

VINÍCIUS LOPES DE MELO

**SELEÇÃO DE PROGÊNIES DE FELJOEIRO USANDO MODELOS MISTOS COM
DIFERENTES ESTRUTURAS DE COVARIÂNCIAS**

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

Orientador: Pedro Crescêncio Souza Carneiro

**VIÇOSA - MINAS GERAIS
2020**

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

T

M528s
2020
Melo, Vinícius Lopes de, 1984-
Seleção de progênies de feijoeiro usando modelos mistos
com diferentes estruturas de covariâncias / Vinícius Lopes de
Melo. – Viçosa, MG, 2020.
78 f. : il. (algumas color.) ; 29 cm.

Orientador: Pedro Crescêncio Souza Carneiro.
Tese (doutorado) - Universidade Federal de Viçosa.
Inclui bibliografia.

1. Feijão - Melhoramento genético. 2. *Phaseolus vulgaris*.
3. Seleção recorrente. 4. Modelos multiníveis (Estatísticas) .
I. Universidade Federal de Viçosa. Departamento de Biologia.
Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento.
II. Título.

CDD 22 ed. 633.3722

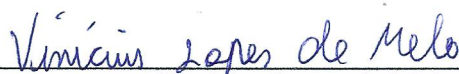
VINÍCIUS LOPES DE MELO

**SELEÇÃO DE PROGÊNIES DE FEIJOEIRO USANDO MODELOS MISTOS COM
DIFERENTES ESTRUTURAS DE COVARIÂNCIAS**

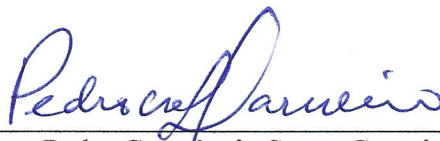
Tese apresentada à Universidade Federal de Viçosa, como parte das exigências do Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento, para obtenção do título de *Doctor Scientiae*.

APROVADA: 28 de fevereiro de 2020.

Assentimento:



Vinícius Lopes de Melo
Autor



Pedro Crescêncio Souza Carneiro
Orientador

A Deus, a minha mãe, Zilvone, por ter dedicado sua vida a nos dar a melhor educação, por sempre acreditar em mim e por ter abdicado de sua vida em prol das realizações e da felicidade de seus filhos.

À minha irmã Vívian, por sua preocupação, carinho e incentivo.

DEDICO

AGRADECIMENTOS

A Deus, por me abençoar e iluminar nessa trajetória. Obrigado Senhor, pelo seu maravilhoso amor, por me permitir errar, aprender e crescer, não deixando-me desistir em algum momento. Peço-lhe sabedoria, força e perseverança para vencer as dificuldades da nova jornada.

À minha mãe, Zilvone Lopes de Melo, pelo amor incondicional, incentivo na busca do conhecimento e sempre estar ao meu lado.

Às minhas irmãs, Vívian e Cecília, pela amizade, apoio, carinho e incentivo.

Aos meus sobrinhos Carlos Eduardo e Maria Antônia, pela amizade e momentos de diversão.

À Camila Henriques de Paula, por todo o incentivo, carinho e companheirismo durante essa jornada. Obrigado por sempre acreditar em meu potencial com todo amor e dedicação.

Aos amigos Deyson, Lazaro, Carlos, Isaac, Acácio, Marcos, Lucas e Ygho pela convivência durante essa jornada.

À Universidade Federal de Viçosa (UFV) e ao Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento, pela oportunidade de realização do curso.

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

Ao Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq), e à Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado de Minas Gerais (FAPEMIG), pelo apoio financeiro à pesquisa do Programa Feijão da UFV.

Ao meu orientador professor Pedro Crescêncio Souza Carneiro, pelo conhecimento, orientação, dedicação, disponibilidade, atenção e ensinamentos.

Ao professor José Eustáquio de Souza Carneiro, pela oportunidade, orientação, amizade, dedicação, ensinamentos e conselhos em todos esses anos.

Ao Professor Rodrigo Oliveira de Lima, pelo apoio, ajuda e disponibilidade.

Ao amigo Tiago de Souza Marçal, pelo auxílio, colaboração, dedicação, amizade, bons momentos e, acima de tudo, por sempre estar à disposição.

A todos os meus familiares em especial aos tios Tarcizo e Amires; Marival e Valdivia, por terem me dado força, apoio, incentivo de modo a contribuir para a concretização dessa jornada.

Aos amigos do Programa Feijão, pelo trabalho em equipe, fundamental para a condução

dos ensaios, e momentos divididos durante esta jornada.

Aos funcionários da Estação Experimental de Coimbra, pela colaboração na condução dos ensaios.

Ao amigo Gilberto, pelo excelente trabalho prestado e disposição para ajudar a todos.

Aos secretários do Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento, Marco Túlio e Odilon pela disponibilidade.

A todos os professores com os quais convivi durante toda a jornada de estudos, especialmente ao Dilermando Dourado Pacheco e José Alberto Alves de Souza por terem me incentivado e iniciado na carreira científica.

A todos que contribuíram para a realização deste trabalho, meu **MUITO OBRIGADO**.

RESUMO

MELO, Vinícius Lopes de, D.Sc., Universidade Federal de Viçosa, fevereiro de 2020. **Seleção de progênies de feijoeiro usando modelos mistos com diferentes estruturas de covariâncias.** Orientador: Pedro Crescêncio Souza Carneiro.

Nos programas de melhoramento de feijoeiro que utilizam como estratégia de melhoramento a seleção recorrente são conduzidos ensaios a cada ciclo seletivo com a finalidade de avaliar e selecionar progênies para recombinação e extração de linhagens. Cabe ressaltar que é comum ocorrer desbalanceamento (genético e, ou, estatístico) nos dados de avaliação dessas progênies, bem como o uso de delineamentos distintos quando as progênies são avaliadas em mais de um ambiente. Assim, os objetivos com este trabalho foram: i) conectar ensaios de avaliação de progênies de feijoeiro com delineamentos distintos, desbalanceamento genético e, ou, estatístico, disponíveis de um programa de seleção recorrente, modelando as diferentes estruturas de (co)variâncias entre as safras/anos para os efeitos genéticos, de blocos e residuais; ii) escolher o modelo com maior capacidade preditiva do valor genotípico de progênies de feijoeiro e iii) selecionar as progênies superiores, visando tanto a recombinação quanto a extração de linhagens elites em um programa de seleção recorrente de feijoeiro. Para tal, foram utilizados quatro ensaios de avaliação de progênies de feijoeiro oriundas do programa de melhoramento de feijoeiro da Universidade Federal de Viçosa (UFV) por seleção recorrente. De início, trezentas e oitenta progênies $F_{2:3}$, juntamente com 20 testemunhas, perfazendo 400 tratamentos, foram avaliados em Coimbra, MG nas safras da seca e inverno de 2015. Dentre as 380 progênies avaliadas foram selecionadas as 58 de melhor desempenho, visando a extração de linhagens superiores, que na sequência foram avaliadas também em Coimbra, MG na safra da seca e inverno 2017. Assim, foram utilizados dados dos dois primeiros ensaios para a seleção de progênies visando a recombinação e os dados dos quatro ensaios para seleção de progênies visando a extração de linhagens superiores. Nos quatro ensaios, os caracteres avaliados foram a produtividade e o aspecto comercial dos grãos. O modelo que assume estrutura de (co)variâncias do tipo não estruturada para o efeito genético, variância de bloco homogênea e variância residual diagonal heterogênea, foi o que apresentou melhor ajuste aos dados dos dois primeiros ensaios, com destaque para estimativas mais acuradas de herdabilidade. O ganho genético médio predito com a recombinação das progênies selecionadas foi de 2,97% para produtividade de grãos. Considerando os quatro ensaios, visando a seleção de progênies para a extração de linhagens, o

modelo com diagonal heterogêneo (DIAGH) para produtividade de grãos e o modelo não-estruturado (US) para aspecto comercial de grãos, apresentaram menores valores de critério de informação de Akaike (AIC), sendo, portanto, os de melhores ajustes aos dados, os quais forneceram estimativas mais acuradas dos valores genotípicos de progênies. A modelagem assumindo diferentes estruturas de (co)variâncias para os efeitos genéticos e não-genéticos mostrou-se promissora em casos que envolvem desbalanceamento estatístico/genético, bem como quando ensaios com diferentes delineamentos experimentais são utilizados na avaliação de progênies de feijoeiro.

Palavras-chave: *Phaseolus vulgaris*. Seleção recorrente. REML/BLUP.

ABSTRACT

MELO, Vinícius Lopes de, D.Sc., Universidade Federal de Viçosa, February, 2020. **Selection of common bean progenies using mixed models with different (co)variance structures.** Adviser: Pedro Crescêncio Souza Carneiro.

In common bean breeding programs that use recurrent selection as strategy, trials are established in each cycle to evaluate and select progenies for recombination and inbred line extraction. It is worth mentioning that it is common to occur data unbalance (genetic and, or, statistical) in these trials, as well as the use of different experimental designs when the progenies are evaluated in multi-environmental trials. Thus, the aims of this study were to: i) connect trials for progenies evaluation with distinct experimental designs and genetic and/or statistical unbalance of data from a recurrent selection program, modeling the different (co)variance structures among growing seasons/years for the genetic, blocks and residual effects; ii) choose the model with the greatest predictive capacity for the genotypic values of the common bean progenies; iii) select the superior progenies, aiming both the recombination and elite inbred lines extraction in a common bean recurrent selection program. For this purpose, four trials for evaluation of progenies from the common bean recurrent selection program from Universidade Federal de Viçosa (UFV) were used. At the beginning of the study, 380 $F_{2:3}$ progenies added to 20 checks, i.e., a total of 400 treatments, were evaluated in Coimbra – MG in the dry and winter growing seasons of 2015. Among the 380 evaluated progenies, the 58 progenies with greatest performance were selected aiming superior lines extraction. Subsequently, these selected progenies were evaluated in the dry and winter growing seasons of 2017, also in Coimbra-MG. Thus, we used data from the first and second field trials to proceed progeny selection aiming the recombination, and data from all four field trials to proceed selection of progenies aiming superior lines extraction. In all four trials, the evaluated traits were grain yield and grain commercial appearance. The model with unstructured (co)variance for genetic effects, homogeneous block variance, and heterogeneous diagonal residual variance was the model with the best fit for the data from the first and second trial, with emphasis on more accurate estimates of heritability. The predicted mean genetic gain for the recombination of the selected progenies for grain yield was 2.97%. Considering the four trials for progeny selection aiming lines extraction, the model with heterogeneous diagonal structure (DIAGH) for grain yield, and the unstructured model (US) for grain appearance, were those with lowest values for the Akaike's information criterion (AIC), and were, therefore, the models with

the best fit for the data and provided more accurate estimates for the genotypic values of the progenies. The modeling of different (co)variance structures for genetic and non-genetic effects was promising for scenarios with genetic and/or statistical data unbalance, such as when trials with different experimental designs are used for progeny evaluation in common bean.

Keywords: *Phaseolus vulgaris*. Recurrent selection. REML/BLUP.

LISTA DE ILUSTRAÇÕES

Figura 1. BLUPs de progênies na safra da seca vs BLUPs de progênies na safra de inverno considerando o melhor modelo para as características produtividade de grãos (Figura A) e aspecto comercial de grãos (Figuras B) de feijão vermelho.....	38
Figura 2. BLUPs de progênies na safra da seca (A) e inverno (B), considerando seleção direta em cada safra para característica produtividade de grãos (PG), com restrição para aspecto comercial de grãos de feijão vermelho.....	40
Figura 3. BLUPs de progênies selecionada no índice da distância genótipo-ideótipo na safra da seca e inverno, para produtividade de grãos (PG) com restrição para aspecto comercial de grãos de feijão vermelho.	41
Figura 1. BLUPs de 20 progênies superiores considerando seleção direta na safra de inverno 2015 para o caracter produtividade de grãos.	69
Figura 2. BLUPs de 20 progênies superiores considerando seleção direta na safra da seca 2015 para o caracter produtividade de grãos.	69
Figura 3. BLUPs de 20 progênies superiores considerando seleção direta na safra de inverno 2017 para o caracter produtividade de grãos.	70
Figura 4. BLUPs de 20 progênies superiores considerando seleção direta na safra da seca 2017 para o caracter produtividade de grãos.	70
Figura 5. BLUPs de 20 progênies superiores selecionadas com base no índice distância genótipo-ideótipo, considerando simultaneamente as safras da seca e de inverno nos anos de 2015 e de 2017 para os caracteres produtividade e aspecto comercial de grãos.....	72

LISTA DE TABELAS

Tabela 1. Resumo das estruturas de (co)variâncias ajustadas aos efeitos aleatórios descritos na equação Eq. [1].....	28
Tabela 2. Número de parâmetros (NP), critério de informação de Akaike (AIC), logaritmo do ponto de máximo da função de máxima verossimilhança (LogL) e teste de razão de verossimilhança (LRT) para os cinco modelos ajustados para a produtividade de grãos e aspecto comercial de grãos de progênies de feijão vermelho nas safras da seca e inverno de 2015.....	33
Tabela 3. Resumo das estimativas de parâmetros genéticos e não genéticos do modelo 1 (CS para o efeito genético) e do modelo 4 (US para o efeito genético) para as características produtividade de grãos e aspecto comercial dos grãos	35
Tabela 4. Ganho predito (%), com os BLUPs de progênies obtidos pelo modelo 4, com a recombinação das 20 progênies selecionadas com base na produtividade de grãos e o ganho médio de seleção (GSM)	42
Tabela 1. Descrição dos quatro ensaios utilizados para a seleção de progênies de feijão vermelho, visando a extração de linhagens	55
Tabela 2. Estruturas de (co)variância ajustadas aos efeitos aleatórios descritos na equação Eq. [1]	58
Tabela 3. Número de parâmetros (NP), critério de informação de Akaike (AIC), logaritmo do ponto de máximo da função de máxima verossimilhança e teste de razão de verossimilhança para os cinco modelos ajustados para a produtividade de grãos (PG) e aspecto de grãos (AG) de progênies de feijão vermelho nas safras da seca e inverno de 2015 e 2017.....	61
Tabela 4. Estimativas de parâmetros genéticos e não genéticos do modelo simetria composta CS para o efeito genético para as características produtividade de grãos e aspecto comercial dos grãos	64
Tabela 5. Resumo das estimativas de parâmetros genéticos e não genéticos do modelo 3 (DIAGH para o efeito genético) e do modelo 5 (US para o efeito genético) para as características produtividade de grãos e aspecto comercial dos grãos.....	66
Tabela 6. Médias de produtividade de grãos (PG), em kg ha^{-1} , aspecto comercial de grãos (AG) das 20 progênies selecionadas segundo o índice genótipo-ideótipo, avaliadas nas safras da seca e inverno de 2015 e 2017, Coimbra, MG	73

SUMÁRIO

INTRODUÇÃO GERAL	14
REFERÊNCIAS	17
CAPÍTULO 1	21
SELEÇÃO DE PROGÊNIES DE FEIJOEIRO PARA A RECOMBINAÇÃO USANDO MODELOS MISTOS COM DIFERENTES ESTRUTURAS DE VARIÂNCIAS E COVARIÂNCIAS	21
RESUMO	22
1. INTRODUÇÃO	23
2. MATERIAL E MÉTODOS	25
2.1. MATERIAL GENÉTICO	25
2.2. LOCAL, DELINEAMENTO EXPERIMENTAL E TRATOS CULTURAIS	26
2.3. CARACTERES AVALIADOS	26
2.4. ANÁLISES ESTATÍSTICAS	27
2.4.1. CORRELAÇÃO GENÉTICA ENTRE SAFRAS	30
2.4.2. GANHO COM A SELEÇÃO	30
3. RESULTADOS E DISCUSSÃO	32
3.1. ESTRUTURAS DE (CO)VARIÂNCIAS E ESCOLHA DO MODELO DE MELHOR AJUSTE	32
3.2. ESTIMATIVAS DE PARÂMETROS GENÉTICOS E NÃO GENÉTICOS	34
3.3. CORRELAÇÃO GENÉTICA ENTRE SAFRAS	37
3.4. SELEÇÃO DAS PROGÊNIES SUPERIORES	39
3.5. GANHO COM A SELEÇÃO DAS PROGÊNIES SUPERIORES	41
4. CONCLUSÃO	43
5. REFERÊNCIAS	44
CAPÍTULO 2	49
SELEÇÃO DE PROGÊNIES DE FEIJOEIRO PARA EXTRAÇÃO DE LINHAGENS USANDO MODELOS MISTOS COM DIFERENTES ESTRUTURAS DE VARIÂNCIAS E COVARIÂNCIAS	49
RESUMO	50
1. INTRODUÇÃO	52

2. MATERIAL E MÉTODOS	53
2.1. MATERIAL GENÉTICO	53
2.2. CONDUÇÃO DOS ENSAIOS	54
2.3. CARACTERES AVALIADOS	55
2.4. ANÁLISES GENÉTICO-ESTATÍSTICAS	55
2.4.1. CORRELAÇÃO GENÉTICA ENTRE PARES DE AMBIENTES	58
2.4.2. SELEÇÃO DAS PROGÊNIES PARA EXTRAÇÃO DE LINHAGENS	59
3. RESULTADO E DISCUSSÃO	60
3.1. SELEÇÃO DE MODELOS COM MELHORES AJUSTES AOS DADOS.....	60
3.2. ESTIMATIVAS DE PARÂMETROS GENÉTICOS	63
3.3. SELEÇÃO DE PROGÊNIES SUPERIORES PARA EXTRAÇÃO DE LINHAGENS ...	68
4. CONCLUSÃO	73
5. REFERÊNCIAS	74

INTRODUÇÃO GERAL

O feijão comum (*Phaseolus vulgaris* L.) é a leguminosa mais consumida no mundo e a principal fonte de proteína na dieta de populações de baixa renda (Broughton et al., 2003). Essa leguminosa também é fonte significativa de carboidratos, fibras alimentares, minerais e vitaminas (Rehman et al., 2001; Mesquita et al., 2007; Rezende et al., 2018). Os melhoristas de feijão têm dedicado e direcionado esforços para o desenvolvimento de novas cultivares mais tolerantes aos estresses bióticos e abióticos e com melhor desempenho em relação aos atributos agronômicos e à qualidade nutricional (Assefa et al., 2019).

A maior parte do feijão produzido e consumido no Brasil é do tipo carioca. O segundo tipo mais importante é o feijão-preto, popular no Rio Grande do Sul, Santa Catarina, sul e leste do Paraná, Rio de Janeiro, sudeste de Minas Gerais e sul do Espírito Santo. Todavia, outros tipos, com nichos restritos de mercado, não deixam de ser importantes. É o caso, por exemplo, do feijão vermelho na Zona da Mata de Minas Gerais. Esse tipo de feijão é relevante na economia dessa região, por ser o mais valorizado no mercado local (Borém & Carneiro 2015; Melo, 2016)

Devido à importância do feijão vermelho na Zona da Mata Mineira, o programa de melhoramento de feijoeiro da Universidade Federal de Viçosa (UFV) vem trabalhando com este tipo de grão desde o final da década de 1990 (Menezes Júnior, 2011). Neste programa se utiliza a hibridação para reunir alelos desejáveis, que se encontram em diferentes genitores, o que é quase impossível de agrupar em um único ciclo de recombinação. Assim, a principal estratégia que vem sendo adotada para reunir o maior número destes alelos favoráveis é a seleção recorrente, em que ciclos repetidos de seleção e recombinação compõem a base desta estratégia (Hallauer, 1992; Geraldi, 1997; Bernardo, 2010). No caso de plantas autógamas, a etapa de recombinação em um programa de seleção recorrente é feita por etapas e várias populações são obtidas a cada ciclo do programa (Bearzoti, 1997). Essa estratégia de melhoramento vem sendo utilizada com sucesso no melhoramento do feijoeiro, visando à obtenção de linhagens superiores para vários caracteres de interesse agrônomo (Beaver & Kelly, 1994; Ranalli et al., 1996; Singh et al., 1999; Cunha et al., 2005; Ramalho et al., 2005; Amaro et al., 2007; Silva et al., 2007; Menezes Júnior et al., 2008; Silva et al. 2010; Melo, 2016).

Para o melhoramento de caracteres quantitativos e de grande influência ambiental, via seleção recorrente em plantas autógamas, a etapa de avaliação de progênies tem grande importância (Ramalho et al., 2001). No caso do feijoeiro, as progênies são derivadas de múltiplas

populações a cada ciclo seletivo. Neste contexto, a seleção de progênies tem duas finalidades: primeira para recombinação e a segunda para extração de linhagens. Na primeira, seleção para recombinação, geralmente é avaliado um grande número progênies em diferentes ambientes (locais, safras e, ou, anos) para identificar a melhor progênie de cada população que serão intercruzadas, gerando a população base do novo ciclo de seleção recorrente. Este processo continua até que o melhorista consiga desenvolver uma população base que permita a extração de uma linhagem superior que reúna todos os alelos favoráveis que se encontram nos diferentes genitores. Na segunda seleção para extração de linhagens, em geral, são selecionadas de 15% a 20% das melhores progênies independente da população de origem.

Cabe ressaltar que é comum ocorrer desbalanceamento (genético e, ou, estatístico) nos dados de avaliação de progênies, tanto visando a recombinação quanto a extração de linhagens, sendo esse fato importante em um programa de seleção recorrente. Visando a extração de linhagens, em geral, apenas as progênies com melhor desempenho nas gerações iniciais de avaliação são avançadas para as próximas etapas de avaliação, o que gera desbalanceamento genético (Bruzzi, 2008). Além disso, o número de repetições utilizadas nas avaliações das progênies em avaliações iniciais normalmente é distinto e menor do que nas mais avançadas, bem como delineamentos estatísticos distintos podem ser utilizados quando as progênies são avaliadas em diferentes ambientes. Além disso, é comum a existência de interação genótipos por ambientes ($G \times A$), o que dificulta a seleção das progênies superiores, sendo necessário que, no processo de seleção, as progênies sejam avaliadas no maior número de ambientes (anos, locais e safras) possíveis. Estes fatos dificultam o uso das análises tradicionais via análise de variância (ANOVA).

