

JOSÉ DOMINGOS PEREIRA JÚNIOR

**PLANEJAMENTO EXPERIMENTAL E ESTRATÉGIAS DE ANÁLISE PARA
AVALIAÇÃO DE PROGÊNIES NO MELHORAMENTO DO FEIJOEIRO**

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

Orientador: José Eustáquio de Souza Carneiro

Coorientador: Pedro Crescêncio S. Carneiro

**VIÇOSA - MINAS GERAIS
2024**

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

T

P436p
2024

Pereira Júnior, José Domingos, 1986-
Planejamento experimental e estratégias de análises para
avaliação de progênies no melhoramento do feijoeiro / José
Domingos Pereira Júnior. – Viçosa, MG, 2024.
1 tese eletrônica (105 f.): il. (algumas color.).

Orientador: José Eustáquio de Souza Carneiro.
Tese (doutorado) - Universidade Federal de Viçosa,
Departamento de Agronomia, 2024.

Inclui bibliografia.

DOI: <https://doi.org/10.47328/ufvbbt.2024.716>

Modo de acesso: World Wide Web.

1. Feijão - Melhoramento genético - Métodos estatísticos.
2. Delineamento de blocos incompletos. 3. Correlação
(Estatística). I. Carneiro, José Eustáquio de Souza, 1960-.
II. Universidade Federal de Viçosa. Departamento de
Agronomia. Programa de Pós-Graduação em Fitotecnia.
III. Título.

CDD 22. ed. 633.37220727

JOSÉ DOMINGOS PEREIRA JÚNIOR

**PLANEJAMENTO EXPERIMENTAL E ESTRATÉGIAS DE ANÁLISE PARA
AVALIAÇÃO DE PROGÊNIES NO MELHORAMENTO DO FEIJOEIRO**

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

APROVADA: 31 de julho de 2024.

Assentimento:

José Domingos Pereira Júnior
Autor

José Eustáquio de Souza Carneiro
Orientador

Aos meus pais Sebastião e Ivone.

AGRADECIMENTOS

A Deus pelas possibilidades de desenvolvimento que me ofertou durante a vida.

Aos meus Pais pelos exemplos de fé, trabalho e perseverança.

À Universidade Federal de Viçosa (UFV), ao Departamento de Agronomia, e ao Programa de Pós-Graduação em Fitotecnia, pela oportunidade de realizar o curso.

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

À Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado de Minas Gerais (FAPEMIG), e ao Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq), pelo financiamento dos projetos de pesquisa do Programa de Melhoramento de Feijão da UFV.

Ao Programa de Melhoramento de Feijão da UFV, e a todos os integrantes que se guiaram pelo trabalho, estudo e humildade como forma de desenvolvimento profissional. Foi um privilégio vivenciar parte dos mais de 70 anos de atividades do Programa que tantas contribuições legou a sociedade!

Ao Professor José Eustáquio pelo empenho em me orientar, pelos conhecimentos compartilhados, pela disponibilidade, pela atenção e pela amizade.

Ao Professor Pedro pelos ensinamentos, pela disponibilidade e pelo otimismo.

Ao Professor Tiago Marçal, pela proposta inicial, pelas explicações claras e precisas, pelo incentivo, pela amizade, e fundamentalmente por estar junto durante esta jornada fazendo a diferença.

Aos membros da banca de avaliação pelas contribuições e disponibilidade em participar.

Agradecimento especial a Gilberto, João Victor e Chiquinho, por todo o apoio nos ensaios de campo, vocês foram fundamentais para a geração de dados dos capítulos I e III.

Aos funcionários da estação experimental de Coimbra, pelo apoio nas atividades de campo.

A todos os demais que de alguma forma contribuíram para a realização deste trabalho.

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

Muito Obrigado!

“Reze e trabalhe, fazendo de conta que esta vida é um dia de capina com sol quente, que às vezes custa muito a passar, mas que sempre passa. E você ainda pode ter um pedaço bom de alegria (...) Cada um tem a sua hora e a sua vez: você há de ter a sua”.

(Guimarães Rosa)

RESUMO

PEREIRA JÚNIOR, José Domingos, D.Sc., Universidade Federal de Viçosa, julho 2024. **Planejamento experimental e estratégias de análise para avaliação de progênies no melhoramento do feijoeiro.** Orientador: José Eustáquio de Souza Carneiro. Coorientador: Pedro Crescêncio Souza Carneiro.

