um genótipo i ter performance superior ao genótipo i' nos ambientes avaliados, S representa a quantidade de

amostras da distribuição à posteriori, y é o vetor de observações e (s) representa a quantidade de amostras da distribuição à posteriori. As análises Bayesianas supracitadas foram realizadas no pacote ProbBreed (Chaves *et al.*, 2024).

3.11. Seleção de famílias para extração de linhagens

As 10% famílias mais bem ranqueadas de acordo com o índice de seleção Bayesiano multiambientes foram selecionadas, além de serem contrastadas com as testemunhas de referência para cada característica. Para construção do índice de seleção Bayesiano multiambientes foi utilizado peso 2 para a característica produtividade de grãos (PROD) e peso 1 para as demais características aspecto comercial dos grãos (ACG) e arquitetura de plantas (ARQ).

4. RESULTADOS

4.1. Análises individuais e conjunta de variância

Houve efeito significativo de famílias (análises individuais - teste de razão de verossimilhança) sobre as três características avaliadas (PROD, ACG e ARQ) em todos os ambientes (Tabela 1), indicando variabilidade entre as médias das famílias em cada ambiente. A acurácia de seleção de famílias na análise individual variou de 0,67 a 0,85 na característica PROD, 0,80 a 0,92 em relação à ACG e 0,74 a 0,75 para a característica ARQ.

Tabela 1 - Teste de razão de verossimilhança (LRT) do efeito genotípico das famílias de feijão carioca para as características PROD, ACG e ARQ nas safras Águas 2019 (AGU19), Inverno 2020 (INV20), Seca 2021 (SEC21) e Seca 2022 (SEC22)

Característica	Safra	gl	LRT	X^2	H^2	$\hat{r}_{gg}$
PROD	AGU19	1	153,635	0,00	0,722	0,85
PROD	INV20	1	120,956	0,00	0,603	0,772
PROD	SEC21	1	34,804	0,00	0,602	0,768
PROD	SEC22	1	20,649	0,00	0,519	0,67
ACG	INV20	1	548,999	0,00	0,861	0,928
ACG	SEC21	1	50,064	0,00	0,66	0,809
ACG	SEC22	1	152,857	0,00	0,856	0,922

ARQ	SEC21	1	35,132	0,00	0,6	0,749
ARQ	SEC22	1	35,94	0,00	0,602	0,752

em que graus de liberdade (gl), probabilidade qui-quadrado (X^2), herdabilidade (H^2) e acurácia ($\hat{r}_{gg}$).

Na análise conjunta de ambientes, o efeito de famílias também foi significativo para as três características. No entanto, observou-se significância do efeito da interação GxA para a característica PROD e não foram observados efeitos significativos para ACG e ARQ (Tabela 2).

Tabela 2 - Teste de razão de verossimilhança dos efeitos genotípico e da interação GxA das famílias de feijão carioca para as características PROD, ACG e ARQ sob análise conjunta de todas as safras.

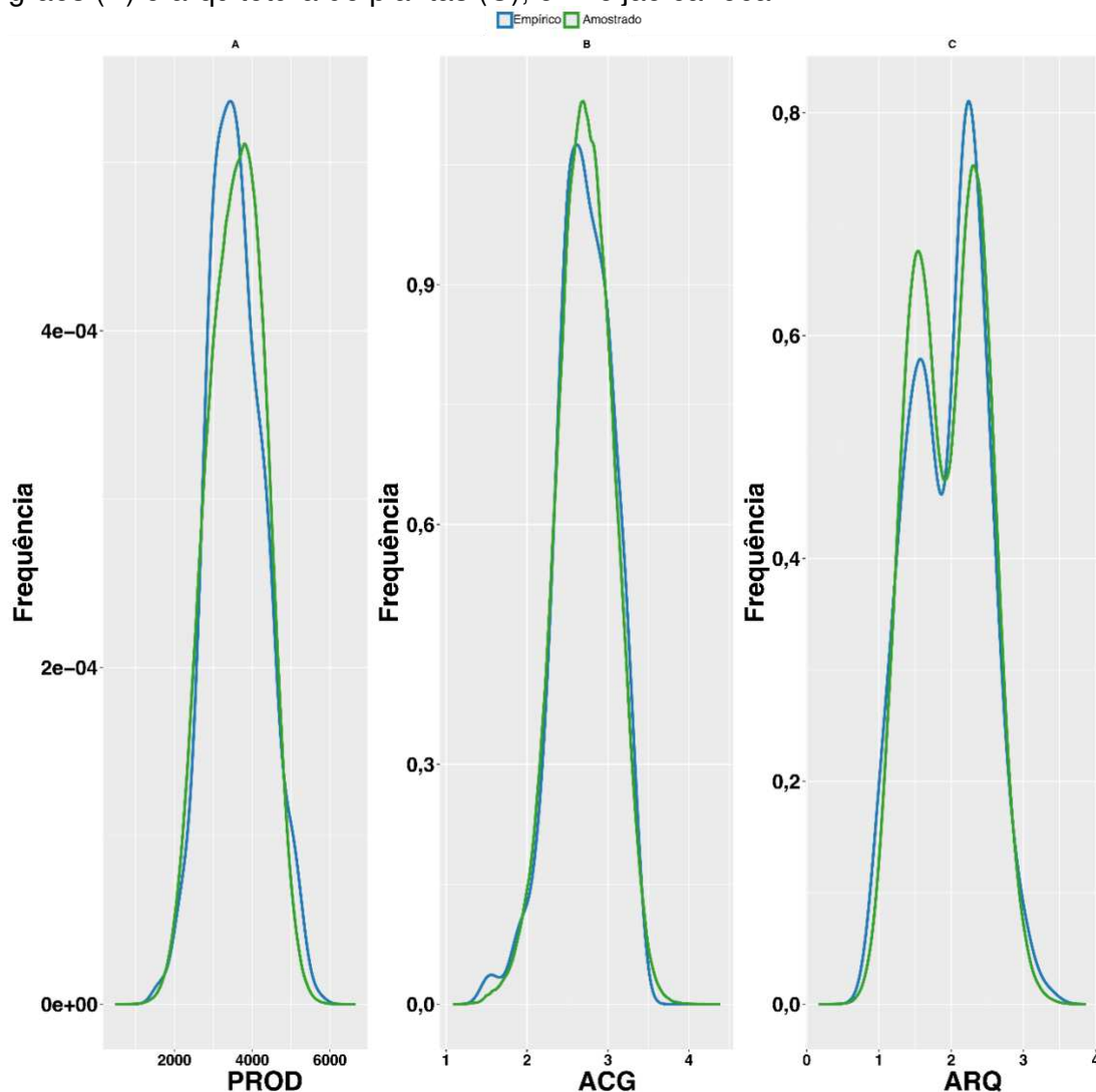
Característica	Modelo reduzido	gl	LRT
PROD	G	1	225,165
PROD	GxA	1	60,794
ACG	G	1	89,406
ACG	GXA	1	1,358
ARQ	G	1	12,49
ARQ	GXA	1	0,00

em que graus de liberdade (gl) e probabilidade qui-quadrado (X^2).

4.2. Ajuste do modelo Bayesiano

Os modelos bayesianos apresentaram boa convergência de acordo com o fator potencial de redução de escala (*Rhat*), próximo a unidade nas três características: PROD (1,06), ACG (1,03) e ARQ (1,08). Na figura 1 são apresentadas as distribuições dos dados empíricos e gerados pelo modelo bayesiano.

Figura 1 - Distribuição dos dados gerados pelo modelo e o ajuste com os dados reais para as características produtividade de grãos (A), aspecto comercial de grãos (B) e arquitetura de plantas (C), em feijão carioca



Na tabela 3 são apresentadas as estimativas dos componentes de variância associados aos efeitos de genótipos, ambientes, interação GxA e resíduo, além dos intervalos de credibilidade da distribuição à *posteriori* (ICDP – percentis de 0,05 e 0,95) para as características PROD, ACG e ARQ. Este intervalo indica o valor de referência para os quais 5% das estimativas dos respectivos componentes estão abaixo de determinado valor (percentil 0,05) e acima de determinado valor (percentil 0,95). Por exemplo, para PROD 5% das estimativas do componente de variância de genótipos apresentaram valores inferiores a 332,149 e 5% acima de 42239,694 (Tabela 3). Quando o intervalo inclui o ponto nulo (0,0), como para a interação GxA para ACG e ARQ, indicam

não significância da estimativa do componente de variância, Segundo Perez-Elizalde, Jarquin e Crossa (2012). Assim, observou-se efeitos não significativos apenas para o componente da interação GxA para ACG e ARQ, corroborando com os testes de razão de verossimilhança apresentados.