Interação $G \times A$ com efeito significativo para os principais atributos agrônômicos do feijoeiro, como produtividade de grãos, tem sido reportada por vários autores (Ramalho et al., 1998; Pirola et al., 2002; Matos et al., 2007; Bruzi et al., 2007, Faria et al., 2013, Barili et al., 2015). No contexto de análise conjunta de ensaios, ressalta-se que a ocorrência de interação $G \times A$ pode consumir a variabilidade genética existente na média dos ensaios, bem como levar à obtenção de estimativas de parâmetros genéticos viesados, podendo a seleção de progênies não resultar em ganhos genéticos nos caracteres de interesse. Ramalho et al. (1993) relatam que a interação $G \times A$ é uma das principais dificuldades que enfrentam os melhoristas na seleção e recomendação de novas cultivares, exigindo adotar medidas que controlem ou mitiguem o seu

efeito.

Uma alternativa à tradicional análise conjunta de variância (ANOVA conjunta) para um grupo de ensaios é o uso da abordagem de modelos mistos (Henderson, 1975) que permite modelar diferentes estruturas de variâncias e covariâncias [(co)variâncias]. Segundo Smith et al. (2005), este tipo de análise vem se tornando popular para dados “*multi-environment trials*” (MET), pois fornecem uma estrutura mais flexível para a matriz de (co)variâncias em que dados com desbalanceamento genético e, ou, estatístico podem ser analisados com maior eficiência (Kelly et al., 2007).

Cabe ressaltar, que no melhoramento de plantas autógamas, as linhagens são extraídas da última geração em que as progênes foram avaliadas. Entretanto, alguns autores têm demonstrado que a utilização das informações das avaliações anteriores pode melhorar a eficiência seletiva dos programas de melhoramento. Piepho & Mohring (2006), utilizando dados de Canola, verificaram que a análise sequencial proporcionou maior acurácia seletiva em relação à geração de referência. Yan & Rajcan (2003) observaram, para a cultura da soja, que a predição do desempenho de cultivares utilizando as informações de vários anos foi mais eficiente do que análise considerando uma única geração. No caso do feijoeiro, Bruzzi (2008) adotou análise sequencial em um programa de seleção recorrente e incorporou todas as informações das gerações de avaliação, o que proporcionou maior acurácia seletiva.

Resende et al. (2015) propuseram o índice multigeração que usa não apenas as informações das gerações, mas também as covariâncias através das gerações. Batista et al. (2017) ampliaram este índice incorporando o efeito de gerações em um modelo de simetria composta (CS) através da matriz de parentesco entre gerações. Este índice admite variâncias genéticas homogêneas e covariância constante entre pares de ambientes. Resende et al. (2016) incorporaram no índice multigeração não apenas os efeitos das progênes nas diferentes gerações, mas também os efeitos das populações em todas as gerações. O índice de seleção com efeito de progenitor, população, progênie e geração (ISPPPG) abrange toda a estrutura de um programa de melhoramento de espécies autógamas, via seleção recorrente, visando maior eficiência na etapa de seleção de progênes. Entretanto, consideram que a variância genética ao longo das gerações é única. Essa abordagem não leva em consideração o efeito da interação $G \times A$, que segundo Zhang et al. (2015) resulta da expressão diferencial dos genes envolvidos no controle genético do caráter em questão, o que resulta em variabilidade genética distinta entre os ambientes em que as

progênies foram avaliadas. Assim, modelar os efeitos genéticos e residuais na presença da interação G×A permite obter um modelo mais realista para dados MET, já que, o efeito da interação é devido à heterogeneidade de variância genética e à falta de correlação de genótipos entre pares de ambientes (Falconer, 1952, Bernado 2010).

Com base no exposto, o presente estudo teve como objetivos: i) conectar ensaios de avaliação de progênies de feijoeiro com delineamentos distintos, desbalanceamento genético e, ou, estatístico, disponíveis de um programa de seleção recorrente, modelando as diferentes estruturas de (co)variâncias entre as safras/anos para os efeitos genéticos, de blocos e residuais; ii) escolher o modelo com maior capacidade preditiva do valor genotípico de progênies de feijoeiro e iii) selecionar as progênies superiores, visando tanto a recombinação quanto a extração de linhagens elites em um programa de seleção recorrente de feijoeiro.

REFERÊNCIAS

ASSEFA T. *et al.* A review of breeding objectives, genomic resources, and marker-assisted methods in common bean (*Phaseolus vulgaris* L.). **Molecular Breeding**, v. 39, p. 20, 2019.

AMARO G. B. *et al.* Phenotypic recurrent selection in the common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) with carioca-type grains for resistance to the fungi *Phaeoisariopsis griseola*. **Genetics and Molecular Biology**, v. 30, p. 584-588, 2007.

BARILI L. D. *et al.* 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**, v.15, p. 244-250, 2015.

BATISTA L. G. *et al.* Multigeneration index in the selection of common bean inbred families. **Crop Science**, v.57, p. 2354-2360, 2017.

BEAVER, J. S.; KELLY, J. D. Comparison of selection methods for dry bean populations derived from crosses between gene pools. **Crop Science**, v. 34, n. 1, p. 34-37, 1994.

BEARZOTI, E. **Simulação de seleção recorrente assistida por marcadores moleculares em espécies autógamas**. 1997. 230 f. Tese (Doutorado em agronomia - Genética e melhoramento de plantas). Universidade de São Paulo, São Paulo, 1997.

BERNARDO, R. **Breeding for quantitative traits in plants**. 2nd. ed. Minnesota: Stemma Press, 2010, 400p.

BORÉM, A.; CARNEIRO, J. E.S. A Cultura. In: CARNEIRO, J. E.; PAULA JR., T. J.; BORÉM, A. (Coord.). **Feijão do plantio à colheita**. Viçosa: UFV, 2015. p. 9-15.

BROUGHTON, W. J. et al. Beans (*Phaseolus* spp.) - Model food legumes. **Plant and Soil**, v. 252, n. 1, p. 55-128, 2003.

BRUZI, A. T. et al. Homeostasis in bean population with different genetics structure. **Embrapa Arroz e Feijão-Artigo em periódico indexado (ALICE)**, 2007.

BRUZI, A. T. **Aplicações da análise de modelos mistos em programas de seleção recorrente do feijoeiro comum**. 2008. 73 f. Tese de Doutorado. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas)–Universidade Federal de Lavras, Lavras, 2008.

CUNHA, W. G.; RAMALHO, M. A. P.; ABREU, A. F. B. Selection aiming at upright growth habit common bean with carioca type grains. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, Londrina, v. 5, n. 4, p. 379-386, 2005.

FALCONER D. S. The problem of environment and selection. **American Naturalist**, v.86, p. 293-298, 1952.

FARIA, L. C. et al. Genetic progress during 22 years of improvement of carioca-type common bean in Brazil. **Field Crops Research**, v.142, p. 68-74, 2013.

GERALDI, I. O. **Selección recurrente en el mejoramiento de plantas**. In: GUIMARÃES E.P. (ed.) Selección recurrente en arroz. CIAT, Cali, 1997, p. 3-11.

HALLAUER A. R. Recurrent selection in maize. **Plant Breeding Reviews**, v. 9, p. 115- 179, 1992.

HENDERSON, C. R. Best linear unbiased estimation and prediction under a selection model. **Biometrics**, v. 31, n. 2, p. 423-447, 1975.

KELLY, A. M. et al. The accuracy of varietal selection using factor analytic models for multi-environment plant breeding trials. **Crop Science**. v. 47, p. 1063-1070, 2007.

MATOS, J. W.; RAMALHO, M. A. P.; ABREU, A. F. B. Trinta e dois anos do programa de melhoramento genético do feijoeiro comum em Minas Gerais. **Ciência e Agrotecnologia**, Lavras, v. 31, n. 6, p. 1749-1754, 2007.

MELO, V. L.; **Progresso genético e potencial de famílias e linhagens de dois ciclos de seleção recorrente no melhoramento de feijão vermelho**. 2016. 37 f. Dissertação (Mestrado em Fitotecnia) – Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, 2016.

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

MENEZES JÚNIOR, J. A. N. **Seleção recorrente no melhoramento de feijão vermelho**. 2011. 70 f. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, 2011.

MESQUITA, F. R. et al. Linhagens de feijão (*Phaseolus vulgaris* L.): composição química e digestibilidade protéica. **Ciência e Agrotecnologia**, v. 31, n. 4, p. 1114-1121, 2007.

PIEPHO, H., MOHRING, J. Selection in cultivar – is it ignorable? **Crop Science**, v.46, p.192-201, 2006.

PIROLA, L. H. et al. Natural selection and families x locations interaction in the common (dry) bean. **Genetics and Molecular Biology**, v. 25, n. 3, p. 343-347, 2002.

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

RAMALHO, M. A. P.; PIROLA, L. H.; ABREU, A. F. B. Alternativas na seleção de plantas de feijoeiro com porte ereto e grão tipo carioca. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 33, n. 12, p. 1989-1994, Dec. 1998.

RAMALHO, M. A. P.; ABREU, A. de F. B.; SANTOS, J. B. dos. **Melhoramento de espécies autógamas**. In: NASS, L. L.; VALOIS, A. C. C.; MELO, I. S. de; VALADARES-INGLIS, M. C. (Ed.). Recursos genéticos e melhoramento de plantas. Rondonópolis: Fundação MT, 2001. p. 201-230.

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

RANALLI, P. et al. Comparison of early generation yield testing and a single seed descent procedure in two bean (*Phaseolus vulgaris* L.) crosses. **Journal of Genetics and Breeding**, Rome, v. 50, n. 2, p. 103-108, 1996.

REHMAN Z. SALARIYA A. M.; ZAFAR S. I. Effect of processing on available carbohydrate content and starch digestibility of kidney beans (*Phaseolus vulgaris* L.). **Food Chemistry** v.73, p.351-355, 2001.

RESENDE M. D. V. et al. Multigeneration index in the within progenies bulk method for breeding of self-pollinated plants. **Crop Science** v.55, p.1202-1211, 2015.

RESENDE M. D. V. *et al.* Selection Index with Parents, Populations, Progenies, and Generations Effects in Autogamous Plant Breeding. **Crop Science** v.56, p.530-546, 2016.

REZENDE A. A. et al. Nutritional and protein quality of dry Brazilian beans (*Phaseolus vulgaris* L.). **Food sci. Technol.** v. 38, p. 421-427, 2018.

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

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

SINGH, S. P.; TERÁN, H.; MUÑOZ, C. G.; TAKEGAMI, J. C. Two cycles of recurrent selection for seed yield in common bean. **Crop Science**, v. 39, n. 2, p. 391-397, 1999.

SMITH, A. B.; CULLIS, B. R.; THOMPSON, R.. The analysis of crop cultivar breeding and evaluation trials: an overview of current mixed model approaches. **Journal of Agricultural Science**, v. 143, n. 2, p. 449-462, June 2005.

YAN W. E RAJCAN I. Prediction of cultivar performance based on single- versus multiple-year tests in soybean. **Crop Science** v. 43, p. 549-555, 2003.

ZHANG, X. et al. Genomic prediction in biparental tropical maize populations in water-stressed and well-watered environments using low-density and GBS SNPs. **Heredity**, v. 114, n. 3, p. 291-299, 2015.

CAPÍTULO 1

SELEÇÃO DE PROGÊNIES DE FELJÓEIRO PARA A RECOMBINAÇÃO USANDO MODELOS MISTOS COM DIFERENTES ESTRUTURAS DE VARIÂNCIAS E COVARIÂNCIAS

RESUMO

Nos programas de melhoramento que utilizam como estratégia a seleção recorrente, são conduzidos ensaios, em diferentes ambientes visando a seleção de progênies de maior potencial para recombinação. Nestes ensaios, é comum a ocorrência de desbalanceamento genético e/ou estatístico. Além disso, pode ocorrer covariância entre os efeitos genéticos e entre os não-genéticos quando as progênies são avaliadas em diferentes ambientes. Assim, os objetivos foram: i) testar diferentes estruturas de (co)variâncias entre as safras para os efeitos genéticos e não genéticos ii) escolher o modelo com maior capacidade preditiva do valor genotípico de progênies e iii) selecionar as progênies superiores com o intuito de mitigar os efeitos de interação genótipos por ambientes $G \times A$. Para isso, foram utilizados dados de dois ensaios conduzidos nas safras da seca e do inverno de 2015, em Coimbra-MG. Os ensaios foram delineados em látice 20×20 . No ensaio 1 (safra da seca) utilizaram-se duas repetições, em razão do reduzido número de sementes. No ensaio 2 (safra de inverno), a parcela foi composta por três repetições para cada tratamento. Nestes ensaios foram avaliados 380 progênies $F_{2,3}$, juntamente com 20 testemunhas, quanto à produtividade e ao aspecto comercial dos grãos. O modelo 4, que assume estrutura de (co)variâncias do tipo não estruturada para o efeito genético, variância de bloco homogênea e variância residual diagonal heterogênea, foi o que apresentou melhor ajuste aos dados. Observou-se alterações nas estimativas de herdabilidade e da acurácia para os diferentes modelos ajustados, com destaque para as estimativas mais precisas com o modelo 4. A correlação genética entre as safras da seca e inverno foram de baixa magnitude (-0,04) para produtividade de grãos, o que corrobora com forte interação $G \times A$. O ganho médio predito com a recombinação das progênies selecionadas, a partir do modelo 4, foi de 2,97% para produtividade de grãos. A modelagem assumindo diferentes estruturas de (co)variâncias para os efeitos genéticos e não-genéticos é promissora em análises que envolvem desbalanceamento estatístico e avaliação de progênies em diferentes ambientes, visando a seleção daquelas de maior potencial para a recombinação.

Palavras-chave: *Phaseolus vulgaris*. Interação genótipos por ambientes. Seleção recorrente.

1. INTRODUÇÃO

Nos programas de melhoramento de feijão comum por seleção recorrente, a piramidação dos alelos de interesse que se encontram em distintos genitores é feita por etapas a partir de múltiplas populações (Bearzoti, 1997). Assim, ciclos repetidos de seleção e recombinação de indivíduos ou progênes de diferentes populações compõem a base desta estratégia de melhoramento (Ramalho et al., 2001). Para melhorar caracteres quantitativos e que sofrem grande influência do ambiente, estes programas de melhoramento conduzem ensaios em diferentes ambientes (locais, safras e/ou anos) com a finalidade de se avaliar progênes endogâmicas visando a seleção daquelas de maior potencial para a recombinação. Nestes ensaios, é comum a ocorrência de desbalanceamento estatístico, ou seja, variação do número de repetições entre os ensaios, em razão do menor número de sementes disponíveis na geração em que as progênes são derivadas, bem como em razão da perda de alguma parcela e, ou, tratamento durante a condução dos ensaios (Bruzzi, 2008). Além disso, pode ocorrer covariância entre os efeitos genéticos e entre os não-genéticos quando as progênes são avaliadas em diferentes ambientes, o que pode inflacionar o resíduo e dificultar a identificação de genótipos superiores (Smith et al., 2005; Kelly et al., 2007).

Outro fator que dificulta a identificação dos genótipos superiores quando estes são avaliados em diferentes ambientes é a ocorrência de interação genótipos por ambientes ($G \times A$) (Carvalho et al., 2002; Coimbra et al., 2008). A interação $G \times A$ pode ser de natureza simples ou complexa (Robertson, 1959), sendo esta última de maior influência na seleção de progênes, pois resulta da mudança no ranqueamento das progênes nos diferentes ambientes em que foram avaliadas. Isso acontece porque a expressão de um genótipo é alterada pelas condições ambientais (Zhang et al., 2015). Segundo Falconer (1952), o efeito da interação $G \times A$ é devido à heterogeneidade de variância genética entre os ambientes e à falta de correlação perfeita de genótipos entre os pares de ambientes. Falconer e Mackay (1996) enfatizaram que um caráter medido em dois ambientes não deve ser considerado como um único caráter. Assim, segundo Linch e Walsh (1998) a ideia de caracteres correlacionados sugere uma forma alternativa para modelar efeitos da interação $G \times A$. No contexto de modelos mistos, independente da natureza simples ou complexa da interação, esta pode ser modelada por uma matriz de (co)variâncias dos efeitos genéticos entre os diferentes ambientes em que os genótipos foram avaliados (Piepho, 1997, 2009; Smith et al., 2001; Crossa et al., 2004, 2006; Oakey et al., 2006; Burgueño et al.,

2011, 2012). Além disso, via modelos mistos, pode-se modelar de forma mais adequada os efeitos não genéticos (residuais) pela matriz R de (co)variâncias residuais (So e Edwards, 2011, Pádua et al., 2016, Ogut et al., 2014, Rocha et al., 2019)

Resende et al. (2015) propuseram o índice multigeração que usa não apenas as informações das gerações, mas também as covariâncias através das gerações na seleção de progênies endogâmicas de feijoeiro. Batista et al. (2017) ampliaram este índice para a seleção de progênies endogâmicas avaliadas em diferentes ambientes, modelando o efeito da interação G×A por uma estrutura de simetria composta (CS) considerando a matriz de parentesco entre gerações. Neste caso, este índice admite variância genética homogênea e covariâncias constante entre pares de ambientes, como nos modelos tradicionais de análise conjunta de variância (ANAVA). Essa abordagem não capitaliza o efeito da interação G×A, que segundo Zhang et al. (2015) resulta da expressão diferencial dos genes envolvidos no controle genético do caráter em questão. Além disso, a ocorrência de interação G×A de natureza complexa pode consumir a variabilidade genética existente na média dos ensaios, o que pode conduzir à seleção de progênies que não acarretará na obtenção de ganhos, bem como estimativas de parâmetros genéticos viesados (Cruz et al., 2012). Assim, modelar os efeitos genéticos na presença da interação G×A permite obter um modelo mais realista, já que, o efeito da interação é devido à heterogeneidade de variâncias genética e à falta de correlação de genótipos entre pares de ambientes (Falconer, 1952, Bernado 2010). A eficiência da modelagem de diferentes estruturas de (co)variâncias para os efeitos genéticos e não genéticos tem sido relatada em milho (So e Edwards, 2009; Hu e Spilke, 2011; So e Edwards, 2011); forragem (Sripathi et al., 2018), cana-de-açúcar (Balsalobre et al., 2016) e trigo (Studnicki et al., 2016), e tem conduzido a incrementos na acurácia preditiva dos valores genéticos e, conseqüentemente, na eficiência da seleção (Burgueño et al., 2011; So e Edwards, 2011; Zapata-Valenzuela, 2012).

Na cultura do feijoeiro são escassos os estudos que abordam o uso da metodologia de modelos mistos com modelagem da matriz de (co)variâncias para os efeitos genéticos e não genéticos. Assim, o presente estudo visa: i) testar as diferentes estruturas de (co)variâncias entre as safras para os efeitos genéticos e não genéticos na avaliação de progênies endogâmicas de feijoeiro ii) escolher o modelo com maior capacidade preditiva do valor genotípico de progênies endogâmicas de feijoeiro e iii) selecionar as progênies superiores para a recombinação em um programa de seleção recorrente de feijão comum.

2. MATERIAL E MÉTODOS

2.1. MATERIAL GENÉTICO

O material genético utilizado nesse trabalho é proveniente do programa de Seleção Recorrente de Feijão Vermelho iniciado na Universidade Federal de Viçosa (UFV) em 1999. O cultivar Vermelhinho, único cultivar de grãos vermelhos disponível, à época, para os agricultores da Zona da Mata mineira, foi cruzado com os seguintes genitores: Aporé, Pérola, IAPAR31, IAPAR81, AN9022180, LR720982CP, AFR19521, AFR19535, AB136 e Vermelho 2157. Foram obtidas 18 populações segregantes, oriundas de cruzamentos simples, triplos e de retrocruzamentos com o cultivar Vermelhinho (Menezes Júnior, 2011). Essas populações constituíram a base (ciclo C_0) para o programa de seleção recorrente de feijão vermelho que vem sendo conduzido na UFV. Na obtenção do ciclo C_1 foram derivadas progênes das 18 populações do ciclo C_0 , que foram avaliadas quanto à produtividade de grãos, aos aspectos de grãos e às severidades de mancha-angular e ferrugem. Para constituir os genitores utilizados na obtenção do ciclo C_1 , foi selecionada a melhor progênie de cada cruzamento do ciclo C_0 . Na obtenção da população do ciclo C_{II} foram introduzidos novos genitores nos cruzamentos, além das melhores progênes selecionadas no ciclo C_1 . Plantas da melhor progênie de cada um dos 20 cruzamentos do ciclo C_1 foram cruzadas com plantas F_1 oriundas de cruzamentos envolvendo uma linhagem de feijão vermelho fonte de resistência à ferrugem (OVR) e outros 20 genitores de porte ereto. No ciclo C_{II} , foram derivadas 19 progênes de cada cruzamento. Essas progênes foram avaliadas por duas gerações quanto aos caracteres produtividade de grãos, arquitetura de planta, aspecto comercial de grãos e severidade de ferrugem e mancha-angular. A melhor progênie de cada cruzamento foi utilizada para recombinação e obtenção do ciclo 3 (C_{III}). Sementes F_1 resultantes de 20 combinações híbridas que compuseram a população do ciclo C_{III} foram multiplicadas para a obtenção das sementes F_2 . De cada uma das 20 populações F_2 foram derivadas 19 progênes $F_{2:3}$, totalizando 380 progênes. Na obtenção destas progênes houve seleção para o aspecto comercial de grãos (Melo, 2016). O trabalho aqui proposto teve início com a avaliação destas 380 progênes $F_{2:3}$.

