

Universidade Federal do Piauí

Seleção simultânea para múltiplos caracteres, adaptabilidade e estabilidade de linhagens de feijão-caupi no semiárido piauiense

Maurício dos Santos Araújo

Dissertação apresentada à Universidade Federal do Piauí como parte das exigências do Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento para obtenção do título de “Mestre”.

Teresina

2020

Maurício dos Santos Araújo
Licenciado em Ciências Biológicas

Seleção simultânea para múltiplos caracteres, adaptabilidade e estabilidade de linhagens de feijão-caupi no semiárido piauiense

Orientador:

Prof. Dr. Maurisrael de Moura Rocha

Dissertação apresentada à Universidade Federal do Piauí, como parte das exigências do Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento, para a obtenção do título de “Mestre”.

Teresina
2020

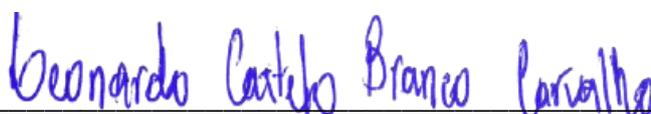
Ficha catalográfica

Seleção simultânea para múltiplos caracteres, adaptabilidade e estabilidade de linhagens de feijão-caupi no semiárido piauiense

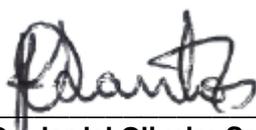
Maurício dos Santos Araújo

Aprovada em: 06/04/2020

Comissão julgadora:



Prof. Dr. Leonardo Castelo Branco de Carvalho – PNP/PPGM



Prof. Dr. Jardel Oliveira Santos - UFMA



Dr. Maurisrael de Moura Rocha – Embrapa Meio-Norte
(Orientador)

A meus pais, Maria Santo e Francisco Araújo, e a minhas irmãs, Danielle Araújo, Verônica Araújo e Glayciane Carvalho, por todo amor, carinho e amizade.

DEDICO

AGRADECIMENTOS

A Deus, por todas as conquistas ao longo da minha vida acadêmica e pessoal;
À Universidade Federal do Piauí - UFPI, pela oportunidade de cursar o mestrado em Genética e Melhoramento PPGM/UFPI;

À Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES) e a Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado do Piauí (FAPEPI), pela concessão da bolsa;

À Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária (EMBRAPA) Meio-Norte, pela infraestrutura disponibilizada para a realização da pesquisa, e a concessão do apoio financeiro;

Ao meu orientador Dr. Maurisrael de Moura Rocha, pelos ensinamentos e por ter aceito me orientar;

A minha mãe Maria do Espírito Santo e meu pai Francisco Carvalho de Araújo, por sempre estarem ao meu lado, apoiando e incentivando;

Às minhas irmãs Glayciane Santos Carvalho, Verônica dos Santos Araújo e Danielle dos Santos Araújo, por todo apoio e amor;

Ao meu tio Francisco da Fé de Jesus (*in memoriam*), por acreditar em minha formação acadêmica e em um futuro melhor;

Às professoras Dra. Aracelli de Sousa Leite, Ma. Michelle Mara de Oliveira Lima e Dra. Sebastiana Ceci Sousa, pelos ensinamentos, apoio e por acreditarem em mim desde as primeiras aulas na graduação em Ciências Biológicas, e por me conduzirem rumo a Pós-Graduação;

Aos professores da Pós-Graduação, pelos ensinamentos, trocas e conhecimentos construídos ao longo do mestrado. Em especial a Dra. Regina Lucia Ferreira Gomes, Dra. Lidiane de Lima Feitoza, Dra. Verônica Brito da Silva, Dra. Ângela Celis de Almeida Lopes, Dr. Leonardo Castelo Branco Carvalho e o Dr. Raimundo Nonato Oliveira Silva;

À equipe do Programa de Melhoramento Genético do Feijão-Caupi da Embrapa Meio-Norte, em Teresina. Em especial ao Manoel Gonçalves da Silva, por ser um “pai” para os estagiários, Agripino Ferreira do Nascimento, Paulo Sérgio Monteiro e Silvestre Gomes da Silva, pela ajuda durante a execução da pesquisa;

A equipe do laboratório de bromatologia da Embrapa Meio-Norte, Luís José Duarte Franco, José Moreira Fernandes e Thaise Kessiane Teixeira, pelos

ensinamentos e auxílio nas análises nutricionais;

Aos meus amigos Walter Frazão Lelis de Aragão e Samíria Pinheiro dos Santos, pelos ensinamentos, conversas, momentos de descontração e muita cumplicidade;

Aos meus queridos amigos Josué Tadeu Lima de Barros Dias e Kelly Janielle dos Santos, pela cumplicidade e por sempre terem confiado em meu potencial;

Aos meus amigos da turma do mestrado 2018.1, que proporcionaram momentos únicos e toda a cumplicidade durante o processo formativo, em especial a Breno Machado de Almeida e Regina Maria Silva Sousa;

Aos amigos da Pós-Graduação em Genética e Melhoramento (PPGM) e Núcleo de Estudos em Genética e Melhoramento (GEM), pelos saberes compartilhados durante todo o percurso;

A todos que, de alguma forma, estiveram presente nessa conquista.

SUMÁRIO

AGRADECIMENTOS	6
RESUMO	10
ABSTRACT	11
LISTA DE ABREVIATURAS	10
LISTA DE TABELAS	11
LISTA DE FIGURAS	13
1 INTRODUÇÃO	15
2 REVISÃO BIBLIOGRÁFICA	17
2.1 Feijão-Caupi	17
2.1.1 Classificação Botânica, Origem e Biologia	17
2.1.2 Importância Socioeconômica.....	19
2.1.3 Importância Nutricional	20
2.1.4 Biofortificação	21
2.1.5 Qualidade Tecnológica	26
2.2 Seleção Simultânea de Caracteres	27
2.2.1 Abordagem Genotype by Yield*Trait (GYT) Biplot.....	28
2.3 Adaptabilidade e Estabilidade.....	30
2.3.1 Análise GGE Biplot.....	31
3 MATERIAL E MÉTODOS	32
3.1 Material Genético.....	32
3.2 Caracterização Experimental.....	33
3.3 Caracteres Avaliados.....	33
3.3.1 Caracteres Agronômicos	33
3.3.2 Caracteres Nutricionais	34
3.3.3 Qualidade Tecnológica	34
3.3.2.1 Teor de Proteínas	35
3.3.2.2 Teores de Ferro e Zinco	36
3.3.2.4 Qualidade Tecnológica:	36
3.3.2.4.1 Qualidade Cozimento:	36
3.4 Análises Estatísticas.....	37
4 RESULTADOS E DISCUSSÃO	42
4.1 Caracteres Agronômicos	42

4.1.1 Análises de Variância Individuais.....	42
4.1.2 Análises de Variância Conjunta	45
4.1.3 Agrupamento de Médias	46
4.2 Caracteres Nutricionais e Qualidade Tecnológica	50
4.2.1 Análises de Variância Individuais.....	50
4.2.2 Análises de Variância Conjunta	53
4.3 Seleção Simultânea de Múltiplos Caracteres via GYT Biplot.....	55
4.4 Análises de Adaptabilidade e Estabilidade via GGE Biplot.....	63
4.4.1 Teor de Ferro (TFe)	63
4.4.2 Teor de Zinco (TZn)	67
4.4.3 Teor de Proteínas (TProt)	71
4.4.4 Qualidade de Cozimento (QC).....	74
5 CONCLUSÕES.....	78
REFERÊNCIAS	79

RESUMO

ARAÚJO, M. S. **Seleção simultânea para múltiplos caracteres, adaptabilidade e estabilidade de linhagens de feijão-caupi no semiárido piauiense.** 2020. 97 f. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento) – Universidade Federal do Piauí, 2020.

O feijão-caupi [*Vigna unguiculata* (L.) Walp.] é uma leguminosa de grande importância agrônômica e nutricional para países da África, Ásia, América Latina e os Estados Unidos. No Brasil, a cultura apresenta grande importância, principalmente nas regiões Norte e Nordeste, onde é mais cultivado e consumido. A seleção de genótipos superiores baseados em múltiplos caracteres de interesse econômico e alta adaptabilidade e estabilidade é o que se tem buscado no melhoramento genético do feijão-caupi. Por isso, o presente trabalho teve como objetivo selecionar linhagens superiores de feijão-caupi, simultaneamente para múltiplos caracteres e com alta adaptabilidade e estabilidade no semiárido piauiense. Foram avaliados 20 genótipos, compreendendo linhagens (17) e cultivares (3) em ensaios de valor de cultivo e uso do programa de melhoramento genético de feijão-caupi da Embrapa Meio-Norte, em Teresina-PI. Os ensaios foram conduzidos no estado do Piauí nos municípios de Monsenhor Hipólito, Pio IX e São Miguel do Tapuio, situados na região semiárida. Os experimentos foram conduzidos sob condições de sequeiro, em delineamento de blocos ao acaso, com quatro repetições. Os caracteres avaliados foram: número de dias para a floração (NDF), tipo de porte (TP), valor de cultivo (VC), acamamento (ACAM), comprimento de vagem (COMPV), número de grãos por vagem (NGV), peso de cem grãos (P100G), índice de grãos (IG), produtividade de grãos (PROD), teores de ferro (TFe), zinco (TZn), proteína (TProt) e a qualidade de cozimento (QC). A seleção simultânea foi realizada pela abordagem *Genotype by Yield*Trait* (GYT) Biplot e a adaptabilidade dos caracteres com interação genótipo x ambiente significativa, pelo método GGE Biplot. Dessa forma, observou-se variabilidade genética para a maioria dos caracteres e, conjuntamente, exceto para PROD, TFe e TZn. Com base na análise GYT Biplot, as linhagens MNC11-1013E-35, MNC11-1013E-15 e MNC11-1052E-3 apresentam as melhores combinações entre a produtividade de grãos com os componentes de produção, qualidade nutricional e qualidade tecnológica, e as linhagens MNC11-1019E-12 e MNC11-1013E-33 respondem alta estabilidade fenotípica para as características avaliadas, exceto a PROD*QC. A metodologia GGE Biplot evidenciou que as linhagens MNC11-1019E-8, MNC11-1019E-46, MNC11-1034E-2 e as cultivares BRS Marataoã e BRS Pajeú apresentam melhor adaptabilidade e estabilidade para os teores de ferro, zinco e proteínas, e qualidade de cozimento, respectivamente, nos ambientes do semiárido piauiense avaliados.

Palavras-chave: *Vigna unguiculata*. Seleção múltipla. Produtividade. Qualidade nutricional. Qualidade tecnológica. Interação genótipo x ambiente.

ABSTRACT

ARAÚJO, M. S. **Simultaneous selection for multiple traits, adaptability and stability of cowpea lines in the semi-arid region of Piauí.** 2020. 97 f. Dissertation (Master/Genetics and Breeding) – Federal University of Piauí, 2020.

Cowpea [*Vigna unguiculata* (L.) Walp.] is a legume of great agronomic and nutritional importance for countries in Africa, Asia, Latin America and the United States. In Brazil, the crop has significant importance, especially in the North and Northeast regions, where it is most cultivated and consumed. Selection of superior genotypes based on multiple traits of economic interest and high adaptability and yield stability is what has been pursued in cowpea breeding. Therefore, the present study aimed to select superior cowpea lines simultaneously for multiple traits and with high adaptability and stability in the semi-arid region of Piauí. Twenty genotypes were evaluated, consisting in lines (17) and cultivars (3) in tests of cultivation value and use from the cowpea breeding program of Embrapa Meio-Norte, in Teresina-PI. The field experiments were conducted in the state of Piauí, in the municipalities of Monsenhor Hipólito, Pio IX and São Miguel do Tapuio, located in the semiarid region. The experiments were conducted under rainfed conditions in a randomized block design with four replications. The evaluated traits were: number of days to start flowering (NDSF), plant type (PT), cultivation value (CV), plant lodging (PLD), pod length (PL), number of grains per pod (NGP), weight of one hundred grains (HGW), grain index (GI), grain yield (GY), iron content (FeC), zinc content (ZnC), protein content (ProtC), and quality cooking through the percentage of cooked grains (PCG). Simultaneous selection was performed using the Genotype by Yield * Trait (GYT) Biplot approach and the adaptability of the traits with significant genotype x environment interaction was estimated through the GGE Biplot method. Thus, genetic variability was observed for most traits, except for GY, FeC and ZnC. Based on the GYT Biplot analysis, the lines MNC11-1013E-35, MNC11-1013E-15 and MNC11-1052E-3 present the best combinations between grain yield and production components, nutritional and technological quality, and the lines MNC11-1019E-12 and MNC11-1013E-33 show high phenotypic stability for the evaluated traits, except PROD*QC. GGE Biplot methodology showed that the lines MNC11-1019E-8, MNC11-1019E-46, MNC11-1034E-2 and the cultivars BRS Marataoã and BRS Pajeú present better adaptability and stability for the iron, zinc and proteins contents, and cooking quality, respectively, in the Piauí semi-arid environments evaluated.

Keywords: *Vigna unguiculata*. Multiple selection. Yield. Nutritional quality. Technological quality. Genotype x environment interaction.

LISTA DE ABREVIATURAS

ANVISA	Agência Nacional de Vigilância Sanitária
AOAC	Association of Official Analytical Chemists
BAG	Banco Ativo de Germoplasma
Ca	Cálcio
CONAB	Companhia Nacional de Abastecimento
CP	Componente Principal
CV	Coeficiente de Variação
DNA	Ácido Desoxirribonucléico
DVS	Decomposição em Valores Singulares
EMBRAPA	Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária
EUA	Estados Unidos da América
FAO	Food and Agriculture Organization
Fe	Ferro
GA	Genótipo por Ambiente
GT	Genotype by Trait
GYT	Genotype by Yield*Trait
IIT	International Institute of Tropical Agriculture
IS	Índice de Superioridade
IGA	Interação Genótipo por Ambiente
LSPA	Levantamento Sistemático da Produção Agrícola
MAPA	Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento
MSH	Monsehor Hipólito
OMS	Organização Mundial de Saúde
P	Fósforo
QC	Qualidade de cozimento
PI	Piauí
PIX	Pio IX
RI	Relação de informação
SC	Subclasse Comercial
SMT	São Minguel do Tapuio
TF	Teor de Ferro
TProt	Teor de Proteínas
TZn	Teor de Zinco
VCU	Valor de Cultivo e Uso
WHO	World Health Organization
Zn	Zinco

LISTA DE TABELAS

- Tabela 1.** Genótipos de feijão-caupi avaliados e suas genealogias e subclasses comerciais.32
- Tabela 2.** Descrição dos municípios de Monsenhor Hipólito, Pio IX e São Miguel do Tapuio situados no semiárido do estado do Piauí, onde foram conduzidos os ensaios de Valor de Cultivo e Uso (VCU) Cores do programa de melhoramento genético de feijão-caupi da Embrapa Meio-Norte, no ano agrícola 2019.33
- Tabela 3.** Resumo da análise de variância individual para os caracteres número de dias para a floração (NDF), tipo de porte da planta (TP), valor de cultivo (VC), acamamento (ACAM), comprimento da vagem (COMPV), número de grãos por vagem (NGV), peso de cem grãos (P100G), índice de grãos (IG) e produtividade de grãos (PROD), obtido a partir da avaliação de 20 genótipos de feijão-caupi, em ensaios de valor de cultivo e uso do tipo cores, nos municípios de Monsenhor Hipólito, Pio IX e São Miguel do Tapuio, situados no semiárido piauiense, no ano agrícola 2019.43
- Tabela 4.** Resumo da análise de variância conjunta para os caracteres número de dias para a floração (NDF), comprimento da vagem (COMPV), número de grãos por vagem (NGV), peso de 100 grãos (P100G), índice de grãos (IG) e produtividade de grãos (PROD), obtido a partir da avaliação de 20 genótipos de feijão-caupi, em ensaios de valor de cultivo e uso do tipo cores, nos municípios de Monsenhor Hipólito, Pio IX e São Miguel do Tapuio, situados no semiárido piauiense, no ano agrícola 2019.45
- Tabela 5.** Médias dos caracteres número de dias para a floração (NDF), tipo porte (TP), acamamento (ACAM), valor de cultivo (VC), comprimento vagem (COMPV), número de grãos por vagem (NGV), peso de 100 grãos (P100G), índice de grãos (IG) e produtividade de grãos (PG), obtidas a partir da avaliação de 20 genótipos de feijão-caupi, em ensaios de valor de cultivo e uso do tipo cores, em três ambientes do semiárido piauiense, no ano agrícola 2019.47
- Tabela 6.** Resumo da análise de variância individual para os teores de ferro (TFe), zinco (TZn) e proteínas (TProt), obtido a partir da avaliação de 20 genótipos de feijão-caupi, em ensaios de valor de cultivo e uso do tipo cores, conduzidos nos municípios de Monsenhor Hipólito, Pio IX e São Miguel do Tapuio, situados no semiárido piauiense, no ano agrícola 2019.51
- Tabela 7.** Resumo das análises de variâncias individuais para a qualidade de cozimento, obtido a partir da avaliação de 20 genótipos de feijão-caupi, em ensaios de valor de cultivo e uso do tipo cores, nos municípios de Monsenhor Hipólito, Pio IX e São Miguel do Tapuio, situados no semiárido piauiense, no ano agrícola 2019. ...52
- Tabela 8.** Resumo da análise de variância conjunta para o teor de ferro (TFe), zinco (TZn) e proteínas (TProt), obtido a partir da avaliação de 20 genótipos de feijão-caupi, em ensaios de valor de cultivo e uso do tipo cores, conduzidos nos municípios de Monsenhor Hipólito, Pio IX e São Miguel do Tapuio, situados no semiárido piauiense, no ano agrícola 2019.54
- Tabela 9.** Resumo da análise de variância conjunta para a qualidade de cozimento,

obtido a partir da avaliação de 20 genótipos de feijão-caupi, em ensaios de valor de cultivo e uso do tipo cores, conduzidos nos municípios de Monsenhor Hipólito, Pio IX e São Miguel do Tapuio, situados no semiárido piauiense, no ano agrícola 2019. ...55

Tabela 10. Dados padronizados para Genotype by Yield*Trait (GYT) Biplot e índice de superioridade GYT para os genótipos de feijão-caupi avaliados em três ambientes do semiárido piauiense, MSH: Monsenhor Hipólito; SMT: São Miguel do Tapuio; PIX: Pio IX, no ano agrícola 2019.62

LISTA DE FIGURAS

Figura 1. Genotype by Trait (GT) Biplot com base nos dados originais para os caracteres agronômicos e nutricionais de feijão-caupi. Biplot baseado na decomposição de valores singulares de dados padronizados por caracteres ("Scaling = 1, Centering = 2") e partição de valor singular focada em características ("SVP = 2"). NDF: número de dias para a floração; COMPV: comprimento de vagens; NGV: número de grãos por vagem; P100G: peso de cem grãos; IG: índice de grãos; PROD: produtividade de grãos; TFe: teor de ferro; TZn: teor de zinco; TProt: teor de proteínas; QC: qualidade de cozimento.56

Figura 2. GYT Biplot "which-won-where" de genótipos de feijão-caupi quanto à associação entre produtividade e caracteres alvos. Biplot baseado na decomposição de valores singulares da tabela GYT padronizada ("Scaling = 1, Centering = 2"). Foi utilizada a partição de valor singular focada em caracteres ("SVP = 2"). NDF: número de dias para a floração; COMPV: comprimento de vagens; NGV: número de grãos por vagem; P100G: peso de cem grãos; IG: índice de grãos; PROD: produtividade de grãos; TFe: teor de ferro; TZn: teor de zinco; TProt: teor de proteínas; QC: qualidade de cozimento.58

Figura 3. GYT Biplot representando a média x caráter, indicando o rank de superioridade dos genótipos. Biplot baseado na decomposição de valores singulares da tabela GYT padronizada ("Scaling = 1, Centering = 2"). Foi utilizada a partição de valor singular focada no genótipo ("SVP = 1"). NDF: número de dias para a floração; COMPV: comprimento de vagens; NGV: número de grãos por vagem; P100G: peso de cem grãos; IG: índice de grãos; PROD: produtividade de grãos; TFe: teor de ferro; TZn: teor de zinco; TProt: teor de proteínas; QC: qualidade de cozimento.61

Figura 4. GGE Biplot para a adaptabilidade e estabilidade do teor de ferro de 20 genótipos de feijão-caupi, avaliados em três ambientes do semiárido piauiense, MSH: Monsenhor Hipólito; SMT: São Miguel do Tapuio; PIX: Pio IX, no ano agrícola 2019, (A) GGE Biplot "média versus estabilidade" (B) classificação do genótipo ideal.64

Figura 5. GGE Biplot para a adaptabilidade e estabilidade do teor de ferro de 20 genótipos de feijão-caupi, avaliados em três ambientes do semiárido piauiense, MSH: Monsenhor Hipólito; SMT: São Miguel do Tapuio; PIX: Pio IX no ano agrícola 2019, (A) GGE Biplot mega-ambiente which-won-where; (B) GGE Biplot "discriminação e representatividade"66

Figura 6. GGE Biplot para a adaptabilidade e estabilidade do teor de zinco de 20 genótipos de feijão-caupi, avaliados em três ambientes do semiárido piauiense, MSH: Monsenhor Hipólito; SMT: São Miguel do Tapuio; PIX: Pio IX no ano agrícola 2019, (A) GGE Biplot "média versus estabilidade" (B) classificação do genótipo ideal.68

Figura 7. GGE Biplot para a adaptabilidade e estabilidade do teor de zinco de 20 genótipos de feijão-caupi, avaliados em três ambientes do semiárido piauiense, MSH: Monsenhor Hipólito; SMT: São Miguel do Tapuio; PIX: Pio IX no ano agrícola 2019, (A) GGE Biplot mega-ambiente *which-won-where*; (B) GGE Biplot "discriminação e representatividade"70

Figura 8. GGE Biplot para a adaptabilidade e estabilidade do teor de proteínas de 20 genótipos de feijão-caupi, avaliados em três ambientes do semiárido piauiense, MSH: Monsenhor Hipólito; SMT: São Miguel do Tapuio; PIX: Pio IX no ano agrícola 2019, (A) GGE Biplot “média versus estabilidade” (B) classificação do genótipo ideal.....72

Figura 9. GGE Biplot para a adaptabilidade e estabilidade do teor de proteínas de 20 genótipos de feijão-caupi, avaliados em três ambientes do semiárido piauiense, MSH: Monsenhor Hipólito; SMT: São Miguel do Tapuio; PIX: Pio IX no ano agrícola 2019, (A) GGE Biplot mega-ambiente *which-won-where*; (B) GGE Biplot “discriminação e representatividade”74

Figura 10. GGE Biplot para a adaptabilidade e estabilidade da qualidade tecnológica de 20 genótipos de feijão-caupi, avaliados em três ambientes do semiárido piauiense, MSH: Monsenhor Hipólito; SMT: São Miguel do Tapuio; PIX: Pio IX no ano agrícola 2019, (A) GGE Biplot “média versus estabilidade” (B) classificação do genótipo ideal.75

Figura 11. GGE Biplot para a adaptabilidade e estabilidade da qualidade tecnológica de 20 genótipos de feijão-caupi, avaliados em três ambientes do semiárido piauiense, MSH: Monsenhor Hipólito; SMT: São Miguel do Tapuio; PIX: Pio IX no ano agrícola 2019, (A) GGE Biplot mega-ambiente *which-won-where*; (B) GGE Biplot “discriminação e representatividade”77

1 INTRODUÇÃO

O feijão-caupi [*Vigna unguiculata* (L.) Walp.] é originário do continente Africano (XIONG et al., 2016; KARAPANOS; PAPANDREOU; SKOULOUDI, 2017), sendo cultivado principalmente na África, sudeste da Ásia, sul dos Estados Unidos e América Latina (DOMÍNGUEZ-PERLES et al., 2015; HUYNH et al., 2013; ALIYU et al., 2019), onde tem grande importância agrônômica e nutricional, principalmente para a população mais carente (GONDWE et al., 2019).

No Brasil, o feijão-caupi é cultivado nos estados da Bahia, Ceará, Mato Grosso, Minas Gerais, Paraíba, Pernambuco, Piauí, Rio Grande do Norte, Tocantins, entre outros. A região Nordeste é responsável por uma área plantada de 1.1049, 2 mil ha⁻¹, com uma produção de 382,9 mil ton. e produtividade média de 366 kg ha⁻¹ (FREIRE-FILHO, 2011; CONAB, 2019). O estado do Piauí apresenta-se como o quarto maior produtor brasileiro, com 70,2 mil ton., tendo como maiores produtores os municípios de Pio IX, Baixa Grande do Ribeiro, Fronteiras, Inhuma e Itainópolis (CONAB, 2019; LSPA, 2019).

O feijão-caupi apresenta várias características que justificam o seu cultivo em várias regiões do mundo. Apresenta ciclo de cultivo curto, adaptação satisfatória às condições de seca (SPRIGGS et al., 2018; CARVALHO et al., 2019), baixa exigência hídrica, pouca necessidade de adubos e fertilizantes (BOUKAR et al., 2018), e capacidade de realizar fixação biológica de nitrogênio por meio da associação com bactérias do solo conhecidas como rizóbios, contribuindo, desse modo, para a qualidade do solo (DDAMULIRA et al., 2015; MOHAMMED; JAISWAL; DAKORA, 2018).

O feijão-caupi é um espécie estratégica para a segurança alimentar de milhares de pessoas no Brasil. Segundo a World Health Organization (2018), mais de 2 bilhões de pessoas no mundo sofrem com deficiência de micronutrientes e vitaminas sendo as crianças menores de cinco anos e mulheres em idade reprodutiva o público alvo (BAILEY, 2015). Uma das formas de mitigar esse problema é a ingestão de alimentos biofortificados, considerado uma estratégia promissora no combate da desnutrição humana (SAEID et al., 2018).

Sendo o feijão-caupi uma leguminosa com ampla variabilidade genética, esta tem sido alvo dos programas de melhoramento genético, cujos principais objetivos são aumentar a produtividade, adaptabilidade e a estabilidade de produção; resistência a

pragas e doenças; elevar os teores de proteína, ferro, zinco e fibra alimentar digestível dos grãos; melhorar a qualidade visual e culinária dos grãos entre outros (FREIRE-FILHO, 2008; 2011).

A realização de seleção simultânea para um conjunto de caracteres tem sido empregada no melhoramento genético com o objetivo de obter genótipos superiores e ganhos com a seleção (CRUZ; CARNEIRO; REGAZZI, 2012). No entanto, essa seleção enfrenta dois problemas principais, a interação genótipo por ambiente (GxA) e a associação de uma característica alvo com outras desfavoráveis (YAN; FRÉGEAU-REID, 2018). Com o objetivo de minimizar esses problemas, Yan e Frégeau-Reid (2018) propuseram a abordagem *Genotype by Yield*Trait* (GYT) Biplot. É considerada uma análise gráfica, objetiva e sem a presença de subjetividade empregada por muitos índices de seleção (MOHAMMADI, 2019; YAN et al., 2019a). Embora existam poucos trabalhos usando GYT Biplot, Kendal (2019), Mohammadi (2019), Yan et al. (2019b), Boureima e Yaou (2019), Oliveira et al. (2019), Karahan e Akgun (2019), e Cruz et al. (2020), conseguiram identificar genótipos superiores com alta produtividade e características chaves no melhoramento genético.

Neste sentido, as hipóteses desse estudo são (i) os genótipos de feijão-caupi apresentam boas combinações entre os componentes de produção e qualidade nutricional e (ii) há pelo menos um genótipo adaptável às condições de semiárido piauiense, com boas características agrônômicas, nutricionais e qualidade tecnológica. Assim, o presente estudo teve como objetivo selecionar linhagens de feijão-caupi superiores simultaneamente para múltiplos caracteres e com alta adaptabilidade e estabilidade no semiárido piauiense.

2 REVISÃO BIBLIOGRÁFICA

2.1 Feijão-Caupi

O feijão-caupi [*Vigna unguiculata* (L.) Walp.] é uma leguminosa com ampla variabilidade genética (MAZIERO; RIBEIRO; STORCK, 2015). Em virtude disso, é cultivado em diversas regiões do mundo. Conhecido popularmente como Cumondá (Paraguai), Parotro (Espanha), Cowpea (Estados Unidos da América (EUA)) e Nigéria), feijão-macundi (Angola), feijão-mongolão (Cabo verde), Namerrua (Moçambique) dependendo do país que é cultivado (ANDRADE JÚNIOR et al., 2002).

No Brasil, seu nome está relacionado com a região em que é cultivado. É conhecido como feijão-macassa e feijão-de-corda no Nordeste; feijão-de-praia, feijão-da-colônia e feijão-de-estrada na região Norte; feijão-miúdo no Sul (FREIRE FILHO; CARDOSO; ARAÚJO, 1983). No Norte é chamado de manteiguinha; nos estados da Bahia e norte de Minas Gerais é mais conhecido como feijão-gurutuba e feijão-catador. Além disso, popularmente conhecido como feijão-fradinho nos estados de Sergipe, Bahia e Rio de Janeiro (FREIRE-FILHO; CARDOSO; ARAÚJO, 1983; FREIRE-FILHO, 2011).

É considerado uma espécie que responde satisfatoriamente às condições ambientais diversas (FATOKUN; BOUKAR; MURANAKA, 2012). Apresenta baixa exigência hídrica para o cultivo, ciclo curto, pouca exigência insumos agrícolas, capacidade de fixação de nitrogênio do ar a partir da associação com bactérias do gênero *Rhizobium* (MOHAMMED; JAISWAL; DAKORA, 2018), resistência e tolerância a estresse biótico e abiótico, respectivamente (CARVALHO et al., 2017a; LAZARIDI et al., 2017), e boa qualidade nutricional, sendo considerado ingrediente básico na dieta alimentar, principalmente em regiões tropicais e subtropicais do mundo (FREIRE-FILHO; LIMA; RIBEIRO, 2005; WENG et al., 2017; BOUKAR et al., 2018).

2.1.1 Classificação Botânica, Origem e Biologia

O feijão-caupi é uma espécie de dicotiledônea, diploide com $2n=2x=22$ cromossomos (FORNI-MARTINS, 1988), reino Plantae, filo Magnoliophyta, pertencente à ordem Rosales, família Leguminosae, subfamília Papilionoideae, tribo Phaseoleae, subtribo Phaseolinae, gênero *Vigna*, subgênero *Vigna*, secção Catiang, espécie *V. unguiculata* (L.) Walp. A subespécie *unguiculata* é subdividida em quatro

cultigrupos: *unguiculata*, *biflora* ou *cylindrica*, *sesquipedalis* e *textilis* (VERDCOURT, 1970; MARECHAL; MASCHERPA; STAINER, 1978; FREIRE-FILHO, 1988; SMARTT, 1990; PADULOSI; NG, 1997).

Com relação a biologia do feijão-caupi, é considerado uma planta anual, herbácea, autógama, com inflorescência racemosa, apresenta botões que contém uma ou duas flores que são hermafroditas, diclamídeas, zigomorfas, corola papilionácea, possui cinco pétalas que variam quanto a coloração branca-lilás até tons amarelos dependendo da variedade, apresenta cinco pétalas, um estandarte, duas alas e uma quilha, formado por duas pétalas que tem como função proteger os órgãos sexuais (TEÓFILO; MAMEDE; SOMBRA, 1999). Essas estruturas morfológicas favorecem a cleistogamia, entretanto, essa espécie apresenta uma pequena taxa de cruzamento natural, em torno de 1% que varia dependendo do ambiente e genótipo (BARBOSA; SOUSA, 2016; TEÓFILO et al., 1999).

