



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

**IMPLICAÇÕES DA INTERAÇÃO DE GENÓTIPOS
COM AMBIENTES NA RECOMENDAÇÃO DE
CULTIVARES DE FEIJOEIRO COMUM:
VALIDAÇÃO DE REGRAS E IMPORTÂNCIA DE
FATORES AMBIENTAIS**

MATHEUS SOUZA DE BARROS

Orientador:

Prof.^a Dr.^a Patrícia Guimarães Santos Melo

Coorientador:

Dr. Leonardo Cunha Melo

**TERMO DE CIÊNCIA E DE AUTORIZAÇÃO PARA DISPONIBILIZAR
VERSÕES ELETRÔNICAS DE TESES E DISSERTAÇÕES
NA BIBLIOTECA DIGITAL DA UFG**

Na qualidade de titular dos direitos de autor, autorizo a Universidade Federal de Goiás (UFG) a disponibilizar, gratuitamente, por meio da Biblioteca Digital de Teses e Dissertações (BDTD/UFG), regulamentada pela Resolução CEPEC nº 832/2007, sem ressarcimento dos direitos autorais, de acordo com a Lei nº 9610/98, o documento conforme permissões assinaladas abaixo, para fins de leitura, impressão e/ou *download*, a título de divulgação da produção científica brasileira, a partir desta data.

1. Identificação do material bibliográfico: Dissertação Tese

2. Identificação da Tese ou Dissertação:

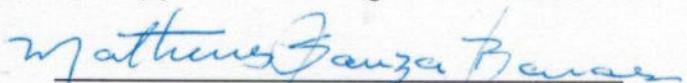
Nome completo do autor: Matheus Souza de Barros

Título do trabalho: Implicações da interação de genótipos com ambientes na recomendação de cultivares de feijoeiro comum: validação de regras e importância de fatores ambientais.

3. Informações de acesso ao documento:

Concorda com a liberação total do documento SIM NÃO¹

Havendo concordância com a disponibilização eletrônica, torna-se imprescindível o envio do(s) arquivo(s) em formato digital PDF da tese ou dissertação.



Assinatura do (a) autor (a)²

Ciente e de acordo:



Assinatura do (a) orientador (a)²

Data: 20/12/2019

¹ Neste caso o documento será embargado por até um ano a partir da data de defesa. A extensão deste prazo suscita justificativa junto à coordenação do curso. Os dados do documento não serão disponibilizados durante o período de embargo.

Casos de embargo:

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

² A assinatura deve ser escaneada.

MATHEUS SOUZA DE BARROS

**IMPLICAÇÕES DA INTERAÇÃO DE GENÓTIPOS COM
AMBIENTES NA RECOMENDAÇÃO DE CULTIVARES
DE FEIJOEIRO COMUM: VALIDAÇÃO DE REGRAS E
IMPORTÂNCIA DE FATORES AMBIENTAIS**

Tese apresentada ao Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento de Plantas, da Universidade Federal de Goiás, como requisito parcial para obtenção do título de Doutor em Genética e Melhoramento de Plantas.

Orientadora:

Prof.^a Dr.^a Patrícia Guimarães Santos Melo

Coorientador:

Dr. Leonardo Cunha Melo

Goiânia, GO – Brasil
2019

Ficha catalográfica

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

Souza de Barros, Matheus

Implicações da interação de genótipos com ambientes na recomendação de cultivares de feijoeiro comum [manuscrito] : validação de regras e importância de fatores ambientais / Matheus Souza de Barros. - 2019. XCIV, 94 f.

Orientador: Profa. Dra. Patrícia Guimarães Santos Melo; co orientador Dr. Leonardo Cunha Melo.

Tese (Doutorado) - Universidade Federal de Goiás, Escola de Agronomia (EA), Programa de Pós-graduação em Genética e Melhoramento de Plantas, Goiânia, 2019.

Bibliografia. Apêndice.

Inclui gráfico, tabelas, algoritmos.

1. Phaseolus vulgaris. 2. Simulação computacional. 3. componentes de variância. 4. modelos mistos. 5. interação de genótipos com ambientes. I. Guimarães Santos Melo, Patrícia, orient. II. Título.

CDU 633

"Permitida a cópia total ou parcial deste documento, desde que citada a fonte - O autor."



UNIVERSIDADE FEDERAL DE GOIÁS

ESCOLA DE AGRONOMIA

ATA DE DEFESA DE TESE

Ata Nº 1 da sessão de Defesa de Tese de **Matheus Souza de Barros** que confere o título de Doutor em **Genética e Melhoramento de Plantas**, na área de concentração em **Melhoramento de espécies cultivadas**.

Aos quatorze dias do mês de novembro de 2019, a partir das 8 horas, no Anfiteatro Roland Vencovsky da Escola de Agronomia, realizou-se a sessão pública de Defesa de Tese intitulada “**Validação das regras de recomendação de cultivares de feijoeiro comum utilizando simulações de cenários com dados reais**”. Os trabalhos foram instalados pela Orientadora, Professora Doutora **Patrícia Guimarães Santos Melo (EA/UFG)** com a participação dos demais membros da Banca Examinadora: Professora Doutora **Ângela de Fátima Barbosa Abreu (DBI/UFLA)**, membro titular externo, **cuja participação ocorreu através de videoconferência**; Doutor **Odilon Lemos de Mello Filho (Embrapa Soja)**, membro titular externo, Doutor **João Luiz da Silva Filho (Embrapa Algodão)**, membro titular externo; Doutor **Helton Pereira dos Santos (Embrapa Arroz e Feijão)**, membro titular interno; Doutor **Leonardo Cunha Melo (Embrapa Arroz e Feijão)**, coorientador. Durante a argüição os membros da banca **fizeram** sugestão de alteração do título do trabalho “**Implicações da interação de genótipos com ambientes na recomendação de cultivares de feijoeiro comum: validação de regras e importância de fatores ambientais**”. A Banca Examinadora reuniu-se em sessão secreta a fim de concluir o julgamento da Tese tendo sido o candidato **aprovado** pelos seus membros. Proclamados os resultados pela Professora Doutora **Patrícia Guimarães Santos Melo**, Presidente da Banca Examinadora, foram encerrados os trabalhos e, para constar, lavrou-se a presente ata que é assinada pelos Membros da Banca Examinadora, aos **vinte dias do mês de novembro de 2019**.

TÍTULO SUGERIDO PELA BANCA

Implicações da interação de genótipos com ambientes na recomendação de cultivares de feijoeiro comum: validação de regras e importância de fatores ambientais



Documento assinado eletronicamente por **Patrícia Guimarães Santos Melo, Professor do Magistério Superior**, em 20/11/2019, às 17:23, conforme horário oficial de Brasília, com fundamento no art. 6º, § 1º, do [Decreto nº 8.539, de 8 de outubro de 2015](#).



Documento assinado eletronicamente por **MATHEUS SOUZA DE BARROS, Discente**, em 23/11/2019, às 21:01, conforme horário oficial de Brasília, com fundamento no art. 6º, § 1º, do [Decreto nº 8.539, de 8 de outubro de 2015](#).



Documento assinado eletronicamente por **Helton Santos Pereira, Usuário Externo**, em 25/11/2019, às 07:12, conforme horário oficial de Brasília, com fundamento no art. 6º, § 1º, do [Decreto nº 8.539, de 8 de outubro de 2015](#).



Documento assinado eletronicamente por **Leonardo Cunha Melo, Usuário Externo**, em 25/11/2019, às 11:29, conforme horário oficial de Brasília, com fundamento no art. 6º, § 1º, do [Decreto nº 8.539, de 8 de outubro de 2015](#).



Documento assinado eletronicamente por **João Luís da Silva Filho, Usuário Externo**, em 26/11/2019, às 13:39, conforme horário oficial de Brasília, com fundamento no art. 6º, § 1º, do [Decreto nº 8.539, de 8 de outubro de 2015](#).



Documento assinado eletronicamente por **Ângela de Fátima Barbosa Abreu, Usuário Externo**, em 26/11/2019, às 13:52, conforme horário oficial de Brasília, com fundamento no art. 6º, § 1º, do [Decreto nº 8.539, de 8 de outubro de 2015](#).



Documento assinado eletronicamente por **Odilon Lemos de Mello Filho, Usuário Externo**, em 02/12/2019, às 10:22, conforme horário oficial de Brasília, com fundamento no art. 6º, § 1º, do [Decreto nº 8.539, de 8 de outubro de 2015](#).



A autenticidade deste documento pode ser conferida no site https://sei.ufg.br/sei/controlador_externo.php?acao=documento_conferir&id_orgao_acesso_externo=0, informando o código verificador **0991799** e o código CRC **27E4DEC1**.

Referência: Processo nº 23070.039862/2019-12

SEI nº 0991799

*A todos os **produtores rurais**, em especial aos **pequenos agricultores familiares**, que de forma heroica produz os alimentos para nossas famílias e são a força motriz do nosso país.*

Ofereço

*A minha esposa **Ana Paula Gomes Soares**, pelo companheirismo e amor e por cuidar da maior riqueza que um homem pode ter, os seus filhos.
E às minhas crianças **Sophia, Sabrina e Heitor** que enchem meu coração de alegria e esperança.*

Dedico

“A experiência não permite nunca atingir a certeza absoluta. Não devemos procurar obter mais que uma probabilidade.”

Bertrand Russell

(1872-1970)

AGRADECIMENTOS

*A **Deus**, por ter me concedido a oportunidade de desenvolver a minha carreira acadêmica.*

*A minha esposa **Ana Paula** e meus filhos **Sophia, Sabrina e Heitor** pelo amor e por estarem sempre ao meu lado, são eles a principal razão do meu esforço e dedicação.*

*Aos meus pais, **Raimundo Barros e Maria Creuza** pelo amor incondicional e exemplos de honestidade e trabalho.*

*Aos meus avós maternos **Ana Neves de Souza (in memoriam)** e **Temístocles de Souza (in memoriam)**, e paternos, **Enedina Alves de Barros (in memoriam)** e **Sebastião Barros (in memoriam)**, que deixaram um próspero legado de amor, trabalho e respeito.*

*A professora **Dra. Patrícia Guimarães Santos Melo**, pela orientação, amizade e por contribuir enormemente para a realização do meu sonho. Ao **Dr. Leonardo Cunha Melo**, pela coorientação, pelos ensinamentos e pelas palavras de incentivo.*

*Ao **Dr. Orlando Peixoto de Moraes (in memoriam)**, pelos valiosos ensinamentos e pela amizade, minha profunda admiração. E aos professores **Dr. João Batista Duarte, Dr. Lázaro José Chaves, Dr. Alexandre Siqueira Guedes Coelho, Dra. Leila Garcês de Araújo, Dr. Sérgio Tadeu Sibov, Dra. Mariana Pires Campos Telles, Dra. Rita Maria Devós Ganga, Dr. Evandro Novaes** e outros, pelo profissionalismo e por me apresentarem um mundo de possibilidades.*

*A todos os meus amigos da pós-graduação, em especial a **Odilon Peixoto de Moraes e Paulo Henrique R. Guimarães** pelo companheirismo e valiosas contribuições para a realização deste trabalho.*

*A todos os colaboradores da UFG e da Embrapa Arroz e Feijão, pelo profissionalismo, dedicação e amizade, em especial à secretária do programa de pós-graduação em genética e melhoramento de plantas, **Jéssica Almeida**.*

Obrigado!

SUMÁRIO

RESUMO GERAL	8
GENERAL ABSTRACT.....	10
1 INTRODUÇÃO GERAL	12
2 VALIDAÇÃO DAS REGRAS DE RECOMENDAÇÃO DE CULTIVARES DE FEIJOEIRO COMUM UTILIZANDO SIMULAÇÕES DE CENÁRIOS COM DADOS REAIS.	15
RESUMO.....	15
ABSTRACT	17
2.1 INTRODUÇÃO	19
2.2 MATERIAL E MÉTODOS	21
2.2.1 Material genético	21
2.2.2 Delineamento dos experimentos	21
2.2.3 Determinação de Ambientes	22
2.2.4 Simulações de cenários com quantidades diferentes de ambientes.....	22
2.2.5 Estimação da coincidência percentual.....	23
2.2.6 Análises estatísticas	24
2.2.6.1 Análise de variância individual	24
2.2.6.2 Análise de variância conjunta.....	25
2.2.6.3 Ordenamento das médias.....	26
2.2.6.4 Regressão não linear das médias	26
2.2.6.5 Critério de determinação do número mínimo de ambientes.....	27
2.3 RESULTADOS E DISCUSSÃO	29
2.3.1 Análises individuais	29
2.3.2 Cenários simulados com diferentes números de ambientes.....	30
2.3.2.1 Cenário Geral.....	30
2.3.2.2 Cenários por Região	31
2.3.2.3 Cenários por regiões e por épocas	36
2.3.2.4 Produtividade relativa dos genótipos classificados e Acurácia Seletiva	39
2.3.2.5 Componentes de variância.....	43
2.3.2.6 Cenários específicos	47
2.3.2.7 Cenários nos estados polo	48
2.3.2.8 Critério de determinação do número mínimo de ambientes.....	49
2.4 CONCLUSÕES.....	55

2.5 REFERÊNCIAS	56
3. DECOMPOSIÇÃO DA INTERAÇÃO DE GENÓTIPOS COM AMBIENTES EM FELJOEIRO COMUM PELA ABORDAGEM DE MODELO MISTO ..	59
RESUMO.....	59
ABSTRACT	60
3.1 INTRODUÇÃO	61
3.2 MATERIAL E MÉTODOS	63
3.3 RESULTADOS E DISCUSSÃO	67
3.3.1 ANÁLISE DO FATORES AMBIENTAIS VIA MODELOS MISTOS.....	67
3.3.2. ANÁLISE DE VARIÂNCIA COM DECOMPOSIÇÃO DA INTERAÇÃO GxA	71
3.3.3. DECOMPOSIÇÃO DA INTERAÇÃO EM PARTE SIMPLES E COMPLEXA	80
3.4 CONCLUSÕES.....	88
3.5 REFERÊNCIAS	89

RESUMO GERAL

BARROS, M. S. **Implicações da interação de genótipos com ambientes na recomendação de cultivares de feijoeiro comum: validação de regras e importância de fatores ambientais.** 2019. 94 f. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) - Escola de Agronomia, Universidade Federal de Goiás, Goiânia, 2019¹.

A interação de genótipos com ambientes (GxA) pode ser definida como a resposta fenotípica diferencial dos genótipos em ambientes distintos. Esse fenômeno é o principal complicador na recomendação de cultivares de adaptação ampla em feijoeiro comum e em outras culturas agrícolas. Os ensaios de valor de cultivo e uso (VCU) são exigidos para o registro de novas cultivares. Esses ensaios tem o propósito de gerar informações agrônômica acerca do desempenho das linhagens candidatas a novas cultivares nos vários ambientes de cultivo. As normas para a condução de ensaios de VCU são muito restritivas, pois exigem muitos ensaios para registro da nova cultivar. Essa etapa no processo de desenvolvimento de novas cultivares é a mais onerosa para os programas de melhoramento de feijoeiro comum por motivos logísticos e operacionais. Devido a isso, a norma foi flexibilizada desde o ano de 2010 e considera a regionalização do Brasil em regiões edafoclimáticas. Dessa forma, atualmente são aceitos dez ambientes para as regiões I (Sul) e II (Central), e seis ambientes para a região III (Nordeste). Dos quais, três ambientes são exigidos por época de semeadura, para a época na qual se pretende indicar a cultivar. As épocas são para região I “águas” e “seca”; e para região II “águas” e “inverno”. Os ensaios devem ser conduzidos por dois anos. Assim, este trabalho tem como objetivos: validar a quantidade de ambientes (ensaios de VCU) atualmente aceitos para registro de novas cultivares de feijoeiro comum, por meio de simulações computacionais com dados reais, e; avaliar os fatores ambientais para determinar sua relevância na variação fenotípica das linhagens candidatas. Para o estudo foram utilizados dados de produtividade de grãos. Os dados foram obtidos em 406 ensaios de VCU durante 17 anos do programa de melhoramento do feijoeiro comum da Embrapa Arroz e Feijão. Nesse período foram avaliadas 101 linhagens candidatas e 19 cultivares comerciais como testemunhas. Os ensaios foram distribuídos pelas três regiões edafoclimáticas que contribuem com a maior parcela da produção nacional de feijoeiro comum. Para o estudo de simulação foi construído um algoritmo para amostrar aleatoriamente os ambientes em várias combinações. As combinações representam diversos cenários, os quais variam na quantidade de ambientes. Foram realizadas 288646 simulações e os cinco genótipos melhores classificados foram comparados, quanto à coincidência, com os cinco classificados na análise conjunta completa. Essa análise utiliza todos os ambientes disponíveis em cada ciclo de VCU. Foi utilizada a modelagem não linear para ajustar as estimativas à curva assintótica para obtenção das médias ajustadas. A equação da curva foi derivada para obtenção da taxa de variação instantânea. Para o critério de determinação da quantidade mínima de ambientes utilizou-se o teorema do valor médio para estimar a taxa média de variação (Δd_M) entre cenários, em que, o valor de x para a taxa média representa a quantidade mínima de ambientes. Para o estudo dos fatores ambientais foram utilizadas duas abordagens: a modelagem por modelos mistos para estimação dos componentes de variância e; a abordagem clássica de análise de variância com decomposição da interação GxA. Além dessas análises foi realizada a decomposição da interação GxA nas partes simples e complexa. Os resultados do estudo de simulação indicaram elevada coincidência média entre os genótipos mesmo em cenários com poucos ambientes. A elevação da coincidência foi progressiva até o cenário com oito ambientes nas regiões I

¹ Orientador: Prof^a. Dr^a. Patrícia Guimarães Santos Melo. EA-UFG.

Coorientador: Dr. Leonardo Cunha Melo - Embrapa Arroz e Feijão

e II, que representa o ponto do Δd_M . No entanto, a quantidade de ambientes atualmente aceitos (dez) para essas regiões mostrou-se mais adequado. Para a região III, o Δd_M ocorreu 6,25 indicando que a quantidade mínima de ambientes para essa região é capaz de detectar os genótipos mais adaptados a essa região. Para épocas de semeadura três ambientes resultaram em estimativas superiores a 60% de coincidência média, exceto pela época de inverno (53,4%). Dessa forma, conclui-se que a quantidade de ambientes atualmente aceitos para registro de novas cultivares é capaz de indicar os genótipos superiores. A avaliação via modelo misto, da análise dos fatores ambientais, por região indicou que a interação GxLxEa é o componente de variância que contribui mais para a variância total, seguido do efeito de locais para as regiões I e II. Na região III o efeito de locais foi o mais importante dos componentes. A análise de variância dos fatores e suas decomposições parciais indicaram que na região I os efeitos isolados de épocas e locais juntamente com a interação GxL foram mais relevantes. Na região II a interação de GxE foi a mais expressiva envolvendo genótipos. Os componentes ambientais isolados variaram sua importância entre ciclos, nessa região. O efeito de locais e a interação GxL são os componentes mais expressivos na região III. A decomposição da interação foi predominantemente complexa em todos os ciclos estudados. Conclui-se, portanto, que na região II os fatores ambientais épocas, anos e locais foram os que participaram com a maior parte da variação total. A interação de GxE foi a mais expressiva entre as interações dos fatores ambientais envolvendo genótipos na região II. Na região III as principais fontes de variação para os efeitos isolados foram locais e anos, nessa ordem. Os componentes de variância indicaram que a interação de genótipos com os componentes ambientais foram mais importantes para as regiões I e II, e para região III o efeito de local foi mais relevante. O efeito de local é o componente de variância isolado que mais contribui para a variação total em todas as regiões. A interação do tipo complexa foi predominante entre os ensaios combinados em todas as regiões.

Palavras chave: *Phaseolus vulgaris*, Simulação computacional, componentes de variância, modelos mistos, interação de genótipos com ambientes.

GENERAL ABSTRACT

BARROS, M. S. **Implication of the genotype-by-environment interaction in common bean cultivar recommendation: Rules validation and importance of environmental factors.** 2019. 94 f. Thesis (Doctorate in Genetics and Plant Breeding) - Escola de Agronomia, Universidade Federal de Goiás, Goiânia, 2019².

The genotypes by environments interaction (G×A) can be defined as the differential phenotypic response of genotypes in different environments. This phenomenon is the main complicating factor in recommending broadly adapted cultivars in common bean and others crops. The value of cultivation and use (VCU) tests are required for registration of new cultivars. These tests are intended to generate agronomic information about the performance of candidate lines for new cultivars in the various cultivation environments. The rules for conducting VCU tests were very restrictive as they require many tests to register the new cultivar. This step in the development process of new cultivars is the most costly for common bean breeding programs for logistical and operational reasons. Because of this, the standard rule has been relaxed since 2010 and was considers the regionalization of Brazil in edaphoclimatic regions. Thus, ten environments are currently accepted for regions I (South) and II (Central), and six environments for Region III (Northeast). Of which three environments are required per sowing season for the season in which the cultivar is to be indicated. The sowing seasons are for region I “waters” (águas) and “drought” (seca); and for region II "waters" and "winter" (inverno). The tests must be conducted for two years. Thus, this work aims to: validate the number of environments (VCU assays) currently accepted for registration of new cultivars, through computer simulations with real data, and; to evaluate environmental factors to determine their relevance to the phenotypic variation of candidate lines. Grain yield data were used for the study. Data were obtained from 406 VCU trials during 17 years of the common bean breeding program of Embrapa Rice and Beans. During this period 101 candidate lines and 19 commercial cultivars were evaluated as control. The trials were distributed among the three edaphoclimatic regions that contribute most for of the common common bean grain production. For the simulation study an algorithm was built to randomly sample the environments in various combinations. The combinations represent several scenarios, which vary in the number of environments. 288646 simulations were performed and the five best classified genotypes were compared, by coincidence, with the five classified in the complete joint analysis. This analysis uses all available environments in each VCU cycle (two years). Nonlinear modeling was used to adjust estimates to the asymptotic curve to obtain the adjusted averages of coincidence. The curve equation was derived to obtain the instantaneous rate of change. For the criterion of determining the minimum number of environments, the mean value theorem was used to estimate the average rate of change (Δd_M) between scenarios, where the x value for the average rate represents the minimum number of environments. For the study of environmental factors two approaches were used: the modeling by mixed models to estimate the variance components and; the classical approach to analysis of variance with decomposition of

² Adviser: Prof^a. Dr^a. Patrícia Guimarães Santos Melo - EA-UFG.

Co-adviser: Dr. Leonardo Cunha Melo - Embrapa Arroz e Feijão

GxA interaction. In addition to these analyzes, the GxA interaction was decomposed into the simple and complex parts. The results of the simulation study indicated high average coincidence between genotypes even in scenarios with few environments. The elevation of the coincidence was progressive until the scenario with eight environments in regions I and II, which represents the point of Δd_M . However, the number of currently accepted environments (ten) for these regions was more appropriate. For region III, the Δd_M occurred 6.25 indicating that the minimum number of environments for this region is capable of detecting the genotypes most adapted to this region. For sowing seasons three environments resulted in estimates of over 60% of average coincidence, except for the winter season (53.4%). Thus, it is concluded that the number of environments currently accepted for registration of new cultivars is capable of indicating the superior genotypes. The mixed model evaluation of the environmental factors analysis by region indicated that the GxLxExA interaction is the component of variance that contributes most to the total variance, followed by the effect of locations for regions I and II. In region III the effect of sites was the most important of the components. The analysis of variance of the factors and their partial decompositions indicated that in region I that the isolated effects of times and places together with the GxL interaction were more relevant. In region II, GxE interaction was the most significant component involving genotypes. The isolated environmental components varied in importance between cycles in the region II. The local effect and GxL interaction are the most expressive components in region III. The decomposition of the interaction was predominantly complex in all studied cycles for all regions. It is concluded, therefore, that in region II the environmental factors sowing seasons, years and location were the ones that participated with most of the total variation. GxE was the most significant among the interactions of environmental factors involving genotypes in region II. In region III the main sources of variation for the isolated effects were location and years, in that order. The variance components indicated that the interaction of genotypes with the environmental components were more important for regions I and II, and for region III the location effect was more relevant. The location effect is the isolated variance component that most contributes to the total variation in all regions. The type of complex interaction was predominant among the combined assays in all regions.

Keywords: *Phaseolus vulgaris*, Computer simulation, variance components, mixed models, genotypes by environments interaction.

1 INTRODUÇÃO GERAL

A interação de genótipos com ambientes (GxA) refere-se à resposta fenotípica diferencial dos genótipos em ambientes distintos. Esse fenômeno reduz a associação entre o valor fenotípico e o valor genotípico, o que dificulta a seleção de genótipos amplamente adaptados (Romagosa & Fox, 2002). Dessa forma, os melhoristas precisam de análises complementares para selecionar os genótipos menos sensíveis à interação GxA e que respondam de modo mais previsível nos vários ambientes de cultivo.

A manifestação da interação GxA em culturas agrícolas pode ocorrer predominantemente de duas formas. Na forma simples, ou quantitativa, não há a inversão no ordenamento das médias dos genótipos, assim, a diferença da resposta nos ambientes ocorre pela variação da amplitude da resposta fenotípica. Na forma complexa, ou qualitativa, ocorre a inversão do ordenamento das médias de tal forma que o melhor genótipo em determinado ambiente pode ser inferior em outro.

Allard (1961) em sua reflexão sobre as causas biológicas da interação GxA, as descreve como reações e interações físico-químicas complexas iniciadas por genes e conduzidos por cadeias de eventos controlados ou modificados por outros genes e pelo ambiente. Chaves (2001) traz a discussão das possíveis causas à luz da evolução. Segundo o autor a pressão de seleção imposta a uma população suficientemente grande distribuída em uma região ambientalmente variável implicará em genótipos mais adaptados a certos ambientes em detrimento de outros. Nesse sentido, o autor destaca que nas regiões de cultivo os genótipos são distribuídos em ambientes que vão além dos limites seus genitores e que associado à seleção artificial promovem a diversidade de na maioria das culturas agrícolas.

A interação GxA é uma das principais causas da dificuldade na recomendação ampla de cultivares de feijoeiro comum. Nas situações em que a interação de genótipos com ambientes é significativa e predominantemente complexa ocorre a baixa previsibilidade do desempenho da cultivar na região de cultivo. Nesse sentido, vários estudos foram conduzidos com o objetivo de quantificar e determinar a importância da interação GxA para feijoeiro comum (Sozen et al., 2018; Barili et al., 2015; Torga et al.,

2013; Pereira et al., 2011). Diante disso, para a recomendação de cultivares de feijoeiro comum são necessários os ensaios de Valor de Cultivo e Uso (VCU) que são exigidos para registro das novas cultivares. Os requisitos mínimos para realização dos ensaios de VCU para feijoeiro comum são determinados pelo Registro Nacional de Cultivares do Ministério da Agricultura Pecuária e Abastecimento (RNC-MAPA), por meio da Instrução Normativa N° 25 de maio de 2006 (Brasil, 2006).

Os maiores complicadores na avaliação da interação GxA é a necessidade de vários ensaios em ambientes distintos, os quais apresentam custo elevado devido a logística e a operacionalização da instalação. Além desses complicadores, muitas vezes, os ensaios não apresentam precisão adequada, necessitando a instalação de um número de ensaios maior do que o necessário para garantir a quantidade mínima exigida. Dessa forma, a exigência de menos ensaios, porém, em ambientes representativos das regiões de cultivo de feijoeiro comum, permite o controle mais efetivo da precisão experimental, da coleta de dados e do acompanhamento pelos melhoristas. Nesse sentido a norma oficial é altamente restritiva, pois exige um grande número de ensaios para contemplar todas as regiões produtoras do país (Pereira et al., 2010). Assim, desde o ano de 2010 foi considerado a regionalização do Brasil em regiões edafoclimáticas produtoras de feijoeiro comum o que reduziu o número mínimo de ensaios necessários.

No melhoramento de plantas o uso de simulações pode ser empregado na detecção e validação de técnicas estatísticas, na comparação entre métodos de melhoramento, na avaliação da viabilidade de uso de seleção assistida por marcadores, entre outras possibilidades. Seu uso é justificado quando a aplicação promove resultados de forma mais rápida, com menor custo e de fácil interpretação (Ferreira, 2001).

Slafer (2003) destaca do ponto de vista fisiológico, que parte da dificuldade de compreensão plena das bases genética de caracteres contínuos é lidar com interações complexas e muitas vezes incomuns para identificar traços prospectivos associados ao desempenho superior das novas cultivares na maioria dos ambientes nas quais serão cultivadas. O autor ainda argumenta que para levar em conta a interação GxA muitos ensaios, tempo e recursos seriam necessários, e que, bons modelos de simulação são ferramentas de notável capacidade em prever o impacto das novas tecnologias em uma ampla gama de condições.