2.2. LOCAL, DELINEAMENTO EXPERIMENTAL E TRATOS CULTURAIS

As 380 progênies $F_{2:3}$, juntamente com 20 testemunhas, perfazendo 400 tratamentos, foram avaliadas em duas gerações: $F_{2:3}$ (seca de 2015) e $F_{2:4}$ (inverno 2015). A geração $F_{2:4}$ foi obtida por amostragem (bulk) de sementes produzidas por cada progênie da geração anterior.

Os ensaios foram conduzidos no ano de 2015, na estação experimental de Coimbra, pertencente à Universidade Federal de Viçosa, localizada no município de Coimbra-MG (latitude $20^{\circ}50'30''S$, longitude $42^{\circ}48'30''W$, a 715m altitude).

Os ensaios foram delineados em látice quadrado 20x20. No ensaio 1 (safra da seca) utilizaram-se duas repetições, em razão do reduzido número de sementes, cuja parcela constituiu-se em uma linha de 1,0 m espaçadas em 0,5 m entre linhas. No ensaio 2 (safra de inverno), a parcela foi composta por duas linhas de 2,0 m com três repetições para cada tratamento. A densidade de semeadura para ambos os ensaios foi de 12 sementes por metro. As práticas culturais e de manejo relacionadas a fertilização e ao controle de pragas seguiram as recomendações técnicas para a cultura do feijão na região (Ramalho et al., 2014).

2.3. CARACTERES AVALIADOS

Foram avaliados os caracteres aspecto comercial de grãos (AG) e produtividade de grãos (PG). Para a avaliação do aspecto comercial de grãos adotou uma escala com notas de 1 a 5 proposta por Ramalho et al. (1998), que foi adaptada para avaliação de feijão vermelho. A nota 1 equivale ao grão vermelho brilhante, não achatado, de formato elíptico e peso médio de 100 sementes entre 22 e 24 g, considerado como padrão; 2 se o grão vermelho apresentar deficiência em alguma de suas características discriminadas para o padrão; 3 se o grão vermelho apresentar deficiência em duas das características mencionadas no padrão; 4 se o grão vermelho conter alguma deficiência em três das características anteriores descritas no padrão; e 5 se o grão estiver totalmente fora do padrão.

Para a produtividade de grãos, procedeu-se a colheita manual de todas as plantas da parcela. Estas plantas foram trilhadas e seus grãos pesados ($g \text{ parcela}^{-1}$), que posteriormente foram convertidos em $kg \text{ ha}^{-1}$.

2.4. ANÁLISES ESTATÍSTICAS

Foram ajustados cinco modelos lineares mistos considerando diferentes estruturas de (co)variâncias para os efeitos genéticos e não genéticos (blocos e resíduos) (Tabela 1).

Os BLUPs dos efeitos de progênes em cada safra foram preditos a partir do modelo linear misto apresentado a seguir:

$$y = X\tau + Z_g u_g + Z_b u_b + e \quad [1],$$

em que: y é o vetor de observações fenotípicas;

τ é o vetor de efeitos fixos de safras, repetições dentro de safras, testemunhas e interação testemunhas \times safras;

u_g é o vetor de efeitos aleatórios de progênes em cada safra, com $u_g \sim N(0, G_g)$;

u_b é o vetor de efeitos aleatórios de blocos dentro de repetições, com $u_b \sim N(0, G_b)$;

e é o vetor de resíduos aleatórios, com $e \sim N(0, R)$;

X , Z_g e Z_b são as matrizes de incidência associadas aos efeitos τ , u_g e u_b , respectivamente, e G_g , G_b e R são as matrizes de (co)variâncias dos efeitos u_g , u_b e e , respectivamente.

O vetor de soluções $\beta = (\hat{\tau}, \tilde{u}_g, \tilde{u}_b)^T$ para os efeitos fixos e aleatórios do modelo descrito anteriormente (Eq. [1]) é estimado pela Eq. [2], maximizando-se a função de distribuição conjunta de y e $u = (u_g, u_b)^T$ (Henderson et al., 1959):

$$\begin{bmatrix} X^T R^{-1} X & X^T R^{-1} Z_g & X^T R^{-1} Z_b \\ Z_g^T R^{-1} X & Z_g^T R^{-1} Z_g + G_g^{-1} & Z_g^T R^{-1} Z_b \\ Z_b^T R^{-1} X & Z_b^T R^{-1} Z_g & Z_b^T R^{-1} Z_b + G_b^{-1} \end{bmatrix} \begin{bmatrix} \hat{\tau} \\ \tilde{u}_g \\ \tilde{u}_b \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X^T R^{-1} y \\ Z_g^T R^{-1} y \\ Z_b^T R^{-1} y \end{bmatrix} \quad [2],$$

As diferentes combinações das estruturas de (co)variâncias, associadas aos cinco modelos, são apresentadas na (Tabela 1). Todos estes modelos consideraram o modelo base apresentado na Eq. [1].

Tabela 1. Resumo das estruturas de (co)variâncias ajustadas aos efeitos aleatórios descritos na equação Eq. [1]

Matrizes de (co)variâncias	Modelos [†]				
	1	2	3	4	5
G_g dos efeitos de progênes	CS	US	US	US	US
G_b de blocos	VC	VC	DIAG	VC	DIAG
R de resíduo	VC	VC	VC	DIAG	DIAG

[†]CS, simetria composta; US, não estruturada; VC, componente de variância; DIAG, diagonal heterogênea.

Para a análise conjunta dos ensaios conduzidos nas duas safras, foi utilizada a abordagem proposta por Smith (1999), que assume homogeneidade de (co)variâncias. Os efeitos aleatórios de progênes (u_g) em cada safra foram definidos conforme Smith (1999), a seguir:

$$u_g = (1_t \otimes I_g) u_{\bar{g}} + u_{ge} \quad [3],$$

em que: \otimes corresponde ao produto de Kronecker; 1_t é um vetor de uns de dimensão $N_t \times 1$, sendo N_t o número de safras; I_g é uma matriz identidade de dimensão $N_g \times N_g$, sendo N_g o número de progênes; $u_{\bar{g}}$ é o vetor de efeitos aleatórios principais de progênes; u_{ge} é o vetor de efeitos aleatórios da interação progênes \times safras.

O vetor de efeitos genéticos de progênes definidos na equação Eq. [3] assume a estrutura de (co)variância simetria composta - CS - (Tabela 1), isto é, variâncias homogêneas para as safras e covariância comum para todos os pares de safras (Eq. [4]) como mostrado a seguir:

$$G_g = I_g \otimes (J_t \sigma_g^2 + I_t \sigma_{ge}^2) \quad [4],$$

em que: J_t é uma matriz composta de uns de dimensão $N_t \times N_t$; σ_g^2 é a variância dos efeitos principais de progênes; σ_{ge}^2 é a variância dos efeitos da interação progênes \times safras.

Além da abordagem proposta por Smith (1999), que assume homogeneidade de variâncias e covariância comum, foi utilizada a abordagem proposta por Smith et al. (2001, 2005 e 2015) que assume matriz de (co)variância não estruturada - US - para os efeitos de progênes nas diferentes safras. Nesta situação, admite-se a heterogeneidade de variâncias para as safras e de

covariâncias entre pares de safras. Considerando o modelo multiplicativo, a matriz de (co)variâncias para os efeitos de progênies pode ser escrita como:

$$G_g = I_g \otimes G_t \quad [5],$$

em que: G_g é a matriz de (co)variância dos efeitos de progênies e G_t é a matriz de (co)variância genética.

Além dos efeitos de progênies, também modelou-se os efeitos não genéticos (blocos e resíduo). No presente trabalho, avaliou-se a heterogeneidade dos efeitos de blocos e do resíduo para as diferentes safras - estrutura diagonal heterogênea (DIAG) - como mostrado nas equações (Eq. [6] e Eq.[7]) a seguir:

$$G_b = \bigoplus_{j=1}^t \sigma_{b_j}^2 I_{b_j} \quad [6],$$

$$R = \bigoplus_{j=1}^t \sigma_{e_j}^2 I_{n_j} \quad [7],$$

em que: $\sigma_{b_j}^2$ é a variância dos efeitos de blocos na safra j e $\sigma_{e_j}^2$ é a variância do resíduo na safra j .

Os cinco modelos foram ajustados por meio da rotina implementada no software de modelos Mistos Echidna (Gilmour et al. 2019). A estimação dos componentes de variância foi realizada com o auxílio do procedimento REML e teste de razão de verossimilhanças (LRT) para verificar a significância das estruturas (componente de variância, CS, US e DIAG) por meio da estatística qui-quadrado (χ^2) com ν graus de liberdade (Resende, 2007; Mariguele et al., 2011), onde ν é a diferença entre o número de parâmetros dos modelos comparados.

Os cinco modelos foram comparados por meio do Critério de Informação de Akaike (AIC), de modo que, o modelo com melhor ajuste aos dados é o que apresenta o menor valor de AIC (Akaike, 1974), dado a seguir:

$$AIC = -2\log(L) + 2p \quad [8],$$

em que: $\log(L)$ é o logaritmo neperiano do ponto de máximo da função de verossimilhança residual e p é o número de parâmetros no modelo.

Após a escolha do modelo com melhor ajuste, obteve-se as predições dos valores genotípicos das progênies e realizou-se a seleção da melhor progênie de cada uma das 20 populações.

2.4.1. CORRELAÇÃO GENÉTICA ENTRE SAFRAS

As correlações genéticas entre safras, considerando o desempenho das progênes com relação a uma mesma característica (produtividade ou aspecto comercial de grãos) em safras diferentes, foram estimadas utilizando-se os parâmetros da matriz de covariância G_t .

$$r_G = \frac{\sigma_{g_{ij}}}{\sqrt{\sigma_{g_i}^2 \times \sigma_{g_j}^2}} \quad [9],$$

em que: $\sigma_{g_{ij}}$ é a covariância genética de progênes entre as safras da seca e do inverno;

$\sigma_{g_i}^2$ é a variância genética entre progênes na safra da seca;

$\sigma_{g_j}^2$ é a variância genética entre progênes na safra de inverno.

A correlação foi testada mediante a comparação de duas estruturas, por meio do teste de razão de máxima verossimilhança para a matriz de covariância G_t (US vs Diagonal), isto é, se $\sigma_{g_{ij}} = 0$.

2.4.2. GANHO COM A SELEÇÃO

A seleção foi realizada para a melhor progênie de cada uma das populações avaliadas, totalizando 20 progênes selecionadas. Os BLUPs de progênes obtidos com o modelo de melhor ajuste foram utilizados para a seleção das progênes que baseou-se na distância genótipo-ideótipo adaptada de Rocha et al. (2018) como apresentado a seguir:

$$I_i = \left\{ \frac{1 / \sum_j^{N_t} (\tilde{u}_{g_{ij}} - v_j)^2}{\sum_k^{N_g} \left[1 / \sum_j^{N_t} (\tilde{u}_{g_{kj}} - v_j)^2 \right]} \right\} \times \prod_j^{N_t} d_{ij} \quad [10],$$

$$d_{ij} = \begin{cases} 1 & \text{se } AG \leq v \\ 0 & \text{se } AG > v \end{cases} \quad [11],$$

em que: I_i corresponde a probabilidade espacial (Rocha et al., 2018), associada ao índice genótipo-ideótipo, para cada progênie i ;

$\tilde{u}_{g_{ij}}$ é o valor genotípico (BLUP) da progênie i na safra j ;

v_j é o ideótipo para cada safra;

d_{ij} é a restrição imposta á seleção para aspecto comercial de grãos (AG) como apresentado na equação [11];

Σ é o operador de somatório;

Π é o operador de produtório;

v é o valor da restrição para aspecto comercial de grãos.

Para produtividade de grãos, adotou-se o ideótipo dado pelos maiores valores preditos (BLUPS) obtidos em cada um dos dois ensaios. Entretanto, para aspecto comercial de grãos, adotou-se uma restrição para que fossem selecionadas somente as progênies com notas inferiores a três, isto é, aplicou-se uma restrição (d_{ij}) conforme equação [11]. Assim, utilizando-se a equação [10] selecionaram-se as progênies que apresentam menor distância em relação ao ideótipo designado.

Posteriormente, foram construídos intervalos de confiança de 95% - $CI(\hat{\sigma}_x^2)_{0.95}$ - para os parâmetros genéticos e não genéticos, da seguinte forma:

$$CI(\hat{\sigma}_x^2)_{0.95} = \sigma_x^2 \pm 1.96SE \quad [12],$$

em que: σ_x^2 é o parâmetro associado ao efeito x e SE é o erro padrão da estimativa do parâmetro.

O ganho com a seleção das 20 progênies superiores, recombinadas segundo o esquema sugerido por Bearzotti (1997), em que as progênies selecionadas são cruzadas aos pares e cada progênie participa de dois cruzamentos, foi predito conforme a equação [13] :

$$GS(\%) = 100 \left(\frac{\bar{u}_{g_{i(p)}} + \bar{u}_{g_{i(p')}}}{2\hat{\mu}} \right) \quad [13],$$

em que: $\bar{u}_{g_{i(p)}}$ e $\bar{u}_{g_{i(p')}}$ são as médias dos BLUPs das progênies selecionadas na população p e p' nas safras (seca e inverno), respectivamente; μ é a média geral.

Ressalta-se que, a partir do esquema de cruzamento das 20 progênies selecionadas proposto por Bearzotti (1997), 20 novas populações são obtidas de cruzamentos biparentais. Assim, os ganhos preditos foram realizados para cada uma destas populações.

3. RESULTADOS E DISCUSSÃO

3.1. ESTRUTURAS DE (CO)VARIÂNCIAS E ESCOLHA DO MODELO DE MELHOR AJUSTE

Para avaliar o efeito de se incluir no modelo a matriz de (co)variâncias de natureza US para os efeitos genéticos, comparou-se o modelo 1 (modelo CS) com o modelo 2 (estrutura de (co)variâncias US). Nesta comparação, observou-se que o modelo 2 apresentou menor valor de AIC (Tabela 2), considerando tanto a característica produtividade de grãos (27461,90) quanto o aspecto comercial de grãos (-391,12). Além disso, observou-se efeito significativo pelo teste de LRT (teste χ^2), a 1% de probabilidade, para a estrutura de (co)variâncias US (modelo 2) comparada ao modelo 1. Estes resultados indicam que o modelo 2 se ajustou melhor aos dados.

A estrutura de (co)variâncias US descreve a natureza da interação G×A, na qual admite-se a heterogeneidade de variâncias genéticas para as safras e de covariância genética entre o par de safras. Dessa forma, consegue-se capturar a variação de comportamento dos genótipos nas duas safras. Segundo Smith et al. (2001, 2005, 2015), modelar a estrutura de (co)variâncias genética é uma forma de mitigar os efeitos da interação G×A e isso aumenta o poder preditivo do modelo.

Burgueño et al. (2011), em trabalho realizado com milho, batata e trigo, considerando a modelagem da estrutura de (co)variâncias para o efeito de interação G×A, relataram aumento do poder de predição do modelo em 6%. Studnick et al. (2016), em trabalho com trigo de inverno visando avaliar a resposta adaptativa de 63 cultivares em 18 ambientes, modelaram diferentes estruturas de (co)variâncias (como, simetria composta-CS, não estruturada-US e fator analítico-FA) e concluíram que os modelos com estrutura de (co)variâncias irrestritas (US) foram mais adequados.

Para avaliar o efeito de heterogeneidade de variâncias entre blocos, foram feitas comparações entre o modelo 2 e 3 e entre os modelos 4 e 5. Na comparação do modelo 2 com o 3, observou-se menores valores de AIC para o modelo 2, tanto para produtividade de grãos (27461,90) quanto para aspecto comercial de grãos (-391,12), e efeito não significativo pelo teste de LRT (teste χ^2), a 1% de probabilidade, para a estrutura de heterogeneidade de variâncias para o efeito de blocos nas duas safras (Tabela 2).

Tabela 2. Número de parâmetros (NP), critério de informação de Akaike (AIC), logaritmo do ponto de máximo da função de máxima verossimilhança (LogL) e teste de razão de verossimilhança (LRT) para os cinco modelos ajustados para a produtividade de grãos e aspecto comercial de grãos de progênies de feijão vermelho nas safras da seca e inverno de 2015

Modelos	NP	Produtividade de grãos (kg ha ⁻¹)			Aspecto comercial de grãos (nota)		
		AIC	LogL	LRT [†]	AIC	LogL	LRT [†]
1	4	27491,22	-13741,61	-	-353,92	180,95	-
2	5	27461,90	-13725,95	31,32 (p < 0,01)	-391,12	200,56	39,22 (p < 0,01)
3	6	27462,96	-13725,48	0,94 (p = 0,33)	-389,15	200,58	0,04 (p = 0,84)
4	6	27420,81	-13704,41	43,08 (p < 0,01)	-392,75	202,38	3,64 (p = 0,05)
5	7	27422,71	-13704,36	0,10 (p = 0,75)	-390,80	202,40	0,04 (p = 0,84)

[†]Comparações via LRT (Modelo 2 vs Modelo 1, Modelo 3 vs Modelo 2, Modelo 4 vs Modelo 2 e Modelo 5 vs Modelo 4)

Os mesmos resultados também foram observados na comparação do modelo 4 com o 5, em que o modelo menos parametrizado apresentou melhor ajuste, ou seja, a inclusão da estrutura diagonal para o efeito de blocos, ou variâncias heterogêneas para o efeito de blocos nas duas safras, não melhorou o ajuste do modelo aos dados. Assim, considerando o efeito de blocos, o modelo 2 ou o 4 seriam os mais adequados.

Visando avaliar a heterogeneidade de variância residual, comparou-se o modelo 4 com o 2. Nessa comparação, observou-se menores valores de AIC para o modelo 4 (Tabela 2) tanto para produtividade de grãos quanto aspecto comercial de grãos. Também observou-se efeito significativo pelo teste de LRT (teste χ^2) para a estrutura de variâncias heterogêneas para o efeito residual entre safras tanto para a produtividade de grãos (p<0,01) quanto para o aspecto comercial de grãos (p=0,05). Com estes resultados e os anteriores para os ajustes dos modelos referentes aos efeitos de blocos e de genótipos conclui-se que o modelo 4 é o mais indicado para a análise dos dados e estimativas de parâmetros genéticos e não genéticos a serem utilizados na seleção das progênies de feijoeiro considerando os caracteres produtividade e aspecto de grãos avaliados nas safras da seca e inverno de 2015.

Rocha et al. (2019) relataram que modelos com variâncias residuais heterogêneas apresentaram melhores ajustes tanto para produtividade quanto aspecto de grãos do feijoeiro quando avaliados em diferentes safras e gerações. So e Edwards (2011), em trabalho realizado

com milho, utilizaram uma série de modelos lineares mistos com diferentes estruturas de variâncias para os efeitos genotípicos e residuais. Esses autores mostraram que modelos ajustados com variâncias residuais heterogêneas melhoraram a capacidade preditiva do modelo para 63% do conjunto de dados analisados, e, portanto, recomendaram a inclusão da heterogeneidade da variância residual para a avaliação da performance de híbridos de milho.

3.2. ESTIMATIVAS DE PARÂMETROS GENÉTICOS E NÃO GENÉTICOS

As estimativas de parâmetros genéticos e não genéticos obtidas com os modelos 1 e 4 encontram-se na Tabela 3.

As estimativas de parâmetros relativas ao modelo 1 são apresentadas apenas para efeito de comparação com o modelo 4 (modelo de melhor ajuste para análise dos dados). Pelo modelo 1 observou-se efeito significativo do componente de interação $G \times A$ para os dois caracteres avaliados. Com base neste modelo estima-se um único componente de variância genética com base no comportamento médio das progênies avaliadas nas duas safras e, pelo intervalo de confiança, observou-se que esse efeito foi significativo para o aspecto comercial de grãos, porém, não significativo para a produtividade de grãos. Entretanto, considerando o modelo 4 observa-se efeito significativo do componente de variância genotípica para produtividade de grãos nas duas safras em que as progênies foram avaliadas. Estes resultados indicam que a interação $G \times A$ consumiu toda a variabilidade genotípica manifestada entre as progênies em cada uma das safras (seca e inverno) considerando a produtividade de grãos. Isto também é indicativo que a variabilidade genotípica manifestada entre as progênies em cada uma das safras é devida à expressão diferencial de genes envolvidos no controle desse caráter em cada safra, podendo indicar até que genes diferentes estão sendo expressos em cada uma das safras. Estes resultados corroboram o melhor ajuste do modelo 4 que considera as diferentes estimativas de variâncias genotípicas manifestadas em cada safra, bem como de covariância entre o desempenho genotípico das progênies nas duas safras. Vários autores (Pereira et al., 2012, Melo et al., 2007) têm relatado a ocorrência de interação $G \times A$ com efeito significativo para vários caracteres de importância agrônômica na cultura do feijoeiro.