O feijão-caupi apresenta ampla variabilidade genética para a arquitetura do sistema radicular (ADU et al., 2019), principalmente no que diz respeito a fixação da planta no solo, absorção de água e sais minerais, eficiência na aquisição e uso eficiente fósforo (P) (KUGBLENU et al., 2014), e capacidade de armazenar os nutrientes no interior das raízes (ITTAH; ARUA, 2017). Além disso, outros caracteres são importantes dentro de um programa de melhoramento genético de feijão-caupi, como, por exemplo, hábitos de crescimento e comprimento do hipocótilo, dos ramos laterais, entrenós entre outros. Uma seleção eficiente pode resultar em menor taxa de acamamento das plantas, conseqüentemente, favorece a colheita manual ou mecânica (ROCHA et al., 2009).

O centro de origem e diversidade primária do feijão-caupi é o Oeste da África, mais precisamente na Nigéria (STEELE; MEHRA, 1980; NG, 1995), e na Transvaal, República da África do Sul, respectivamente (PADULOSI; NG, 1997). Em um estudo desenvolvido por Xiong et al. (2016), que objetivava analisar sistematicamente as variações genéticas e a relação entre 768 genótipos envolvendo linhagens e cultivares de 56 países, observaram que os resultados apoiavam a teoria de que o Oeste e Leste da África são uma das primeiras regiões de domesticação e a Índia como região de sub-domesticação do feijão-caupi cultivado.

Os primeiros indícios sobre a chegada do feijão-caupi na América Latina ocorreu por volta do século XVI, pelos colonizadores espanhóis e portugueses,

posteriormente foi introduzido no Brasil através do estado da Bahia, distribuindo por todo o Nordeste brasileiro e depois nas demais regiões do país (FREIRE-FILHO, 1988; SILVA et al., 2004). As adaptações da cultura as condições edamorfoclimáticas brasileira só foi possível em detrimento a plasticidade fenotípica, possibilitando o cultivo em várias regiões (ROCHA et al., 2007).

2.1.2 Importância Socioeconômica

De acordo com os dados da Organização para a Agricultura e a Alimentação (FAO, 2019), entre o período de 2012-14, cerca de 7,2 milhões de toneladas de feijão-caupi foram produzidos globalmente. A área, produção e produtividade mundial de feijão-caupi em 2015 foram 12.517.380 ha⁻¹, 6.318.540 ton. e 505 kg ha⁻¹, respectivamente (FAOSTAT, 2018). O continente africano se destaca em termos de área e produção, tendo destaque a Nigéria, Níger e Burkina Faso, perfazendo juntos 83% da produção mundial de feijão-caupi (RAWAL; NAVARRO, 2019). O Brasil não aparece entre os principais produtores de feijão-caupi no mundo, isso pode estar relacionado a forma de obtenção dos dados de produção, pois apenas alguns países estão inclusos nas estimativas da FAO (FAOSTAT, 2020).

Segundo o Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento (MAPA), feijões são grãos provenientes das espécies *Phaseolus vulgaris* (L.) e *V. unguiculata* (L.) Walp., sendo classificados em grupo I e grupo II, respectivamente (BRASIL, 2008). O cultivo desse último, ocorre em várias regiões brasileiras, destacando-se a região Norte, Nordeste e Centro-Oeste, por sua importância econômica e nutricional para a população (TORRES et al., 2015a; SILVA et al., 2018). No entanto, segundo o levantamento realizado pelo CONAB (2016), a área de produção de feijão-caupi teve uma forte expansão para a região Sudeste e Centro-Oeste, sendo destinada, principalmente para o mercado internacional.

O Brasil teve uma área total colhida na safra 18/19 de 1.279,7 mil ha⁻¹, com uma produção de 637.700 ton. e uma produtividade de 500 kg ha⁻¹. As regiões Norte e Nordeste tiveram a maior área plantada em relação às demais regiões brasileiras, com 1.117.200 ha⁻¹. A região Centro-Oeste apresentou a maior produtividade a nível nacional, com 1.090 kg ha⁻¹, seguida da região Norte, com 920 kg ha⁻¹, sendo as regiões Norte/Nordeste e Nordeste com as menores produtividades, 424 kg ha⁻¹ e 391 kg ha⁻¹, respectivamente (CONAB, 2019). Essas produtividades, segundo Freire Filho,

Lima e Ribeiro (2005) estão abaixo do potencial da cultura, que é de 6.000 kg ha⁻¹.

Os maiores produtores nacionais a nível de Estado na safra 2018/2019 foram Mato Grosso (142.400 ton.), Ceará (109.600 ton.) e Bahia (95.800 ton.). O estado do Piauí aparece na quarta colocação, com uma área, produção e produtividade de 197.200 ha⁻¹, 82.700 ton. e 420 kg ha⁻¹, respectivamente (CONAB, 2019). Os maiores produtores piauienses em 2019 foram os municípios de Pio IX (7.200 ton.), Baixa Grande do Ribeiro (3.915 ton.), Fronteiras (2.520 ton.), Inhumas (2.400 ton.) e Itainópolis (1.512 ton.) (LSPA, 2019).

As causas da baixa produtividade do feijão-caupi em algumas regiões brasileiras, como, por exemplo na região Nordeste, está associada a fatores tais como escassez e irregularidade das chuvas, condições de fertilidade do solo, modo de cultivo, nível tecnológico empregado no cultivo e falta de informações dos agricultores quanto ao manejo da cultura (XAVIER et al., 2005; FREIRE-FILHO, 2011). No estado do Piauí, segundo Nascimento et al. (2011), a baixa produtividade do feijão-caupi no estado é em decorrência ao *déficit* hídrico, altas temperaturas, cultivo rudimentar, pouco uso de tecnologia e baixo emprego de cultivares melhoradas para a região.

Além do emprego na alimentação humana, o feijão-caupi é usado também para alimentação animal, fabricação de produtos industrializados e na rotação de culturas, como, por exemplo, adubo verde (FREIRE-FILHO; LIMA; RIBEIRO, 2005). Além disso, o seu cultivo é realizado por pequenos agricultores como forma de subsistência devido ao seu baixo custo de produção (FREIRE-FILHO, 2011). Essa leguminosa apresenta grande importância econômica devido ao seu curto ciclo de maturidade, adaptabilidade e estabilidade a regiões áridas e semiáridas. Constitui-se também em fonte de nutrientes como proteínas, vitaminas, minerais (zinco, cálcio e ferro), fibras (ONYENEKWE, NJOKU; AMEH, 2000; BOUKAR et al., 2011), e baixa quantidade de gordura (teor de óleo de 2%, em média) (ZIA-UL-HAQ et al., 2010).

2.1.3 Importância Nutricional

Em virtude da presença de micronutrientes no grão do feijão-caupi, há um grande interesse pelos programas de melhoramento genético em potencializar esses minerais, principalmente para altas concentrações de ferro (Fe) e zinco (Zn) (ROCHA; DAMASCENO-SILVA; MENEZES-JÚNIOR, 2017), tendo em vista que é um alimento que compõem a dieta alimentar, principalmente de pessoas de baixa renda, em virtude

condições socioeconômicas e de suas propriedades nutricionais e (XAVIER et al., 2007; FREIRE-FILHO, 2011). Portanto, essa estratégia representa uma forma sustentável e de baixo custo capaz de minimizar a deficiência nutricional que acomete grande parte da população e, com isso, evitar várias doenças (FREIRE-FILHO, 2011).

O feijão-caupi é conhecido principalmente pela riqueza nutricional devido aos seus altos teores de proteína (BOUKAR et al., 2016), amido, fibras (VATANASUCHART et al., 2010), vitamina A, Fe, Zn, P (DAKORA; BELANE, 2019). Por isso, o programa de melhoramento de feijão-caupi da Embrapa Meio-Norte situado em Teresina-PI, vem desenvolvendo e lançando no mercado brasileiro cultivares que agreguem simultaneamente alta produtividade, boa qualidade de grãos comerciais, resistência e tolerância a estresses bióticos e abióticos, respectivamente, e altas concentrações de proteínas, Fe e Zn (ROCHA; DAMASCENO-SILVA; MENEZES-JÚNIOR et al., 2017).

Em um estudo desenvolvido por Carvalho et al. (2012a) que buscavam estabelecer um *ranking* para 30 genótipos provenientes do banco de germoplasma do programa de melhoramento genético de feijão-caupi da Embrapa Meio-Norte, observaram que os genótipos brasileiros apresentaram variabilidade para o teor de proteína entre 20 a 30%. Sendo os genótipos com maiores teores de proteína ($\geq 25\%$) foram MNC01-649F-2 (28,3%), BRS-Cauamé (27,8%), BRS-Paraguaçu (27,7%), BRS-Marataoã (27,4%), Canapuzinho (25,0%), BRS-Tumucumaque (24,8%) e MNC01-631F-15 (24,6%). Genótipo com teor de proteínas superior a 25% é considerado bastante elevado para pulses, que consistem em alimentos básicos na alimentação humana (IQBAL et al., 2006).

2.1.4 Biofortificação

Segundo a *World Health Organization* (2018), cerca de 2 bilhões de pessoas em todo o mundo sofrem com deficiência em minerais e vitaminas. Esse problema é conhecido como “fome oculta”, pois fenotipicamente a pessoa apresenta uma aparência saudável, no entanto, as consequências são trágicas para a saúde do indivíduo. O Fe é considerado o segundo micronutriente mais importante para muitos processos bioquímicos essenciais (CRIELAARD; LAMMERS; RIVELLA, 2017). Participa da composição da hemoglobina, mioglobina, enzimas envolvidas no processo de replicação do DNA, citocromos, transporte de oxigênio, respiração celular

(ROUAULT, 2015) e cofator catalisador em várias reações bioquímicas entre outros (HOHENBERGER; RAY; MEYER, 2012).

A deficiência de Fe é uma realidade que acomete a população de vários países do mundo, pois estima-se que cerca de 2 bilhões de pessoas sofram com esse problema (CAMASCHELLA, 2015). Segundo a Organização Mundial da Saúde (OMS) (1992), há programas destinados para a prevenção da deficiência de Fe, principalmente ações destinadas para a suplementação desse micronutriente para mulheres grávidas que estão em andamento em 90 dos 112 países que se reportaram à OMS em 1992. Segundo Fidelis e Osório (2007), em um estudo desenvolvido com 948 crianças menores de cinco anos, observaram deficiência de micronutrientes, Fe e Zn, e carência de vitamina A.

Essa deficiência pode ser causada pela baixa ingestão de alimentos de origem animal, aumento da necessidade pelo organismo para realização de processos básicos e pela má-absorção. Além disso, pela perda desse mineral através da menometrorragias, problemas digestivos, perdas cutâneas entre outras causas (epistaxes, hematúrias, hemossiderinúria) (MOREIRA; SILVA, 2014). Além disso, existem alimentos de origem vegetal ricos em vitaminas, aminoácidos, micronutrientes e fibras, como é o exemplo do feijão-caupi (FROTA; SOARES; ARÊAS, 2008; DAKORA; BELANE, 2019).

Segundo a *World Health Organization* (2011), a anemia é caracterização pela baixa concentração de hemoglobina no sangue em consequência da carência de nutrientes essenciais, tais como o Fe. Essa incidência é observada principalmente em crianças e mulheres em período reprodutivo e grávidas (MILMAN, 2011). Além disso, essa incidência está relacionada com o desenvolvimento do país, pois aqueles que possuem uma renda alta em comparação aos países com renda baixa e média tem maiores casos de pessoas com anemia (STEVENS et al., 2013). Para a WHO (2011), a prevalência de anemia é caracterizada pela estimativa de níveis sanguíneos de hemoglobina (normal, <4,9%; leve, 5,0-19,9%; moderada, 20,0 a 39,9%; e grave, ≥ 40,0 %).

O Zn é um dos micronutrientes essenciais para a manutenção das funções biológicas nos organismos (GALETTI, 2018; KOOP, 2018), e para a manutenção da homeostase humana (LONERGAN; SKAAR, 2019). É considerado um excelente antioxidante no combate do estresse oxidativo (GRUNGREIFF; REINHOLD;

WEDEMEYER, 2016). É um componente chave em sítios catalíticos de pelo menos uma enzima em cada classificação enzimática, participando de mais de 300 enzimas essenciais. O átomo também possui função estrutural em moléculas proteicas e biomembranas. Além disso, tem uma complexa combinação de funções no metabolismo dos ácidos nucleicos, na expressão gênica e no crescimento e diferenciação celular (HAMBRIDGE, 2000; BLACK et al., 2013; ROOHANI et al., 2013).

A deficiência dietética de níveis inadequados de Zn é considerada um problema de saúde pública, pois pelo menos 25% da população mundial está em risco com relação à ingestão desse micronutriente (MARET; SANDSTEAD, 2006). Estima-se que um terço da população mundial viva em países com alta prevalência de deficiência de Zn (BHUTTA; SALAM; DAS, 2013). Entre os principais problemas associados a essa deficiência, reporta-se o retardo no crescimento, um atraso na maturação esquelética e sexual, dermatites, diarreias, diminuição do apetite, perda de cabelo e pelos, diminuição das funções cognitivas, erupção cutânea, danos ao sistema imune com conseqüente aumento à vulnerabilidade às infecções e o elevado risco de morte infantil (WELCH, 2002, PEREIRA et al., 2011; BLACK et al., 2013; ROOHANI et al., 2013).

Estudos sobre os efeitos da ingestão alimentar adequada do Zn na saúde humana tem evidenciado: aceleração do crescimento, redução da duração de diarreias, redução de infecções, como pneumonia e malária, redução na taxa de morbidez e mortalidade infantil, manutenção da saúde do feto durante a gravidez (HAMBRIDGE, 2000). Segundo Padovani et al. (2006), a recomendação nutricional de referência para o consumo diário de zinco alcança valores de até 14 mg, variando entre grupos de risco. Diante destas circunstâncias, uma necessidade no aumento da disponibilidade de zinco em alimentos é de extrema importância para a provisão de saúde a esses grupos.

Para tentar mitigar o problema de baixa ingestão de Fe e Zn, uma das estratégias é a fortificação de alimentos, que consiste em suplementar um ou mais nutrientes em um alimento que compõe a dieta alimentar. Esse processo tem como objetivo reforçar o valor nutritivo e corrigir possíveis deficiências nutricionais em decorrência da alimentação (MARQUES et al., 2012). Essa prática de biofortificação para o ferro é comum em muitos países, pois se considera de baixo custo e eficiente

no combate da carência desse mineral. No Brasil, desde 2004 é obrigatório a fortificação de alguns alimentos, tais como farinhas de trigo e milho com ferro e ácido fólico (FUJIMORI et al., 2011). No entanto, essa estratégia, bem como o uso de medicamentos são pouco acessíveis, principalmente para a população mais carente.

A biofortificação é uma estratégia complementar às demais em que se aumenta a densidade de proteínas, vitaminas e minerais em uma cultura através do seu melhoramento genético, de técnicas de transgenia ou práticas agrônômicas, de modo que o alimento básico biofortificado gere benefícios para a saúde e nutrição humana ao ser consumido (BOUIS; SALTZMAN, 2017). No Brasil e em outros países em desenvolvimento, a introdução de produtos agrícolas biofortificados já é uma realidade, tendo complementado as intervenções em nutrição existente e constituindo-se numa estratégia sustentável e de baixo custo para amparar populações com limitado acesso aos sistemas formais de mercado e de saúde (CARVALHO; NUTTI, 2012). Ao nível mundial, estima-se que a biofortificação alcance um bilhão de pessoas em 2030 em diversas regiões (BOUIS; SALTZMAN, 2017).

No Brasil, como o consumo do feijão-caupi é amplamente difundido na região Nordeste, onde cerca de 25 milhões das pessoas consomem os grãos e nos estados do Maranhão e Sergipe o consumo médio chega a 0,05 kg por pessoa/dia, espera-se que a biofortificação alcance um grande número de pessoas. Entre as etapas desse processo destacam-se as atividades de *screening* de germoplasma, a seleção de genitores, o estabelecimento de cruzamentos, a obtenção de populações segregantes, o avanço de gerações, a validação de linhagens entre locais, e o lançamento da cultivar (NUTTI et al., 2009; CARVALHO et al., 2012b; OLIVEIRA et al., 2017a). Considerando que os grãos de feijão-caupi também possuem significantes valores de antinutrientes e levando em conta os valores mínimos requeridos para consumo diário de minerais (variação entre grupos de idade menos e mais vulneráveis de 0.3-27 mg dia para Fe e 2–13 mg dia⁻¹ para Zn), o programa de melhoramento da leguminosa tem como objetivo alcançar os níveis alvos de 70 mg kg⁻¹ para Fe e 60 mg kg⁻¹ para Zn (CARVALHO et al., 2012a).

Um programa de melhoramento foi inicialmente estabelecido na África em 2003, por incentivo do HarvestPlus. Nesse programa, cerca de 2000 genótipos haviam sido avaliados, evidenciando uma grande variabilidade para os teores de minerais e proteína na espécie. Os trabalhos de *screening* envolveram a avaliação de teores de

nutrientes e de caracteres agronômicos. A alta variação genética detectada sugeria um incremento de 50% no melhoramento dos teores de Fe e Zn. Dentre outras atividades dirigidas pelo programa cita-se a seleção de linhagens parentais, a realização de cruzamentos e a validação de genótipos entre ambientes (NUTTI et al., 2009).

No Brasil, as atividades de biofortificação tiveram início em 2006 no programa de melhoramento de feijão-caupi da Embrapa Meio-Norte, dentro do programa HarvestPlus. Inicialmente, introduziu-se duas linhagens com altos teores de Fe e Zn provenientes do programa de melhoramento do *International Institute of Tropical Agriculture* (IITA), em Ibadan, Nigéria, África. Essas linhagens serviram de testemunhas nos ensaios para a detecção de linhagens superiores. Dessa primeira avaliação, foram lançadas em 2008 as cultivares de grãos brancos BRS Xiquexique (77 mg kg⁻¹ de Fe e 53 mg kg⁻¹ de Zn) e BRS Tumucumaque (60,57 mg kg⁻¹ de Fe e 51,63 mg kg⁻¹ de Zn), por terem sido linhagens superiores às testemunhas africanas (NUTTI et al., 2009; ROCHA et al., 2011).

Em 2009, dentro do programa Biofort, outra avaliação de linhagens resultou no lançamento da cultivar BRS Aracê, de grãos verdes com 61,7 mg kg⁻¹ de Fe e 48,6 mg kg⁻¹ de Zn. Entre 2007 e 2009, 84 genótipos elites foram avaliados. As três cultivares lançadas a partir dessas avaliações possuem alta produtividade de grãos, boa qualidade física dos grãos, tolerância à seca e resistência a patógenos (NUTTI et al., 2009; ROCHA et al., 2010; ROCHA et al., 2011). Desde 2010, cruzamentos entre genótipos com altos teores de Fe e Zn têm sido realizados, incluindo as linhagens africanas; tem-se avaliado o potencial de melhoramento em populações segregantes para esses minerais e a validação de o genótipos superiores para ferro e zinco em diferentes ambientes (ROCHA et al., 2011; OLIVEIRA et al., 2017a).

Estudos que visem identificar a variabilidade genética para teores de proteínas e minerais em feijão-caupi é necessário em programas de melhoramento para essa cultura. Assim, Carvalho et al. (2012a) identificaram pouca variação para os conteúdos de minerais em 30 genótipos de feijão-caupi, no qual os valores de Fe e Zn variaram de 61 a 74 mg kg⁻¹ e 27 a 44 mg kg⁻¹, respectivamente. Os autores consideram que embora os valores de Fe tenham alcançado os valores alvos do melhoramento, mais atenção deve ser voltada para o melhoramento do teor de Zn. Para o conteúdo total

de proteínas, encontraram variação de 20 a 30%, valores frequentemente relatados na literatura para grãos de feijão-caupi.

Além dos estudos sobre a diversidade de populações segregantes, linhagens e cultivares para os teores de micronutrientes no grão de feijão-caupi, tem-se avaliado, ainda, a adaptabilidade e estabilidade de genótipos para esses caracteres. Oliveira et al. (2017a) encontrou diferenças na resposta de 12 genótipos para o teor de Zn, avaliados em 4 ambientes nos estados do Piauí e Maranhão, identificando a cultivar BRS Xiquexique como genótipo ideal, e a cidade de Parnaíba-PI como o ambiente mais discriminante. Ddamulira et al. (2015) também encontraram interação entre genótipos e ambientes da Uganda, África, para o conteúdo de proteínas e a produtividade. Eles reportam uma maior quantidade de conteúdo de proteína nos genótipos brasileiros, em comparação aos de Uganda, citando o potencial desses genótipos para uso no melhoramento.

2.1.5 Qualidade Tecnológica

As linhagens e cultivares desenvolvidas pelo programa de melhoramento genético de feijão-caupi da Embrapa-Meio Norte são avaliadas quanto ao tempo de cocção dos grãos. Esse tempo é um fator utilizado pelos consumidores na escolha de determinados alimentos, e até mesmo pela capacidade de se tornar comestível e garantir suas propriedades sensoriais aceitáveis (BOURNE, 1982). Os consumidores preferem cultivares com grãos de rápida cocção, pois contribui para a economia de tempo e energia (ROCHA; DAMASCENO-SILVA; MENEZES-JÚNIOR, 2017). Além disso, quando se expõe os grãos de feijão a um tempo prolongado, pode causar alterações estruturais ao nível celular, reduzindo conseqüentemente a disponibilidade de vários nutrientes, como, por exemplo, proteínas e minerais (PUJOLA; FARRERAS; CASAÑAS, 2007).

Existem fatores antinutricionais no grão do feijão-caupi que podem comprometer a biodisponibilidade de proteínas e minerais, tais como: fibras, fitatos e taninos que podem influenciar negativamente essa disponibilidade de proteínas e minerais, além do cozimento (RAMÍREZ-CÁRDENAS et al., 2008). Pereira et al. (2016), avaliando diferentes métodos de cozimento em feijão-caupi quanto a biodisponibilidade de proteínas e minerais, observaram que o cozimento realizado em panela de pressão sem embebição prévia resulta em uma maior bioacessibilidade de

Fe. Entretanto, a embebição prévia antes do cozimento, não se observou diferença significativa para o mineral Zn, ou seja, não irá fazer diferença para a disponibilidade desse mineral.

A capacidade de cocção de grãos em feijão-caupi é comumente avaliado por meio da metodologia proposta por Mattson (1946), que consiste em mensurar o tempo em que as varetas conseguem perfurar a amostra. Esse tempo está intrinsecamente relacionado ao período em que os grãos estão de molho antes do cozimento. Uma nova abordagem foi desenvolvida por Carvalho et al. (2017b), buscando assemelhar-se com o modo de preparo doméstico. É considerada uma metodologia rápida, capaz de avaliar um grande número de amostras e utiliza uma panela de pressão. A utilização da panela de pressão tem a capacidade de reduzir substancialmente o tempo de cozimento, mas deve haver um cuidado, pois precisa estipular um tempo necessário para que o feijão não perca a textura e com isso, perda a capacidade culinária (ADEGOKE et al., 2019).

O tempo de cozimento para o feijão-caupi varia entre 35 e 120 minutos ou mais, dependendo da variedade e forma de pré-tratamento para o cozimento (OLAPADE et al., 2002). Por isso, o tempo de cozimento deve ser um requisito considerado, principalmente pela capacidade de reduzir alguns minerais, como o cálcio (Ca), Fe e Zn, em detrimento do tempo de exposição ao processo de cozimento. Desse modo, no melhoramento, buscam-se genótipos que contenham simultaneamente, baixo tempo de cocção, altos teores de proteínas e minerais, além de ampla adaptação a às regiões de cultivo, e que apresentem características almejadas pelo mercado de consumo alvo (SILVA et al., 2017).

2.2 Seleção Simultânea de Caracteres

Os melhoristas buscam selecionar genótipos que reúnam simultaneamente as melhores características e que sejam superiores às cultivares presentes no mercado (OLIVEIRA et al., 2017b). Ganhos satisfatórios em um programa de melhoramento, são possíveis por meio da seleção de um conjunto de caracteres que possuam importância econômica (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2012). Por isso, durante a seleção, é interessante realizar a avaliação desses caracteres de forma simultânea, pois quando se seleciona genótipos com base em seleção truncada, geralmente, pode-se ter insucesso com essa cultivar no mercado (RAMALHO et al., 2012).

Existem várias alternativas para realizar a seleção com base em vários caracteres simultaneamente, dentre elas, a mais popular entre os melhoristas tem sido o uso dos índices de seleção. O índice de seleção é uma combinação linear dos caracteres objetivos do melhoramento, sendo que cada caráter recebe um peso diferente de acordo com a sua importância. Contudo, para a adoção desse método, é preciso que esses caracteres sejam independentes um dos outros. No entanto, muitos caracteres são dependentes, ou seja, estão associados a outros caracteres, como, por exemplo, a produtividade (YAN et al., 2019a).

Os índices de seleção que têm sido mais utilizados em feijão-caupi são o índice de Smith (1936) e Hazel (1943), o índice-base de Williams (1962), o índice de Pesek e Baker (1969) e o índice de soma de postos ou “ranks” de Mulamba e Mock (1978). O emprego desses índices foram reportados nos trabalhos de Bertini et al. (2010), Hattopadhyay et al. (2014), Rodrigues et al. (2017), Oliveira et al. (2017a) e Silva et al. (2018b).

Os índices de seleção são capazes de elencar genótipos com base em ideótipo desejado. Através desse método, é possível obter ganhos com a seleção, permitindo a identificação de genótipos superiores que reúnam várias características desejadas no processo de melhoramento genético (SANTOS et al., 2018). No entanto, durante o processo de seleção através de índices, pode ser selecionado um genótipo com baixa produtividade, sendo um fator indesejado pelos agricultores (YAN et al., 2019b)

2.2.1 Abordagem Genotype by Yield*Trait (GYT) Biplot

A seleção de genótipos baseada em múltiplos caracteres é um ponto chave no melhoramento de plantas; esta tem sido dependente da definição de um peso subjetivo para cada caráter em um índice de seleção e um ponto de truncamento subjetivo para cada caráter na seleção independente, e os pesos e pontos de truncamento podem ser altamente subjetivos. Assim, Yan e Frégeau-Reid (2018) propuseram uma nova abordagem multivariada para a seleção de genótipos baseada em múltiplos caracteres denominada *Genotype*Yield*Trait* (GYT) Biplot ou genótipo*produtividade*caráter, onde “caráter” pode ser qualquer outro objetivo do melhoramento que não a produtividade, tais como outra característica agrônômica, a qualidade de grão, a qualidade de processamento, a qualidade nutricional ou resistência a doenças.

O GYT Biplot classifica os genótipos com base em seus níveis ao combinar a produtividade com outro caráter alvo e, ao mesmo tempo, mostra seus perfis do caráter, ou seja, seus pontos fortes e fracos. Segundo os autores que propuseram esse método, comparada aos métodos existentes, essa abordagem é gráfica, objetiva, efetiva e direta. Subjacente a abordagem GYT Biplot é a mudança de paradigma de que os genótipos devem ser avaliados pelos seus níveis combinando produtividade com outros caracteres em oposição a seus níveis enquanto caracteres individuais (YAN; FRÉGEAU-REID, 2018).

Segundo Yan et al. (2019a), para se realizar uma análise utilizando a abordagem GYT Biplot é necessário seguir quatro etapas. A primeira etapa consiste em converter a tabela *Genotype*Trait* (GT) ou Genótipo*Caráter em uma tabela GYT bruta, em que cada coluna é representada pela combinação produtividade*caráter. Para os caracteres em que um valor maior significa menos desejável, a combinação produtividade*caráter é indicada como Y*Acamamento(-). Pode haver caracteres que tenham um valor ideal. Por exemplo, embora a indústria de moagem de aveia exija que sua concentração de óleo seja menor que 8,0%, não necessariamente quanto menor, melhor; uma concentração de óleo de 6,0%, por exemplo, pode ser considerada ótima. Portanto, a combinação produtividade*teor de óleo é indicada como "Y*toer de óleo(-)"; na segunda etapa, realiza-se uma conversão da tabela GYT bruta em uma tabela GYT padronizada. A padronização é feita centralizando, isto é, subtraindo a média e dividindo o valor centralizado pelo desvio padrão dentro das respectivas combinações de produtividades e caracteres.

A terceira etapa consiste em aplicar pesos a cada combinação produtividade*caráter. Os caracteres ou os valores da combinação produtividade*caráter podem receber pesos iguais. No entanto, quando as decisões são baseadas exclusivamente no índice GYT, pode ser necessário aplicar pesos diferentes para caracteres diferentes, se os caracteres tiverem importâncias diferentes. Os pesos são definidos da seguinte forma: o peso padrão para um determinado caráter é definido como 1,0 (mas pode ser alterado para algo entre 0,0 e 2); para um caráter considerado mais importante, o peso pode variar entre 1,0 e 2,0; para caracteres com menor importância pode-se aplicar pesos entre 0,0 e 1,0. Diferentes pesquisadores podem adotar diferentes pesos para um mesmo caráter. Na quarta etapa exibe-se a tabela GYT ponderada (ou não ponderada) em um GYT Biplot

para uma análise visual (YAN et al., 2019a).

2.3 Adaptabilidade e Estabilidade

A interação GxA pode ser caracterizada pela alteração do desempenho relativo do genótipo, em decorrência das diferenças de ambientes. Essas mudanças podem está relacionadas as condições edafoclimáticas, principalmente associadas às práticas de manejo da cultura, fertilidade do solo, condições climáticas e presença de pragas e doenças (BORÉM; MIRANDA; FRITSCHÉ-NETO, 2017). Segundo Allard e Bradshaw (1964) essa resposta diferenciada dos genótipos frente às mudanças ambientais são de dois tipos: fatores prevíveis e imprevisíveis. O primeiro diz respeito aos atributos permanentes do ambiente, tais como: época de plantio, densidade de semeadura, níveis de adubação e certos tratos culturais. O segundo refere-se aos fatores ambientes imprevisíveis como, por exemplo, volume e distribuição das chuvas, variações da temperatura, dentre outras.

A interação GxA pode ser de dois tipos, simples ou complexa. A primeira está relacionada a diferença de variabilidade entre os genótipos nos ambientes. A segunda é devido à falta de correlação entre o desempenho dos genótipos nos ambientes avaliados (ROBERTSON, 1959). Com base nessas informações o melhorista pode tomar algumas decisões, entre elas a identificação de cultivares específicas para cada ambiente e/ou realizar o zoneamento ecológico por meio da estratificação de ambientes ecologicamente semelhantes (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2012).

A existência da interação GxA tem se tornado um desafio para os melhoristas no momento da identificação, seleção e recomendação de cultivares (SOARES et al., 2017). Por isso, é necessário a condução de ensaios em vários ambientes de testes e em anos agrícolas diferentes, a fim de identificar o comportamento dos genótipos frente a presença da interação GxA (REGIS et al., 2018).

O estudo da interação GxA não traz conclusões detalhadas a respeito do comportamento do genótipo frente às mudanças ambientais. Uma das estratégias utilizadas para minimizar essa dificuldade, é o emprego de análises de adaptabilidade e estabilidade fenotípica. Segundo Cruz, Regazzi e Carneiro (2012), um genótipo adaptável é aquele que tem a capacidade de responder de forma positivas as variações ambientais. Já um genótipo estável apresenta certa previsibilidade com relação ao seu desempenho nos ambientes testados. Além disso, um genótipo considerado adaptável é aquele que apresente bom desempenho em determinadas

condições de cultivo ou a um subconjunto de ambientes, sendo adaptações específicas consideradas importantes para locais específicos (PINTHUS, 1973; EBERHART; RUSSELL, 1996).

Várias metodologias são utilizadas para avaliar o comportamento dos genótipos frente a essas mudanças. Entre elas destaca-se a metodologia AMMI que leva em consideração os efeitos aditivos principais e interação multiplicativa. Já a abordagem GGE Biplot considera os efeitos principais de genótipos + efeito multiplicativo da interação GxA.

2.3.1 Análise GGE Biplot

A análise GGE Biplot foi proposta por Yan (2000) e se baseia na técnica Biplot, desenvolvida por Gabriel (1971). Essa abordagem é objetiva, capaz de demonstrar a relação entre os genótipos e ambientes, genótipo ideal para uma determinada região de cultivo ou um conjunto de ambiente e capacidade de indicar ambientes favoráveis para essas avaliações; além disso, é possível fazer comparação dos genótipos e do ordenamento para os parâmetros de adaptabilidade e estabilidade (YAN, 2001; YAN; RAJCAN, 2002).