Podlich et al. (1999) para avaliar a proposta de estratégia de seleção que acomoda a interação GxA em programa de seleção recorrente em trigo propuseram um

modelo de simulação computacional. Nesse estudo foram utilizados dados da rede de ensaios realizados em vários ambientes. Nessa estratégia o valor fenotípico das linhagens estimado a partir dos ambientes amostrados é ponderado pela frequência da ocorrência dos ambientes amostrados no conjunto de ambientes alvos, que são representativos da variabilidade dos ambientes agrícolas para cultivo do trigo. A simulação foi realizada em vários ciclos de seleção recorrente em cenários que representam os tipos de interação GxA (simples ou complexa) e comparou os resultados com a seleção direta (sem ponderação). Os autores concluíram que a seleção ponderada e a seleção direta apresentam resultados semelhantes na ausência de interação e/ou quando esta é predominantemente simples. No entanto, quando a natureza da interação predominante é complexa a seleção ponderada foi mais eficiente.

O desdobramento da interação GxA permite avaliar os fatores ambientais e determinar quais foram mais relevantes para esse fenômeno. Os ambientes são agroecossistemas em locais geograficamente distintos ou flutuações anuais do clima, além das práticas agrícolas como época de semeadura. A compreensão da dinâmica desses fatores na interação GxA pode ajudar na elaboração de estratégias para a formação das redes de ensaios para avaliação mais efetiva dos genótipos em condições ambientais diversas (Elias et al., 2016).

Diante do exposto, o objetivo desse trabalho é: validar o número mínimo de ambientes atualmente praticados nos ensaios de VCU para recomendação de cultivares de feijoeiro comum e determinar os fatores ambientais que mais contribuíram para a variação fenotípica das linhagens de feijoeiro comum candidatas a novas cultivares.

2 VALIDAÇÃO DAS REGRAS DE RECOMENDAÇÃO DE CULTIVARES DE FEIJOEIRO COMUM UTILIZANDO SIMULAÇÕES DE CENÁRIOS COM DADOS REAIS.

RESUMO

O feijão é um alimento básico rico em nutrientes e de grande importância socioeconômica para o Brasil. O melhoramento genético do feijoeiro comum trabalha para ofertar constantemente cultivares mais produtivas e adaptadas às condições do ambiente. A interação de genótipo com ambiente, quando predominantemente complexa, têm sido um complicador para a recomendação de cultivares com ampla adaptação. As regras para registro de novas cultivares adotada leva em consideração a regionalização do país em regiões edafoclimáticas produtoras do feijoeiro comum. A regra determina a quantidade mínima de dez ensaios para as regiões I e II e seis para a região III, sendo no mínimo três por época de semeadura para a recomendação da cultivar para a época. O objetivo desse trabalho é validar o número de ensaios de Valor de Cultivo e Uso (VCU) utilizados para a recomendação de cultivares e analisar a interação de genótipo com ambientes por meio da decomposição dos fatores ambientais. Para o estudo foram utilizados dados de 406 ensaios conduzidos em três regiões produtoras nas épocas de semeadura das águas, seca e inverno realizados em oito ciclos de VCU de feijoeiro comum com grão tipo “carioca” durante 17 anos do programa de melhoramento genético da Embrapa Arroz e Feijão. Foram realizadas as análises de variância individual para produtividade de grãos em cada ensaio e procedeu-se com as análises conjuntas dentro de cada ciclo de VCU, região e época de semeadura. A simulação de cenários com diferentes quantidades de ambientes consiste na aplicação de um algoritmo que amostra aleatoriamente uma combinação de ambientes para a análise conjunta, obedecendo aos critérios de agrupamento, referente ao ciclo, região e época. Os cenários foram simulados para todas as possíveis combinações de ambientes quando inferiores a mil nos demais casos utilizaram-se mil simulações. As médias REML/GLS do efeito fixo genotípico foram ordenadas e os cinco melhores classificados foram comparados com os classificados na análise conjunta completa para o cálculo da coincidência percentual. Foi utilizada a modelagem não linear para ajustar as estimativas à curva assintótica para obtenção das médias ajustadas. A equação da curva foi derivada para obtenção da taxa de variação instantânea. Para o critério de determinação da quantidade mínima de ambientes utilizou-se o teorema do valor médio para estimar a taxa média de variação (Δd_M) entre cenários, cujo valor de x para a taxa média representa a quantidade mínima de ambientes. Os componentes de variância e a produtividade das linhagens classificadas relativas a cultivar testemunha (PRLC) foram estimados em todos os

cenários. As estimativas de coincidência nos cenários simulados apresentaram elevada coincidência, confirmado pela média ponderada da coincidência pela proporção das análises nos cenários principais. A elevação da coincidência foi progressiva até o cenário com oito ambientes nas regiões I e II, que representa o ponto do Δd_M . No entanto, a quantidade de ambientes atualmente aceitos (dez) para essas regiões mostrou-se mais adequado. Para a região III, o Δd_M ocorreu 6,25 indicando que a quantidade mínima de ambientes para essa região é capaz de detectar os genótipos mais adaptados. Para épocas de semeadura, três ambientes resultaram em estimativas superiores a 60% de coincidência média, exceto pela época de inverno (53,4%). Dessa forma, conclui-se que a quantidade de ambientes atualmente aceitos para registro de novas cultivares é capaz de indicar os genótipos superiores. A PRLC foi mais elevada nos cenários com menos ambientes amostrados com estabilização a partir do cenário com dez ambientes. A estimativa da acurácia seletiva foi superior acima de 90% no cenário com dez ambientes em todos os ciclos. Os componentes de variância indicaram a redução da participação da variância da interação GxA na variância total nos cenários com mais ambientes e consequentemente a elevação da coincidência média entre genótipos nesses cenários. Para as regiões I e II dez ambientes em dois anos de ensaios são capazes de indicar a maioria dos genótipos superiores para produção de grãos em feijoeiro comum. Para a região III seis ambientes em dois anos permitem indicar os melhores genótipos entre os cinco selecionados. Três ambientes por época de semeadura para a região I e II foi suficiente para a indicação das linhagens mais adaptadas para a época.

Palavras chave: *Phaseolus vulgaris*, Simulação computacional, componentes de variância, modelos mistos, interação de genótipos com ambientes.

2 VALIDATION OF THE RECOMMENDATION RULES OF COMMON BEAN CULTIVARS USING SCENARIO SIMULATIONS WITH REAL DATA.

ABSTRACT

Common bean is a staple food of great socioeconomic importance for Brazil. The genotype by environment interaction (GxE) has been a complicating factor for the recommendation of cultivars widely adapted. The rules for the registration of a new cultivars that is currently accepted take into account the regionalization of the country into edaphoclimatic regions of common bean production. These rules determine the minimum of ten assays (environments) for the regions I and II and six for the region III with at least three by sowing season for the cultivar recommendation. The aim of this work is to validate the number of assays, so called Cultivation and Use Value (VCU), used for the recommendation of cultivars and to analyze the genotype by environment interaction through the decomposition of environmental factors. For the study we used data from 406 trials conducted in three producing regions during three sowing seasons, called *águas*, *seca* and *inverno*, performed in eight cycles of VCU trials for common bean with “carioca” grain type in 17 years of the breeding program of *Embrapa Arroz e Feijão*. Individual analyzes of variance were performed for grain yield (kg ha^{-1}) in each trial and the joint analysis were performed within each VCU cycle, region and sowing season. The simulation of scenarios with different number of environments (assays) consists in the application of an algorithm that randomly samples a combination of environments for joint analysis. When less than a thousand, the scenarios were simulated for all possible combinations of environments. In the other cases, a thousand simulations were performed. The means (REML/GLS) of the genotype’s fixed effect were ordered and the top five ranked. Then they were compared with those ranked in the full combined analysis to calculate the percentage of concurrence. The concurrence estimated in the simulated scenarios presented high coincidence between the genotypes, confirmed by the weighted average of the concurrence by the ratio of the analysis in the main scenarios. The elevation of the coincidence was progressive until the scenario with eight environments in regions I and II, which represents the point of Δd_M . However, the number of currently accepted environments (ten) for these regions was more appropriate. For region III, the Δd_M occurred 6.25 indicating that the minimum number of environments for this region is capable of detecting the genotypes most adapted to this region. For sowing seasons three environments resulted in estimates of over 60% of average coincidence, except for the winter season (53.4%). Thus, it is concluded that the number of environments currently accepted for registration of new cultivars is capable of indicating the superior genotypes. PRLC was higher in scenarios with fewer environments sampled with stabilization from

the scenario with ten environments. The estimate of selective accuracy was higher close to 90% in the scenario with ten environments in all cycles. The variance components indicated the reduction of the participation of the GxA interaction in the total variance in the scenarios with more environments increase of the mean coincidence between genotypes. For regions I and II ten environments in two years of trials are able to indicate the majority of superior genotypes for common bean grain production. For region III, six environments in two years indicate the best genotypes among the five selected. Three environments per sowing season for region I and II was sufficient to indicate the most adapted lines for the season.

Keywords: *Phaseolus vulgaris*, Computational simulation, variance components, mixed models, genotype by environment interaction.

2.1 INTRODUÇÃO

O feijoeiro comum (*Phaseolus vulgaris* L.) é uma cultura de importância estratégica para a segurança alimentar da população brasileira, principalmente para a parcela menos favorecida da população. O feijoeiro é cultivado em todos os estados da federação nos mais diversos sistemas de cultivo e com diferentes níveis de tecnologia em três épocas de semeaduras distintas. Segundo dados do observatório agrícola no décimo segundo levantamento da safra brasileira de grãos 2018/2019 a produção total de feijão tipo cores foi de aproximadamente 1,9 milhões de toneladas com produtividade média de 1434 kg ha⁻¹ (CONAB, 2019).

Em vista da importância dessa cultura agrícola para o Brasil, programas de melhoramento de feijoeiro comum têm se esforçado para o desenvolvimento contínuo de novas cultivares. Os objetivos dos programas são vários, mas merece destaque a qualidade de grãos, a produtividade, a arquitetura de planta, a tolerância às condições adversas do ambiente, além de outros atributos. Entre os programas, o de melhoramento genético de feijoeiro comum da Embrapa Arroz e Feijão se destaca no cenário nacional e internacional pela diversidade de temas abordados, o que proporciona o lançamento contínuo de novas cultivares para as principais regiões produtoras em todo o Brasil (Melo et al., 2007).

O processo de desenvolvimento de cultivares envolve várias etapas, entre elas os ensaios finais para registro. Em geral, essa etapa é a mais trabalhosa e onerosa para os programas de melhoramento (Torga et al., 2013). Esses ensaios, denominados de Valor de Cultivo e Uso (VCU), devem ser conduzidos segundo as normas do Registro Nacional de Cultivares (RNC) do Ministério da Agricultura Pecuária e Abastecimento (MAPA) (Brasil, 2006). No entanto, segundo Pereira et al. (2010), para a indicação de uma nova cultivar para os estados produtores nas três épocas de semeadura são necessários 240 ensaios de VCU válidos em dois anos. Essa exigência pode limitar o lançamento de novas cultivares em alguns estados devido aos elevados custos e privar os produtores de novas tecnologias resultante do melhoramento genético. Dessa forma, essa norma por ser muito restritiva não está em uso desde o ano de 2010.

Atualmente a recomendação é baseada na regionalização do país em regiões edafoclimáticas produtoras do feijoeiro comum e estabelece como requisitos mínimos o número de dez ensaios para as regiões I (Sul) e II (Central) e seis ensaios para a região III (Nordeste), além de três ensaios por época de semeadura, conduzidos por no mínimo dois anos para a recomendação da cultivar. O número de ensaios atualmente praticado foi definido considerando os praticados em outras culturas e necessitam ser validados para garantir maior segurança na recomendação de cultivares de feijoeiro comum (informação verbal)¹.

Estudos com simulações computacionais são úteis para a criação de sistemas que imitem a realidade e assim verificar as consequências para esses sistemas quando alterações são realizadas, fornecendo assim indicativos de seus efeitos sobre os fenômenos reais (Ferreira, 2001). Em genética simulações são aplicadas em estudos de genética de populações para compreensão da dinâmica populacional (Epperson et al., 2010); Em estudos de interação de genótipos com ambientes (Lima et al., 2014); e em programas de seleção recorrente assistida por marcadores (Muleta et al., 2019).

Deste modo, este trabalho tem como objetivo validar o número de ambientes atualmente aceitos para registro de cultivares de feijoeiro comum, por meio de simulações computacionais, utilizando dados de produtividade de grãos obtidos em 17 anos de ensaios de VCU do programa de melhoramento genético de feijoeiro comum da Embrapa Arroz e Feijão.

¹ Informação fornecida pelo pesquisador da Embrapa Arroz e Feijão, Dr. Leonardo Cunha Melo, em junho de 2019.

2.2 MATERIAL E MÉTODOS

2.2.1 Material genético

Em 17 anos foram avaliadas 101 linhagens candidatas a novas cultivares e 19 cultivares como testemunhas (Apêndice A) em 411 ensaios. O período avaliado compreende oito ciclos de ensaios de Valor de Cultivo e Uso (VCU) da Embrapa Arroz e Feijão. As linhagens selecionadas nos ensaios intermediários são avaliadas nos ensaios finais (VCU) por dois anos e nas três épocas de semeadura (águas, seca e inverno). Os dados utilizados no presente trabalho representam sete ciclos bienais e um ciclo trienal (2013/2014/2015) e são referentes ao caráter produtividade de grãos ($\text{kg}\cdot\text{ha}^{-1}$) de feijoeiro comum do grupo comercial carioca proveniente da rede de ensaios finais. Os experimentos foram conduzidos em três regiões de recomendação de cultivares (Pereira et al., 2010). As quais são:

- Região I - Centro-Sul que compreende os estados de Mato Grosso do Sul, São Paulo, Paraná, Santa Catarina e Rio Grande do Sul;
- Região II - Central é composta pelos estados de Rio de Janeiro, Minas Gerais, Espírito Santo, Goiás, Mato Grosso, Tocantins, Bahia, Maranhão e pelo Distrito Federal;
- Região III - -Nordeste abrange os estados de Sergipe, Alagoas, Pernambuco, Rio Grande do Norte, Paraíba, Ceará e Piauí.

As três regiões são responsáveis por 97,8% da produção de feijoeiro comum, em que a região I (RI) contribui com 51,8%; a região II (RII) com 40,3% e a região III (RIII) com 5,7% da produção nacional.

2.2.2 Delineamento dos experimentos

Os experimentos foram instalados segundo as normas estabelecidas pelo Ministério da Agricultura Pecuária e Abastecimento para os ensaios de VCU de feijoeiro comum, conforme a Portaria nº 294. A regra estabelece ensaios em delineamento em blocos casualizados, com três repetições e parcelas de quatro linhas de quatro metros de comprimento (Brasil, 2006). Os tratos culturais empregados foram realizados obedecendo às práticas empregadas na condução de lavouras comerciais. As adubações seguiram as

recomendações baseadas nos resultados das análises de solo de cada área experimental e o controle de pragas e irrigação foi realizada quando necessário.

2.2.3 Determinação de Ambientes

A determinação da variável ambiente foi realizada pelo agrupamento das variáveis explicativas: épocas, anos e locais. Assim, cada experimento foi caracterizado como um ambiente distinto da seguinte forma: épocas dentro de locais dentro de anos. Portanto, houve experimentos realizados no mesmo ano e no mesmo local, porém, em épocas diferentes, o que caracteriza dois ambientes distintos.

2.2.4 Simulações de cenários com quantidades diferentes de ambientes

Foram realizadas análises conjuntas, por meio de um modelo linear de efeitos mistos, considerando vários cenários em que cada um representa quantidades diferentes de ambientes na análise conjunta para a seleção das melhores linhagens. Para a amostragem dos ambientes participantes dos cenários simulados procedeu-se todas as possíveis combinações dos ambientes disponíveis em cada ciclo, região e época. O número de possíveis combinações é dado por: $n!/p!(n-p)!$, em que n é o número total de ambientes disponíveis e p o número de ambientes amostrados por cenário, sendo $p = (2, 3, 4, \dots, n - 1)$. Para valores de p cujas possíveis combinações foram inferiores a 1000 todas as análises foram realizadas. Nos demais casos o algoritmo de simulação (Apêndice B) amostrava, sobre a matriz de combinações, uma única combinação com reposição para cada iteração que se repetiu 1000 vezes para cada cenário. As seguintes estimativas foram coletadas e armazenadas: 1) Quadrado médio da fonte de variação genótipo (efeito fixo); 2) variância da fonte de variação ambiente (σ_A^2); 3) variância da interação de genótipo com ambientes (σ_{GA}^2); 4) variância residual (σ^2); 5) os cinco genótipos classificados nas primeiras posições no ordenamento das médias de produtividade de grãos (kg ha^{-1}) e; 6) a produtividade das cinco linhagens classificadas relativo à produtividade da cultivar testemunha presente em todos os experimentos (Pérola).

Foram realizadas 288.646 análises conjuntas simulando vários cenários. A Região I (Sul) esteve presente em sete dos oito ciclos de VCU analisados totalizando 157 ambientes em toda a série. No período 2001/2002 os ensaios foram realizados apenas na Região II (Central), em que 17 ensaios foram instalados no biênio. Essa região foi a melhor representada com 165 ambientes totais em todos os ciclos estudados. A Região III

(Nordeste) contou com 84 ambientes, com o mínimo de seis, nos ciclos 2003/2004 e 2016/2017, e o máximo de 19 ambientes em 2009/2010. Para cada região dentro de cada ciclo específico foi realizada a análise conjunta completa (ACC) com todos os ambientes disponíveis. Assim, todos os genótipos classificados como os mais produtivos nos cenários simulados são relativos aos cinco genótipos classificados na ACC, obedecendo às restrições de ciclo e região e épocas. Na Tabela 1 está listado o número total de ambientes por ciclo de VCU e por região, além da quantidade total de ensaios e o número de simulações realizadas em cada ciclo.

Tabela 1. Quantidade de ambientes presentes em cada ciclo de VCU e região. Número de cenários simulados em cada região e totais de ambientes e simulações.

Período	Nº. Ambientes			Total	Nº simulações			Total
	RI ¹	RII ²	RIII ³		RI	RII	RIII	
2001/2002	0	17	0	17	0	11650	0	11650
2003/2004	20	21	6	47	15401	16442	57	31900
2005/2006	16	15	10	41	10377	9136	1013	20526
2007/2008	31	19	13	63	26962	14300	6172	47434
2009/2010	21	16	19	56	16442	10377	14300	41119
2011/2012	17	15	17	49	11650	9136	11650	32436
2013/2014/2015	27	25	13	65	22730	20626	6172	49528
2016/2017	25	37	6	68	20626	33370	57	54053
Total	157	165	84	406	124188	125037	39421	288646

1-Região I (RI) -Centro-Sul –UF: MS, SP, PR, SC, RS.

2-Região II (RII) – Central – UF: RJ, MG, ES, GO, MT, TO, BA, MA, DF.

3-Região III (RIII) – Nordeste- UF: SE, AL, PE, RN, PB, CE e PI.

2.2.5 Estimação da coincidência percentual

Os cinco genótipos classificados em cada análise conjunta simulada foi comparado com os cinco genótipos classificados na análise conjunta completa global, com todos os ambientes disponíveis dentro de cada ciclo de VCU. Para as condições simuladas dentro de região e época, a comparação foi realizada com a análise conjunta completa obedecendo às mesmas condições. A Tabela 2 exemplifica a saída do algoritmo de simulação para o cenário com 25 ambientes disponíveis (n) e as simulações com os ambientes combinados dez a dez ($n-15$). É importante destacar que as análises simuladas

com dez ambientes, no exemplo, não são os mesmos ambientes, e sim, combinações de dez a dez dos 25 ambientes disponíveis. Na coluna média da Tabela 2 está listada a média da coincidência dos genótipos para todo o cenário, por isso os valores nessa coluna são iguais, exceto para a ACC com 25 ambientes.

Tabela 2. Exemplo da análise de coincidência dos genótipos classificados nas análises simuladas. Cenários (C) com números de ambientes diferentes amostrados para a análise conjunta, Genótipos classificados na análise, Ciclo de VCU, Região edafoclimática em que foram realizados os ensaios, época de semeadura, coincidência percentual relativa à análise conjunta completa e média estimada. Em negrito estão genótipos coincidentes.

C	Genótipos classificados					Ciclo VCU	Região	Época	Coincidência (%)	Média (%)
	1°	2°	3°	4°	5°					
10	19	14	20	12	9	2007/2008	II	Inverno	100	63,33
10	12	9	14	5	20	2007/2008	II	Inverno	80	63,33
10	15	5	12	11	7	2007/2008	II	Inverno	20	63,33
10	20	11	14	16	19	2007/2008	II	Inverno	60	63,33
10	14	16	5	12	7	2007/2008	II	Inverno	40	63,33
10	20	12	9	11	14	2007/2008	II	Inverno	80	63,33
25 ¹	19	12	9	14	20	2007/2008	II	Inverno	100	100,00

¹ Quantidade total de ambientes disponíveis no ciclo de VCU.

2.2.6 Análises estatísticas

2.2.6.1 Análise de variância individual

Inicialmente os dados dos experimentos de campo foram submetidos à análise de variância individual considerando apenas os efeitos principais com o propósito de verificação dos pressupostos inerentes à análise de variância conjunta. Foi utilizado o seguinte modelo linear de efeitos fixos:

$$y_{ij} = \mu + G_i + B_j + e_{ij}$$

Em que:

y_{ij} : é a observação do genótipo i , realizada no bloco j ;

μ : é uma constante que dada às restrições representa a média geral do experimento;

G_i : é o efeito do genótipo i ; com $i = (1, 2, 3, \dots, g)$;

B_j : é o efeito do bloco j , com $j = (1, 2, 3)$;

e_{ij} : é o erro associado a ij -ésima parcela, assumindo independente e uniformemente distribuídos, sob $N \cap (0, \sigma^2)$.

A avaliação dos pressupostos foi realizada por meio da análise gráfica dos resíduos, em que foram analisados os seguintes gráficos: a) resíduos versus valores ajustados, para verificar a homogeneidade das variâncias; b) resíduos padronizados versus os quantis teóricos, para diagnóstico da normalidade dos resíduos; c) raiz quadrada dos resíduos padronizados versus valores ajustados, que indica se há independência dos erros; e d) resíduos padronizados versus *leverage*, para avaliar a ocorrência de valores *outliers* (Crawley, 2012).

As análises individuais dos 411 experimentos disponíveis indicaram que 406 atenderam aos critérios de inclusão dos resultados na avaliação de VCU. São estabelecidos como critérios de inclusão, experimentos que apresentam teste *F* significativo para tratamentos genéticos (genótipos) e/ou coeficiente de variação (C.V.) menor ou igual a 25% (Brasil, 2006). As médias dos genótipos nos 406 experimentos foram comparadas pelo teste *Scott-knott* com 5% de probabilidade e os cinco genótipos classificados como mais produtivos, independente da existência de diferença significativa entre as médias, foram comparados com os genótipos classificados na análise conjunta completa (ACC).

2.2.6.2 Análise de variância conjunta

Os experimentos foram submetidos à análise conjunta completa (ACC) dentro de cada região em cada ciclo com todos os ambientes disponíveis e simulando diferentes números de ambientes combinados em vários cenários. Foi utilizado um modelo linear de efeitos mistos em que o efeito dos tratamentos (genótipos) foi tomado como fixo, e o efeito de ambiente e suas interações como aleatório, conforme apresentado por Cruz et al. (2012).

$$y_{ijk} = \mu + (B/A)_{jk} G_i + A_j + GA_{ij} + e_{ijk}$$

Em que:

y_{ijk} : é a observação do genótipo i no ambiente j no bloco k ;

μ : é uma constante que dada às restrições representa a média geral do experimento;

$(B/A)_{jk}$: é o efeito do bloco k dentro do ambiente j ; com $k = (1, 2, 3)$, tomado como aleatório sob $N \cap (0, \sigma_B^2)$;

G_i : é o efeito do genótipo i ; com $i = (1, 2, 3, \dots, I)$, em que I representa o número de tratamentos avaliados em cada ciclo de VCU.

A_j : é o efeito do ambiente j , com $j = (1, 2, 3, \dots, J)$; em que J representa o número de ambientes em região dentro do ciclo, tomado como aleatório sob $N \cap (0, \sigma_A^2)$;

GA_{ij} : é o efeito da interação genótipo por ambiente, tomado como aleatório sob $N \cap (0, \sigma_{GA}^2)$;

e_{ijk} : é o erro associado a ijk -ésima parcela, assumindo independência e uniformidade da distribuição, sob $N \cap (0, \sigma^2)$.

2.2.6.3 Ordenamento das médias

A partir do pressuposto de tratamentos genéticos de efeitos fixos e ambiente e a interação desses componentes aleatórios, no modelo misto, foram obtidas as predições eBLUP (*empirical best linear unbiased predictor*) para os componentes aleatórios do modelo. A obtenção das médias de tratamentos foi realizada pelo procedimento REML/GLS (máxima verossimilhança residual/quadrados mínimos generalizados) (Resende, 2004). As médias foram ordenadas de forma decrescente para a seleção dos cinco genótipos classificados como mais produtivos. Todas as análises foram realizadas na plataforma R (R Core Team, 2015), com o auxílio do pacote estatístico “lme4” para análises de modelos mistos (Bates et al., 2014) e do pacote “ggplot2” (Wickham, 2016) para confecção dos gráficos.

2.2.6.4 Regressão não linear das médias

A evolução do percentual de coincidência em função dos cenários (número de ambientes nas análises conjuntas simuladas) foi ajustada por meio da regressão não linear. Para isso foi utilizado o seguinte modelo de Michaelis-Menten (Bates & Watts, 1988):

$$f(x(a, b)) = \frac{bx}{a + x}$$

Em que: $f(x(a, b))$ representa a coincidência média estimada; b e a são parâmetros do modelo e x representa o número de ambientes nos cenários simulados. A significância dos parâmetros do modelo (b e a) foi determinada pelo teste t de *Student*. Esse modelo é aplicado em cinética enzimática, mas também é utilizado para outras aplicações.

No contexto das simulações o b representa o V_m (velocidade máxima da reação enzimática) que indica o máximo de coincidência (100%) e; o a representa o K_m (Concentração do substrato em $\frac{1}{2}V_m$). Ainda nesse contexto o número de ambientes (x) em cada cenário representa a concentração do substrato $[S]$, ou seja, a coincidência média está para o cenário, assim como a velocidade de reação da enzima está para a concentração do substrato.

2.2.6.5 Critério de determinação do número mínimo de ambientes

O número mínimo adequado de ambientes para realização de ensaios de VCU por região foi determinado pela taxa de variação instantânea entre cenários (ΔC) estimado pela derivada da equação de Michaelis-Menten (Euler & Blanton, 2000):

$$y = \frac{bx}{a+x}$$

$$\left[\frac{f(x)}{g(x)} \right] = \frac{f(x)'g(x) - f(x)g(x)'}{[g(x)]^2} \rightarrow y' = \frac{ba}{(a+x)^2} = \Delta C$$

Em que: ΔC representa a variação instantânea da coincidência ajustada entre cenários, a e b indicam os coeficientes do modelo de Michaelis-Menten.

Para a determinação do ponto médio do ΔC foi utilizado o teorema do valor médio de derivadas (Teorema de Lagrange) (Euler & Blanton, 2000). Este ponto é estimado pela segunda derivada do modelo assintótico. Esse teorema permite a interpretação geométrica do ΔC , por meio do paralelismo da tangente do ponto de variação médio com a secante que une as extremidades da curva da taxa. Para isso foi utilizado a segunda derivada (Δd) do modelo:

$$y' = \frac{ba}{(a+x)^2} = \Delta C \rightarrow y'' = -\frac{ba(2(a+x))}{(a+x)^4} = \Delta d$$

E o teorema do valor médio de derivadas:

$$\Delta d_M = \frac{f(x_2) - f(x_1)}{x_2 - x_1}$$

Para possuir sentido geométrico a função da primeira derivada $f(x)$ precisa estar fechada nos pontos 1 e 2. Portanto, x_2 representa o cenário final, com máximo de ambientes disponíveis por região e; x_1 o cenário inicial com dois ambientes. O valor Δd_M representa o ponto da segunda derivada que indica a variação média da primeira. O número

de ambientes (x) que resulta no Δd_M representa a quantidade de ambientes mínima para os ensaios de VCU.

Nas regiões I e II para a representatividade de épocas dentro do número mínimo de ambientes determinados foi utilizado o critério de coincidência mínima de 60%. Além desse critério foi avaliada a frequência do melhor genótipo entre os cinco melhores classificados.

2.2.6.6 Componentes de variância

Para estimar os componentes de variância foi utilizado o modelo linear e efeitos mistos da análise conjunta. Para otimizar o algoritmo de simulação foi realizado o teste LRT (*likelihood ratio test*), entre o modelo completo e versões reduzidas, assim o modelo misto para análise conjunta utilizado para a estimação dos componentes, em sua forma matricial é dado por:

$$y = Xg + Za + Wga + e$$

Em que: g , a , ga e e correspondem, respectivamente, aos vetores de dados de efeito fixo de genótipos, ao efeito aleatório de ambiente, ao efeito aleatório da interação de genótipos por ambientes e ao efeito dos erros aleatórios, X , Z e W são as matrizes de incidência para g , a e ga , respectivamente. As estruturas e distribuição das médias e variância, assim como as equações do modelo misto e os estimadores iterativos REML, via EM são semelhantes aos utilizados por Torres et al. (2015) e Barros et al. (2018), adaptado para acomodar o efeito o fixo de genótipo.