O feijão (*Phaseolus vulgaris* L.) se destaca entre as espécies de leguminosas, conhecidas popularmente como feijão, sendo o Brasil o maior produtor e consumidor. Diante da importância da cultura, os trabalhos de melhoramento de feijão têm visado o desenvolvimento de cultivares mais produtivas, com arquitetura de planta mais ereta e bom aspecto comercial de grãos. Nas fases iniciais dos programas de melhoramento, é comum a avaliação de um grande número de progênies. Em algumas espécies, como o feijoeiro por exemplo, normalmente ocorre restrição de quantidade de sementes para montar os experimentos, dificultando o uso de delineamentos com repetições. Uma solução é a utilização do delineamento de blocos aumentados (DBA). Entretanto, o DBA possui algumas desvantagens como, estimativa do erro experimental com base em cultivares testemunhas e ocupação de grande número de unidades experimentais com testemunhas. Uma alternativa seria a utilização do delineamento parcialmente replicado (P – REP), no qual uma porcentagem dos próprios tratamentos em avaliação é repetida, a fim de se estimar o erro experimental. Ainda são escassos na literatura, estudos que permitam uma comparação entre DBA e P – REP. Assim, no primeiro capítulo, avaliou-se a eficiência do P – REP em relação ao DBA na avaliação de linhagens de feijão. Já nos próximos experimentos, quando se tem maior disponibilidade de sementes, é comum a utilização de delineamentos mais robustos como o látice. Contudo, o uso de diferentes delineamentos nos ensaios sequenciais, ocasiona desbalanceamento estatístico dificultando a análise conjunta destes experimentos. Desta forma, propôs-se no segundo capítulo uma estratégia para conectar ensaios sequenciais em desbalanceamento estatístico. Uma outra opção que surge neste contexto de grande número de tratamentos em avaliação, escassez de sementes e desbalanceamento estatístico é a utilização do delineamento parcialmente replicado aumentado (A – PREP). No A – PREP uma porcentagem dos tratamentos é repetida nos diferentes ambientes de avaliação, de forma que ao se considerar todos os ambientes, todos os tratamentos apresentam o mesmo número de repetições, o que permite uma melhor estimativa dos efeitos de tratamentos. Isto posto, no terceiro capítulo avaliou-se a utilização do A – PREP em ensaios iniciais de avaliação de linhagens de feijão. Concluiu-se que: o P – REP foi mais eficiente que o DBA na avaliação da produtividade de grãos; o uso da modelagem de efeitos de

blocos e resíduos admitindo a heterogeneidade de variâncias permitiu a conexão de ensaios sob desbalanceamento estatístico, promovendo uma seleção mais acurada; e que o uso do A – PREP é adequado para a avaliação inicial de linhagens de feijão, possibilitando melhor estimativa do efeito de tratamentos e, conseqüentemente, uma seleção mais acurada.

Palavras-chave: Delineamentos de blocos incompletos; Acurácia seletiva; Desbalanceamento estatístico.

ABSTRACT

PEREIRA JÚNIOR, José Domingos, D.Sc., Universidade Federal de Viçosa, July 2024. **Experimental planning and analysis strategies for evaluating progenies in bean breeding.** Adviser: José Eustáquio de Souza Carneiro. Co-adviser: Pedro Crescêncio Souza Carneiro.

The common beans (*Phaseolus vulgaris L.*) stand out among legume species, commonly known as beans, with Brazil being the largest producer and consumer. Given the importance of this crop, bean breeding efforts have aimed at developing more productive cultivars with a straighter plant architecture and good commercial grain appearance. In the early stages of breeding programs, it is common to evaluate a large number of progenies. In some species, such as beans, there is often a restriction on the number of seeds available for experiments, making it difficult to use designs with replications. One solution is the use of augmented block design (ABD). However, ABD has some disadvantages, such as estimating experimental error based on control cultivars and occupying a large number of experimental units with controls. An alternative would be the use of partially replicated design (P-REP), where a percentage of the treatments being evaluated is repeated to estimate experimental error. Studies comparing ABD and P-REP are still scarce in the literature. Thus, in the first chapter, the efficiency of P-REP in relation to ABD was evaluated in the assessment of bean lines. In subsequent experiments, when there is a greater availability of seeds, it is common to use more robust designs. However, using different designs in sequential trials can lead to statistical imbalance, complicating the joint analysis. Therefore, the second chapter proposes a strategy to connect sequential trials with statistical imbalance. Another option that arises in this context of a large number of treatments under evaluation, seed scarcity, and statistical imbalance is the use of augmented partially replicated design (A-PREP). In A-PREP, a percentage of treatments is repeated across different evaluation environments, ensuring that when all environments are considered, all treatments have the same number of replications, allowing for better estimation of treatment effects. Thus, in the third chapter, the use of A-PREP was evaluated in the initial trials for assessing bean lines. The conclusions were: P-REP was more efficient than ABD in evaluating grain productivity; the use of block effect modeling and residuals accounting for variance heterogeneity allowed for the connection of trials under statistical imbalance, promoting more accurate selection; and the use of A-PREP is suitable for the initial evaluation of bean lines, enabling better estimation of treatment effects and, consequently, more accurate selection.

Keywords: Incomplete block designs; Selective accuracy; Statistical imbalance.

SUMÁRIO

1 INTRODUÇÃO GERAL	11
2 REFERENCIAL TEÓRICO.....	14
2.1 Cultura e melhoramento do feijoeiro.....	14
2.1.1 <i>Principais objetivos do melhoramento do feijoeiro</i>	15
2.1.2 <i>Estratégias de melhoramento do feijoeiro</i>	18
2.1.3 <i>Condução da população segregante</i>	19
2.2 Delineamentos estatísticos, comparação de delineamentos e análise de dados no melhoramento do feijoeiro.....	21
2.2.1 <i>Delineamentos estatísticos</i>	21
2.2.2 <i>Comparação de delineamentos estatísticos</i>	25
2.2.3 <i>Análise conjunta de experimentos no melhoramento do feijoeiro</i>	27
REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS	28
CAPÍTULO I – EFICIÊNCIA DO DELINEAMENTO PARCIALMENTE REPLICADO (P-REP) EM RELAÇÃO AO DE BLOCOS AUMENTADOS (DBA) NA AVALIAÇÃO DE LINHAGENS DE FEIJOEIRO	32
RESUMO	33
1 INTRODUÇÃO.....	34
2 MATERIAL E MÉTODOS.....	36
2.1 Ensaio de campo	36
2.1.1 <i>Material vegetal</i>	36
2.1.2 <i>Delineamentos experimentais: DBA e P – REP</i>	36
2.1.3 <i>Caracteres avaliados</i>	37
2.2 Análises estatísticas	37
2.2.1 <i>Análise com recuperação de informação interblocos e efeito fixo de linhagens</i>	37
2.2.2 <i>Análise com recuperação de informação interblocos e efeito aleatório de linhagens</i> ...	39
3 RESULTADOS E DISCUSSÃO	42
4 CONCLUSÕES	48
REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS	48
CAPÍTULO II - CONEXÃO DE ENSAIOS SEQUENCIAIS SOB DIFERENTES DELINEAMENTOS EXPERIMENTAIS: APLICAÇÃO AO MELHORAMENTO DO FEIJOEIRO	52
RESUMO	53