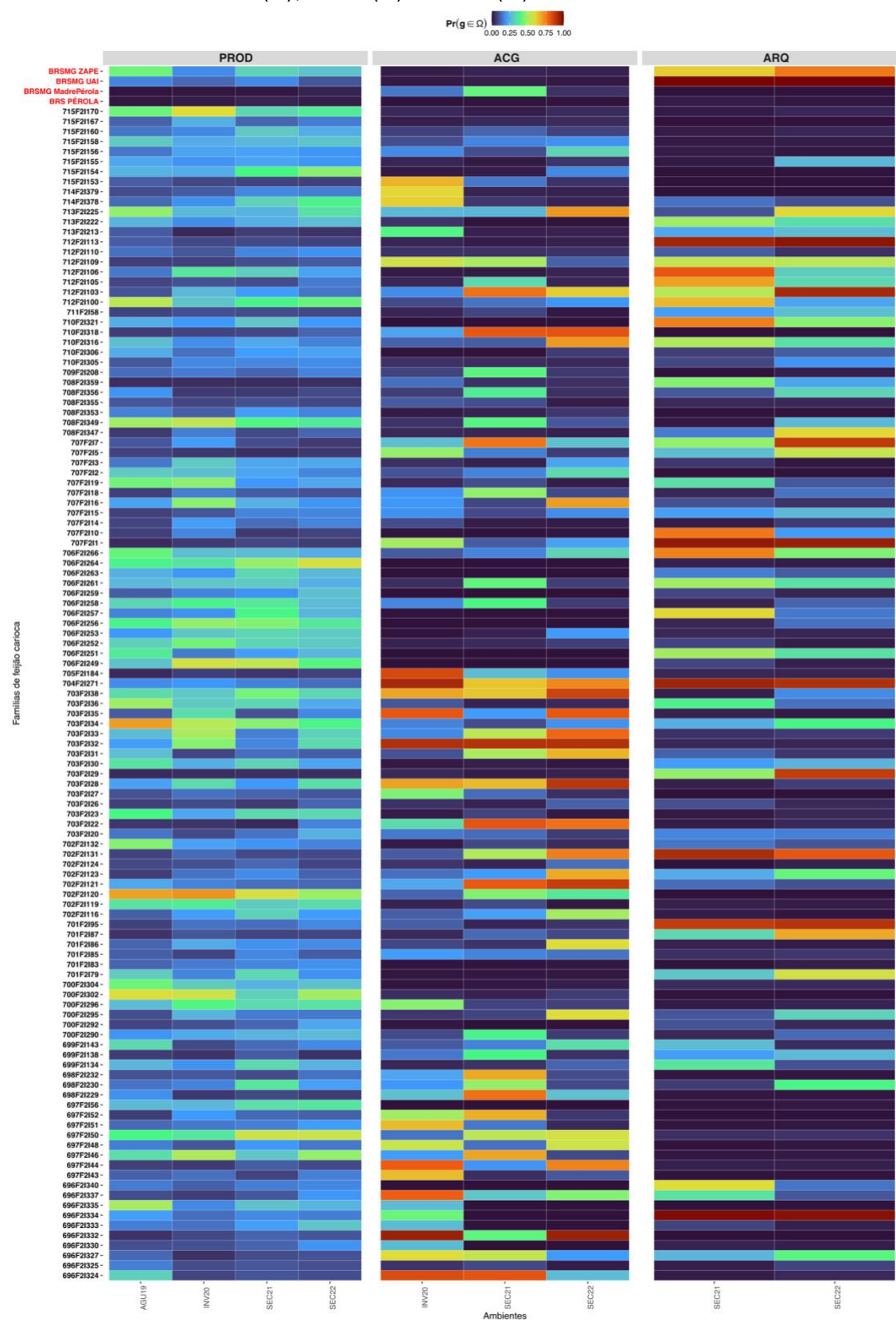
Tabela 3 - Componentes de variância (CP), intervalos de credibilidade da distribuição à *posteriori* (ICDP – percentis de 0,05 e 0,95) associados aos efeitos de genótipos, ambientes, interação genótipos x ambientes (GxA) referentes às características produtividade de grãos (PROD), aspecto comercial de grãos (ACG) e arquitetura de plantas (ARQ) avaliadas em famílias de feijão carioca

Característica	Efeito	CP	ICDP (0,05)	ICDP (0,95)
PROD	Genótipos (G)	18314,9	332,149	42239,694
	Ambientes (A)	3808551,3	143501,463	21978738,5
	GxA	32543,119	1,586	156390,836
	erro	193951,014	69921,263	256589,277
ACG	Genótipos (G)	0,031	0,018	0,047
	Ambientes (A)	8,136	0,009	20,868
	GxA	0,04	0	0,081
	Erro	0,036	0,002	0,082
ARQ	Genótipos (G)	0,035	0,019	0,053
	Ambientes (A)	180,519	0,15	1020,549
	GxA	0,018	0	0,045
	erro	0,032	0,007	0,059

4.2. Probabilidade da performance superior

Algumas famílias de feijão carioca obtiveram maior probabilidade (condicional) dentro de cada ambiente, na característica PROD, em relação à testemunha BRSMG ZAPE para os ambientes AGU19 (9 famílias), INV20 (53 famílias), SEC21 (21 famílias) e SEC22 (25 Famílias). Para a característica ACG, as famílias de feijão carioca apresentaram maior probabilidade condicional da performance superior, em comparação à testemunha BRSMG Madrepérola nos ambientes INV20 (45 famílias), SEC21 (30 famílias) e SEC22 (77 famílias). Na característica arquitetura de planta de feijoeiro, as famílias de feijão carioca apresentaram maior probabilidade condicional da performance superior, em comparação à testemunha BRS Pérola nos ambientes SEC21 (94 famílias) e SEC22 (95 famílias) (Figura 2).

Figura 2 - Probabilidade condicional de pertencer ao grupo dos 20% com performance superior nos ambientes AGU19, INV20, SEC21 e SEC22 para as características PROD (A), ACG (B) e ARQ (C).