Tabela 3. Resumo das estimativas de parâmetros genéticos e não genéticos do modelo 1 (CS para o efeito genético) e do modelo 4 (US para o efeito genético) para as características produtividade de grãos e aspecto comercial dos grãos

Modelos	Parâmetros	Produtividade de grãos (kg ha ⁻¹)			Aspecto comercial de grãos (Notas)		
		LCL [†]	Estimativas	UCL	LCL	Estimativas	UCL
1	σ_b^2	17063,15	32730,09	48397,03	0,02	0,03	0,05
	σ_g^2	-21479,08	412,09	22303,27	0,01	0,03	0,05
	σ_{ga}^2	23940,41	57442,66	90944,91	0,03	0,05	0,07
	σ_e^2	351195,96	383166,41	415136,86	0,20	0,22	0,24
	h_g^2		0,01			0,31	
	r_{gg}		0,12			0,56	
4	σ_b^2	16641,59	31755,17	46868,76	0,02	0,03	0,04
	$\sigma_{g_1}^2$	7128,36	68591,65	130054,95	0,13	0,18	0,22
	$\sigma_{g_{12}}$	-24486,80	-2095,72	20295,35	0,02	0,03	0,05
	$\sigma_{g_2}^2$	17837,51	40898,33	63959,14	0,02	0,04	0,05
	$\sigma_{e_1}^2$	451749,38	527018,29	602287,20	0,16	0,19	0,21
	$\sigma_{e_2}^2$	266663,48	296772,09	326880,70	0,20	0,22	0,25
	$h_{g_1}^2$		0,21			0,65	
	$h_{g_2}^2$		0,29			0,37	
	r_{gg_1}		0,45			0,81	
	r_{gg_2}		0,53			0,61	

[†]LCL limite inferior de confiança, UCL limite superior de confiança, σ_b^2 variância do efeito de blocos, σ_g^2 variância genotípica entre progênies, $\sigma_{g_1}^2$ variância genotípica entre progênies na safra da seca, $\sigma_{g_2}^2$ variância genotípica entre progênies na safra de inverno, $\sigma_{g_{12}}$ covariância genotípica entre as safras da seca e inverno, σ_{ga}^2 variância do efeito da interação progênies por safras, σ_e^2 variância residual, $\sigma_{e_1}^2$ variância residual na safra da seca, $\sigma_{e_2}^2$ variância residual na

safra de inverno, h_g^2 herdabilidade entre médias de progênies, $h_{g_1}^2$ herdabilidade entre médias de progênies na safra da seca, $h_{g_2}^2$ herdabilidade entre médias de progênies na safra do inverno, r_{gg} acurácia seletiva, r_{gg_1} acurácia seletiva na safra da seca, r_{gg_2} acurácia seletiva na safra de inverno.

Ainda com base no modelo 4 pode-se observar para a safra da seca que as variâncias genéticas para produtividade e aspecto comercial de grãos ($\sigma_{g_1}^2$) apresentaram maiores magnitudes se comparadas com as obtidas na safra de inverno ($\sigma_{g_2}^2$). Já para as estimativas de variâncias residuais, observou-se estimativa de maior magnitude para a produtividade de grãos na safra da seca ($\sigma_{e_1}^2$) comparada à safra de inverno ($\sigma_{e_2}^2$) e vice-versa para aspecto comercial de grãos (Tabela 3). Estes resultados também corroboram que considerar tanto (co)variâncias genéticas quanto ambientais manifestadas entre os genótipos avaliados em diferentes ambientes é uma forma adequada de acomodar os efeitos da interação G×A .

As estimativas de herdabilidade tanto para produtividade quanto aspecto comercial de grãos apresentaram maiores magnitudes quando estimadas com base no modelo 4 comparadas ao modelo 1 (Tabela 3). A estimativa de herdabilidade para produtividade de grãos foi de 0,21 para a safra da seca ($h_{g_1}^2$) e de 0,29 para a de inverno ($h_{g_2}^2$), enquanto que com base no modelo 1 (h_g^2) foi de 0,01. Já para aspecto comercial de grãos notou-se comportamento oposto ao apresentado para produtividade de grãos, com a maior estimativa para a safra da seca ($h_{g_1}^2 = 0,65$) e menor para a safra de inverno ($h_{g_2}^2 = 0,37$). Os valores de herdabilidade estimados neste trabalho estão próximos aos valores obtidos por outros autores na cultura do feijoeiro (Gonçalves-Vidigal et al., 2008; Coimbra et al., 2009 e Bertoldo et al., 2009).

As estimativas de acurácia para a produtividade de grãos, com base no modelo 4, variaram de 0,45 a 0,53 para as safras da seca e de inverno, respectivamente, os quais, Segundo Resende e Duarte (2007) são classificados como de magnitude moderada. Para aspecto de grãos, as estimativas de acurácia foram maiores que para produtividade de grãos, com valores de 0,81 na safra da seca e 0,61 no inverno, cuja magnitude é de moderada a alta (Resende e Duarte 2007). Resultados similares foram obtidos por Batista et al. (2017), em que avaliaram progênies F_{2:4} na safra da seca e relatam acurácia moderada para a produtividade de grãos (0,64) e alta para o aspecto de grãos (0,80). Resende e Duarte (2007) relatam que a partir da acurácia é possível avaliar a qualidade dos ensaios, uma vez que na estimativa da acurácia é considerando tanto a

variação residual quanto a de natureza genética.

3.3. CORRELAÇÃO GENÉTICA ENTRE SAFRAS

As estimativas das correlações genéticas obtidas a partir dos BLUPs de progênes (modelo 4) preditos na safra da seca com os preditos na safra de inverno são apresentadas na Figura 1 (produtividade de grãos - Figura 1A; e aspecto comercial de grãos - Figura 1B). Para produtividade de grãos a estimativa de correlação genética entre safras foi não significativa ($p > 0,05$) enquanto que para aspecto comercial de grãos significativa ($p < 0,01$), porém de baixa magnitude (0,44).

No Brasil o cultivo do feijoeiro ocorre praticamente em todo o território nacional, sob diversas e variadas condições ambientais. Ademais, o ciclo curto de produção contribui para a sua exploração em três épocas de cultivo por ano, em condições climáticas distintas. Tais adversidades ambientais podem contribuir para a ocorrência das interações $G \times A$ (Rosse e Vencovsky, 2000) e, portanto, reduzir a correlação entre as safras.

Robertson (1959) decompõe a interação $G \times A$ nas frações simples e complexa e relatam que a fração complexa é dada pela falta de correlação entre o desempenho dos genótipos entre pares de ambientes. Nesse sentido, os resultados indicam que, considerar os caracteres avaliados em diferentes ambientes como caracteres distintos, utilizando o modelo 4 foi adequado, visando melhor tratar os efeitos da interação $G \times A$ nos processos de seleção (Smith et al., 2005).

No modelo 1 (simetria composta - CS) admite-se homogeneidade de variância e de covariância genética entre safras, de forma que o componente de variância genética estimado é único entre as safras e dado por $\sigma_g^2 + \sigma_{ga}^2$ e a covariância entre safras por σ_g^2 . Isto resulta num estimador de correlação genética entre safras dado por $\sigma_g^2 / \sigma_g^2 + \sigma_{ga}^2$. Cabe ressaltar que este estimador de correlação é válido apenas quando as variâncias genéticas entre os genótipos em cada safra forem iguais e, ainda, que com este estimador as estimativas de correlação genética variam apenas no intervalo de 0 a 1.

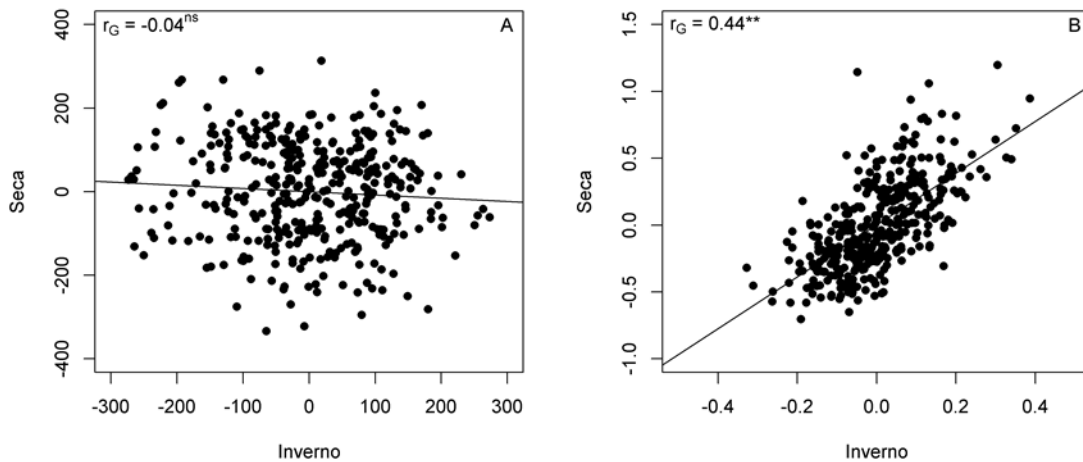


Figura 1. BLUPs de progênies na safra da seca vs BLUPs de progênies na safra de inverno considerando o melhor modelo para as características produtividade de grãos (Figura A) e aspecto comercial de grãos (Figuras B) de feijão vermelho.

Assim, quando os efeitos de interação $G \times A$ forem muito pronunciados (interação de natureza complexa), resultando em correlação genética negativa entre o desempenho dos genótipos nos ambientes avaliados, este modelo de CS não acomoda bem os efeitos da interação $G \times A$, sendo, portanto também não indicado para estas situações. Entretanto, segundo Resende (2007), elevada correlação entre o desempenho dos genótipos avaliados em diferentes ambientes aumentam o risco de obtenção de matrizes de (co)variância não positivas definidas e de não convergência no processo de estimação de componentes de variância quando se utiliza o modelo US. Assim, o mais adequado é ajustar modelos considerando as diferentes estruturas de variâncias e de covariâncias tanto para efeitos genéticos e não genéticos e escolher o mais adequado para o cenário que se apresenta.

Neste trabalho, foram avaliadas progênies $F_{2:3}$ e $F_{2:4}$ em duas safras, seca e inverno de 2015, respectivamente, portanto em diferentes gerações de endogamia. O índice de seleção multigerações proposto por Resende et al. (2015) e ampliado por Batista et al. (2017) considera o efeito de gerações de endogamia na predição dos BLUPs de progênies. Para isto modela o efeito da interação $G \times A$ por uma estrutura de simetria composta (CS) considerando a matriz de parentesco entre gerações em função do coeficiente de endogamia. Entretanto, na redistribuição da variância genética entre progênies nas diferentes gerações de endogamia é considerada que

variância genética manifestada nas diferentes gerações seja a mesma. Assim, na presença de interação $G \times A$ de elevada magnitude este componente de variância pode ser nulo, o que inviabiliza o uso deste índice. Assim, modelar os efeitos genéticos na presença da interação $G \times A$ permite obter um modelo mais realista, já que, o efeito da interação é devido à heterogeneidade de variância genética e à falta de correlação de genótipos entre pares de ambientes (Falconer, 1952, Bernardo 2010). Assim, modelar as estruturas de (co)variâncias que realmente estejam sendo manifestadas para o efeito de progênies avaliadas em diferentes ambientes com diferentes graus de endogamia é o mais adequado, realçando que a avaliação de progênies com diferentes graus de endogamia avaliadas em ambientes distintos é uma realidade dos programas de melhoramento do feijoeiro por seleção recorrente.

3.4. SELEÇÃO DAS PROGÊNIES SUPERIORES

As vinte progênies de melhor desempenho (maiores BLUPs) em cada uma das safras estão ilustradas na Figura 2. Vale destacar que o ranqueamento das progênies superiores com base em uma safra não corresponde com as progênies superiores na outra. Essa falta de correspondência entre as progênies de melhor desempenho nas diferentes safras se deve a interação $G \times A$ que interfere na classificação das progênies superiores em ambiente distintos.

A interação $G \times A$ dificulta o trabalho do melhorista em razão da falta de correlação de desempenho dos genótipos em ambientes diferentes, podendo haver inconsistência na superioridade dos genótipos nos diferentes ambientes (Carvalho et al., 2002; Ramalho et al., 2005). A interação $G \times A$ ocorre quando os genes que controlam o caráter se expressam de forma distinta ao longo dos ambientes (Gauch and Zobel, 1996; van Eeuwijk et al., 2016). Estes resultados corroboram que considerar os caracteres avaliados em diferentes ambientes como caracteres distintos, via o modelo 4, é uma estratégia adequada para melhor tratar os efeitos da interação $G \times A$ nos processos de seleção. Com o modelo 4 obtêm-se os BLUPs das progênies em cada safra, considerando o caráter avaliado em diferentes ambientes como caracteres distintos. Assim, uma alternativa para se capitalizar a interação $G \times A$ no processo de seleção foi a utilização do índice distância genótipo-ideótipo.

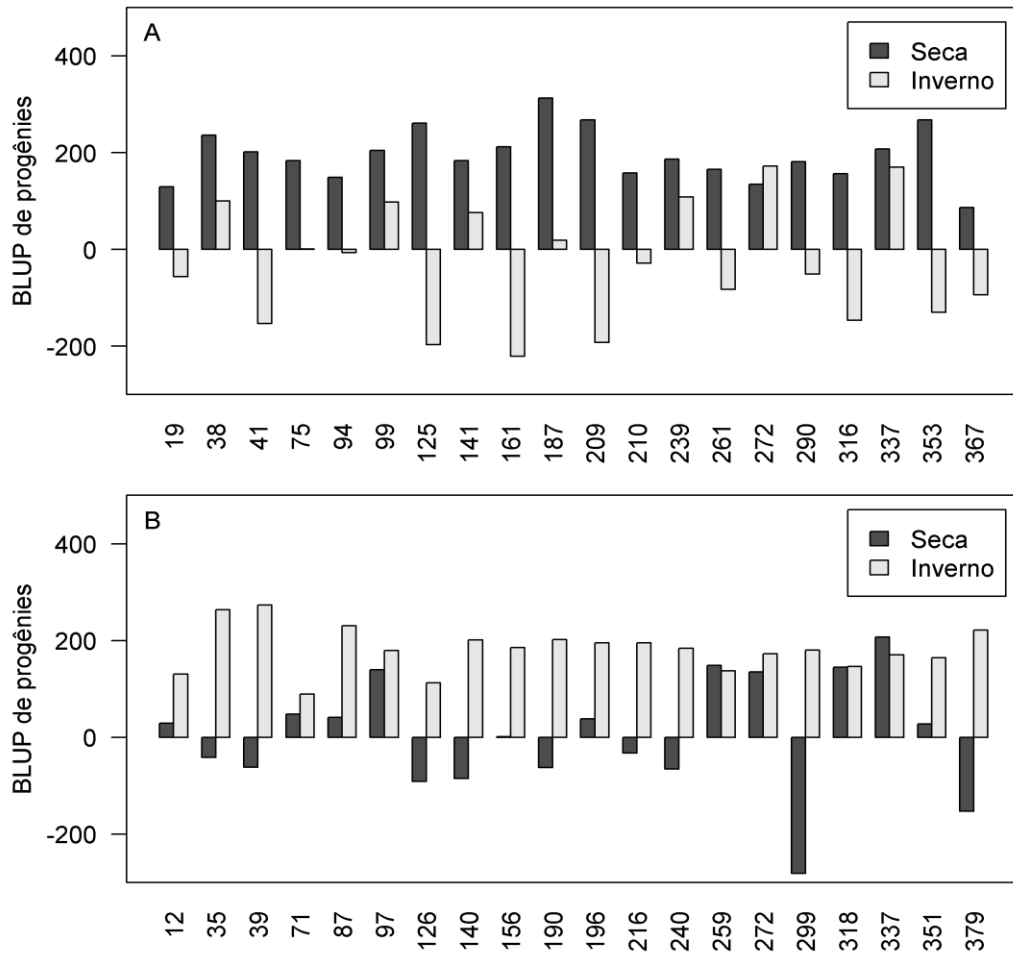


Figura 2. BLUPs de progênies na safra da seca (A) e inverno (B), considerando seleção direta em cada safra para característica produtividade de grãos (PG), com restrição para aspecto comercial de grãos de feijão vermelho.

As vinte progênies selecionadas com base no índice da distância genótipo-ideótipo, considerando a característica produtividade de grãos, são ilustradas na Figura 3. Nesta situação, é possível observar um comportamento mais estável das progênies selecionadas nas duas safras comparadas à seleção das progênies com base em cada uma das safras (Figuras 2A e 2B). Cabe ressaltar que as progênies selecionadas com o auxílio do índice são aquelas cujo desempenho é menos influenciado pelas variações ambientais, ou seja, apresentam adaptação geral às duas safras.

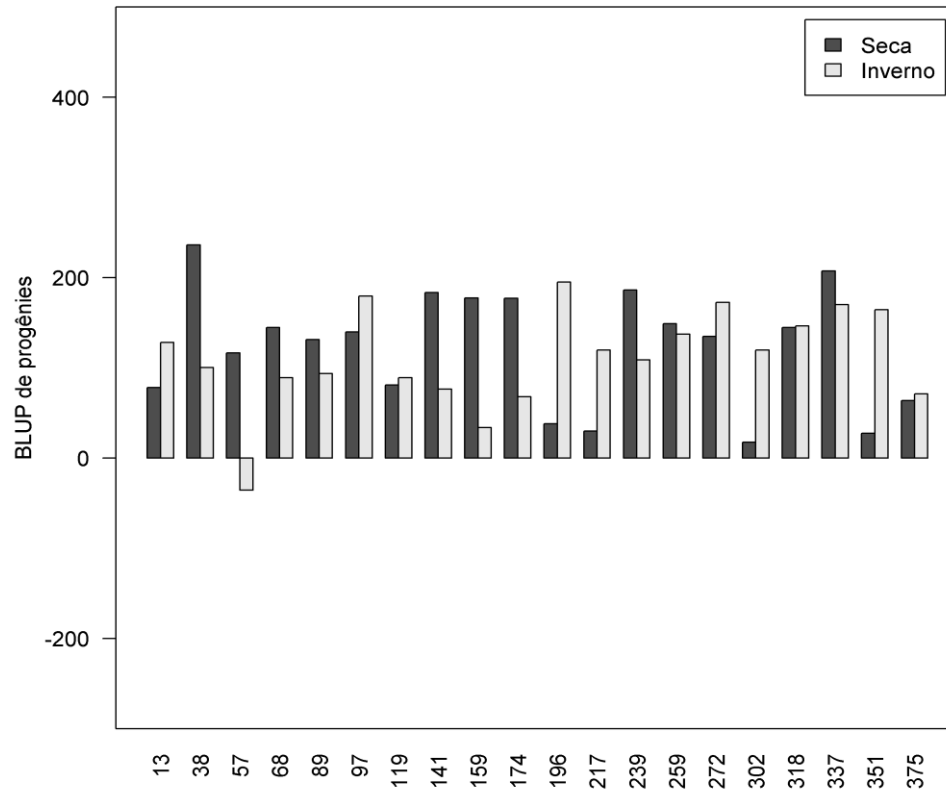


Figura 3. BLUPs de progênies selecionadas com base no índice da distância genótipo-ideótipo na safra da seca e inverno, para produtividade de grãos (PG) com restrição para aspecto comercial de grãos de feijão vermelho.

3.5. GANHO COM A SELEÇÃO DAS PROGÊNIES SUPERIORES

Os ganhos preditos, com a recombinação conforme o esquema proposto por Bearzotti, em que as progênies selecionadas são cruzadas aos pares e cada progênie participa de dois cruzamentos, são apresentados na Tabela 4.

O ganho médio de seleção (GMS) foi de 2,97 % para produtividade de grãos. Esse resultado indica que o uso do índice distância genótipo-ideótipo a partir dos BLUPs obtidos com o modelo 4 foi uma alternativa eficiente de se considerar os efeitos da interação G×A no processo seletivo. Esse resultado também realça a utilização do modelo 4 comparado ao modelo 1.

Tabela 4. Ganho predito (%), com os BLUPs de progênies obtidos pelo modelo 4, com a recombinação das 20 progênies selecionadas com base na produtividade de grãos e o ganho médio de seleção (GSM)

Progênies Recombinadas	Ganho (%)	Progênies Recombinadas	Ganho (%)
13 x 89	2,732	196 x 272	3,426
38 x 97	4,161	217 x 302	1,816
57 x 119	1,591	239 x 318	3,718
68 x 141	3,129	259 x 337	4,210
89 x 159	2,764	272 x 351	3,164
97 x 174	3,581	302 x 375	1,722
119 x 196	2,557	318 x 113	3,154
141 x 217	2,594	337 x 38	4,529
159 x 239	3,211	351 x 57	1,728
174 x 259	3,370	375 x 68	2,334
GSM (%)	2,970		

Progênies selecionadas com base no modelo 4: 13, 38, 57, 68, 89, 97, 119, 141, 159, 174, 196, 217, 239, 259, 272, 302, 318, 337, 351 e 375

O modelo 4 ajusta uma estrutura de (co)variâncias aos efeitos genéticos enquanto o modelo 1 assume simetria composta (CS) para essa estrutura. Ressalta-se que a partir do modelo 1, o componente de variância genotípico foi não significativo (Tabela 3). No modelo 1 é obtido um BLUP único para o conjunto de ambientes avaliados. Este modelo vem sendo de forma geral utilizado em programas de melhoramento, via análise conjunta. Cabe ressaltar, que o uso do modelo 1 na presença de forte interação G×A, a variabilidade genotípica existente pode ser consumida por esta interação, o que poderá conduzir à seleção de genótipos que não permitem a obtenção de ganhos genéticos, bem como estimativas de parâmetros genéticos e não genéticos viesados. Assim, a flexibilização das estruturas de (co)variâncias em ensaios que envolvem progênies avaliadas em diferentes ambientes é uma estratégia promissora para os programas de melhoramento, sobretudo para caracteres que sofrem elevada influência da interação G×A .

4. CONCLUSÃO

A modelagem das estruturas de (co)variâncias para os efeitos genéticos e não genéticos em ensaios que envolvem a avaliação de progênes em diferentes ambientes é uma estratégia promissora para os programas de melhoramento.

O modelo com estrutura de (co)variâncias heterogêneas (US) para os efeitos genéticos, variâncias homogêneas (VC) para os efeitos de blocos e variâncias heterogêneas (DIAG) para os efeitos residuais é o que melhor se ajustou aos dados de avaliação de progênes de feijoeiro nas safras da seca e inverno.