1 INTRODUÇÃO.....	54
2 MATERIAL E MÉTODOS.....	56
2.1 Ensaio de campo	56
2.1.1 <i>Material vegetal, condução das populações segregantes e delineamentos experimentais</i>	56
2.1.2 <i>Caracteres avaliados</i>	57
2.1.3 <i>Condições ambientais</i>	58
2.2 Análises de dados e seleção das famílias.....	59
2.2.1 <i>Análises estatísticas</i>	59
2.2.2 <i>Parâmetros estimados</i>	62
2.2.3 <i>Seleção das famílias</i>	62
3 RESULTADOS E DISCUSSÃO	63
4 CONCLUSÕES	72
5 MATERIAL SUPLEMENTAR	72
REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS	74
CAPÍTULO III – UTILIZAÇÃO DO DELINEAMENTO PARCIALMENTE REPLICADO AUMENTADO (A – PREP) NA AVALIAÇÃO DE LINHAGENS DE FEIJÃO EM DIFERENTES AMBIENTES	80
RESUMO	81
1 INTRODUÇÃO.....	82
2 MATERIAL E MÉTODOS.....	84
2.1 Ensaio de campo e condições ambientais	84
2.1.1 <i>Caracteres avaliados</i>	85
2.2 Análises de dados e seleção.....	85
2.2.1 <i>Análises estatísticas</i>	85
2.2.2 <i>Parâmetros estimados</i>	87
2.2.3 <i>Seleção das linhagens</i>	88
3 RESULTADOS E DISCUSSÃO	88
4 CONCLUSÃO.....	96
5 MATERIAL SUPLEMENTAR	96
REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS	101
CONCLUSÕES GERAIS	105

1 INTRODUÇÃO GERAL

Os feijões constituem uma série de espécies leguminosas, cultivadas e consumidas em praticamente todo o mundo, especialmente na Ásia, África e América, que respondem por mais de 97% da produção global. Considerando os países produtores, a Índia é o principal, seguida por Brasil, Myanmar, Tanzânia e Uganda (FAO, 2024). Dentre as espécies leguminosas cultivadas, o feijão-comum (*Phaseolus vulgaris* L.) é a que possui maior importância, com o Brasil se destacando como principal produtor e consumidor (Beebe, 2012; Borém; Carneiro, 2015).

O feijão possui uma grande diversidade de tipos comerciais. No Brasil, os mais consumidos são o carioca e o preto. O feijão de grãos pretos se destaca como o segundo em preferência do brasileiro, tendo seu maior consumo nos estados da região Sul do Brasil e no Rio de Janeiro (Borém; Carneiro, 2015; Souza *et al.*, 2019). Embora amplamente cultivado e consumido, o feijão vem apresentando uma constante redução em sua área plantada no Brasil nas últimas décadas. Entretanto, graças ao aumento de produtividade da cultura, que saltou de 514 kg.ha⁻¹, em 1985, para 1571 kg.ha⁻¹ em 2022, a demanda interna de consumo tem sido atendida (EMBRAPA, 2024). Sem dúvida, um dos principais fatores que permitiram o aumento de produtividade do feijoeiro foi o melhoramento genético, que além de contribuir com a obtenção de cultivares mais produtivas, também permitiu a obtenção de plantas com arquitetura mais ereta e melhor aspecto comercial de grãos (Carneiro *et al.*, 2017; Ramalho *et al.*, 2013).

O melhoramento de feijão no Brasil é realizado majoritariamente por instituições públicas, como a Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária (EMBRAPA), Institutos de pesquisa estaduais e Universidades. Dentre estas Universidades se destaca a Universidade Federal de Viçosa (UFV), que desde a década de 1950 possui um Programa de Melhoramento de Feijão (PMF-UFV). A hibridação é a principal estratégia de melhoramento para obtenção de novas cultivares. Esta estratégia consiste na escolha e no cruzamento de genitores que possuem fenótipos favoráveis para os diferentes caracteres de interesse (Ramalho; Abreu, 2015; Ramalho; Santos, 1982). Com a realização dos cruzamentos se obtém as sementes F₁, das quais se originam as populações segregantes.

Na literatura são listados vários métodos para condução das populações visando derivação das linhagens (Ramalho *et al.*, 2012a; Borém; Miranda, 2013). Na UFV, o método predominantemente utilizado é o bulk dentro de progênies F₂ ou F₃. Proposto originalmente por Frey (1954), o método consiste em derivar famílias a partir de plantas colhidas individualmente nas

gerações F₂ ou F₃. As famílias são avaliadas sob delineamento estatístico experimental em campo, onde cada família passa a constituir uma parcela. A parcela é colhida individualmente e são misturadas as sementes de todas as plantas da parcela, para originar a próxima geração do experimento de avaliação de famílias. Após vários ciclos de avaliação das famílias, quando o material já possui elevado grau de homozigose, são realizadas análises conjuntas dos experimentos, visando selecionar as melhores famílias para a derivação de linhagens (Ramalho *et al.*, 2012a; Borém; Miranda, 2013).