A adaptabilidade e estabilidade de genótipos de feijão-caupi têm sido bastante avaliadas pela metodologia GGE Biplot, principalmente para o caráter produtividade de grãos (HORN et al., 2018; SOUSA et al., 2018; ABREU et al., 2019). Trabalhos avaliando esses parâmetros para caracteres nutricionais e qualidade tecnológica de grãos utilizando GGE Biplot ainda são raros na literatura, sendo encontrados poucos trabalhos para os micronutrientes, Fe e Zn (OLIVEIRA et al., 2017a; AYENE; IKWEBE; ONYEZILI, 2018).

3 MATERIAL E MÉTODOS

3.1 Material Genético

O material genético foi representado por 20 genótipos de feijão-caupi, compreendendo 17 linhagens elite e três cultivares (testemunhas) (Tabela 1) dos ensaios de valor de cultivo e uso (VCU) Cores do ano agrícola de 2019, do programa de melhoramento genético de feijão-caupi da Embrapa Meio-Norte, em Teresina-PI.

Tabela 1. Genótipos de feijão-caupi avaliados e suas genealogias e subclasses comerciais.

CG ⁽¹⁾	Genótipos	Genealogia	SC
G1	MNC11-1013E-33	MNC01-510F x Pingo-de-Ouro-1-2	ML
G2	MNC11-1013E-16	MNC01-510F x Pingo-de-Ouro-1-2	SV
G3	MNC11-1013E-15	MNC01-510F x Pingo-de-Ouro-1-2	ML
G4	MNC11-1013E-35	MNC01-510F x Pingo-de-Ouro-1-2	SV
G5	MNC11-1018E-17	MNC02677F-2-2 x MNC01-631-20-5 x Pingo de Ouro-1-2	SV
G6	MNC11-1019E-8	MNC01-631F-11 x Canapuzinho-2 x MNC02-677F-2-1	ML
G7	MNC11-1019E-12	MNC01-631F-11 x Canapuzinho-2 x MNC02-677F-2-1	ML
G8	MNC11-1019E-46	MNC01-631F-11 x Canapuzinho-2 x MNC02-677F-2-1	ML
G9	MNC11-1020E-16	MNC02-689F-11 x MNC02-677F-2-1	ML
G10	MNC11-1022E-58	MNC02-689F-11 x MNC01-631F-20-5 x MNC99-510F-16-1	ML
G11	MNC11-1024E-1	MNC02-689F-11 x MNC99-510F-16-1 x Pingo-de-Ouro-1-2	ML
G12	MNC11-1026E-15	MNC02-689F-11 x MNC01-631F-11 x Canapuzinho-2	ML
G13	MNC11-1026E-19	MNC02-689F-11 x MNC01-631F-11 x Canapuzinho-2	ML
G14	MNC11-1031E-5	MNC02-689F-11 x MNC02-680F-1-2	SV
G15	MNC11-1031E-11	MNC02-689F-11 x MNC02-680F-1-2	ML
G16	MNC11-1034E-2	MNC01-631F-20-5 x Pingo-de-Ouro-1-2 x MNC02-761F-2	ML
G17	MNC11-1052E-3	Bico de Ouro-1-2-1 x MNC01-631F-20-5 x MNC99-510F-16-1	CN
G18	BRS Pajeú	CNCx405-17F x TE94-268-3D	ML
G19	BRS Marataoã	Seridó x TVx1836-013J	ML
G20	BRS Rouxinol	TE86-75-57E x TEx1-69E	SV

¹CG: código dos genótipo; SC: subclasse; ML- Mulato liso, SV - Sempre-verde; CN: canapu.

Fonte: Adaptado da Embrapa Meio-Norte (2020).

3.2 Caracterização Experimental

Os genótipos foram avaliados em ensaios de valor de cultivo e uso em três locais/municípios na região do semiárido piauiense: Monsenhor Hipólito, Pio IX e São Miguel do Tapuio (Tabela 2).

Tabela 2. Descrição dos municípios de Monsenhor Hipólito, Pio IX e São Miguel do Tapuio situados no semiárido do estado do Piauí, onde foram conduzidos os ensaios de Valor de Cultivo e Uso (VCU) Cores do programa de melhoramento genético de feijão-caupi da Embrapa Meio-Norte, no ano agrícola 2019.

Local	Sigla	Coordenadas geográficas		
		Latitude	Longitude	Altitude
Monsenhor Hipólito	MSH	07°00'06"S	41°01'46"O	262m
Pio IX	PIX	06°50'15"S	40°34'45"O	494m
São Miguel do Tapuio	SMT	05°29'46"S	41°18'46"O	272m

Fonte: Araujo (2020).

Os ensaios foram conduzidos em condições de sequeiro (período das chuvas), com plantio em janeiro e colheita em abril de 2019. O delineamento empregado foi em blocos ao caso com quatro repetições. Os tratamentos foram representados por uma parcela de quatro linhas de 5,0 m, espaçadas entre fileiras de 0,50 m e com espaçamento entre plantas dentro da linha de 0,25 m. A área útil da parcela foi representada pelas duas linhas centrais perfazendo 5m², onde foram coletados os dados.

Foram semeadas quatro sementes por cova e o desbaste foi realizado aos 15 dias após a semeadura, deixando-se duas plantas por cova. Foram realizadas duas capinas manuais, respectivamente aos 20 e 35 dias após a semeadura. A colheita foi realizada de forma manual em torno de 65 a 75 dias após o plantio.

3.3 Caracteres Avaliados

3.3.1 Caracteres Agronômicos

- ❖ Número de dias para a floração (NDF): número de dias do plantio ao aparecimento das primeiras flores na área útil da parcela, em dias;
- ❖ Tipo de porte (TP): classificado em 1: Ereto, 2: Semiereto, 3: Semiprostrado e 4: Prostrado;

- ❖ Valor de cultivo (VC): escala de notas visuais baseadas no aspecto geral da planta, variando de 1 (linhagem sem características adequadas ao cultivo) a 5 (linhagem com excelentes características para o cultivo comercial);
- ❖ Acamamento (ACAM): escala de notas visuais com valores de 1 (nenhuma planta na área útil acamadas), 2 (a 4 plantas da área útil acamadas), 3 (de 5 a 8 plantas da área útil acamadas), 4 (de 9 a 16 plantas da área útil acamadas) e 5 (acima de 16 plantas da área útil acamadas);
- ❖ Comprimento de vagem (COMPV): média do comprimento mensurado em cinco vagens colhidas ao acaso na área útil da parcela, em cm;
- ❖ Número de grãos por vagem (NGV): média do número de grãos obtidos de cinco vagens tomadas ao acaso na parcela, em unidade;
- ❖ Peso de cem grãos (P100G): peso de 100 grãos tomados ao acaso, em g;
- ❖ Índice de grãos (IG) razão entre o peso de grãos e o peso de vagens, obtido a partir de cinco vagens tomadas ao acaso na área útil da parcela, em %;
- ❖ Produtividade de grãos (PROD): produtividade de grãos na área útil da parcela, em g área útil, transformada para kg ha^{-1} .

3.3.2 Caracteres Nutricionais

- ❖ Teor de ferro (TFe), zinco (TZn) e proteínas (TProt): obtidos em 0,2 gramas de genótipos de feijão-caupi;

3.3.3 Qualidade Tecnológica

- ❖ Qualidade de cozimento (QC): considera-se uma amostra cozida quando 13 dos 25 grãos são perfurados pelas varetas do cozidor de Mattson, sendo indicado para o consumo (MATTSON, 1946).

As análises nutricionais foram realizadas no laboratório de Bromatologia da Embrapa Meio-Norte, localizado em Teresina-PI. Foi utilizada uma amostra de 200g de grãos por genótipo/local, tomadas ao acaso na área útil da parcela dos ensaios em cada local.

Para a execução das análises laboratoriais, inicialmente as amostras foram

lavadas com água destilada e, posteriormente, os grãos foram dispostos em sacos de papel e levadas para estufa (400/2ND-300) a 60°C por 48 horas. Para as análises dos teores de ferro, zinco e proteínas, os grãos foram triturados em moinho de bolas de zircônio (MM 200). A partir da farinha obtida foram realizadas as seguintes análises:

3.3.2.1 Teor de Proteínas

O teor de proteínas foi determinado pelo método Micro-Kjeldahl, com fator de conversão de 6,25 de acordo com a metodologia descrita pela *Association of Official Analytical Chemists* (2005). Foram pesadas 200mg da amostra e homogeneizada em papel vegetal, logo após esse material foi colocado no tubo *Kjeldahl* de digestão de proteína. Junto a amostra, foi pesado 2g da mistura catalítica (96,5% de sulfato de potássio e 3,5% de sulfato de cobre) e 5 mL de ácido sulfúrico. Foi realizada a digestão da amostra no digestor a uma temperatura de 420°C até que a solução tornou-se azul-esverdeada, livre de material não digerido (cerca de 1h40min.). Após esfriar, foram adicionadas 10 mL de água destilada, e o tubo acoplado ao conjunto de destilação.

A destilação foi realizada no destilador de Nitrogênio/proteína (Te-0363-Agroads) equipamento de destilação de proteína. Para essa etapa, foram adicionados 15 mL de solução de hidróxido de sódio 50% no tubo e após a ebulição a amônia presente na amostra foi conduzido por arraste de vapor a um Erlenmeyer com ácido bórico e o indicador vermelho de metila. A quantidade de nitrogênio foi determinada por meio de titulação com solução de ácido clorídrico 0,02N de fator conhecido.

O teor de proteínas (%) foi obtido da seguinte fórmula:

$$\text{Nitrogênio total} = (\text{Vac} \times \text{F} \times 0,14) / \text{P}$$

onde:

Vac: volume de ácido clorídrico utilizado na titulação;

F: fator de correção da solução de ácido clorídrico;

P: peso da amostra em gramas.

O cálculo do teor de proteínas (%) foi obtido por meio da seguinte fórmula:

$$\text{Teor de proteína (\%)} = \text{Nitrogênio total} \times 6,25$$

3.3.2.2 Teores de Ferro e Zinco

Os teores de ferro e zinco no grão dos genótipos foram determinados conforme a metodologia de Sarruge e Haag (1974). Esta consistiu na digestão nitro-perclórica com a solução $\text{HNO}_3:\text{HClO}_4$ na proporção 2:1 de 0,2 g da amostra, que posteriormente foi transferida para o tubo de digestão e adicionado 5 mL de solução digestora. Os tubos foram colocados em tubo digestor para aquecimento a 200°C por 2 horas. Após a digestão, os extratos se apresentaram límpidos e com volume aproximado de 2mL, após resfriamento foi adicionado água destilada até o volume de 20mL e os tubos agitados em agitador tipo vortex.

A determinação dos minerais foi realizada conforme, Silva e Queiroz (2002). Após o preparo das soluções, realizou-se a leitura direta no espectrofotômetro de absorção atômica de chama (iCE 3000 Series), onde o comprimento de onda específico de cada elemento foi selecionado de maneira prévia. Todas as análises foram realizadas em triplicata.

3.3.2.4 Qualidade Tecnológica

3.3.2.4.1 Qualidade Cozimento

Para a avaliação da qualidade de cozimento, foi utilizada a metodologia proposta por Carvalho et al. (2017b) com adaptações de Barros, Rocha e Damasceno-Silva (2019). Amostras de 25 grãos de cada progênie sem danos mecânicos foram colocadas em sacos de voile com respectiva identificação, e os sacos foram amarrados. Dois sacos por progênie foram preparados totalizando 50 grãos por amostras, ou seja, duas repetições. Os sacos foram colocados em água destilada por 90 minutos. Este tempo foi pré-estabelecido em testes prévios para maximizar a diferenciação entre as progênies o mais rápido possível. Durante o cozimento, os sacos foram colocados no fundo de uma panela de pressão elétrica (marca Electrolux) com uma capacidade de 5 litros para evitar possíveis variações atribuíveis ao posicionamento. O nível de água utilizado foi 3/5 do volume da panela; mantendo a mesma água em que os sacos foram embebidos. Os grãos contidos nos sacos foram cozidos por 30 min. Depois disso, as amostras foram imediatamente removidas da panela e os grãos colocados em um balcão para resfriamento por cinco minutos à temperatura ambiente.

A avaliação da porcentagem de grãos cozidos foi realizada com o auxílio do cozedor de Mattson, onde foram utilizados 25 grãos por amostra, escolhidos aleatoriamente. Os pinos foram colocados nos grãos e o número de pinos que imediatamente perfurará completamente os grãos foi registrado. Quanto maior a porcentagem de grãos com pinos totalmente perfurados, maior a qualidade de cozimento.

3.4 Análises Estatísticas

Foram realizadas análises de variância individual e conjunta e o agrupamento de médias pelo teste de Scott-Knott ($P < 0,05$) para todos os caracteres, utilizando-se o programa GENES (CRUZ, 2013).

Para as análises de variância individual dos ensaios para os caracteres agrônômicos e qualidade de cozimento, utilizou-se o modelo estatístico abaixo:

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

em que:

Y_{ij} : observação obtida na parcela com i-ésimo genótipo no j-ésimo bloco;
referente ao i-ésimo genótipo no k-ésimo bloco, dentro da j-ésima repetição;

μ : média geral;

G_i : efeito do i-ésimo genótipo ($i = 1, 2, \dots, G$; $g = 20$);

B_j : efeito do j-ésimo bloco ($j = 1, 2, \dots, A$; $a = 3$);

ε_{ij} : efeito do erro associado à observação ij.

O modelo estatístico adotado para a análise de variância conjunta dos ensaios foi conforme a equação abaixo:

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

em que:

Y_{ijk} : observação do k-ésimo bloco, avaliado no i-ésimo genótipo e j-ésimo ambiente;

μ : média geral;

G_i : efeito do i-ésimo genótipo ($i = 1, 2, \dots, g = 20$);

A_j : efeito do j-ésimo ambiente ($j = 1, 2, \dots, a = 3$);

GA_{ij} : efeito da interação entre o genótipo i e o ambiente j;

B/A_{jk} : efeito do k-ésimo bloco dentro do j-ésimo ambiente ($k = 1, 2, \dots, r = 4$);

ε_{ijk} : é o erro associado à observação ijk .

Para a análise de ferro, zinco e proteína adotou-se como fixo o efeito de genótipos e o seguinte modelo de delineamento inteiramente casualizados para as análises de variância individuais.

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

em que:

Y_{ij} : observação obtida na parcela com i-ésimo genótipo na j-ésimo repetição;

μ : média geral;

G_i : efeito do i-ésimo genótipo ($i = 1, 2, \dots, G; g = 20$);

ε_{ij} : efeito do erro associado à observação ij .

O modelo estatístico adotado para a análise de variância conjunta dos micronutrientes e proteínas foi o abaixo:

$$Y_{ij} = \mu + G_i + A_j + GA_{ij} + \varepsilon_{ij}$$

em que:

Y_{ij} : observação obtida na parcela com i-ésimo genótipo na j-ésimo repetição;

μ : média geral;

G_i : efeito do i-ésimo genótipo ($i = 1, 2, \dots, G; g = 20$);

A_j : efeito do j-ésimo ambiente ($j = 1, 2, \dots, A; a = 3$);

GA_{ij} : efeito da interação entre o i-ésimo genótipo e o j-ésimo ambiente;

ε_{ij} : efeito do erro associado à observação ij .

Para a análise de seleção de múltiplos caracteres, utilizou-se a metodologia Genótipo por Produtividade*Caráter (*Genotype by Yield*Trait* - GYT) Biplot proposta por Yan e Frégeau-Reid (2018). Foram escolhidos os dados de produtividade; número de dias para a floração; peso de cem grãos; teores de ferro, zinco e proteína; e qualidade de cozimento por serem comuns aos três experimentos. Além disso, Yan e Frégeau-Reid (2018) recomendam a utilização de poucas características na análise para não sobrecarregar o Biplot com características desnecessárias, podendo dificultar a interpretação.

A análise multivariada GYT Biplot é fundamentada nas informações de médias fenotípicas. Quando se tem um caráter onde o interesse é obter altos valores, multiplica-se a média deste pela média da produtividade, por exemplo, o peso de cem grãos (PROD*P100G) e aqueles cujo interesse é obter menores valores, divide-se as médias, por exemplo número de dias para a floração (PROD/NDF).

A média para cada genótipo da tabela GT ou GYT foi padronizada de forma individualizada para cada caráter ou para a combinação caráter-produtividade se torne 0 e a variação se torne unidade. A padronização foi realizado da seguinte forma:

$$P_{ij} = \frac{T_{ij} - \bar{T}}{s_j}$$

em que:

P_{ij} : é o valor padronizado do genótipo i para combinação de característica ou característica de rendimento j na tabela padronizada;

T_{ij} : é o valor original do genótipo i para combinação de característica ou característica de rendimento j na tabela GT ou GYT;

\bar{T} : é a média entre genótipos de característica ou a combinação produtividade-característica j ;

s_j : é o desvio padrão para a característica ou combinação de produtividade-característica j .

Os Biplots foram construídos utilizando os dois primeiros componentes principais (CP) de forma que, o componente principal 1 (CP1) foi utilizado no eixo horizontal e CP2 no eixo vertical, por meio da Decomposição em Valores Singulares (DVS), conforme equação proposta por Yan e Frégeau-Reid (2018):

$$P_{ij} = (d\lambda_1^\alpha \xi_{i1}) \left(\frac{\lambda_1^{1-\alpha} \tau_{1j}}{d} \right) + (d\lambda_2^\alpha \xi_{i2}) \left(\frac{\lambda_2^{1-\alpha} \tau_{2j}}{d} \right) + \varepsilon_{ij}$$

em que:

λ_1 e λ_2 : são os valores singulares para o primeiro e segundo componentes principais, respectivamente;

α : é o fator singular de particionamento de valor;

ξ_{i1} e ξ_{i2} : são os autovalores do primeiro e segundo componentes principais, respectivamente, para o genótipo i ;

τ_{1j} e τ_{2j} : são os autovalores para primeiro e segundo componentes principais,

respectivamente, para a combinação da produtividade*caráter e j;

ε_{ij} : é o resíduo do primeiro e segundo componentes principais para o genótipo i na combinação da produtividade*caráter j.

Realizou-se análise de adaptabilidade e estabilidade para os micronutrientes (Fe e Zn), proteína e qualidade de cozimento do grão seco dos genótipos de feijão-caupi através da metodologia GGE Biplot, proposto por Yan et al. (2000):

O modelo adotado foi conforme a seguinte equação:

$$\bar{Y}_{ij} - \mu - A_j = G_i + GA_{ij}$$

em que:

\bar{Y}_{ij} : o valor genotípico do genótipo i no ambiente j;

μ : a média geral das observações;

A_j : o efeito principal do ambiente j;

G_i : o efeito principal do genótipo i;

GA_{ij} : o efeito da interação entre o genótipo i e o ambiente j;

A análise GGE Biplot *considera* os efeitos dos genótipos e da interação G x A como os mais importantes. Dessa forma, não separa G da G x A, mantendo-os juntos em dois termos multiplicativos, que podem ser visualizados pelo modelo abaixo:

$$Y_{ij} - \mu - \beta_j = g_{i1}e_{i1} + g_{i2}e_{i2} + \varepsilon_{ij}$$

em que:

Y_{ij} : rendimento esperando do genótipo i no ambiente j;

μ : média geral das observações;

β_j : efeito principal do ambiente j;

g_{i1} e e_{i1} : escores principais do genótipo i e ambiente j, respectivamente;

g_{i2} e e_{i2} : escores secundários para o genótipo i e ambiente j, respectivamente;

ε_{ij} : resíduo não explicado por ambos os efeitos.

Assim, a construção do gráfico no modelo GGE Biplot dar-se-á por meio da dispersão simples de g_{i1} e g_{i2} para genótipos e e_{i1} e e_{i2} para ambientes, pela decomposição do valor singular, de acordo com o modelo

$$Y_{ij} - Y_j = \lambda_1 \varepsilon_{i1} \rho_{j1} + \lambda_2 \varepsilon_{i2} \rho_{j2} + \varepsilon_{ij}$$

em que:

λ_1 e λ_2 : são os maiores autovalores do primeiro (CP1) e segundo (CP2) componentes principais, respectivamente;

ε_{i1} e ε_{i2} : são os autovalores do genótipo i para CP1 e CP2, respectivamente;

ρ_{j1} e ρ_{j2} : são os autovalores do ambiente j para CP1 e CP2, respectivamente (YAN; RAJCAN, 2002; YAN; TINKER, 2006).

As análises GYT Biplot e GGE Biplot foram realizadas no Ambiente Estatístico R (R CORE TEAM, 2019), utilizando os seguintes pacotes: *ggplot2* (WICKHAM et al., 2020), *GGEbiplotGUI* (BERNAL; VILLARDON, 2016), *GGEbiplots* (DUMBLE; BERNAL; GALINDO, 2017) *gge* (WRIGHT; LAFFONT, 2018).

4 RESULTADOS E DISCUSSÃO

4.1 Caracteres Agronômicos

4.1.1 Análises de Variância Individuais

Os quadrados médios para o efeito de genótipos foram desdobrados em linhagens, testemunhas, e o contraste entre linhagens *versus* testemunhas foram representados na Tabela 3. Assim, foi possível avaliar o efeito de cada fonte de variação de forma independente.

Foram observadas diferenças significativas para o efeito de genótipo ($P < 0,05$), para os seguintes caracteres NDF nos locais de Monsenhor Hipólito (MSH) e São Miguel do Tapuio (SMT); TP no local Pio IX (PIX); COMPV em MSH, PIX e SMT; NGV em PIX; P100G em MSH, PIX e SMT; IG em PIX; e PROD em SMT. Observou-se diferenças significativas ($P < 0,05$) para o efeito de linhagens para os caracteres NDF em MSH e SMT; TP em PIX; COMPV e NGV em PIX; P100G em MSH, PIX e SMT; IG em SMH; PROD em SMT (Tabela 3). A existência de variabilidade genética para esses caracteres, demonstra a possibilidade de obter ganhos com a seleção para um conjunto de características (RAMALHO et al., 2012).

O efeito das testemunhas foi significativo ($P < 0,05$) para os caracteres NDF em MSH, NGV em PIX e COMPV em SMT, demonstrando que as testemunhas contribuem de certa forma para as diferenças entre genótipos (Tabela 3). O contraste linhagens *versus* testemunhas também foi significativo ($P < 0,05$) para os caracteres ACAM em PIX; COMPV em MSH, PIX e SMT; NGV em MSH e PIX; P100G em MSH, PIX e SMT; IG em MSH, PIX e SMT; PROD em MSH. Esse contraste para o caráter COMPV, demonstrou que as linhagens obtiveram médias superiores nos três ambientes que as testemunhas e também a média geral, sendo um caráter desejável na recomendação de cultivares de feijão-caupi.

As linhagens tiveram médias superiores a das testemunhas para os caracteres P100G e IG e superior à média geral para os três ambientes de teste (Tabela 3), assim como, a PROD para MSH. Para os demais caracteres, as linhagens apresentaram comportamentos semelhantes às testemunhas. As estimativas dos coeficientes de variação (CV) demonstraram alta precisão experimental nos três ambientes. Segundo a classificação de Pimentel-Gomes (2009) os CVs foram classificados como baixos e médios, indicando boa precisão experimental. Resultados similares foram encontrados na literatura para esses caracteres (SOUSA et al., 2015; ARAÚJO, 2019).

Tabela 3. Resumo da análise de variância individual para os caracteres número de dias para a floração (NDF), tipo de porte da planta (TP), valor de cultivo (VC), acamamento (ACAM), comprimento da vagem (COMPV), número de grãos por vagem (NGV), peso de cem grãos (P100G), índice de grãos (IG) e produtividade de grãos (PROD), obtido a partir da avaliação de 20 genótipos de feijão-caupi, em ensaios de valor de cultivo e uso do tipo cores, nos municípios de Monsenhor Hipólito, Pio IX e São Miguel do Tapuío, situados no semiárido piauiense, no ano agrícola 2019.

MONSENHOR HIPÓLITO (MSH)										
Fonte de Variação ⁽¹⁾	GL	Quadrados Médios								
		NDF (dias)	TP ⁽¹⁾ (nota)	VC ⁽¹⁾ (nota)	ACAM ⁽¹⁾ (nota)	COMPV (cm)	NGV (unid.)	P100G (g)	IG (%)	PROD (kg.ha ⁻¹)
Blocos	3	3,21	0,003341	0,0052	0,0043	0,27	0,58	5,91	7,24	102954,61
Genótipos (G)	19	22,77**	0,019962 ^{ns}	0,0034 ^{ns}	0,0150 ^{ns}	1,59*	0,56 ^{ns}	9,01**	18,30**	82579,77 ^{ns}
Linhagens (L)	16	25,06**	0,021348 ^{ns}	0,0004 ^{ns}	0,0164 ^{ns}	0,87 ^{ns}	0,49 ^{ns}	6,91**	13,26 ^{ns}	77968,18 ^{ns}
Testemunhas (T)	2	15,75*	0,007008 ^{ns}	0,00000 ^{ns}	0,0108 ^{ns}	0,4225 ^{ns}	0,39 ^{ns}	0,87 ^{ns}	0,68 ^{ns}	2215,57 ^{ns}
L vs T	1	0,27 ^{ns}	0,23684 ^{ns}	0,0050 ^{ns}	0,0005 ^{ns}	15,42**	1,92*	58,91**	134,23**	317093,53*
Resíduo	57	4,37	0,012516	0,0047	0,0180 ^{ns}	0,81	0,32	1,34	7,65	64052,93
Média geral		50,86	1,59	1,89	1,27	10,87	7,68	16,88	75,74	907,22
Média das linhagens		50,84	1,58	1,89	1,27	11,05	7,62	17,24	76,26	933,67
Média das testemunhas		51,00	1,62	1,87	1,28	9,83	8,05	14,84	72,66	757,35
CV(%)		4,11	7,05	3,61	10,52	8,29	7,33	6,86	3,65	27,90
PIO IX (PIX)										
Fonte de Variação ⁽¹⁾	GL	Quadrados Médios								
		NDF (dias)	TP ⁽¹⁾ (nota)	VC ⁽¹⁾ (nota)	ACAM ⁽¹⁾ (nota)	COMPV (cm)	NGV (unid.)	P100G (g)	IG (%)	PROD (kg.ha ⁻¹)
Blocos	3	51,58	0,2204	0,0717	0,03	0,29	0,19	3,10	10,93	1267910,90
Genótipos	19	35,09 ^{ns}	0,0634*	0,0111 ^{ns}	0,04 ^{ns}	1,40**	0,77**	10,63**	36,27**	130716,21 ^{ns}
Linhagens (L)	16	40,88 ^{ns}	0,0677*	0,011664 ^{ns}	0,03 ^{ns}	0,98**	0,64*	6,53**	19,23 ^{ns}	123916,88 ^{ns}
Testemunhas (T)	2	6,083 ^{ns}	0,0070 ^{ns}	0,0062 ^{ns}	0,01 ^{ns}	0,06 ^{ns}	1,4*	3,11 ^{ns}	31,53 ^{ns}	228282,27 ^{ns}
L vs T.	1	0,45 ^{ns}	0,1077 ^{ns}	0,0121 ^{ns}	0,24**	10,69**	1,6*	91,27**	318,47**	44373,40 ^{ns}
Resíduo	57	29,31	0,0315	0,0179	0,03	0,36	0,33	1,55	13,16	91891,31
Média geral		50,49	1,59	1,87	1,33	11,10	7,63	20,14	77,25	1346,37
Média das linhagens		50,46	1,57	1,87	1,30	11,25	7,57	20,59	78,09	1336,48

Média das testemunhas	50,67	1,68	1,84	1,46	10,23	8,00	17,60	72,50	1402,44
CV(%)	10,72	11,16	7,14	11,38	5,39	7,53	6,19	4,67	22,52

SÃO MIGUEL DO TAPUIO (SMT)

Fonte de Variação(1)	GL	Quadrados Médios								
		NDF (dias)	TP (nota)	VC (nota)	ACAM (nota)	COMPV (cm)	NGV (unid.)	P100G (g)	IG (%)	PROD (kg ha ⁻¹)
Blocos	3	10,48	-	-	-	1,13	0,37	11,17	12,40	496736,90
Genótipos	19	9,37*	-	-	-	1,23**	0,49 ^{ns}	4,72**	29,64 ^{ns}	110738,72**
Linhagens (L)	16	10,32**	-	-	-	0,51 ^{ns}	0,55 ^{ns}	3,45**	26,52 ^{ns}	128881,88**
Testemunhas (T)	2	2,58 ^{ns}	-	-	-	1,62**	0,23 ^{ns}	1,24 ^{ns}	12,96 ^{ns}	19064,44 ^{ns}
L vs T.	1	7,76 ^{ns}	-	-	-	12,07**	0,03 ^{ns}	31,97**	112,95*	3796,70 ^{ns}
Resíduo	57	4,21	-	-	-	0,32	0,42	0,93	17,63	48733,67
Média geral		46,83	-	-	-	10,74	8,10	16,59	74,30	1339,48
Média das linhagens		46,96	-	-	-	10,90	8,12	16,86	74,80	1342,38
Média das testemunhas		46,09	-	-	-	9,81	8,05	15,09	71,47	1323,08
CV(%)		4,38	-	-	-	5,27	7,97	5,83	5,65	16,48

** e * Significativo pelo teste F, respectivamente, ao nível de 1% e 5% de probabilidade; ⁽¹⁾Dados transformados para $\sqrt{x + 0,5}$; FV: - Fontes de variação; GL – Grau de liberdade; CV(%): Coeficiente de variação experimental; ns- Não significativo.

4.1.2 Análises de Variância Conjunta

A relação entre o maior e menor quadrado médio do erro, segundo o critério de Hartley (1950), foi menor que sete para todos os caracteres avaliados, demonstrando a existência de homogeneidade entre as variâncias do erro dos três ensaios. Assim, procedeu-se à análise de variância conjunta.

A análise de variância conjunta é apresentada na Tabela 4. Observou-se diferenças significativas ($P < 0,05$) para efeito de genótipos para a maioria dos caracteres avaliados, exceto para a produtividade de grãos. Com exceção deste, esse resultado indica a existência de variabilidade e a possibilidade de melhoramento para esses caracteres. Silva et al. (2016) avaliando 17 linhagens e três cultivares de feijão-caupi para a produtividade de grãos e componentes de produção, também não observaram efeito significativo para a produtividade de grãos em condições de sequeiro, assim como Rodrigues et al. (2017), avaliando a produtividade de grãos em outro estudo com genótipos de feijão-caupi.

Tabela 4. Resumo da análise de variância conjunta para os caracteres número de dias para a floração (NDF), comprimento da vagem (COMPV), número de grãos por vagem (NGV), peso de 100 grãos (P100G), índice de grãos (IG) e produtividade de grãos (PROD), obtido a partir da avaliação de 20 genótipos de feijão-caupi, em ensaios de valor de cultivo e uso do tipo cores, nos municípios de Monsenhor Hipólito, Pio IX e São Miguel do Tapuio, situados no semiárido piauiense, no ano agrícola 2019.

FV	GL	Quadrados Médios					
		NDF (dias)	COMPV (cm)	NGV (unid.)	P100G (g)	IG (%)	PROD (kg ha ⁻¹)
Bloco/Ambiente	3	15,96	0,52	0,08	5,13	7,37	277668,48
Genótipos (G)	19	38,21**	3,11**	0,88*	20,64**	65,10**	145237,51 ^{ns}
Ambientes (A)	2	398,08**	2,70**	5,15**	310,67**	174,01**	5063382,32**
GxA	38	14,51 ^{ns}	0,55 ^{ns}	0,47 ^{ns}	1,86 ^{ns}	9,56 ^{ns}	89398,59 ^{ns}
Resíduo	177	13,04	0,50	0,36	1,49	12,77	92861,26
Média		49,39	10,91	7,80	17,87	75,76	1197,69
CV(%)		7,31	6,48	7,70	6,83	4,72	25,44

** e * Significativo pelo teste F, respectivamente, ao nível de 1% e 5% de probabilidade; FV - Fontes de variação; QM - Quadrados médios; GL - Grau de liberdade; CV(%): Coeficiente de variação experimental; ns- Não significativo.