O índice de seleção distância genótipo-ideótipo com base nos BLUPs obtidos a partir do modelo de melhor ajuste proporcionou a seleção de progênes com desempenho mais estável nas duas safras.

5. REFERÊNCIAS

- Akaike H (1974) A new look at the statistical model identification. *IEEE Transactions Automatic Control* 19:716-723
- Balsalobre TWA, Mancini MC, Pereira GS, Anoni CO, Barreto FZ, Hoffmann HP, Souza AP, Garcia AA F, Carneiro MS (2016) Mixed modeling of yield components and brown rust resistance in sugarcane families. *Agronomy Journal* 108:1824-1837
- Batista LG, Anjos RSR, Poersch NL, Carneiro PCS, Carneiro JES, Resende MDV (2017) Multigeneration index in the selection of common bean inbred families. *Crop Sci* 57:2354-2360
- Bearzoti E (1997) Simulação de seleção recorrente assistida por marcadores moleculares em espécies autógamas. Tese, Universidade de São Paulo
- Bernardo R (2010) Breeding for quantitative traits in plants. Stemma Press, Minnesota
- Bertoldo JG, Coimbra JLM, Guidolin AF, Nodori RO, Elias HT, Barili LD, Vale NM, Rozzeto DS (2009) Rendimento de grãos em feijão preto: o componente que mais interfere no valor fenotípico é o ambiente. *Ciência Rural* 39:1974-1982
- Burgueño J, Crossa J, Cotes JM, Vicente FS, DAS B (2011) Prediction assessment of linear mixed models for multienvironment trials. *Crop Sci* 51: 944-954
- Burgueño J, De Los Campos G, Weigel K, Crossa J (2012) Genomic prediction of breeding values when modeling genotype \times environment interaction using pedigree and dense molecular markers. *Crop Sci* 52:707-719
- Bruzi AT (2008) Aplicações da análise de modelos mistos em programa de seleção recorrente do feijoeiro comum. Tese, Universidade Federal de Lavras
- Carvalho CGP, Toledo JFF, Almeida LA, Kiihl RAS, Oliveira MF (2002) Interação genótipo \times ambiente no desempenho produtivo da soja no Paraná. *Pesq. Agropec. Bras.* 37:989-1000
- Coimbra JLM, Barili LD, Vale NM, Guidolin AF, Bertoldo JG, Rocha F, Toaldo D (2008) Seleção para caracteres adaptativos em acessos de feijão usando REML/BLUP *Magistra* 20:177-185
- Coimbra JLM, Bertoldo JG, Elias HT, Hemp S, Vale NM, Toaldo D, Rocha F, Barili LD, Garcia S H, Guidolin AF, Kopp MM (2009) Mineração da interação genótipo \times ambiente em *Phaseolus vulgaris* L. para o Estado de Santa Catarina. *Ciência Rural* 39:355-363

- Crossa J, Yang RC, Cornelius PL (2004) Studying crossover genotype \times environment interaction using linear-bilinear models and mixed models. *Journal of agricultural, biological, and environmental statistics* 9:362-380
- Crossa J, Burgueño J, Cornelius PL, McLaren G, Trethowan R, Krishnamachari A (2006) Modeling genotype \times environment interaction using additive genetic covariances of relatives for predicting breeding values of wheat genotypes. *Crop Science* 46:1722-1733
- Cruz CD, Regazzi AJ, Carneiro, PCS (2012) Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético. Editora UFV, Viçosa
- Falconer DS (1952) The problem of environment and selection. *American Naturalist* 86:293-298
- Falconer DS, Mackay TFC (1996) Introduction to quantitative genetics. Longman, Essex
- Gauch HG, Zobel RW (1996) AMMI analysis of yield trials. In: Kang MS, Gauch HG (Ed.). Genotype-by-environment proved and under what conditions this can be most environment interaction, CRC Press, Boca Raton, pp 1-40
- Gilmour AR (2019) Echidna mixed model software. Orange, New South Wales, Australia. <http://www.echidnamms.org/Resources/Echidna%20Mixed%20Model%20Software.pdf>. Accessed 3 September 2019
- Gonçalves-Vidigal MC, Mora F, Bignotto TS, Munhoz REF, Souza LD (2008) Heritability of quantitative traits in segregating common bean families using a bayesian approach. *Euphytica* 164:551-560
- Henderson CR, Kempthorne O, Searle SR, Von Krosigk CM (1959) The estimation of environmental and genetic trends from records subject to culling. *Biometrics* 13:192-218
- Hu X, Spilke J (2011) Variance-covariance structure and its influence on variety assessment in regional crop trials. *Field Crops Research* 120:1-8
- Lynch M, Walsh B (1998) Genetics and analysis of quantitative traits. Sinauer Associates, Sunderland
- Mariguelo KH, Resende MDV, Viana JMS, Silva FF, Silva PSL, Knop FC (2011) Métodos de análise de dados longitudinais para o melhoramento genético da pinha. *Pesq. Agropec. Bras.* 46:1657-1664
- Melo LC, Santos PG, Faria LC, Diaz JLC, Del Peloso MJ, Rava CA, Costa JGC (2007) Interação com ambientes e estabilidade de genótipos de feijoeiro-comum na Região Centro-Sul do Brasil. *Pesquisa Agropecuária Brasileira* 42:715-723

- Melo VL (2016) Progresso genético e potencial de famílias e linhagens de dois ciclos de seleção recorrente no melhoramento de feijão vermelho. Dissertação, Universidade Federal de Viçosa
- Menezes Júnior JAN (2011) Seleção recorrente no melhoramento de feijão vermelho. Tese, Universidade Federal de Viçosa
- Oakey H, Verbyla A, Pitchford W, Cullis B, Kuchel H (2006) Joint modelling of additive and non-additive genetic line effects in single field trials. *Theoretical and Applied Genetics*. 113:809-819
- Ogut F, Maltecca C, Whetten R, McKeand S, Isik F (2014) Genetic analysis of diallel progeny test data using factor analytic linear mixed models. *Forest Science* 60:119-127
- Pádua JMV, Dias KODG, Pastina MM, Souza JC, Queiroz VAV, Costa RV, Silva MBP, Ribeiro CAG, Guimarães CT, Gezan SA, Guimarães LJM (2016) A multi- environment trials diallel analysis provides insights on the inheritance of fumonisin contamination resistance in tropical maize *Euphytica* 211:277-285
- Pereira HS, Almeida VM, Melo LC, Wendland A, Faria LC, Del Peloso MJ, Magaldi MCS (2012) Influência do ambiente em cultivares de feijoeiro-comum em cerrado com baixa altitude. *Bragantia* 71:165-172
- Piepho HP (1997) Analyzing genotype-environment data by mixed models with multiplicative terms. *Biometrics* 53:761-766
- Piepho HP (2009) Ridge regression and extensions for genomewide selection in maize. *Crop Science* 49:1165-1176
- Ramalho MAP, Pirola LH, Abreu AFB (1998) Alternativas na seleção de plantas de feijoeiro com porte ereto e grão tipo carioca. *Pesq Agropec Bras* 33:1989-1994
- Ramalho MAP, Abreu AFB, Santos JB (2001) Melhoramento de espécies autógamias. In: Nass LL, Valois ACC, Melo IS, Valadares-Inglis, M. C. (Ed.). *Recursos genéticos e melhoramento de plantas*. Fundação MT, Rondonópolis, pp 201-230
- Ramalho MAP, Ferreira DF, Oliveira AC (2005) Experimentação em genética e melhoramento de plantas. Lavras
- Ramalho MAP, Abreu AFB, Guilherme SR (2014) Informações técnicas para o cultivo do feijoeiro-comum na Região Central-Brasileira: 2015-2017. In: *Reunião da comissão técnica central brasileira de feijão*. UFLA, Lavras

- Resende MDV (2007) Matemática e estatística na análise de experimentos e no melhoramento genético.
- Resende MDV, Duarte JB (2007) Precisão e controle de qualidade em experimentos de avaliação de cultivares. *Pesq Agropec Trop* 37: 182-194
- Resende MDV, Ramalho MAP, Guilherme SR, Abreu AFB (2015) Multigeneration index in the within progenies bulk method for breeding of self-pollinated plants. *Crop Science* 55:1202-1211
- Robertson A (1959) Experimental design on the measurement of heritabilities and genetic correlations. *biometrical genetics*. Pergamon Press, New York
- Rocha JRASC, Salvador FV, Silava AC, Machado JC, Carneiro PCS (2018) Genetic insights into elephantgrass persistence for bioenergy purpose. *PLoS One* 13:p. e0203818
- Rocha JRASC, Nunes KV, Carneiro ALN, Marçal TS, Salvador FV, Carneiro PCS, Carneiro JES (2019) Selection of superior inbred progenies towards the common bean ideotype. *Agronomy Journal* 111:1181-1189
- Rosse LN, Vencovsky R (2000) Modelo de regressão não linear aplicado ao estudo da estabilidade fenotípica de genótipos de feijão no Estado do Paraná. *Bragantia* 59:99-107
- Smith AB (1999) Multiplicative mixed models for the analysis of multi-environment trial data. Tese, The University of Adelaide
- Smith AB, Cullis BR, Thompson R (2001) Analyzing variety by environment data using multiplicative mixed models and adjustments for spatial field trend. *Biometrics* 57:1138-1147
- Smith AB, Cullis BR, Thompson R (2005) The analysis of crop cultivar breeding and evaluation trials: an overview of current mixed model approaches. *Journal of Agricultural Science* 143: 449-462
- Smith AB, Ganesalingam A, Kuchel H, Cullis BR (2015) Factor analytic mixed models for the provision of grower information from national crop variety testing programs. *Theor Appl Genet* 128:55-72
- So Y-S, Edwards J (2009) A comparison of mixed-model analyses of the iowa crop performance test for corn. *Crop Sci* 49:1593-1601
- So Y-S, Edwards J (2011) Predictive ability assessment of linear mixed models in multi-environment trials in corn (*Zea mays* L.). *Crop Sci* 51:542-552

- Sripathi R, Conaghan P, Grogan D, Casler MD (2018) Modeling genotype x environment correlation structures in long-term multilocation forage yield trials *Crop Sci* 58:1447-1457
- Studnicki M, Mądry W, Noras K, Wójcik-Gront E, Gacek E (2016) Yield response of winter wheat cultivars to environments modeled by different variance-covariance structures in linear mixed models. *Spanish Journal of Agricultural Research* 14:1-8
- Van Eeuwijk FA, Bustos-Korts DV, Malosetti M (2016) What should students in plant breeding know about the statistical aspects of genotype x environment interactions? *Crop Sci* 56: 2119-2140
- Zhang X, Pérez-Rodríguez P, Semagn K, Beyene Y, Babu R, López-Cruz MA, San Vicente F, Olsen M, Buckler E, Jannink JL, Prasanna BM, Crossa J (2015) Genomic prediction in biparental tropical maize populations in water-stressed and well-watered environments using low-density and GBS SNPs. *Heredity* 114:291-299
- Zapata-Valenzuela, J (2012) Use of analytic factor structure to increase heritability of clonal progeny tests of *pinus taeda* L. *Chilean journal of agricultural* 72:309-315

CAPÍTULO 2

SELEÇÃO DE PROGÊNIES DE FEIJOEIRO PARA EXTRAÇÃO DE LINHAGENS USANDO MODELOS MISTOS COM DIFERENTES ESTRUTURAS DE VARIÂNCIAS E COVARIÂNCIAS

**VIÇOSA - MINAS GERAIS
2020**

RESUMO

Em geral, a avaliação de elevado número de progênies em ensaios com repetições, principalmente nas primeiras gerações segregantes, estão entre os fatores que determinam o sucesso de um programa de melhoramento de caracteres quantitativos visando a extração de linhagens superiores. No caso do feijoeiro, a avaliação das progênies em ensaios com quantidade considerada ideal de repetições, na geração em que elas são derivadas, torna-se difícil, tendo em vista a pequena disponibilidade de sementes nesta fase. Também é comum o descarte de progênies de desempenho insatisfatório e somente aquelas de desempenho mais favorável são avaliadas nas próximas gerações em ensaios sequenciais, os quais podem utilizar delineamentos experimentais distintos. Assim, é comum ocorrer tanto desbalanceamento estatístico quanto genético nos dados oriundos da avaliação de progênies em programas de melhoramento de feijoeiro, visando a extração de linhagens superiores. Desta forma, o presente estudo teve como objetivos i) comparar diferentes modelos lineares mistos, modelando as estruturas de (co)variâncias para os efeitos genéticos e não genéticos, na análise de dados obtidos da avaliação de progênies endogâmicas de feijoeiro em ensaios com diferentes delineamentos experimentais e desbalanceamentos genético e estatístico, ii) escolher o modelo com maior capacidade preditiva do valor genotípico de progênies de feijoeiro e iii) selecionar as progênies superiores, visando a extração de linhagens elite em um programa de seleção recorrente de feijoeiro. Para isso, foram utilizados dados de quatro ensaios sequenciais conduzidos nas safras da seca e do inverno de 2015 e de 2017. Nos ensaios da seca de 2015 e inverno de 2015, 380 progênies nas gerações $F_{2:3}$ e $F_{2:4}$, respectivamente, foram avaliadas utilizando o delineamento látice, com duas repetições na primeira avaliação e três na segunda. A partir destes ensaios foram selecionadas 58 progênies, as quais foram avaliadas em ensaios conduzidos na safra da seca de 2017 (geração $F_{2:5}$) e inverno de 2017 ($F_{2:6}$) em delineamento de blocos casualizados com três repetições. Nestes quatro ensaios foram avaliados os caracteres produtividade e o aspecto comercial de grãos. Considerando diferentes estruturas de (co)variâncias para os efeitos genéticos e não genéticos foram ajustados cinco modelos lineares mistos. Observou-se acentuadas alterações nas estimativas de herdabilidade e da acurácia para os diferentes modelos ajustados. Entre os modelos ajustados, o modelo 3 DIAGH para produtividade de grãos e o modelo 5 US para aspecto comercial de grãos, apresentaram menores valores de critério de informação de Akaike (AIC), sendo os escolhidos para a obtenção dos BLUP's de progênies e seleção daquelas de maior potencial visando a

extração de linhagens superiores a partir do índice distância genótipo-ideótipo. As progênies selecionadas, com base no índice distância genótipo-ideótipo, apresentaram comportamento mais estáveis nos ambientes avaliados, capitalizando os efeitos da interação G×A. A modelagem das estruturas de (co)variâncias para os efeitos genéticos e não genéticos é promissora na análise de dados obtidos da avaliação de progênies endogâmicas em ensaios com diferentes delineamentos experimentais e desbalanceamentos genéticos e estatísticos.

Palavras-chave: Desbalanceamento genético/estatístico. Interação genótipos por ambientes. Conectar ensaios.

1. INTRODUÇÃO

O objetivo final do melhoramento de plantas autógamas é a obtenção de linhagens que superem com vantagens aquelas cultivares em uso pelos agricultores (Morais Júnior et al., 2017). A estratégia de seleção recorrente tem-se destacado no melhoramento de caracteres quantitativos com resultados satisfatórios em várias culturas autógamas (Gil et al., 2003; Ramalho et al., 2005; Breseghello et al., 2009; Menezes Júnior, 2011; Morais Júnior et al., 2015; Melo, 2016; Morais Júnior et al., 2017.)

Nos programas de seleção recorrente de plantas autógamas, que visam o melhoramento de caracteres quantitativos, a avaliação de progênies em ensaios com repetição é prática rotineira (Ramalho et al., 2001; Ramalho et al., 2012). No caso da seleção recorrente em feijoeiro, as progênies são derivadas de múltiplas populações a cada ciclo de recombinação, que em geral envolve cerca de 20 populações. Ressalta-se que a avaliação das progênies na geração em que elas são derivadas (fase inicial) em ensaios com tamanho de parcelas e número de repetições considerados ideais tornam-se difíceis de serem implementados, tendo em vista a pequena disponibilidade de sementes nesta fase, ou seja, cada progênie é oriunda de sementes de uma única planta. Devido a esta restrição, os melhoristas de feijoeiro conduzem os ensaios desta fase com parcelas bem menores e com número reduzido de repetições, ou até mesmo sem repetições.

Em feijoeiro, quando as progênies de um ensaio da fase inicial são colhidas, tem-se as sementes de uma parcela (em geral colhidas em bulk) para a implementação de outros ensaios com as progênies, tendo, agora um número bem maior de sementes e as progênies com o avanço de uma geração de endogamia. Estes novos ensaios com as progênies avaliadas em outras condições ambientais (locais, safras e, ou anos) e também em gerações mais avançadas de endogamia são de grande importância no melhoramento de caracteres quantitativos em função das diferentes condições edafoclimáticas que a cultura do feijoeiro é submetida, bem como devido à ocorrência de interação dos efeitos de progênies com os ambientais (interação $G \times A$). Segundo Ramalho et al. (1993), a interação $G \times A$ é um dos maiores complicadores dos melhoristas na seleção e recomendação de novas cultivares, exigindo adotar medidas que controlem ou mitiguem o seu efeito.

Ainda cabe ressaltar que é comum o melhorista de feijoeiro praticar seleção de progênies de um ensaio para o outro, de forma que apenas aquelas de melhor desempenho são avaliadas nos ensaios subsequentes à etapa de seleção. Também não é raro que estes ensaios envolvam

delineamentos experimentais distintos. Além disso, é comum a perda de parcelas e até mesmo de tratamentos (toda a progênie) durante a condução destes ensaios. Assim, é evidente a ocorrência de desbalanceamento genético e, ou, estatístico para um conjunto de ensaios de avaliação de progênies em diferentes ambientes.

Cabe ressaltar que as linhagens são extraídas da última geração de endogamia em que as progênies foram avaliadas. Entretanto, alguns autores têm demonstrado que a utilização das informações das avaliações anteriores pode melhorar a eficiência seletiva dos programas de melhoramento de plantas autógamas. Piepho & Mohring (2006), utilizando dados de Canola, verificaram que a análise sequencial proporcionou maior acurácia seletiva em relação à geração de referência. Yan & Rajcan (2003) observaram, para a cultura da soja, que a predição do desempenho de cultivares utilizando as informações de vários anos foi mais eficiente do que análise considerando uma única geração. No caso do feijoeiro, Bruzzi (2008) adotou análise sequencial em um programa de seleção recorrente e incorporou todas as informações das gerações de avaliação, o que proporcionou maior acurácia seletiva.

Devido os ensaios de avaliação de progênies em diferentes ambientes envolverem delineamentos estatísticos diferentes, bem como desbalanceamentos genético e, ou, estatístico, a abordagem de modelos mistos (Henderson, 1975) pode ser mais eficiente do que a tradicional análise de variância (ANOVA) (Smith et al., 2005 e Kelly et al., 2007) para a análise de dados destes tipos de ensaios, pois permitem que diferentes estruturas de (co)variâncias entre efeitos genéticos e não genéticos sejam consideradas.

Com base no exposto, o presente estudo teve como objetivos i) comparar diferentes modelos lineares mistos, modelando as estruturas de (co)variâncias para os efeitos genéticos e não genéticos, na análise de dados obtidos da avaliação de progênies endogâmicas de feijoeiro em ensaios com diferentes delineamentos experimentais e desbalanceamentos genéticos e estatísticos, ii) escolher o modelo com maior capacidade preditiva do valor genotípico de progênies de feijoeiro e iii) selecionar as progênies superiores, visando a extração de linhagens elite em um programa de seleção recorrente de feijoeiro.

2. MATERIAL E MÉTODOS

2.1. MATERIAL GENÉTICO

O material genético utilizado nesse trabalho é proveniente do terceiro ciclo (C_{III}) do

programa de Seleção Recorrente de Feijão Vermelho da Universidade Federal de Viçosa, já detalhado no item material e métodos do capítulo 1. Sementes F_1 resultantes de 20 combinações híbridas que compuseram a população do ciclo 3 (C_{III}) foram multiplicadas para a obtenção das sementes F_2 . Considerando o aspecto comercial de grãos, derivou-se de cada uma destas 20 populações F_2 19 progênies $F_{2:3}$, totalizando 380 progênies, as quais foram avaliadas em quatro ensaios, descritos a seguir.

2.2. CONDUÇÃO DOS ENSAIOS

As 380 progênies derivadas em F_2 , juntamente com 20 testemunhas, perfazendo 400 tratamentos, foram avaliadas em duas gerações: $F_{2:3}$ (seca de 2015) e $F_{2:4}$ (inverno 2015). A geração $F_{2:4}$ foi obtida por amostragem (bulk) de sementes produzidas por cada progênie da geração anterior. Independente da população de origem foi selecionada, dentre as 380 progênies do ciclo C_{III} , as 58 progênies de maior desempenho. Estas 58 progênies também foram avaliadas em ensaio de campo, com os ensaios conduzidos no ano de 2017 na estação experimental de Coimbra, pertencente à Universidade Federal de Viçosa, localizada no município de Coimbra-MG (latitude 20°50'30"S, longitude 42°48'30"W, a 715m altitude). Assim, foram utilizados dados de quatro ensaios sequenciais (Tabela 1), visando a seleção de progênies para a extração de linhagens.

Os dois primeiros ensaios foram delineados em látice quadrado 20x20. No ensaio um (safra da seca de 2015) utilizou-se duas repetições, cuja parcela constituiu-se em uma linha de 1,0 m em razão do reduzido número de sementes. O espaçamento entre linhas foi de 0,5 m. No ensaio dois (safra de inverno de 2015), a parcela foi composta por duas linhas de 2,0 m com três repetições (Tabela 1).

Nos ensaios três (safra da seca de 2017 – geração $F_{2:5}$) e quatro (safra de inverno de 2017 – geração $F_{2:6}$) os tratamentos (58 progênies) foram delineados em blocos casualizados (DBC) juntamente com as testemunhas Vermelhinho, Ouro Vermelho, OVR e Ouro da Mata, com as parcelas constituídas por duas linhas de dois metros, espaçadas em 0,50 m e com três repetições (Tabela 1).