2.3 RESULTADOS E DISCUSSÃO

2.3.1 Análises individuais

A comparação entre o grupo de cinco genótipos classificados como os mais produtivos nas análises individuais, dos 406 experimentos, com o grupo classificado na análise conjunta completa (ACC) apresentou elevada coincidência (Figura 1). Do total das análises nas regiões I e II em cada época, mais de 50% apresentaram no mínimo 60% de coincidência entre genótipos o que representa três entre as cinco melhores linhagens. Na região III 47,6% das análises individuais apresentaram coincidência elevada. Esse fato indica que, mesmo considerando um único ambiente na análise, os genótipos superiores se expressam entre os melhores na maioria dos ambientes.

Os cinco melhores genótipos apresentaram médias estatisticamente semelhantes na maioria dos ambientes. O teste Scott-Knott ($\alpha=0,05$) não detectou diferenças significativas, entre as médias de produtividade de grãos dos cinco melhores, em 76% das análises. As médias desse caráter diferiram em dois e três níveis em 20% e 4% do total das análises, respectivamente. Dessa forma, alteração na ordem dos cinco melhores genótipos não resulta estatisticamente em diferenças na maioria das análises.

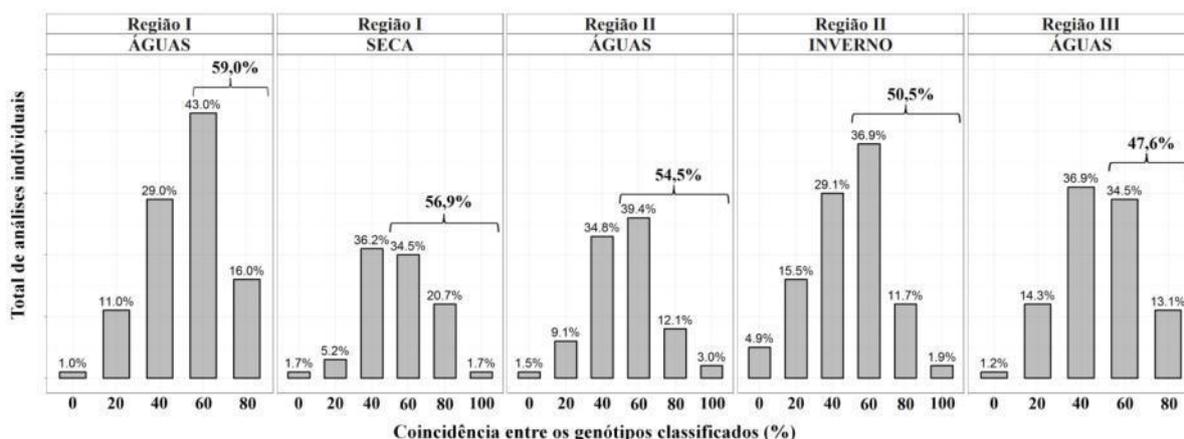


Figura 1. Porcentagem do total de análises individuais por percentual de coincidência entre os cinco genótipos classificados na análise conjunta por região e época.

2.3.2 Cenários simulados com diferentes números de ambientes

2.3.2.1 Cenário Geral

O cenário geral avalia o percentual de coincidência entre os cenários simulados e a análise conjunta completa independentemente da região e época. Essa avaliação se propõe a investigar a coincidência média dos genótipos classificados na simulação com os genótipos classificados como superiores em todas as regiões.

Para a recomendação de cultivares de feijoeiro comum a regra atualmente utilizada determina o mínimo de dez ensaios (ambientes) para as regiões I e II. Na avaliação geral 96% das análises simuladas para o cenário com dez ambientes apresentaram no mínimo 60% dos genótipos coincidentes e média de 76,2% de coincidência (Tabela 3). Para o cenário com 15 ambientes foram 97% das análises com estimativas de coincidência entre 60 e 100%, resultando em 84,2% de coincidência média para esse cenário. Os cenários com mais de 15 ambientes não apresentaram acréscimo significativo da coincidência média. Na comparação entre os dois cenários, com dez e quinze ambientes, houve o acréscimo de apenas oito pontos percentuais (pp) na coincidência média entre cenários com o aumento de 50% no número de ambientes. Dessa forma, as evidências indicam que dez ambientes para regiões I e II foi o cenário mais adequado para selecionar os genótipos mais promissores para essas regiões. Para a região III são aceitos atualmente seis ambientes para registro de novos cultivares de feijoeiro comum. Nesse cenário, 86% das simulações apresentaram no mínimo 60% de coincidência com os genótipos classificados como superiores na análise geral. Os três genótipos coincidentes são provavelmente os mais estáveis.

Tabela 3. Quantidade de ambientes presentes nos cenários simulados (p) e proporção das análises coincidentes com os cinco genótipos classificados na análise conjunta completa. Total de simulações (T.S.) e média da porcentagem de coincidência ponderada pela proporção das análises (\bar{X}_p).

p	Genótipos coincidentes						T.S.	\bar{X}_p
	0%	20%	40%	60%	80%	100%		
5	0,00	0,03	0,16	0,40	0,37	0,05	19264	66,3%
6	0,00	0,02	0,12	0,38	0,42	0,06	19212	67,8%
10	0,00	0,00	0,04	0,26	0,55	0,15	17573	76,2%
15	0,00	0,00	0,02	0,09	0,54	0,34	10442	84,2%
20	0,00	0,00	0,02	0,09	0,52	0,36	5043	84,6%
25	0,00	0,00	0,01	0,13	0,49	0,38	2353	84,8%
30	0,00	0,00	0,01	0,17	0,56	0,26	1031	81,4%

2.3.2.2 Cenários por Região

A região I (Centro-sul) contou com 31 ambientes no ciclo 2007/2008 e essa foi a maior quantidade disponível por ciclo de VCU nessa região. Os cenários simulados com os ambientes combinados 30 a 30 (31 análises) resultaram em 100% de coincidência, ou seja, a remoção de qualquer ambiente nesse ciclo não alteraria os genótipos classificados. O cenário com dez ambientes promoveu a coincidência média de 77,5% na seleção entre genótipos (Tabela 4). Com 15 ambientes por ciclo resultou em 86,7% de coincidência média, 9,2 pp a mais que no cenário com dez ambientes. O aumento na coincidência média para o cenário com 20 ambientes comparados com o cenário anterior (15) foi de apenas 2,6 pontos, enquanto o aumento no número de ambientes entre cenários foi de 33%. Nos demais cenários o aumento da coincidência média não foi muito expressivo, no entanto, a proporção das análises com 100% de coincidência elevaram-se de modo mais acentuado. Porém, deve-se destacar que o número de simulações para os cenários com mais ambientes foi menor, decorrente do número inferior de possíveis combinações.

Tabela 4. Quantidade de ambientes presentes nos cenários simulados (p) e proporção das análises coincidentes com os cinco genótipos classificados na análise conjunta completa para a Região I (Sul). Total de simulações (T.S.) e média da porcentagem de coincidência ponderada pela proporção das análises (\bar{X}_p).

p	Genótipos coincidentes						T.S.	\bar{X}_p
	0%	20%	40%	60%	80%	100%		
5	0,00	0,01	0,14	0,41	0,38	0,06	7000	67,2%
10	0,00	0,00	0,02	0,26	0,56	0,16	7000	77,5%
15	0,00	0,00	0,00	0,07	0,53	0,40	5152	86,7%
20	0,00	0,00	0,00	0,02	0,50	0,48	3022	89,3%
25	0,00	0,00	0,00	0,00	0,43	0,57	1352	91,3%
30	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	1,00	31	100%

Os demais cenários simulados variando de dois a 30 ambientes na análise conjunta para a Região I estão ilustrados na Figura 2, agrupados para todos os ciclos de VCU. A maior densidade na dispersão das estimativas está entre 60 e 100% de coincidência com poucas entre 0 e 20%. A regressão das estimativas nos cenários simulados resultou em coeficientes altamente significativos com o alto grau de ajuste das médias à curva ($r^2 = 0,88$). A regressão indicou 80% de coincidência para o cenário com dez ambientes nas simulações, enquanto a média para esse cenário foi de 77,5%. É importante destacar que as médias da Tabela 4 são ponderadas pelas proporções das análises, enquanto as médias da Figura 2 são médias aritméticas das estimativas de cada

cenário e apesar de possuírem valores muito próximos elas nem sempre serão iguais. No cenário com dez ambientes o genótipo mais produtivo classificado na ACC esteve presente em 96% das 7000 simulações entre os cinco genótipos melhores classificados, esse fato indica que é bastante provável que o melhor genótipo para esse caráter seja identificado nos ensaios de VCU.

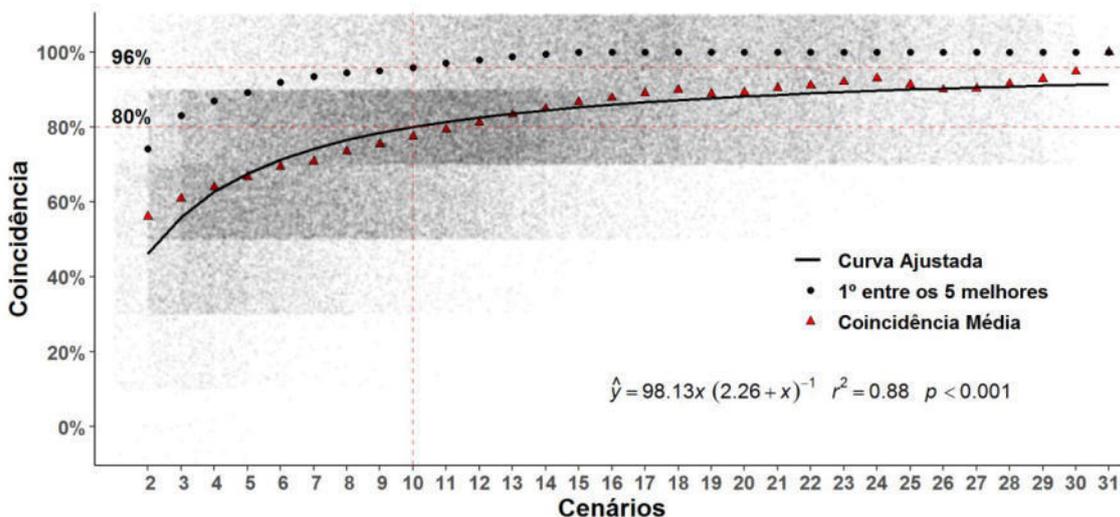


Figura 2. Dispersão das estimativas de coincidência percentual entre os genótipos classificados na ACC e os genótipos classificados nos cenários simulados para a Região I (Sul) em sete ciclos de VCU de feijoeiro comum. A linha vertical tracejada representa o cenário com dez ambientes, e equação da curva ajustada.

A Região II apresentou estimativas de coincidência média menores em relação à Região I, porém, com padrão similar (Tabela 5). Essa região é geograficamente mais extensa e, portanto, a mais ambientalmente variável e representa 42,2% da área cultivada com feijoeiro comum no Brasil (Pereira et al., 2010). Nos cenários com mais de quinze ambientes ocorreram flutuações das estimativas de coincidência média, decorrente da oscilação do número de ambientes na ACC entre os ciclos de VCU. O cenário com dez ambientes apresentou 67% das estimativas com no mínimo 80% de coincidência entre genótipos. Nesse cenário 14% das análises simuladas apontaram os mesmos genótipos da ACC (100%). No cenário com 15 ambientes as simulações resultaram na coincidência média de 81%, seis pp a mais do que o cenário anterior. Contudo, como cenário com dez ambientes representa dois terços do cenário com 15, a relação benefício custo é superior.

Tabela 5. Quantidade de ambientes presentes nos cenários simulados (p) e razão das análises simuladas com genótipos coincidentes pelo número total de análises para a Região II (Central). Total de simulações (T.S) e média da porcentagem de coincidência ponderada pela proporção das análises (\bar{X}_p).

p	Genótipos coincidentes						T.S	\bar{X}_p
	0%	20%	40%	60%	80%	100%		
5	0,00	0,04	0,19	0,41	0,33	0,03	8000	64,4%
10	0,00	0,01	0,06	0,27	0,53	0,14	8000	75,0%
15	0,00	0,01	0,04	0,15	0,52	0,28	4154	81,0%
20	0,00	0,00	0,05	0,21	0,55	0,18	2021	77,4%
25	0,00	0,00	0,03	0,30	0,56	0,12	1001	75,3%
30	0,00	0,00	0,01	0,18	0,57	0,24	1000	80,9%

Houve um aumento progressivo na coincidência média até o cenário com 16 ambientes, seguido de redução nos cenários com 20 e 25 (Figura 3). Essa variação tem realação com o número de ambientes presentes em cada ciclo de VCU que foi inferior a 20 em cinco dos oito ciclos (média de 21 ambientes por ciclo), motivo pelo qual houve a região de pontos mais densa na figura. A regressão das estimativas de coincidência em cada análise simulada apresentou os coeficientes significativos, com a média ajustada para o cenário com dez ambientes de 74%. Nesse cenário o genótipo classificado na primeira posição na ACC para a região II esteve presente em 96% das 8000 simulações, mesma ocorrência nas análises da região I. Esse percentual representa a média de todos os ciclos de VCU. No ciclo 2016/2017, por exemplo, foram 37 ambientes na região II presentes na ACC e o genótipo superior ocorreu em 74,3% das análises para o cenário com dez ambientes. No ciclo trienal, 2013/14/15, foram 25 ambientes na ACC e o melhor genótipo ocorreu em 100% das análises no mesmo cenário.

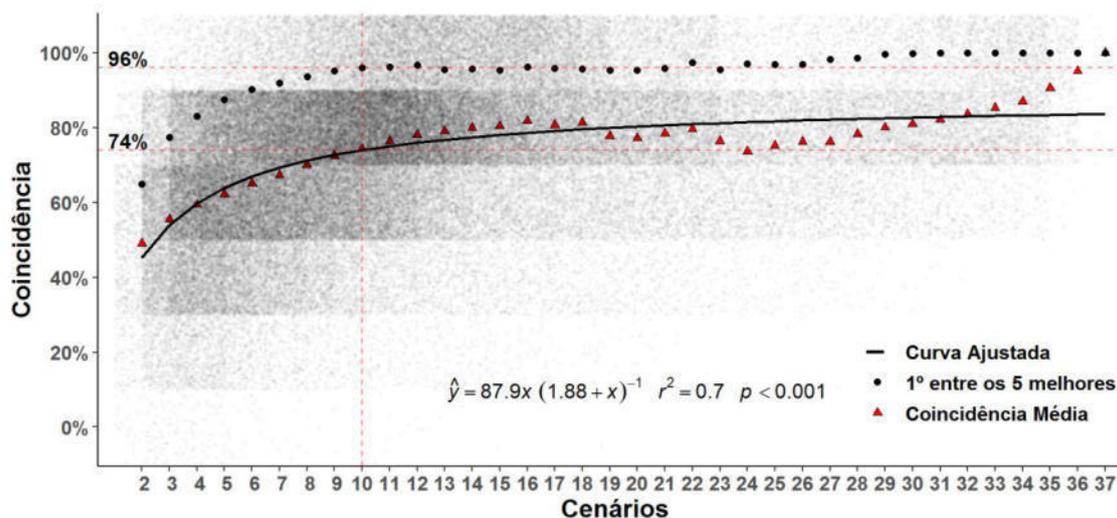


Figura 3. Dispersão das estimativas de coincidência entre os genótipos classificados na ACC por cenários simulados para a Região II (Central) em oito ciclos de VCU de feijoeiro comum. A linha tracejada na vertical destaca o cenário com dez ambientes.

A Região III dispunha de menos ambientes nos ciclos de VCU estudados, quando comparado às demais regiões, em média foram 12 ambientes por ciclo com o máximo de 19 em 2009/2010. A quantidade inferior de ambientes nessa região pode ser justificada pelo fato do feijoeiro comum ser cultivado apenas na época das águas. Atualmente são aceitos no mínimo seis ambientes para recomendação de cultivares de feijoeiro comum para essa região. O cenário com esse número ambientes apresentou a estimativa de coincidência média de 70% (Tabela 6). Na comparação com o total de ambientes praticados atualmente nas regiões I e II (dez ambientes), o cenário com seis ambientes foi inferior em 7,8 pp. Contudo, essa região contribui com 5,7% da produção nacional de feijoeiro comum em 13,5% da área cultivada com essa cultura no Brasil (Pereira et al., 2010). Como se trata de uma área geograficamente menos extensa, menos ambientes são capazes de amostrar de forma representativa a variabilidade ambiental dessa região.

Tabela 6. Quantidade de ambientes presentes nos cenários simulados (p) e razão das análises simuladas com genótipos coincidentes pelo número total de análises para a Região III (Nordeste). Total de simulações (T.S) e média da porcentagem de coincidência ponderada pela proporção das análises (\bar{X}_p).

p	Genótipos coincidentes						T.S	\bar{X}_p
	0%	20%	40%	60%	80%	100%		
5	0,00	0,02	0,12	0,37	0,44	0,04	4264	68,3%
6	0,00	0,01	0,10	0,34	0,48	0,07	4212	70,0%
10	0,00	0,00	0,02	0,24	0,58	0,16	2573	77,8%
15	0,00	0,00	0,00	0,03	0,66	0,30	1136	85,4%
18	0,00	0,00	0,00	0,00	0,42	0,58	19	91,6%

Na Região III a dispersão das estimativas se concentraram entre 60 e 80% com as médias apresentando um padrão mais linear, quando comparado às regiões I e II (Figura 4). A curva ajustada, cujo os coeficientes foram altamente significativos, prediz 71% de coincidência para o cenário atualmente praticado. A presença do genótipo mais produtivo entre os cinco classificados para esse cenário foi de 92%, enquanto a ocorrência do melhor genótipo em todas as simulações (100%) foi somente a partir do cenário com 14 ambientes.

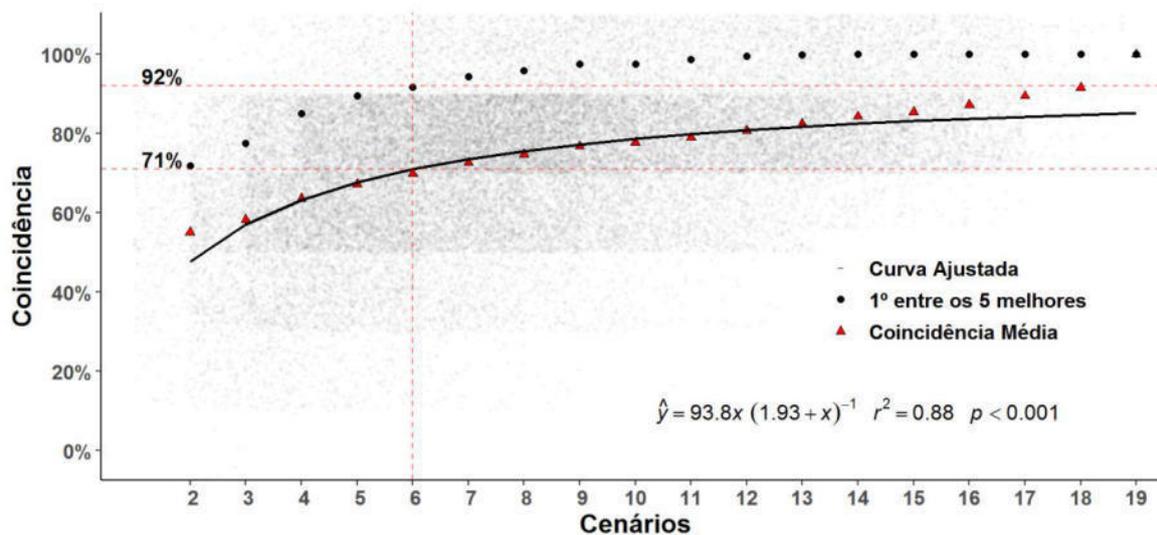


Figura 4. Dispersão das estimativas do percentual de coincidência dos genótipos classificados na ACC por cenários simulados na Região III (Nordeste) em sete ciclos de VCU. Curva da regressão das estimativas de coincidência e linha tracejada na vertical que destaca o cenário com seis ambientes.

2.3.2.3 Cenários por regiões e por épocas

As normas atuais para recomendação de cultivares de feijoeiro comum estipula o número mínimo de três ensaios por época de semeadura, conduzidos em pelo menos dois anos. Na Região I o feijoeiro comum é cultivado nas épocas das águas e da seca. A simulação dos cenários com o número mínimo de ambientes, atualmente utilizado, resultou em estimativas de coincidência média de 67,1% e 68,7% para as épocas das águas e da seca respectivamente (Tabela 7.). Essas estimativas indicam que pelo menos três genótipos são coincidentes. A comparação entre os cenários com três e cinco ambientes por época mostra que o cenário com cinco ambientes apresentou estimativas de coincidência média superiores em 6,3 pp para a época das águas e 8,6 pontos para a época da seca.

Tabela 7. Quantidade de ambientes presentes nos cenários simulados (p) e razão das análises simuladas com genótipos coincidentes pelo número total de análises para a Região I nas duas épocas de semeadura (águas e seca). Total de simulações (T.S.) e média da porcentagem de coincidência ponderada pela proporção das análises (\bar{X}_p)

Épocas	p	Genótipos coincidentes						T.S.	\bar{X}_p
		0%	20%	40%	60%	80%	100%		
Águas	3	0,00	0,02	0,13	0,42	0,39	0,04	2646	67,1%
	4	0,00	0,01	0,08	0,39	0,45	0,07	4585	70,5%
	5	0,00	0,00	0,05	0,33	0,52	0,10	5176	73,4%
	6	0,00	0,00	0,03	0,26	0,57	0,14	5134	76,5%
Seca	3	0,00	0,01	0,12	0,38	0,42	0,07	624	68,7%
	4	0,00	0,00	0,07	0,28	0,55	0,10	1206	73,4%
	5	0,00	0,00	0,03	0,21	0,64	0,13	1759	77,3%
	6	0,00	0,00	0,01	0,12	0,69	0,18	1947	80,7%

A média superior para o cenário com cinco ambientes é resultante da maior proporção das análises com estimativas de coincidência entre 80% e 100%. Na Figura 5 é possível constatar que as estimativas da média do cenário com cinco ambientes ocorreram predominantemente na faixa de 80% de coincidência, tanto na época das águas quanto na época da seca, portanto existe um indicativo de que a probabilidade de coincidência de 80% dos genótipos é maior nesse cenário. Como a quantidade mínima para essa região é de dez ensaios e estes se concentram predominantemente na época das águas, a utilização de cinco ou sete ambientes nessa época é uma opção para elevar a probabilidade de seleção do melhor genótipo.

A regressão das estimativas para as duas épocas foram significativas e resultou nas médias ajustadas, para o cenário com três ambientes, de 65,6% e 67,7% para as épocas das águas e da seca respectivamente. No mesmo cenário a presença do genótipo superior

foi superior na época da seca (90,3%) com o máximo de 12 ambientes. A época das águas contou com o dobro de ambientes totais (24), portanto, foi simulado um número expressivamente maior de combinações, em que houve 80,3% de ocorrência do melhor genótipo entre os cinco melhores classificados. A realização de mais ensaios na época das águas, como mencionando anteriormente, eleva a probabilidade do melhor genótipo entre os cinco melhores para essa época. No cenário com sete ambientes na época das águas, por exemplo, a frequência do melhor genótipo foi de 98,6% nas simulações realizadas (4780). Na época da seca a frequência de 90,3% no cenário atual fornece o indicativo do genótipo mais adaptado para essa época.

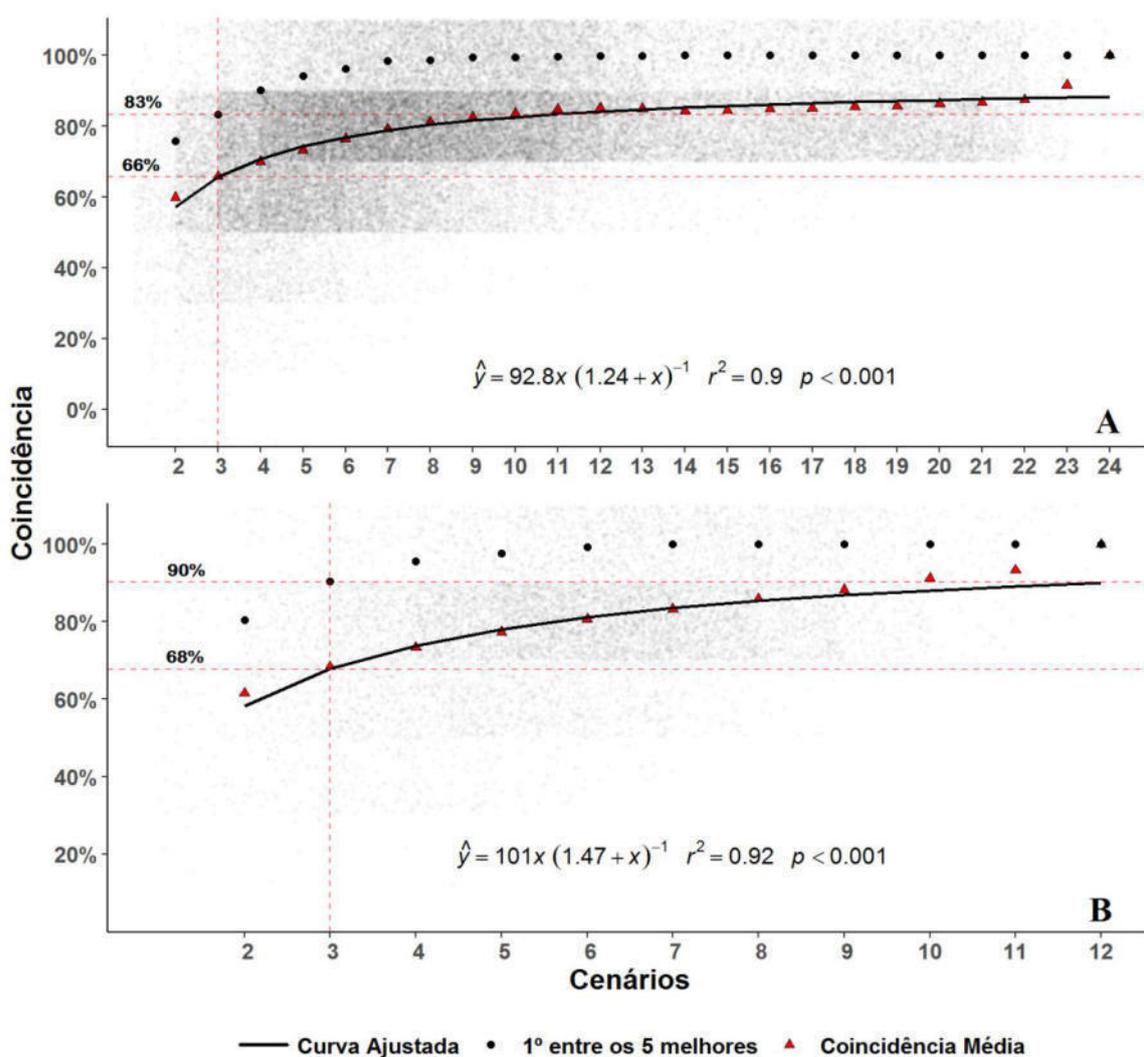


Figura 5. Dispersão das estimativas de coincidência entre genótipos classificados nos cenários simulados com os genótipos classificados na ACC por épocas para a Região I. (A) época de semeadura das águas, (B) época de semeadura da seca. A linha vertical tracejada destaca o cenário com três ambientes.

De maneira análoga à região I, a região II para o cenário com três ambientes resultaram em estimativas de coincidência média inferiores a 70% para as duas épocas de semeadura do feijoeiro comum nessa região (Tabela 8.). A época das águas apresentou estimativas maiores de coincidência média em relação à época de inverno, o que é decorrente do número de ambientes presentes na ACC. Na época das águas havia menos ambientes do que os praticados na época de inverno. Portanto, os cenários simulados representavam uma proporção maior dos ambientes disponíveis nessa época o que conseqüentemente resulta em estimativas de coincidência maiores. Dito isso, para a época de inverno apesar de serem menores as estimativas essas foram estimadas em um número maior de simulações.

Tabela 8. Quantidade de ambientes presentes nos cenários simulados (p) e razão das análises simuladas com genótipos coincidentes pelo número total de análises para a Região II nas duas épocas de semeadura (águas e inverno). Total de simulações (T.S) e média da porcentagem de coincidência ponderada pela proporção das análises (\bar{X}_p).