O efeito de ambientes evidenciou diferença significativa ($p < 0,01$) para todos os caracteres avaliados (Tabela 4), o que indica que os ambientes se comportaram de forma diferente para esses caracteres, representando haver contrastes entre os mesmos. Resultado similar foi identificado por Gerrano, Rensburg e Kutu (2019), ao

avaliarem genótipos de feijão-caupi para a seleção de parentais promissores para formação de populações melhoradas, que observaram efeito de ambientes significativos, exceto para a produtividade de grãos.

Para efeito da interação genótipos por ambientes (GXA), não observou-se diferenças significativas ($P > 0,05$) para os caracteres avaliados (Tabela 4). Isso indica que ausência de comportamento diferencial dos genótipos frente aos fatores ambientais, ou seja, esses genótipos tiveram comportamento similar nos ambientes testes, o que possibilita a seleção com base na média. Silva et al. (2018b), avaliando 16 linhagens elite de feijão-caupi quanto ao desempenho agrônômico, observaram ausência de interação GxA para a maioria dos caracteres, exceto para o porte da planta e a produtividade de grãos.

A estimativa do CV (25,44%) foi similar a outras estimativas obtidas em trabalhos conduzidos com feijão-caupi. Por se tratar da produtividade de grãos, esse valor é aceitável para a cultura, em decorrência da natureza poligênica, sendo portanto, bastante influenciado pelas condições edafoclimáticas de cada ambiente teste. Resultados similares foram encontrados por Almeida et al. (2012), Torres et al. (2015b), Silva et al. (2016) e Tores et al. (2016).

4.1.3 Agrupamento de Médias

As médias dos 20 genótipos de feijão-caupi para os caracteres agrônômicos são apresentadas na Tabela 5. Pelo teste de agrupamento de médias Scott-Knott (1974), identificou-se diferenças significativas para a maioria dos caracteres, exceto para VC, ACAM e PROD. Barros (2012) avaliando 20 genótipos de feijão-caupi na região Meio-Norte do Brasil, não encontrou diferenças significativas para ACAM e PROD. Resultados semelhantes também foram encontrados por Oliveira et al. (2019) para os caracteres VC e ACAM com 14 genótipos de feijão-caupi em Bom Jesus de Itabapoana, no Rio de Janeiro.

Para o caráter NDF, os genótipos foram agrupados em dois grupos, "A" e "B" pelo teste Scott-Knott (1974). O grupo A, compreendeu 55% dos genótipos, a linhagem (MNC11-1018E-17) foi considerada a mais tardia, com média absoluta de 52,25 dias. No grupo B, a linhagem mais precoce foi (MNC11-1019E-46) com 45,58 dias (Tabela 5). A média geral das linhagens ficou em torno de 49,75 dias, as testemunhas apresentaram média inferiores às linhagens, de 48,92 dias, e superior à média geral, 49,71 dias.

Tabela 5. Médias dos caracteres número de dias para a floração (NDF), tipo porte (TP), acamamento (ACAM), valor de cultivo (VC), comprimento vagem (COMPV), número de grãos por vagem (NGV), peso de 100 grãos (P100G), índice de grãos (IG) e produtividade de grãos (PG), obtidas a partir da avaliação de 20 genótipos de feijão-caupi, em ensaios de valor de cultivo e uso do tipo cores, em três ambientes do semiárido piauiense, no ano agrícola 2019.

Genótipo ⁽¹⁾	NDF (dias)	TP ⁽²⁾ (nota)	VC ⁽²⁾ (nota)	ACAM ⁽²⁾ (nota)	COMPV (cm)	NGV (unid.)	P100G (g)	IG (%)	PROD (kg ha ⁻¹)
MNC11-1013E-33	48,25b	1,54b	1,87a	1,45a	10,93a	7,62b	17,25c	75,54b	1230,85a
MNC11-1013E-16	46,25b	1,53b	1,90a	1,22a	10,69b	7,03b	17,24c	75,60b	1174,79a
MNC11-1013E-15	51,58a	1,61a	1,90a	1,27a	11,28a	7,61b	19,54a	79,03a	1353,94a
MNC11-1013E-35	50,58a	1,40b	1,90a	1,31a	11,13a	8,06a	18,76b	77,40a	1398,51a
MNC11-1018E-17	52,25a	1,53b	1,90a	1,22a	11,52a	8,19a	18,47b	74,49b	1095,37a
MNC11-1019E-8	49,67a	1,45b	1,96a	1,27a	11,52a	7,64b	18,74b	74,06b	1244,80a
MNC11-1019E-12	51,83a	1,57b	1,90a	1,31a	11,08a	7,92a	19,14a	79,80a	1235,42a
MNC11-1019E-46	45,58b	1,65a	1,87a	1,31a	11,02a	7,84a	18,46b	75,04b	1218,69a
MNC11-1020E-16	50,92a	1,53b	1,90a	1,22a	10,54b	7,72b	15,79d	77,52a	1142,44a
MNC11-1022E-58	49,75a	1,53b	1,93a	1,36a	11,24a	7,98a	17,96b	73,68b	1149,71a
MNC11-1024E-1	49,17b	1,69a	1,83a	1,27a	10,08a	7,65b	17,88b	76,71a	1271,86a
MNC11-1026E-15	50,08a	1,57b	1,87a	1,31a	11,15a	7,68b	18,55b	76,71a	1149,61a
MNC11-1026E-19	48,17b	1,69a	1,83a	1,36a	11,30a	8,03a	16,82c	74,75b	1210,37a
MNC11-1031E-5	50,00a	1,69a	1,87a	1,27a	11,36a	7,77b	19,41a	77,25a	1141,44a
MNC11-1031E-11	47,25b	1,58b	1,90a	1,27a	10,95a	7,54b	17,42c	76,93a	1230,92a
MNC11-1034E-2	50,67a	1,58b	1,87a	1,31a	11,51a	7,77b	19,32a	74,03b	882,73a
MNC11-1052E-3	48,08b	1,69a	1,83a	1,27a	10,46b	7,95a	19,14a	78,67a	1339,51a
BRS Pajeú	50,25a	1,65a	1,87a	1,36a	9,86c	8,15a	16,14d	72,36b	1186,38a
BRS Marataoã	48,92b	1,65a	1,87a	1,36a	9,70c	8,15a	15,15d	72,59b	1207,88a
BRS Rouxinol	48,58b	1,65a	1,83a	1,40a	10,32b	7,78b	16,23d	71,68b	1088,62a
Média das linhagens	49,75a	1,57b	1,90a	1,27a	11,13a	7,77b	18,74b	76,71a	1218,69a
Média das testemunhas	48,92b	1,65a	1,87a	1,36a	10,32b	8,15a	16,14d	72,36b	1186,38a
Média geral	49,71a	1,58b	1,87a	1,31a	11,11a	7,78b	18,51b	75,57b	1209,13a

⁽¹⁾Genótipos com médias não seguidas pela mesma letra diferem pelo teste de Scott-Knott (1974) a 5% de probabilidade;

⁽²⁾As médias dos caracteres TP, VC e ACAM são apenas dos ambientes de MSH e PIX, as demais médias são dos três ambientes de teste.

Em um estudo desenvolvido por Santos et al. (2014) identificaram valores similares em termos de média geral para o NDF, avaliando genótipos de feijão-caupi. Dessa forma, a precocidade é uma característica almejada em feijão-caupi, pois cultivares e linhagens precoces podem escapar de estiagens e diminuir a exposição da cultura a pragas, principalmente em zonas semiáridas (EHLERS; HALL, 1997).

A escala de notas para o TP variou de, 1,40 (MNC11-1013E-35) a 1,69 (MNC11-1024E-1, MNC11-1026E-19, MNC11-1031E-5 e MNC11-1052E-3) (Tabela 5). As linhagens apresentaram médias (1,57) inferiores a das testemunhas (1,65) e similar a média geral (1,58). O cultivo comercial pelos grandes e médios agricultores, buscam genótipos de feijão-caupi com portes ereto e semiereto e, com hábito de crescimento determinado, pois favorece a mecanização dos tratos culturais e da colheita, sendo também usadas pelos produtores que praticam cultivam sob regime de irrigação (BEZERRA et al., 2001).

O caráter COMPV apresentou médias variando de 9,86 cm (BRS Pajeú) a 11,51 cm (MNC11-1019E-8 e MNC11-1034E-2). Essas linhagens tiveram médias superiores às médias das testemunhas (10,32 cm), o que indica que são promissoras para esse caráter (Tabela 5). Os genótipos foram separados em três grupos. O grupo A compreendeu 70% dos genótipos, que apresentaram médias superiores às das testemunhas. O grupo B compreendeu 20% dos genótipos com comprimento de vagens inferiores a 10 cm. O grupo C correspondeu a 10% dos genótipos, com vagens inferior a 9 cm (BRS Marataoã). Os valores encontrados foram abaixo do padrão comercial que é de vagem superior a 20 cm (OLIVEIRA et al., 2015).

A média geral para o caráter NGV foi de 7,78 grãos. As linhagens (MNC11-1013E-35, MNC11-1018E-17, MNC11-1019E-12, MNC11-1019E-46, MNC11-1022E-58, MNC11-1026E-19, MNC11-1052E-3) não diferiram estatisticamente das testemunhas, porém observou-se médias superiores a média geral (Tabela 5). Teixeira et al. (2007), avaliando a produtividade de grãos e seus componentes em 22 genótipos de feijão-caupi, encontraram valores similares para o número de grãos. Silva et al. (2014) também identificaram valores abaixo das cultivares nacionais. O NGV para os genótipos avaliados foi inferior à média das cultivares nacionais que é 13 grãos por vagem.

O ideótipo com o maior número de vagens por planta, tende a ter menor números de grãos por vagem, o que é almejado por agricultores empresariais, pois, buscam cultivares de porte ereto e vagens menores para facilitar a colheita

mecanizada. Já os pequenos agricultores, por praticar a colheita manual, preferem cultivares com vagens maiores e, com maior número de grãos por vagem (FREIRE-FILHO, 2011). As linhagens mostraram promissoras para a colheita mecanizada, pois apresentaram vagens menores e poucos grãos por vagens, características essas que segundo Silva e Neves (2011), são desejáveis para a cultura de feijão-caupi.

Os genótipos formaram quatro grupos para o P100G, com variação de 15,15g (BRS Marataoã,) a 19,54g (MNC11-1013E-15). O grupo A reuniu cinco linhagens (MNC11-1013E-15, MNC11-1019E-12, MNC11-1031E-5, MNC11-1034E-2 e MNC11-1052E-3), com média de 19,31g, sendo superior à média geral e das testemunhas (Tabela 5). As linhagens mostraram-se promissoras, pois obtiveram médias de 18,74g, superior à média das testemunhas (16,14g) e similar a média geral (18,51g). Atualmente, genótipos com P100G em torno de 18g são bem aceites comercialmente (FREIRE-FILHO et al., 2002, 2003). Dessa forma, 50% dos genótipos avaliados (MNC11-1013E-15, MNC11-1013E-35, MNC11-1018E-17, MNC11-1019E-8, MNC11-1019E-12, MNC11-1019E-46, MNC11-1026E-15, MNC11-1031E-5, MNC11-1034E-2 e MNC11-1052E-3) são promissoras para o cultivo comercial considerando esse caráter.

O IG variou de 71,68 na cultivar BRS Rouxinol a 79,80, na linhagem MNC11-1019E-12. As linhagens foram agrupadas em dois grupos distintos, com média superior à média geral e das testemunhas (Tabela 5). Silva e Neves (2011), avaliando 20 genótipos de feijão-caupi em condições de sequeiro em Teresina-PI, encontraram valores similares para o caráter P100G e IG. Barros (2012) encontrou resultados similares para esses caracteres.

A produtividade média geral de grãos foi de 1.209,13 kg ha⁻¹. Embora não haja diferenças estatísticas entre as linhagens, pode se realizar a seleção direta com base em outro caráter que obteve diferenças significativas, como, por exemplo, P100G e obter genótipos superiores. Rocha et al. (2017) também encontraram valores similares para a produtividade de grãos em genótipos de feijão-caupi avaliados na região Nordeste do Brasil. As linhagens tiveram comportamento promissor, pois apresentaram desempenho superior à média nacional de feijão-caupi na safra de 2018/19, que foi de 695,3 kg ha⁻¹ (CONAB, 2019).

4.2 Caracteres Nutricionais e Qualidade Tecnológica

4.2.1 Análises de Variância Individuais

Foram observadas diferenças significativas ($P < 0,05$) para os quadrados médios de genótipos, tanto para os teores de Fe (TFe), Zn (TZn) e proteínas (TProt) em quase todos os ambientes de teste, exceto para os TZn em SMT (Tabela 6).

As linhagens também apresentaram diferenças significativas ($P < 0,05$), para os TFe, TZn e TProt, exceto para oTZn em PIX e SMT (Tabela 6). Esse resultado é concordante com a afirmação de Jayathilake et al. (2018) de que os genótipos brasileiros apresentam variabilidade genética para os teores de minerais nos grãos, sendo considerados importante/interessantes genótipos com valores de TFe, TZn e TProt em torno de 60 mg kg^{-1} , 40 mg kg^{-1} e 30%, respectivamente (CRUZ; ALMEIDA; SANTOS, 2014). O TProt em feijão-caupi é duas a quatro vezes maior que outros cereais e tubérculos, tornando-se uma leguminosa promissora para o combate a desnutrição (SEBETHA; MODI; OWOEYE, 2014).

O efeito das testemunhas foram significativos ($P < 0,05$) para os TZn em SMT e TProt nos três ambientes, indicando que as testemunhas contribuem para o efeito de genótipos (Tabela 6). Observou-se que o efeito L *versus* T foi significativo para os TFe em MSH, TZn em PIX e TProt em MSH e SMT, demonstrando que as linhagens tiveram comportamento diferente das testemunhas nos ambientes testes (Tabela 6). Rocha et al. (2008) e Mamiro et al. (2011) identificaram variabilidade para os TFe e TZn e para os TProt em feijão-caupi, havendo a possibilidade de obter ganho com a seleção.

Os genótipos tiveram comportamentos diferenciados para os TFe, TZn e TProt dependendo do ambiente teste. O ambiente de SMT apresentou a maior média geral ($55,95 \text{ mg kg}^{-1}$) para TFe. Já para os TZn a média geral foi similar entre os três ambientes, assim como para os TProt (Tabela 6). A diferença nos TProt entre ambientes pode estar relacionada à capacidade inerente destes genótipos em assimilar o nitrogênio, através da associação com bactérias do gênero *Rhizobium*, pois são responsáveis em realizar a fixação biológica do nitrogênio presente no solo (GOMES et al., 2017).

Tabela 6. Resumo da análise de variância individual para os teores de ferro (TFe), zinco (TZn) e proteínas (TProt), obtido a partir da avaliação de 20 genótipos de feijão-caupi, em ensaio ensaios de valor de cultivo e uso do tipo cores, conduzidos nos municípios de Monsenhor Hipólito, Pio IX e São Miguel do Tapuio, situados no semiárido piauiense, no ano agrícola 2019.

MONSENHOR HIPÓLITO (MSH)				
Fonte de Variação ⁽¹⁾	GL	Quadrados Médios		
		TFe (mg kg ⁻¹)	TZn (mg kg ⁻¹)	TProt (%)
Genótipos	19	283,78**	35,15*	5,85**
Linhagens (L)	16	240,39**	34,26*	5,44**
Testemunhas (T)	2	27,055 ^{ns}	47,55*	1,41**
L vs T	1	1491,40**	24,73 ^{ns}	21,23**
Resíduo	40	38,69	13,73	0,04
Média geral		50,22	48,99	23,93
Média das linhagens		52,33	49,26	23,68
Média das testemunhas		38,35	47,46	25,35
CV(%)		12,39	7,56	0,83
PIO IX (PIX)				
Fonte de Variação ⁽¹⁾	GL	Quadrados Médios		
		TFe (mg kg ⁻¹)	TZn (mg kg ⁻¹)	TProt (%)
Genótipos	19	118,34**	36,77*	2,71**
Linhagens (L)	16	136,84**	24,03 ^{ns}	2,80**
Testemunhas (T)	2	17,25 ^{ns}	19,47 ^{ns}	3,26**
L vs T	1	24,37 ^{ns}	275,15*	0,03 ^{ns}
Resíduo	40	34,92	12,20	0,18
Média geral		47,12	44,50	24,95
Média das linhagens		47,39	45,40	24,96
Média das testemunhas		45,6	39,39	24,89
CV(%)		12,54	7,85	1,70
SÃO MIGUEL DO TAPUIO (SMT)				
Fonte de Variação ⁽¹⁾	GL	Quadrados Médios		
		TFe (mg kg ⁻¹)	TZn (mg kg ⁻¹)	TProt (%)
Genótipos	19	533,24**	52,97 ^{ns}	2,46**
Linhagens	16	601,31**	55,36 ^{ns}	2,34**
Testemunhas	2	18,47 ^{ns}	8,34 ^{ns}	0,28**
L vs T	1	473,90 ^{ns}	104,02 ^{ns}	8,75**
Resíduo	40	65,28	39,28	0,05
Média geral		55,95	47,13	24,23
Média das linhagens		57,13	47,68	24,07
Média das testemunhas		49,26	43,99	25,14
CV(%)		14,44	13,30	0,90

** e * Significativo pelo teste F, respectivamente, ao nível de 1% e 5% de probabilidade; ⁽¹⁾FV - Fontes de variação; QM - Quadrados médios; GL - Grau de liberdade; CV(%): Coeficiente de variação experimental; ns - Não significativo.

As estimativas dos CVs, oscilaram de acordo com o caráter avaliado e o ambiente teste. Para o TFe variou de 12,39% (MSH) a 14,44% (SMT); TZn variou de 7,56% (PIX) a 13,30%; TProt variou de 0,83% (MSH) a 1,70% (PIX) (Tabela 6).

Com base nos critérios de Pimentel-Gomes (2002), os CVs foram baixos indicando boa precisão experimental, valores semelhantes foram encontrados para os TFe e TZn por Ribeiro et al. (2008) e Silva e Santos (2017). Os CV foi considerado muito baixo para o TProt, Santos e Boiteux (2013) e Ddamulira et al. (2015) encontraram valores similares ao do presente estudo.

O resumo das análises de variância individual dos ambientes de teste para a qualidade de cozimento é mostrado na Tabela 7. Observou-se diferenças significativas ($P < 0,01$) para o efeito de genótipos e de linhagens em todos os ambientes, podendo-se inferir que os genótipos avaliados apresentam variabilidade para a qualidade de cozimento de grãos em feijão-caupi. Oliveira (2016), observou existência de variabilidade para qualidade de cozimento em genótipos de feijão-caupi, com tempo de cocção de 14'19" a 19'55", além disso, identificou diferença significativa para a interação GA. Barros (2019), avaliando 24 genótipos de feijão-caupi, encontraram variabilidade genética ($P < 0,01$) entre 24 genótipos de feijão-caupi para a qualidade de cozimento, indicando capacidade de seleção para esse caractere.

Tabela 7. Resumo das análises de variâncias individuais para a qualidade de cozimento, obtido a partir da avaliação de 20 genótipos de feijão-caupi, em ensaios de valor de cultivo e uso do tipo cores, nos municípios de Monsenhor Hipólito, Pio IX e São Miguel do Tapuio, situados no semiárido piauiense, no ano agrícola 2019.

Fonte de Variação ⁽¹⁾	GL	MSH	PIX	SMT
		Quadrados Médios		
Blocos	1	11,025	225,625	3,025
Genótipos	19	839,919737**	1204,698684**	1442,593421**
Linhagens (L)	16	316,360294**	1069,345588**	1035,819853**
Testemunhas (T)	2	1532,666667**	8,0 ^{ns}	3456,5**
L vs T	1	7831,376961**	5763,745588**	3923,157353**
Resíduo	19	25,446053	16,256579	30,393421
Total	39			
Média geral		32,03	67,43	46,43
Média das linhagens		26,15	62,38	42,26
Média das testemunhas		65,33	96,0	70,0
CV(%)		15,75	5,97	11,88

** e * Significativo pelo teste F, respectivamente, ao nível de 1% e 5% de probabilidade; ⁽¹⁾FV - Fontes de variação; QM – Quadrados médios; GL – Grau de liberdade; CV(%): Coeficiente de variação experimental; ns- Não significativo.

Para o efeito de testemunhas, observou-se diferenças significativas ($P < 0,01$) para a qualidade de cozimento dos grãos nos municípios de MSH e SMT. Assim como, para o contraste entre L vs T em todos os ambientes (Tabela 7). Dessa forma, os efeitos de linhagens, testemunhas e L vs T contribuem para a variabilidade genética observada entre os genótipos em termos de qualidade de cozimento.

A qualidade de cozimento diferiu nos ambientes de teste. O ambiente de PIX apresentou a maior média geral e entre as linhagens, 67,43% e 62,38%, respectivamente (Tabela 7). Carvalho et al. (2017b), avaliando 256 genótipos de feijão-comum [*Phaseolus vulgaris* (L.)] quanto a qualidade de cozimento em três ambientes no estado de Minas Gerais, obtiveram média de grãos cozidos de 36,71%. A média da qualidade de cozimento nos três ambientes do semiárido piauiense foi superior (48,63%) ao do estudo de Carvalho et al. (2017b).

Os genótipos (MNC11-1013E-16, MNC11-1031E-5, MNC11-1019E-8) atingiram a qualidade de cozimento nos ambientes de MSH, PIX e SMT, respectivamente (Tabela 7). Portanto, o ambiente PIX foi o mais favorável para a qualidade de cozimento, relativamente aos demais ambientes de teste. Barros (2019), obtiveram média de 63,21% de grãos cozidos, avaliando 24 genótipos de diferentes classes/subclasses comerciais de feijão-caupi, no qual a subclasse comercial manteiga foi a que apresentou a melhor qualidade de cocção, com média de 98,67%, enquanto as subclasses Canapu e Rajado, as piores qualidades de cocção.

Os CVs foram considerados baixos, segundo a classificação de Pimentel-Gomes (2002). O CV variou de 5,97% em (PIX) a 15,75% em (MSH) (Tabela 7). Silva et al. (2018a) avaliando a qualidade de cocção de grão de 153 genótipos de feijão-comum utilizando a mesma metodologia proposta por Carvalho et al. (2017b), encontrou valores similares para o CV.

4.2.2 Análises de Variância Conjunta

O resumo da análise de variância conjunta para os TFe, TZn e TProt é apresentado na Tabela 8. Os efeitos de genótipos, ambientes e interação GxA foram significativos ($p < 0,01$) para esses três caracteres, exceto para o efeito de genótipos para os TFe e TZn. Isso indica que dentre os três caracteres, somente para o TProt apresenta variabilidade genética entre genótipos, com possibilidades de ganhos com a seleção. A existência de diferenças significativas para os efeitos de ambientes e da interação GxA sugere que os ambientes de testes foram contrastantes para os testes

de nutrientes avaliados e revelou um comportamento diferencial dos genótipos frente às variações dos ambientes de teste.

Tabela 8. Resumo da análise de variância conjunta para o teor de ferro (TFe), zinco (TZn) e proteínas (TProt), obtido a partir da avaliação de 20 genótipos de feijão-caupi, em ensaios de valor de cultivo e uso do tipo cores, conduzidos nos municípios de Monsenhor Hipólito, Pio IX e São Miguel do Tapuio, situados no semiárido piauiense, no ano agrícola 2019.

Fonte de Variação ⁽¹⁾	GL	Quadrados Médios		
		TFe (mg kg ⁻¹)	TZn (mg kg ⁻¹)	TProt (%)
Genótipos (G)	19	350,17 ^{ns}	41,66 ^{ns}	7,03 ^{**}
Ambientes (A)	2	1205,55 ^{**}	305,45 ^{**}	16,32 ^{**}
GxA	38	292,60 ^{**}	41,62 ^{**}	1,99 ^{**}
Resíduo	120	46,30	21,74	0,09
Média geral		51,10	46,87	24,37
CV(%)		13,32	9,94	1,22

* e ** Significativo a 5% e 1% de probabilidade, respectivamente, pelo teste F; ⁽¹⁾FV – Fontes de variação; QM – Quadrados médios; GL – Grau de liberdade; CV(%): Coeficiente de variação experimental; ns- Não significativo.

Oliveira et al. (2017b) encontraram diferenças significativas para a interação GxA para o TZn em genótipos de feijão-caupi conduzidos em quatro ambientes, nos estados do Piauí e Maranhão. Silva e Santos (2017) também encontraram resultados como os do presente estudo, pois avaliando genótipos de feijão-caupi na região de semiárido no Nordeste brasileiro, identificaram interação GxA para os TFe e TZn. Por isso, avaliações de genótipos de feijão caupi em multilocais, de modo a combinar alta produtividade, altos TProt, TFe e TZn são de grande importância, pois permite indicar genótipos superiores com alto desempenho para esses ambientes de cultivo e a possibilidade de responder a estratégias de cultivo.

Ddamulira et al. (2015), avaliando os TProt entre vinte e nove genótipos de feijão-caupi conduzidos em três ambientes, identificaram diferenças significativas para os efeitos de genótipos, ambientes e interação GxA. A melhor estratégia para o manejo da interação GxA, nos casos dos TFe, TZn e TProt, é a realização de análises de adaptabilidade e estabilidade de modo a selecionar genótipos com adaptação ampla ou específica, e, assim, melhor subsidiar o melhorista quando da recomendação de cultivares para as regiões de cultivo do feijão-caupi.

Para o efeito de genótipos, observaram-se diferenças significativas ($P < 0,01$) para a qualidade de cozimento, evidenciando a existência de variabilidade para esse

caráter em feijão-caupi (Tabela 9). Também para o efeito de ambientes e interação GxA, identificaram-se diferenças significativas ($P < 0,01$) para esse caráter. Pode-se inferir que os ambientes apresentaram contrastes entre se, além do comportamento diferencial dos genótipos frente às variações dos ambientes de teste para a qualidade de cocção.

Tabela 9. Resumo da análise de variância conjunta para a qualidade de cozimento, obtido a partir da avaliação de 20 genótipos de feijão-caupi, em ensaios de valor de cultivo e uso do tipo cores, conduzidos nos municípios de Monsenhor Hipólito, Pio IX e São Miguel do Tapuio, situados no semiárido piauiense, no ano agrícola 2019.

Fonte de Variação ⁽¹⁾	GL	Quadrado Médio	QC (%)
Blocos	1	116,0	
Genótipos (G)	19	2543,1**	
Ambientes (A)	2	125281,1**	
GxA	38	501,0**	
Resíduo	59	23,3	
Média geral		48,7	
CV(%)		9,91	

** e * Significativo pelo teste F, respectivamente, ao nível de 1% e 5% de probabilidade; ⁽¹⁾FV - Fatores de variação; QM – Quadrados médios; GL – Grau de liberdade; CV(%): Coeficiente de variação experimental; QC – Qualidade de cozimento.

A qualidade de cozimento de grãos em feijão é influenciada principalmente pelo armazenamento, local e época de cultivo, além das condições ambientais em que os genótipos ficam expostos em campo durante o crescimento e desenvolvimento das sementes (PERINA et al., 2014). Como os genótipos apresentaram variabilidade genética para o caráter NDF (Tabela 5) e a existência de diferenças entre os ambientes, isso sugere que tais fatores contribuíram para o efeito da interação GA.

Dessa forma, o tempo de cozimento pode variar em detrimento da interação GxA. Para Cruz, Carneiro e Regazzi (2012), torna-se necessário avaliar a interação GxA, quando houver. Um passo importante no melhoramento genético é identificar a natureza dessa interação, principalmente em parte simples ou complexa, pois dessa forma haverá a possibilidade de conhecer o comportamento diferencial dos genótipos frente às condições ambientais.

4.3 Seleção Simultânea de Múltiplos Caracteres via GYT Biplot

A análise Genotype by Trait (GT) Biplot, onde apresenta as associações entre

os caracteres e os genótipos por meio da análise Biplot é apresentada na Figura 1.

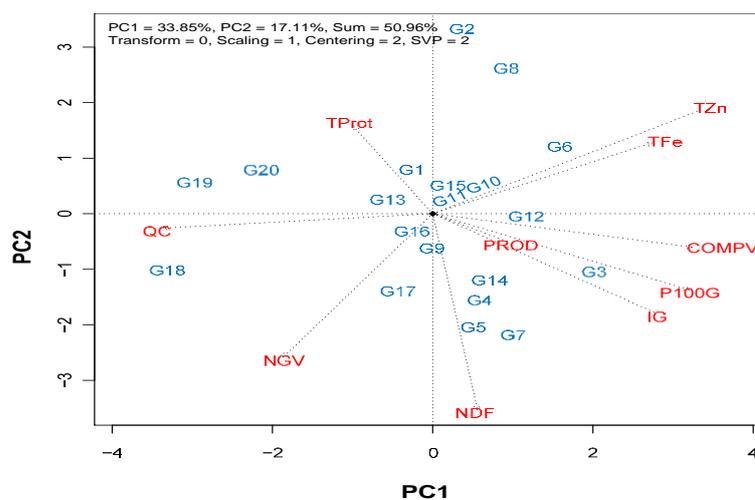


Figura 1. *Genotype by Trait (GT)* Biplot com base nos dados originais para os caracteres agrônômicos e nutricionais de feijão-caupi. Biplot baseado na decomposição de valores singulares de dados padronizados por caracteres ("Scaling = 1, Centering = 2") e partição de valor singular focada em características ("SVP = 2"). NDF: número de dias para a floração; COMPV: comprimento de vagens; NGV: número de grãos por vagem; P100G: peso de cem grãos; IG: índice de grãos; PROD: produtividade de grãos; TFe: teor de ferro; TZn: teor de zinco; TProt: teor de proteínas; QC: qualidade de cozimento.

Os caracteres número de dias para a floração (NDF), comprimento de vagens (COMPV), número de grãos por vagens (NGV), peso de cem grãos (P100G), índice de grãos (IG), produtividade de grãos (PROD), teor de ferro (TFe), teor de zinco (TZn), teor de proteínas (TProt) e qualidade de cozimento (QC) foram submetidos a análise de seleção simultânea em detrimento da importância agrônômica, nutricional e qualidade tecnológica em feijão-caupi. A interpretação da figura é da seguinte forma: (I) A correlação de Pearson é evidenciada quando o cosseno do ângulo entre os vetores de dois caracteres estão próximos. Desse modo, ângulo $<90^\circ$ indica uma correlação positiva, ângulo $>90^\circ$ a correlação é negativa, e um ângulo de 90° indica correlação zero; (II) O nível relativo do genótipo para o caráter é expresso pelo ângulo entre um genótipo e o caráter. Dessa forma, o ângulo agudo indica que o genótipo está acima da média para o caráter avaliado; um ângulo obtuso indica que o genótipo está abaixo da média para o caráter avaliado; e um ângulo reto que o genótipo está na média para o caráter avaliado;

A representatividade de um caráter em um Biplot é observada pelo comprimento do vetor (isto é, a distância da origem do Biplot), por isso, (III) um vetor curto indica que a variação do caráter entre os genótipos é pequena, ou não está bem representado no Biplot, isso devido à falta de correlação com os outros caracteres. Isso pode acontecer quando a qualidade do ajuste do Biplot é relativamente baixa (a

qualidade do ajuste do GT Biplot na Figura 1 é de 50,96%); (IV) O comprimento do vetor de um genótipo indica se é intermediário para todos os caracteres ou possui pontos fortes e/ou pontos fracos (YAN; TINKER, 2006; YAN; FRÉGEAU-REID, 2018).