Um dos desafios do uso do método bulk dentro de progênies no melhoramento de feijão, é a fase inicial de avaliação, quando se tem limitação de sementes e necessidade de se avaliar um maior número de progênies (Souza *et al.*, 2000). Esta situação ocorre tanto no momento de derivação de famílias, quanto no momento de derivação de linhagens. Nesse caso, tem sido utilizado o delineamento de blocos aumentados (DBA) (Federer, 1956). No DBA os tratamentos regulares, que são as famílias ou as linhagens, não são repetidos. Apenas as testemunhas são repetidas ao longo do experimento, de modo a auxiliar na estimativa do erro experimental (Zimmermann, 2004; Ramalho *et al.*, 2012b). Entretanto, a estimativa do erro experimental com base em testemunhas, distintas dos genótipos em avaliação, e a utilização de uma grande quantidade de parcelas experimentais para acomodar testemunhas, são algumas limitações que o DBA apresenta (Ramalho *et al.*, 2012b). Uma alternativa a ser explorada nas fases iniciais de avaliação de progênies, é a utilização do delineamento parcialmente replicado (P – REP), proposto por Cullis *et al.*, 2006. O delineamento P – REP estabelece a repetição de uma porcentagem dos materiais em testes, como alternativa ao uso de cultivares testemunhas para estimativa do erro experimental, visando uma melhor resposta na seleção (Cullis *et al.*, 2006).

De modo geral, a restrição de sementes é apenas no primeiro experimento, quando da derivação de progênies para avaliação de famílias ou linhagens, havendo necessidade de utilização de delineamentos de blocos aumentados. Nos experimentos subsequentes, já se dispõe de maior quantidade de sementes, tornando possível a utilização de delineamentos mais robustos, como o látice. Assim, a utilização de diferentes delineamentos e com diferentes números de repetições, resulta em desbalanceamento estatístico (Duarte; Vencovsky 2001; Melo *et al.*, 2020; Santana *et al.*, 2023), dificultando as análises estatísticas pelos métodos convencionais. No entanto o aproveitamento da informação obtida nos diversos experimentos é fundamental para que se realize uma seleção mais acurada, em especial nas gerações iniciais (Bruzi, 2008; Resende *et al.*, 2015).

Uma outra opção para lidar com a limitação de sementes, grande número de tratamentos em avaliação, e que possibilita uma melhor estimativa dos efeitos de tratamentos, é a utilização do delineamento parcialmente replicado aumentado (A – PREP). Proposto por Willians *et al.* (2011), este delineamento consiste em se repetir uma porcentagem dos tratamentos nos diferentes ambientes de avaliação, de forma que ao analisar conjuntamente os diferentes ambientes, cada tratamento terá o mesmo número de repetições. Desta forma o A – PREP pode ser entendido como um delineamento intermediário, ficando entre um delineamento com duas repetições e um delineamento sem nenhuma repetição (Moehring *et al.*, 2014).

Embora a utilização do delineamento parcialmente replicado pareça se adequar muito bem ao melhoramento de plantas, ainda são escassas na literatura informações acerca da eficiência do uso do P – REP em relação ao DBA. Há também lacunas a serem exploradas em relação a estratégias para conexão de ensaios com desbalanceamento estatístico. Assim como não se tem informações sobre a utilização do A – PREP em ensaios de melhoramento de feijão. Diante destes fatos, este trabalho propõe em seu primeiro capítulo avaliar a eficiência do uso do delineamento P – REP em relação ao DBA, nas fases iniciais de avaliação de linhagens de feijoeiro. No segundo capítulo, é proposto uma estratégia para conexão de ensaios com desbalanceamento estatístico, visando seleção de famílias de feijão preto para extração de linhagens. Por fim, no terceiro capítulo abordou-se a utilização do A – PREP na avaliação de linhagens de feijão preto em diferentes ambientes.

2 REFERENCIAL TEÓRICO

2.1 Cultura e melhoramento do feijoeiro

O feijoeiro (*Phaseolus vulgaris* L.) é uma leguminosa herbácea, com uma morfologia floral que favorece a autopolinização, caracterizando-se como uma planta autógama. Originário do continente americano, é cultivado em uma grande diversidade de ambientes pelo mundo, assim possui uma grande variabilidade de fenótipos para caracteres como: ciclo, hábito de crescimento, tipos de plantas e cor de grãos (Santos *et al.*, 2015).

Dentre os vários tipos comerciais de grãos, o tipo carioca é o mais consumido, seguido pelo tipo preto, o segundo em preferência do brasileiro (Borém; Carneiro, 2015). Cerca de 20% do consumo de feijão no país corresponde ao tipo comercial preto, o qual é muito apreciado nos estados do sul do Brasil, no Rio de Janeiro e no Espírito Santo (Souza *et al.*, 2019).

Assim, historicamente, o feijão é um dos principais alimentos constituintes da dieta do brasileiro, e se caracteriza por ser importante fonte de proteínas e minerais, como o ferro (Borém; Carneiro, 2015). Entretanto, devido as transformações sociais ocorridas no Brasil nas últimas décadas, como a maior participação da mulher no mercado formal de trabalho, e o aumento do consumo de alimentos de preparo rápido, o consumo de feijão tem sofrido oscilações (Moura; Brito, 2015).