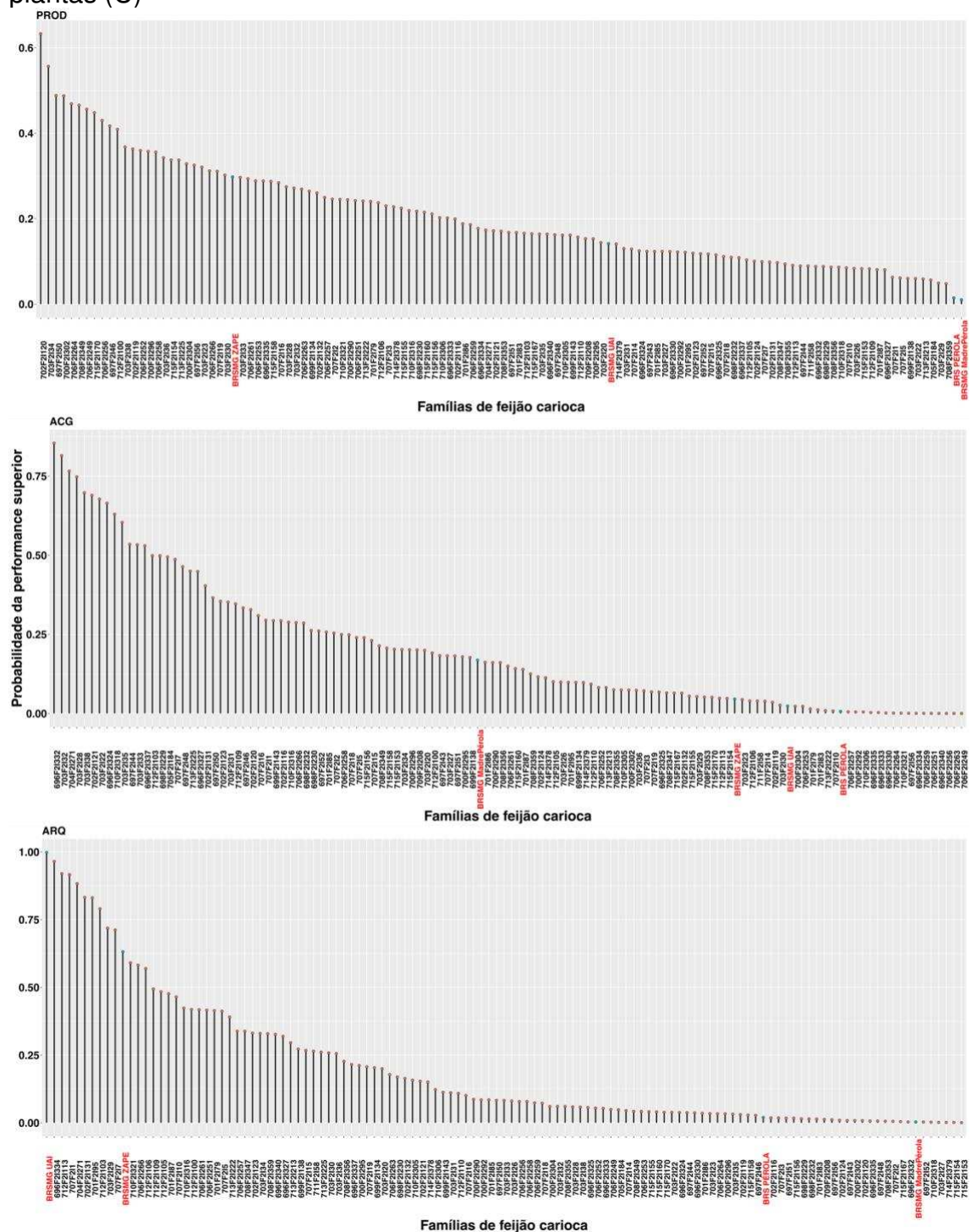


Produtividade de grãos (PROD); Aspecto comercial de grãos (ACG); Arquitetura de plantas (ARQ); Águas 2019 (AGU19); Inverno 2020 (INV20), Seca 2021 (SEC21) e Seca 2022

(SEC22). No eixo x estão dispostos os ambientes avaliados e no eixo y as famílias de feijão carioca

Na figura 3 são apresentadas as probabilidades da performance superior (marginais) para todos os ambientes de cada família e das testemunhas estarem entre os 20% melhores em todos os ambientes. Para PROD, ressalta-se que 11 famílias superaram a testemunha de referência, BRSMG Zape, apresentando probabilidade da performance superior acima de 40% para todos os ambientes. A família 702F2I120 de melhor desempenho para PROD apresentou 63% de performance superior. Considerando a característica ACG, treze famílias apresentaram probabilidades acima de 50% e superaram a testemunha de referência, BRSMG Madrepérula, que apresentou 16% de chance de estar entre os 20% de melhor desempenho em todos os ambientes. A família 696F2I332 de melhor performance superior para ACG apresentou 85% de probabilidade marginal de estar entre os 20% superiores em todos os ambientes. Para a característica ARQ, nove famílias obtiveram desempenho que mais se aproximaram da testemunha de referência BRSMG Uai. Neste caso, esta testemunha apresentou probabilidade de performance superior igual a um (1) com melhor desempenho em todos os ambientes avaliados. As nove famílias que se destacaram para ARQ apresentaram pelo menos 60% de probabilidade marginal (Figura 3).

Figura 3 - Probabilidade marginal de cada famílias e testemunha estar entre os 20% melhores em todos os ambientes em relação às características produtividade de grãos (A), aspecto comercial de grãos (B) e arquitetura de plantas (C)

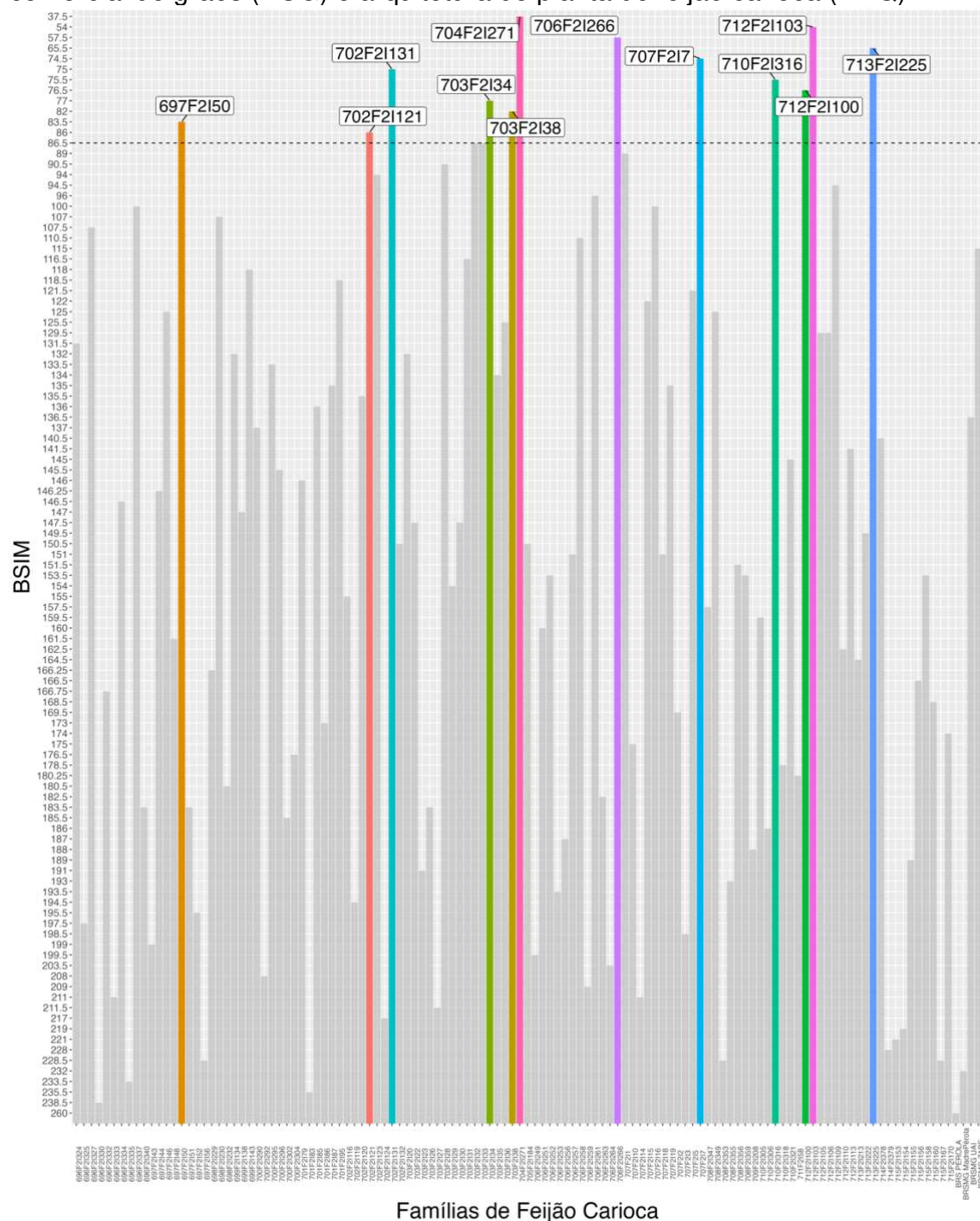


As cultivares utilizadas como testemunhas estão destacadas em vermelho para cada característica.

4.3. Índice de seleção Bayesiano multiambientes

Foram selecionadas 12 famílias (697F2I50, 702F2I121, 702F2I131, 703F2I34, 703F2I38, 704F2I271, 706F2I266, 707F2I7, 710F2I316, 712F2I100, 712F2I103, 713F2I225) de feijão carioca utilizando o índice de seleção Bayesiano multiambientes. As famílias selecionadas apresentaram maior probabilidade marginal de performance superior para a característica ACG na comparação par a par com todas as testemunhas. Em relação à ARQ, as famílias escolhidas obtiveram desempenho similar a testemunha de referência BRSMG Uai, e superior às testemunhas BRS Pérola e BRSMG Madrepérola. Para PROD, as famílias selecionadas obtiveram probabilidade superior às testemunhas. As famílias (697F2I50, 702F2I121, 702F2I131, 703F2I34, 703F2I38, 704F2I271, 706F2I266, 707F2I7, 710F2I316, 712F2I100, 712F2I103, 713F2I225) são superiores a todas as testemunhas de forma simultânea (Figura 4).