Com base na Figura 1, o NDF foi positivamente correlacionado com a maioria dos caracteres ligados à produção, exceto para o TProt, TZn e TFe. Isso demonstra que a seleção de genótipos precoces pode causar redução nos teores de proteínas e nos micronutrientes nos grãos. O P100G foi correlacionado positivamente com o COMPV e IG, e negativamente com a QC. Isso demonstra que a seleção para o aumento do P100G poderá trazer ganhos para o IG e COMPV, porém pode provocar uma redução na qualidade de cozimento. O IG foi correlacionado com a PROD e negativamente com o TProt, assim como o TFe foi fortemente correlacionado com o TZn e negativamente correlacionado com a QC.

Silva et al. (2014) também encontraram resultados similares para esses caracteres, sendo NDF correlacionado positivamente com o NGV e negativamente com a produtividade, e a PROD correlacionada positivamente com o COMPV. Cabral et al. (2011) avaliando genótipos de feijão comum, observou correlação negativamente produtividade de grãos e número de dias para a floração. Sendo a magnitude dessa correlação pode depender da diversidade genética do germoplasma (ZILIO et al., 2011).

Oliveira et al. (2017), avaliando linhagens elite de feijão-caupi em relação ao desempenho agrônomo, nutricional e culinário, identificaram correlação negativa entre PROD e TProt, indicando que a seleção para genótipos com alta produtividade de grãos pode causar reduções no TProt. Os autores ainda identificaram correlação positiva entre TFe e TZn ($P < 0,05$), mas negativa com a QC. Isso sugere que durante a seleção para a potencialização desses minerais, o melhorista deve ter o cuidado para não reduzir a qualidade de cozimentos desses genótipos.

Os perfis dos caracteres dos genótipos também são mostrados na Figura 1. Desse modo, o G3 mostrou-se precoce quanto ao NDF, alta PROD, IG, P100G, COMPV, altos níveis de TFe e TZn, mas baixa QC; Os genótipos G18, G19 e G20 mostraram-se com bons desempenhos médios para os caracteres QC, NGV e TProt, porém baixos TFe e TZn. Embora o GT Biplot seja eficiente em revelar as associações entre os caracteres e perfis de caracteres de genótipos, a utilização da abordagem GYT Biplot pode complementar essa análise no sentido de selecionar genótipos altamente produtivos e com características desejada no melhoramento genético (YAN;

FRÉGEAU-REID, 2018), assim, é possível identificar o melhor genótipo e aqueles que tem a capacidade de serem indicados para os agricultores (YAN et al., 2019a).

A combinação da produtividade com nove caracteres avaliados em 20 genótipos de feijão-caupi é representada na Figura 2. Constata-se a formação de um polígono formado pela conexão dos genótipos com os vértices mais longos em todas as direções. Em cada lado do polígono, traçou-se uma linha saindo da origem do Biplot dividindo-o em setores, exibindo dessa forma, os perfis dos caracteres dos genótipos. Nesse contexto, o genótipo situado em cada vértice apresenta os maiores valores para as combinações de produtividade-caráter. A análise GYT Biplot demonstrou que os dois primeiros componentes principais explicaram quase a totalidade da variação entre os genótipos (88,04%), demonstrando alta confiabilidade.

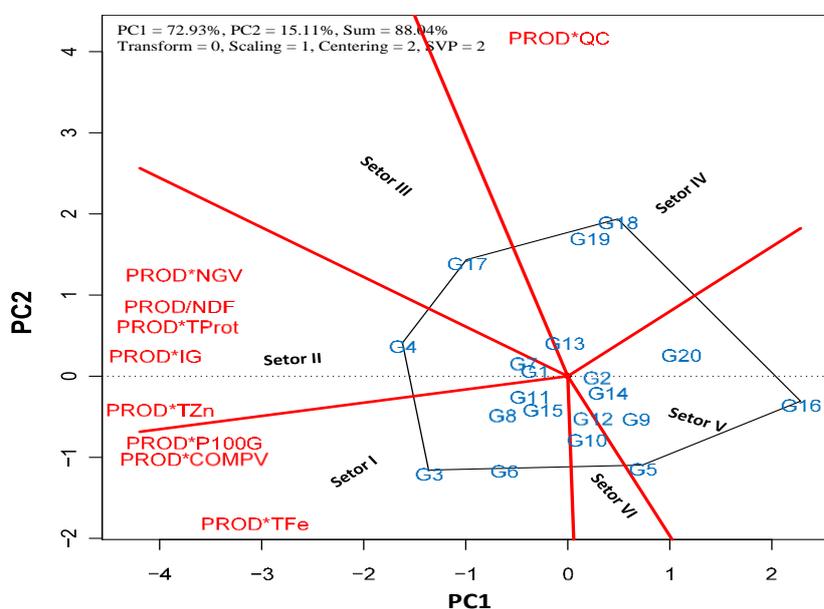


Figura 2. GYT Biplot “which-won-where” de genótipos de feijão-caupi quanto à associação entre produtividade e caracteres alvos. Biplot baseado na decomposição de valores singulares da tabela GYT padronizada (“Scaling = 1, Centering = 2”). Foi utilizada a partição de valor singular focada em caracteres (“SVP = 2”). NDF: número de dias para a floração; COMPV: comprimento de vagens; NGV: número de grãos por vagem; P100G: peso de cem grãos; IG: índice de grãos; PROD: produtividade de grãos; TFe: teor de ferro; TZn: teor de zinco; TProt: teor de proteínas; QC: qualidade de cozimento.

O polígono exibiu a formação dos seis setores, porém apenas três contém os caracteres avaliados. No vértice do setor I, está situado o G3, demonstrando as melhores combinações de PROD*P100G, PROD*COMPV e PROD*TFe, o que indica que esse genótipo obteve os valores mais altos para as combinações de PROD com P100G, COMPV e TFe. O segundo setor é formado pelas combinações de PROD*NGV, PROD*NDF, PROD*TProt, PROD*IG e PROD*TZn, onde o G4 apresentou as melhores combinações de PROD com NGV, precocidade quanto ao

NDF, TProt, IG e TZn.

No setor IV, o G18 apresentou os maiores valores para PROD*QC, seguido pelo genótipo G19 e G13 que também demonstraram serem promissores para essa associação de caracteres. Por isso, pode se inferir que esses três genótipos foram os melhores para a combinação PROD*QC. Essa melhor combinação entre produtividade de grãos e qualidade tecnológica pode ser explicada, por esses genótipos já serem cultivares comerciais com boas características agronômicas e qualidade tecnológica G18 (BRS Pajeú) e G19 (BRS Marataoã), além da capacidade de adaptação as condições do semiárido piauiense.

O genótipo G17 ficou situado no vértice do setor III, embora não tenha apresentado caracteres associados a ele, Isso sugere que este não teve desempenho superior para um conjunto de caracteres, mas obteve comportamento satisfatório por está situado no vértice do setor, entre os setores que possuem os caracteres. Com base na Tabela 9, esse genótipo só obteve desempenho superior para a combinação PROD/NDF, porém baixo desempenho para os demais, já os genótipos G18 e G19, ficaram isolados no setor IV, porque obtiveram as maiores médias para a qualidade de cozimento, em relação aos demais genótipos.

De acordo com Paramesh et al. (2016), o gráfico *which-won-where* exibe nos vértices do polígono os melhores genótipos para os caracteres avaliados. Dessa forma, esses genótipos são promissores em programas de melhoramento genético, pois há a possibilidade de desenvolver cultivares responsivas quanto ao caráter de interesse. Por outro lado, aqueles situados dentro do polígono são os menos sensíveis a esses caracteres. Araújo (2019), avaliando 14 genótipos de feijão-caupi quanto à seleção de múltiplos caracteres baseado na abordagem GYT Biplot, identificou a formação de três setores dividindo as combinações de PROD e caracteres ligados à produção. Além disso, identificou genótipos que não se destacaram em nenhuma combinação de caracteres estudados, ou seja, esses genótipos não se destacaram para nenhum dos conjuntos de caracteres ligados à PROD em feijão-caupi.

Segundo Oliveira et al. (2018), genótipos situados nos vértices do polígono, mas que não apresentam caracteres agrupados no setor são desfavoráveis, e não são recomendados para programas de melhoramento focados no aumento da expressão desses caracteres. Por isso, na seleção de genótipos superiores é mais recomendável a seleção de múltiplos caracteres considerados alvos no processo de melhoramento (YAN, 2014), pois é possível identificar os perfis dos caracteres dos genótipos como

estratégia no momento da seleção (YAN; FRÉGEAU-REID, 2018; YAN et al., 2019a).

A classificação de superioridade dos genótipos com base em suas combinações de caracteres de produção é apresentada na Figura 3. O pequeno círculo no Biplot representa o posicionamento da combinação de caráter de produção média. A linha com uma única seta que passa pela origem do Biplot e pela combinação média de caracteres de produção é conhecida como eixo médio do testador (ATA). Essa seta indica os valores médios mais altos para as combinações de caracteres de produção. Por outro lado, a linha com duas setas apontando para fora passa pela origem do Biplot e é perpendicular ao ATA. Dessa forma, consegue-se separar os genótipos melhores que a média, daqueles com valores menores do que a média (YAN; FRÉGEAU-REID, 2018).

Os genótipos que tiveram a melhor classificação com base na capacidade de combinar produtividade e caracteres alvo foram: G4> G3> G17> G8> G6> G7> G11> G1> G13> G15. Por outro lado, G16, G20 e G5 foram considerados os mais pobres em comparação aos demais. Outra propriedade da Figura 3 é a capacidade de identificar os perfis dos caracteres dos genótipos. Nesse sentido, os genótipos G4, G3 e G17 foram considerados os mais equilibrados para vários caracteres. Os genótipos G7 e G1 foram considerados os mais estáveis para a maioria dos caracteres, exceto para QC. Já o G6 é superior em TFe, COMPV, P100G e TZn, porém inferior em QC. Por outro lado, G19 e G18 apresentaram altos níveis para a QC, mas baixo desempenho no conjunto dos demais caracteres. Além disso, os genótipos que estão abaixo do ATA tendem a ter bons níveis de IG, TZn, P100G, COMPV e TFe. O oposto ocorre com os genótipos situados próximos do ATA.

A seleção baseada em múltiplos caracteres tem sido utilizada no melhoramento como uma forma de aumentar as chances de sucesso com a seleção. Essa abordagem tem a capacidade de obter ganhos equilibrados para vários caracteres (CRUZ; CARNEIRO; REGAZZI, 2014). Essa avaliação é uma quebra de paradigma, pois os genótipos devem ser avaliados através da capacidade de combinação da produtividade e outros caracteres (YAN; FRÉGEAU-REID, 2018). Cruz et al. (2020), avaliando genótipos de feijão-caupi baseado em múltiplos caracteres, identificaram através da abordagem GYT Biplot linhagens superiores para a maioria das combinações entre PROD e caracteres-chaves no melhoramento de feijão-caupi.

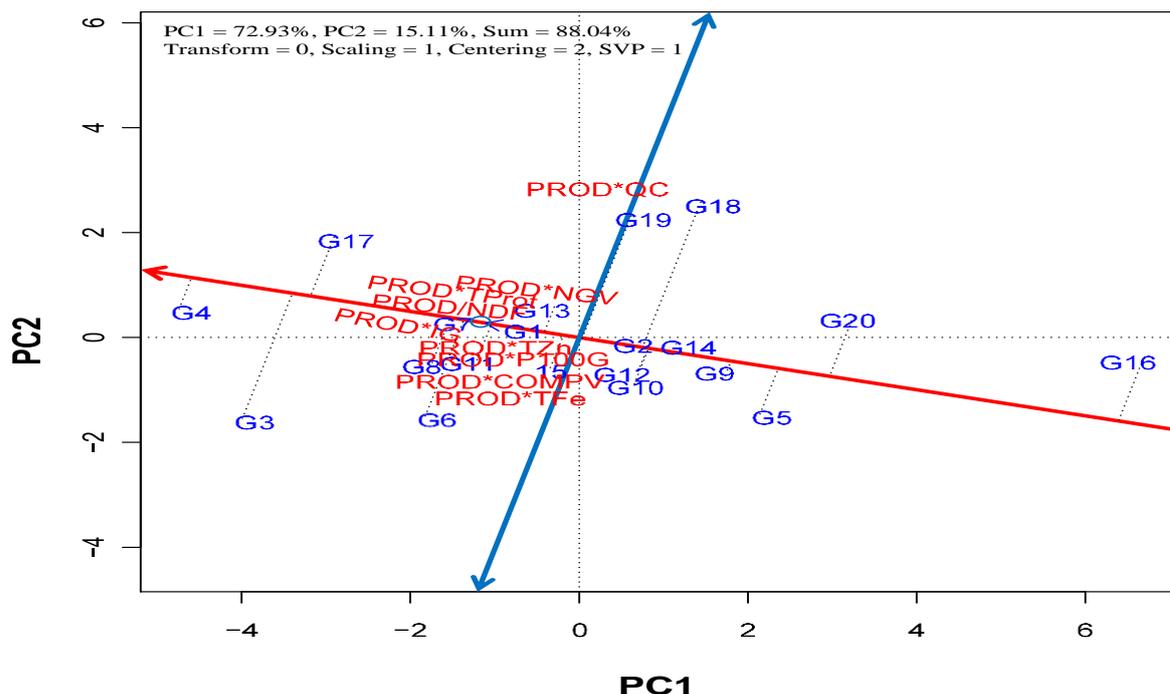


Figura 3. GYT Biplot representando a média x caráter, indicando o rank de superioridade dos genótipos. Biplot baseado na decomposição de valores singulares da tabela GYT padronizada ("Scaling = 1, Centering = 2"). Foi utilizada a partição de valor singular focada no genótipo ("SVP = 1"). NDF: número de dias para a floração; COMPV: comprimento de vagens; NGV: número de grãos por vagem; P100G: peso de cem grãos; IG: índice de grãos; PROD: produtividade de grãos; TFe: teor de ferro; TZn: teor de zinco; TProt: teor de proteínas; QC: qualidade de cozimento.

O índice de superioridade (IS) GYT classifica os genótipos com base em um *rank* contendo a média de todas as combinações dos caracteres, por isso, maiores valores para o IS representa o genótipo mais desejado. Os melhores genótipos foram as linhagens MNC11-1013E-35 (G4), MNC11-1013E-15 (G3) e MNC11-1052E-3 (G17) (Tabela 10). Porém, a linhagem MNC11-1034E-2 (G16), a cultivar BRS Rouxinol (G20) e a linhagem MNC11-1018E-17 (G5) foram identificados como os genótipos mais pobres para múltiplos caracteres. Segundo Mohammadi (2019), a utilização da abordagem GYT Biplot possibilita a seleção de genótipos superiores, identificando os perfis dos caracteres, além da capacidade de utilizar o IS GYT para conhecer a superioridade dos genótipos com base na combinação entre produtividade e caracteres alvo do melhoramento mostrando, então, pontos fortes e fracos dos genótipos.

Segundo Yan et al. (2019a), o emprego do IS GYT Biplot é mais adequado que os índices tradicionais, pois evita a seleção de genótipos com baixa produtividade, sendo que esta característica já está incorporada às demais. Assim, tem a capacidade demonstrar a similaridade e a dissimilaridade, havendo a possibilidade de escolher parentais ou cultivares em um programa de melhoramento genético.

Tabela 10. Dados padronizados para Genotype by Yield*Trait (GYT) Biplot e índice de superioridade GYT para os genótipos de feijão-caupi avaliados em três ambientes do semiárido piauiense, MSH: Monsenhor Hipólito; SMT: São Miguel do Tapuio; PIX: Pio IX, no ano agrícola 2019.

CG ¹	Genótipos ¹	PROD/ NDF	PROD* COMPV	PROD* NGV	PROD* P100G	PROD* IG	PROD* TFe	PROD* TZn	PROD* TProt	PROD* QC	IS GYT
G4	MNC11-1013E-35	1,16	2,07	2,02	1,86	1,91	1,09	1,54	1,63	0,84	1,63
G3	MNC11-1013E-15	0,57	1,84	0,95	1,94	1,78	1,10	1,41	1,69	-1,34	1,41
G17	MNC11-1052E-3	1,25	0,84	1,33	1,63	1,62	-0,71	0,86	0,84	1,74	1,25
G6	MNC11-1019E-8	0,08	1,10	0,07	0,77	0,26	1,14	0,98	0,74	-1,01	0,74
G7	MNC11-1019E-12	-0,43	0,59	0,38	0,89	0,92	0,85	0,27	-0,03	0,99	0,59
G8	MNC11-1019E-46	0,78	0,38	0,12	0,46	0,19	1,73	0,76	0,55	0,13	0,46
G11	MNC11-1024E-1	0,41	-0,10	0,32	0,55	0,81	0,02	1,02	0,09	-0,52	0,32
G1	MNC11-1013E-33	0,26	0,40	-0,07	-0,02	0,34	0,17	-0,13	0,35	0,22	0,22
G13	MNC11-1026E-19	0,10	0,58	0,30	-0,34	0,09	-0,61	0,19	0,04	0,50	0,10
G15	MNC11-1031E-11	0,49	0,42	-0,18	0,06	0,52	-0,08	0,01	-0,59	-0,53	0,01
G2	MNC11-1013E-16	0,22	-0,31	-1,31	-0,38	-0,09	-0,02	0,27	-0,19	0,27	-0,09
G12	MNC11-1026E-15	-0,80	-0,10	-0,68	0,02	-0,15	0,35	-0,01	-0,88	-0,03	-0,10
G19	BRS Marataoã	-0,08	-0,97	0,44	-1,12	-0,20	-0,69	-0,16	0,43	2,03	-0,16
G10	MNC11-1022E-58	-0,74	-0,02	-0,30	-0,24	-0,51	0,23	-0,05	-0,48	-0,60	-0,30
G14	MNC11-1031E-5	-0,85	0,02	-0,64	0,33	-0,15	-1,43	-0,37	-0,78	-0,12	-0,37
G18	BRS Pajeú	-0,53	-0,99	0,25	-0,80	-0,39	-1,17	-1,17	0,03	2,33	-0,53
G9	MNC11-1020E-16	-1,02	-0,71	-0,69	-1,21	-0,11	0,56	-0,62	-1,42	-0,17	-0,69
G5	MNC11-1018E-17	-1,63	-0,26	-0,52	-0,39	-0,83	-0,50	-1,07	-1,18	-1,40	-0,83
G20	BRS Rouxinol	-1,03	-1,35	-1,08	-1,35	-1,19	-1,49	-1,49	-0,84	0,03	-1,19
G16	MNC11-1034E-2	-3,11	-2,20	-2,86	-1,58	-2,49	-2,24	-2,61	-2,61	-0,23	-2,49
Média		0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	
Desvio padrão		1,0	1,0	1,0	1,0	1,0	1,0	1,0	1,0	1,0	

¹CG: códigos dos genótipos; NDF: número de dias para a floração; COMPV: comprimento de vagens; NGV: número de vagens; P100G: peso de cem grãos; IG: índice de grãos; TFe: Teor de ferro; TZn: teor de zinco; TProt: teor de proteína; QC: qualidade de cozimento; PROD: produtividade de grãos; IS: índice de superioridade GYT Biplot;

4.4 Análises de Adaptabilidade e Estabilidade via GGE Biplot

4.4.1 Teor de Ferro (TFe)

Os dois primeiros Componentes Principais (PCs) explicaram 93,86% da variação total dos dados (Figura 4) para o teor de ferro (TFe). Isso indica que a decomposição dos valores singulares dos efeitos da matriz GGE foi eficiente na explicação da variação total dos dados. Essa explicação pelos componentes foi superior aos trabalhos desenvolvidos por Silva e Santos (2017) e Oliveira et al. (2017a), que ao utilizarem essa metodologia em feijão-caupi, obtiveram uma explicação abaixo de 78% da variação dos dados para o TFe.

O ideótipo é considerado um genótipo ideal para determinado ambiente de cultivo, pois consegue agregar alto desempenho produtivo e alta estabilidade. Por isso, a visualização do GGE Biplot “média *versus* estabilidade” representa uma estratégia promissora em ambos os aspectos (YAN et al., 2007; YAN, 2011).

De acordo com o gráfico “média *versus* estabilidade” da Figura 4A, os genótipos apresentaram o TFe em ordem decrescente do “eixo do ambiente-média” (EAM): G8> G6> G9> G12> G7> G10> G12> G3> média geral> G1> G11> G5> G15> G19> G16> G13> G18> G20> G14> G17. Os genótipos G19 e G15 apresentaram alta estabilidade, porém baixo TFe. Já G17, G14, G13 e G4 foram considerados os mais instáveis (maior projeção da linha pontilhada saindo da origem Biplot). Os genótipos G4, G3 e G7 foram mais adaptados ao ambiente SMT, do que ao PIX. Resultados similares foram encontrado por Silva e Santos (2017), avaliando a adaptabilidade e estabilidade para micronutrientes em feijão-caupi em condições de semiárido brasileiro, observaram que os genótipos com alto TFe apresentavam instabilidade fenotípica. Isso indica que esses genótipos se comportam de forma diferencial dependendo do ambiente de avaliação.

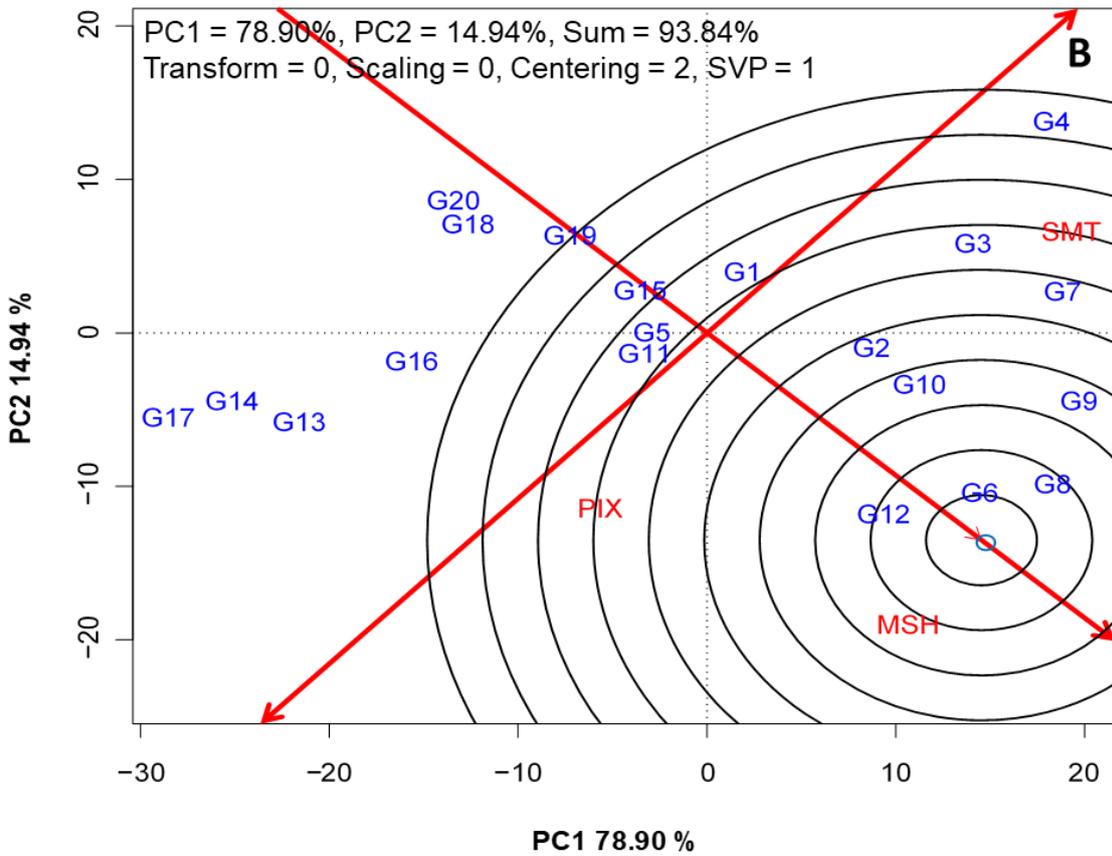
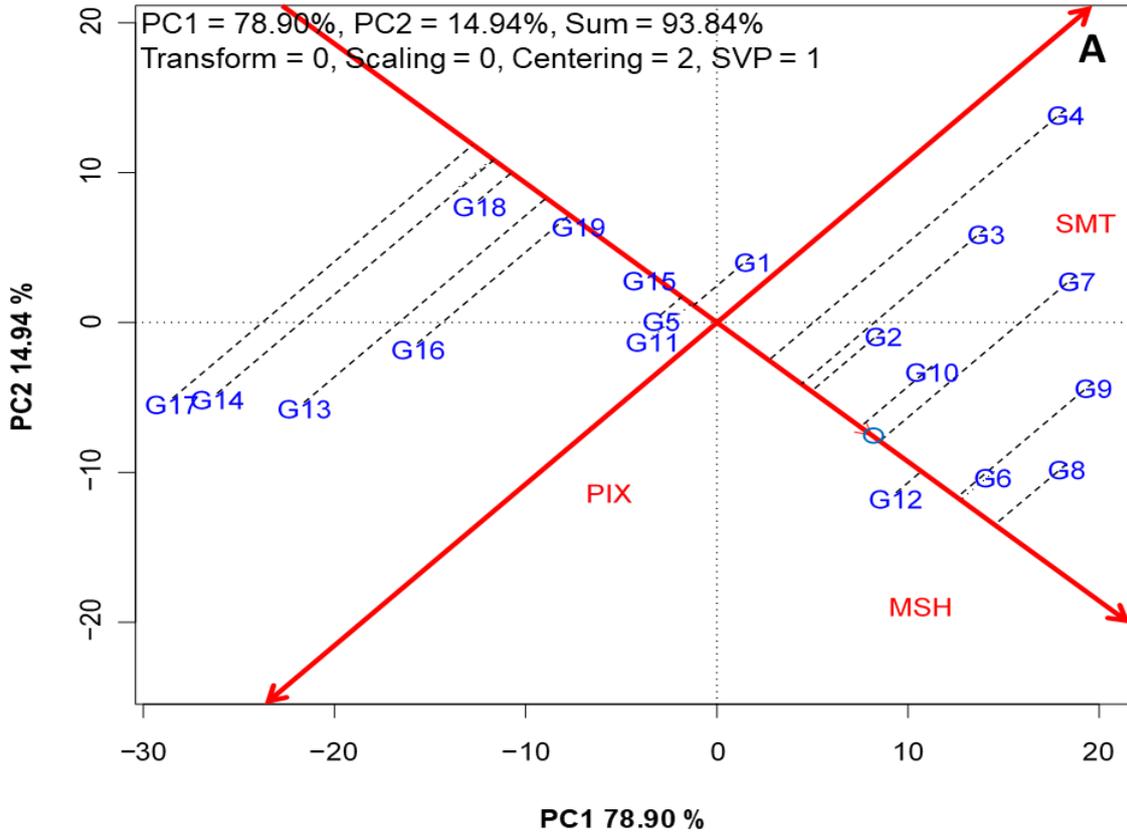


Figura 4. GGE Biplot para a adaptabilidade e estabilidade do teor de ferro de 20 genótipos de feijão-caupi, avaliados em três ambientes do semiárido piauiense, MSH: Monsenhor Hipólito; SMT: São

Miguel do Tapuio; PIX: Pio IX, no ano agrícola 2019, (A) GGE Biplot “média versus estabilidade” (B) classificação do genótipo ideal.

O genótipo ideal é aquele situado mais próximo ao centro dos círculos concêntricos. Assim, G6 foi o ideótipo mais indicado, seguido do G12 e G8. Observa-se também que MSH foi o ambiente que agrupou os melhores genótipos em relação aos altos TFe (Figura 4B). O genótipo mais recomendado na concepção de Yan e Tinker (2006) e Yan (2011) é aquele que consegue unir estabilidade fenotípica e alto desempenho médio para os caracteres alvo do melhoramento.

O gráfico *which-won-where* é utilizado para selecionar genótipos com alto desempenho para ambientes testes. O polígono é formado através das ligações entre os genótipos situados nos vértices, sendo o polígono da Figura 5A, formado por G4, G8, G12, G17 e G20. Observou-se a formação de seis setores, sendo G4, G8 e G17 os melhores genótipos nos ambientes de SMT, MSH e PIX, respectivamente. G20 e G12 estão situados no vértice do polígono, porém não contém ambiente agrupado. Isso sugere que esses genótipos são considerados desfavoráveis para o TFe nos ambientes testados (KARIMIZADEH et al. 2013).

Ambientes com vetores longos partindo da origem do Biplot são considerados mais discriminantes em relação aos genótipos. Aqueles com vetores curtos são menos discriminantes. De acordo com a Figura 5B, o ambiente de SMT foi mais discriminante em relação aos genótipos, indicando que estes tendem a se comportarem de forma diferenciada para o TFe, e que é possível identificar diferenças genotípicas nos ambientes para esse micromineral, sendo interessantes como ambientes de teste.

Outra finalidade do gráfico “discriminantes *versus* representativos” é a capacidade de indicar ambientes representativos, que são aqueles que têm um pequeno ângulo com a EAM (eixo do ambiente-médio) (Figura 5B). O ambiente MSH foi o mais representativo para esse conjunto de dados. Portanto, ambientes discriminantes e não representativos são úteis para a seleção de genótipos adaptados especificamente em mega ambiente (YAN; TINKER, 2006; HONGUY et al., 2015).

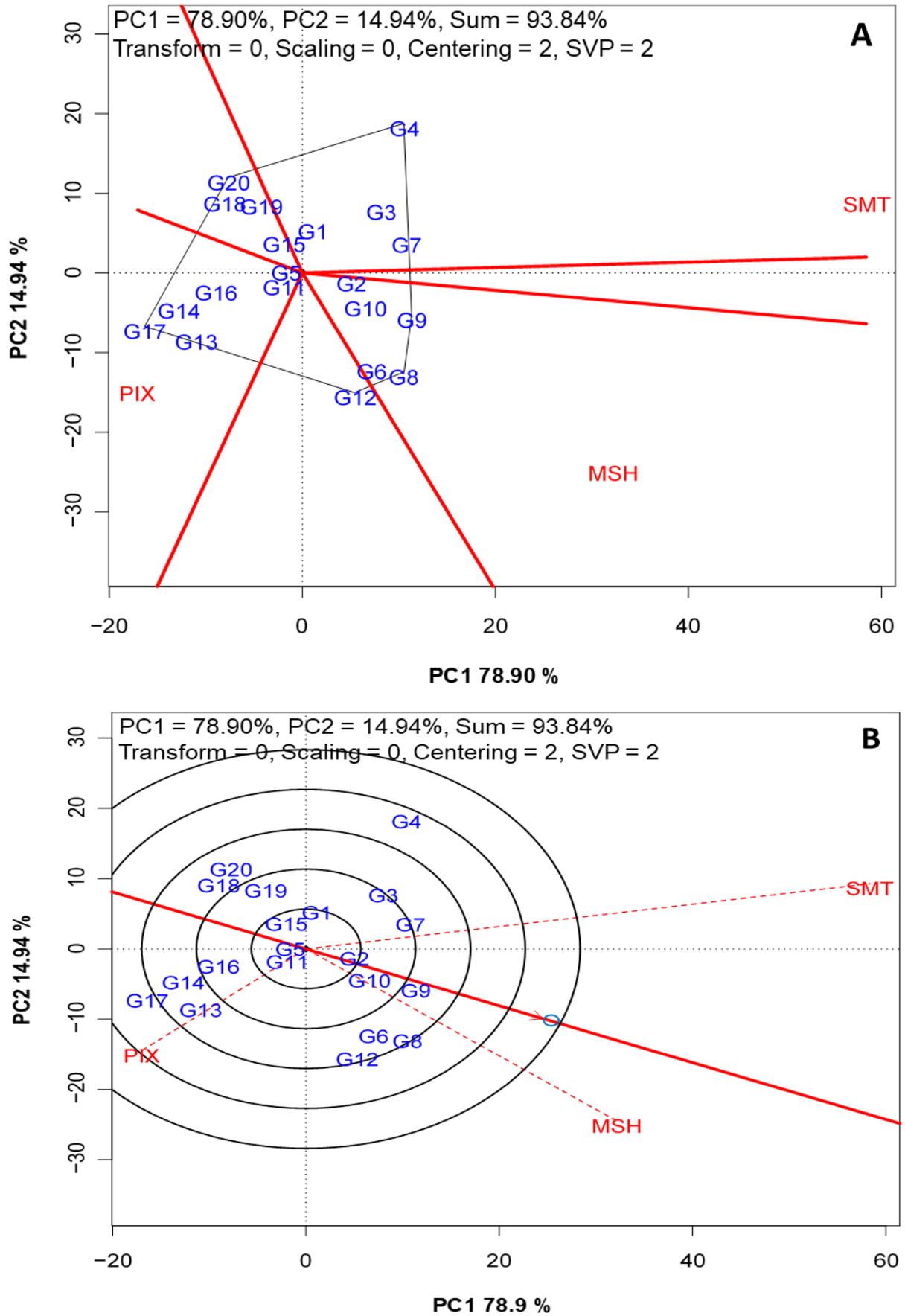


Figura 5. GGE Biplot para a adaptabilidade e estabilidade do teor de ferro de 20 genótipos de feijão-caupi, avaliados em três ambientes do semiárido piauiense, MSH: Monsenhor Hipólito; SMT: São

Miguel do Tapuio; PIX: Pio IX no ano agrícola 2019, (A) GGE Biplot mega-ambiente *which-won-where*; (B) GGE Biplot “discriminação e representatividade”.