Épocas	p	Genótipos coincidentes						T.S	\bar{X}_p
		0%	20%	40%	60%	80%	100%		
Águas	3	0,00	0,00	0,18	0,39	0,32	0,07	616	64,4%
	4	0,00	0,02	0,14	0,38	0,37	0,09	1044	67,4%
	5	0,00	0,01	0,09	0,36	0,42	0,11	1314	70,5%
	6	0,00	0,00	0,05	0,38	0,43	0,13	1263	73,0%
Inverno	3	0,02	0,10	0,24	0,36	0,23	0,05	2670	56,6%
	4	0,01	0,06	0,21	0,38	0,28	0,07	3456	61,2%
	5	0,00	0,05	0,17	0,37	0,33	0,08	4001	64,2%
	6	0,00	0,04	0,14	0,36	0,36	0,10	4044	66,4%

A região II, como mencionado, é geograficamente mais extensa e apresenta maior variação edafoclimática, assim, a interação GxA ocorre de maneira mais acentuada. No entanto, a frequência do melhor genótipo entre os cinco classificados foi superior a 78% nas duas épocas (Figura 6). Esse fato fornece o indicativo de que genótipo superior para produção de grãos classificado na ACC dentro da época é também o mais estável, por apresentar bom desempenho na grande maioria das simulações. Os coeficientes da regressão das médias por cenários nas duas épocas foram altamente significativos. O ajuste da curva aparentemente foi melhor para a época das águas, no entanto, como nessa época houve menos pontos o coeficiente de determinação foi menor do que na época de inverno.

Na época de inverno houve uma maior variação do número de ambientes entre os ciclos de VCU, com o mínimo de seis ensaios (2007/2008) e no máximo 25 (2016/2017). Nesses ciclos, por exemplo, a média de coincidência para o cenário com três

ambientes foi de 75% em 2007/2008 e de 50,5% em 2016/2017. Enquanto para a frequência do melhor genótipo nesses ciclos foram de 90% no primeiro e 62,3% no último, resultando na frequência média de 78,4%.

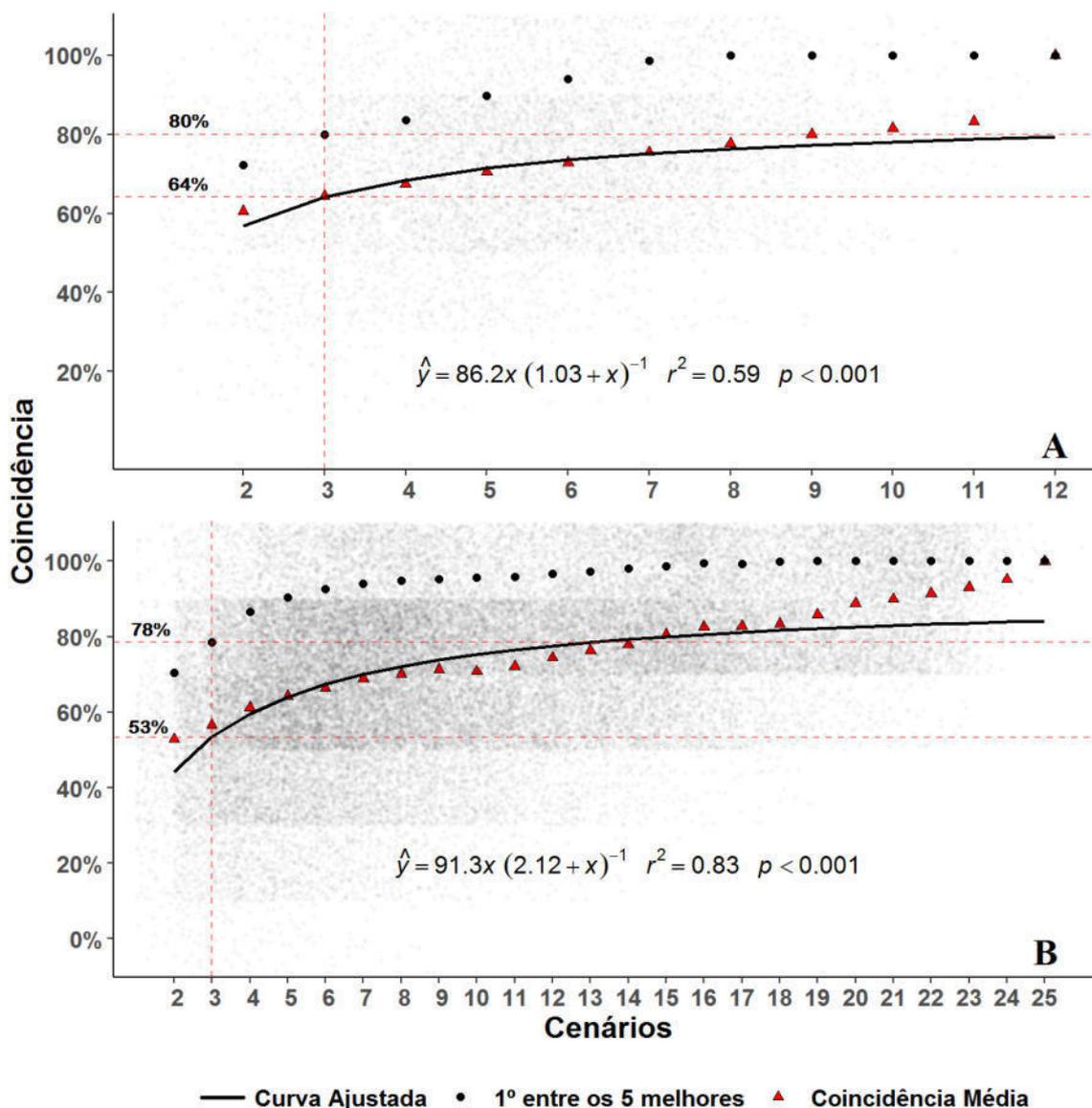


Figura 6. Dispersão das estimativas de coincidência entre genótipos classificados nos cenários simulados com os genótipos classificados na ACC por épocas para a Região II. (A) época de semeadura das águas, (B) época de semeadura de inverno. A linha vertical tracejada indica o cenário com três ambientes.

2.3.2.4 Produtividade relativa dos genótipos classificados e Acurácia Seletiva

Para indicação de uma cultivar as linhagens candidatas precisam superar as cultivares já existentes para que haja progresso para o caráter em avaliação. Dessa forma, para o caráter produção de grãos, as simulações indicaram que as linhagens classificadas entre as cinco melhores superaram a cultivar testemunha (Pérola) na maioria dos cenários.

A Figura 7 mostra a produtividade relativa média das linhagens classificadas (PRLC) em relação a cultivar testemunha presente em todos os ensaios.

A PRLC nos cenários com menos ambientes tende à estabilização a partir do cenário com dez ambientes e se acentua a partir do cenário com quinze ambientes. Esta estabilização ocorre devido à permanência das mesmas linhagens classificadas nas primeiras posições. A cultivar testemunha esteve em média entre os genótipos mais produtivos nos ciclos 2003/2004 na região III e 2009/2010 na região II, resultado em estimativas abaixo do limiar de produtividade da testemunha representado pela linha horizontal tracejada na figura. No ciclo 2007/2008 a PRLC nas regiões II e III foi similar, constatado pela sobreposição das médias nos cenários simulados. A similaridade da produtividade das linhagens também ocorreu no triênio 2013/20014/2015 nas regiões I e III. Nos ciclos 2005/2006 e 2011/2012 as diferenças entre as produtividades entre regiões foi mais evidente e indicou que as linhagens foram mais adaptadas às regiões II e III. Nos ciclos 2003/2004 e 2009/2010 as linhagens eram mais adaptadas à região I. As linhagens avaliadas no ciclo 2005/2006, na região III, superaram a produtividade média da testemunha em 20% no cenário com nove ambientes, essa estimativa foi a mais elevada em todos os ciclos.

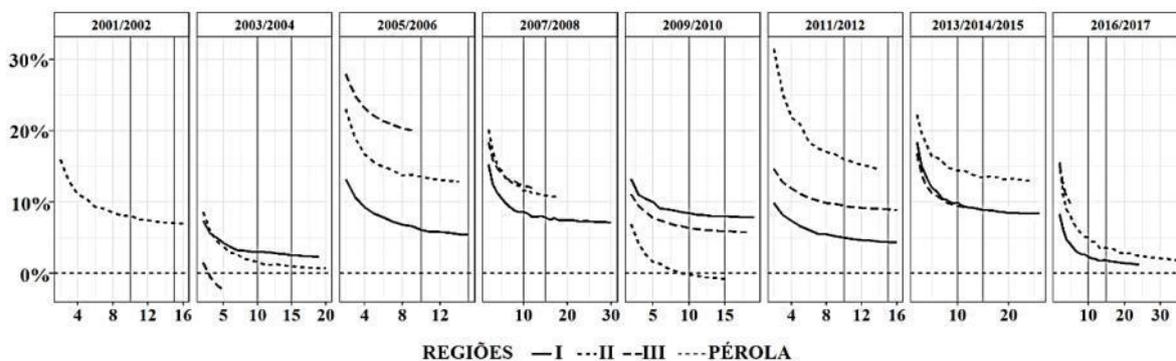


Figura 7. Produtividade das linhagens classificadas (PRLC) nos cenários simulados relativos a produtividade da cultivar PÉROLA por região e ciclo. A linha tracejada horizontal representa a produtividade da testemunha. A linha vertical em cinza representa os cenários com dez e quinze ambientes.

A avaliação da PRLC por região, ciclo e época fornece um indicativo da adaptação às condições de cultivo das linhagens. No ciclo 2005/2006, por exemplo, as linhagens superaram a testemunha em produtividade na época das águas em aproximadamente 35% na Região II (Figura 9), enquanto que na época de inverno a superioridade estimada foi próxima de 5%, o que indica que as linhagens nesse ciclo eram mais adaptadas à época das águas. Nesse sentido, assumindo que uma nova cultivar deve

apresentar superioridade genética às cultivares disponíveis no mercado, no sentido amplo, ou apresentar superioridade em caracteres específicos que justifiquem a sua recomendação, as linhagens na grande maioria dos ciclos foram superiores à testemunha confirmando a eficiência do programa de melhoramento. Na Região I no ciclo 2003/2004 as linhagens avaliadas eram mais adaptadas à época das águas em que foram em média 10% superiores em produtividade à testemunha. No mesmo ciclo e região as linhagens na época seca foram em média 5% inferiores que a testemunha. Na região II no ciclo 2016/2017 as linhagens se mostraram mais adaptadas às condições da época de inverno com produtividade superior a testemunha em aproximadamente 10%, sendo ligeiramente inferior na época das águas. Na Região III, a partir do ciclo 2005/2006, todas as linhagens classificadas foram superiores na época das águas, isso pode ser verificado com maior resolução na Figura 8.

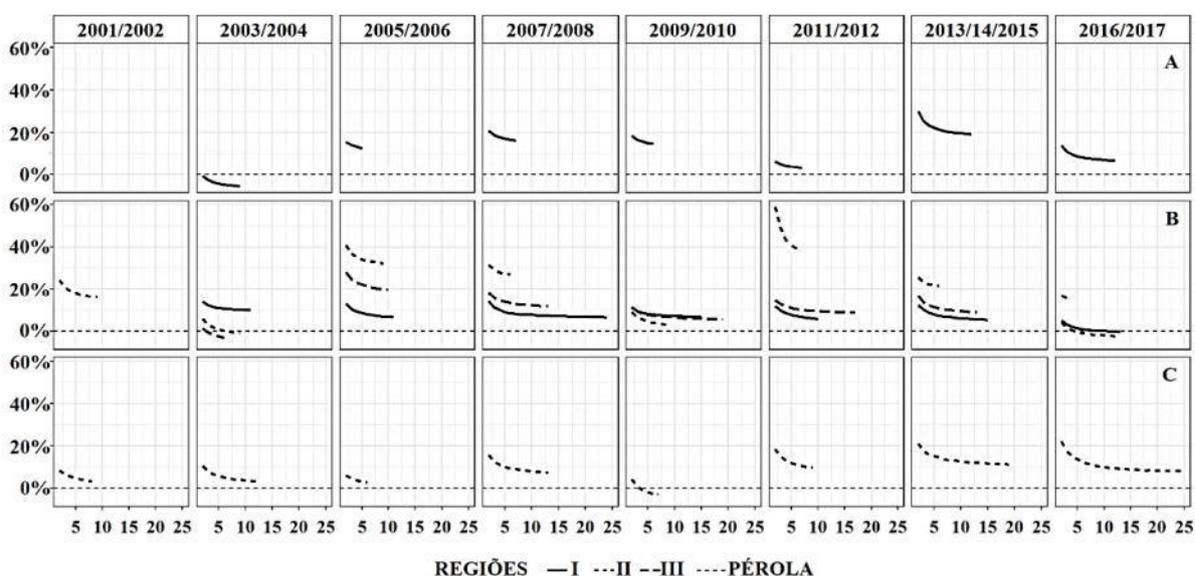


Figura 8. Produtividade das linhagens classificadas (PRLC) nos cenários simulados relativos a cultivar testemunha PÉROLA por região e época e ciclo de VCU. (A) época da seca, (B) época das águas e (C) época de inverno. A linha tracejada horizontal representa a produtividade da testemunha. A linha vertical em preto representa o cenário com ambientes combinados dez a dez.

A acurácia seletiva (AS) é uma estimativa que fornece o indicativo da precisão da seleção, é função do quadrado médio de tratamentos (genótipos) e do quadrado médio da interação GxA. Dessa forma, a partir do valor do teste *F* estimado pela razão dos componentes mencionados foi calculada a AS em cada simulação realizada para todos os cenários (Figura 9). Nos cenários com dez e quinze ambientes as estimativas de AS foram superiores a 90%, exceto para o cenário com dez ambientes no ciclo 2011/2012. O cenário com quinze ambientes apresentou acurácia satisfatória em todos os ciclos, demonstrando que essa quantidade é mais adequada para a seleção das melhores linhagens. A partir desse

cenário o aumento da AS ocorre em uma taxa reduzida, sem aumentar de modo significativo nos cenários com mais de quinze ambientes.

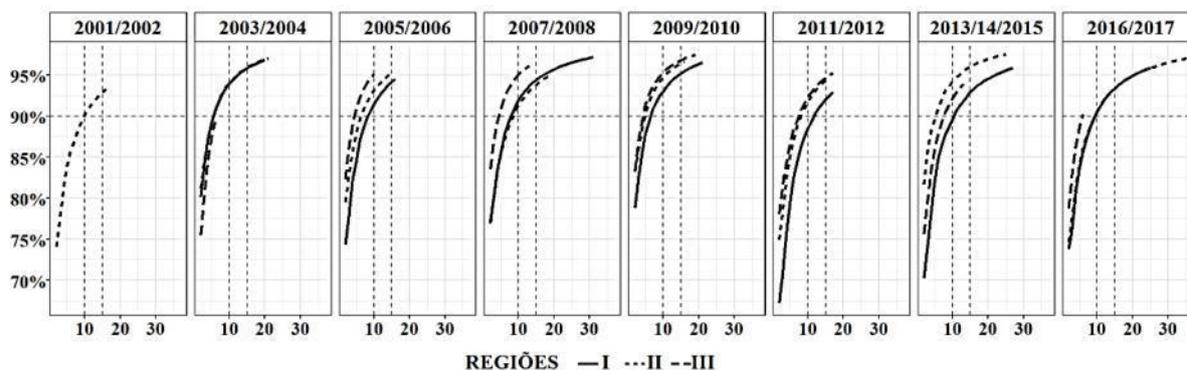


Figura 9. Acurácia Seletiva média estimada a partir das análises conjuntas dos cenários simulados. A linha vertical tracejada destaca os cenários com dez e quinze ambientes.

A acurácia seletiva avaliada por épocas (Figura 10) destaca o efeito da época na precisão da seleção das melhores linhagens. A norma atualmente aceita para épocas de semeadura determina o mínimo de três ensaios por época por no mínimo dois anos. O cenário simulado com três ambientes produziu estimativas de AS média inferiores a 90% em praticamente todas as regiões e épocas, exceto pelo ciclo 2003/2004 na Região III. No mesmo ciclo na Região I a AS média foi superior a 90% nos cenários com cinco ambientes em ambas as épocas de semeadura nessa região. Na região II a AS oscilou mais na época de inverno em que apresentou AS média próximas a 90% para o cenário com cinco ambientes em cinco dos oito ciclos de VCU para essa região. Lima et al. (2014) trabalhando com dados de produtividade de grãos em feijoeiro comum em ensaios de VCU no estado de Minas Gerais (Região II), obtiveram estimativas de acurácia superiores a 70% nas análises conjuntas envolvendo dez ambientes. Na época das águas, nessa mesma região, no ciclo 2007/2008 para o cenário simulado com três ambientes a AS estimada assumiu o valor próximo a 90%. A necessidade do uso de tecnologias de produção no cultivo do feijoeiro comum cultivado na época de inverno na Região II pode justificar a discrepância das estimativas de AS dentro do mesmo ciclo. A variação entre experimentos nessa época pode ser explicada pela diferença entre as práticas fitotécnicas que podem ter sido empregadas, por exemplo, uso adequado da irrigação suplementar em momentos críticos do ciclo da cultura como o enchimento de grãos. Na região III o cultivo de feijoeiro comum é concentrada na época das águas. Nos ciclos de VCU instalados nessa região ao longo do período de estudo não foi verificado grandes oscilações na estimativa

da AS, com amplitude de pouco mais de 10% entre a menor e maior estimativa para o cenário com três ambientes nas simulações. As maiores estimativas para essa região ocorreram no ciclo 2009/2010, superando 90% de acurácia para o cenário com cinco ambientes.

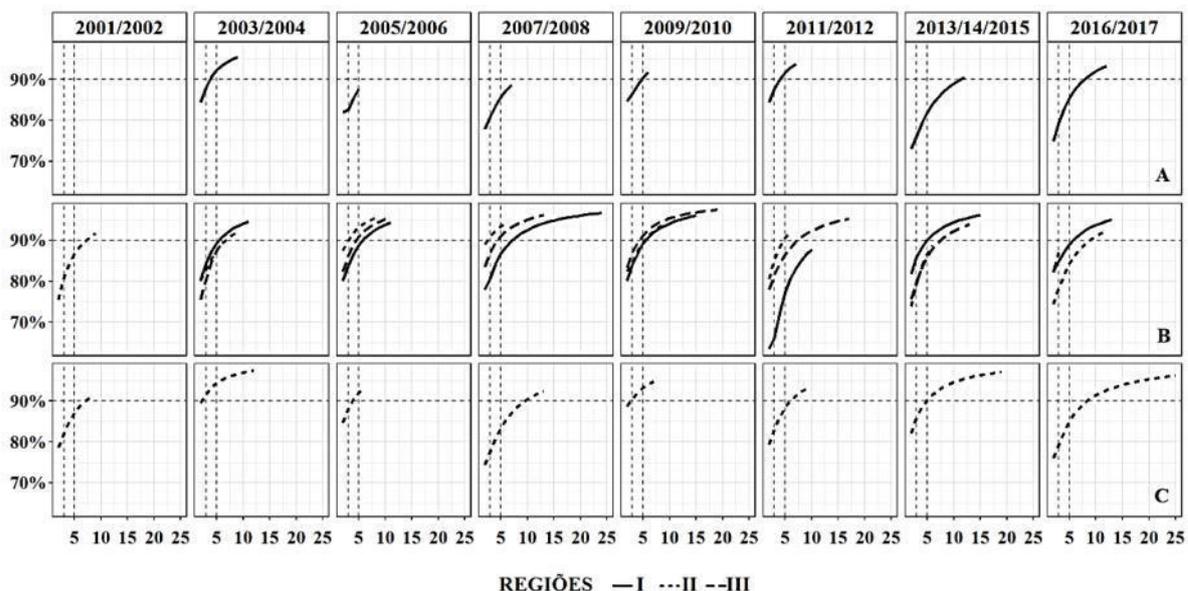


Figura 10. Acurácia Seletiva (AS) das análises conjuntas dos cenários simulados por ciclo, por região e por época. A linha tracejada horizontal destaca a acurácia a 90%, a linha tracejada vertical indica os cenários com três e cinco ambientes. (A) época da seca, (B) época das águas e (C) época de inverno.

Os cenários simulados com cinco ambientes por região e por época evidentemente foram melhores para a seleção das linhagens baseado na acurácia. No entanto, comparando as estimativas de coincidência média entre os cenários com três e cinco ambientes, se verifica que esse último cenário para a Região I foi 7,5 pontos percentuais, superior ao cenário com três ambientes na média das épocas de semeadura. Na Região II foi observado o mesmo padrão com diferença de 4,9 pontos percentuais a favor do cenário com cinco ambientes (Tabelas 7 e 8). Nesse sentido, dado que a diferença entre cenários foi de pequena magnitude a avaliação para época com três ambientes pode ser mais vantajosa se levado em consideração o benefício custo.

2.3.2.5 Componentes de variância

A análise dos componentes de variância das simulações nos cenários (Figura 11) indicou a redução da variância média atribuída à interação GxA nos cenários simulados com maior quantidade de ambientes. Essa variância é particularmente importante porque afeta a classificação dos genótipos. O somatório das variâncias em cada

cenário representa 100% da variância total detectada pelo modelo, essa informação permite compreender a dinâmica das variâncias nos cenários simulados.

Na Região I a partir do cenário com quinze ambientes os componentes de variância atingiram valores mínimos para a interação GxA e residual, que somados não ultrapassam 20% da variância total. Esses componentes geram confundimento na recomendação de cultivares e estimativas com magnitudes reduzidas são preferíveis. Na Região II os componentes apresentaram estimativas superiores aos observados na Região I para os componentes da interação GxA e residual e inferior para variância ambiental. Esse fato indica que para a Região II a recomendação de cultivares de adaptação ampla é mais difícil. Para a Região III a regra atualmente utilizada determina o mínimo de seis ambientes para a recomendação de cultivares. Nesse cenário a variância ambiental retornou estimativas superiores a 75%, enquanto a da interação GxA foi inferior a 10%, seguido de 15% aproximadamente para a variância residual. As estimativas de coincidência para os cenários com dez e quinze ambientes para a Região III foram superiores ao observado para esses cenários na Região II, o que pode ser associado à dinâmica dos componentes de variância, em especial a interação GxA e residual que foram inferiores na Região III.

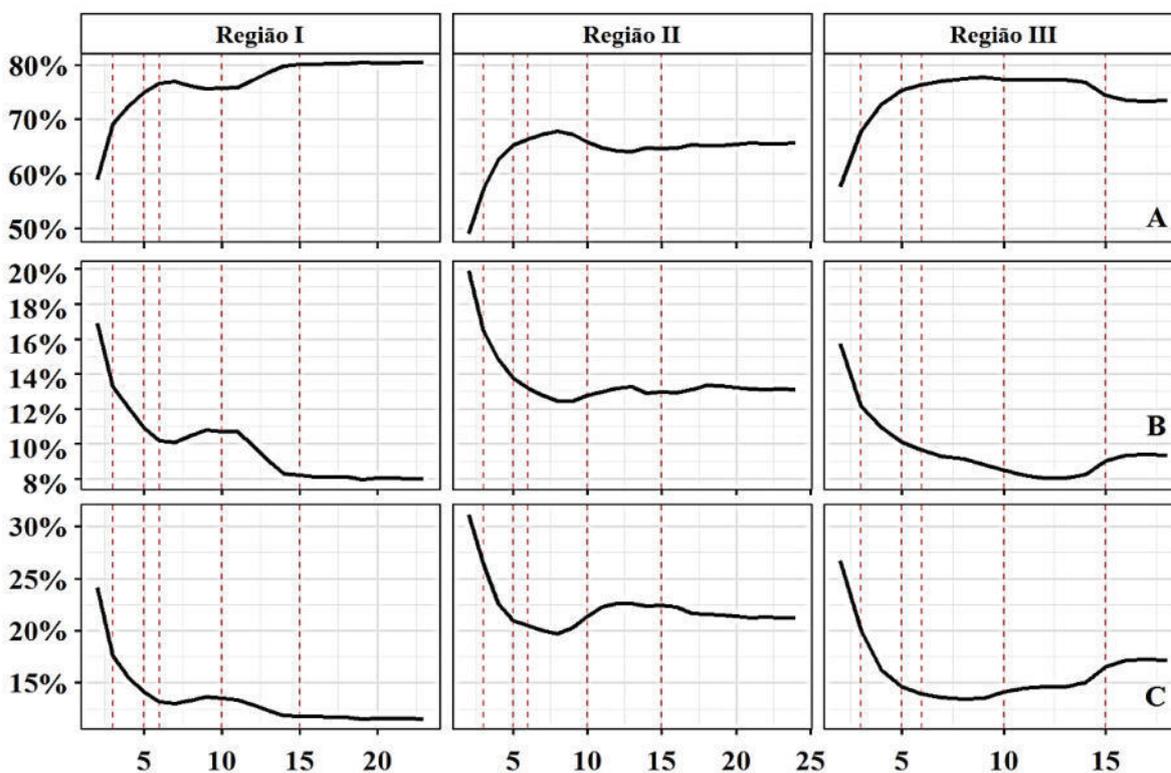


Figura 11. Participação média dos componentes de variância para a variância total por cenário simulados nas regiões edafoclimática produtoras de feijoeiro comum. (A) variância

ambiental ($\hat{\sigma}_A^2$), (B) variância da interação de genótipos com ambientes ($\hat{\sigma}_{GA}^2$) e; (C) variância residual ($\hat{\sigma}^2$).

A Região I apresentou estimativas de componentes de variância da interação GxA e residual semelhantes para a época da seca e das águas no cenário simulado com três ambientes, sendo a variância da interação GxA ligeiramente superior na época das águas (Figura 12). Ao considerar o cenário com cinco ambientes a época seca resultou em estimativas menores. Esse padrão refletiu nas estimativas de coincidência média para essa região e época. A diferença entre épocas para o cenário com três ambientes variou pouco, com 1,6 pontos percentuais a mais para a época da seca, enquanto para o cenário com cinco ambientes a diferença entre épocas foi de 3,9 pontos. Para a Região II a época das águas foi mais favorável à seleção no cenário com cinco ambientes. Na época de inverno para o cenário com três ambientes a estimativa da contribuição da variância da interação GxA foi semelhante ao observado na época das águas para essa região, no entanto, a variância residual foi aproximadamente 5% inferior na época das águas. No cenário com cinco ambientes a variância da interação GxA reduziu de maneira significativa na época das águas o que favoreceu a coincidência média nesse cenário para essa época, como constatado na Tabela 8.

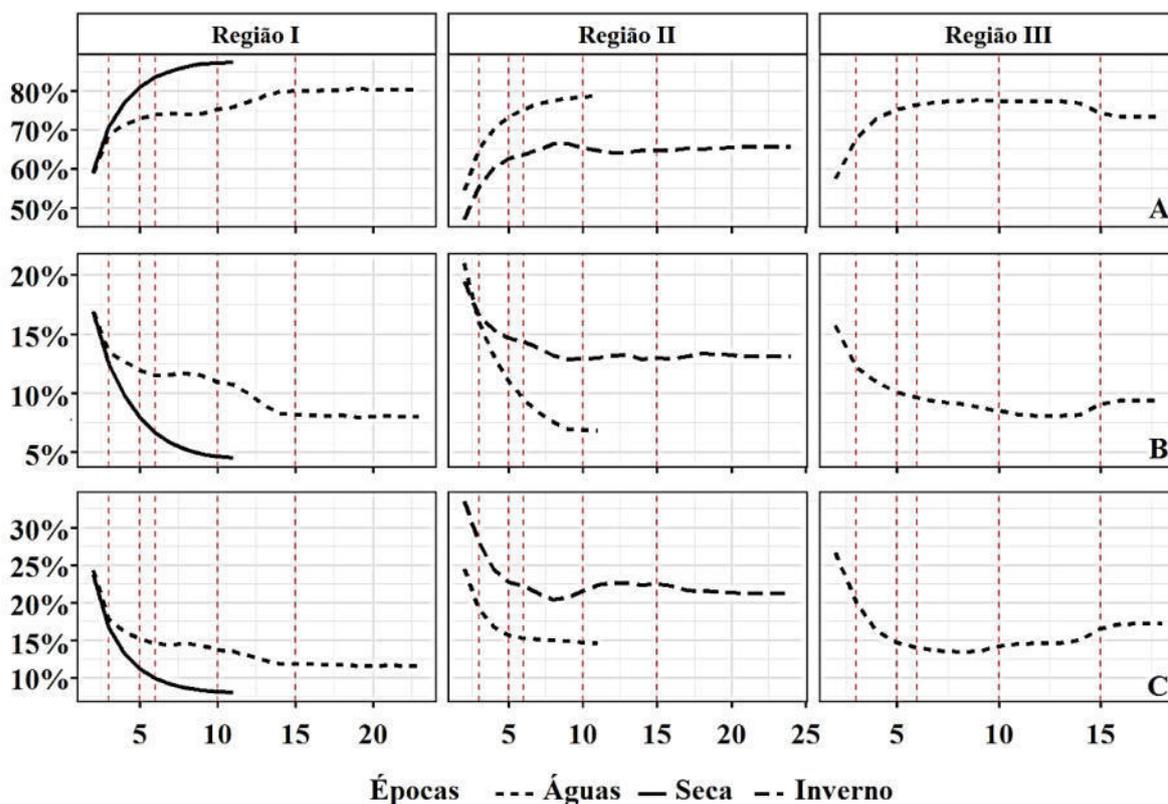


Figura 12. Participação média (%) dos componentes de variância na variância total por cenário simulados em três regiões edafoclimática produtoras de feijoeiro comum. (A) variância ambiental ($\hat{\sigma}_A^2$), (B) variância da interação GxA ($\hat{\sigma}_{GA}^2$) e; (C) variância residual ($\hat{\sigma}^2$).