Todavia mesmo com variações no padrão de consumo, o feijão ainda possui uma grande importância alimentar no Brasil, o que faz com que o país se apresente como um dos principais consumidores e produtores de feijão-comum no mundo (Borém; Carneiro, 2015). De acordo com dados da Companhia Nacional de Abastecimento (CONAB) na safra de 2022/23 a produção nacional foi de 3 milhões de toneladas de feijão. O Paraná é o estado com maior produção com 728 mil toneladas, seguido por Minas Gerais com 553 mil toneladas. A área plantada em 2022/23 foi de 2,7 milhões de hectares. Observando os dados históricos verificamos que desde o fim da década de 1970, quando a área plantada era de aproximadamente 5 milhões de hectares, até os dias atuais, vem ocorrendo uma constante redução de área cultivada. Todavia neste mesmo período observa-se um aumento na produtividade, que passou de 488 kg.ha⁻¹ na década 1970 para 1125 kg.ha⁻¹ em 2022/23. Este fato possibilitou que mesmo com a redução da área de plantio, a produção fosse suficiente para atender praticamente toda a demanda de consumo (CONAB, 2024). Embora, em alguns anos ainda sejam necessárias importações do grão para atender o abastecimento interno (Maluf; Speranza, 2014).

Ramalho e Santos (1982), mencionam que dentre os fatores para se aumentar a produtividade, além de melhores práticas de adubação, controle de pragas, doenças e plantas daninhas, pode-se também melhorar a constituição genética da planta. No estado de Minas Gerais o melhoramento genético do feijoeiro começou na década de 1930, na Escola Superior de Agricultura e Veterinária de Viçosa. Nesta instituição foi obtida umas das cultivares mais antigas produzidas por hibridação a Mantuba, resultado do cruzamento entre as cultivares Manteigão x Tubarão. Décadas depois, em 1955, nesta mesma instituição iniciou-se um programa ativo de melhoramento genético do feijoeiro sobre a liderança do professor Clibas Vieira. Neste programa avaliou-se um grande número de genótipos vindos de diversas partes do mundo. Dentre estes podemos mencionar a variedade Rico, introduzida da América central, a qual foi avaliada e distribuída aos agricultores da Zona da Mata Mineira com a denominação de Rico 23, cultivar de feijão preto que posteriormente foi distribuída para outras regiões do país (Voysset, 2000).

O melhoramento do feijoeiro no Brasil é realizado basicamente por instituições públicas (Matos; Ramalho; Abreu, 2007). No estado de Minas Gerais os trabalhos de melhoramento são desenvolvidos pela Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária (EMBRAPA), Empresa de Pesquisa Agropecuária de Minas Gerais (EPAMIG), Universidade Federal de Lavras (UFLA) e Universidade Federal de Viçosa (UFV) (Ramalho; Abreu, 2015).

2.1.1 Principais objetivos do melhoramento do feijoeiro

De maneira geral o principal objetivo dos programas de melhoramento do feijoeiro é identificar genótipos que possam aliar altas produtividades, bom aspecto comercial de grãos, arquitetura de plantas ereta e resistência aos principais patógenos que acometem a cultura (Ramalho; Abreu, 2015).

Um dos fatores que contribuem para a redução da severidade de doenças ou mesmo que colabora para o escape de doenças, são plantas com arquitetura mais ereta, já que ocorre uma maior circulação de ar, reduzindo o microclima favorável ao desenvolvimento de patógenos. Além desta vantagem fitossanitária, a busca no melhoramento por feijoeiros mais eretos, é impulsionada pela necessidade de mecanizar todo o processo produtivo do feijão, facilitando os tratamentos culturais e reduzindo as perdas (Ramalho; Abreu, 2015). Carneiro *et al.* (2017), mencionam que a atenção ao porte de plantas do feijoeiro, ocorre já a bastante tempo, desde a década de 1950, com os trabalhos do Professor Clibas Vieira na UFV.

Diversas características estão associadas ao porte do feijoeiro, como a altura de inserção da primeira vagem, o comprimento da haste principal, e o número e comprimento dos internódios da haste principal. Estes caracteres possuem ação gênica aditiva, assim em um programa de melhoramento o comportamento médio das populações segregantes, pode indicar o potencial de cada população para a derivação de materiais de interesse (Santos; Vencovsky, 1986).

Para a avaliação da arquitetura de planta nos programas de melhoramento de feijão, têm-se utilizado escala de notas de 1 a 5, descrita no trabalho de Ramalho *et al.* (1998). Assim, nota 1 - refere-se a planta ereta com uma haste e poucas ramificações; nota 2 – planta ereta com algumas ramificações e guia curta; nota 3 – planta semiprostrada com ramificações e guia mediana; nota 4 – planta prostrada com ramificações e guia longa; nota 5 – planta completamente prostrada e com muitas ramificações.

Embora o melhoramento de feijão preto no Brasil tenha começado a muitas décadas, melhorias na arquitetura de plantas só foram observadas nas cultivares lançadas a partir de 1991, com registro de um progresso genético de 1,35% ao ano para a característica, com uma redução de 0,05 na nota ao ano até 2013 (Barili *et al.*, 2016).

Outra característica muito buscada no melhoramento do feijoeiro é o aspecto comercial de grãos. O consumidor apresenta preferências específicas em relação aos diferentes tipos de grãos, sejam eles carioca, preto ou vermelho, com variações na forma, no tamanho, e em presença ou ausência de brilho (Trindade, 2020). Ramalho *et al.* (2004), mencionam que em relação ao brilho, a exceção dos grãos de cor vermelho, o almejado são grãos de tegumento opaco. Os autores também ressaltam a preferência por grãos oblongos e de tamanho médio, com o peso de 100 grãos em torno de 25 gramas.