4.4.2 Teor de Zinco (TZn)

A análise de componente principal (PCA) decompôs o efeito do genótipo + interação GxA, explicando a variação dos dados através de poucos CPs. Os dois primeiros componentes explicaram 83,04% da variação total dos dados do TZn. Isso indica que a decomposição dos valores singulares da matriz GGE foi eficiente na explicação dos dados.

A análise de adaptabilidade e estabilidade dos genótipos de feijão-caupi em relação ao TZn foi avaliada a partir do “eixo do ambiente-média” (EAM) (Figura 6A). O EAM é representada pela seta presente no Biplot que apontam em ambos os sentidos e indicam um maior efeito da interação genótipo por ambiente e menor estabilidade fenotípica.

Nesse sentido, os genótipos foram agrupados de acordo com o maior teor de zinco: G8> G6> G2> G10> G11> G12> G3> G4> média geral> G9> G14> G5> G7> G17> G1> G15> G16> G19> G20> G18. Os genótipos G9, G14, G7 e G1 foram considerados os mais estáveis, no entanto tiveram baixo TZn. G8, G2 G10 e G4 mostraram-se promissores, pois apresentaram estabilidade fenotípica associada com o TZn. Por outro lado, G11 e G16 foram os mais instáveis, porém mais adaptáveis aos ambientes de SMT e MSH, respectivamente. O gráfico “média *versus* estabilidade” é uma ferramenta eficiente na avaliação do desempenho médio e estabilidade, mas também na performance relativa de cada genótipo por ambiente de avaliação (YAN et al., 2007).

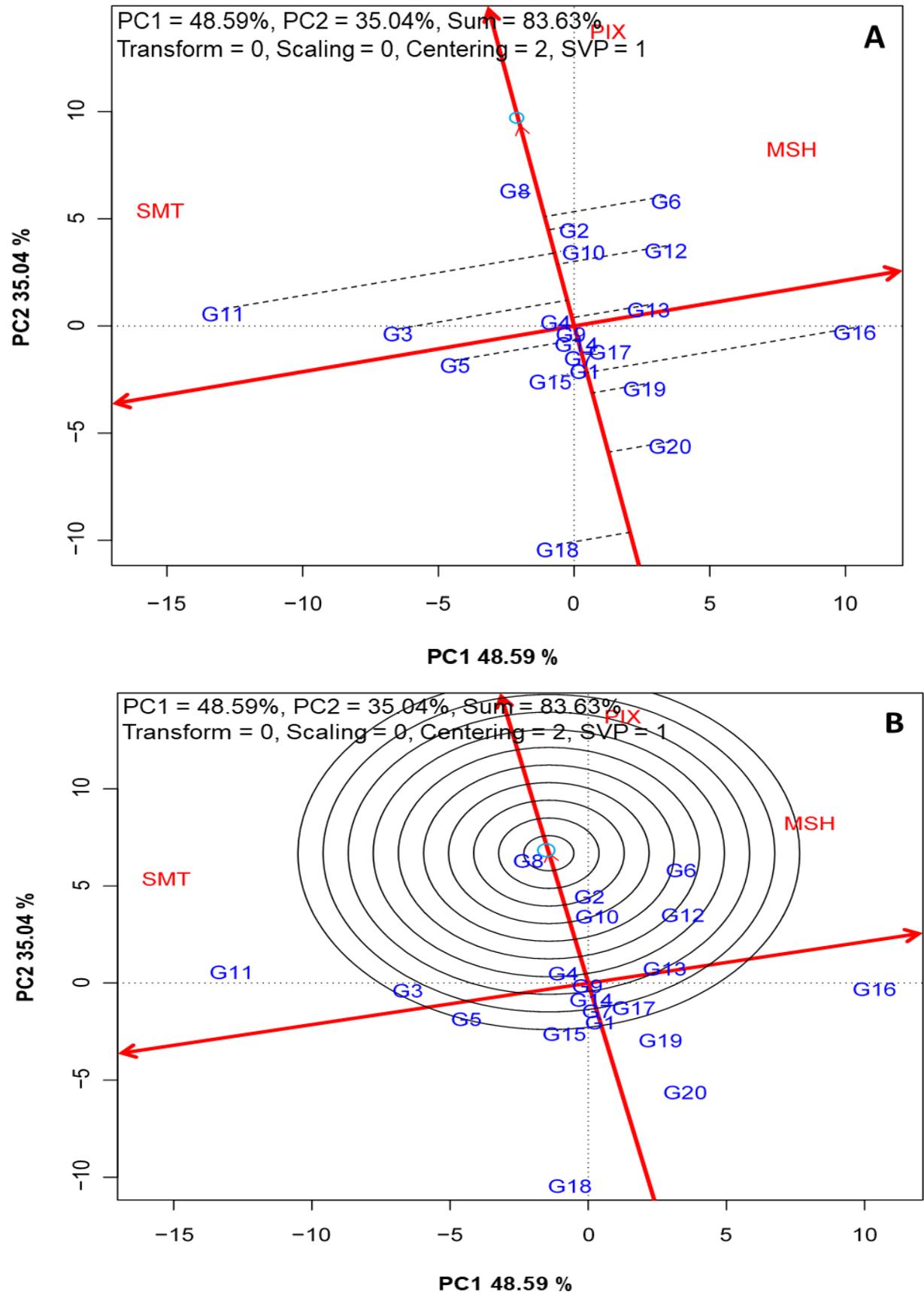


Figura 6. GGE Biplot para a adaptabilidade e estabilidade do teor de zinco de 20 genótipos de feijão-caupi, avaliados em três ambientes do semiárido piauiense, MSH: Monsenhor Hipólito; SMT: São Miguel do Tapuio; PIX: Pio IX no ano agrícola 2019, (A) GGE Biplot "média versus estabilidade" (B)

classificação do genótipo ideal.

Segundo Yan e Rajacan (2002), o genótipo ideal é aquele que apresenta desempenho produtivo invariável em todos os ambientes testes. Além disso, é definido pelo tamanho dos vetores mais longo do PC1 e PC2 sem projeções, sendo desejados aqueles que estejam situados mais próximos dos círculos concêntricos. Dessa forma, G8, G2, G10, alocados no primeiro, terceiro e quarto círculo concêntrico, respectivamente (Figura 6B), são considerados os mais próximos do ideal em relação ao alto TZn e estabilidade fenotípica.

Na Figura 7A, observa-se a formação de um polígono através da união dos genótipos G8, G6, G16, G18 e G11, situados nos vértices do Biplot. Os genótipos e ambientes são separados por setores que representam um estrato ambiental, no qual aqueles situados nos vértices são os melhores em desempenho do caráter para aquele estrato ou ambiente. Dessa forma, G11, G6 e G16 foram considerados os melhores nos ambientes de SMT, PIX e MSH, respectivamente. Resultados similares foram encontrados por Oliveira et al. (2017a), avaliando genótipos de feijão-caupi para o TZn em vários ambientes do Meio-Norte do Brasil.

Os setores que apresentam os genótipos nos vértices, sem a presença de ambientes, como por exemplo G8 e G18, não apresentaram altos TZn em nenhum dos ambientes testes (Figura 7A). Isso indica que esses genótipos foram os piores em todos os ambientes (KARIMIZADEH et al., 2013; SANTOS et al., 2017; OLIVEIRA et al., 2017a) para o TZn.

A Figura 7B mostra o gráfico “discriminante e representativo”, onde os vetores de maior comprimento que partem da origem do Biplot são considerados os mais discriminantes (Yan et al., 2007). Dessa forma, SMT foi considerado o ambiente com a maior capacidade discriminante. A representatividade está relacionada quando o ambiente forma um menor ângulo com o eixo do ambiente médio (EAM) (YAN; TINKER, 2006). Assim, o ambiente mais representativo foi PIX; isso sugere que nesse tipo de ambiente é possível identificar genótipos instáveis (YAN; HOLLAND, 2010). Segundo Yan (2014), em um programa de melhoramento genético, a seleção de um ambiente de teste ideal deve ser discriminante, representativo e apresentar resultados constantes ao longo dos anos para selecionar genótipos superiores.

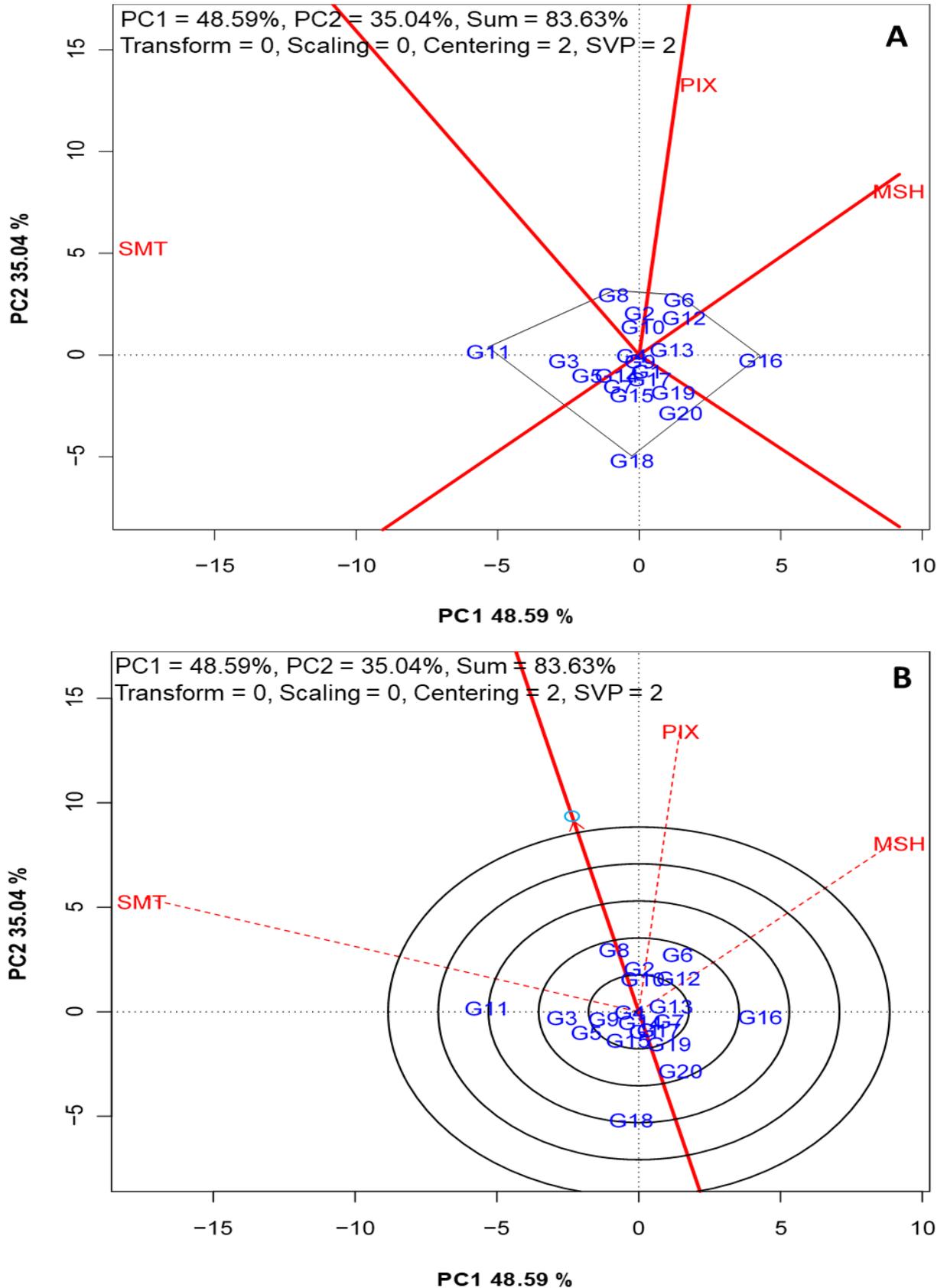


Figura 7. GGE Biplot para a adaptabilidade e estabilidade do teor de zinco de 20 genótipos de feijão-caupi, avaliados em três ambientes do semiárido piauiense, MSH: Monsenhor Hipólito; SMT: São Miguel do Tapuio; PIX: Pio IX no ano agrícola 2019, (A) GGE Biplot mega-ambiente *which-won-where*; (B) GGE Biplot “discriminação e representatividade”.

4.4.3 Teor de Proteínas (TProt)

Os dois primeiros componentes principais (CPs) conseguiram explicar 88,72% da variação total dos dados do TProt. Segundo Cruz e Regazzi (2012), uma análise de CPs é eficiente quando consegue explicar no mínimo 80% da variação dos dados. O estudo da interação GxA para o TProt em feijão-caupi é escasso na literatura, pois avaliações em multilocais que associem alta produtividade e altos TProt são necessárias quando se deseja recomendar uma cultivar biofortificada (SILVA; SANTOS; BOITEUX, 2016).

O gráfico “média *versus* estabilidade” (Figura 8A) apresenta uma linha continua com seta apontando para uma única direção, denominada “eixo do ambiente-média” (EAM), indicando os genótipos com maiores TProt. A segunda linha, perpendicular ao EAM, com duas setas, apontam para maior variabilidade fenotípica (YAN; TINKER, 2006) e indica maior interação GxA ou baixa estabilidade quando o genótipo se encontra mais distante desta ou menor interação GxA ou alta estabilidade quando o genótipo se encontra mais próximo desta.

Os genótipos com maiores TProt foram agrupados em ordem decrescente: G8> G16> G19> G6> G3> G20> G18> G1> G10> G2> G13> média geral > G4> G5> G4> G7> G17> G12> G11> G15> G9 (Figura 8A). Os genótipos G17, G14 e G4 foram considerados os mais estáveis para os três ambientes de teste, porém apresentaram baixos TProt. Os genótipos G3, G6 e G19 conseguiram reunir simultaneamente estabilidade fenotípica e altos TProt. O genótipo G18 se adaptou bem às condições ambientais de MSH, porém apresentou baixo desempenho no ambiente PIX, além de alta instabilidade para o TProt. Por outro lado, G3, G6, G8, G19 e G16 tiveram alto desempenho de TProt no ambiente SMT.

Os genótipos G16 e G19 demonstraram-se mais próximos do centro dos círculos concêntricos (Figura 8B). Isso indica que apresentaram altos TProt aliado a estabilidade fenotípica. Por isso, Yan (2001) afirma que para um genótipo ser considerado ideal, é necessário apresentar alto desempenho para o caráter avaliado e alta estabilidade.

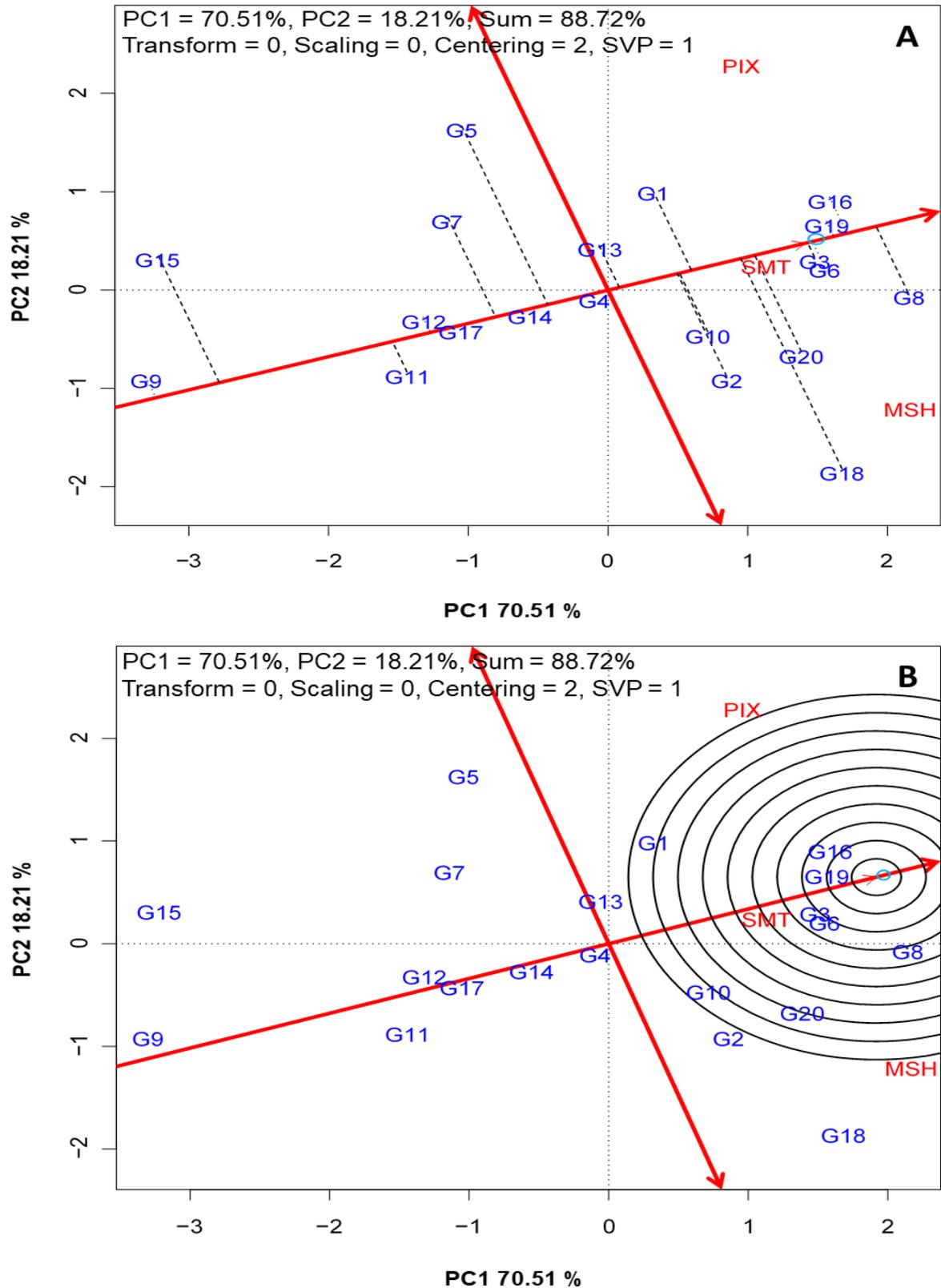


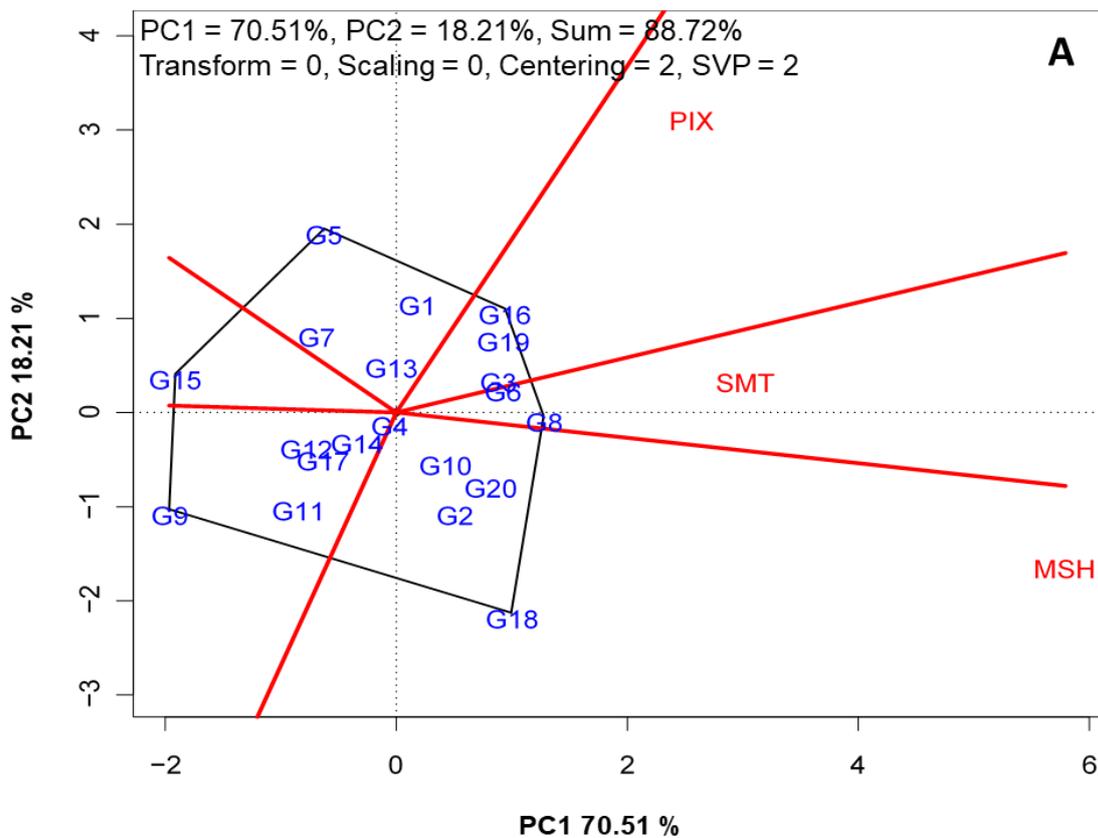
Figura 8. GGE Biplot para a adaptabilidade e estabilidade do teor de proteínas de 20 genótipos de feijão-caupi, avaliados em três ambientes do semiárido piauiense, MSH: Monsenhor Hipólito; SMT: São Miguel do Tapuio; PIX: Pio IX no ano agrícola 2019, (A) GGE Biplot "média versus estabilidade" (B) classificação do genótipo ideal.

O GGE Biplot mega-ambientes, também conhecido como *which-won-where*, é

capaz de identificar os genótipos com alto desempenho para um ambiente ou para um conjunto de ambientes. Observa-se na Figura 9A, a formação de seis setores, onde são tracejadas linhas saindo da origem do Biplot, formando os vértices do polígono, no qual estão situados os genótipos com os melhores desempenhos em um ou mais ambientes (YAN; RAJCAN, 2002).

De acordo com gráfico *which-won-where*, o polígono foi formado pelos genótipos G5, G16, G8, G18, G9 e G15, que estão situados nos vértices do polígono (Figura 9A). G16, G8 e G18 foram considerados os melhores quanto ao TProt nos ambientes de PIX, SMT e MSH, respectivamente. Os genótipos localizados nos setores sem a presença de nenhum ambiente, apresentaram os TProt mais baixos, sendo, portanto, desfavoráveis para esse nutriente em todos os ambientes de teste.

A Figura 9B mostra o gráfico GGE Biplot “discriminação e representatividade”, sendo o ambiente de teste ideal para a seleção de genótipos superiores aquele que apresenta aptidão discriminativa e representativa. Assim, o ambiente MSH foi considerado o mais discriminante, porém não tão representativo quando SMT.



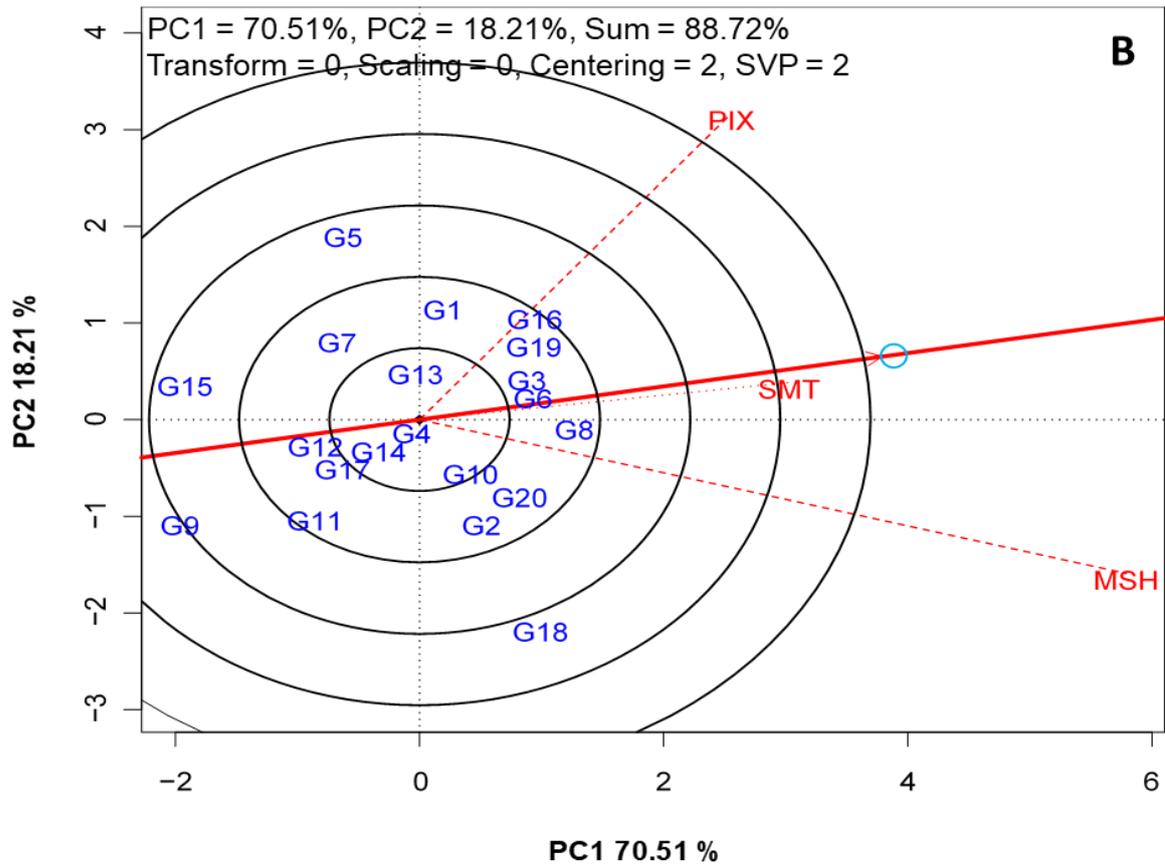


Figura 9. GGE Biplot para a adaptabilidade e estabilidade do teor de proteínas de 20 genótipos de feijão-caupi, avaliados em três ambientes do semiárido piauiense, MSH: Monsenhor Hipólito; SMT: São Miguel do Tapuio; PIX: Pio IX no ano agrícola 2019, (A) GGE Biplot mega-ambiente *which-won-where*; (B) GGE Biplot “discriminação e representatividade”.

4.4.4 Qualidade de Cozimento (QC)

Observou-se que a análise de componentes principais (CPA), através dos dois primeiros componentes, explicaram 93,14% da variação total. Quanto à confiabilidade da análise Biplot, Yan et al. (2009), afirmam que os dois primeiros CPs devem explicar mais de 60% da variação total.

Com base na Figura 10A, os genótipos foram classificados de acordo com a média da QC da seguinte forma: G18> G19> G17> G7> G16> G13> G4> G2> G20> média geral G1> G8> G12> G14> G9> G10> G15> G11> G6> G5> G3. Os genótipos G16 e G20 foram altamente instáveis (maior projeção em relação à EAM). O genótipo G3 foi o mais estável em comparação aos demais genótipos, porém com baixa QC. Os genótipos G17, G19 e G18 tiveram desempenho superior à média geral, com estabilidade mediana de forma similar nos três ambientes.

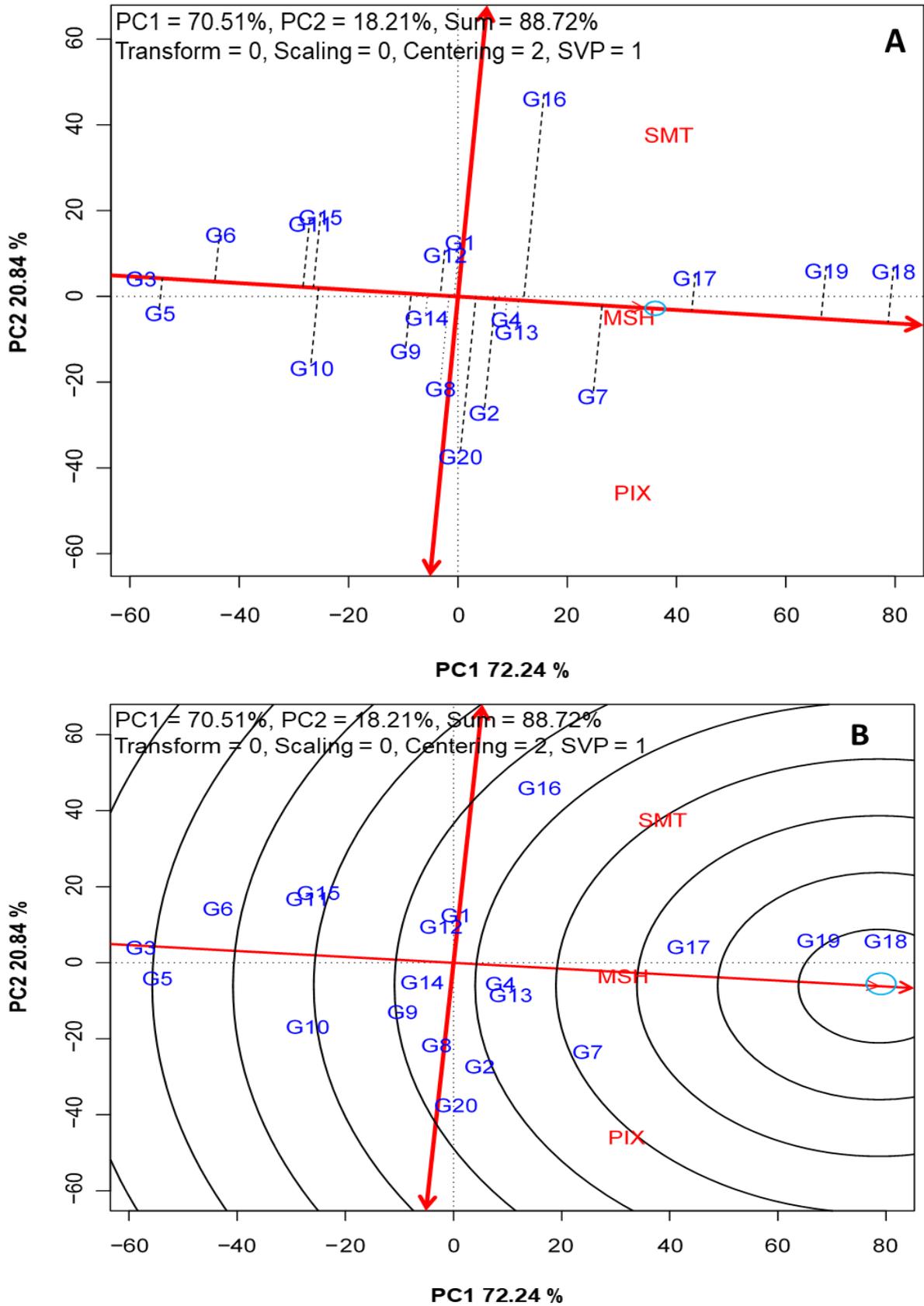
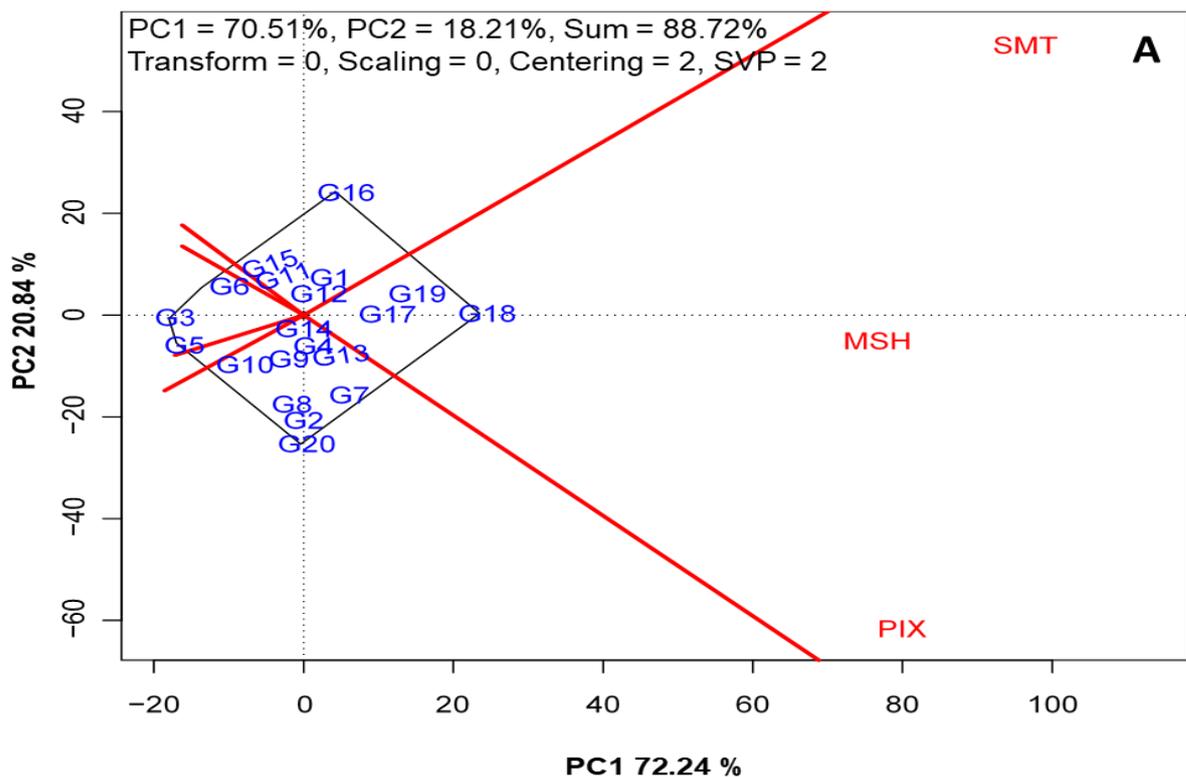


Figura 10. GGE Biplot para a adaptabilidade e estabilidade da qualidade tecnológica de 20 genótipos de feijão-caupi, avaliados em três ambientes do semiárido piauiense, MSH: Monsenhor Hipólito; SMT: São Miguel do Tapuio; PIX: Pio IX no ano agrícola 2019, (A) GGE Biplot “média versus estabilidade” (B) classificação do genótipo ideal.