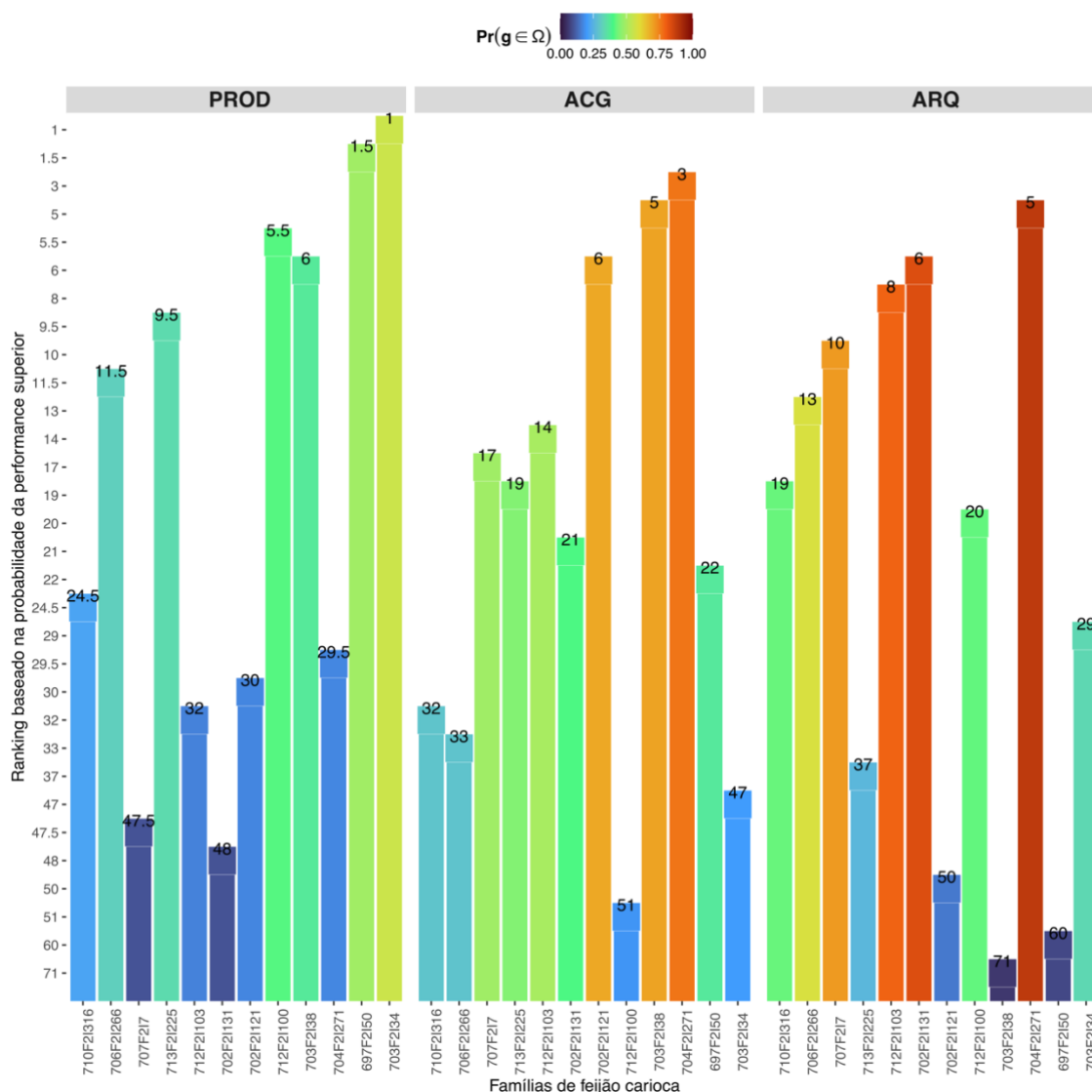
Figura 4 - Famílias selecionadas com base no índice de seleção Bayesiano multiambientes para as características produtividade de grãos (PROD), aspecto comercial de grãos (ACG) e arquitetura de planta de feijão carioca (ARQ)



Na figura 5 são apresentadas as famílias selecionadas com base no índice de seleção Bayesiano multiambientes. O índice selecionou a segunda família melhor ranqueada para a característica PROD (55% de probabilidade marginal da performance superior). Considerado à característica ACG, o índice selecionou a terceira melhor ranqueada (76% de probabilidade marginal da

performance superior). Em relação à característica ARQ, o índice selecionou a quinta melhor família ranqueada (88% de probabilidade marginal da performance superior).

Figura 5 - Ranking das famílias selecionadas pelo de seleção Bayesiano multiambientes para as características PROD (A), ACG (B) e ARQ (C)

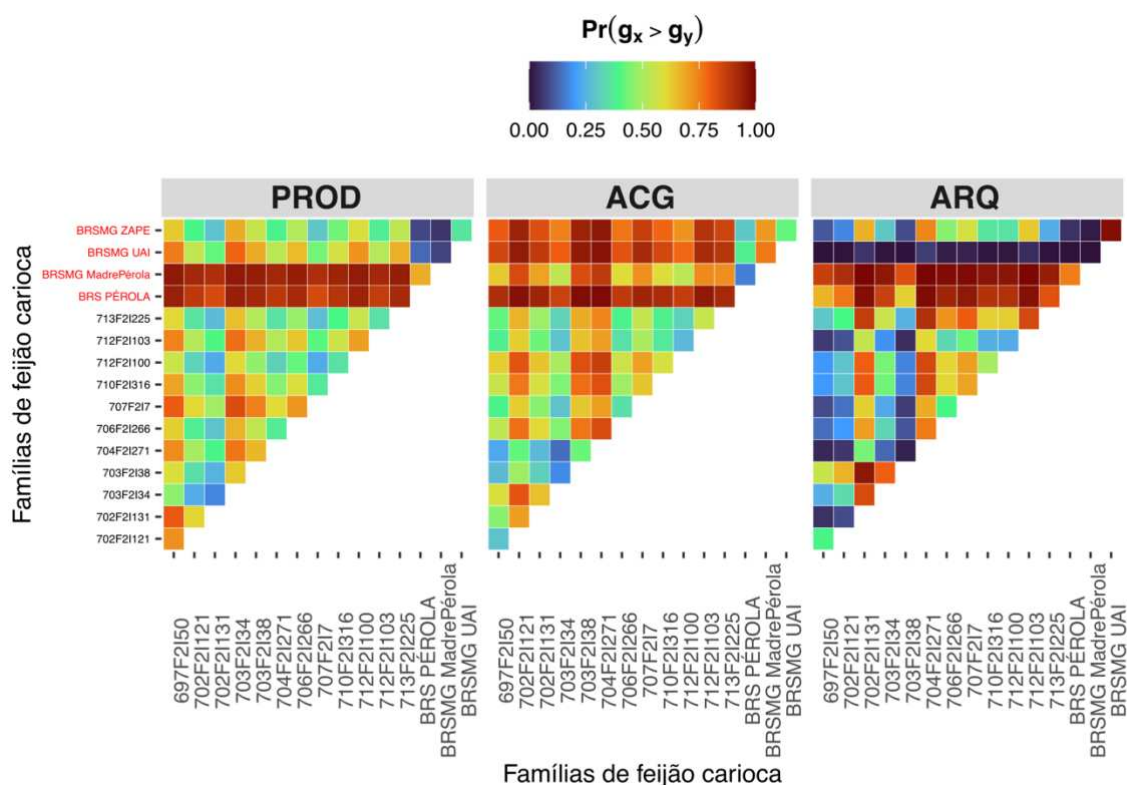


As cores representam a probabilidade marginal da performance superior para as características avaliadas. Cores mais quentes representam probabilidades maiores do que cores mais frias.

A comparação par-a-par mostrou que as famílias selecionadas pelo índice de seleção Bayesiano multiambientes obtiveram maiores probabilidades par-a-par da performance superior para a características PROD em relação às testemunhas BRSMG Zape (28%), BRSMG Uai (42%), BRSMG Madrepérola (67%) e BRS Pérola (84%). Considerando a característica ACG, as famílias

selecionadas obtiveram probabilidades superiores às testemunhas BRSMG Madrepérola (52%), BRSMG Zape (71%), BRSMG Uai (75%) e BRS Pérola (86%). Em relação à característica ARQ, as famílias selecionadas obtiveram probabilidades superiores às testemunhas e BRS Pérola (62%) e BRSMG Madrepérola (83%). Deste modo, as famílias superaram as testemunhas de forma simultânea para as características avaliadas, apresentando menor risco de seleção pelo método probabilístico bayesiano da performance superior (Figura 6).