Tabela 1. Descrição dos quatro ensaios utilizados para a seleção de progênies de feijão vermelho, visando a extração de linhagens

Ensaio	Anos	Safras	Delineamento	Progenies	Testemunhas	Repetições	Parcelas
1	2015	Seca	Látice	380	20	2	1lx1m
2	2015	Inverno	Látice	380	20	3	2lx1m
3	2017	Seca	DBC	58	4	3	2lx2m
4	2017	Inverno	DBC	58	4	3	2lx2m

A densidade de semeadura para os quatro ensaios foi de 12 sementes por metro. As práticas culturais e de manejo relacionadas a fertilização e ao controle de pragas seguiram as recomendações técnicas para a cultura do feijão na região (Ramalho et al., 2014).

2.3. CARACTERES AVALIADOS

Nos quatro ensaios foram avaliados os caracteres aspecto comercial de grãos (AG) e produtividade de grãos (PG). Para a avaliação do aspecto comercial de grãos adotou-se uma escala com notas de 1 a 5 proposta por Ramalho et al. (1998), adaptada para avaliação de feijão vermelho. A nota 1 equivale ao grão vermelho brilhante, não achatado, de formato elíptico e peso médio de 100 sementes entre 22 e 24 g, considerado como padrão; 2 se o grão vermelho apresentar deficiência em alguma de suas características discriminadas para o padrão; 3 se o grão vermelho apresentar deficiência em duas das características mencionadas no padrão; 4 se o grão vermelho conter alguma deficiência em três das características anteriores descrita no padrão; e 5 se o grão estiver totalmente fora do padrão.

Para a produtividade de grãos procedeu-se a colheita manual de todas as plantas da parcela. Estas plantas foram trilhadas e seus grãos pesados (g parcela⁻¹), que posteriormente, foram convertidos em kg ha⁻¹.

2.4. ANÁLISES GENÉTICO-ESTATÍSTICAS

Para a análise dos dados, foi considerado o modelo linear misto apresentado na Eq. [1].

$$\mathbf{y} = \mathbf{X}\boldsymbol{\tau} + \mathbf{Z}_g\mathbf{u}_g + \mathbf{Z}_b\mathbf{u}_b + \mathbf{e} \quad [1],$$

em que: \mathbf{y} o vetor de observações fenotípicas para progênies e testemunhas em todos os ensaios; $\boldsymbol{\tau}$ é o vetor de efeitos fixos de ensaios, repetições dentro de ensaios, testemunhas e interação testemunhas por ensaios; \mathbf{u}_g é o vetor de efeitos aleatórios de progênies em cada ensaio, com $\mathbf{u}_g \sim N(0, \mathbf{G}_g)$; \mathbf{u}_b é o vetor de efeitos aleatórios de blocos dentro de repetições dos ensaios instalados em blocos incompletos, com $\mathbf{u}_b \sim N(\mathbf{0}, \mathbf{G}_b)$; \mathbf{e} é o vetor de erros aleatórios em cada ensaio, com $\mathbf{e} \sim N(0, \mathbf{R})$ e \mathbf{X} , \mathbf{Z}_g e \mathbf{Z}_b são as matrizes de incidência dos efeitos $\boldsymbol{\tau}$, \mathbf{u}_g e \mathbf{u}_b , respectivamente.

Assumiu-se que os vetores de efeitos aleatórios \mathbf{u}_g , \mathbf{u}_b e \mathbf{e} são mutuamente independentes, com distribuição normal multivariada e média zero. A matriz de (co)variância para \mathbf{u}_g é dada por $\mathbf{G}_g = \mathbf{G}_e \otimes \mathbf{I}_g$, onde \mathbf{G}_e é uma matriz positiva semidefinida de (co)variância genética entre ensaios de ordem $t \times t$ (Smith et al., 2015), \otimes é o operador de produto de Kronecker e \mathbf{I}_g é uma matriz identidade de ordem $g \times g$, sendo g igual ao número de progênies.

A matriz de (co)variância para \mathbf{u}_b é dada por $\mathbf{G}_b = \bigoplus_{j=1}^t \sigma_{b_j}^2 \mathbf{I}_{b_j}$, em que $\sigma_{b_j}^2$ é o componente de variância de blocos associado ao ensaio j instalado em blocos incompletos e \mathbf{I}_{b_j} é uma matriz identidade de ordem $b_j \times b_j$, sendo b_j igual aos números de níveis de blocos para o ensaio j ($j = 1$ e 2). A matriz de (co)variância residual assumiu duas formas: $\mathbf{R} = \sigma_e^2 \mathbf{I}_n$ e $\mathbf{R} = \bigoplus_{j=1}^t \sigma_{e_j}^2 \mathbf{I}_{n_j}$, em que σ_e^2 é o componente de variância residual médio ao longo dos ensaios, \mathbf{I}_n é uma matriz identidade de ordem $n \times n$, sendo n igual ao número total de parcelas de todos os ensaios, $\sigma_{e_j}^2$ é o componente de variância residual para o ensaio j e \mathbf{I}_{n_j} é uma matriz identidade de ordem $n_j \times n_j$, sendo n_j igual ao número de parcelas para o ensaio j ($j = 1, 2, 3$ e 4).

A matriz de (co)variância \mathbf{G}_e pode assumir quatro formas básicas, segundo Smith (1999) e Smith et al. (2015). A primeira forma, denominada simetria composta (CS), é a estrutura mais simples que considera correlação entre ensaios para os efeitos genotípicos das progênies. A estrutura de (co)variância CS é dada por $\mathbf{G}_e = \sigma_g^2 \mathbf{J}_t + \sigma_{ge}^2 \mathbf{I}_t$, em que σ_g^2 é o componente de variância genotípica de progênies na média dos ensaios, \mathbf{J}_t é uma matriz de uns de ordem $t \times t$, σ_{ge}^2 é o componente de variância da interação $G \times A$ e \mathbf{I}_t é uma matriz identidade de ordem $t \times t$. A segunda forma é a diagonal (DIAG) com $\mathbf{G}_e = \bigoplus_{j=1}^t \sigma_{g_j}^2$, em que $\sigma_{g_j}^2$ é a variância genotípica de progênies para o ensaio j . Quando existe desbalanceamento genético no conjunto de ensaios

avaliados, a forma DIAG pode ser reescrita como diagonal heterogênea (DIAGH) $\mathbf{G}_g = \mathbf{G}_e = \bigoplus_{j=1}^t \sigma_{g_j}^2 \mathbf{I}_{g_j}$. Na estrutura de (co)variância DIAG ou DIAGH assume-se que o efeito genético das progênies é não correlacionado entre ensaios em analogia com as análises individuais. A terceira forma, denominada de correlação uniforme e variâncias heterogêneas (CORUH), combina as vantagens das estruturas DIAG e CS, ou seja, assume heterogeneidade de variância e que os efeitos genotípicos são correlacionados entre ensaios. A estrutura de (co)variância CORUH é dada por $\mathbf{G}_e = \mathbf{D}[\rho_g \mathbf{J}_t + (1-\rho_g)\mathbf{I}_t]\mathbf{D}$, em que ρ_g é a correlação genética uniforme entre ensaios e \mathbf{D} é uma matriz diagonal com os elementos diagonais equivalentes a $\sqrt{\sigma_{g_j}^2}$. A quarta forma, denominada de não estruturada (US), é considerada a forma mais geral para a matriz \mathbf{G}_e com $t(t+1)/2$ parâmetros a serem estimados. A estrutura US contabiliza a heterogeneidade de variâncias entre ensaios e de covariâncias entre pares de ensaios.

O vetor de soluções $\boldsymbol{\beta} = (\hat{\boldsymbol{\tau}}, \tilde{\mathbf{u}}_g, \tilde{\mathbf{u}}_b)^T$ para os efeitos fixos e aleatórios do modelo descrito anteriormente (Eq. [1]) pode ser obtido pela Eq. [2], que pode ser obtida maximizando-se a função de distribuição conjunta de \mathbf{y} e $\mathbf{u} = (\mathbf{u}_g, \mathbf{u}_b)^T$ (Henderson et al., 1959):

$$\begin{bmatrix} \mathbf{X}^T \mathbf{R}^{-1} \mathbf{X} & \mathbf{X}^T \mathbf{R}^{-1} \mathbf{Z}_g & \mathbf{X}^T \mathbf{R}^{-1} \mathbf{Z}_b \\ \mathbf{Z}_g^T \mathbf{R}^{-1} \mathbf{X} & \mathbf{Z}_g^T \mathbf{R}^{-1} \mathbf{Z}_g + \mathbf{G}_g^{-1} & \mathbf{Z}_g^T \mathbf{R}^{-1} \mathbf{Z}_b \\ \mathbf{Z}_b^T \mathbf{R}^{-1} \mathbf{X} & \mathbf{Z}_b^T \mathbf{R}^{-1} \mathbf{Z}_g & \mathbf{Z}_b^T \mathbf{R}^{-1} \mathbf{Z}_b + \mathbf{G}_b^{-1} \end{bmatrix} \begin{bmatrix} \hat{\boldsymbol{\tau}} \\ \tilde{\mathbf{u}}_g \\ \tilde{\mathbf{u}}_b \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} \mathbf{X}^T \mathbf{R}^{-1} \mathbf{y} \\ \mathbf{Z}_g^T \mathbf{R}^{-1} \mathbf{y} \\ \mathbf{Z}_b^T \mathbf{R}^{-1} \mathbf{y} \end{bmatrix} \quad [2],$$

A combinação de diferentes estruturas de (co)variâncias para as matrizes \mathbf{R} e \mathbf{G} resultou no estabelecimento de cinco diferentes modelos (Tabela 2).

Considerando os quatro ensaios, os cinco modelos acima descritos foram ajustados por meio do software Echidna (Gilmour et al., 2019). A estimação dos componentes de variância foi realizada com o auxílio do procedimento REML e o teste de razão de verossimilhanças (LRT) foi utilizado para verificar a significância das estruturas (VC, CS, US, CORUH e DIAGH) por meio da estatística qui-quadrado (χ^2) com ν graus de liberdade (Resende, 2007; Mariguele et al., 2011), onde ν é a diferença entre o número de parâmetros dos modelos comparados.

Tabela 2. Estruturas de (co)variâncias ajustadas aos efeitos aleatórios descritos na equação Eq. [1]

Matrizes de (co)variância	Modelos [†]				
	1	2	3	4	5
\mathbf{G}_g	CS	CS	DIAGH	CORUH	US
\mathbf{G}_b	DIAGH	DIAGH	DIAGH	DIAGH	DIAGH
\mathbf{R}	VC	DIAGH	DIAGH	DIAGH	DIAGH

[†]CS, simetria composta; DIAGH, diagonal heterogênea; VC, componente de variância; CORUH, correlação uniforme e variâncias heterogêneas; US, não estruturada.

Os cinco modelos foram comparados por meio do Critério de Informação de Akaike (AIC), de modo que, o modelo com melhor ajuste aos dados é o que apresenta o menor valor (Akaike, 1974).

$$AIC = -2\log(L) + 2p \quad [3],$$

em que: $\log(L)$ é o logaritmo neperiano do ponto de máximo da função de verossimilhança residual e p é o número de parâmetros estimados pelo modelo.

Após a escolha do modelo com melhor ajuste, obtiveram-se as predições dos valores genotípicos das progênies e realizou-se a seleção daquelas superiores, visando a extração de linhagens.

2.4.1. CORRELAÇÃO GENÉTICA ENTRE PARES DE AMBIENTES

As correlações genéticas (r_G) entre pares de ambientes e anos foram estimadas utilizando-se os parâmetros da matriz de covariância G_t conforme a seguir:

$$r_G = \frac{\sigma_{g_{ij}}}{\sqrt{\sigma_{g_i}^2 \times \sigma_{g_j}^2}} \quad [4],$$

em que: $\sigma_{g_{ij}}$ é a covariância genética de progênies entre as safras da seca 2015 e 2017;

$\sigma_{g_i}^2$ é a variância genética entre progênies na safra de inverno 2015 e 2017;

$\sigma_{g_j}^2$ é a variância genética entre progênies na safra da seca 2015 e 2017.

A correlação foi testada mediante a comparação de duas estruturas, por meio do teste de razão de

máxima verossimilhança para a matriz de covariância G_t (US vs Diagonal), isto é, se $\sigma_{g_{ij}} = 0$.

2.4.2. SELEÇÃO DAS PROGÊNIAS PARA EXTRAÇÃO DE LINHAGENS

A seleção foi realizada para as 20 melhores progênieas independente da população de origem. Os BLUPs de progênieas obtidos com o modelo de melhor ajuste foram utilizados para a seleção das progênieas que baseou-se na distância genótipo-ideótipo adaptada de Rocha et al. (2018) como apresentado a seguir:

$$I_i = \left\{ \frac{1 / \sum_j^{N_t} (\tilde{u}_{g_{ij}} - v_j)^2}{\sum_k^{N_g} \left[1 / \sum_j^{N_t} (\tilde{u}_{g_{kj}} - v_j)^2 \right]} \right\} \times \prod_j^{N_t} d_{ij} \quad [5],$$

$$d_{ij} = \begin{cases} 1 & \text{se } AG \leq \nu \\ 0 & \text{se } AG > \nu \end{cases} \quad [6],$$

em que: I_i corresponde a probabilidade espacial (Rocha et al., 2018), associada ao índice genótipo-ideótipo, para cada progêniea i ;

$\tilde{u}_{g_{ij}}$ é o valor genotípico (BLUP) da progêniea i na safra j ;

v_j é o ideótipo para cada safra;

d_{ij} é a restrição imposta à seleção para aspecto comercial de grãos (AG) como apresentado na equação [6];

Σ é o operador de somatório;

Π é o operador de produtório;

ν é o valor da restrição para aspecto comercial de grãos.

Para produtividade de grãos, adotou-se o ideótipo dado pelos maiores valores preditos (BLUPS) obtidos em cada um dos quatro ensaios. Entretanto, para aspecto comercial de grãos, adotou-se uma restrição para que fossem selecionadas somente as progênieas com notas inferiores a três, isto é, aplicou-se uma restrição (d_{ij}) conforme equação [6]. Assim, utilizando-se a equação [5] selecionaram-se as progênieas que apresetam menor distância em relação ao ideótipo

designado.

Posteriormente, foram construídos intervalos de confiança de 95% - $CI(\hat{\sigma}_x^2)_{0,95}$ - para os parâmetros genéticos e não genéticos, da seguinte forma:

$$CI(\hat{\sigma}_x^2)_{0,95} = \sigma_x^2 \pm 1.96SE \quad [7],$$

em que: σ_x^2 é o parâmetro associado ao efeito x e SE é o erro padrão da estimativa do parâmetro.

3. RESULTADO E DISCUSSÃO

3.1. SELEÇÃO DE MODELOS COM MELHORES AJUSTES AOS DADOS

As estruturas de variâncias e covariâncias (modelos) ajustadas aos efeitos genéticos e residuais são apresentadas na Tabela 2. Todos os modelos tinham a mesma estrutura diagonal heterogênea de blocos (DIAGH). A diferença entre os modelos é a estrutura da matriz de variâncias e covariâncias ajustada aos efeitos genéticos e residuais.

Para verificar a heterogeneidade dos resíduos comparou-se os modelos 1 e 2 (Tabela 2). Sob a hipótese nula de não haver diferença na qualidade dos ajustes, a diferença entre o LogL multiplicado por dois apresenta distribuição qui-quadrado com número de graus de liberdade igual à diferença no número de parâmetros entre os modelos. Nesse caso, a diferença no desvio foi de 83,42 e os modelos diferem em três parâmetros. Assim, o valor de P associado a 83,42 em uma distribuição de Qui-quadrado com três de graus de liberdade foi significativo ($P < 0,01$). Como o modelo 2 apresentou menor valor de AIC em relação ao modelo 1 (Tabela 3) conclui-se que o modelo 2, que admite uma estrutura diagonal heterogênea residual proporciona uma melhora significativa na qualidade de ajuste do modelo aos dados tanto para a característica produtividade de grãos (32494,85) quanto para aspecto comercial de grãos (-971,01). Estes resultados corroboram a superioridade do procedimento REML/BLUP em relação às tradicionais análises de variância (ANOVA) devido à flexibilidade para se modelar as estruturas de variância residual. Resultados similares foram relatados por Rocha et al. (2019) em que houve melhoria no ajuste do modelo quando foi incorporado resíduos heterogêneos em ensaios de avaliação de progênies de feijão carioca quanto à produtividade e aspecto comercial de grãos em diferentes safras e gerações.

Tabela 3. Número de parâmetros (NP), critério de informação de Akaike (AIC), logaritmo do ponto de máximo da função de máxima verossimilhança e teste de razão de verossimilhança para os cinco modelos ajustados para a produtividade de grãos (PG) e aspecto de grãos (AG) de progênies de feijão vermelho nas safras da seca e inverno de 2015 e 2017

Modelos	NP	PG			AG		
		AIC	LogL	LRT [†]	AIC	LogL	LRT [†]
1	5	32572,29	-16281,14		-731,57	370,78	
2	8	32494,85	-16239,43	83,42 (p < 0,01)	-971,01	493,50	245,44 (p < 0,01)
3	10	32480,63	-16230,32	18,22 (p < 0,01)	-1004,07	512,04	37,08 (p < 0,01)
4	11	32481,53	-16229,77	1,01 (p = 0,314)	-1018,58	520,29	16,5 (p < 0,01)
5	16	32488,70	-16228,35	2,84 (p = 0,724)	-1022,36	527,18	13,78 (p = 0,017)

[†]Comparações via LRT (Modelo 2 vs Modelo 1, Modelo 3 vs Modelo 2, Modelo 4 vs Modelo 3 e Modelo 5 vs Modelo 4)

Cabe ressaltar que em análises conjunta de variância (via procedimentos tradicionais de ANOVA) admite-se que os resíduos sejam homogêneos e dado pela média dos resíduos das análises individuais. Alguns autores relatam vantagens em modelar de forma adequada os resíduos heterogêneos em análise conjunta de ensaios, entre as quais se destacam estimativas mais precisas de valores genotípicos (Smith et al., 2001; Resende, 2007; Kelly et al., 2007; Rönnegard et al., 2010, So e Edwards, 2009; So e Edwards, 2011; Pádua et al., 2016).

Após identificar a estrutura da matriz de (co)variâncias **R** mais condizente com os dados analisados, procurou-se a estrutura que melhor acomodasse o efeito de genótipos e da interação G×A. Para isso, comparou-se os modelos 2 (CS) e 3 (DIAGH) para identificar a heterogeneidade e correlação entre os efeitos de genótipos (Tabela 2). O modelo 2 (CS) assume variância genética constante e correlação genética única entre pares de ambientes e o modelo 3 (DIAGH) admite heterogeneidade de variâncias e independência, ou seja, assume variância genética distinta para cada ambiente e ausência de correlação genética entre ambientes (Tabela 2). Nesta comparação, observou-se que o modelo 3 apresentou menor valor de AIC (Tabela 3), considerando tanto a característica produtividade de grãos (32480,63) quanto aspecto comercial de grãos (-1004,07). Também, observou-se efeito significativo pelo teste de LRT (teste χ^2), a 1% de probabilidade, para a estrutura de (co)variância DIAGH (modelo 3) comparada ao modelo 2. Estes resultados apontaram que o modelo 3 se ajustou melhor aos dados que o modelo 2, evidenciando a

heterogeneidade da variância genética.

Em geral, para dados de MET a suposição de variância e correlação genéticas constantes entre ambientes é irrealista como têm sido relatado por diversos autores (Patterson & Nabugoomu 1992; Frensham et al. 1997; Cullis et al. 1998; Smith et al. 2005; Kelly et al. 2007). Neste contexto, Smith et al. (2001, 2005) propuseram considerar uma determinada característica avaliada em diferentes ambientes como caracteres distintos. Com isto, a interação $G \times A$ pode ser modelada de forma mais realista considerando-se heterogeneidade de variâncias genética e/ou residual e correlação entre pares de ambientes.

Na presença de interação $G \times A$, o modelo 3 acomoda diferentes variâncias genéticas manifestadas pelo conjunto de progênes nos diferentes ambientes em que foram avaliadas, o que está de acordo com o conceito de interação $G \times A$ que é a expressão diferencial de genes frente às diferentes condições ambientais (Zhang et al., 2015). Da mesma forma, a falta de correlação entre o desempenho dos genótipos ao longo dos ensaios também é atribuída à interação $G \times A$. Assim, o modelo 3 acomoda melhor os efeitos da interação $G \times A$ para a produtividade de grãos que é uma característica de natureza quantitativa e que sofre grande influência ambiental, isto é, governada por vários genes de pequeno efeito sobre o fenótipo (Bertoldo et al., 2009).

Na cultura do feijoeiro, alguns autores (Torga et al., 2013; Oliveira et al., 2006) relatam que a principal causa de interação $G \times A$ além dos fatores abióticos (radiação solar, temperatura, água, vento, pressão etc) considerando a produtividade de grãos, seja devido à ocorrência de diferentes doenças influenciada pelas condições climáticas características de cada safra. Assim, diferentes genes podem estar sendo expressos em função das variações decorrentes das diferentes safras, resultando na falta de correlação entre os pares de ambientes envolvendo diferentes safras.

Após a constatação da heterogeneidade de variância buscou-se verificar se a estrutura que assume correlação entre ambientes melhora a qualidade de ajuste do modelo. Para isso, foram feitas comparações entre os modelos 3 (DIAGH) e o modelo 4 (CORUH) que assume heterogeneidade de variâncias e correlação homogênea entre ensaios para os efeitos genéticos, e o modelo 4 (CORUH) e o modelo 5 (US) não-estruturado, o qual admite heterogeneidade de variâncias para cada safra e covariâncias entre pares de ambientes (Tabela 2).