Com base na Figura 10B, G18 foi considerado o ideótipo ideal para esse conjunto de dados, seguido por G19 (Figura 10B). O genótipo G3 foi o mais estável, com desempenho relativo constante nos três ambientes de teste, mas apresentou baixo desempenho com relação à qualidade de cozimento em comparação aos demais genótipos.

O gráfico *which-won-where* é formado pelas conexões dos genótipos situados nas extremidades do polígono. Os três ambientes testes formaram um único mega ambiente, sendo o G18 considerado o mais adaptado nos três ambientes (Figura 11A). Os genótipos situados nos vértices do polígono e que não contêm ambientes são considerados desfavoráveis em relação aos grupos de ambientes testados, indicando uma baixa capacidade de resposta em relação ao caráter nesses ambientes (SANTOS et al., 2017).

De acordo com a Figura 11B, o ambiente SMT foi o mais discriminante em relação aos genótipos, sugerindo que eles tendem a se comportarem de forma diferenciada, e que é possível identificar diferenças genotípicas nos ambientes, sendo interessantes como um ambiente de teste. Além disso, o ambiente MSH foi considerado o representativo. Portanto, devem-se utilizar esses dois ambientes, pois são os ideais para selecionar genótipos responsivos (HONGYU et al., 2015), no caso, para alta qualidade de cozimento.



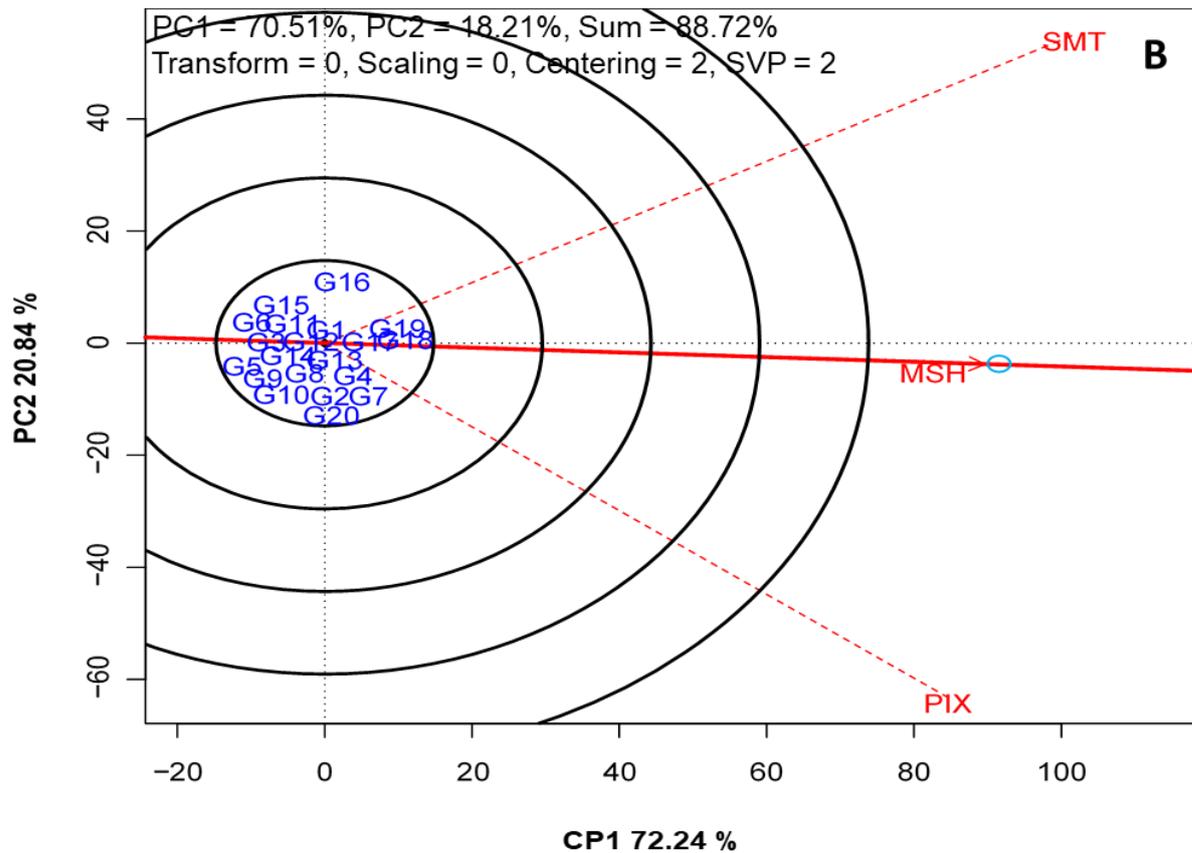


Figura 11. GGE Biplot para a adaptabilidade e estabilidade da qualidade tecnológica de 20 genótipos de feijão-caupi, avaliados em três ambientes do semiárido piauiense, MSH: Monsenhor Hipólito; SMT: São Miguel do Tapuio; PIX: Pio IX no ano agrícola 2019, (A) GGE Biplot mega-ambiente *which-won-where*; (B) GGE Biplot “discriminação e representatividade”.

5 CONCLUSÕES

A abordagem GYT Biplot foi considerada eficiente na seleção de genótipos superiores de feijão-caupi baseada em caracteres agronômicos, nutricionais e qualidade tecnológica, sob condições de sequeiro, no semiárido piauiense.

As linhagens MNC11-1013E-35, MNC11-1013E-15e MNC11-1052E-3 foram as melhores em combinar simultaneamente produtividade de grãos com os componentes de produção, qualidade nutricional e tecnológica.

Por meio da abordagem GYT Biplot, as linhagens MNC11-1019E-12 e MNC11-1013E-33 apresentaram alta estabilidade para os caracteres PROD*NDF, PROD*COMPV, PROD*NGV, PROD*P100G, PROD*IG, PROD*TFe, PROD*TZn e PROD*TProt, exceto PROD*QC

A análise GGE Biplot, mostrou que as linhagens MNC11-1019E-8, MNC11-1019E-46 e MNC11-1034E-2, e as cultivares BRS Marataoã e BRS Pajeú reúnem adaptabilidade e estabilidade para os teores de ferro, zinco e proteínas, e qualidade de cozimento dos grãos, respectivamente, nos ambientes do semiárido piauiense avaliados.

REFERÊNCIAS

- ABREU, H. K. A.; 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.
- ACOMPANHAMENTO DA SAFRA BRASILEIRA DE GRÃOS (CONAB). **Acompanhamento da safra brasileira de grãos**, v. 7, n. 3 (2018/19). Brasília: CONAB, 2019. p. 64.
- ACOMPANHAMENTO DA SAFRA BRASILEIRA DE GRÃOS (CONAB). **Acompanhamento da safra brasileira de grãos**. 2016. Disponível em: http://www.conab.gov.br/OlalaCMS/uploads/arquivos/16_08_09_12_08_19_boletim_graos_agosto_2016.pdf. Acesso em: 26 ago. 2019.
- ADEGOKE, B. H.; MOJISOLA, A.; RA, A.; OLUSOLA, A.; OLUWASEYI, A. I.; IBUKUN, A. O.; ADEPOLAPO, B. A. Effects of cooking conditions on the texture profile, sensory and proximate qualities pressure cooked cowpea. **Acta Scientific Nutritional Health**, v. 3, n. 5, p. 151-167, 2019.
- ADU, M. O.; ASARE, P. A.; YAWSON, D. O.; DZIDZIENYO, D. K.; NYADANU, D.; ASARE-BEDIAKO, E.; AFUTU, E.; TACHIE-MENSON, J. W.; AMOAH, M. N. Identifying key contributing root system traits to genetic diversity in field-grown cowpea (*Vigna unguiculata* L. Walp.) genotypes. **Field Crops Research**, v. 232, n.1, p. 106-118, 2019.
- ALLARD, R. W.; BRADSHAW, A. D. Implications of genotype-environmental interactions in applied plant breeding. **Crop Science**, v. 4, n. 5, p. 503-508, 1964.
- ALIYU, O. M.; LAWAL, O. O.; WAHAB, A. A.; IBRAHIM, U. Y. Evaluation of advanced breeding lines of cowpea (*Vigna unguiculata* L. Walp.) for high seed yield under farmers' field conditions. **Plant Breeding and Biotechnology**, v. 7, n. 1, p. 12-23, 2019.
- ALMEIDA, W. S.; FERNANDES, F. R. B.; TEÓFILO, E. M.; BERTINI, C. H. C. M. Adaptability and stability of grain yield in cowpea under different biometrics. **Revista Brasileira de Agrociência**, v. 18, n. 1, p. 221-228, 2012.
- ANDRADE JÚNIOR, A. S.; SANTOS, A. A.; SOBRINHO, C. A.; BASTOS, E. A.; MELO, F. B.; VIANA, F. M. P.; SILVA, P. H. S.; RIBEIRO, V. Q.; FREIRE-FILHO, F. R.; CARNEIRO, J. S.; ROCHA, M. M.; CARDOSO, M. J. **Cultivo de feijão-caupi (*Vigna unguiculata* (L.) Walp.)**. Teresina: Embrapa Meio-norte, 2002.108p.
- ASSOCIATION OFFICIAL ANALYTICAL CHEMISTS (AOAC). **Official methods of analysis**. Washington, 2005.
- ARAÚJO, M. S. **Seleção simultânea para múltiplos caracteres, adaptabilidade e estabilidade de linhagens de feijão-caupi no semiárido piauiense**. 2020. 98 f. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento) – Universidade Federal do

Piauí, 2020.

ARAÚJO, K. C. **Avaliação de linhagens melhoradas de feijão-caupi (*Vigna unguiculata* L. Walp.) na região noroeste fluminense para estudo de valor de cultivo e uso.** 2019. 114 f. Tese (Doutorado em Produção Vegetal) - Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro Campos dos Goytacazes, 2019.

AYENI, D. F.; IKWEBE, J.; ONYEZILI, F. N. Iron and zinc levels in *Vigna unguiculata* (L.) Walp. under varying phosphorus and fixed nitrogen treatment conditions. **Food and Energy Security**, v. 7, e00141, 2018.

BAILEY, R. L.; WEST, J. R. K. P.; BLACK, R. E. The epidemiology of global micronutrient deficiencies. **Annals of Nutrition and Metabolism**, v. 66, n. 2, p. 22–33, 2015.

BARBOSA, M. V.; SOUSA, E. M. L. Biologia floral, ecologia da polinização e eficiência na produção de sementes de feijão macassar (*Vigna unguiculata* (L.) Walp.) em sistemas agrícolas. **Gaia Scientia**, v. 10, n. 4, p. 272-283, 2016.

BARROS, E. K. C. **Caracterização e divergência genética entre genótipos de feijão-caupi com base nos teores de proteínas, ferro e zinco e na qualidade de cocção.** 2019. 80 f. Dissertação (Mestrado em Alimentos e Nutrição) - Universidade Federal do Piauí, Teresina, 2019.

BARROS, E. K. C.; ROCHA, M. M. R.; DAMASCENO-SILVA, K. J. **Qualidade de cozimento em diferentes classes/subclasses comerciais de feijão-caupi.** In: CONGRESSO NACIONAL DE FEIJÃO-CAUPI, 5., 2019, Fortaleza. Sustentabilidade e inovações tecnológicas para o feijão-caupi: desafios e perspectivas: anais. Fortaleza: Universidade Federal do Ceará: Embrapa Meio-Norte, 2019.

BARROS, M. A. **Seleção de genótipos de feijão-caupi para adaptabilidade e estabilidade produtiva na região Meio-Norte do Brasil.** 2012. 84 f. Dissertação (Mestrado em Agronomia). Universidade Federal do Piauí, Teresina, 2012.

BERNAL, E. F.; VILLARDON, G. **Interactive GGE Biplots in R.** Disponível em: <https://cran.r-project.org/web/packages/GGEBiplotGUI/GGEBiplotGUI.pdf>. Acessado em: 18 mar. 2020.

BERTINI, C. H. C. M.; ALMEIDA, W. S.; SILVA, A. P. M.; WÊNDNEY, J.; TEÓFILO, E. M. Análise multivariada e índice de seleção na identificação de genótipos superiores de feijão-caupi. **Acta Scientiarum Agronomy**, v. 32, n. 4, p. 613-619, 2010.

BEZERRA, A. A. C. **Variabilidade e diversidade genética em caupi (*Vigna unguiculata* (L.) Walp.) precoce, de crescimento determinado e porte ereto e semi-ereto.** 1997. 105 f. Dissertação (Mestrado) - Universidade Federal Rural de Pernambuco, Recife, 1997.

BEZERRA, A. A. C.; ANUNCIAÇÃO FILHO, C. J.; FREIRE-FILHO, F. R.; RIBEIRO, V. Q. Interrelação entre caracteres de caupi de porte ereto e crescimento determinado. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 36, n. 1, p. 137-142, 2001.

BHUTTA, Z. A.; SALAM, R. A.; DAS, J. K. Meeting the challenges of micronutrient malnutrition in the developing world. **British Medical Bulletin**, v. 106, n. 1, p. 7-17, 2013.

BLACK, R. E.; VICTORA, C. G.; WALKER, S. P.; BHUTTA, Z. A.; CHRISTIAN, P.; ONIS, M.; EZZATI, M.; GRANTHAM-MCGREGOR, S., KATZ, J.; MARTORELL, R.; UAUY, R. Maternal and child undernutrition and overweight in low-income and middle-income countries. **The Lancet**, v. 382, n. 9890, p. 427-451, 2013.

BOUIS, H. E.; SALTZMAN, A. Improving nutrition through biofortification: A review of evidence from HarvestPlus, 2003 through 2016. **Global Food Security**, v. 12, n. 1, p. 49-58, 2017.

BOUKAR O.; BELKO N.; CHAMARTHI S.; TOGOLA A.; BATIENO J.; OWUSU E.; HARUNA, M.; DIALLO, S.; UMAR, M. U.; OLUFAJO, O.; FATOKUN, C. Cowpea (*Vigna unguiculata*): genetics, genomics and breeding. **Plant Breeding**, v. 1, n. 1, p. 1–10, 2018.

BOUKAR, O.; FATOKUN, C. A.; HUYNH, BAO-LAM, ROBERTS, P. A.; CLOSE, T. J. Genomic tools in cowpea breeding programs: status and perspectives. **Frontiers in Plant Science**, v. 7, n. 757, p. 1-13, 2016.

BOURNE, M. C. **Food Texture and Viscosity: Concept and Measurement**. New York: Academic Press Inc, 1982.

BRASIL. Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento (MAPA). Instrução Normativa nº 12 de 28 mar. 2008. **Diário Oficial da República Federativa do Brasil**, Brasília, DF, 31 mar. 2008. Seção 1, 11-14 p.

CAMASCHELLA C. Iron-deficiency anemia. **New England Journal of Medicine**, v. 372, n. 19, p.1832–1843, 2015.

CARVALHO, M.; MATOS, M.; CASTRO, I.; MONTEIRO, E.; ROSA, E.; LINO-NETO, T.; CARNIDE, V. Screening of worldwide cowpea collection to drought tolerant at a germination stage. **Scientia Horticulturae**, v. 247, n. 1, p. 107-115, 2019.

CARVALHO, M.; BEBELI, P. J.; PEREIRA, G.; CASGRO, I.; EGEA-GILABERT, C.; MATOS, M.; LAZARIDI, E.; DUARTE, I.; LINO-NETO, T.; NTATSI, G.; RODRIGUES, M.; SAVVAS, D.; ROSA, E.; CARNIDE, V. European cowpea landraces for a more sustainable agriculture system and novel foods. **Journal of the Science of Food and Agriculture**, v. 97, n. 1, p. 4399-4407, 2017a.

CARVALHO, B. L.; RAMALHO, M. A. P.; VIEIRA JUNIOR, I. C.; ABREU, A. F. B. New strategy for evaluating grain cooking quality of progenies in dry bean breeding programs. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 17, p. 115-123, 2017b.

CARVALHO, A. F. U.; SOUSA, M. N.; FARIAS, D. F.; ROCHA-BEZERRA, L. C. B.; SILVA, R. M. P.; VIANA, M. P.; GOUVEIA, S. T.; SAMPAIO, S. S.; SOUSA, M. B.;

LIMA, G. P. G.; MORAIS, S.; M.; BARROS, C. C.; FREIRE-FILHO, F. R. Nutritional ranking of 30 Brazilian genotypes of cowpeas including determination of antioxidant capacity and vitamins. **Journal of Food Composition and Analysis**, v. 26, n. 1, p. 81-88, 2012a.

CARVALHO, J. L. V.; NUTTI, M. R. Biofortificação de produtos agrícolas para nutrição humana. In: REUNIÃO ANUAL DA SBPC, 64., 2012, São Luís. Ciência, cultura e saberes tradicionais para enfrentar a pobreza: **anais...** São Luís: SBPC: UFMA, 2012b.

CABRAL, P. D. S.; SOARES, T. C. B.; LIMA, A. B. P.; SOARES, Y. J. B.; SILVA, J. A. Análise de trilha do rendimento de grãos de feijoeiro (*Phaseolus vulgaris* L.) e seus componentes. **Revista Ciência Agronômica**, v. 42, n. 1, p. 132-138, 2011.

CHATTOPADHYAY, A.; RANA, N. P.; SETH, T.; DAS, S.; CHATTERJEE, S.; DUTTA, S. Identification of selection indices and choosing of parents for vegetable cowpea (*Vigna unguiculata* cv-gr. *Sesquipedalis*) breeding programme. **Agricultural Research Communication Centre**, v. 37, n. 1, p. 19-25, 2014.

CRIELAARD, B. J.; LAMMERS, T.; RIVELLA, S. Targeting iron metabolism in drug discovery and delivery. **Nature Reviews Drug Discovery**, v. 16, n. 6, p. 400-423, 2017.

CRUZ, C. D. GENES - a software package for analysis in experimental statistics and quantitative genetics. **Acta Scientiarum**, v. 35, n. 3, p.271-276, 2013.

CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. 4. ed. Viçosa: Editora UFV, 2012. 390p.

CRUZ, F. J. R.; ALMEIDA, H. J.; SANTOS, D. M. M. Growth, nutritional status and nitrogen metabolism in *Vigna unguiculata* (L.) Walp. is affected by aluminum. **Australian Journal of Crop Science**, v. 8, n. 1, p.1132-1139, 2014.

DDAMULIRA, G.; SANTOS, C. A. F.; OBUO, P.; ALANYO, M.; LWANGA, C. K. Grain yield and protein content of Brazilian cowpea genotypes under diverse Ugandan environments. **American Journal of Plant Science**, v. 6, n. 1, p. 2074-2084, 2015.

DOMÍNGUEZ-PERLES, R.; VALDEMAR, C.; GUILHERMINA, M.; ISAURA, D. E. C.; MANUELA, D. E. M.; MÁRCIA, C.; EDUARDO, R. Relevance, constraints and perspectives of cowpea crops in the Mediterranean Basin. **Journal International Legume Society**, v. 10, n. 1, p. 40-42, 2015.

DUMBLE, S.; BERNAL, E. F.; VILLARDON, P. G. **GGE Biplots with 'ggplot2'**. Disponível em: <https://cran.r-project.org/web/packages/GGEBiplots/GGEBiplots.pdf>. . Acessado em 18 mar. 2020.

EBERHART, S.T.; RUSSELL, W. Stability parameters for comparing varieties 1. **Crop Science**, v. 6, n. 1, p. 36-40, 1966.

EHLERS, J. D.; HALL, A. E. Cowpea (*Vigna unguiculata* L. Walp.). **Field Crops**

Research, v. 53, n. 1, p.187-204, 1997.

FOOD AND AGRICULTURE ORGANIZATION OF THE UNITED NATIONS (FAO). **The State of Food Security and Nutrition in the World 2019**. Rome: FAO, 2019.

FOOD AND AGRICULTURE ORGANIZATION OF THE UNITED NATIONS (FAOSTAT). **Crops**. 2020. Disponível em: <http://www.fao.org/faostat/en/#data/QC/visualize>. Acesso em: 11 abr. 2020.

FOOD AND AGRICULTURE ORGANIZATION OF THE UNITED NATIONS (FAOSTAT). **Production. Crops**. 2018. Disponível em: <http://faostat.fao.org/download/Q/QC/E>. Acesso em: 04 dez. 2019.

FATOKUN, C. A.; BOUKAR, O.; MURANAKA, S. Evaluation of cowpea [*Vigna unguiculata* (L.) Walp.] germplasm lines for tolerance to drought. **Plant Genetic Resources**, v. 10, n. 1, p. 171-176, 2012.

FIDELIS, C. M. F.; OSÓRIO, M. M. Consumo alimentar de macro e micronutrientes de crianças menores de 5 anos no Estado de Pernambuco, Brasil. **Revista Brasileira de Saúde Materno Infantil**, v. 7, n. 1, p. 63-74, 2007.

FORNI-MARTINS, E. R. Citogenética de *Vigna unguiculata* (L.) Walp. In: ARAÚJO, J. P. P.; WATT, E. E. (org.). **O caupi no Brasil**. Brasília, DF: Embrapa – CNPAF; Ibadan: IITA, 1988. 141-157 p.

FREIRE-FILHO, F.R.; RIBEIRO, V. Q.; RODRIGUES, J. E. L. F.; VIEIRA, P. F.M. J. A Cultura: Aspectos Socioeconômicos; In: Vale, J. C.; BERTINI, C.; BORÉM, A. (eds). **Feijão-Caupi do plantio à colheira**. Viçosa, MG: UFV, 2017. 9-34 p.

FREIRE-FILHO, F. R. **Feijão-caupi no Brasil**: produção, melhoramento genético, avanços e desafios. Teresina: Embrapa Meio- Norte, 2011. 84p.

FREIRE-FILHO, F. R.; ROCHA, M. M.; RIBEIRO, V. Q.; SITOLLIN, I. M. Avanços e perspectivas para a cultura do feijão-caupi. In: ALBUQUERQUE, A.C.S.; SILVA, A.G. da (ed.). **Agricultura tropical**: quatro décadas de inovações tecnológicas, institucionais e políticas. Brasília: Embrapa Informação Tecnológica, 2008. 285-250 p.

FREIRE-FILHO, F. R.; LIMA, J. A. A.; RIBEIRO, V. Q. **Feijão-caupi**: avanços tecnológicos. Brasília: Embrapa Informação Tecnológica, 2005. 519p.

FREIRE-FILHO, F. R.; RIBEIRO, V. Q.; ROCHA, M. M.; LOPES, A. C. A. Adaptabilidade e estabilidade da produtividade de grãos de genótipos de caupi enramador de tegumento mulato. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 38, n. 5, p. 591- 598, 2003.

FREIRE-FILHO, F. R.; RIBEIRO, V. Q.; ROCHA, M. M.; LOPES, A. C. A. Adaptabilidade e estabilidade da produtividade de grãos de linhagens de caupi de porte enramador. **Revista Ceres**, v. 49, n. 234, p. 383-393, 2002.

FREIRE-FILHO, F. R. Origem, evolução e domesticação do caupi. In: ARAÚJO, J. P. P.; WATT, E. E. (org.). **O caupi no Brasil**. Brasília, DF: IITA: EMBRAPA, 1988. p.27-46.

FREIRE-FILHO, F. R.; CARDOSO, M. J.; ARAÚJO, A. G. Caupi: nomenclatura científica e nomes vulgares. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 18, n. 12, p. 1369-1372, 1983.

FUJIMORI, E.; SATO, A. P. S.; SZARFARC, S. C.; VEIGA, G. V.; OLIVEIRA, V. A.; COLLI, C.; MOREIRA-ARAÚJO, R. S. R. Anemia in Brazilian pregnant women before and after flour fortification with iron. **Revista de Saúde Pública**, v. 45, n. 6, p. 1-9, 2011.

GABRIEL, K. R. The biplot graphic display of matrices with application to principal component analysis. **Biometrika**, v. 58, n. 3, p. 453-467, 1971.

GALETTI, V. **Zinc deficiency and stunting**. In: PREEDY, V.; PATEL, V. (eds) Handbook of famine, starvation, and Nutrient deprivation. Cham: Springer, 2018.

GERRANO, A. S.; RENSBURG, W. S. J. V.; KUTU, F. R. Agronomic evaluation and identification of potential cowpea (*Vigna unguiculata* L. Walp.) genotypes in South Africa. **Acta Agriculturae Scandinavica, Section B - Soil & Plant Science**, v. 1, n. 1, p. 1-9, 2019.

GOMES, G. R.; FURLAN, F. F.; FREIRIA, G. H.; GONCALVES, L. S. A.; TAKAHASHI, L. S. A. Production components and yield of bushing snap bean in conventional and organic production systems. **Semina. Ciências agrárias**, v. 38, n. 1, p. 3353-3362, 2017.

GONDWE, T. M.; ALAMU, E. O.; MDZINISO, P.; MAZIYA-DIXON, B. Cowpea (*Vigna unguiculata* (L.) Walp.) for food security: an evaluation of end-user traits of improved varieties in Swaziland. **Scientific Reports**, v. 9, n. 1, p. 1-6, 2019.

GRUNGREIFF, K.; REINHOLD, D.; WEDEMEYER, H. The role of zinc in liver cirrhosis. **Annals of Hepatology**, v. 15, n. 1, p. 7-16, 2016.

HAMBRIDGE, M. Human zinc deficiency. **The Journal of Nutrition**, v. 130, n. 1, p.1344-1349, 2000.

HARTLEY, H. O. The use of range in analysis of variance. **Biometrika**, v. 37, n. 1, p. 271-280, 1950.

HAZEL, L. N. The genetic basis for constructing selection indexes. **Genetics**, v. 28, n. 1, p. 476-490, 1943.

HOHENBERGER, J.; RAY, K.; MEYER, K. The biology and chemistry of high-valent iron-oxo and iron-nitrido complexes. **Nature Communications**, v. 3, n. 720, p. 1-13, 2012.

HONGYU, K.; SILVA, F. L.; OLIVEIRA, A. C. S.; SARTI, D. A.; ARAÚJO, L. B.; DIAS, C. T. S. Comparação entre os modelos AMMI e GGE Biplot para os dados de ensaios multi-ambientais. **Revista Brasileira de Biometria**, v. 33, n. 2, p. 139-155, 2015.

HORN, L.; SHIMELIS, H.; SARSU, F.; MWADZINGENI, L.; LANG, M. D. Genotype-by-environment interaction for grain yield among novel cowpea (*Vigna unguiculata* L.) selections derived by gamma irradiation. **The Crop Journal**, v. 6, p. 306-313, 2018.

HUYNH, B. L.; CLOSE, T. J.; ROBERTS, P. A.; HU, Z.; WANAMAKER, S.; LUCAS, M. R. CHIULELE, R.; CISSE, N.; DAVID, A.; HEARNE, S.; FATOKUN, C. A.; DIOP, N. N.; EHLERS, J. D. Gene pools and the genetic architecture of domesticated cowpea. **The Plant Genome**, v. 6, n. 1, p. 1-8, 2013.

IQBAL, A.; KHALIL, T. A.; ATEEQ, N.; KHAN, M. S. **Nutritional quality of importante food legumes**. Food: Chemistry 97, 2006.

ITTAH, M. A.; ARUA, C. L. Evaluation of cowpea root system and yield traits in humid tropical agro-ecology. **African Journal of Agricultural Research**, v. 12, n. 20, p. 1684-1688, 2017.

KARAPANOS, I.; PAPANDREOU, A.; SKOULOUDI, M. COWPEA FRESH PODS - a new legume for the market: assessment of their quality and dietary characteristics of 37 cowpea accessions grown in southern Europe. **Journal of the Science of Food and Agriculture**, v. 97, n. 13, p. 4343-4352, 2017.

KARIMIZADEH, R.; MOHAMMADI, M.; SABAGHNI, N.; MAHMOODI, A. A.; ROUSTAMI, B.; SEYYEDI, F.; AKBARI, F. GGE biplot analysis of yield stability in multi-environment trials of lentil genotypes under rainfed condition. **Notulae Scientia Biologicae**, v. 5, n. 1, p. 256-262, 2013.

KOOP, A. H.; MOUSA, O. Y.; PHAM, L. Y.E.; CORRAL-HURTADO, J. E.; PUGPAPONG, S.; KEAVENY, A. P. An argument for vitamin D, A, and Zinc monitoring in cirrhosis. **Annals of Hepatology**, v. 17, n. 6, p. 920-932, 2018.

KUGBLENU, Y. O.; KUMAGA, F. K.; OFORI, K.; ADUGYAMFI, J. J. Evaluation of cowpea genotypes for phosphorus use efficiency. **Journal of Agricultural and Crop Research**, v. 2, n. 1, p. 202-210, 2014.