A regionalização do Brasil em regiões edafoclimáticas produtoras de feijoeiro comum proposta por Pereira et al. (2010) se mostrou eficiente. Essa afirmação pode ser constatada pelos componentes de variância estimados por região (Figura 14). As variâncias estimadas dos componentes ambientais não apresentaram sobreposição entre regiões, exceto pelo ciclo 2003/2004 entre as regiões I e III para a variância do ambiente ($\hat{\sigma}_A^2$), para os demais componentes não ocorreu sobreposição nesse ciclo. Apesar de serem os mesmos genótipos avaliados nas três regiões por ciclo de VCU a ausência de sobreposição indica que os genótipos interagiram com o ambiente de forma diferente entre regiões, porém, foram semelhantes dentro da região. A variância atribuída à interação de genótipos com ambientes apresentou distinção evidente entre regiões em todos os ciclos indicando assim a efetividade da regionalização das regiões produtoras de feijoeiro comum no Brasil.

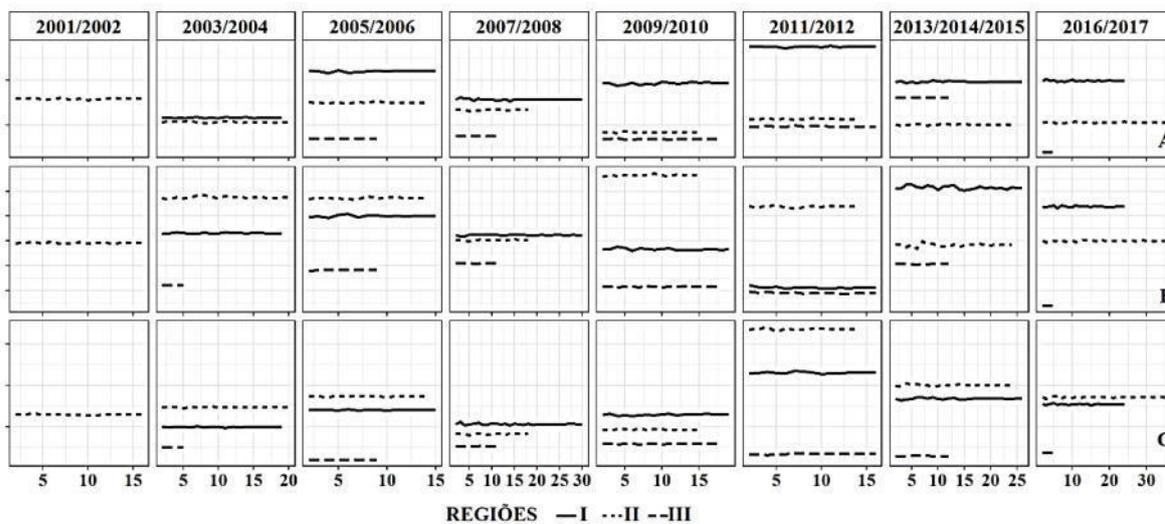


Figura 13. Padrão da média dos componentes de variância por cenário simulado nas regiões edafoclimática produtoras de feijoeiro comum em cada ciclo de VCU. (A) variância ambiental ($\hat{\sigma}_A^2$), (B) variância da interação GxA ($\hat{\sigma}_{GA}^2$) e; (C) variância residual ($\hat{\sigma}^2$).

2.3.2.6 Cenários específicos

A análise conjunta completa global (ACCg) envolveu todos os ambientes disponíveis em cada ciclo de VCU, independentemente da região e época. Diferentemente da análise do cenário geral (página 25), que apresenta valores médios de todos os ciclos estudados, os cenários específicos apresentam os resultados individualizados para cada ciclo de VCU. Na Figura 14 estão as médias de coincidência por ciclo de VCU em cada região. Na Região I a simulação dos cenários com os ambientes combinados dez a dez resultou na média dos ciclos em 66,9% de coincidência. Para a Região II a média dos oito ciclos de VCU nesse cenário foi de 65,3%, enquanto para a Região III, com os ambientes combinados seis a seis, a média de coincidência nos ciclos foi de 59,8%. Esses resultados indicam que mesmo comparados com a análise conjunta envolvendo todas as regiões há uma coincidência média de aproximadamente 60%. Essas três linhagens coincidentes possivelmente representam os genótipos mais estáveis que apresentaram desempenho satisfatório independentemente da região.

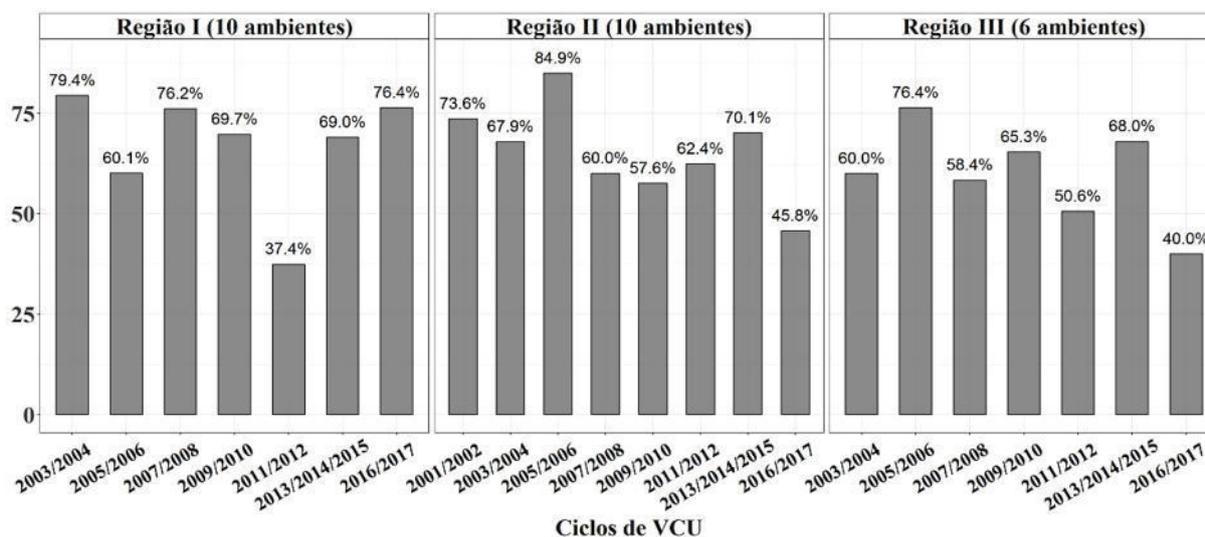


Figura 14. Coincidência média entre os genótipos classificados nos cenários simulados com ambientes combinados dez a dez para as regiões I e II e com ambientes combinados seis a seis para região III, relativos aos genótipos classificados na análise conjunta completa global (ACCg).

A seleção da linhagem candidata a cultivar não se limita em apenas um caráter, o que significa que nem sempre a cultivar mais produtiva é selecionada, assim, caracteres como arquitetura de planta, resistência a doenças e qualidade de grãos também são levados em consideração no momento da seleção. As linhagens na fase final em ensaios de VCU foram previamente avaliadas para outros caracteres de importância agrônômica, porém,

ainda pode haver variabilidade genética que pode ser utilizada como critério de desempate entre as linhagens classificadas.

2.3.2.7 Cenários nos estados polo

Os estados do Paraná na Região I, Goiás na Região II e Sergipe na Região III são considerados estados “Polo”, estes são a base do melhoramento do feijão em suas regiões e também concentrarem o maior número de ensaios em suas redes regionais. Dessa forma, para avaliar a representatividade dos estados mencionados foram realizadas as simulações de cenários dentro desses estados e comparados com a ACC das suas regiões. No estado do Paraná (Região I) para o cenário com dez ambientes 100% das simulações foram entre 60% e 100% resultando em 75,7% de coincidência média entre os genótipos classificados como superiores no estado com os genótipos classificados em toda a região (Tabela 9). Para o estado de Goiás (Região II) no mesmo cenário, dez ambientes, o percentual de coincidência foi menor, o que pode ser justificado pela área geográfica superior dessa região e pela maior quantidade de ensaios na ACC. No estado de Sergipe (Região III) não foi possível estimar cenários superiores a seis ambientes, devido ao baixo número de ensaios nessa região, no entanto, mesmo com poucos ambientes o percentual de coincidência foi elevado. Esse fato indica de que a interação GxA pode ser do tipo simples, ou ainda que a magnitude da interação nessa região não seja capaz de gerar confundimento na seleção, como discutido para os componentes de variância.

Tabela 9. Quantidade de ambientes presentes nos cenários simulados (p) por estado polo e proporção das análises coincidentes com os cinco genótipos classificados na análise conjunta completa das respectivas regiões. Total de simulações (T.S.) e média da porcentagem de coincidência ponderada pela proporção das análises (\bar{X}_p).

Épocas	p	Genótipos coincidentes						T.S.	\bar{X}_p
		0%	20%	40%	60%	80%	100%		
Paraná	5	0,00	0,01	0,11	0,40	0,43	0,06	3407	69,0%
	10	0,00	0,00	0,00	0,33	0,53	0,13	2077	75,7%
	15	0,00	0,00	0,00	0,33	0,50	0,17	183	76,7%
Goiás	5	0,00	0,07	0,20	0,33	0,35	0,05	5024	65,3%
	10	0,00	0,03	0,21	0,26	0,45	0,05	3089	67,1%
	15	0,00	0,00	0,00	0,01	0,93	0,07	137	81,2%
Sergipe	3	0,00	0,05	0,13	0,40	0,38	0,05	40	67,4%
	5	0,00	0,00	0,17	0,00	0,67	0,17	6	76,7%
	6	0,00	0,00	0,00	0,00	0,33	0,67	3	93,3%

2.3.2.8 Critério de determinação do número mínimo de ambientes

Para determinar o número mínimo de ambientes por região foi utilizada a taxa de variação instantânea da coincidência média entre cenários (ΔC), estimado a partir da derivação da equação da curva ajustada. Associada a essa estimativa foi calculado a segunda derivada (Δd) para o cálculo da taxa de variação média (Tabela 10). As estimativas do ΔC foram similares entre as regiões, o que sugere a existência de um padrão no incremento da coincidência média com a elevação do número de ambientes a partir de um determinado cenário. Esse fato resultou em curvas semelhantes do ΔC (Figura 15)

A segunda derivada, Δd , foi útil para o cálculo da variação média, que, segundo o teorema do valor médio para derivadas representa o ponto em que a variação instantânea, ΔC , é igual a variação média. Esse ponto de variação média é aquele em que a tangente é paralela à secante, segundo a interpretação geométrica (Euler & Blanton, 2000).

Para a região I o cenário com oito ambientes (x) resultou na variação média Δd_M de -0,41. Gráficamente esse ponto representa o paralelismo da tangente em relação a secante, o que indica que esse cenário é o mínimo de ambientes para os ensaios de VCU (Figura 15A). Porém, dez ambientes atualmente praticados resultou na coincidência média de 80%. Esse valor foi é aproximadamente 3,5 p.p. superior ao cenário com oito e, além disso, a taxa de variação no cenário com dez ambientes é inferior e próximo à estabilização.

Na região II o valor de Δd_M foi de -0,31, esse valor ocorreu entre os cenários com oito e nove ambientes. Assim, para estimar o ponto médio de variação em x foi necessário a interpolação entre esses cenários o que resultou na estimativa de 8,3 (Figura 15B). Apesar do ponto médio ser próximo ao cenário com oito ambientes, a manutenção da quantidade mínima de ambientes atualmente praticado nos ensaios de VCU nessa região também é recomendável. As simulações com dez ambientes, nessa região, resultou em estimativas de 74% de coincidência média, esse valor está próximo ao estimado para a região I nesse cenário.

O número de ambientes que resultou no Δd_M (-0,66) na região III foi de 6,25, ou seja, seis ambientes (Figura 15C). Porém, dez ambientes também apresentou-se como a quantidade adequada para indicação dos genótipos mais adaptados, com aproximadamente 79% de coincidência média. No entanto, o aumento de quatro ambientes para a região III representa um acréscimo de 66% na quantidade de ensaios atualmente aceito.

Segundo dados oficiais, do décimo segundo levantamento da safra brasileira de grãos, a região III contribuiu com 4,1% do total da produção nacional de feijoeiro comum em 10,4% da área (Brasil, 2019). A utilização de dez ambientes elevaria substancialmente os custos da avaliação das linhagens. E devido a menor representatividade da região III no cenário nacional de produção de feijoeiro comum e conseqüentemente na utilização de sementes, pode haver o desestímulo ao lançamento de novos cultivares de feijoeiro comum para essa região. Contudo, na eventual mudança na participação da região III, dez ambientes para realização dos ensaios de VCU é recomendável. A utilização de seis ambientes nessa região não representa risco ao produtor, uma vez que, o melhor genótipo esteve presente entre os cinco melhores em mais de 90% das simulações, portanto, é altamente provável que ele seja selecionado (Figura 4).

Na avaliação dos extremos, por exemplo, o aumento de 21 ambientes em relação ao cenário com dez promoveu apenas 11,4 p.p. de aumento na coincidência média na região I. Na região II, com 27 ambientes a mais, o aumento na coincidência foi de apenas 9,6 pontos. Na região III a quantidade máxima de ambientes disponíveis (19) resultou em estimativa de coincidência 14,1 p.p. superior ao cenário com seis ambientes. A elevação em mais que o dobro na quantidade de ambientes praticados resultou em pouco acréscimo na coincidência média. Portanto, existe um forte indicativo de que dez ambientes praticados atualmente para as regiões I e II, e seis ambientes para a região III fornece a representatividade ambiental mínima adequada para avaliação das linhagens de feijoeiro comum nos ensaios de VCU.

Tabela 10. Taxa variação instantânea (ΔC) entre as estimativas de coincidência média ajustada (Co) nos cenários simulados (C) e segunda derivada (Δd) nas três regiões de recomendação de cultivares de feijoeiro comum.

C	Região I			Região II			Região III		
	Co (%)	ΔC	Δd	Co (%)	ΔC	Δd	Co (%)	ΔC	Δd
2	46,07	12,2	-38.49	45,41	11,0	-5.66	47,74	11,7	-5.97
3	55,97	8,0	-12.82	54,12	6,9	-2.84	57,08	7,4	-3.02
4	62,70	5,7	-5.75	59,87	4,8	-1.63	63,27	5,1	-1.74
5	67,58	4,2	-3.05	63,94	3,5	-1.01	67,68	3,8	-1.09
6	71,28	3,3	-1.81	66,98	2,7	-0.68	70,97	2,9	-0.73
7	74,18	2,6	-1.16	69,34	2,1	-0.47	73,53	2,3	-0.51
8	76,51	2,1	-0.79	71,21	1,7	-0.34	75,57	1,8	-0.33
9	78,43	1,7	-0.56	72,75	1,4	-0.26	77,24	1,5	-0.28
10	80,04	1,5	-0.41	74,02	1,2	-0.20	78,63	1,3	-0.21
11	81,40	1,3	-0.31	75,09	1,0	-0.15	79,80	1,1	-0.17
12	82,58	1,1	-0.24	76,01	0,9	-0.12	80,80	0,9	-0.13
13	83,60	1,0	-0.19	76,81	0,7	-0.10	81,67	0,8	-0.11
14	84,49	0,8	-0.15	77,51	0,7	-0.08	82,44	0,7	-0.09
15	85,28	0,7	-0.13	78,12	0,6	-0.07	83,11	0,6	-0.07
16	85,98	0,7	-0.10	78,67	0,5	-0.06	83,70	0,6	-0.06
17	86,62	0,6	-0.09	79,15	0,5	-0.05	84,24	0,5	-0.05
18	87,18	0,5	-0.07	79,59	0,4	-0.04	84,72	0,5	-0.05
19	87,70	0,5	-0.06	79,99	0,4	-0.04	85,15	0,4	-0.04
20	88,17	0,4	-0.05	80,35	0,3	-0.03	-	-	-
21	88,60	0,4	-0.05	80,68	0,3	-0.03	-	-	-
22	88,99	0,4	-0.04	80,98	0,3	-0.02	-	-	-
23	89,35	0,3	-0.04	81,25	0,3	-0.02	-	-	-
24	89,68	0,3	-0.03	81,51	0,2	-0.02	-	-	-
25	89,99	0,3	-0.03	81,75	0,2	-0.02	-	-	-
26	90,28	0,3	-0.02	81,96	0,2	-0.02	-	-	-
27	90,55	0,3	-0.02	82,17	0,2	-0.01	-	-	-
28	90,80	0,2	-0.02	82,36	0,2	-0.01	-	-	-
29	91,04	0,2	-0.02	82,54	0,2	-0.01	-	-	-
30	91,26	0,2	-0.02	82,70	0,2	-0.01	-	-	-
31	91,46	0,2	-0.01	82,86	0,2	-0.01	-	-	-
32	-	-	-	83,01	0,1	-0.01	-	-	-
33	-	-	-	83,15	0,1	-0.01	-	-	-
34	-	-	-	83,28	0,1	-0.01	-	-	-
35	-	-	-	83,40	0,1	-0.01	-	-	-
36	-	-	-	83,52	0,1	-0.01	-	-	-
37	-	-	-	83,63	0,1	-0.01	-	-	-

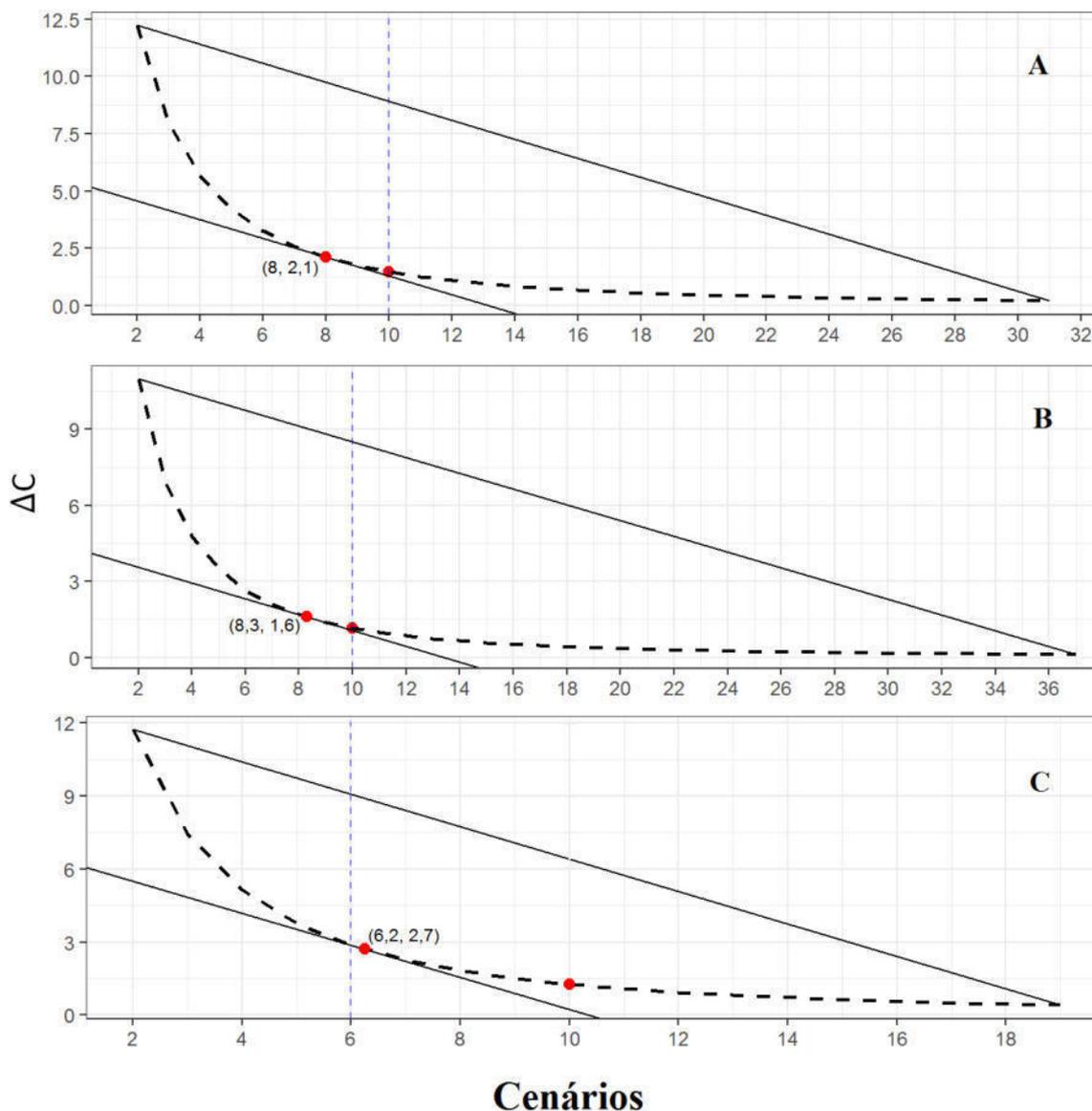


Figura 15. Curva do ΔC para as três regiões de recomendação de feijoeiro comum. A reta conectando as duas extremidades da curva representa a secante. A reta abaixo da curva representa a tangente que intercepta o ponto de variação média paralela à secante. (A) região I, (B) região II e (C) região III.

A representatividade mínima de épocas de semeadura atualmente utilizado são de três ambientes. Nesse cenário a coincidência média ajustada foi acima de 60%, exceto pela época de inverno com 53,5% (Tabela 11). Esse percentual indica que no mínimo três genótipos são coincidentes entre os cinco melhores. Nesse sentido, a manutenção dessa representatividade é recomendada, pois foi capaz de indicar a maioria dos genótipos adaptados à época. A frequência do melhor genótipo (F_{1^0}) também foi elevada nesse cenário, com destaque para a região I com mais de 80% das análises em que o genótipo mais produtivo esteve presente entre os melhores. Na região II a frequência do melhor

genótipo foi de 80% na época das águas e 78% na época de inverno, para o cenário com três ambientes. Dessa forma, é muito provável que o genótipo mais adaptado seja identificado entre os melhores. Como dez ambientes mostrou-se como a quantidade mínima adequada para as regiões I e II, existe uma margem para instalação de um número maior de ensaios por época. Nesse sentido, programas de melhoramento de feijoeiro comum podem manejar os genótipos mais promissores para determinada época para que esta seja mais representada.

Tabela 11. Taxa variação instantânea (ΔC) entre as estimativas de coincidência média ajustada (C_o) nos cenários simulados (C) e frequência do genótipo mais produtivo (F_1°) para as regiões I e II por épocas de semeadura.

C	Região I						Região II					
	Águas			Seca			Águas			Inverno		
	C_o	F_1° (%)	ΔC	C_o	F_1° (%)	ΔC	C_o	F_1° (%)	ΔC	C_o	F_1° (%)	ΔC
2	57,3	76	11,6	58,2	80	12,3	56,9	72	9,7	44,3	70	11,4
3	65,7	83	6,8	67,8	90	7,4	64,1	80	5,5	53,5	78	7,4
4	70,8	90	4,4	73,9	96	5,0	68,5	84	3,5	59,7	87	5,2
5	74,4	94	3,1	78,1	98	3,5	71,4	90	2,4	64,1	90	3,8
6	76,9	96	2,3	81,1	99	2,7	73,5	94	1,8	67,5	93	2,9
7	78,8	98	1,8	83,5	100	2,1	75,1	99	1,4	70,1	94	2,3
8	80,3	99	1,4	85,3	100	1,7	76,3	100	1,1	72,2	95	1,9
9	81,6	99	1,2	86,8	100	1,4	77,3	100	0,9	73,9	95	1,6
10	82,6	99	1,0	88,1	100	1,1	78,1	100	0,7	75,3	96	1,3

Evidentemente a seleção da melhor linhagem para indicação como nova cultivar será mais precisa nos cenários em que ha maior quantidade de ambientes amostrados. No entanto, como não é possível acessar o valor parametrico pela realização de ensaios em todos os ambientes possíveis, adequados para o cultivo do feijoeiro comum, faz-se necessário estipular o tamanho da amostra mínima representativa da variabilidade de ambientes para avaliação da cultura. Os recursos para a realização dos ensaios são limitados e impõe aos programas de melhoramento a adoção de estratégias para maximizar os ganhos com a seleção com a amostra de ambientes disponíveis. Os resultados indicaram que ensaios finais de VCU com menos ambientes podem ser capazes de selecionar os melhores genótipos com precisão satisfatória, desde que observada a qualidade dos ensaios no que tange a precisão experimental. A exigência da condução de ensaios em um número muito elevado de ambientes pode atrasar a recomendação de novas cultivares e com isso dificultar o acesso dos produtores às novas tecnologias oferecida pelos programas de melhoramento do feijoeiro comum. Associado a isso, a baixa taxa de utilização de

sementes fiscalizadas pode reduzir o interesse por parte dos produtores de sementes de feijão, o que poderia ser amenizado com o lançamento periódico de novas cultivares que incentivariam o produtor a buscar essas cultivares no mercado formal de sementes.

2.4 CONCLUSÕES

- i. Para as regiões I e II dez ambientes em dois anos foram capazes de indicar a maioria dos genótipos superiores para a produção de grãos em feijoeiro comum.
- ii. Para a região III seis ambientes em dois anos permitem indicar os genótipos superiores entre cinco selecionados.
- iii. Três ambientes por época de semeadura para a região I e II é a representatividade mínima para a indicação das linhagens adaptadas.
- iv. A menor participação da variância da interação de genótipos por ambientes na variância total elevou a coincidência média entre genótipos classificados.
- v. A análise dos componentes de variância demonstrou a efetividade da regionalização do país nas regiões edafoclimáticas produtoras de feijoeiro comum.

2.5 REFERÊNCIAS

- ALLARD, R. Principles of plant breeding. **Soil Science**, v. 91, n. 6, p. 414, 1961.
- BARILI, L. D.; VALE, N. M. D.; PRADO, A. L. D.; CARNEIRO, J. E. D. S.; SILVA, F. F.; NASCIMENTO, M. Genotype-environment interaction in common bean cultivars with carioca grain, recommended for cultivation in Brazil in the last 40 years. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, Londrina, v. 15, n. 4, p. 244-250, 2015.
- BARROS, M. S.; MORAIS JÚNIOR, O. P.; MELO, P. G. S.; MORAIS, O. P.; CASTRO, A. P.; BRESEGHELLO, F. Effectiveness of early-generation testing applied to upland rice breeding. **Euphytica**, Dordrecht, 2018.
- BATES, D.; MAECHLER, M.; BOLKER, B.; WALKER, S. lme4: Linear mixed-effects models using Eigen and S4. **R package version**, Madison, v. 1, n. 7, p. 23, 2014.
- BATES, D. M.; WATTS, D. G. **Nonlinear regression analysis and its applications**. John Wiley and Sons, New York, 1988, 371 p.
- BERNARDO, R.; CHARCOSSET, A. Usefulness of gene information in marker-assisted recurrent selection: a simulation appraisal. **Crop Science**, Madison, v. 46, n. 2, p. 614-621, 2006.
- BRASIL. Instrução Normativa nº 25, de 23 de maio de 2006. Requisitos mínimos para a determinação do valor de cultivo e uso – VCU de feijão (*Phaseolus vulgaris*) para inscrição no registro nacional de cultivares - RNC. **Diário Oficial da República Federativa do Brasil**, Brasília. Disponível em: <<http://www.agricultura.gov.br/assuntos/insumos-agropecuarios/insumos-agricolas/sementes-e-mudas/publicacoes-sementes-e-mudas/INN25de23demaiode2006.pdf>>. Acesso em: 27 ago. 2019.
- CHAVES, L. J. Interação de genótipos com ambientes. In: NASS, L.; VALOIS, A. C. C.; VALADARES-IGLIS, M. C.; MELO, I. S. D. (Ed.). **Recursos genéticos e melhoramento de plantas**. . Rondonópolis Fundação MT, 2001. 675-712 p.
- CONAB. COMPANHIA NACIONAL DE ABASTECIMENTO. **Acompanhamento de safra brasileiro – grãos**: Décimo segundo levantamento, setembro 2019 – safra 2018/2019. : Brasília: Companhia Nacional de Abastecimento. 2019. Disponível em:<<https://www.conab.gov.br/info-agro/safras/graos/boletim-da-safra-de-graos>>. Acesso em: 11 set. 2019
- CRAWLEY, M. J. **The R book**. 2 ed. Nova Delhi: John Wiley & Sons, 2012, 1072 p.
- CRUZ, C.; REGAZZI, A.; CARNEIRO, P. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. 4 ed. Viçosa, MG: Editora UFV, 2012, 514 p.