Na comparação do modelo 3 e 4, observou-se menor valor de AIC para o modelo 3 (32480,63), em relação à produtividade de grãos, e efeito não significativo para a estrutura de CORUH. Estes resultados indicam que o modelo 3 se ajusta melhor aos dados. Na comparação

entre os modelos 4 e 5, observou-se também menor valor de AIC para o modelo 4 (32481,53) e que não houve efeito significativo pelo teste de LRT (teste χ^2), a 1% de probabilidade, para a estrutura de US (Tabela 3). Estes resultados apontam para a escolha do modelo 4, ou seja, que a inclusão desta estrutura (US) não melhora o ajuste do modelo aos dados. Nesta situação, adota-se o modelo mais parcimonioso, que no caso é o modelo 3 por ter um parâmetro a menos. Estes resultados são coerentes com a ocorrência de interação G×A para a característica produtividade de grãos, a qual é dada pela falta de correlação genética entre pares de ambientes, resultante da expressão diferencial de genes envolvidos no controle desta característica. Vários outros autores (Ramalho et al., 1998; Pirola et al., 2002; Matos et al., 2007; Bruzi et al., 2007, Faria et al., 2013, Barili et al., 2015) têm relatado a ocorrência de interação G×A significativa para a produtividade de grãos na cultura do feijoeiro.

Considerando a característica aspecto comercial de grãos, observou-se menor valor de AIC (-1018,58) para o modelo 4, comparado ao modelo 3 (-1004,07) e efeito significativo pelo teste de LRT (teste χ^2), a 1% de probabilidade, para a estrutura de CORUH (Tabela 3). Estes resultados apontam para a escolha do modelo 4. Entretanto, comparando os modelos 4 e 5, observou-se menor valor de AIC (-1022,36) para o modelo 5, que admite estrutura US, e efeito significativo pelo teste LRT (teste χ^2), (p=0,017). Essa estrutura US descreve a natureza da interação G×A, na qual se admite a heterogeneidade de variâncias para as safras e de covariância entre o par de safras. Com isto, o modelo 5 seria o mais adequado para o aspecto comercial de grãos. Interação G×A de efeito não significativo para a característica aspecto comercial de grãos foi relatada por Pereira et al. (2004) e por Baldoni et al. (2006). Interação G×A de efeito não significativo indica que a correlação entre o desempenho dos genótipos avaliados em pares de ambientes é de elevada magnitude.

3.2. ESTIMATIVAS DE PARÂMETROS GENÉTICOS

Na tabela 4 é apresentado as estimativas dos parâmetros genéticos e não genéticos segundo o modelo 1, que seria equivalente à análise conjunta dos ensaios em que se estima para o conjunto de ensaios um único componente de variância para o efeito de progênies. Entretanto, ressalta que este modelo considera a heterogeneidade do efeito de blocos, delimitamentos experimentais diferentes, bem como o desbalanceamento genético e estatístico.

Tabela 4. Estimativas de parâmetros genéticos e não genéticos do modelo simetria composta CS para o efeito genético para as características produtividade de grãos e aspecto comercial dos grãos

Modelo	Parâmetros	Produtividade de grãos			Aspecto comercial de grãos		
		(kg ha ⁻¹)			(Notas)		
		LCL [†]	Estimates	UCL	LCL	Estimates	UCL
CS	$\sigma_{b_1}^2$	14166,48	44716,46	75266,44	0,02	0,04	0,06
	$\sigma_{b_2}^2$	8135,03	25507,27	42879,52	0,02	0,03	0,05
	σ_g^2	---	0,09	---	0,02	0,03	0,05
	σ_{ga}^2	59018,61	83918,60	108818,60	0,03	0,04	0,06
	σ_e^2	344073,20	372079,60	400086,10	0,17	0,19	0,20
	h^2		0,0			0,54	
	r_{gg}		0,0			0,73	

[†]LCL limite inferior de confiança, UCL limite superior de confiança, $\sigma_{b_1}^2$ variância do efeito de blocos em látice, $\sigma_{b_2}^2$ variância do efeito de blocos em látice, σ_g^2 variância genotípica entre progênies, σ_{ga}^2 variância do efeito da interação G×A progênies por safras, σ_e^2 variância residual, h^2 herdabilidade entre médias de progênies e r_{gg} acurácia seletiva.

Com base no modelo 1, observou-se efeito não significativo de progênies sobre produtividade de grãos, conforme o intervalo de confiança (Tabela 4), indicando ausência de variabilidade genética entre médias de progênies avaliadas nos diferentes ambientes (safras e, ou, anos). Entretanto, houve efeito significativo da interação G×A. As estimativas de herdabilidade e de acurácia foram nulas, uma vez que o efeito de progênies foi não significativo. Segundo Cruz et al. (2012) a interação G×A pode consumir a variabilidade genética estimada com base na média dos ambientes.

Considerando a característica aspecto de grãos, observou-se efeito significativo tanto de progênies quanto da interação G×A (Tabela 4). As estimativas de herdabilidade e acurácia seletiva foram de 0,56 e 0,74, respectivamente. Segundo Resende e Duarte (2007), estimativa de acurácia variando de 0,70 a 0,85, são consideradas de alta magnitude.

Na tabela 5 são apresentadas as estimativas dos parâmetros genéticos e não genéticos segundo os modelos de melhor ajustes para os caracteres produtividade (modelo 3) e aspecto comercial de grãos (modelo 5). Os efeitos de progênies foram sinificativos sobre os caracteres produtividade e aspecto comercial de grãos em todos os ambientes avaliados (Tabela 5) com base nestes modelos. Os resultados observados para produtividade de grãos (modelo 3), comparado aos observados com base no modelo 1 (Tabela 4), em que o efeito de progênies foi não significativo, indica que o efeito da interação $G \times A$ consumiu a variabilidade genética entre as médias das progênies nos ambientes avaliados.

Os efeitos da correlação estimados com base no modelo 5, para característica aspecto comercial de grãos, foram significativos para os pares de ambientes, seca/2015 e inverno/2015 (S15,I15), seca/2015 e seca/2017 (S15,S17) e inverno/2015 e inverno/2017 (I15,I17), e não significativos para os demais pares de ambientes (S15,I17; I15,S17 e I17,S17). De modo geral, as estimativas de correlação foram significativas para os pares de ambientes envolvendo as mesmas safras e não significativas para os pares envolvendo safras diferentes. Cabe ressaltar que na avaliação da característica aspecto comercial de grãos de feijão vermelho são considerados outros caracteres como tamanho, forma, massa e cor dos grãos. Alguns autores, como Torga et al. (2013) e Pereira et al. (2006), têm relatado que o principal efeito da interação $G \times A$ na produtividade de grãos em feijoeiro se deve ao efeito de safras, devido a ocorrência de diferentes doenças influenciadas pelas condições climáticas características de cada safra, podendo afetar o tamanho, massa e a cor dos grãos, o que também poderia afetar o aspecto comercial dos grãos.

Para produtividade de grãos não foram apresentadas as estimativas de correlação na tabela 5, uma vez que, o modelo 3 de melhor ajuste para esta característica assume variâncias heterogêneas e covariâncias nulas entre pares de ambientes. Segundo Zhang et al. (2015), a interação $G \times A$ é devida à expressão diferencial de genes envolvidos no controle da característica, o que resulta na falta de associação linear entre o desempenho dos genótipos nos ambientes em que foram avaliados. Cabe ressaltar que o efeito da interação $G \times A$ foi significativo para esta característica (Tabela 4). Estes resultados justificam o modelo 3 como o de melhor ajuste para característica produtividade de grãos.

Embora o efeito da interação $G \times A$ tenha sido significativo para aspecto comercial de grãos (Tabela 4), alguns pares de ambientes apresentaram estimativas de covariâncias significativas (Tabela 5). Estes resultados justificam o modelo 5 como o de melhor ajuste para

Tabela 5. Resumo das estimativas de parâmetros genéticos e não genéticos do modelo 3 (DIAGH para o efeito genético) e do modelo 5 (US para o efeito genético) para as características produtividade de grãos e aspecto comercial dos grãos

Parâmetros	Produtividade de grãos (kg ha ⁻¹) modelo 3			Aspecto comercial de grãos (Notas) modelo 5		
	LCL [†]	Estimates	UCL	LCL	Estimativas	UCL
$\sigma_{b_1}^2$	5662,71	35743,93	65825,16	0,009	0,028	0,047
$\sigma_{b_2}^2$	12994,84	30251,36	47507,88	0,014	0,029	0,044
$\sigma_{g_1}^2$	7390,63	68866,74	130342,86	0,133	0,175	0,218
$\sigma_{g_2}^2$	17836,25	40889,83	63943,42	0,017	0,035	0,053
$\sigma_{g_3}^2$	29894,80	104019,41	178144,03	0,015	0,033	0,050
$\sigma_{g_4}^2$	120769,54	278514,61	436259,69	0,009	0,023	0,037
ρ (S15,I15)	-	-	-	0,214	0,440	0,665
ρ (S15,S17)	-	-	-	0,384	0,687	0,990
ρ (S15,I17)	-	-	-	-0,303	0,111	0,526
ρ (I15,S17)	-	-	-	-0,311	0,217	0,745
ρ (I15,I17)	-	-	-	0,361	0,871	1,381
ρ (I17,S17)	-	-	-	-0,379	0,015	0,409
$\sigma_{e_1}^2$	450411,60	525801,61	601191,62	0,160	0,187	0,214
$\sigma_{e_2}^2$	266800,70	296948,70	327096,70	0,201	0,224	0,247
$\sigma_{e_3}^2$	199068,62	265760,63	332452,64	0,031	0,042	0,052
$\sigma_{e_4}^2$	315298,86	420930,36	526561,85	0,030	0,040	0,050
h_1^2		0,20			0,66	
h_2^2		0,28			0,28	
h_3^2		0,53			0,73	
h_4^2		0,65			0,66	
r_{gg_1}		0,45			0,81	

r_{gg_2}	0,53	0,53
r_{gg_3}	0,73	0,85
r_{gg_4}	0,81	0,82

†LCL limite inferior de confiança, UCL limite superior de confiança, $\sigma_{b_1}^2$ variância do efeito de blocos em látice na safra da seca 2015, $\sigma_{b_2}^2$ variância do efeito de blocos em látice na safra de inverno 2015, $\sigma_{g_1}^2$ variância genotípica entre progênes na safra da seca de 2015, $\sigma_{g_2}^2$ variância genotípica entre progênes na safra de inverno 2015, $\sigma_{g_3}^2$ variância genotípica entre progênes na safra da seca de 2017, $\sigma_{g_4}^2$ variância genotípica entre progênes na safra de inverno de 2017, ρ correlação genética entre pares de safras seca 2015; inverno 2015, seca 2017 e inverno 2017, $\sigma_{e_1}^2$ variância residual na safra da seca de 2015, $\sigma_{e_2}^2$ variância residual na safra de inverno de 2015, $\sigma_{e_3}^2$ variância residual na safra da seca de 2017, $\sigma_{e_4}^2$ variância residual na safra de inverno de 2017, h_1^2 herdabilidade entre médias de progênes na safra da seca de 2015, h_2^2 herdabilidade entre médias de progênes na safra de inverno 2015, h_3^2 herdabilidade entre médias de progênes na safra da seca de 2017, h_4^2 herdabilidade entre médias de progênes na safra de inverno 2017 e r_{gg_1} acurácia seletiva na safra da seca de 2015, r_{gg_2} acurácia seletiva na safra de inverno de 2015, r_{gg_3} acurácia seletiva na safra da seca de 2017, r_{gg_4} acurácia seletiva na safra de inverno de 2017.

esta característica. Assim, modelos com estruturas de (co)variâncias na análise de ensaios que envolvem a avaliação de progênes em diferentes ambientes permitem melhor acomodar os efeitos da interação G×A.

As estimativas de variâncias residuais foram significativas tanto para produtividade de grãos quanto aspecto comercial de grãos em todas as safras em que as progênes foram avaliadas (Tabela 5), indicando influência significativa do ambiente na expressão dos genes envolvidos no controle genético destes caracteres, confirmando, portanto, a natureza quantitativa desses caracteres. Para a produtividade de grãos, Bertoldo et al. (2009) relatam que esta é uma característica de natureza quantitativa e que sofre grande influência ambiental, ou seja, governada por vários genes de pequeno efeito sobre o fenótipo. Cabe ressaltar que tanto o modelo 3 quanto o 5 consideram variâncias residuais heterogêneas, o que também corrobora os efeitos de interação G×A nestes dois caracteres, em que estes efeitos são devidos à expressão diferencial dos genes envolvidos no controle deste carácter (Zhang et al., 2015). Efeitos significativos da variância residual também indicam que a fração aleatória provenientes de fontes não controladas

apresentam estimativas residuais diferentes de um ambiente para outro, corroborando com o teste LRT que indicou uma estrutura de variância diagonal heterogênea para a variância residual.

As estimativas de herdabilidade e de acurácia para produtividade de grãos (Tabela 5) foram maiores quando estimadas a partir do modelo 3 (modelo de melhor ajuste) comparadas ao modelo 1, que foram nulas (Tabela 4). Estas estimativas variaram de 0,20 a 0,65 para a herdabilidade e de 0,45 a 0,81 para a acurácia considerando os diferentes ambientes em que as progênies foram avaliadas.

Considerando o modelo 5, modelo de melhor ajuste para o aspecto comercial de grãos, o qual apresenta uma estrutura US para os efeitos genéticos e DIAG para os resíduos, observou-se variabilidade significativa para os efeitos genéticos e residuais. Ressalta ainda que este modelo também inclui estrutura de covariâncias entre pares de ambientes.

Resultados similares foram reportados por Ogut et al. (2014) para ensaios de avaliação de progênies de eucaliptos avaliadas em vários ambientes, no que se refere a estimativas de herdabilidade mais acentuadas quando as estruturas de (co)variâncias foram consideradas na modelagem.

Mais importante do ponto de vista dos programas de melhoramento é a precisão preditiva de cada modelo utilizado na análise dos dados e como isso impacta diretamente nas estimativas de parâmetros genéticos e não genéticos, o que, em consequência, impacta os ganhos obtidos com o processo de seleção. Assim modelar as estruturas de (co)variâncias em ensaios que envolvem progênies avaliadas em diferentes ambientes, delineamentos distintos e sobretudo para caracteres que sofrem elevada influência da interação $G \times A$, torna-se uma estratégia promissora para os programas de melhoramento genético.

3.3. SELEÇÃO DE PROGÊNIES SUPERIORES PARA EXTRAÇÃO DE LINHAGENS

As vinte progênies de maior potencial considerando a seleção direta em cada uma das safras, inverno/2015, seca/2015, inverno/2017 e seca/2017, estão apresentadas, respectivamente, nas figuras 1, 2, 3 e 4.

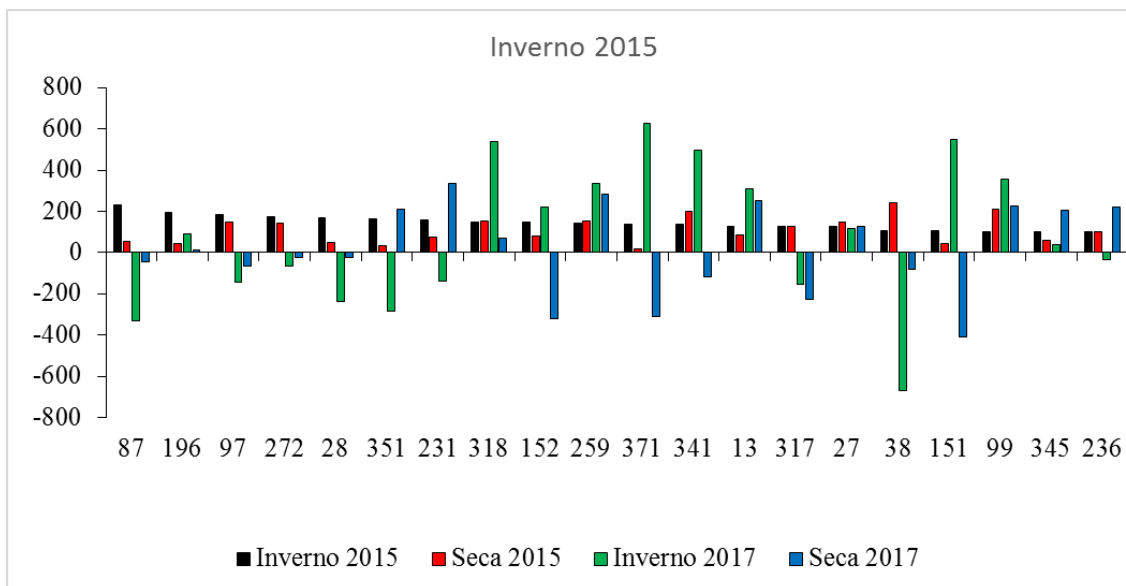


Figura 1. BLUPs de 20 progênies superiores considerando seleção direta na safra de inverno 2015 para o carácter produtividade de grãos.

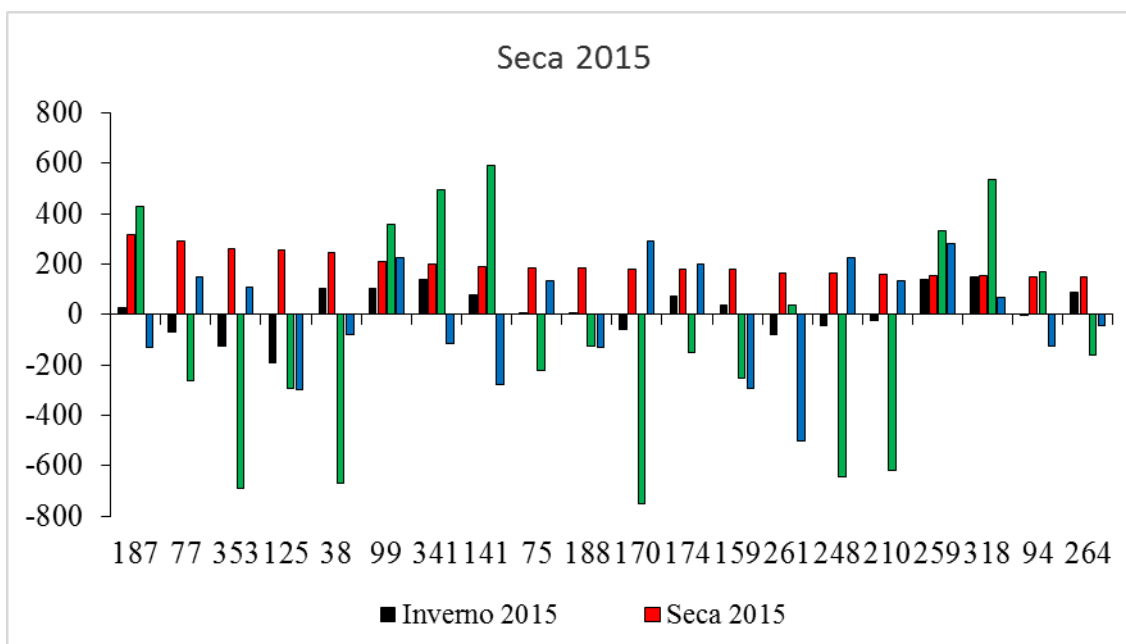


Figura 2. BLUPs de 20 progênies superiores considerando seleção direta na safra da seca 2015 para o carácter produtividade de grãos.

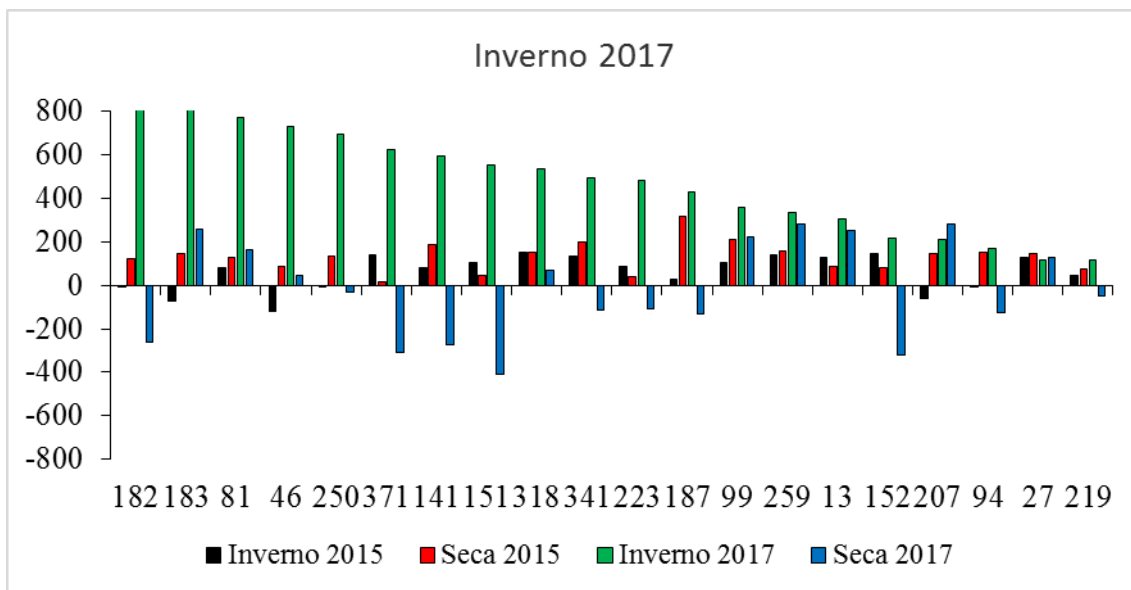


Figura 3. BLUPs de 20 progênies superiores considerando seleção direta na safra de inverno 2017 para o caracter produtividade de grãos.