LAZARIDI, E.; NTATSI, G.; FERNÁNDEZ, J. A.; KARAPANOS, I.; CARNIDE, V. P.; SAVVAS, D.; BEBELI, P. J. Phenotypic diversity and evaluation of fresh pods of Southern European cowpea (*Vigna unguiculata* (L.) Walp.) landraces. **Journal of the Science of Food and Agriculture**, v. 97, n. 1, p. 4265-4655, 2017.

LONERGAN, Z. R.; SKAAR, E. P. Nutrient zinc at the host-pathogen interface. **Trends in Biochemical Sciences**, v. 1, n. 1, p. 1-16, 2019.

LEVANTAMENTO SISTEMÁTICO DA PRODUÇÃO AGRÍCOLA (LSPA). **Área e produção de cereais, leguminosas e oleaginosas**. Rio de Janeiro: IBGE, 2019. Disponível em: <https://www.ibge.gov.br/estatisticas/sociais/populacao/9201->

levantamento-sistematico-da-producao-agricola.html?edicao=23748&t=resultados.
Acessado em: 29 jan. 2020.

MAMIRO, P. S.; MBWAGA, A. M.; MAMIRO, D. P.; MWANRI, A. W.; KINABO, J. L. Nutritional quality and utilization of local and improved cowpea varieties in some regions in Tanzania. **African Journal of Food, Agriculture and Development**, v. 11, n. 1, p. 4490-4506, 2011.

MARECHAL, R. MASCHERPA, J. M.; STAINER, F. **Etude taxonomique d'un groupe complexe d'espèces des genres *Phaseolus* et *Vigna* (*Papilionaceae*) sur la base de données morphologiques et polliniques, traitées par l'analyse informatique**. Genève: Conservatoire et jardin botaniques, 1978.

MARET, W.; SANDSTEAD, H.H. Zinc requirements and risks and benefits of zinc supplementation. **Journal of Trace Elements in Medicine and Biology**, v. 20, n. 1, p. 3-18, 2006.

MARQUES, M. F.; MARQUES, M. M.; XAVIER, E. R.; GREGÓRIO, E. L. Fortificação de alimentos: uma alternativa para suprir as necessidades de micronutrientes no mundo contemporâneo. **HU Revista**, v. 38, n. 1, p. 29-36, 2012.

MATTSON, S. The cookability of yellow peas: a colloid-chemical and biochemical study. **Acta Agriculturae Suecana**, v. 2, n. 1, p. 185-190, 1946.

MAZIERO, S. M.; RIBEIRO, N. D.; STORCK, L. Simultaneous selection in beans for architecture, grain yield and minerals concentration. **Euphytica**, v. 205, n. 1, p. 369-380, 2015.

MILMAN, N. Postpartum anemia I: definition, prevalence, causes and consequences. **Annals of Hematology**, v. 90, n. 11, p. 1247-1253, 2011.

MOHAMMAD, R. Genotype by yield*trait Biplot for genotype evaluation and trait profiles in durum wheat. **Cereal Research Communications**, v. 47, n. 3, p. 541-551, 2019.

MOHAMMED, M.; JAISWAL, S. K.; DAKORA, F. D. Distribution and correlation between phylogeny and functional traits of cowpea (*Vigna unguiculata* L. Walp.)-nodulating microsymbionts from Ghana and South Africa. **Scientific Reports**, v. 8, n. 18006, p. 1-19, 2018.

MOREIRA, A. S.; SILVA, R. A. A. Anemia ferropriva em portadores de anemia falciforme: a importância de se avaliar o estado nutricional de ferro. **Revista de Ciências Médicas e Biológicas**, v. 13, n. 2, p. 236-2341, 2014.

MULAMBA, N. N.; MOCK, J. J. Improvement of yield potential of the Eto Blanco maize (*Zea mays* L.) population by breeding for plant traits. **Egyptian Journal of Genetics and Cytology**, v. 7, p. 40-57, 1978.

NASCIMENTO, S.; BASTOS, E. A.; ARAÚJO, E. C. E.; FREIRE FILHO, F. R.; SILVA,

E. M. Tolerância ao déficit hídrico em genótipos de feijão-caupi. **Revista Brasileira de Engenharia Agrícola e Ambiental**, v. 15, n. 8, p. 853-860, 2011.

NG, N. Q. Cowpea *Vigna unguiculata* (Leguminosea Papilionoidae), In: SMARTT J.; SIMMONDS N. (eds.). **Evolution of crop plants**. London: Longman, 1995. p. 326-332.

NUTTI, M. R.; ROCHA, M. M.; WATANABE, E.; CARVALHO, J. L. V.; FREIRE FILHO, F. R.; SILVA, K. J. D. Biofortificação de feijão-caupi no Brasil. In: CONGRESSO NACIONAL DE FEIJÃO-CAUPI, 2., 2009, Belém, PA. Da agricultura de subsistência ao agronegócio: **anais**. Belém, PA: Embrapa Amazônia Oriental, 2009. p. 26-38.

OJWANG, L.; YANG, L.; DYKES, L.; AWIKA, J. Proanthocyanidin profile of cowpea (*Vigna unguiculata*) reveals catechin-O-glucoside as the dominant compound. **Food Chemistry**, v. 139, n. 1, p. 35-43, 2013.

OLAPADE, A. A.; OKAFOR, G. I.; OZUMBA, A. U.; OLATUNJI, O. Characterisation of common Nigerian cowpeas (*Vigna unguiculata* L. Walp.) varieties. **Journal of Food Engineering**, v. 55, n. 1, p. 101-105, 2002.

OLIVEIRA, T. R. A.; GRAVINA, G. A.; ROCHA, M. M.; NETO, F. A.; CRUZ, D. P.; OLIVEIRA, G. H. F.; SANT'ANNA, C. Q. S. S.; JAEGGI, M. E. P. C.; ROCHA, R. S. GT *biplot* analysis: a new approach for cowpea line selection. **Journal of Experimental Agriculture International**, v. 41, n. 5, p. 1-9, 2019.

OLIVEIRA, T. R. A.; GRAVINA, G. A.; OLIVEIRA, G. H. F.; ARAÚJO, K. C.; ARAÚJO, L. C.; DAHER, R. F.; VIVAS, M.; GRAVINA, L. M.; CRUZ, D. P. The GT *biplot* analysis of green bean traits. **Ciência Rural**, v. 48, n. 6, p. 1-6, 2018.

OLIVEIRA, D. S. V.; FRANCO, L. J. D.; MENEZES-JUNIOR, J. A. N.; DAMASCENO-SILVA, K. J.; ROCHA, M. M. R.; DAMASCENO-SILVA, K. J.; NEVES, A. C.; SOUSA, F. M. Adaptability and stability of the zinc density in cowpea genotypes through GGE-Biplot method. **Revista Ciência Agrônômica**, v. 48, n. 5, p. 783-791, 2017a.

OLIVEIRA, D. G.; ROCHA, M. M.; DAMASCENO-SILVA, K. J.; SÁ, F. V.; LIMA, L. R. L.; RESENDE, M. D. V. Genotypic gain with simultaneous selection of production, nutrition, and culinary traits in cowpea crosses and backcrosses using mixed models. **Genetics and Molecular Research**, v. 16, p. 1-11, 2017b.

OLIVEIRA, D. S. V. **Caracterização química, minerais, tempo de cocção e produtividade de genótipos de feijão-caupi**. 2016. 123 f. Dissertação (Mestrado em Alimentos e Nutrição) - Universidade Federal do Piauí, Teresina, 2016.

OLIVEIRA, E.; MATTAR, E.P.L.; ARAÚJO, M.L.; JESUS, J.C.S.; NAGY, A.C.G.; SANTOS, V. B. Descrição de cultivares locais de feijão-caupi coletados na microrregião Cruzeiro do Sul, Acre, Brasil. **Acta Amazonica**, v. 45, n. 3, p. 243-254, 2015.

ONYENEKWE, P. C.; NJOKU, G. C.; AMEH, D. A. Effect of cowpea (*Vigna*

unguiculata) processing methods on flatulence causing oligosaccharides. **Nutrition Research**, v. 20, n. 3, p. 349-358, 2000.

PADOVANI, R. M.; AMAYA-FARFÁNI, J.; COLUGNATIII, F. A. B.; DOMENE, S. M. A. Dietary reference intakes: aplicabilidade das tabelas em estudos nutricionais. **Revista de Nutrição**, v. 19, n. 16, p. 741-760, 2006.

PADULOSI, S.; NG, N. Q. Origin, taxonomy, and morphology of *Vigna unguiculata* (L.) Walp. In: SINGH, B.B.; MOHAN-RAJI, D. R.; DASHIEL, K. E. **Advances in cowpea research**. Nigeria: IITA, 1997.

PARAMESH, M.; REDDY, D. M.; PRIYA, M.; SHANTHI, S. P.; SUDHAKAR, P.; REDDY, K. H. P. GT biplot analysis for yield and drought related traits in mung bean (*Vigna radiata* L. Wilczek). **Electronic Journal of Plant Breeding**, v. 7, n. 3, p. 538-543, 2016.

PEREIRA, E. J.; CARVALHO, L. M.; DELLAMORA-ORTIZ, G. M.; CARDOSO, F. S.; CARVALHO, J. L. Effect of different home-cooking methods on the bioaccessibility of zinc and iron in conventionally bred cowpea (*Vigna unguiculata* L. Walp.) consumed in Brazil. **Food Nutrition Research**, v. 3, n. 1, p. 1-6, 2016.

PEREIRA, T. C.; SARON, M. L. G.; CARVALHO, W. A.; VILELA, M. M.; HOEHR, N. F.; HESSE, G. Research on zinc blood levels and nutritional status in adolescents with autoimmune hepatitis. **Arquivos de Gastroenterologia**, v. 48, n. 1, p. 62-65, 2011.

PERINA, E. F.; CARVALHO, C. R. L.; CHIORATO, A. F.; LOPES, R. L. T.; GONÇALVES, J. G. R.; CARBONELL, S. A. M. Technological quality of common bean grains obtained in different growing seasons. **Bragantia**, v. 73, n. 1, p. 14-22, 2014.

PESEK, J.; BAKER, R. J. Desired improvement in relation to selected indices. **Canadian Journal of Plant Science**, v. 49, n. 1, p. 803-804, 1969.

PIMENTEL-GOMES, F. **Curso de estatística experimental**. Piracicaba: FEALQ, 2009, 451 p.

PIMENTEL-GOMES, F.; GARCIA, C. H. **Estatística aplicada a experimentos agrônômicos e florestais**: exposição com exemplos e orientações para uso de aplicativos. Piracicaba: FEALQ, 2002. 309 p.

PINTHUS, M. J. Estimate of genotypic value: A proposed method. **Euphytica**, v. 22, n. 1, p. 121-123, 1973.

PUJOLA, M.; FARRERAS, A.; CASAÑAS, F. Protein and starch content of raw, soaked and cooked beans (*Phaseolus vulgaris* L.). **Food Chemistry**, v. 102, n. 4, p. 1034-1041, 2007.

R CORE TEAM. **R**: A language and environment for statistical computing. Vienna, Austria: R Foundation for Statistical Computing, 2019.

RAMALHO, M. A. P.; ABREU, A.F.B.; SANTOS, J.B.; NUNES, J.A.R. **Aplicações da genética quantitativa no melhoramento de plantas autógamas**. Lavras: Editora UFLA, 2012.

RAMÍREZ-CÁRDENAS L.; LEONEL, A. J.; COSTA, N. M. B. Efeito do processamento doméstico sobre o teor de nutrientes e de fatores antinutricionais de diferentes cultivares de feijão-comum. **Ciência e Tecnologia de Alimentos**, v. 28, n. 1, p. 200-213, 2008.

RAWAL, V.; NAVARRO, D. K. **The global economy of pulses**. Rome: FAO, 2019, 65p. Disponível em: <http://www.fao.org/3/i7108en/I7108EN.pdf>. Acessado em: 15 jan. 2020.

RENGEL, Z. Availability of Mn, Zn and Fe in the rhizosphere. **Journal of Soil Science and Plant Nutrition**, v. 15, n. 2, p. 397-409, 2015.

REGIS, J. A. V. B.; ANDRADE, J. A. C.; SANTOS, A.; MORAES, A.; TRINDADE, R. W. R.; HENRIQUES, H. J. R.; OLIVEIRA, L. C. Adaptability and phenotypic stability of sugarcane clones. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 53, n. 1, p. 42–52, 2018.

RIBEIRO, N. D.; JOST, E.; CERUTTI, T.; MAZIERO, S. M.; POERSCH, N. L. Composição de microminerais em cultivares de feijão e aplicações para o melhoramento genético. **Bragantia**, v. 67, n. 2, p. 267-273, 2008.

ROBERTSON, A. **Experimental design on the measurement of heritabilities and genetic correlations**: biometrical genetics. New York, US: Pergamon, 1959.

ROCHA, M. M.; DAMASCENO-SILVA, K. J.; MENEZES-JÚNIOR, J. Â. N.; CARVALHO, H. W. L.; COSTA, A. F.; LIMA, J. M. P.; SANTOS, J. F.; BERTINI, C. H. C. M.; POSSOS, A. R.; MORAIS, O. M. Yield adaptability and stability of semi-erect cowpea genotypes in the Northeast region of Brazil by REML/BLUP. **Revista Ciência Agronômica**, v. 48, n. 5spe, p. 862-871, 2017.

ROCHA, M. M.; OLIVEIRA, J. T.S.; DAMASCENO-SILVA, K. J.; FREIRE FILHO, F. R.; RIBEIRO, V. Q.; BARROS, F. R.; RODRIGUES, E. V. **Seleção de genótipos de feijão-caupi tipo comercial Canapu no semiárido piauiense**. Teresina : Embrapa Meio-Norte, 2011. 25p.

ROCHA, M. M.; DAMASCENO-SILVA, K. J.; FREIRE-FILHO, F. R.; RIBEIRO, V. R.; CARVALHO, H. W. L.; VILARINHO, A. A.; NUTTI M. R.; CARVALHO, J. L. V. **Feijão-caupi: cultivares ricas em ferro e zinco**. Teresina: Embrapa Meio-Norte, 2010.

ROCHA, M. M.; CARVALHO, K. L. M.; FREIRE FILHO, F. R.; LOPES, A. C. A.; GOMES, R. L. F. SOUSA, I. S. Controle genético do comprimento do pedúnculo em feijão-caupi. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 44, n. 3, p. 270-275, 2009.

ROCHA, M. M.; FREIRE FILHO, F. R.; DAMASCENO-SILVA, K. J.; RIBEIRO, V. Q.; BARRETO, A. L. H.; FRANCO, L. J. D.; BASSINELO, P. Z.; NUTTI, M. R.; CARVALHO, J. L. V. **Avaliação dos conteúdos de proteína, ferro e zinco em**

germoplasma elite de feijão-caupi. Teresina: Embrapa Meio-Norte, 2008. 3 p.

ROCHA, M. M.; FREIRE FILHO, F. R.; RIBEIRO, V. Q.; CARVALHO, H. W. L.; BELARMINO FILHO, J.; RAPOSO, J. A. A.; ALCÂNTARA, J. P.; RAMOS, S. R. R. Adaptabilidade e estabilidade produtiva de genótipos de feijão-caupi de porte semi-ereto na Região Nordeste do Brasil. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 42, n. 9, p. 1283-1289, 2007.

RODRIGUES, E. V.; DAMASCENO-SILVA, K. J.; ROCHA, M. M.; BASTOS, E. A.; TEODORO, P. E. Seleção de populações de feijão caupi tolerantes ao déficit hídrico pelo índice de seleção. **Revista Ciência Agrônômica**, v. 48, n. 5spe, 2017.

ROOHANI, N.; HURRELL, R.; KELISHADI, R.; SCHULIN, R. Zinc and its importance for human health: an integrative review. **Journal of Research in Medical Sciences**, v. 18, n. 2, p. 144-157, 2013.

ROUAULT, T. A. Iron-sulfur proteins hiding in plain sight. **Nature Chemical Biology**, v. 11, n. 1, p. 442-445, 2015.

SAEID, A.; PATEL, A.; JASTRZEBSKA, M.; KORCZYNSKI, M. Food Biofortification. **Journal of Chemistry**, v. 2019, n. 1, p. 1-2, 2019.

SANTOS, A.; AMARAL JÚNIOR, A. T.; KUROSAWA, R. N. F.; GERHARDT, I. F. S.; FRITSCH NETO, R. GGE Biplot projection in discriminating the efficiency of popcorn lines to use nitrogen. **Ciência e Agrotecnologia**, v. 41, n. 1, p. 22-31, 2017.

SANTOS, A.; CECCON, G.; DAVIDE, L. M.C.; CORREA, A. M.; ALVES, V. A. Correlations and path analysis of yield components in cowpea. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 14, n. 1, p. 82-87, 2014.

SANTOS, A.; CECCON, G.; RODRIGUES, E. V.; TEODORO, P. E.; CORREA, A. M.; TORRES, F. E.; ALVAREZ, R. C. F. Selection of cowpea genotypes for Mato Grosso do Sul via GGE Biplot e regressão linear. **Bioscience Journal**, v. 33, n. 3, p. 631-638, 2017.

SANTOS, A.; CECCON, G.; TEODORO, P. E.; CORREA, A. M.; ALVAREZ, R. C. F.; SILVA, J. F.; ALVES, V. B. Adaptability and stability of erect cowpea genotypes via REML/BLUP and GGE Biplot. **Bragantia**, v. 75, p. 299-306, 2016.

SANTOS, C. A. F.; BOITEUX, L. S. Breeding biofortified cowpea lines for semi-arid tropical areas by combining higher seed protein and mineral levels. **Genetics and Molecular Research**, v. 12, n. 1, p. 6782-6789, 2013.

SANTOS, I. G.; CRUZ, C. D.; NASCIMENTO, M.; ROSADO, R. D. S.; FERREIRA, R. P. Direct, indirect and simultaneous selection as strategies for alfalfa breeding on forage yield and nutritive value. **Pesquisa Agropecuária Tropical**, v. 48, n. 2, p. 178-189, 2018.

SARRUGE, J. R. S.; HAAG, H. P. **Análises químicas em plantas.** Piracicaba: USP-

ESALQ, 1974.

SCOTT, A.; KNOTT, M. Cluster-analysis method for grouping means in analysis of variance. **Biometrics**, v. 30, n. 3, p. 507-512, 1974.

SEBETHA, E. T.; MODI, A. T.; OWOEYE, L. G. Cowpea crude protein as affected by cropping system, site and nitrogen fertilization. **Journal of Agricultural Science**, v. 7, n. 1, p. 224-234, 2014.

SILVA, J. D. L.; SILVA, K. J. D.; ROCHA, M. M.; MENEZES JUNIOR, J. A.; RIBEIRO, V. Q. Selection for the development of black eye cowpea lines. **Revista Caatinga**, v. 31, n. 1, p. 72-79, 2018a.

SILVA, M. B. O. ; CARVALHO, A. J.; BATISTA, P. S. C. B.; SANTOS JÚNIOR, P. V. S.; OLIVEIRA, S. M. Desempenho agronômico de genótipos de feijão-caupi. **Revista de Ciências Agrárias**, v. 41, n. 4, p. 1-8, 2018b.

SILVA, D. O. M.; SANTOS, C. A. F. Adaptability and stability parameters of iron and zinc concentrations and grain yield in cowpea lines in the Brazilian Semiarid region. **Crop Science**, v. 57, n. 1, p. 2922- 2931, 2017.

SILVA, D. O. M.; SANTOS, C. A. F.; SEIDO, S. L.; COELHO, W. C. P. AQUINO, D. A. L. Retention of proteins and minerals after cooking in cowpea genotypes. **Pesquisa Agropecuária Tropical**, v. 47, n. 3, p. 353-359, 2017.

SILVA, G. C.; MAGALHÃES, SOBREIRA, A. C.; SCHMITZ, R.; SILVA, L. C. Rendimento de grãos secos e componentes de produção de genótipos de feijão-caupi em cultivo irrigado e de sequeiro. **Revista Agro@ambiente On-line**, v. 10, n. 4, p. 342-350, 2016.

SILVA, D. O. M.; SANTOS, C. A. F.; BOITEUX, L. S. Adaptability and stability parameters of total seed yield and protein content in cowpea (*Vigna unguiculata*) genotypes subjected to semi-arid conditions. **Australian Journal of Crop Science**, v. 10, n. 5, p. 2106-2118, 2016.

SILVA, A. C.; MORAIS, O. M.; SANTOS, J. L.; D'AREDE, L. O.; SILVA, C. J.; ROCHA, M. M. Estimativa de parâmetros genéticos em *Vigna unguiculata*. **Revista de Ciências Agrárias**, v. 37, n. 4, p. 399-407, 2014.

SILVA, J. A. L.; NEVES, J. A. Produção de feijão-caupi semi-prostrado em cultivos de sequeiro e irrigado. **Revista Brasileira de Ciências Agrárias**, v. 6, n. 1, p. 29-36, 2011.

SILVA, M. P.; AMARAL JÚNIOR, A. T.; RODRIGUES, R.; DAHER, R. F.; LEAL, N. R.; SCHUELTER, A. R. Análise dialéctica da capacidade combinatória em feijão-de-vagem. **Horticultura Brasileira**, v. 22, n. 2, p. 277-280, 2004.

SILVA, D. J.; QUEIROZ, A. **Análise de alimentos: métodos químicos e biológicos**. 3. ed. Viçosa: Editora UFV, 2002.

SMARTT, J. **Grain Legumes: evolution and genetic resources**. Cambridge: Cambridge University Press, 1990.

SMITH, H. F. A discriminant function for plant selection. **Annals of Eugenics**, v. 7, n. 1, p. 240-250, 1936.

SOARES, I. O.; BRUZI, A. T.; ZAMBIAZZI, E. V.; GUILHERME, S. R.; BIANCHI, M. C.; SILVA, K. B.; FRONZA, V.; TEIXEIRA, C. M. Stability and adaptability of soybean cultivars in Minas Gerais. **Genetics and Molecular Research**, v. 16, 2017.

SOUSA, C. C.; DAMASCENO-SILVA, K. J.; BASTOS, E. A.; ROCHA, M. M. Selection of cowpea progenies with enhanced drought-tolerance traits using principal component analysis. **Genetics and Molecular Research**, v. 14, n. 4, p. 15981-15987, 2015.

SOUSA, M. B.; DAMASCENO-SILVA, K. J.; MENEZES-JÚNIOR, J. A. N.; LIMA, L. E. L. Genotype by environment interaction in cowpea lines using GG biplot method. **Revista Caatinga**, v. 31, n. 1, p. 64-71, 2018.

SPRIGGS, A.; HENDERSON, S.; HAND, M.; JOHNSON, S.; TAYLOR, J.; KOLTUNOW, A. Assembled genomic and tissue-specific transcriptomic data resources for two genetically distinct lines of cowpea (*Vigna unguiculata* (L.) Walp.). **Gates Open Research**, v. 2, n. 7, p. 1-14, 2018.

STEELE, W. M.; MEHRA, K. L. Structure, evolution and adaptation to farming systems and environment in *Vigna*. In: SUMMERFIELD, R. J.; BUNTING, A.H. eds. **Advances in Legume Science**. England: Royal Botanic Gardens, 1980. 459-68 p.

STEVENS, G. A.; FINUCANE, M. M.; DE-REGIL, L. M.; PACIOREK, C. J.; FLAXMAN, S. R.; BRANCA, F.; PEÑA-ROSAS, J. P.; BHUTTA, Z. A.; EZZATI, M. Global, regional, and national trends in haemoglobin concentration and prevalence of total and severe anaemia in children and pregnant and non-pregnant women for 1995–2011: a systematic analysis of population-representative data. **The Lancet Glob Health**, v. 1, n. 1, p.16-25, 2013.

TEIXEIRA, N. J. P.; MACHADO, C. F.; FREIRE FILHO, F. R.; ROCHA, M. M.; GOMES, R. L. F. Produção, componentes de produção e suas inter-relações em genótipos de feijão-caupi [*Vigna unguiculata* (L.) Walp.] de porte ereto. **Revista ceres**, v. 54, n. 314, p. 374-382, 2007.

TEÓFILO, E. M.; MAMEDE, F. B. F.; SOMBRA, N. S. Comunicação: Hibridação natural em feijão-caupi (*Vigna unguiculata* (L.) Walp. – Fabaceae). **Ciência e Agrotecnologia**, v. 23, n. 4, p.1010-1011, 1999.

TORRES, F. E.; SAGRILO, E.; TEODORO, P. E.; RIBEIRO, L. P.; CARGNELUTTI FILHO, A. Número de repetições para avaliação de caracteres em genótipos de feijão-caupi. **Bragantia**, v. 74, n. 2, p. 161-168, 2015b.

TORRES, F. E.; TEODORO, P. E.; SAGRILO, E.; CECCON, G.; CORREA, A. M.

Interação genótipo x ambiente em genótipos de feijão-caupi semiprostrado via modelos mistos. **Bragantia**, v. 74, n. 3, p. 255-260, 2015a.

TORRES, F.E.; TEODORO, P. E.; RODRIGUES, E. V.; SANTOS, A.; CORRÊA, A. M.; CECCON, G. Simultaneous selection for cowpea (*Vigna unguiculata* L.) genotypes with adaptability and yield stability using mixed models. **Genetics and Molecular Research**, v. 15, n. 2, p. 1-11, 2016.

VATANASUCHART, N.; NIYOMWIT, B.; WONGKRAJANG, K.; RESISTANT. Starch contents and the *in vitro* starch digestibility of thai starchy foods. **Kasetsart Journal - Natural Science**, v. 43, n. 1, p. 178-186, 2010.

VERDCOURT, B. Studies in the leguminosae: papilionoideae for the Flora of tropical East Africa. **KewBulletin**, v. 24, n. 3, p. 507-569, 1970.

WELCH, R. M. The impact of mineral nutrients in food crops on global human health. **Plant and Soil**, v. 247, n. 1, p. 83-90, 2002.

WENG, Y.; SHI, A.; RAVELOMBOLA, W. S.; YANG, W.; QIN, J.; MOTES, D.; MOSELEY, D. O.; CHEN, P. A rapid method for measuring seed protein content in cowpea (*Vigna unguiculata* (L.) Walp.). **American Journal of Plant Sciences**, v. 8, n. 1, p. 2387-2396, 2017.

WHO. WORLD HEALTH ORGANIZATION (WHO). **Haemoglobin concentrations for the diagnosis of anemia and assessment of severity**. Geneva: WHO, 2011. Disponível em: <https://www.who.int/vmnis/indicators/haemoglobin/en/>. Acessado em: 26 ago. 2019.

WORLD HEALTH ORGANIZATION (OMS). **National strategies for prevention and control of micronutrient malnutrition**. Geneva, 1992.

WHO. WORLD HEALTH ORGANIZATION. **The nutrition challenge and food system solutions**. 2018. Disponível em: <https://apps.who.int/iris/bitstream/handle/10665/277440/WHO-NMH-NHD-18.10-eng.pdf?ua=1>. Acessado em: 23 ago. 2019.

WILLIAMS, J. S. The evaluation of a selection index. **Biometrics**, v. 18, n. 1, p. 375-393, 1962.

WICKHAM, H.; CHANG, W.; HENRY, L.; PEDERSEN, T. L.; TAKAHASHI, K.; WILKE, C.; WOO, K.; YUTANI, H.; DUNNINGTON, D. **Create Elegant Data Visualisations Using the Grammar of Graphics**. Disponível em: <https://cran.r-project.org/web/packages/ggplot2/ggplot2.pdf>. Acessado em: 18 mar. 2020.

WRIGHT, K.; LAFFONT, J. L. **Genotype Plus Genotype-by-Environment Biplots**. Disponível em: <https://cran.r-project.org/web/packages/gge/gge.pdf>. Acessado em: 18 mar. 2020.

XAVIER, G. R.; MARTINS, L. M. V.; RUMJANEK, N. G.; FREIRE FILHO, F. R.

Variabilidade genética em acessos de caupi analisada por meio de marcadores RAPD. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 40, n. 4, p. 353-359, 2005.

XAVIER, T. F.; ARAÚJO, A. S. F.; SANTOS, V. B.; CAMPOS, F. L. Ontogenia da nodulação em dois cultivares de feijão-caupi. **Ciência Rural**, v. 37, n. 2, p. 561-564, 2007.

XIONG, H.; SHI, A.; MOU, B.; QIN, J.; MOTES, D.; LU, W.; MA1, J.; WENG, Y.; YANG, W.; WU, D. Genetic Diversity and Population Structure of Cowpea (*Vigna unguiculata* L. Walp). **PLoS ONE**, v. 11, n. 8, p.1-15, 2016.

YAN, W.; FRÉGEAU-REID, J.; MOUNTAIN, N.; KOBLE, J. Genotype and management evaluation based on genotype by yield*trait (GYT) analysis. **Crop Breed Genet Genom**, v. 1, n. e190002, p. 1-21, 2019a.

YAN, W.; TINKER, N. A.; BEKELE, W. A.; MITCHELL-FETCH, J.; FREGEAU-REID, J. Theoretical Unification and Practical Integration of Conventional Methods and Genomic Selection in Plant Breeding. **Crop Breeding, Genetics and Genomics**, v. 1, n. e190003, p. 1-31, 2019b.

YAN, W.; FRÉGEAU-REID, J. Genotype by Yield*Trait (GYT) Biplot: a novel approach for genotype selection based on multiple traits. **Scientific Reports**, v. 8, n. 8242, p. 1-10, 2018.

YAN, W. **Crop Variety Trials: Data Management and Analysis**. Chichester, West Sussex, UK: Wiley Blackwell, 2014.

YAN, W. GGE biplot vs. AMMI graphs for genotype-by-environment data analysis. **Journal of the India Society of Agricultural Statistics**, v. 65, n. 2, p. 181-193, 2011.

YAN, W.; HOLLAND, J. B. A heritability-adjusted GGE biplot for test environment evaluation. **Euphytica**, v.171, n. 3, p. 355-369, 2010.

YANG, R. C.; CROSSA, J. CORNELIUS, P. L.; BURGUEÑO, J. Biplot analysis of genotype x environment interaction: proceed with caution. **Crop Science**, v. 49, n. 1, p. 1564–1576, 2009.

YAN, W.; KANG, M. S.; MA, B.; WOODS, S.; CORNELIUS, P. L. GGE biplot vs. AMMI analysis of genotype-by-environment data. **Crop Science**, v. 47, n. 2, p. 643–653, 2007.

YAN, W.; KANG, M. S. **GGE biplot analysis: a graphical tool for breeders, geneticists, and agronomists**. Florida: Boca Raton, 2003. 286p.

YAN, W.; TINKER, N. A. Biplot analysis of multi-environment trial data: principles and applications. **Canadian Journal of Plant Science**, v. 86, n.3, p. 623–645, 2006.

YAN, W. Singular value partitioning for biplot analysis of multi-environment trial data. **Agronomy Journal**, v. 94, n. 5, p. 990-996, 2002.

YAN, W.; RAJCAN, I. Biplot analysis of test sites and trait relations of soybean in Ontario. **Crop Science**, v. 42, n. 1, p.11-20, 2002.

YAN, W. GGE biplot - A Windows application for graphical analysis of multienvironment trial data and other types of two-way data. **Agronomy Journal**, v. 93, n. 5, p.1111–1118, 2001.

ZIA-UL-HAQ, M.; AHMAD, S.; CHIAVARO, E.; MEHJABEEN.; AHMED, S. Studies of oil from cowpea (*Vigna unguiculata* (L.) Walp.) cultivars commonly grown in pakistan. **Pakistan Journal of Botany**, v. 42, n. 2, p. 1333-1341, 2010.

ZILIO, M.; COELHO, C. M. M.; SOUZA, C. A.; SANTOS, J. C. P.; MIQUELLUTI, D. J. Contribuição dos componentes de rendimento na produtividade de genótipos crioulos de feijão (*Phaseolus vulgaris* L.). **Revista Ciência Agronômica**, v. 42, n. 2, p. 429-438, 2011.