ELIAS, A. A.; ROBBINS, K. R.; DOERGE, R.; TUINSTRA, M. R. Half a century of studying genotype \times environment interactions in plant breeding experiments. **Crop Science**, Madison, v. 56, n. 5, p. 2090-2105, 2016.

EPPERSON, B. K.; MCRAE, B. H.; SCRIBNER, K.; CUSHMAN, S. A.; ROSENBERG, M. S.; FORTIN, M. J.; JAMES, P. M.; MURPHY, M.; MANEL, S.; LEGENDRE, P. Utility of computer simulations in landscape genetics. **Molecular ecology**, Hoboken, v. 19, n. 17, p. 3549-3564, 2010.

EVANNO, G.; REGNAUT, S.; GOUDET, J. Detecting the number of clusters of individuals using the software STRUCTURE: a simulation study. **Molecular ecology**, Hoboken, v. 14, n. 8, p. 2611-2620, 2005.

EULER, L.; BLANTON, J. D. **Foundations of differential calculus**. Springer New York, 2000, 211 p.

FERREIRA, D. F. Uso de simulação no melhoramento. In: NASS, L.; VALOIS, A. C. C.; VALADARES-IGLIS, M. C.; MELO, I. S. D. (Ed.). **Recursos genéticos e melhoramento de plantas**. Rondonópolis: Fundação MT, 2001. 1119-1141 p.

FOX, P. N.; ROMAGOSA, I. Genotype \times environment interaction and adaptation. In: HAYWARD, M. D.; BOSEMARK, N. O.; ROMAGOSA, I. (Ed.). **Plant breeding: principles and prospects**. New York : Springer Science & Business Media, 2012.

LIMA, L. K. D.; RAMALHO, M. A. P.; ABREU, Â. D. F. B.; TOLEDO, F. H. R. B.; FERREIRA, R. A. D. C. Implications of predictable and unpredictable environmental factors in common bean VCU trials in Minas Gerais. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, Londrina, v. 14, n. 3, p. 146-153, 2014.

MELO, L. C.; MELO, P. G. S.; DE FARIA, L. C.; DIAZ, J. L. C.; DEL PELOSO, M. J.; RAVA, C. A.; DA COSTA, J. G. C. Interação com ambientes e estabilidade de genótipos de feijoeiro comum na Região Centro-Sul do Brasil. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Rio de Janeiro, v. 42, n. 5, p. 715-723, 2007.

MULETA, K. T.; PRESSOIR, G.; MORRIS, G. P. Optimizing genomic selection for a sorghum breeding program in Haiti: a simulation study. **G3: Genes, Genomes, Genetics**, Bethesda, v. 9, n. 2, p. 391-401, 2019.

OSAIS, Y. E. **Computer Simulation: A Foundational Approach Using Python**. Boca Raton: Chapman and Hall/CRC, 2017, 314 p.

PEREIRA, H. S.; MELO, L. C.; SILVA, S. C.; DEL PELOSO, M. J.; FARIA, L. C.; COSTA, J. G. C.; MAGALDI, M. C. S.; WENGLAND, A. **Regionalização de áreas produtoras de feijão comum para recomendação de cultivares no Brasil**. Santo Antônio de Goiás: Embrapa Arroz e Feijão, 2010b. 6 p. (Comunicado técnico, 187)

PEREIRA, H. S.; MELO, L. C.; DE FARIA, L. C.; DEL PELOSO, M. J.; DÍAZ, J. L. C.; WENDLAND, A. Indicação de cultivares de feijoeiro comum baseada na avaliação conjunta de diferentes épocas de semeadura. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Rio de Janeiro, v. 45, n. 6, p. 571-578, 2011.

PODLICH, D.; COOPER, M.; BASFORD, K.; GEIGER, H. Computer simulation of a selection strategy to accommodate genotype environment interactions in a wheat recurrent selection programme. **Plant Breeding**, Berlin, v. 118, n. 1, p. 17-28, 1999.

R CORE TEAM. **R: A language and environment for statistical computing**. Vienna: Foundation for Statistical Computing, 2015.

RESENDE, M. D. V. Métodos estatísticos ótimos na análise de experimentos de campo. **Embrapa Florestas (Documentos /Embrapa Florestas; 100)**, Colombo, p. 7, 2004.

SLAFER, G. Genetic basis of yield as viewed from a crop physiologist's perspective. **Annals of Applied Biology**, London, v. 142, n. 2, p. 117-128, 2003.

SOZEN, O.; KARADAVUT, U.; OZCELIK, H.; BOZOGLU, H.; AKCURA, M. Genotype x environment interaction of some dry bean (*Phaseolus vulgaris* L.) genotypes. **Legume Research**, New Deli, v. 41, n. 2, p. 189-195, 2018.

TORGA, P. P.; MELO, P. G. S.; PEREIRA, H. S.; DE FARIA, L. C.; DEL PELOSO, M. J.; MELO, L. C. Interaction of common beans cultivars of the black group with years, locations and sowing seasons. **Euphytica**, Dordrecht, v. 189, n. 2, p. 239-248, 2013.

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**, Campinas, v. 74, n. 3, p. 255-260, 2015.

VENCOVSKY, R.; BARRIGA, P. **Genética biométrica no fitomelhoramento**. Ribeirão Preto: Revista Brasileira de Genética, 1992.

WANG, J.; VAN GINKEL, M.; PODLICH, D.; YE, G.; TRETOWAN, R.; PFEIFFER, W.; DELACY, I. H.; COOPER, M.; RAJARAM, S. Comparison of two breeding strategies by computer simulation. **Crop Science**, Madison, v. 43, n. 5, p. 1764-1773, 2003.

WICKHAM, H. **ggplot2: elegant graphics for data analysis**. New York: Springer, 2016, 260 p.

3. DECOMPOSIÇÃO DA INTERAÇÃO DE GENÓTIPOS COM AMBIENTES EM FEIJOEIRO COMUM PELA ABORDAGEM DE MODELO MISTO

RESUMO

O feijoeiro comum (*Phaseolus vulgaris* L.) é cultivado em praticamente todo o território nacional em até três épocas de semeadura. A interação de genótipos com ambientes (GxA) representa a resposta fenotípica diferencial dos genótipos em ambientes distintos. A elevada distribuição geográfica associada à grande variabilidade ambiental se torna um complicador para a recomendação de cultivares devido a interação GxA. Dessa forma, o objetivo deste trabalho é analisar a interação GxA e suas decomposições parciais, estimar os componentes de variância dos fatores ambientais e; determinar o tipo de interação GxA é predominante, simples ou complexa. Foram utilizados dados de produtividade de grãos provenientes de 112 ensaios de valor de cultivo e uso (VCU) de feijoeiro comum do tipo “carioca” do programa de melhoramento da Embrapa Arroz e Feijão. Os ensaios foram delineados em blocos casualizados conforme as normas oficiais. Foram selecionados os experimentos que atendiam os critérios de balanceamento para épocas, anos e locais para a análise de variância conjunta. Foram estimados os coeficientes de determinação (R^2) e componentes de variância e se procedeu com a decomposição da interação GxA. A avaliação via modelo misto, da análise dos fatores ambientes, por região indicou que a interação GxLxExA é o componente de variância que contribui mais para a variância total, seguido do efeito de locais para as regiões I e II. Na região III o efeito de locais foi o mais importante dos componentes. A análise de variância dos fatores e suas decomposições parciais indicaram que na região I os efeitos isolados de épocas e locais juntamente com a interação GxL foram mais relevantes. Na região II a interação de GxE foi a mais expressiva envolvendo genótipos. Os componentes ambientais isolados variaram sua importância entre ciclos, nessa região. O efeito de locais e a interação GxL são os componentes mais expressivos na região III. A decomposição da interação foi predominantemente complexa em todos os ciclos estudados. Conclui-se, portanto, que na região II os fatores ambientais épocas, anos e locais foram os que participaram com a maior parte da variação total. A interação de GxE foi a mais expressiva entre as interações dos fatores ambientais envolvendo genótipos na região II. Na região III as principais fontes de variação para os efeitos isolados foram locais e anos, nessa ordem. Os componentes de variância indicaram que a interação de genótipos com os componentes ambientais foram mais importantes para as regiões I e II, e para região III o efeito de local foi mais relevante. O efeito de local é o componente de variância isolado que mais contribui para a variação total em todas as regiões. Houve a predominância da parte complexa da interação estimada entre pares de ambientes combinados, indicando a necessidade de análises complementares de estabilidade pra indicar os genótipos mais estáveis e adaptados.

Palavras chave: *Phaseolus vulgaris*, componentes de variância, modelos mistos, interação de genótipos por ambientes.

3 DECOMPOSITION OF GENOTYPE-BY-ENVIRONMENT INTERACTION IN COMMON BEAN BY MIXED MODEL APPROACH

ABSTRACT

Common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) is grown in practically the entire country in three sowing seasons. The genotype by environment interaction (GxE) represents the differential phenotypic response of genotypes across environments. The high geographic distribution associated with the high environmental variability becomes a complication factor for the recommendation of cultivars due to GxE interaction. The aim of this work was to analyze the interaction GxE and its partial decompositions, to estimate the variance components of environmental factors and determining the type of GxE interaction which is predominant, simple or complex. Grain yield data from 112 assays called Value of Cultivation and Use (VCU) of common bean with grain type "carioca" from the Embrapa Arroz e Feijão breeding program were used. The tests were designed in randomized blocks according to official rules for it VCU trials. Were selected the experiments that met the balancing criteria for sowing season, years and location for the joint analysis of variance. The coefficients of determination (R^2) and variance components were estimated and the GxE interaction decomposition was performed. Sowing Season was the most relevant environmental effect in region I along with genotype by location interaction. In region II the GxSS (sowing season) interaction was the most significant involving genotypes, and the environmental components varied its importance along cycles. Locations and GxL interaction were the most significant components in region III. The evaluation by mixed model indicated that locations were the variance component that contributes most to the overall variance, followed by the GxLxSSxY interaction in all regions. The decomposition of the interaction was predominantly complex in all studied cycles. For region I the environmental effects and the GxL interaction were more important. In region II sowing season was more relevant along with GxSS interaction. Locations were the most important component for variation in region III, followed by the GxL interaction. The component of variance attributed to locations was the most relevant in all regions and sowing season. There was a predominance of the complex part of the estimated interaction between pairs of combined environments, indicating the need for complementary stability analyzes to indicate the most stable and adapted genotypes.

Keywords: *Phaseolus vulgaris*, components of variance, mixed models, genotype by environment interactions.

3.1 INTRODUÇÃO

O feijoeiro comum (*Phaseolus vulgaris* L.) é uma cultura agrícola de grande importância socioeconômica para o Brasil, cultivado em praticamente todo o território nacional em até três épocas de semeadura. A elevada distribuição geográfica associada à grande variabilidade ambiental, na qual o feijoeiro comum é cultivado, impõe o desafio aos melhoristas quanto à recomendação de cultivares para essa importante cultura.

A interação de genótipos com ambientes (GxA) pode ser definida como a resposta fenotípica diferencial dos genótipos em ambientes distintos. Esse fenômeno torna-se um complicador na recomendação de cultivares com adaptação ampla, que responda satisfatoriamente às variações ambientais que pode ocorrer entre locais, anos e épocas de semeadura. Dada a importância da interação GxA para as estratégias de otimização dos programas de melhoramento muitos trabalhos foram realizados com o intuito de avaliar a magnitude e significância da interação para várias culturas (Sozen et al. 2018; Yan et al. 2016; Soares et al. 2015; Barili et al. 2015).

A interação GxA não representa necessariamente um efeito ruim, pois ela pode ser aproveitada para recomendações específicas ou regionais. Ela ainda pode ser decomposta em duas partes, simples e complexa, na primeira a interação GxA não altera a ordem de classificação dos genótipos e age principalmente na amplitude da manifestação fenotípica entre genótipos nos ambientes; na complexa ocorre a inversão na classificação, ou seja, um genótipo pode ser superior ao outro em um determinado ambiente, mas inferior quando testado em outro ambiente contrastante (Cruz et al., 2012).

A análise de variância pode ser aplicada de inúmeras formas para quantificar a interação GxA e sua significância, além de fornecer informações sobre interações particulares como locais com anos, genótipos com locais e genótipos com anos, as quais podem impactar na seleção. Segundo Kang and Gauch Jr (1996) a análise de variância para os efeitos de ambientes tomados como aleatórios e ajustadas via máxima verossimilhança restrita, REML (*Restricted maximum likelihood*), são úteis na

estimação de componentes de variância, que inclui os efeitos da interação GxA. Essa abordagem ainda promove a vantagem de ser mais adequada em situações de desbalanceamento decorrente da perda de parcelas, o que é comum em experimentos dessa natureza, e para análises de dados de experimentos não ortogonais.

Diante do exposto, o objetivo deste trabalho é analisar a magnitude, significância e contribuição para a variação total da interação de GxA e suas decomposições parciais, por meio da análise de variância pelo método dos quadrados mínimos entre os experimentos que atenderam aos critérios de balanceamento; analisar toda a série de dados utilizando a abordagem de modelos mistos com ajuste via REML para estimação dos componentes de variância e; determinar qual tipo de interação GxA é predominante, por meio da decomposição em partes simples e complexa.

3.2 MATERIAL E MÉTODOS

Para o estudo foram utilizados dados de produtividade de grãos provenientes de 112 ensaios de valor de cultivo e uso (VCU) de feijoeiro comum do tipo “carioca” do programa de melhoramento da Embrapa Arroz e Feijão. Os experimentos foram conduzidos em três regiões edafoclimáticas de recomendação para a cultura em três épocas de semeadura. Na região I (Centro-Sul), 36 ensaios foram conduzidos distribuídos nas épocas das “Águas” e da “Seca”; na região II (Central) foram 24 ensaios nas épocas das “Águas” e do “Inverno” e; na região III (Nordeste), foram 54 ensaios conduzidos apenas na época das “Águas”. As unidades da federação que compõe as regiões de recomendação são:

- Região I – Centro-Sul que compreende os estados de Mato Grosso do Sul, São Paulo, Paraná, Santa Catarina e Rio Grande do Sul;
- Região II – Central é composta pelos estados de Rio de Janeiro, Minas Gerais, Espírito Santo, Goiás, Mato Grosso, Tocantins, Bahia, Maranhão e pelo Distrito Federal;
- Região III – Nordeste abrange os estados de Sergipe, Alagoas, Pernambuco, Rio Grande do Norte, Paraíba, Ceará e Piauí.

Para a análise de variância conjunta da região I e II foram selecionados os experimentos que atendiam os critérios de balanceamento para épocas, anos e locais nos ciclos de VCU disponíveis. Assim, foram selecionados quatro ciclos de VCU bienais para a região I 2003/2004, 2005/2006, 2007/2008 e 2016/2017; e para a região II foram três ciclos 2001/2002, 2003/2004 e 2011/2012. Para a região III, por apresentar apenas uma época de semeadura, os critérios de balanceamento utilizados foram locais e anos, portanto, foram selecionados os experimentos que ocorreram em locais presentes todos os anos de cada ciclo de VCU, dessa forma, seis ciclos foram selecionados nos anos de 2003 a 2015.

Os ensaios foram delineados em blocos casualizados, com três repetições com parcelas de quatro linhas de quatro metros de comprimento, segundo as normas exigidas pelo Ministério da Agricultura Pecuária e Abastecimento para os ensaios de VCU de feijoeiro comum, conforme a Portaria nº 294 (Brasil, 2006). Na condução dos ensaios foram empregados os mesmos tratos culturais utilizados nas lavouras comerciais, com irrigação suplementar e controle de pragas quando necessários.

Inicialmente os dados foram submetidos à análise de variância individual para o caráter produção de grãos com o propósito de realizar o agrupamento dos experimentos com variâncias homogêneas para a verificação dos pressupostos da análise conjunta.

As análises conjuntas foram realizadas dentro de cada ciclo com a aplicação do seguinte modelo linear para as regiões I e II:

$$y_{ijkl} = G_i + A_j + L_l + E_k + GA_{ij} + GL_{il} + GE_{ik} + LE_{lk} + AL_{jl} + AE_{jk} + GLE_{ilk} + GAL_{ijl} + ALE_{jlk} + GALE_{ijkl} + \varepsilon_{ijkl}$$

Para a região III o modelo se reduz a:

$$y_{ijkl} = G_i + A_j + L_l + GA_{ij} + GL_{il} + AL_{jl} + GAL_{ijl} + \varepsilon_{ijkl}$$

Em que G_i representa o efeito de genótipo por ciclo de VCU, com $i=(1, 2, 3, \dots, g)$, sendo g o número de genótipos no ciclo; A_j representa o efeito de ano com $j = (1, 2, 3)$, sendo apenas um ciclo trienal; L_l indica o efeito de locais com $l = (1, 2, 3, \dots, n)$, sendo n o número de locais em cada ciclo; E_k representa o efeito de épocas com $k = (1, 2)$, sendo duas épocas distintas para as regiões I e II (seca e inverno); GA_{ij} representa a interação de genótipo por anos dentro do ciclo; GL_{il} indica a interação de genótipos por locais; GE_{ik} simboliza o efeito da interação de genótipos por épocas; LE_{lk} indica o efeito da interação de locais com épocas; AL_{jl} representa o efeito da interação de anos com locais; AE_{jk} indica o efeito da interação de anos com épocas; GLE_{ilk} , GAL_{ijl} e ALE_{jlk} representam a os efeitos das interações de terceira ordem de genótipos, locais e épocas; genótipos, anos e locais; e anos locais e épocas respectivamente; por fim, $GALE_{ijkl}$ representa a interação de quarta ordem dos efeitos principais (isolados) do modelo e ε_{ijkl} é o erro associado a $ijkl$ -ésima parcela, assumindo como independente e uniformemente distribuídos, sob $N \cap (0, \sigma^2)$. Os efeitos para o modelo da região III são os mesmos, excluindo-se o efeito de épocas e suas interações.

Para determinar a proporção de cada fonte de variação para a variação total, em função da soma de quadrados dos efeitos, foi calculado o coeficiente de determinação (R^2) a partir da seguinte expressão:

$$R_{FV}^2(\%) = \left(\frac{SQ_{FV}}{SQ_{total}} \right) \times 100$$

Em que SQ_{FV} representa a soma de quadrados da fonte de variação e SQ_{total} representa o somatório das somas de quadrados de todas as fontes de variação.

Com o propósito de avaliar o efeito dos fatores ambientais sobre a resposta adaptativa das linhagens candidatas a cultivares, testadas durante os oito ciclos de ensaios finais, foram estimados os componentes de variância em todo período. Para tanto, foi utilizado um modelo linear de efeitos mistos, nessa modelagem os efeitos de genótipos (dentro de ciclo) e épocas foram tomados como fixos e os efeitos de anos, locais e o da interação de genótipos por locais e anos foram tomados como aleatórios, conforme o modelo matricial:

$$y = X\beta + Z_1a + Z_2l + Z_3w + e$$

Em que: β, a, l, w e e correspondem, respectivamente, aos vetores de efeito fixo de genótipos e épocas, ao efeito aleatório de anos, ao efeito aleatório de locais, ao efeito da interação de genótipos por ambientes (ano, local e época) e ao efeito dos erros aleatórios, X, Z_1, Z_2 e Z_3 são as matrizes de incidência para: β, a, l, w e e , respectivamente. As estruturas e distribuição das médias e variância, assim como as equações do modelo misto e os estimadores iterativos REML, via EM são semelhantes às utilizadas por Barros et al. (2018) para estimação de componentes de variância, com adaptações para acomodar os efeitos investigados nesse estudo.

Os testes de significância foram realizados via LRT (*likelihood ratio test*) que compara o modelo completo com o modelo sem as fontes de variação que estão sendo testadas. Cada fonte de variação removida gera um grau de liberdade que juntamente com a diferença da *deviance* entre os modelos, testa a significância do efeito removido pela aproximação com a distribuição *Qui-quadrado*. (Bates et. al (2012), Lehmann (1986); Sturion and Resende (2010)).

Foram realizadas a decomposição da interação em parte simples e complexa dos ciclos de VCU utilizados nas análises, que atenderam aos critérios de balanceamento. Para tanto foi utilizada a metodologia descrita por Cruz et al. (2012) e proposta por Cruz and Castoldi (1991), segundo a seguinte expressão:

$$\sqrt{(1 - r)^3 Q_A Q_B}$$

Em que r representa a estimativa da correlação de Pearson entre as médias dos genótipos em cada par de ambientes; Q_A e Q_B representam os quadrados médios entre

genótipos nos ambientes A e B, respectivamente. Para a obtenção do componente complexo da interação em porcentagem foi aplicado a seguinte expressão:

$$C(\%) = \frac{100 \times C}{QM_{GAB}}$$

A significância da correlação de Pearson entre as médias dos genótipos nos pares de ambientes foram testadas pelo teste *t* de *Student*, pela seguinte equação:

$$\pm t_0 = r \sqrt{\frac{n-2}{1-r^2}}$$

Em que *r* representa a correlação estimada e *n* representa o número de genótipos do respectivo ciclo de VCU.

Todas as análises estatísticas foram realizadas na plataforma R (R Core Team, 2015), com o auxílio do pacote estatístico “lme4” para análises de modelos mistos (Bates et al., 2012)

3.3 RESULTADOS E DISCUSSÃO

3.3.1 ANÁLISE DOS FATORES AMBIENTAIS VIA MODELOS MISTOS

Na Tabela 1 estão listados os resultados dos componentes de variância ambientais para regiões I e II. Na região I o efeito do componente da interação GxLxExA, representou 44,7% da variância total detectada e 4,4 vezes a variância residual. A variância atribuída a locais contribuiu com 35,2% da variância total, sendo a segunda fonte de variação mais importante nessa região. A variância decorrente do efeito de anos se mostrou como a fonte de variação menos importante dentre as que compunham o modelo, representando apenas 10% de toda variância estimada. A média das linhagens nessa região foi superior à região II em termos absolutos, porém com sobreposição da média quando considerados os limites do erro padrão.

Os componentes de variância para a região II apontaram como mais importante a interação de GxLxExA com 38,1% da variância total. A variância de locais, que inclui toda a extensão geográfica da região II, representou 32,0% da variância efetiva superando em 1,76 vezes a variância residual. Esse fato destaca a importância desse componente na variação fenotípica das linhagens. A participação da variância atribuída ao componente ano representa 11,78%, sendo esta inferior à variância residual (18,15%).

As análises via modelo misto indicaram que, para a região I e II, o efeito da interação de genótipos com os componentes ambientais foram determinantes para a variação fenotípica das linhagens avaliadas nos ensaios de VCU. Os efeitos de locais assumiram o segundo lugar em importância para a variação das linhagens. Nesse sentido, é recomendado avaliar as linhagens em rede no maior número possível de locais, principalmente na região I. A flutuação entre anos, das condições de ambiente, contribuiu moderadamente para a variância da resposta fenotípica na análise envolvendo todo o período, no entanto, com as avaliações de VCU são bienais esse efeito pode ser ainda mais reduzido.

Tabela 1. Análise conjunta a partir do ajuste do modelo linear de efeitos mistos para as regiões I e II com os efeitos de genótipo (G) e épocas (E) tomados como fixos e demais componentes aleatórios. (VAR) variância estimada dos efeitos aleatórios; (SD) desvio padrão; (D) deviance dos modelos reduzidos sem as fontes de variação testadas pelo teste LRT (*likelihood ratio test*).

Fontes de variação	Região I (Centro-Sul)			Região II (Central)		
	VAR	SD	D	VAR	SD	D
Locais (L)	433427	658	972***	297820	546	135281***
Anos (A)	123332	351	120041***	109625	331	134523***
G x L x E x A	550779	742	5869***	354301	595	138035***
Resíduo	125003	354	-	168954	411	-
¹ Modelo completo			119868			134352
Média Geral (kg ha ⁻¹)			2403			1966
Erro Padrão (kg ha ⁻¹)			363,8			325,5
CV (%)			14,7			20,9

¹Modelo completo com todos os efeitos e deviance para o teste de significância; *** altamente significativo p-valor < 0,001

Os ensaios da região III foram analisados separadamente devido à ausência do efeito fixo de época de semeadura (Tabela 2). A ausência desse componente simplifica o modelo no que se refere a interação de genótipos com os componentes ambientais.

Para essa região a modelagem foi capaz de captar 88,2% da variância atribuída aos componentes ambientais, dos quais 38,5% são decorrentes do efeito de locais. A interação dos genótipos com os ambientes representou 35,4% da variância, seguido de anos com 14,2% da variância total atribuídas a esse efeito. O que é notório para essa região que locais é o componente de variância mais importante superando a interação GxA. Nesse sentido, para a seleção do genótipo mais estável entre os locais são necessárias técnicas complementares.

Os resultados apontaram que o efeito de anos foi menos importante do que os efeitos de locais na composição da variância total, mesmo considerando todo o período, que para a região III foi de 16 anos. Os locais amostrados para instalação dos ensaios em rede de VCU são locais expressivos no cultivo do feijoeiro comum e que a variação temporal nesses locais pode ser importante, como constatado no ciclo trienal de VCU em que o efeito de anos foi altamente significativo (Tabela 3).

Romagosa and Fox (2002) argumentam que, em geral, a estratégia comum utilizada por melhoristas é avaliar os genótipos em uma ampla gama de condições ambientais representativos da variação temporal e espacial. No entanto, para dar celeridade aos programas os melhoristas optam em substituir a variação temporal pela espacial,

assumindo que as variações em uma extensa região geográfica pode representar a variação entre anos.

Tabela 2. Análise conjunta a partir do ajuste do modelo linear de efeitos mistos para a região III com os efeitos de genótipo (G) tomado como fixo e demais componentes aleatórios. (VAR) variância estimada dos efeitos aleatórios; (SD) desvio padrão; (D) deviance dos modelos reduzidos sem as fontes de variação testadas pelo teste LRT (*likelihood ratio test*).

Fontes de variação	Região III (Nordeste)		
	VAR	SD	D
Locais (L)	231305	481	60649***
Anos (A)	85359	292	60086***
G x L x A	212473	461	62245***
Resíduo	70930	266	-
Modelo completo	-	-	59926
Média Geral (kg ha ⁻¹)			1817,0
Erro Padrão (kg ha ⁻¹)			280,5
CV (%)			14,6

¹Modelo completo com todos os efeitos e deviance para o teste de significância; *** altamente significativo p-valor < 0,001

Para as regiões em que o feijoeiro comum é cultivado em mais de uma época foram realizadas as análises dos componentes ambientais dentro de cada época de cultivo. Os componentes de variância dos efeitos ambientais para região I (Tabela 3), na época das águas, indicaram semelhança na magnitude das estimativas dos efeitos de locais e da interação GxLxA com pequena superioridade desse último. Juntos os dois efeitos representam aproximadamente 66% da variância total. O efeito de anos representou 16,5% da variância detectada pelo modelo. Nessa época, portanto, o efeito de locais associado com a interação GxLxA foram mais importantes e que a seleção acurada de genótipos adaptados a essa época de semeadura requer análises complementares.

Para a época da seca na região I o efeito de local foi mais pronunciado representando 42,5% de toda a variância ambiental. A interação de GxLxA foi menos intensa nessa época cuja a estimativa representou 25,2% da variância. O efeito de anos foi mais acentuado, quando comparado com o mesmo efeito na época das águas nessa mesma região, com 19,0% da variância ambiental. Os resultados indicaram que locais são mais importantes do que anos nas avaliações de VCU, e que a inclusão de mais locais na rede de ensaios é recomendada.

Tabela 3. Análise conjunta a partir do ajuste do modelo linear de efeitos mistos para a região I por época (“Águas” e “Seca”) de semeadura do feijoeiro comum. Efeito de genótipo (G) tomado como fixo e demais componentes aleatórios. (VAR) variância estimada dos efeitos aleatórios; (SD) desvio padrão; (D) deviance dos modelos reduzidos sem as fontes de variação testadas pelo teste LRT (*likelihood ratio test*).

Fontes de variação	Águas			Seca		
	VAR	SD	D	VAR	SD	D
Locais (L)	516308	719	76946***	865915	931	43617***
Anos (A)	130217	361	76246***	173423	416	43154***
G x L x A	523727	724	79341***	304873	552	44856***
Resíduo	148481	385	-	84574	291	-
Modelo completo	-	-	76139			43037
Média Geral (kg ha ⁻¹)			2666,0			2232,0
Erro Padrão (kg ha ⁻¹)			366,3			427,3
CV (%)			14,5			13,0

¹Modelo completo com todos os efeitos e deviance para o teste de significância; *** altamente significativo p-valor < 0,001

Para a região II as estimativas dos componentes de variância para os efeitos ambientais realizados em cada época de semeadura do feijoeiro comum apresentaram resultados semelhantes (Tabela 4). O efeito de locais representou 31,9 e 31,6% para as épocas das águas e inverno respectivamente. A interação GxLxA seguiu a mesma tendência com estimativas que representam 28,4% da variância na época das águas e 27,1% para a época de inverno. Anos foi o componente ambiental menos importante apontado pelo modelo com participação de 20,3% e 19,3% para as épocas das águas e inverno respectivamente. A interação GxLxExA (Tabela 4) para essa região apontou que esse efeito foi o mais importante na composição total da variância detectada, o que não ocorreu com a interação dentro da época (GxLxA). Esse fato indica que apesar da similaridade das estimativas dos componentes de variância dentro da época, nessa região, a seleção de genótipos adaptados às duas épocas de semeadura do feijoeiro comum pode ser dificultada pela interação dos genótipos com locais, épocas e anos.