Nos programas de melhoramento têm-se utilizado escala de notas para seleção dos grãos com melhor aspecto comercial. Esta escala está descrita no trabalho de Ramalho *et al.* (1998), neste trabalho os autores avaliaram o aspecto de grãos de famílias oriundas de cruzamentos de feijão com padrão carioca. Para a avaliação utilizaram uma escala de 1 a 5, em que 1 é atribuído ao grão com o melhor aspecto e 5 ao pior. Assim considera-se: 1 - grão carioca padrão, com cor creme, estrias marrom-claras, fundo claro, sem halo, grãos não achatados, peso de cem grãos de 22 a 24 gramas; 2 – grão carioca com deficiência em uma das características anteriores; 3 - grão carioca com deficiência em duas das características anteriores; 4 – grão carioca com deficiência em três das características anteriores; 5 – grão creme, estrias marrom escuras, fundo escuro, com halo, grãos achatados, peso de cem grãos menor que 22 gramas (Ramalho *et al.*, 1998).

No caso do feijão preto tem-se trabalhado com uma adaptação desta escala proposta por Ramalho *et al.* (1998), considerando: 1 - grão tipo preto, não achatado, com formato elíptico, peso de cem grãos de 22 a 24 gramas e ausência de brilho; 2 – grão com deficiência em uma das características anteriores; 3 - grão com deficiência em duas das características anteriores; 4 - grão com deficiência em três das características anteriores; 5 – grão com ausência de características desejadas para o tipo preto.

Ao longo das últimas décadas os trabalhos de melhoramento genético do feijão preto permitiram obter um progresso genético para aspecto comercial de grãos. No período de 1987 a 2013 o progresso foi de 1,85% ao ano, o que significa uma redução de 0,5 ponto por ano na nota, isto na prática resultou na obtenção de grãos com tamanho maiores (Barili *et al.*, 2016).

Embora a obtenção de cultivares com porte ereto, bom aspecto comercial de grãos e resistência a patógenos seja o objetivo dos diversos programas de melhoramento, a agregação destas características em uma mesma cultivar, só terá sentido se esta apresentar altas produtividades e boa estabilidade de produção para o local em que está sendo recomendada (Ramalho; Abreu, 2015). O desenvolvimento de cultivares com alta produtividade é um dos fatores que mais contribuem para o bom desempenho agrícola do Brasil (Ramalho *et al.* 2012a). Assim, também no caso do feijão-comum, cultivares melhoradas é uma das tecnologias que mais alavancaram a sua produção (Carneiro *et al.*, 2017). Isto permitiu que a produtividade de feijão saltasse de 488 kg.ha⁻¹ em 1976/77 para 1125 kg.ha⁻¹ em 2022/23 (CONAB, 2024).

Abreu *et al.* (1994) estudaram o progresso anual obtido com o melhoramento genético do feijoeiro no Sul de Minas Gerais e Alto Paranaíba durante as décadas de 1970 e 1980. Os autores relataram um ganho de 1,9% ao ano, o que representou um aumento de 14,52 Kg.ha⁻¹ em produtividade no decorrer dos anos. Ribeiro *et al.* (2003) também estudaram o progresso genético para rendimento de grãos de feijão, os autores analisaram dados de experimentos da depressão central do Rio Grande do Sul no período entre 1998 à 2002 e observaram um ganho genético médio anual de 0,88% para rendimento de grãos, resultando um incremento de 18,07 kg.ha⁻¹ por ano. Barili *et al.* (2016) avaliaram o progresso obtido com o melhoramento de feijão preto durante 53 anos no Brasil, considerando 40 genótipos lançados de 1960 a 2013. O estudo demonstrou que embora os trabalhos de melhoramento tenham começado na década de 1960, o progresso genético para produtividade tornou-se significativo apenas a partir de 1988, uma vez que as cultivares recomendadas anteriormente somente oscilavam a sua produção, sem, contudo, apresentar diferença significativa. De 1988 em diante o progresso obtido para rendimento de grãos foi de 2,42% ao ano, o que representou um incremento anual de 57,8 kg.ha⁻¹.

Atualmente, como consequência dos trabalhos de melhoramento genético, as cultivares recomendadas possuem uma maior produtividade, devido em grande parte ao incremento nos componentes de rendimento de grão, como o número de vagens por planta (NVP), número de grãos por vagem (NGV), e massa de mil grãos (MMG) (Carneiro *et al.*, 2017). Observou-se na passagem entre as décadas de 1980 e 1990 um significativo aumento para NVP, NGV e MMG. Para estas características registrou-se um progresso genético de 1,42%, 1,85% e 1,35% ao ano respectivamente (Barili *et al.*, 2016).

2.1.2 Estratégias de melhoramento do feijoeiro

Dentre as principais estratégias utilizadas para o desenvolvimento de novas cultivares de feijão, três se destacam, sendo elas: seleção de linhas puras, introdução de linhagens e hibridação (Pereira, 2021). A seleção de linhas puras baseia-se na exploração da variabilidade natural existente entre cultivares já utilizadas pelos agricultores. Foi através da seleção de linhas puras em variedades cultivadas por produtores do interior de São Paulo, que se obteve a cultivar Carioca, a qual se tornou amplamente difundida no país, e estabeleceu um novo padrão de grão, que se tornou o tipo mais consumido no Brasil (Ramalho; Abreu, 2015).