Figura 6 - Probabilidade par-a-par da performance superior, em todos os ambientes, das 12 famílias de feijão carioca selecionadas para características de produtividade de grãos (A), aspecto comercial de grãos (B) e arquitetura de plantas de feijão carioca (C)



5. DISCUSSÃO

A abordagem Bayesiana probabilística permite ao melhorista considerar o risco associado à recomendação de uma cultivar na sua tomada de decisão (Dias et al., 2022; Malikouski et al., 2024). Neste trabalho, este método foi expandido para a seleção multicaracterística e multiambiente de famílias em um programa de melhoramento do feijoeiro por seleção recorrente. As linhagens que

originaram as populações do terceiro ciclo de seleção recorrente, das quais as famílias pertencem, foram selecionadas visando a melhoria das características PROD, ACG e ARQ. Neste trabalho, 12 famílias selecionadas pelo índice Bayesiano multiambientes destacaram-se por apresentar potencial multicaracterístico para extração de linhagens que superem as testemunhas de referência (BRSMG ZAPE, BRSMG Madrepérola, BRSMG Uai e BRS Pérola). As comparações entre as famílias selecionadas e as testemunhas foram realizadas pela probabilidade marginal em todos os ambientes obtida com modelo probabilístico Bayesiano.

Assim, observou-se efeitos não significativos para os componentes de interação GxA relativos aos caracteres ACG e ARQ. Segundo Perez-Elizalde, Jarquin e Crossa (2012) a ocorrência de valores nulos (0,0) em intervalos de credibilidade da distribuição à posteriori (ICDP) para algum componente de variância indica a sua não significância. Segundo Jarquín et al. (2016), esta interpretação para o ICDP pode ser uma alternativa ao teste de hipótese de efeitos utilizando o fator de Bayes, o qual tem alta demanda computacional. Possivelmente, a não ocorrência de efeito significativo do componente da interação GxA ocasionou maiores probabilidades condicionais e marginais da performance superior para as famílias em relação às características ARQ e ACG comparadas a PROD, em que este efeito foi significativo. Uma consequência do efeito da interação GxA é a falta de correlação genética entre os ambientes (Cooper; DeLacy, 1994), o que afeta diretamente as referidas probabilidades. Outros trabalhos também relataram ocorrência da interação GxA em relação à característica produtividade de grãos na cultura do feijoeiro (Barili et al., 2015; Melo et al., 2020).

A interação GxA é o resultado da expressão diferencial dos genes envolvidos no controle da característica em questão (Cruz; Regazzi; Carneiro, 2012, p.110). Assim, para caracteres que sofrem elevada interação GxA a seleção deve se basear na performance dos genótipos nos diferentes ambientes. Nesse sentido, destaca-se o índice proposto (Índice de seleção Bayesiano multiambientes), o qual possibilita estimar as probabilidades marginais e condicionais e, com isto, selecionar as famílias com estabilidade agronômica e performance superior.

A eficiência da seleção simultânea para múltiplas características é dependente das correlações entre elas. Embora alguns trabalhos tenham relatado a estimativas de correlação positivas e significativas entre PROD e ARQ (Silva et al., 2013; Ribeiro et al., 2018), o que dificultaria o melhoramento simultâneo destas características, pois notas maiores indicam plantas mais prostradas, neste trabalho foi possível a seleção de famílias com fenótipos favoráveis para estes dois caracteres. Este resultado mostra a eficiência da seleção recorrente em quebrar associações entre caracteres quando elas são devidas à ligação gênica.

Collichio, Ramalho e Abreu (1997) também relataram a viabilidade de selecionar progênies com arquitetura de plantas eretas e maior produtividade de grãos. Da mesma forma, Ramalho, Abreu e Santos (2005) evidenciaram o progresso genético ao longo de quatro ciclos de seleção recorrente para produtividade de grãos e aspecto comercial em progênies de feijão carioca.

A característica ACG é de fundamental importância na cultura do feijão carioca. Os grãos tipo carioca possuem padrão comercial caracterizado por fundo claro e rajas creme (Ramalho *et al.*, 2016). Essa combinação, aliada ao formato não reniforme e a ausência de halo laranja, desempenha um papel crucial na aceitação pelo consumidor final, além de influenciar aspectos relevantes na fase pós-colheita e ao longo de toda a cadeia produtiva (Carneiro et al., 2012). A cultivar BRSMG Madrepérola possui destaque quanto ao aspecto desse tipo de grão. Assim, famílias que possuam padrão de grão similar ou superior a esta cultivar apresentam grande potencial para a extração de linhagens, uma vez que dentro destas famílias ainda tem variação genética. Como esta característica é usada na seleção de plantas para a abertura das linhas, obtendo as famílias, era de se esperar um elevado número de famílias superando a testemunha de referência.

Silva et al. (2013) também relataram ausência de efeito da interação GxA no controle da arquitetura de plantas em feijoeiro. Em relação a esta característica plantas com poucas guias e de porte mais ereto no florescimento são preferidas pelos produtores. Plantas com este ideótipo, além de sofrerem menores danos com doenças, como mofo branco (*Sclerotinia sclerotiorum*), possibilitam a colheita mecanizada com menores perdas (Coyne; Steadman; Schwartz, 1978).

O índice de seleção Bayesiano multiambientes se mostrou eficiente na seleção multicaracterística e multiambientes de famílias de feijoeiro. Adaptações, facilmente implementadas, podem torná-lo mais acurado com o emprego de modelos bayesianos que considerem resíduos heterogêneos, tendência espacial nos experimentos e matrizes de parentesco genômico e relacionamento ambiental.

6. CONCLUSÕES

Aplicando o índice de seleção Bayesiano foram selecionadas 12 famílias com potencial para a extração de linhagens considerando simultaneamente as características PROD, ACG e ARQ. O índice de seleção se mostrou promissor na seleção de famílias em programa de melhoramento de feijão por seleção recorrente.

REFERÊNCIAS

- ALVES, A. F. **DOIS CICLOS DE SELEÇÃO RECORRENTE NO MELHORAMENTO DE FEIJÃO CARIOCA**. 2012. 61 f. - Universidade Federal de Viçosa, Viçosa-MG, 2012.
- ALVES, A. F. et al. Genetic progress and potential of common bean families obtained by recurrent selection. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 15, n. 4, p. 218–226, 2015.
- ANJOS, R. S. R. dos et al. New proposals to estimate unbiased selection gain and coefficient of variation in traits evaluated using score scales. **Crop Science**, [s. l.], v. 59, n. 3, p. 937–944, 2019.
- ARANTES, L. De O.; ABREU, Â. De F. B.; RAMALHO, M. A. P. Eight cycles of recurrent selection for resistance to angular leaf spot in common bean. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 10, n. 3, p. 232–237, 2010.
- BARILI, L. D. *et al.* Adaptabilidade e estabilidade e a produtividade de grãos em cultivares de feijão preto recomendadas no Brasil nas últimas cinco décadas. **Ciencia Rural**, v. 45, n. 11, p. 1980–1986, 2015.
- BEARZOTI, E.; VENCOVSKY, R. Simulation of marker-assisted recurrent selection in autogamous species. **Cropp Breeding and Applied Biotechnology**, v. 2, n. 1, p. 1–10, 2002.
- BEZERRA, L. M. C. *et al.* The research, development, and innovation trajectory of the iac common bean breeding program. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 21, n. 2, 2021.
- BUTLER, D. G. *et al.* **ASReml-R Reference Manual Version 4.2**. 2023. Disponível em: <https://asreml.kb.vsni.co.uk/wp-content/uploads/sites/3/ASReml-R-Reference-Manual-4.2.pdf>. Acesso em: 10 jan. 2024.
- CARNEIRO, J. E. de S. *et al.* BRSMG Madrepérola: common bean cultivar with late-darkening Carioca grain. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 12, n. 4, p. 281–284, 2012.
- CHAVES, S. F. S. et al. ProbBreed: a novel tool for calculating the risk of cultivar recommendation in multienvironment trials. **G3: Genes, Genomes, Genetics**, v.14, n. 3, p.1-13, 2024.
- COLLICCHIO, E.; RAMALHO, M. A. P.; ABREU, A. de F. B. Associação entre o porte da planta do feijoeiro e o tamanho dos grãos. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 32, n. 3, p. 297–304, 1997.
- CONAB – Companhia Nacional de Abastecimento – Informações Agropecuárias –Safr. 2022. Disponível em: <https://www.conab.gov.br/info-agro/safras>
- CONAB – Companhia Nacional de Abastecimento – Informações Agropecuárias –Safr. 2024. Disponível em: <https://www.conab.gov.br/info-agro/safras>
- COOPER, M; DELACY, IH. Relationships among analytical methods used to study genotypic variation and genotype-by-environment interaction in plant breeding multi-environment experiments. **Theoretical and Applied Genetics**, v. 88, p. 561–572, 1994.