Tabela 4. Análise conjunta a partir do ajuste do modelo linear de efeitos mistos para a região II por época (“Águas” e “Inverno”) de semeadura do feijoeiro comum. Efeito de genótipo (G) tomado como fixo e demais componentes aleatórios. (VAR) variância estimada dos efeitos aleatórios; (SD) desvio padrão; (D) deviance dos modelos reduzidos sem as fontes de variação testadas pelo teste LRT (*likelihood ratio test*).

Fontes de variação	Águas			Inverno		
	VAR	SD	D	VAR	SD	D
Locais (L)	337267	581	52160***	416480	645	82903***
Anos (A)	137197	370	51783***	154990	394	82331***
G x L x A	267438	517	53052***	306123	553	83919***
Resíduo	123277	351	-	197676	445	-
Modelo completo	-	-	51622	-	-	82194
Média Geral (kg ha ⁻¹)			1894,0			2378,0
Erro Padrão (kg ha ⁻¹)			368,5			359,0
CV (%)			18,5			18,7

¹Modelo completo com todos os efeitos e deviance para o teste de significância; *** altamente significativo p-valor < 0,001

3.3.2. ANÁLISE DE VARIÂNCIA COM DECOMPOSIÇÃO DA INTERAÇÃO GxA

A análise de variância para a região I contou com quatro ciclos de VCU que atenderam aos critérios de balanceamento (Tabela 5). Para essa região os experimentos foram instalados em dois locais, em dois anos e duas épocas, exceto pelo ciclo 2007/2008 que contou com três locais.

No ciclo 2003/2004 os efeitos das interações de genótipos com locais e épocas (GxLxE); e de genótipos com anos, locais e épocas (GxAxLxE) não foram significativos. Ao contrário nesse ciclo o efeito de épocas foi altamente significativo e contribuiu mais para variação total ($R^2 = 42,4\%$), seguido pelo efeito de genótipos ($R^2 = 8,44\%$) e anos ($R^2 = 6,09\%$). O efeito de locais foi altamente significativo ($p < 0,001$), no entanto, a contribuição dessa fonte foi de apenas 1,63% para a variação total. As interações de genótipos com os componentes ambientais são comparáveis entre si. Entre esses componentes a interação GxL foi a mais relevante e representou 53% da soma de quadrados das interações duplas envolvendo genótipos.

Em 2005/2006 os únicos efeitos não significativos foram as interações de genótipos com anos (GxA) e GxAxL. Os efeitos ambientais de épocas ($R^2 = 50,7\%$) e anos (23,5%) representaram quase três quartos da soma de quadrados total. As interações GxE e GxL foram significativas e juntas representaram 78% da soma de quadrados das interações de genótipos com os componentes ambientais isolados. As interações dos componentes ambientais foram altamente significativas com destaque para as envolvendo

locais que representam 87,5% da soma de quadrado dessas fontes. O somatório das contribuições dos efeitos das interações para toda a variação presente nesse ciclo foi de 15,7% e foram importantes para a variação fenotípica.

Diferentemente dos outros ciclos, em 2007/2008 o principal efeito foi de locais, que se mostrou altamente significativo e com a maior contribuição para variação ($R^2 = 45,4\%$), o que pode ser explicado pelo número superior de locais amostrados (três) nesse ciclo de VCU. A interação GxL foi a mais importante entre as interações duplas de genótipos e os componentes ambientais com 50,4% da soma de quadrados desses componentes. A soma das estimativas de R^2 para os efeitos das interações foi de 44,9%, com destaque para a interação dos componentes ambientais, AxLxE, altamente significativo com 21,1% da variação total. Nesse ciclo o comportamento dos genótipos nas épocas das águas e da seca foi semelhante resultando no efeito de épocas não significativo. Para as fontes de variação genótipos e anos, a análise apontou elevada significância para ambos os efeitos, porém, com participação modesta na soma de quadrados total (2,53%).

No ciclo mais recente 2016/2017 o padrão de contribuição para a variação do efeito de época se manifestou novamente, sendo altamente significativo e contribuindo com mais da metade da variação fenotípica total. O somatório das estimativas de R^2 para os efeitos das interações foi de 21,4% nesse ciclo com todos os efeitos significativos, dos quais se destaca a interação LxE com 7,6% de contribuição. As fontes de variação genótipos, locais e anos foram todos significativos, com o efeito de ano apresentando a menor contribuição.

Melo et al. (2007) avaliaram a interação de genótipos com ambientes e estabilidade de genótipos de feijoeiro comum na região I (Centro-sul), destacaram a presença de efeitos significativos para genótipos, ambientes e para interação de genótipos com ambientes. Os autores destacaram a presença de variabilidade genética entre os genótipos testados, o que promove a seleção efetiva, e que os efeitos de ambientes e da interação com genótipos são decorrentes das condições edafoclimáticas de cada ambiente e indicaram estudos de estabilidade para auxiliar na seleção.

Tabela 5. Análise de variância conjunta resumida de quatro ciclos de VCU na região I com decomposição da interação de genótipos por ambientes para produção de grãos (kg ha⁻¹) para feijoeiro comum tipo “carioca”. Dados obtidos em duas épocas de semeadura “seca” e “águas” em 16 ensaios conduzidos nos municípios de Abelardo Luz – SC e Ponta Grossa – PR durante os anos de 2003, 2004, 2005 e 2006; e em 12 ensaios conduzidos em Araucária – PR, Ponta Grossa – PR e Prudentópolis – PR, nos anos 2007 e 2008; e oito ensaios conduzidos em Araucária – PR e Ponta Grossa – PR, nos anos de 2016/2017. (F.V.) fontes de variação, (GL) graus de liberdade, (QM) quadrados médios e (R²) Coeficiente de determinação em porcentagem.

F.V.	2003/2004			2005/2006			2007/2008			2016/2017		
	GL	QM ¹	R ²									
Genótipos (G)	15	1550 ^{***}	8,44	13	8670 ^{***}	1,94	16	949 ^{***}	2,9	19	2600 ^{***}	7,23
Anos (A)	1	16800 ^{***}	6,09	1	105000 ^{***}	23,5	1	3290 ^{***}	0,63	1	9410 ^{***}	1,38
Locais (L)	1	4500 ^{***}	1,63	1	1130 ^{**}	0,25	2	119000 ^{***}	45,4	1	45000 ^{***}	6,58
Épocas (E)	1	117000 ^{***}	42,4	1	227000 ^{***}	50,7	1	69,0 ^{ns}	0,01	1	362000 ^{***}	53,0
G x A	15	606 ^{***}	3,29	13	3160 ^{ns}	0,71	16	271 ^{***}	0,83	19	426 ^{**}	1,18
G x L	15	993 ^{***}	5,4	13	5460 ^{**}	1,22	32	417 ^{***}	2,55	19	576 ^{***}	1,6
G x E	15	262 ^{**}	1,42	13	5620 ^{**}	1,26	16	548 ^{***}	1,68	19	719 ^{***}	2,0
L x E	1	9130 ^{***}	3,31	1	11500 ^{***}	2,57	2	10300 ^{***}	3,96	1	52000 ^{***}	7,61
A x L	1	3690 ^{***}	1,34	1	11300 ^{***}	2,53	2	17600 ^{***}	6,71	1	13300 ^{***}	1,95
A x E	1	6070 ^{***}	2,2	1	3300 ^{***}	0,74	1	12800 ^{***}	2,45	1	6500 ^{***}	0,95
G x L x E	15	136 ^{ns}	0,74	13	3610 [*]	0,81	32	277 ^{***}	1,7	19	554 ^{***}	1,54
G x A x L	15	306 ^{**}	1,67	13	3120 ^{ns}	0,7	32	284 ^{***}	1,74	19	570 ^{***}	1,58
G x A x E	15	632 ^{***}	3,44	13	5270 ^{**}	1,18	16	238 ^{***}	0,73	19	360 [*]	1,0
A x L x E	1	18200 ^{***}	6,6	1	12200 ^{***}	2,73	2	55100 ^{***}	21,1	1	6890 ^{***}	1,01
G x A x L x E	15	181 ^{ns}	0,98	13	5890 ^{***}	1,32	32	233 ^{***}	1,42	19	359 [*]	1,0
Resíduo	256	119,0	11,0	224	35000	7,83	408	79,0	6,19	380	187,0	10,4
Total	383	-	-	335	-	-	611	-	-	539	-	-
Média	-	2949	-	-	3114	-	-	2167	-	-	2176	-
CV(%)	-	11,7	-	-	12,7	-	-	13,0	-	-	19,9	-

¹ x 10³

A região II (Central) contou com três ciclos de VCU que atenderam aos critérios de balanceamento e, portanto, participaram da análise de variância com a decomposição da interação de genótipos com ambientes (Tabela 6).

No ciclo 2001/2002 as interações foram as fontes de variação mais importantes, juntas elas representaram 61% da soma de quadrados total. Destaca-se a interação tripla AxLxE dos fatores ambientais que respondeu pela maior parte da variação total ($R^2 = 34,3\%$). Os locais nesse ciclo, Goiatuba - GO e Planaltina - DF foram contrastantes, evidenciado pelo efeito de locais que foi altamente significativo e contribuiu com 12% da variação total. Épocas de semeadura juntamente com locais representaram 23,4% da variação total. A importância desses dois componentes também se manifestou na interação LxE ($R^2 = 9,18\%$). As interações GxLxE e GxAxLxE foram as únicas fontes não significativas.

Em 2003/2004 o efeito predominante foi de anos que se mostrou altamente significativo e com 41,6% de contribuição para variação total. O somatório das estimativas de R^2 para os efeitos das interações nesse ciclo foi de 27%, com destaque para a interação AxL ($R^2 = 7,31\%$). Os efeitos individuais de locais e épocas foram altamente significativos e contribuíram respectivamente com 5,22 e 8,12% para a variação fenotípica. Torga et al. (2013) avaliaram dados de ensaios de VCU realizados nos mesmos locais e anos (2003/2004) em feijoeiro comum com grãos tipo preto e obtiveram estimativas semelhantes na análise de variância, com efeito de anos bastante pronunciado ($R^2 = 27,7\%$), porém, nesse estudo os autores não detectaram significância para as interações LxExA e GxExA.

No ciclo mais recente 2011/2012 na região II houve predominância do efeito de época ($R^2 = 46,6\%$). Nesse ciclo os efeitos de anos e da interação AxE foram altamente significativos e contribuíram respectivamente com 13,3 e 6,25% para a variação total. Esses componentes ambientais representaram 66,1% da soma de quadrados total. A estimativa de variância residual ($R^2 = 16,1\%$) foi a maior entre os ciclos estudados nessa região e quatro efeitos não significativos e consequentemente apresentou coeficiente de variação experimental mais elevado (C.V. = 25%).

As interações de segunda ordem dos componentes ambientais envolvendo genótipos indicaram que para a Região II a interação GxE foi a mais importante, representando em média 46% da soma de quadrados das interações dessa natureza. Ramalho et al. (1998) concluíram em estudo com feijoeiro comum na Região II (central)

que as interações apresentaram pequena contribuição para a variação total e destacaram que entre elas a interação GxE e GxAn foram as mais expressivas. Diferentemente do que foi apresentado por Ramalho et al. (1998) as interações representaram 36,4% da variação total em média nos ciclos estudados, e ainda, o somatório das interações foram superiores ao erro experimental em todos os ciclos. Isso demonstra que as interações foram determinantes na resposta diferencial dos genótipos nos ambientes.

Tabela 6. Análise de variância conjunta resumida de quatro ciclos de VCU na região II com decomposição da interação de genótipos por ambientes para produção de grãos (kg ha⁻¹) para feijoeiro comum tipo “carioca”. Dados obtidos em duas épocas de semeadura “inverno” e “águas”, em oito ensaios realizados nos municípios Goiatuba – GO e Planaltina – DF nos anos de 2001 e 2002; e oito ensaios nos municípios Rio Verde – GO e Planaltina – DF nos anos de 2003 e 2004 e; oito ensaios nos municípios de Anápolis – GO e Santo Antônio de Goiás – GO nos anos de 2011 e 2012. . (F.V.) fontes de variação, (GL) graus de liberdade, (QM) quadrados médios e (R²) Coeficiente de determinação em porcentagem.

F.V.	2001/2002			2003/2004			2011/2012		
	GL	QM ¹	R ²	GL	QM ¹	R ²	GL	QM ¹	R ²
Genótipos (G)	20	722 ^{***}	3,33	15	461 ^{***}	2,99	16	545 [*]	1,68
Anos (A)	1	4020 ^{***}	0,93	1	96289 ^{***}	41,6	1	68600 ^{***}	13,3
Locais (L)	1	51900 ^{***}	12,0	1	12073 ^{***}	5,22	1	6790 ^{***}	1,31
Épocas (E)	1	49400 ^{***}	11,4	1	18779 ^{***}	8,12	1	241000 ^{***}	46,6
G x A	20	347 ^{***}	1,6	15	406 ^{***}	2,63	16	567 [*]	1,75
G x L	20	514 ^{***}	2,37	15	281 [*]	1,82	16	353 ^{ns}	1,09
G x E	20	525 ^{***}	2,43	15	665 ^{***}	4,32	16	910 ^{***}	2,81
L x E	1	39800 ^{***}	9,18	1	1918 ^{***}	0,83	1	209 ^{ns}	0,04
A x L	1	8450 ^{***}	1,95	1	16910 ^{***}	7,31	1	4290 ^{***}	0,83
A x E	1	15100 ^{***}	3,48	1	499 ^{ns}	0,22	1	32300 ^{***}	6,25
G x L x E	20	228 ^{ns}	1,05	15	303 ^{ns}	1,97	16	686 ^{**}	2,12
G x A x L	20	345 ^{**}	1,59	15	343 ^{**}	2,23	16	346 ^{ns}	1,07
G x A x E	20	410 ^{***}	1,89	15	331 ^{**}	2,15	16	653 ^{**}	2,02
A x L x E	1	149000 ^{***}	34,3	1	2004 ^{***}	0,87	1	7360 ^{***}	1,42
G x A x L x E	20	230 ^{ns}	1,06	15	413 ^{***}	2,68	16	509 ^{ns}	1,57
Resíduo	336	147	11,4	256	136	15,0	272	307	16,1
Total	503	-	-	383	-	-	407	-	-
Média	-	2737	-	-	2778	-	-	2219	-
CV(%)	-	14,0	-	-	13,3	-	-	25,0	-

¹ x 10³

Na região III (Nordeste) o cultivo do feijoeiro comum ocorre apenas na época de semeadura das águas (semeadura entre fevereiro e maio), por isso esse efeito não é computado na análise de variância. Assim, oito fontes de variação foram analisadas nessa região (Tabela 7) em seis ciclos de VCU. Em cada ciclo os locais variaram de dois a oito com todos os critérios de balanceamento atendidos.

Nesse formato o ciclo 2003/2004, com dois locais, apresentou efeitos significativos para todas as fontes de variação, com destaque para o efeito de locais que contribuiu mais para a variação fenotípica total ($R^2 = 60,2\%$). Conjuntamente as interações, nesse ciclo, responderam por 17,6% da variação, com destaque para a interação de genótipos com locais e anos que explicou 5,54% da variação.

No ciclo 2005/2006 o efeito de locais foi ainda mais pronunciado que o ciclo anterior com 70,6% da variação total foi atribuída a esse componente. As interações para esse ciclo somadas responderam por 16,7% da variação, das quais a interação GxL contribuiu mais para a variação total ($R^2 = 7,37\%$). Nesse cenário, para uma seleção adequada análises de adaptabilidade e estabilidade são indicadas.

A análise de variância para o ciclo 2007/2008 apontou efeitos significativos para todas as fontes de variação. Os efeitos de anos e locais contribuíram de forma semelhante para a variação total, com valores do coeficiente de determinação na ordem de 27,3 e 23,5% respectivamente. A interação de GxAxL ($R^2 = 9,9\%$) foi inferior do que a interação de anos e locais ($R^2 = 12,0\%$), indicando uma predominância de efeitos ambientais na variação total. Nesse ciclo de VCU os genótipos interagiram de forma mais pronunciada com locais ($R^2 = 6,85\%$) do que com anos ($R^2 = 2,92\%$). Assim, apesar do efeito de anos isoladamente ter sido superior (3,8%) do que o efeito de locais, estes foram mais importantes para a variação entre genótipos.

Pereira et al. (2013) em ensaios com feijoeiro comum no estado de Pernambuco (região III – nordeste) estimaram, para produção de grãos, os efeitos das fontes de variação com decomposição da interação de genótipos com ambientes. Nesse estudo os autores obtiveram estimativas para o coeficiente de determinação de 34,8% para locais e 25,3% para anos, com quatro locais avaliados. Os resultados deste trabalho para esse ciclo, com cinco locais, no entanto indicou os efeitos de anos predominantes. Essa discrepância pode estar relacionada ao tipo de genótipos, que no presente trabalho foram linhagens e não cultivares, outro ponto que pode estar relacionado é a distribuição geográfica dos locais que foram em diferentes estados da região III.

No ciclo 2009/2010 o efeito da interação genótipos com anos não foi significativo. O efeito de locais nesse ciclo representa a maior parte da variação total $R^2 = 61,1\%$, o que representa 2,4 vezes a soma da participação das interações. Essa diferença pode indicar que a resposta diferencial das linhagens é mais acentuada entre locais devido às suas diferenças edafoclimáticas. O município Coronel João Sá no estado da Bahia foi incluído nessa região por fazer divisa com o município de Carira no estado de Sergipe e compartilharem de características edafoclimáticas semelhantes. Como o estado da Bahia apresenta grande variação devido a sua extensão os locais mais ao norte/nordeste do estado foram incluídos na região III.

Em 2011/2012 o efeito de anos não foi significativo e o efeito de locais respondeu por 69,0% da variação total correspondendo a 2,2 vezes a soma de todas as demais fontes de variação, incluindo a variância residual. O ciclo de VCU mais recente para essa região compreende o período de avaliação trienal, 2013, 2014 e 2015, nesse ciclo o efeito de anos foi altamente significativo e preponderante sobre os demais efeitos ($R^2 = 55,85\%$) o que indica que anos nesse cenário foram mais importantes do que locais. A interação de anos com locais ($R^2 = 10,9\%$) foi quase dez vezes maior que o efeito de locais isolados ($R^2 = 1,15\%$). Para esse ciclo análises complementares de estabilidade no sentido temporal são indicadas.

O efeito de genótipo foi altamente significativo em todos os ciclos indicando a presença de variabilidade genética para a seleção efetiva. Houve a prevalência dos efeitos de locais em quatro dos seis ciclos de VCU estudados, evidenciado que esse fator é o componente ambiental mais importante na resposta fenotípica dos genótipos de feijoeiro comum avaliada nessa região. Desta forma, deve ser priorizada a escolha de locais representativos da região para avaliação das linhagens em rede.

Pereira et al. (2013) avaliaram a interação entre genótipos de feijoeiro e ambientes no estado de Pernambuco, nesse estudo os autores detectaram interação significativa de genótipos com ambientes. Esse fato indica que os genótipos responderam de forma diferencial aos ambientes para o caráter produtividade de grãos. Assim, os autores precederam com análises complementares para determinar a estabilidade dos genótipos e por meio da metodologia apropriada indicaram cinco genótipos que possuem 75% de probabilidade de produzirem acima da média e concluem que os locais são informativos e que devido a existência da interação a avaliação em um maior número de locais e anos é recomendada.

Tabela 7. Análise de variância conjunta resumida de seis ciclos de VCU na região III com decomposição da interação de genótipos por ambientes para produção de grãos (kg ha⁻¹) de feijoeiro comum tipo “carioca”. Dados obtidos em 52 ensaios de VCU conduzidos nos municípios de: Arapiraca-AL nos anos 2005, 2006, 2009, 2010, 2013, 20014 e 2015; Arco Verde-PE nos anos de 2009 e 2010; Belém do São Francisco-PE nos anos de 2009 a 2012; Carira-SE nos anos de 2007 a 2015; Caruaru-PE nos anos de 2009 e 2010; Coronel João Sá -BA nos anos de 2009 e 2010; Frei Paulo -SE nos anos 2007, 2008, 2011 e 2012; Iguaci -AL em 2007 e 2008; Nossa Senhora das dores -SE nos anos de 2003 a 2006; Pirapiranga -BA nos anos de 2005 a 2012; São João-PE nos anos de 2009/2010 e; Simão Dias -SE nos anos de 2003 a 2008. (F.V.) fontes de variação, (GL) graus de liberdade, (QM) quadrado médio e (R²) Coeficiente de determinação em porcentagem.

F.V.	2003/2004			2005/2006			2007/2008			2009/2010			2011/2012			2013/2014/2015		
	GL	QM ¹	R ²	GL	QM ¹	R ²												
Genótipos (G)	15	405 ^{***}	7,75	13	525 ^{***}	3,95	16	560 ^{***}	4,16	15	366 ^{***}	1,53	16	269 ^{***}	2,05	13	437 ^{***}	6,97
Anos (A)	1	381 [*]	0,49	1	1293 ^{***}	0,75	1	58968 ^{***}	27,3	1	3397 ^{***}	0,94	1	46 ^{ns}	0,02	1	45566 ^{***}	55,85
Locais (L)	1	47251 ^{***}	60,2	3	40683 ^{***}	70,6	4	12669 ^{***}	23,5	7	31396 ^{***}	61,1	3	48380 ^{***}	69,0	1	940 ^{**}	1,15
G x A	15	159 [*]	3,04	13	288 ^{***}	2,17	16	394 ^{***}	2,92	15	125 ^{ns}	0,52	16	239 ^{***}	1,82	13	281 ^{***}	4,47
G x L	15	280 ^{***}	5,36	39	326 ^{***}	7,37	64	231 ^{***}	6,85	105	189 ^{***}	5,51	48	231 ^{***}	5,28	13	356 ^{***}	5,67
A x L	1	2887 ^{***}	3,68	3	2359 ^{***}	4,09	4	6458 ^{***}	12,0	7	7110 ^{***}	13,8	3	6329 ^{***}	9,03	1	8855 ^{***}	10,86
G x A x L	15	290 ^{***}	5,54	39	138 ^{***}	3,11	64	334 ^{***}	9,91	105	186 ^{***}	5,42	48	171 ^{***}	3,91	13	219 ^{**}	3,49
Resíduo	128	85	13,9	224	61	7,94	340	85	13,4	512	78	11,2	272	68	8,84	112	84	11,54
Total	191	-	-	335	-	-	509	-	-	767	-	-	407	-	-	167	-	-
Média	-	2693	-	-	1954	-	-	2515	-	-	2218	-	-	2468	-	-	2851	-
CV(%)	-	10,8	-	-	12,7	-	-	11,6	-	-	12,6	-	-	10,6	-	-	10,2	-

¹ x 10³

3.3.3. DECOMPOSIÇÃO DA INTERAÇÃO EM PARTE SIMPLES E COMPLEXA

Os ciclos de VCU 2003/2004 (C2) e 2005/2006 (C3) na região I foram realizados nos municípios de Abelardo Luz-SC e Ponta Grossa - PR na época das águas e da seca (Tabela 8). Nesses ciclos a interação entre os ambientes combinados dois a dois foi predominantemente complexa. São considerados interação complexa estimativas maiores ou iguais a 50 (Cruz et al., 2012). Nesse sentido apenas duas combinações no ciclo C2 e duas no ciclo C3 foram predominantemente simples, o que representa 7,1% das combinações nesses dois ciclos. No ciclo 2007/2008 (C4) os ensaios foram conduzidos em Araucária - PR, Ponta Grossa - PR e Prudentópolis - PR nas duas épocas de semeadura do feijoeiro comum para essa região. Nesse ciclo 87,9% das análises foram predominantemente complexas, e 12,1% predominantemente simples. Os ensaios foram realizados em municípios do mesmo estado (PR) o que pode ter contribuído para o percentual mais elevado de interações do tipo simples. O ensaios realizados em Araucária - PR na época das águas apresentou mais interações do tipo simples com os ensaios realizados em Ponta Grossa - PR, enquanto os ensaios na época seca apresentaram esse tipo de interação quando combinados com Prudentópolis - PR. No ciclo 2016/2017 (C8) 11,1% das combinações apresentaram o tipo simples de interação. Os ensaios realizados em Araucária - PR na época da seca em 2016 apresentou interação simples com o ensaio realizado no mesmo município na época das águas em 2017. Esse fato fornece o indicativo do efeito de anos e épocas sobre o padrão de comportamento das linhagens testadas.

Pereira et al. (2009) avaliaram a estabilidade e adaptabilidade de genótipos de feijoeiro comum em estados da região centro-sul do Brasil (Região I) obtiveram estimativas semelhantes de combinações de ambientes com interação GxA predominantemente simples. Nesse trabalho os autores obtiveram 7,4% das combinações com esse tipo de interação, enquanto no presente trabalho foram 7,1% das combinações apresentaram interação GxA do tipo simples. Os autores reforçaram a necessidade de estudos de estabilidade pormenorizados para a recomendação dos genótipos mais adaptados.

Tabela 8. Decomposição da interação em parte simples e complexa para a região I em quatro ciclos de VCU (C2, C3, C4 e C8). Acima da diagonal estão as estimativas de correlação de Pearson para produção de grãos entre os pares de ambientes. Abaixo da diagonal estão as estimativas da decomposição, (cod.amb) representa a codificação dos ambientes presente na coluna Ambientes.

Ambientes	cod.amb	Matrizes											
		AC2	BC2	CC2	DC2	EC2	FC2	GC2	HC2				
Abelardo Luz-SC/Seca/03	AC2	-	0,23	0,42	0,37	0,21	0,21	0,19	0,20	-	-	-	-
Abelardo Luz-SC /Seca/04	BC2	87	-	0,70*	0,03	-0,13	-0,05	0,33	-0,33	-	-	-	-
Abelardo Luz-SC /Águas/03	CC2	63	44	-	0,29	0,11	-0,12	0,48	-0,17	-	-	-	-
Abelardo Luz-SC /Águas/04	DC2	76	98	81	-	0,26	0,41	0,25	0,54*	-	-	-	-
Ponta Grossa-PR/Seca/03	EC2	76	100	94	83	-	0,43	0,52*	0,65*	-	-	-	-
Ponta Grossa-PR /Seca/04	FC2	78	97	100	74	75	-	-0,04	0,74*	-	-	-	-
Ponta Grossa-PR /Águas/03	GC2	87	80	68	87	65	100	-	0,14	-	-	-	-
Ponta Grossa-PR /Águas/04	HC2	63	97	100	51	53	42	78	-	-	-	-	-
		AC3	BC3	CC3	DC3	EC3	FC3	GC3	HC3	-	-	-	-
Abelardo Luz-SC/Seca/05	AC3	-	0,43	-0,16	0,10	0,51	0,63*	0,18	0,20	-	-	-	-
Abelardo Luz-SC/Seca/06	BC3	38	-	0,20	-0,11	0,18	0,42	-0,06	0,22	-	-	-	-
Abelardo Luz-SC/Águas/05	CC3	100	72	-	0,32	-0,39	-0,02	-0,18	0,04	-	-	-	-
Abelardo Luz-SC/Águas/06	DC3	72	100	76	-	0,08	0,07	0,01	-0,21	-	-	-	-
Ponta Grossa-PR/Seca/05	EC3	57	76	100	92	-	0,33	-0,13	0,20	-	-	-	-
Ponta Grossa-PR/Seca/06	FC3	44	63	100	94	82	-	0,49	0,49	-	-	-	-
Ponta Grossa-PR/Águas/05	GC3	69	98	100	100	100	69	-	-0,36	-	-	-	-
Ponta Grossa-PR/Águas/06	HC3	80	71	98	100	89	71	100	-	-	-	-	-

Tabela 8. Continuação.