Outra estratégia também muito utilizada, em especial quando os trabalhos de melhoramento estão em seu início, é a introdução de linhagens de outros locais. Os materiais introduzidos após passarem por ensaios de valor de cultivo e uso (VCU), e demonstrarem superioridade em relação aos cultivados na região, podem ser disponibilizados para a produção de sementes e uso pelos agricultores. Foi assim que ocorreu com a cultivar de feijão preto Rico 23, introduzida da Costa Rica em 1954, e avaliada em ensaios de adaptação pela UFV, onde apresentou excelente desempenho, passando a ser cultivada com grande aceitação tanto em Minas Gerais, quanto em várias partes do país (Ramalho; Santos, 1982).

Todavia a estratégia de maior uso no melhoramento é a hibridação (Ramalho; Abreu, 2015). Esta técnica tem como objetivo combinar em uma mesma planta, genes responsáveis por fenótipos desejáveis, que são observadas em diferentes genitores (Ramalho; Santos, 1982). Borém e Miranda (2013), ressaltam que com o passar do tempo e a exaustão da variabilidade natural existente nos materiais cultivados, tornou-se necessário a utilização de métodos que permitissem o acesso à variabilidade genética, e uma das alternativas para isto é a hibridação de genitores com fenótipos de interesse.

Assim para a escolha dos genitores, o melhorista deve se basear nas características que ele pretende agregar nos novos genótipos que serão gerados. Contudo quase sempre o que se busca é genótipos altamente produtivos e estáveis, com boa adaptação a diferentes ambientes (Ramalho; Santos, 1982). No caso do feijoeiro além destas características, também se busca plantas com porte ereto e bom aspecto comercial de grãos.

De acordo com a quantidade de características que se pretende combinar na hibridação, é definido o tipo de cruzamento a ser realizado. Assim, os cruzamentos podem ser: simples ou biparentais, que consiste no cruzamento de dois genitores, sendo o mais utilizado em autógamias; duplo, que consiste no cruzamento de dois híbridos oriundos cada um de um cruzamento simples; triplo, que é resultado de um híbrido oriundo de um cruzamento simples que é cruzado com outro genitor; e múltiplos, que envolve o cruzamento de vários genitores (Borém; Miranda, 2013; Ramalho; Santos, 1982).

2.1.3 Condução da população segregante

Obtendo sucesso com os cruzamentos tem-se as sementes F_1 's, das quais se originam as populações segregantes. Ramalho *et al.* (2012a), ao tratarem sobre as possíveis estratégias de condução das populações segregantes, alocam estas em dois grupos, sendo eles: I) Métodos que não separam as fases de endogamia da fase de seleção, sendo representado pelo método massal e também pelo método genealógico. II) Métodos que separam as fases da endogamia da fase de seleção, neste se enquadram o método populacional ou Bulk, método do descendente de uma única semente – SSD e método bulk dentro de progênies F_2 ou F_3 .

O método massal consiste em iniciar a seleção com base no fenótipo em F_2 , e prosseguir até que a homozigose seja alcançada. Este método é eficiente quando se trata de seleção para características com alta herdabilidade, uma vez que se baseia no fenótipo. Também é importante que o melhorista que faz seu uso seja experiente e possua a capacidade de identificação de materiais promissores (Ramalho *et al.*, 2012a).

O método genealógico ou pedigree é um dos métodos mais utilizados no melhoramento de plantas autógamias. Consiste na seleção e avaliação individual de plantas começando em F_2 . As sementes das plantas selecionadas em F_2 , são semeadas em linhas individuais constituindo as progênies $F_{2,3}$, nestas as melhores linhas e, dentro destas, as melhores plantas serão selecionadas e constituirão novas linhas individuais da próxima geração. O sistema de seleção e for-

mação da nova geração se repete até $F_{4:5}$ ou $F_{5:6}$, quando já se possui elevado grau de homozigose dentro das progênies. As sementes das progênies são obtidas, agora já consideradas linhagens e passarão por avaliações mais criteriosas (Ramalho *et al.*, 2012a). Por este método a seleção baseia-se no genótipo do indivíduo, uma vez que é realizado o teste de progênies. Possui a vantagem de permitir conhecer o parentesco entre os indivíduos selecionados, e com isso possibilitar a realização de estudos genéticos, além de permitir o descarte de materiais indesejáveis logo no início. Como desvantagens, cita-se a alta demanda de área e mão de obra (Borém; Miranda, 2013).

No método descendente de uma única semente – SSD, em cada planta F_2 colhe-se uma semente, que originará a próxima geração. O procedimento é repetido várias vezes até que se alcance a homozigose, provavelmente em F_5 . Seleciona-se então as plantas individuais para participarem do teste de progênies, as que se destacarem, serão colhidas individualmente em bulk, e comporão os ensaios preliminares de linhagens, seguindo todos os pressupostos da estatística experimental (Ramalho *et al.*, 2012a; Borém; Miranda, 2013). Dentre as vantagens do método citam-se que: permite alta variabilidade genética dentre as linhagens na etapa final, fácil de aplicar com baixa exigência de pessoas e área, pode ser conduzido fora do ambiente ideal de cultivo da cultura. Como principal desvantagem temos a impossibilidade de seleção precocemente (Borém; Miranda, 2013).