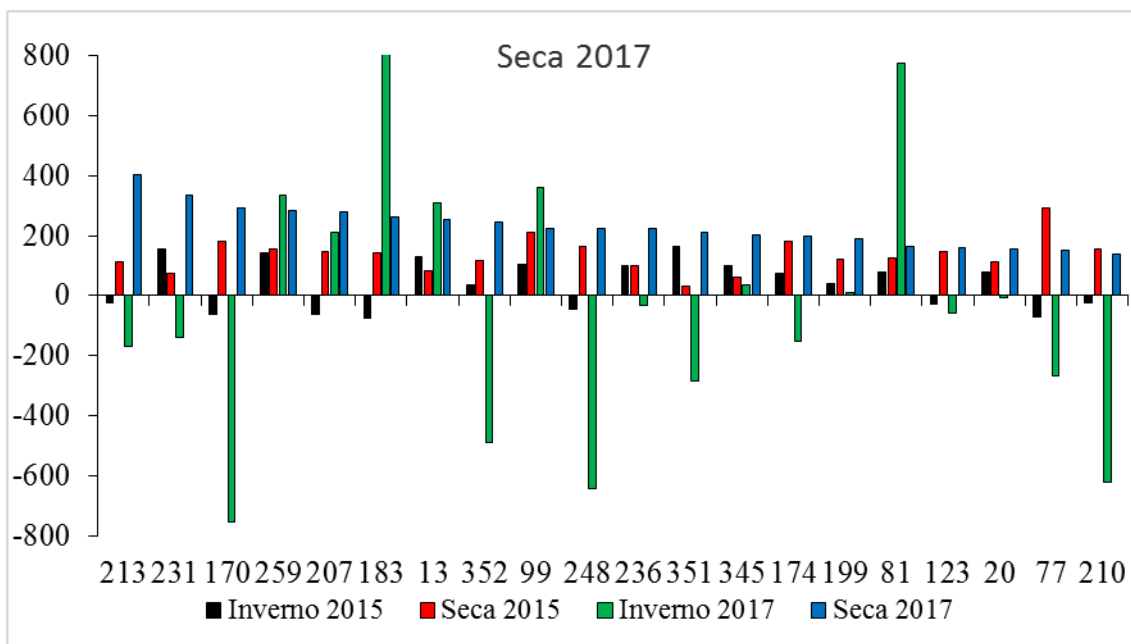


Figura 4. BLUPs de 20 progênies superiores considerando seleção direta na safra da seca 2017 para o caracter produtividade de grãos.

O ranqueamento das progênies superiores com base em uma safra não corresponde com as progênies superiores na outra safra, resultado da interação G×A. Este fato acaba interferindo no

resultado da seleção das progênies superiores em ambientes distintos. Assim, considerar os caracteres avaliados em diferentes ambientes como caracteres distintos, via o modelo 3, é uma estratégia adequada para melhor tratar os efeitos da interação G×A nos processos de seleção. Com este modelo estima-se os BLUPs para cada ambiente, capitalizando os efeitos da interação G×A em cada safra. Smith et al. (2005), Smith et al. (2015) e Ogut et al. (2014) também relataram que quando o interesse é selecionar genótipos superiores quando são avaliados em um conjunto de ambientes, em especial para caracteres quantitativos, a modelagem de estrutura de (co)variância para os efeitos genéticos é uma ferramenta importante para tratar os efeitos da interação G×A nos programas de melhoramento.

Na Figura 5 estão apresentadas as 20 progênies de maior potencial para a extração de linhagens, selecionadas com base no índice distância genótipo-ideótipo. É possível observar um comportamento mais estável destas progênies selecionadas nos quatro ambientes comparado à seleção das 20 progênies de maior potencial com base na seleção direta em cada uma das safras (Figuras 1, 2, 3 e 4).

As médias fenotípicas das 20 progênies selecionadas com base no índice distância genótipo-ideótipo são apresentadas na tabela 6. Observam-se valores de produtividade entre as progênies selecionadas variando de 2474,52 a 5461,11 kg ha⁻¹ com médias variando de 3244,37 a 4746,67 kg ha⁻¹, apresentando, portanto, alto potencial de produção. Cabe ressaltar que as progênies selecionadas com o auxílio do índice são aquelas cujo desempenho foi menos influenciado pelas variações ambientais, ou seja, apresentam maior adaptação, simultaneamente, às quatro safras. O mesmo foi observado quanto ao aspecto comercial de grãos, cujas notas situaram-se abaixo de 2,75, com valores médios variando de 1,98 a 2,20, numa escala de 1 a 5. Vale salientar que para aspecto de grãos, menores notas indicam melhor desempenho. Ainda ressalta-se que as informações a respeito das progênies referem-se a médias, o que permite selecionar, dentro das progênies, plantas com notas abaixo para aspecto comercial de grãos e superior quanto à produtividade de grãos.

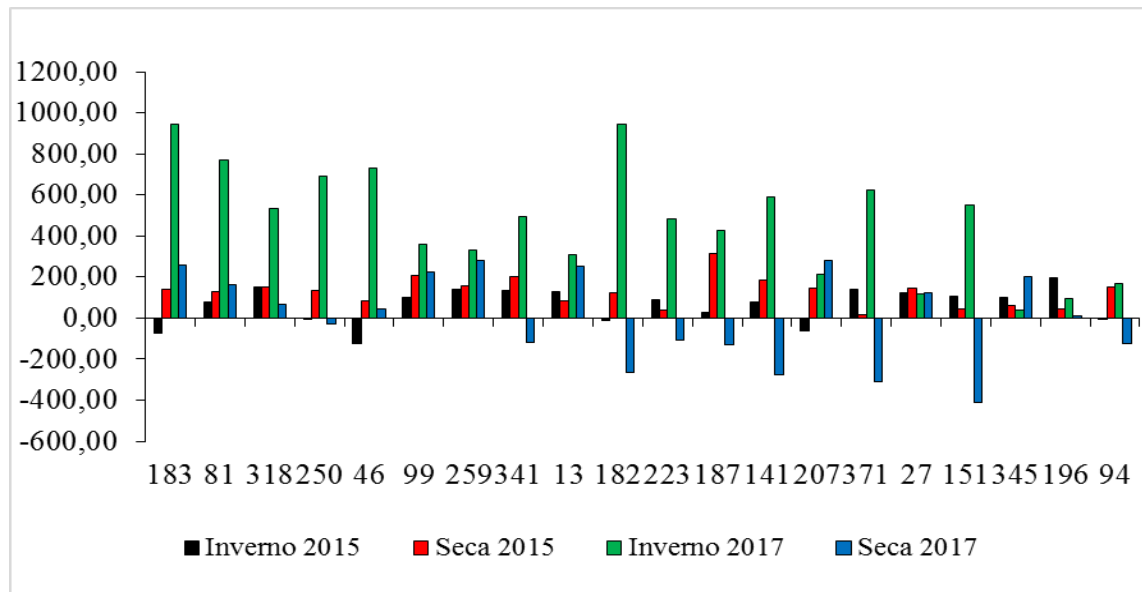


Figura 5. BLUPs de 20 progênies superiores selecionadas com base no índice distância genótipo-ideótipo, considerando simultaneamente as safras da seca e de inverno nos anos de 2015 e de 2017 para os caracteres produtividade e aspecto comercial de grãos.

O cultivar Ouro Vermelho (OV), a mais plantada na região da Zona da Mata mineira, é referência quanto à produtividade e ao aspecto comercial de grãos, evidenciando assim o potencial dessas progênies para extração de linhagens em um programa de seleção recorrente.

Cabe ressaltar que entre as 20 progênies selecionadas com base no índice distância genótipo-ideótipo, nenhuma progênie apresentou o melhor desempenho nos quatro ambientes em que elas foram avaliadas (Figura 5). Isso provavelmente se deve ao fato de que os três ciclos de recombinação realizados pelo programa de seleção recorrente de feijão vermelho da UFV ainda não foram suficientes para reunir todos os alelos favoráveis envolvidos no controle genético da produtividade e aspecto comercial de grãos e que novas recombinações devem ser realizadas visando este propósito.

Tabela 6. Médias de produtividade de grãos (PG), em kg ha⁻¹, e aspecto comercial de grãos (AG) das 20 progênes selecionadas segundo o índice distância genótipo-ideótipo, avaliadas nas safras da seca e inverno de 2015 e 2017, em Coimbra, MG

Progênes	Médias Fenotípicas							
	Seca 2015		Inverno 2015		Seca 2017		Inverno 2017	
	PG	AG	PG	AG	PG	AG	PG	AG
183	4088,07	1,75	3580,00	2,33	3712,90	1,78	5461,11	2,08
81	3776,79	1,75	4203,33	2,17	3530,62	2,17	5200,00	1,75
318	3898,64	1,75	4396,67	2,33	3359,85	1,72	4844,44	1,83
250	3858,29	2,00	3916,67	1,83	3174,98	1,89	5077,78	2,08
46	3819,5	2,5	3446,67	2,00	3312,73	2,00	5138,89	1,83
99	4236,07	1,75	4285,00	2,17	3647,43	1,78	4577,78	2,08
259	4037,86	1,5	4356,67	2,33	3752,12	1,72	4538,89	2,00
341	4214,79	2,00	4086,67	2,33	3015,10	1,83	4783,33	1,83
13	3611,5	2,25	4310,00	3,00	3697,33	1,89	4500,00	2,67
182	3980,71	1,50	3820,00	2,17	2745,08	1,94	5461,11	1,67
223	3509,79	2,00	4216,67	2,00	3028,07	1,83	4761,11	2,00
187	4810,29	2,00	3893,33	2,33	2990,95	2,22	4683,33	2,25
141	4153,64	2,75	4020,00	2,50	2719,78	2,56	4927,78	2,00
207	3947,07	2,00	3613,33	2,00	3747,98	2,11	4355,56	2,00
371	3342,36	2,25	4310,00	2,83	2659,87	2,11	4977,78	2,17
27	3824,79	2,00	4410,00	1,33	3463,83	1,72	4211,11	2,00
151	3596,93	1,50	4140,00	2,33	2474,52	2,00	4866,67	1,92
345	3636,79	2,25	4060,00	1,83	3607,95	2,11	4094,44	1,92
196	3517,79	2,75	4543,33	2,33	3250,50	2,11	4177,78	1,92
94	4001,79	2,75	3916,67	2,00	2996,27	2,39	4294,44	1,75
Médias	3893,17	2,05	4076,25	2,20	3244,39	2,00	4746,67	1,98
Ouro Vermelho	3980,36	1,75	3636,66	1,83	3429,37	1,61	2205,56	1,83

4. CONCLUSÃO

O uso da modelagem das estruturas de (co)variâncias para os efeitos genéticos e residuais, combinada com a modelagem dos vetores de efeitos aleatórios de blocos possibilitou conectar ensaios com delineamentos distintos, desbalanceamentos genéticos e estatísticos, bem como mitigar os efeitos da interação G×A na seleção de progênes endogâmicas de feijoeiro.

Entre os modelos testados, o modelo 3 (DIAGH) para produtividade de grãos e o modelo 5 (US) não estruturado para aspecto comercial de grãos, considerando os efeitos genéticos, e

variâncias heterogêneas (DIAG), para os efeitos não genéticos, foram os modelos que melhor se ajustaram aos dados de avaliação de progênies de feijoeiro em diferentes ambientes.

O índice de seleção genótipo-ideótipo a partir das médias BLUP obtidas do modelo de melhor ajuste proporcionou a seleção de progênies com desempenho mais estável nos quatro ensaios sendo promissor em um programa de seleção recorrente visando a seleção de progênies de maior potencial para a extração de linhagens elite em um programa de melhoramento.

5. REFERÊNCIAS

- Akaike H (1974) A new look at the statistical model identification. *IEEE Transactions Automatic Control* 19:716-723
- Baldoni AB, Santos JB, Abreu AFB (2006) Melhoramento do feijoeiro comum visando a obtenção de cultivares precoces com grãos tipo “carioca” e “rosinha.” *Ciência e Agrotecnologia* 30: 67–71
- Barili LD, Vale NM, Prado AL, Carneiro JES, Nascimento M (2015) 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* 15: 244-250
- Bertoldo JG, Coimbra JLM, Guidolin AF, Nodori RO, Elias HT, Barili LD, Vale NM, Rozzeto DS (2009) Rendimento de grãos em feijão preto: o componente que mais interfere no valor fenotípico é o ambiente. *Ciência Rural* 39:1974-1982
- Breseghele F, Morais OP, Castro EM, Prabhu SA, Bassinello PZ, Pereira JP (2009) Recurrent selection resulted in rapid genetic gain for upland rice in Brazil. *International Rice Research Notes* 34:1-4
- Bruzi AT, Ramalho MAP, Abreu AFB, Ferreira DF, Sena MR (2007) Homeostasis in bean population with different genetics structure. *Crop Breeding and Applied Biotechnology* 4:111- 116
- Bruzi AT (2008) Aplicações da análise de modelos mistos em programa de seleção recorrente do feijoeiro comum. Tese, Universidade Federal de Lavras
- Cullis BR, Gogel BJ, Verbyla AP, Thompson R (1998) Spatial analysis of multi-environment early generation trials. *Biometrics* 54:1-18
- Cruz CD, Regazzi AJ, Carneiro, PCS (2012) Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético. 5, editor. Viçosa: UFV.

- Faria LC, Melo PGS, Pereira HS, Del Peloso MJ, Brás AJB, Moreira JAA, Carvalho HWL, Melo LC (2013) Genetic progress during 22 years of improvement of carioca-type common bean in Brazil. *Field Crops Research* 142: 68-74
- Frensham AB, Cullis BR, Verbyla AP (1997) Genotype by environment variance heterogeneity in a two-stage analysis. *Biometrics* 53:1373-1383
- Gil SP, Manera G, Dubois ME, Maich RH (2003) Spike changes associated to six cycles of recurrent selection in bread wheat (*Triticum aestivum* L.). *Agriscientia* 10:95-98
- Gilmour AR (2019) Echidna mixed model software. Orange, New South Wales, Australia. <http://www.echidnamms.org/Resources/Echidna%20Mixed%20Model%20Software.pdf>. Acessado 3 de Setembro 2019
- Henderson CR, Kempthorne O, Searle SR, and Von Krosigk CM (1959) The estimation of environmental and genetic trends from records subject to culling. *Biometrics* 15:192–218
- Henderson CR (1975) Best linear unbiased estimation and prediction under a selection model. *Biometrics* 31:423-447
- Kelly AM, Smith AB, Eccleston JA and Cullis BR (2007) The accuracy of varietal selection using factor analytic models for multi-environment plant breeding trials. *Crop Science* 47: 1063-1070
- Mariguele KH, Resende MDV, Viana JMS, Silva FF, Silva PSL, Knop FC (2011) Métodos de análise de dados longitudinais para o melhoramento genético da pinha. *Pesquisa Agropecuária Brasileira* 46:1657-1664
- Matos JW, Ramalho MAP, Abreu AFB (2007) Trinta e dois anos do programa de melhoramento genético do feijoeiro comum em Minas Gerais. *Ciência e Agrotecnologia* 31:1749-1754
- Melo VL (2016) Progresso genético e potencial de famílias e linhagens de dois ciclos de seleção recorrente no melhoramento de feijão vermelho. Dissertação, Universidade Federal de Viçosa
- Menezes Júnior JAN (2011) Seleção recorrente no melhoramento de feijão vermelho. Tese, Universidade Federal de Viçosa
- Morais Júnior OPD, Melo PGS, Morais OPD, Castro APD, Breseghello F, Utumi MM, ... & Colombari Filho JM (2015) Genetic progress after cycles of upland rice recurrent selection. *Scientia Agricola* 72:297-305
- Morais Júnior OPD, Melo PGS, Morais OPD, Colombari Filho JM (2017) Variabilidade genética

- durante quatro ciclos de seleção recorrente em arroz. *Pesquisa Agropecuária Brasileira* 52:1033-1041
- Ogut F., C. Maltecca, M.M. R. Whetten, S. McKeand, and F. Isik. 2014. Genetic analysis of diallel progeny test data using factor analytic linear mixed models. *Forest Science* 60:119–127
- Oliveira GV, Souza PCS, Souza JES, Cruz CD (2006) Adaptabilidade e Estabilidade de linhagens de feijão comum em Minas Gerais. *Pesquisa Agropecuária Brasileira* 41: 257-265
- Pádua JMV, K.O.G. Dias, MM, Pastina JC, Souza VAV, Queiroz RV, Costa MBP, Silva CAG, Ribeiro CT, Guimarães SA, Gezan and LJM Guimarães (2016) A multi- environment trials diallel analysis provides insights on the inheritance of fumonisin contamination resistance in tropical maize. *Euphytica* 211:277-285
- Patterson H & Nabugoomu F (1992) REML and the analysis of series of crop variety trials. In *Proceedings from the 16th International Biometric Conference*. Hamilton, New Zealand
- Pereira HS, Santos JB, Abreu AFB (2004). Linhagens de feijoeiro com resistência à antracnose selecionadas quanto a características agronômicas desejáveis *Pesquisa Agropecuária Brasileira* 39: 209–215
- Piepho H, Mohring J (2006) Selection in cultivar – is it ignorable? *Crop Science* 46:192-201
- Pirola LH, Ramalho MAP, Carneiro JES, Abreu AFB (2002) Natural selection and families x locations interaction in the common (dry) bean. *Genetics and Molecular Biology* 25:343-347
- Ramalho MAP, Santos JB, Zimmermann MJO (1993) *Genética quantitativa em plantas autógamas: aplicações ao melhoramento do feijoeiro*. Goiânia: EMBRAPA.
- Ramalho MAP, Pirola LH, Abreu AFB (1998) Alternativas na seleção de plantas de feijoeiro com porte ereto e grão tipo carioca. *Pesquisa Agropecuária Brasileira* 33:1989-1994
- Ramalho MAP, Abreu AFB, Santos JB (2001) Melhoramento de espécies autógamas. In: Nass LL, Valois ACC, Melo IS, Valadares-Inglis, M. C. (Ed.). *Recursos genéticos e melhoramento de plantas*. Fundação MT, Rondonópolis, pp 201-230
- Ramalho MAP, Abreu AFB, Santos JB (2005). Genetic progress after four cycles of recurrent selection for yield and grain traits in common bean. *Euphytica* 144:23-29
- Ramalho, M. A. P., Abreu, A., SANTOS, G., Nunes, J., Ramalho, M. A. P., Dos, S. B. J. C., & Ramalho, E. F. S. M. (2012). Aplicações da genética quantitativa no melhoramento de

plantas autógamas.

- Ramalho MAP, Abreu AFB,Guilherme SR (2014) Informações técnicas para o cultivo do feijoeiro-comum na Região Central-Brasileira: 2015-2017. In: Reunião da comissão técnica central brasileira de feijão. UFLA, Lavras
- Resende MDV (2007) Matemática e Estatística na análise de experimentos e no melhoramento genético. Embrapa Florestas,Colombo
- Resende MDV, Duarte JB (2007) Precisão e controle de qualidade em experimentos de avaliação de cultivares. Pesquisa Agropecuária Tropical 37: 182-194
- Rocha JRASC, Salvador FV, Silava AC, Machado JC, Carneiro PCS (2018) Genetic insights into elephantgrass persistence for bioenergy purpose. PLoS One 13:p. e0203818
- Rocha JRASC, Nunes KV, Carneiro ALN, Marçal TS, Salvador FV, Carneiro PCS, Carneiro JES (2019) Selection of superior inbred progenies towards the common bean ideotype. Agronomy Journal 111:1181-1189
- Rönnegard L, Felleki M, Fikse F, Mulder HA, Strandberget E (2010) Genetic heterogeneity of residual variance - estimation of variancecomponents using double hierarchical generalized linear models. Genet. Sel. Evol. 42: 8
- Smith AB (1999) Multiplicative mixed models for the analysis of multi-environment trial data. Tese, The University of Adelaide
- Smith AB, Cullis BR, Thompson R (2001) Analyzing variety by environment data using multiplicative mixed models and adjustments for spatial field trend. Biometrics 57:1138-1147
- Smith AB, Cullis BR, Thompson R (2005) The analysis of crop cultivar breeding and evaluation trials: an overview of current mixed model approaches. Journal of Agricultural Science 143: 449-462
- Smith AB, Ganesalingam A, Kuchel H, Cullis BR (2015) Factor analytic mixed models for the provision of grower information from national crop variety testing programs.Theor Appl Genet 128:55-72
- So Y-S, Edwards J (2009) A comparison of mixed-model analyses of the iowa crop performance test for corn. Crop Science 49:1593-1601
- So Y-S, Edwards J (2011) Predictive ability assessment of linear mixed models in multienvironment trials in corn (*Zea mays* L.). Crop Science 51:542-552

- Torga PP, Melo PGS, Pereira HS, Faria LC, Del Peloso MJ, Melo LC (2013) Interaction of common beans cultivars of the black group with years, locations and sowing seasons. *Euphytica* 189: 239-248
- Van Eeuwijk FA, Bustos-Korts DV, Malosetti M (2016) What should students in plant breeding know about the statistical aspects of genotype x environment interactions? *Crop Science* 56: 2119-2140
- Yan W, Rajcan I (2003) Prediction of cultivar performance based on single- versus multiple-year tests in soybean. *Crop Science* 43:549-555
- Zhang X, Pérez-Rodríguez P, Semagn K, Beyene Y, Babu R, López-Cruz MA, San Vicente F, Olsen M, Buckler E, Jannink JL, Prasanna BM, Crossa J (2015) Genomic prediction in biparental tropical maize populations in water-stressed and well-watered environments using low-density and GBS SNPs. *Heredity* 114:291-299