Ambientes	cod.amb	Matrizes											
		AC4	BC4	CC4	DC4	EC4	FC4	GC4	HC4	IC4	JC4	LC4	KC4
Araucária-PR/Seca/07	AC4	-	0,49	-0,25	-0,59*	0,35	-0,10	-0,16	-0,25	0,80*	0,51*	0,80*	-0,12
Araucária-PR/Seca/08	BC4	70	-	0,02	-0,22	0,02	-0,06	0,13	-0,11	0,48	0,46	0,47	0,21
Araucária-PR/Águas/07	CC4	100	68	-	0,51*	-0,04	0,40	0,57*	0,27	-0,23	0,02	-0,23	0,48
Araucária-PR/Águas/08	DC4	100	98	40	-	0,14	0,59*	0,61*	0,29	-0,65*	-0,13	-0,65*	0,42
Ponta Grossa-PR/Seca/07	EC4	80	99	99	76	-	0,23	0,36	0,11	0,10	0,36	0,10	0,06
Ponta Grossa-PR/Seca/08	FC4	100	100	77	39	87	-	0,41	0,17	-0,34	-0,08	-0,34	0,26
Ponta Grossa-PR/Águas/07	GC4	100	90	66	33	78	76	-	0,42	-0,22	0,23	-0,22	0,56*
Ponta Grossa-PR/Águas/08	HC4	87	75	41	77	60	51	32	-	-0,35	-0,27	-0,35	-0,13
Prudentópolis-PR/Seca/07	IC4	41	67	98	100	88	100	98	100	-	0,51*	0,80*	-0,04
Prudentópolis -PR/Seca/08	JC4	67	68	85	100	74	95	73	97	70	-	0,51*	0,46
Prudentópolis -PR/Águas/07	LC4	41	67	98	100	89	100	98	100	38	70	-	-0,04
Prudentópolis -PR/Águas/08	KC4	100	87	60	68	94	79	54	85	100	73	100	-
		AC8	BC8	CC8	DC8	EC8	FC8	GC8	HC8	IC8	-	-	-
Araucária-PR/Seca/16	AC8	-	0,69*	0,62*	0,34	0,58*	0,78*	0,54*	-0,19	0,18	-	-	-
Araucária-PR/Seca/17	BC8	55	-	0,43	0,43	0,76*	0,68*	0,59*	0,21	0,13	-	-	-
Araucária-PR/Águas/16	CC8	54	73	-	0,32	0,60*	0,52*	0,45*	0,08	0,54*	-	-	-
Araucária-PR/Águas/17	DC8	50	49	67	-	0,46*	0,09	0,20	-0,12	0,15	-	-	-
Ponta Grossa-PR/Seca/16	EC8	51	37	61	64	-	0,65*	0,45*	0,02	0,31	-	-	-
Ponta Grossa-PR/Seca/17	FC8	29	46	66	89	59	-	0,63*	0,07	0,10	-	-	-
Ponta Grossa-PR/Águas/16	GC8	60	60	74	76	73	59	-	0,25	0,31	-	-	-
Ponta Grossa-PR/Águas/17	HC8	100	84	95	97	99	96	86	-	0,33	-	-	-
Ponta Grossa-PR/Águas/16	IC8	70	79	60	90	81	93	77	78	-	-	-	-

*: significativo a 0,05 de probabilidade pelo teste t de student.

Na região II (Tabela 9) houve apenas duas ocorrências de interação predominantemente simples. No município de Goiatuba - GO no ciclo 2001/2002 entre épocas em anos diferentes (CC1 x BC1) houve predominância da parte simples da interação. No ciclo 2003/2004 a interação do tipo simples ocorreu entre os municípios de Rio Verde – GO e Planaltina – DF em anos e épocas diferentes. Nos demais ciclos o tipo de interação predominante foi complexa para todas as possíveis combinações de ambientes.

Tabela 9. Decomposição da interação em parte simples e complexa para a região II em três ciclos de VCU (C1, C2 e C6). Acima da diagonal estão as estimativas de correlação de Pearson para produção de grãos entre os pares de ambientes. Abaixo da diagonal estão as estimativas da decomposição, (cod.amb) representa a codificação dos ambientes presente na coluna Ambientes.

Ambientes	cod.amb	Matrizes							
		AC1	BC1	CC1	DC1	EC1	FC1	GC1	HC1
Goiatuba- GO/Águas/01	AC1	-	0,30	0,21	0,36	-0,33	0,02	-0,26	0,20
Goiatuba- GO/Águas/02	BC1	80	-	0,52*	0,03	0,11	0,28	0,17	0,14
Goiatuba- GO/Inverno/01	CC1	81	48	-	-0,02	-0,01	0,03	0,44	0,41
Goiatuba- GO/Inverno/02	DC1	73	82	100	-	-0,14	-0,12	-0,09	0,38
Planaltina- DF/Águas/01	EC1	100	81	100	100	-	0,21	0,44	0,11
Planaltina- DF/Águas/02	FC1	96	73	97	100	89	-	-0,31	-0,13
Planaltina- DF/Inverno/01	GC1	100	78	74	100	75	100	-	0,50*
Planaltina- DF/Inverno/02	HC1	89	90	67	70	89	100	65	-
		AC2	BC2	CC2	DC2	EC2	FC2	GC2	HC2
Planaltina- DF/Águas/03	AC2	-	-0,24	-0,03	-0,08	-0,33	0,00	-0,28	0,05
Planaltina- DF/Águas/04	BC2	100	-	-0,11	-0,40	0,24	0,23	-0,05	0,15
Planaltina- DF/Inverno/03	CC2	97	92	-	0,22	0,25	0,05	0,27	0,18
Planaltina-DF/Inverno/04	DC2	98	100	68	-	-0,39	-0,31	0,32	0,37
Rio Verde- GO/Inverno/03	EC2	100	85	62	100	-	0,28	0,16	-0,07
Rio Verde- GO/Inverno/04	FC2	100	85	91	100	77	-	-0,07	-0,05
Rio Verde- GO/Águas/03	GC2	100	100	70	81	89	100	-	0,05
Rio Verde- GO/Águas/04	HC2	70	76	47	66	96	78	81	-
		AC6	BC6	CC6	DC6	EC6	FC6	GC6	HC6
Anápolis- GO/Inverno/11	AC6	-	0,09	-0,35	0,14	0,19	-0,23	0,36	0,34
Anápolis- GO/Inverno/12	BC6	95	-	-0,12	0,01	-0,15	0,22	-0,01	-0,18
Anápolis- GO/Águas/11	CC6	94	77	-	0,16	-0,50*	-0,11	0,34	-0,20
Anápolis- GO/Águas/12	DC6	86	89	83	-	-0,39	-0,11	0,57*	-0,10
¹ SADG- GO/Inverno/11	EC6	87	100	100	100	-	-0,07	-0,29	0,11
SADG- GO/Inverno/12	FC6	100	84	90	100	100	-	-0,40	-0,40
SADG- GO/Águas/11	GC6	80	100	52	54	100	100	-	0,27
SADG- GO/Águas/12	HC6	65	91	100	100	89	100	67	-

¹Santo Antônio de Goiás-GO; *: significativo a 0,05 de probabilidade pelo teste t de student.

Na região III todas as combinações nos ciclos 2003/2004 (C2) e 2011/2012 (C6) foram do tipo complexa. No ciclo 2005/2006 (C3) 78,6% das combinações de ambientes dois a dois resultaram em interações desse tipo (Tabela 10). Nesse ciclo as duas combinações de ensaios realizados nos estados de Alagoas e Sergipe apresentaram em interação do tipo simples por dois anos consecutivos. Os ensaios realizados no estado da Bahia, que pertence à região II, mas foi incluído nessa análise pela proximidade geográfica, apresentaram apenas interações do tipo complexa. Em 2007/2008 (C4) o ensaio realizado no município de Pirapiranga – BA apresentou interação simples quando combinado com o experimento de Carira – SE, esses municípios apesar de estarem localizados em estados diferentes estão a pouco mais de 60 km de distância um do outro e compartilham de condições edafoclimáticas semelhantes. Para o ciclo 2009/2010 (C5) foram 120 possíveis combinações dois a dois de ambientes, das quais apenas três apresentaram interação do tipo simples (2,5%). Esse ciclo contou com mais ensaios instalados em estados diferentes sendo que uma das interações simples ocorreu dentro do mesmo estado em anos diferentes e os demais entre os estados da BA e SE no mesmo ano.

A decomposição da interação de genótipo com ambientes em partes simples e complexa nos ciclos de VCU nas três regiões avaliadas indicaram a prevalência da parte complexa na interação. A tendência de ocorrência de resposta diferencial dos genótipos exige métodos eficazes de avaliação da estabilidade das linhagens candidatas. A ocorrência da interação GxA do tipo complexa, por outro lado, também permite a seleção dos genótipos mais adaptados pelo indicativo da resposta dos genótipos nos ambientes desfavoráveis que fornece a pressão de seleção necessária para esses ambientes.

Tabela 10. Decomposição da interação em parte simples e complexa para a região III em seis ciclos de VCU (C2, C3, C4, C5, C6 e C7). Acima da diagonal estão as estimativas de correlação de Pearson para produção de grãos entre os pares de ambientes. Abaixo da diagonal da matriz estão as estimativas da decomposição, (cod.amb) representa a codificação dos ambientes presente na coluna Ambientes.

Ambientes	Matrizes										
	cod.amb	AC2	BC2	CC2	DC2	-	-	-	-	-	-
Nossa Senhora Das Dores-SE/Águas/03	AC2	-	0,18	0,001	0,39	-	-	-	-	-	-
Nossa Senhora Das Dores-SE/Águas/04	BC2	73	-	-0,24	-0,01	-	-	-	-	-	-
Simão Dias-SE/Águas/03	CC2	76	100	-	0,35	-	-	-	-	-	-
Simão Dias-SE/Águas/04	DC2	72	96	69	-	-	-	-	-	-	-
		AC7	BC7	CC7	DC7	-	-	-	-	-	-
Arapiraca-AL/Águas/13	AC7	-	0,06	0,23	0,10	-	-	-	-	-	-
Arapiraca-AL/Águas/14	BC7	70	-	-0,27	-0,01	-	-	-	-	-	-
Carira-SE/Águas/13	CC7	82	100	-	0,39	-	-	-	-	-	-
Carira-SE/Águas/14	DC7	95	70	68	-	-	-	-	-	-	-
		AC3	BC3	CC3	DC3	EC3	FC3	GC3	HC3	-	-
Arapiraca-AL/Águas/05	AC3	-	0,22	0,51	0,22	0,24	-0,09	-0,08	0,14	-	-
Arapiraca-AL/Águas/06	BC3	87	-	0,51	0,80*	-0,30	0,06	0,06	0,56*	-	-
Nossa Senhora Das Dores-SE/Águas/05	CC3	30	36	-	0,58*	-0,03	-0,35	0,14	0,48	-	-
Nossa Senhora Das Dores-SE/Águas/06	DC3	88	40	24	-	-0,35	0,06	0,28	0,75*	-	-
Paripiranga-BA/Águas/05	EC3	79	100	82	100	-	0,49	-0,31	-0,47	-	-
Paripiranga-BA/Águas/06	FC3	97	94	99	87	71	-	-0,19	-0,05	-	-
Simão Dias-SE/Águas/05	GC3	100	91	45	84	100	95	-	0,47	-	-
Simão Dias-SE/Águas/06	HC3	84	62	50	33	100	100	54	-	-	-

Tabela 10. Continuação.

Ambientes	Matrizes										
	cod.amb	AC6	BC6	CC6	DC6	EC6	FC6	GC6	HC6	-	-
Belém Do São Francisco-PE/Águas/11	AC6	-	0,01	0,46	0,19	-0,10	-0,42	-0,31	0,42	-	-
Belém Do São Francisco-PE/Águas/12	BC6	90	-	0,10	0,45	-0,16	0,19	0,07	0,06	-	-
Carira-SE/Águas/11	CC6	69	72	-	0,29	-0,08	-0,32	0,22	0,17	-	-
Carira-SE/Águas/12	DC6	88	70	72	-	-0,44	0,06	0,10	0,11	-	-
Frei Paulo-SE/Águas/11	EC6	100	99	100	100	-	0,34	-0,10	0,02	-	-
Frei Paulo-SE/Águas/12	FC6	100	89	98	95	73	-	-0,06	-0,05	-	-
Paripiranga-BA/Águas/11	GC6	100	78	88	86	100	88	-	-0,11	-	-
Paripiranga-BA/Águas/12	HC6	72	95	76	94	95	100	95	-	-	-
		AC4	BC4	CC4	DC4	EC4	FC4	GC4	HC4	IC4	JC4
Carira-SE /Águas/07	AC4	-	0,33	-0,14	-0,09	-0,18	0,44	0,13	-0,10	0,06	0,28
Carira-SE /Águas/08	BC4	81	-	-0,03	0,08	-0,25	0,72*	0,23	0,20	0,39	0,74*
Frei Paulo-SE /Águas/07	CC4	72	59	-	-0,34	-0,12	-0,10	0,25	0,25	0,11	0,10
Frei Paulo-SE /Águas/08	DC4	97	93	62	-	-0,04	0,33	0,14	0,01	0,19	0,15
Igaci-AL/Águas/07	EC4	100	100	76	91	-	-0,20	-0,27	0,15	0,34	-0,23
Igaci-AL/Águas/08	FC4	73	44	79	64	100	-	0,33	0,22	0,15	0,91*
Paripiranga-BA/Águas/07	GC4	93	85	55	81	100	81	-	-0,20	-0,03	0,30
Paripiranga-BA/Águas/08	HC4	100	89	44	94	89	83	100	-	0,11	0,37
Simão Dias-SE /Águas/07	IC4	91	65	75	67	78	91	99	84	-	0,11
Simão Dias-SE /Águas/08	JC4	85	50	56	86	100	24	82	79	87	-

Tabela 10. Continuação.

Ambientes	Matrizes																
	cod.amb	AC5	BC5	CC5	DC5	EC5	FC5	GC5	HC5	IC5	JC5	KC5	LC5	MC5	NC5	OC5	PC5
Arapiraca-AL/Águas/09	AC5	-	-0,19	-0,17	0,41	0,38	-0,42	0,22	-0,26	-0,17	0,28	0,46	-0,35	0,03	0,24	-0,66*	-0,05
Arapiraca-AL/Águas/10	BC5	100	-	0,45	0,30	0,11	-0,10	-0,04	0,55*	0,20	-0,14	-0,16	0,19	0,52*	0,15	0,55*	0,12
Arco Verde-PE/Águas/09	CC5	100	59	-	0,35	0,13	-0,01	-0,05	0,33	0,23	0,06	-0,31	0,15	0,11	-0,39	0,57*	0,37
Arco Verde-PE/Águas/10	DC5	54	48	69	-	0,42	-0,30	0,19	0,15	0,33	-0,16	0,13	-0,05	0,05	0,07	-0,01	0,29
Belém Do São Francisco-PE/Águas/09	EC5	79	90	91	53	-	-0,44	0,29	0,04	-0,08	-0,03	0,43	0,14	0,05	0,41	-0,04	0,12
Belém Do São Francisco-PE/Águas/10	FC5	100	78	96	100	100	-	-0,42	-0,01	-0,02	0,01	-0,37	-0,13	-0,04	-0,34	0,06	-0,11
Carira-SE/Águas/09	GC5	82	100	88	52	77	91	-	0,28	-0,16	-0,24	0,46	0,15	0,36	0,63*	-0,09	-0,01
Carira-SE/Águas/10	HC5	100	56	81	78	97	93	72	-	-0,12	-0,39	-0,10	0,68*	0,41	0,21	0,36	0,39
Caruaru-PE/Águas/09	IC5	100	82	87	64	100	92	99	100	-	-0,34	-0,06	-0,30	-0,15	-0,38	0,35	0,15
Caruaru-PE/Águas/10	JC5	78	100	81	71	96	69	100	100	100	-	0,03	-0,11	0,09	-0,03	-0,24	-0,25
Coronel João Sá-BA/Águas/09	KC5	72	100	100	65	74	99	71	100	100	96	-	-0,15	0,09	0,64*	-0,19	0,02
Coronel João Sá-BA/Águas/10	LC5	100	89	72	61	83	72	92	36	100	100	100	-	0,27	0,23	0,27	0,32
Paripiranga-BA/Águas/09	MC5	96	55	95	87	95	97	64	76	100	81	89	65	-	0,54*	0,22	0,24
Paripiranga-BA/Águas/10	NC5	85	81	100	85	74	100	43	89	100	88	52	69	68	-	-0,02	-0,07
São João-PE/Águas/09	OC5	100	67	51	68	99	71	100	71	74	100	100	84	77	92	-	0,26
São João-PE/Águas/10	PC5	100	93	71	56	93	87	98	73	89	100	99	77	81	98	85	-

*: significativo a 0,05 de probabilidade pelo teste t de student.

3.4 CONCLUSÕES

- i. Na região I (Centro-sul) os fatores ambientais que mais contribuíram para a variação total foram épocas e locais nessa ordem.
- ii. A interação de GxL e de GxE foram predominantes na região I entre as interações dos fatores envolvendo genótipos.
- iii. Na região II os fatores ambientais épocas, anos e locais foram os que participaram com a maior parte da variação total.
- iv. A interação de GxE foi a mais expressiva entre as interações dos fatores ambientais envolvendo genótipos na região II.
- v. Na região III as principais fontes de variação para os efeitos isolados foram locais e anos, nessa ordem.
- vi. Os componentes de variância indicaram que a interação de genótipos com os componentes ambientais foram mais importantes para as regiões I e II, e para região III o efeito de local foi mais relevante.
- vii. O efeito de local é o componente de variância isolado que mais contribui para a variação total em todas as regiões.
- viii. A interação do tipo complexa foi predominante entre os ensaios combinados em todas as regiões.

de feijoeiro comum na Região Centro-Sul do Brasil. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Rio de Janeiro, v. 42, n. 5, p. 715-723, 2007.

PEREIRA, H. S.; DA COSTA, A. F.; MELO, L. C.; DEL PELOSO, M. J.; DE FARIA, L. C.; WENDLAND, A. Interação entre genótipos de feijoeiro e ambientes no Estado de Pernambuco: estabilidade, estratificação ambiental e decomposição da interação. **Semina Ciências Agrárias**, Londrina, v. 34, n. 6, p. 2603-2613, 2013.

PEREIRA, H. S.; MELO, L. C.; DE FARIA, L. C.; CABRERA DIAZ, J. L.; DEL PELOSO, M. J.; DA COSTA, J. G. C.; WENDLAND, A. Stability and adaptability of carioca common bean genotypes in states of the central South Region of Brazil. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, Londrina, v. 9, p. 181-188, 2009.

R CORE TEAM. **R: A language and environment for statistical computing**. Vienna: Foundation for Statistical Computing, 2015.

RAMALHO, M.; ABREU, A.; DOS SANTOS, P. Interações genótipos x épocas de semeadura, anos e locais na avaliação de cultivares de feijão nas regiões Sul e Alto Paranaíba em Minas Gerais. **Ciência e Agrotecnologia**, Lavras, v. 22, n. 2, p. 176-181, 1998.

ROMAGOSA, I.; FOX, P. N. Genotype by environment interaction and adaptation in barley breeding: basic concepts and methods of analysis. In: VAN EEUWIJK, F.; IGARTUA, E.; ROMAGOSA, I. (Ed.). **Barley science: Recent advances from molecular biology to agronomy of yield and quality**. Binghamton: Food Products Press, 2002. 205 p.

SOARES, I.; REZENDE, P.; BRUZI, A.; ZAMBIAZZI, E.; ZUFFO, A.; SILVA, K.; GWINNER, R. Adaptability of soybean cultivars in different crop years. **Genetics and molecular research: GMR**, Ribeirão Preto, v. 14, n. 3, p. 8995, 2015.

SOZEN, O.; KARADAVUT, U.; OZCELIK, H.; BOZOGLU, H.; AKCURA, M. Genotype x environment interaction of some dry bean (*Phaseolus vulgaris* L.) genotypes. **Legume Research**, New Deli, v. 41, n. 2, p. 189-195, 2018.

TORGA, P. P.; MELO, P. G. S.; PEREIRA, H. S.; DE FARIA, L. C.; DEL PELOSO, M. J.; MELO, L. C. Interaction of common beans cultivars of the black group with years, locations and sowing seasons. **Euphytica**, Dordrecht, v. 189, n. 2, p. 239-248, 2013.

YAN, W.; FRÉGEAU-REID, J.; PAGEAU, D.; MARTIN, R. Genotype-by-environment interaction and trait associations in two genetic populations of oat. **Crop Science**, Madison, v. 56, n. 3, p. 1136-1145, 2016.

Apêndice A. Número e relação de genótipos por ciclo de ensaios de Valor de Cultivo e Uso (VCU) de feijoeiro-comum, do grupo comercial carioca, no período de 2001 a 2017.

N ¹	2001/2002	2003/2004	2005/2006	2007/2008	2009/2010	2011/2012	2013/2014/2015	2016/2017
1	PÉROLA	PÉROLA (T)	PÉROLA (T)	PÉROLA (T)	PÉROLA (T)	PÉROLA (T)	BRS ESTILO (T)	ANFC9 (T)
2	ETÉ (T)	CARIOCA PITOCO (T)	BRS PONTAL (T)	BRS PONTAL (T)	BRS ESTILO (T)	BRS ESTILO (T)	BRS NOTÁVEL (T)	BRS FC402 (T)
3	LH 11 (T)	CARIOCA 11 (T)	IAPAR 81 (T)	BRS COMETA (T)	BRS COMETA (T)	BRS SUBLIME (T)	IPR 139 (T)	BRS ESTILO (T)
4	CII 102 (T)	IAPAR 81 (T)	FT MAGNÍFICO (T)	IPR JURITI (T)	IPR JURITI (T)	CNFC 10762 (T)	PÉROLA (T)	IPR BEM-TE-VI (T)
5	CNFC 8044	FT MAGNÍFICO (T)	CNFC 10432	CNFC 10762	CNFC 11948	CNFC 15003	CNFC 15458	PÉROLA (T)
6	CNFC 8045	CNFC 8009	CNFC 10429	CNFC 10721	CNFC 11946	CNFC 15010	CNFC 15460	CNFC 15713
7	CNFC 8048	CNFC 9518	CNFC 10431	CNFC 10813	CNFC 11944	CNFC 15018	CNFC 15462	CNFC 15743
8	CNFC 8051	CNFC 9504	CNFC 10438	CNFC 10703	CNFC 11952	CNFC 15023	CNFC 15475	CNFC 15801
9	CNFC 8052	CNFC 9461	CNFC 10455	CNFC 10713	CNFC 11945	CNFC 15025	CNFC 15480	CNFC 15805
10	CNFC 8055	CNFC 9506	CNFC 10408	CNFC 10729	CNFC 11954	CNFC 15033	CNFC 15497	CNFC 15820
11	CNFC 8058	CNFC 9458	CNFC 10470	CNFC 10716	CNFC 11951	CNFC 15035	CNFC 15504	CNFC 15826
12	CNFC 8059	CNFC 9500	CNFC 10444	CNFC 10742	CNFC 11966	CNFC 15038	CNFC 15507	CNFC 15839
13	CNFC 8060	CNFC 9484	CNFC 10410	CNFC 10733	CNFC 11956	CNFC 15049	CNFC 15513	CNFC 15850
14	CNFC 8063	CNFC 9435	CNFC 10467	CNFC 10758	CNFC 11962	CNFC 15070	CNFC 15534	CNFC 15853
15	CNFC 8065	CNFC 9471	-	CNFC 10757	CNFC 11959	CNFC 15082	-	CNFC 15854
16	CNFC 8066	CNFC 9494	-	CNFC 10753	CNFC 11953	CNFC 15086	-	CNFC 15859
17	CNFC 8072	-	-	CNFC 10763	-	CNFC 15097	-	CNFC 15860
18	CNFC 8075	-	-	-	-	-	-	CNFC 16709
19	CNFC 8076	-	-	-	-	-	-	CNFC 16876
20	FEB 208	-	-	-	-	-	-	CNFC 16902
21	FEB 217	-	-	-	-	-	-	-

¹Número de genótipos. (T): testemunha.

Apêndice B. Algoritmo de simulação do número de ambientes na análise conjunta.

```
#####
#Função para simulação com bootstrap para as combinações de ambientes na análise conjunta
#####
# Esse conjunto de dados foi previamente preparado para incluir o número do ambiente (exp).
dados.1 <- read.csv("dados_org_final_v3.csv", header=TRUE, sep=';', as.is=TRUE, na.string="NA")
dados.1[,1:12] <- lapply(dados.1[,1:12],as.factor)
str(dados.1)
# pacotes para implementação em paralelo (eleva a velocidade de processamento)
#require(foreach)
#require(doParallel)
#require(arrangements)
#####
#####
# preparação dos dados separados por biênio
dados.list.b <- split(data.1, data.1$bienio) # separa o conjunto de dados por ciclo de VCU (biênio)
dados.list.b <- lapply(dados.list.b, function(x) droplevels(x))
str(dados.list.b[[8]])# teste OK!
# preparação dos dados separados por região
dados.list.r <- split(dados.list.b[[8]], dados.list.b[[8]]$regiao)
dados.list.r <- lapply(dados.list.r, function(x) droplevels(x))
str(dados.list.r)# teste OK!
# preparação para a entrada da função
dados.list <- dados.list.r
#função para avaliar o número de combinações que está dentro do bootstrap e determina o
#número de iterações
ncomb. <- function(n,p){fact(n)/(fact(p)*fact(n-p))}
ncomb.(11,3)
#função para definir o tratamento da testemunha (PÈROLA) nos ciclos 7 e 8
se.nao <- function(b){
  q <- ifelse(b==7, 4, ifelse(b==8, 5, 1) )
  return(q)
}
se.nao(8) # teste da função OK!
# #####função para simulação#####
# Argumentos da função
# b -> região
# p.al -> número de ambientes na combinação para simulação
# simulação ciclo 2001/2002
str(dados.list)
dados.list <- split(data.1, data.1$bienio)
dados.list <- lapply(dados.list, function(x) droplevels(x))
```

```

nlevels(dados.list[[1]]$amb)
simula_boot3 <- function(b, p.al){
  #set.seed(1)
  iterac <- ifelse((h <- ncomb.(nlevels(dados.list[[b]]$exp), p.al) < 1000, h, 1000)
  ifelse(iterac == 1, s <- iterac, s <- 10000)
  result.f <- matrix(0, nrow = iterac, ncol = 18)
  colnames(result.f) <- c("QMt", "Vi", "Va", "Vr", "1º", "2º", "3º", "4º", "5º", "1º(%)", "2º(%)", "3º(%)",
"4º(%)", "5º(%)", "n.amb", "Bienio", "Região", "AC(%)")
  R <- 0
  x. <- combinations(levels(dados.list[[b]]$exp), p.al, nsample = s)
  #ifelse(iterac < 1000, x <- x., x <- x.[1:1000,])
  x. <- unique(x.)
  ifelse(iterac == 1, x <- matrix(x., nrow = 1, ncol = p.al), x <- x.)
  {
    r <- foreach(icount(iterac), .combine=rbind,.export=c('%do%', '%dopar%', 'combinations',
'dados.list', 'lmer', 'LSmeans'), .packages=c('foreach', 'lme4')) %dopar%
    {
      R = R+1
      # particionamento do data frame
      sub.ambientes <- dados.list[[b]][which(dados.list[[b]]$exp %in% x[R,]),]
      sub.ambientes <- droplevels(sub.ambientes) # remove os níveis do fator exp que não serão
      usados
      # análise conjunta
      anova.i <- lmer(prod~ 0 + trat + (1|exp) + (1|exp:trat), data = sub.ambientes)
      m.aj <- data.frame(tratamento=row.names(as.matrix(fixef(anova.i))), media=fixef(anova.i))
      # parâmetros coletados
      QMt <- anova(anova.i)[1, 3]
      # QMt <- anova(anova.i[[1]])[1, 3] # quadrado médio de tratamento
      sig.int <- summary(anova.i)$varcor$`exp:trat`[1]
      #sig.int <- summary(anova.i[[1]])$varcor$`exp:trat`[1] # variancia da interação
      sig.amb <- summary(anova.i)$varcor$`exp`[1]
      #sig.amb <- summary(anova.i[[1]])$varcor$`exp`[1]
      residuo <- (summary(anova.i)$sigma)^2
      # relação das médias das linhagens com a média da cultivar pérola. (testemunhas em todos os
      anos)
      # porcentagem de superioridade produtiv
      E <- levels(dados.list[[b]]$bienio)
      (w <- se.nao(E))
      or <- order(as.matrix(fixef(anova.i)), decreasing = TRUE)
      ps <- data.frame(`G%`=c(1:5))
      for(i in 1:5){
        ps[i,]<- (((as.matrix(fixef(anova.i))[or[i,])/as.matrix(fixef(anova.i))[w,])-1)*100)
      }
      # cria o data frame para o retorno da função

```

```

result. <- data.frame(QMt = QMt, V.int = sig.int, V.amb = sig.amb, V.res = residuo,
  "1º" = or[[1]], "2º" = or[[2]], "3º" = or[[3]], "4º" = or[[4]], "5º" = or[[5]],
  "1" = ps[1,], "2" = ps[2,], "3" = ps[3,], "4" = ps[4,], "5" = ps[5,],
  "n.amb" = ncol(x),
  "bienio" = as.numeric(levels(dados.list[[b]]$bienio)),
  "região" = as.numeric(levels(dados.list[[b]]$regiao)),
  "AC" = sqrt(1 - (1/anova(anova.i)[1,4])) * 100

print(R)
result.f[R,1:18] <- as.matrix(result.[1,1:18])
  }
}
return(result.f)
}
system.time(simula_boot3(1,2))# teste da função ok!
##### Fim do algoritmo #####

```