COYNE, D. P.; STEADMAN, J. R.; SCHWARTZ, H. F. Effect of genetic blends of dry beans (*Phaseolus vulgaris*) of different Plant architecture on apothecia production of *Sclerotinia sclerotiorum* and white mold infection. **Euphytica**, v. 27, n. 1, p. 225–231, 1978.

CROSSA, J. *et al.* Bayesian estimation of the additive main effects and multiplicative interaction model. **Crop Science**, v. 51, n. 4, p. 1458–1469, 2011.

CRUZ, C.D.; REGAZZI, A.J.; CARNEIRO, P.C.S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. 4. ed. Viçosa, 2012. v. 1

DIAS, K. O. G. *et al.* Leveraging probability concepts for cultivar recommendation in multi-environment trials. **Theoretical and Applied Genetics**, v. 135, n. 4, p. 1385–1399, 2022.

FAO – Organização das Nações Unidas para a Alimentação e a Agricultura. 2022. Disponível em: <http://www.fao.org/faostat/en/#home>

GELMAN, A. *et al.* **Bayesian Data Analysis, Third Edition**. Boca Raton: Taylor & Francis, 2013. (Chapman & Hall/CRC Texts in Statistical Science). Disponível em: <https://books.google.com.br/books?id=ZXL6AQAAQBAJ>.

GELMAN, A.; RUBIN, D. B. A Single Series from the Gibbs Sampler Provides a False Sense of Security. *In*: BERNARDO, J M *et al.* (org.). **Bayesian Statistics 4**. Oxford University Press Oxford, 1992. p. 625–632.

HENSON, R. A. *et al.* Registration of ‘Ouro Negro’, a High Dinitrogen-Fixing, High-Yielding Common Bean. **Crop Science**, v. 33, n. 3, p. 644–644, 1993.

HULL, F. H. Recurrent selection for specific combining ability in corn. **Agronomy Journal**, v. 37, p. 134–145, 1945.

IAC, Instituto Agronômico de Campinas. O melhoramento genético de feijoeiro no Instituto Agronômico IAC (1932 a 2014). **O Agrônomo**, Campinas, v. 66, n. 1, p. 83, 2014.

IBGE, Instituto Brasileiro de Geografia e Estatística. Produção Agrícola Municipal – PAM. 2022. Disponível em: <https://www.ibge.gov.br/estatisticas/economicas/agricultura-e-pecuaria/9117-producao-agricola-municipal-culturas-temporarias-e-permanentes.html>

JARQUÍN, D. *et al.* A hierarchical Bayesian estimation model for multienvironment plant breeding trials in successive years. **Crop Science**, v. 56, n. 5, p. 2260–2276, 2016.

KHUSCHE, J. K. Doing Bayesian Data Analysis: A Tutorial with R, JAGS, and Stan. *In*: DOING BAYESIAN DATA ANALYSIS: A TUTORIAL WITH R, JAGS, AND STAN. 2. ed. London: Elsevier, 2015. p. 759. Disponível em: <https://linkinghub.elsevier.com/retrieve/pii/B9780124058880099992>. Acesso em: 6 fev. 2024.

LE MOS, L.B., MINGOTTE, F.L.C., FARINELLI, R. Cultivares. *In*: Arf O, LEMOS, L.B., SORATTO, R.P., FERRARI, S. (eds) Aspectos gerais da cultura do feijão (*Phaseolus vulgaris* L.). FEPAF, Botucatu, 2015. pp 181–207.

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

LEMOS, R. do C. et al. Alternatives for selection of carioca common bean lines that combine upright plants and slow grain darkening. **Acta Scientiarum. Agronomy**, v. 44, p. e55277, 2022.

LIN, C. S.; BINNS, M. R. Genetic properties of four types of stability parameter. **Theoretical and Applied Genetics**, v. 82, n. 4, p. 505–509, 1991.

MALIKOUSKI, R. G. et al. Recommendation of Tahiti acid lime cultivars through Bayesian probability models. **PLOS ONE**, v. 19, n. 3, p. 1–14, 2024.

MELO, V. L. de *et al.* Modeling (co) variance structures for genetic and non-genetic effects in the selection of common bean progenies. **Euphytica**, v. 216, p. 1–13, 2020.

MERKLE, E. C.; FURR, D.; RABE-HESKETH, S. Bayesian comparison of latent variable models: Conditional vs marginal likelihoods. **Psychometrika**, [s. l.], v. 84, n. 3, p. 802–829, 2019.

NUVUNGA, J. J. *et al.* Bayesian factor analytic model: An approach in multiple environment trials. **PLOS ONE**, v. 14, n. 8, p. e0220290, 2019.

OLMEDO-ARCEGA, O. B.; ELIAS, E. M.; CANTRELL, R. G. Recurrent selection for grain yield in durum wheat. **Crop Science**, v. 35, n. 3, p. 714–719, 1995.

PARAKKUNNEL, R. *et al.* Effect of recurrent selection on drought tolerance and related morpho-physiological traits in bread wheat. **PLOS ONE**, v. 11, n. 6, p. e0156869, 2016.

PAULA, R. G. de *et al.* Selecting common bean breeding populations via mixed models. **Bioscience Journal**, v. 35, n. 2, p. 409–418, 2019.

PEREIRA, R. et al. Phenotyping for angular leaf spot severity and its implication in breeding common bean for resistance. **Scientia Agricola**, v. 76, n. 5, p. 415–423, 2019.

PEREZ-ELIZALDE, S.; JARQUIN, D.; CROSSA, J. A General Bayesian Estimation Method of Linear–Bilinear Models Applied to Plant Breeding Trials With Genotype × Environment Interaction. **Journal of Agricultural, Biological, and Environmental Statistics**, v. 17, n. 1, p. 15–37, 2012.

PIEPHO, H. P. et al. BLUP for phenotypic selection in plant breeding and variety testing. **Euphytica**, v. 161, n. 1, p. 209–228, 2008.

RAMALHO, M. A. P. et al. BRSMG Uai: common bean cultivar with carioca grain type and upright plant architecture. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 16, n. 3, p. 261–264, 2016.

RAMALHO, M. A. P. et al. Lavras, **Aplicações da Genética Quantitativa no Melhoramento de Plantas Autógamas**. 1. ed. Lavras: UFLA, 2012.

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

RAMALHO, M. A.; PIROLA, L. H.; ABREU, A. F. B. Alternativas na seleção de plantas de feijoeiro com porte ereto e grão tipo carioca. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 33, p. 1989–1994, 1998.

RESENDE, M. D. V. De. Software Selegen-REML / BLUP : a useful tool for plant breeding. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 16, n. September, p. 330–339, 2016.

RIBEIRO, N. D. *et al.* Phenological, plant architecture, and grain yield traits on common bean lines selection. **Revista Caatinga**, [s. l.], v. 31, n. 3, p. 657–666, 2018.

ROCHA, J. R. Do A. S. De C. *et al.* Selection of Superior Inbred Progenies toward the Common Bean Ideotype. **Agronomy Journal**, v. 111, n. 3, p. 1181–1189, 2019.

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

SALVADOR, C. A.; PEREIRA, J. R. **Prognóstico Agropecuário - Feijão 2011/2022**. v.13, n.36, 2021. Disponível em: https://www.agricultura.pr.gov.br/sites/default/arquivos_restritos/files/documento/2022-01/feijao.pdf. Acesso em: 3 fev. 2024.

SALVADOR, F. V. *et al.* Correcting experimental data for spatial trends in a common bean breeding program. **Crop Science**, v. 62, n. 2, p. 825–838, 2022.

SANTANA, A. S. *et al.* Analysis of advanced generation multistage field trials data in autogamous plant breeding: An evaluation in common Bean. **Crop Science**, v. 63, n. 3, p. 1221–1233, 2023.

SILVA, V. M. P. E *et al.* Genetic potential of common bean parents for plant architecture improvement. **Scientia Agricola**, v. 70, n. 3, p. 167–175, 2013.

SOARES, I. O. *et al.* Genetic and phenotypic parameters associated with soybean progenies in a recurrent selection program. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 20, n. 4, p. e28092046, 2020.

STOROPOLI, J. **Estatística Bayesiana com R e Stan: Modelos Multiníveis Bayesianos**. 2021. Disponível em: https://storopoli.github.io/Estatistica-Bayesiana/10-Regressao_Multinivel.html.

ESKRIDGE, K. M. Selection of stable cultivars using a safety-first rule. **Crop Science**, v. 30, n. 2, p. 369, 1990.

GEMAN, S.; GEMAN, D. Stochastic Relaxation, Gibbs Distributions, and the Bayesian Restoration of Images. **IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence**, v. PAMI-6, n. 6, p. 721–741, 1984.

HASTINGS, W. K. Monte Carlo sampling methods using Markov chains and their applications. **Biometrika**, v. 57, n. 1, p. 97–109, 1970.

METROPOLIS, N. *et al.* Equation of State Calculations by Fast Computing Machines. **The Journal of Chemical Physics**, v. 21, n. 6, p. 1087–1092, 1953.

NEAL, R. M. An Improved Acceptance Procedure for the Hybrid Monte Carlo Algorithm. **Journal of Computational Physics**, v.111, n.1, p.194–203, 1994.

SHUKLA, G. K. Some statistical aspects of partitioning genotype-environmental components of variability. **Heredity**, v. 29, n. 2, p. 237–245, 1972. Disponível em: <https://www.nature.com/articles/hdy197287>. Acesso em: 27 jun. 2023.

APÊNDICE – Arquivos suplementares

Figura S7 - Histograma da performance dos genótipos avaliados para PROD nas safras Inverno 2020, Seca 2021 e Seca 2022

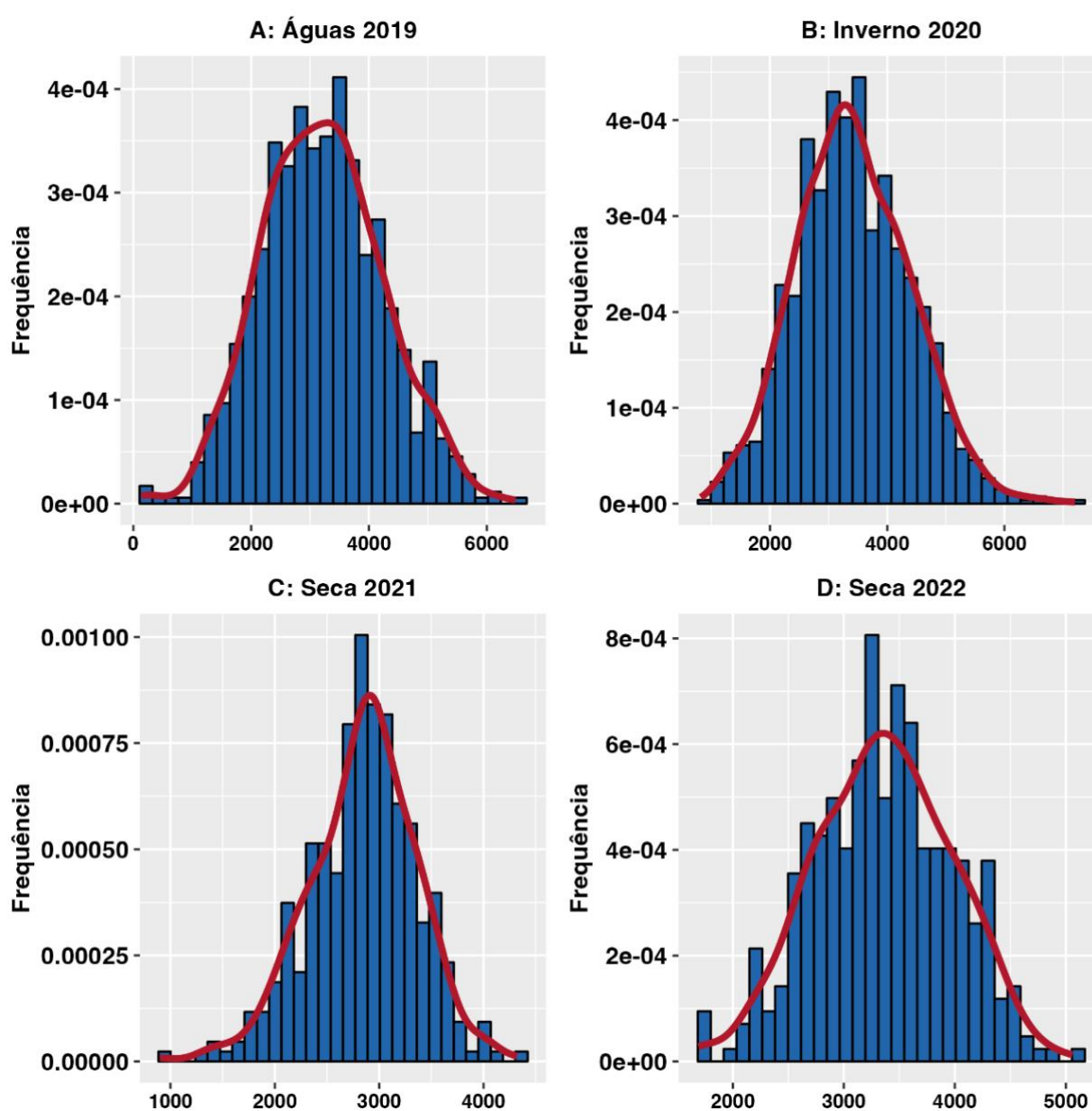


Figura S8 - Histograma da performance dos genótipos avaliados para ACG nas safras Seca 2021 e Seca 2022

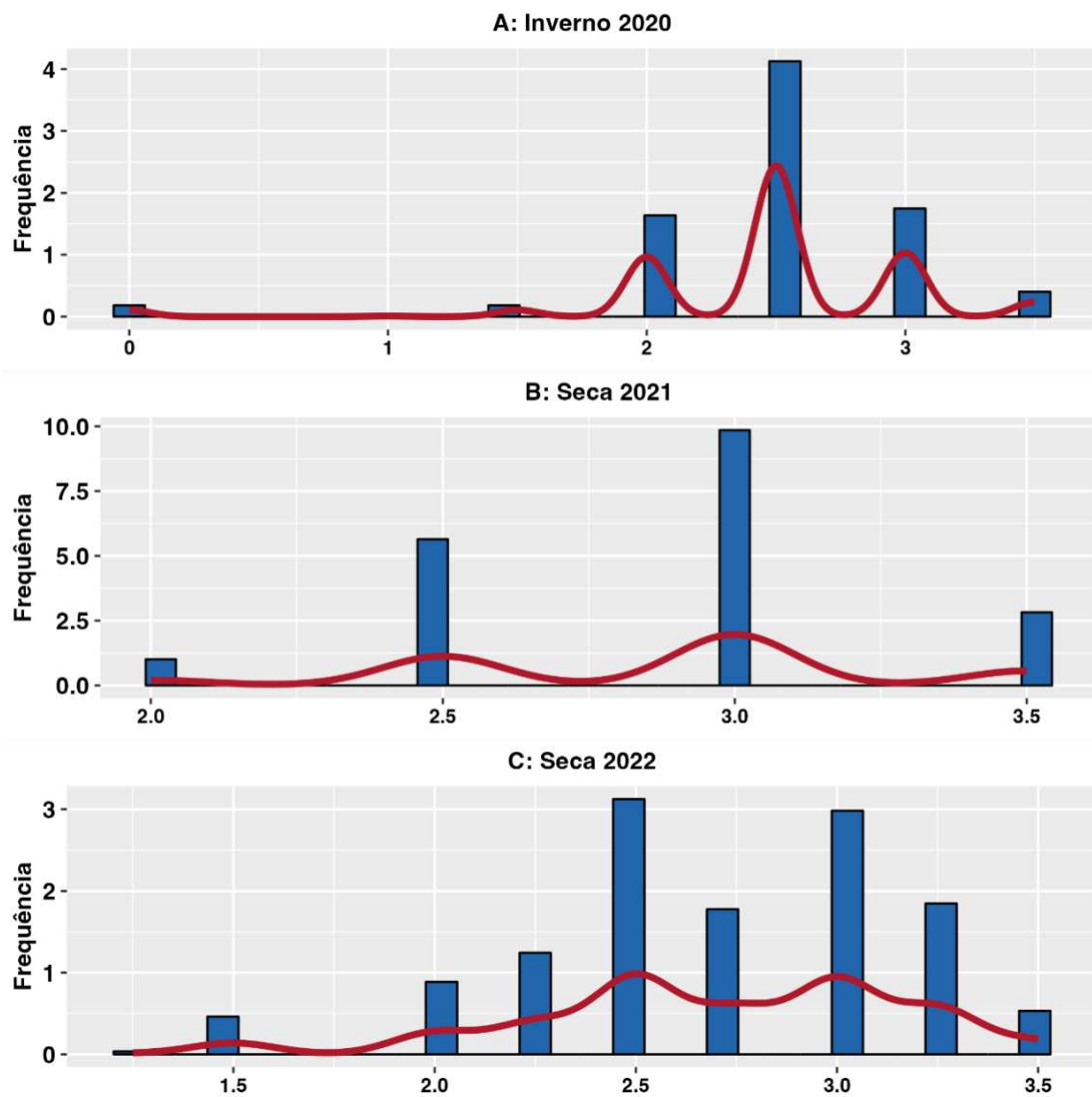


Figura S9 - Histograma da performance dos genótipos avaliados para ARQ nas safras Águas 2019, Inverno 2020, Seca 2021 e Seca 2022

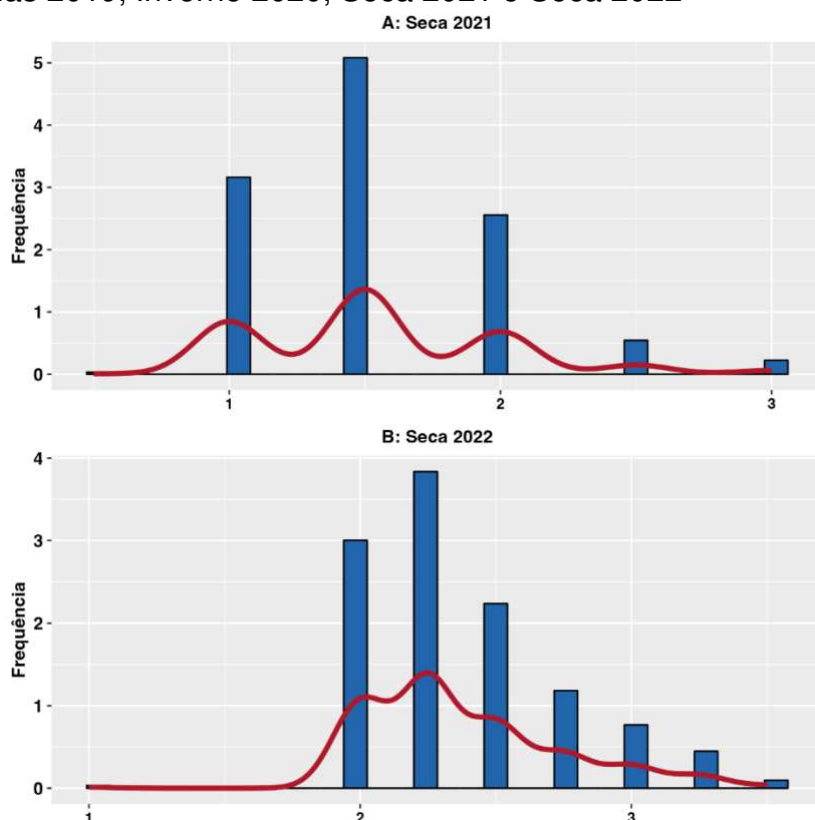


Tabela S4 - Probabilidades condicionais (p) e medias ajustadas (m) das 12 famílias de feijão carioca selecionadas pelo índice de seleção Bayesiano multiambientes para a característica PROD nas safras Águas 2019 (A19), Inverno 2020 (I20), Seca 2021 (S21) e Seca 2022 (S22)

Genótipo	Probabilidade condicional da performance superior				Média ajustada de PROD			
	A19	I20	S21	S22	A19	I20	S21	S22
697F2I50	0,40	0,36	0,56	0,55	4319,56	4065,97	3632,09	4139,88
702F2I121	0,23	0,17	0,14	0,13	4532,47	4084,25	2675,63	3035,89
702F2I131	0,08	0,13	0,09	0,09	3667,68	4260,39	2490,63	3101,33
703F2I34	0,70	0,52	0,46	0,40	5709,79	4560,62	3026,41	3215,92
703F2I38	0,34	0,30	0,43	0,33	4452,15	4160,22	3395,55	3519,36
704F2I271	0,18	0,20	0,17	0,14	4290,78	4246,32	2779,24	3010,66
706F2I266	0,42	0,28	0,27	0,24	4916,03	4203,56	2905,65	3223,97
707F2I7	0,11	0,20	0,09	0,06	4113,43	4574,92	2550,61	2306,53
710F2I316	0,28	0,19	0,23	0,17	4598,16	4036,12	3034,96	3005,50
712F2I100	0,53	0,29	0,39	0,42	5108,24	3825,09	3143,39	3744,87
712F2I103	0,10	0,26	0,20	0,15	3285,54	4631,32	3060,90	3216,19
713F2I225	0,47	0,27	0,25	0,35	5034,13	3998,30	2692,76	3649,27
BRSMG								
MadrePérola	0,01	0,01	0,01	0,03	1559,52	2148,05	2019,31	3312,52
BRS								
PÉROLA	0,01	0,01	0,03	0,02	2017,62	3117,95	2605,24	2689,58
BRSMG UAI	0,17	0,13	0,18	0,10	4353,04	3900,20	3016,72	2841,66
BRSMG								
ZAPE	0,43	0,18	0,32	0,29	5023,63	3448,63	3163,98	3532,34

Tabela S5 - Probabilidades condicionais (p) e medias ajustadas (m) das 12 famílias de feijão carioca selecionadas pelo índice de seleção Bayesiano multiambientes para a característica ACG nas safras Inverno 2020 (INV20), Seca 2021 (SEC21) e Seca 2022 (SEC22)

Genótipo	Probabilidade condicional da performance superior			Média ajustada de ACG		
	INV20	SEC21	SEC22	INV20	SEC21	SEC22
697F2I50	0,15	0,54	0,57	2,50	3,17	3,08
702F2I121	0,23	0,81	0,87	2,50	3,33	3,33
702F2I131	0,11	0,51	0,75	2,33	3,17	3,25
703F2I34	0,17	0,09	0,19	2,67	2,83	2,92
703F2I38	0,69	0,64	0,86	2,83	3,17	3,25
704F2I271	0,92	0,64	0,74	3,17	3,17	3,08
706F2I266	0,11	0,17	0,32	2,50	3,00	3,00
707F2I7	0,28	0,77	0,28	2,67	3,33	2,92
710F2I316	0,12	0,11	0,71	2,50	2,83	3,25
712F2I100	0,09	0,15	0,20	2,50	3,00	2,92
712F2I103	0,18	0,77	0,63	2,50	3,33	3,08
713F2I225	0,27	0,26	0,71	2,67	3,00	3,17
BRSMG MadrePérola	0,15	0,42	0,05	2,67	3,17	2,50
BRS PÉROLA	0,00	0,00	0,01	2,17	2,67	2,50
BRSMG UAI	0,01	0,02	0,01	2,33	2,83	2,50
BRSMG ZAPE	0,02	0,03	0,03	2,33	2,83	2,67

Tabela S6 - Probabilidades condicionais (p) e medias ajustadas (m) das 12 famílias de feijão carioca selecionadas pelo índice de seleção Bayesiano multiambientes para a característica ARQ nas safras Seca 2021 (SEC21) e Seca 2022 (SEC22)

Genótipo	Probabilidade condicional da performance superior		Média ajustada de ARQ	
	SEC21	SEC22	SEC21	SEC22
697F2I50	0,05	0,05	1,50	2,33
702F2I121	0,14	0,10	1,67	2,33
702F2I131	0,91	0,81	2,17	2,67
703F2I34	0,24	0,40	1,67	2,58
703F2I38	0,02	0,18	1,17	2,58
704F2I271	0,94	0,90	2,17	2,75
706F2I266	0,75	0,44	2,00	2,50
707F2I7	0,47	0,88	1,67	3,00
710F2I316	0,51	0,35	1,83	2,50
712F2I100	0,66	0,22	2,00	2,33
712F2I103	0,52	0,92	1,67	3,08
713F2I225	0,10	0,61	1,33	2,83
BRSMG MadrePérola	0,00	0,00	1,00	2,17
BRS PÉROLA	0,02	0,01	1,50	2,08
BRSMG UAI	1,00	1,00	2,50	3,33
BRSMG ZAPE	0,63	0,76	1,83	2,75