No método do Bulk, também conhecido como método da população, em F_2 as plantas são colhidas em conjunto e destas são retiradas uma amostra de sementes para dar origem a próxima geração, este processo é repetido até que se alcance a homozigose, normalmente até F_5 ou F_6 . Neste estágio ocorre a seleção de plantas individuais que constituirão as linhagens, as quais serão avaliadas em ensaios com repetições, de onde poderá se destacar genótipos com potencial para participar de ensaios de valor de cultivo e uso (VCU) (Ramalho *et al.*, 2012a). Dentre as vantagens do método Borém e Miranda (2013) destacam que é de fácil condução, permitindo economia de mão de obra, admite utilizar a mecanização e com isto consegue-se trabalhar com um grande número de populações ao mesmo tempo, além de possibilitar tirar proveito da seleção natural obtendo indivíduos mais adaptados e de destaque. Como desvantagens os autores citam dentre outros, a viabilidade apenas para indivíduos cujo o interesse comercial sejam as sementes, a impossibilidade de utiliza-lo em ambiente protegido e consequentemente a limitação do número de gerações por ano.

Já no método bulk dentro de progênies derivadas de F_2 ou F_3 , colhe-se individualmente as plantas para se obter, respectivamente, as progênies $F_{2:3}$ ou $F_{3:4}$. Dentro de cada progênie as

plantas são colhidas em bulk constituindo assim as famílias $F_{2:4}$ ou $F_{3:5}$. Repete-se o procedimento de quatro a cinco vezes, para se alcançar alto grau de homozigose. A partir desta fase pode-se fazer seleção das melhores famílias a fim de se obter linhagens, ou caso prefira, pode-se utilizar a multilinha de cada progênie (Ramalho *et al.*, 2012a). Originalmente proposto por Frey (1954), com algumas adaptações, o método é muito utilizado nos programas de melhoramento de feijoeiro da UFLA e da UFV. Neste método, as progênies/famílias já são avaliadas em delineamentos estatísticos a partir de $F_{2:3}$. Após a realização de vários ciclos, que permitam atingir a homozigose, é realizado uma análise conjunta dos experimentos e são selecionadas as melhores famílias para extração de linhagens. Assim possui a vantagem de permitir uma seleção com base no desempenho de várias gerações, todavia a realização de avaliações em mais gerações demanda maior tempo e recursos (Borém; Miranda, 2013).

2.2 Delineamentos estatísticos, comparação de delineamentos e análise de dados no melhoramento do feijoeiro

2.2.1 Delineamentos estatísticos

Delineamentos estatísticos ou delineamentos experimentais, consiste no plano de alocação dos tratamentos, que se quer avaliar, nas parcelas experimentais. É por meio do delineamento que é possível estimar o erro experimental, elevar a precisão do experimento e realizar os testes de significância. São diversos tipos de delineamentos existentes e a escolha de qual utilizar depende das características do experimento e das condições do local que se quer implantar o ensaio (Ramalho *et al.*, 2012b).

O delineamento mais simples que se tem é o delineamento inteiramente casualizado (DIC), neste são observados apenas os princípios da casualização e repetição, não existindo o controle local. Assim o DIC é um delineamento recomendado apenas para situações em que os experimentos serão conduzidos em condições controladas e homogêneas, como em laboratórios ou câmaras de crescimento. Apresenta como vantagem a possibilidade de se utilizar qualquer número de tratamentos e de repetições. No entanto possui a desvantagem de ser pouco preciso, e caso as condições não sejam homogêneas, como se pensava durante o planejamento do ensaio, a variação do ambiente é toda incluída no resíduo, prejudicando a precisão experimental (Zimmermann, 2004; Pimentel-Gomes, 2009; Ramalho *et al.*, 2012b).

Em condições em que o ambiente de implantação do ensaio é conhecidamente heterogêneo, como em áreas com diferença de fertilidade de solo, desuniformidade de irrigação, variações de relevo, dentre outros, o delineamento mais utilizado é o delineamento de blocos casualizados (DBC). Diferentemente do DIC, no DBC o controle local é utilizado. Assim a área necessária para o experimento é dividida em blocos, o mais homogêneo possível, cada bloco constituirá uma repetição do experimento, e dentro do bloco todos os tratamentos serão aleatorizados. Como todos os tratamentos devem estar contidos em cada bloco, fica claro que este tipo de delineamento possui restrição a experimentos que envolva um grande número de tratamentos, uma vez que quanto mais se aumenta o bloco, menor é a homogeneidade deste. Todavia este é o tipo de delineamento mais utilizado em pesquisa agropecuária e também muitas vezes em experimentos de genética e melhoramento (Ramalho *et al.*, 2012b), principalmente nas fases finais de avaliação de genótipos, quando devido a seleções anteriores, já se tem um reduzido número de tratamentos.

Enquanto que no DBC o controle local é apenas em um sentido, em linhas, no delineamento em quadrado latino (DQL) o controle local ocorre em dois sentidos, em linhas e em colunas, por isto, neste delineamento é necessário que o número de repetições sempre seja igual ao número de tratamentos. Esta igualdade do número de repetições com o número de tratamentos é o que faz com que este delineamento seja muito pouco utilizado na área de melhoramento, uma vez que experimentos nesta área comumente envolve um grande número de tratamentos, portanto seria inviável a implantação destes experimentos em DQL (Ramalho *et al.*, 2012b). Pimentel-Gomes (2009) menciona que quando se possui mais de 8 tratamentos em geral não se usa DQL, uma vez que o grande número de repetições tornaria o experimento muito custoso.

Estes delineamentos anteriormente discutidos, DIC, DBC e DQL, são considerados delineamentos básicos, os quais permitem a utilização da análise de variância (ANOVA) para interpretação dos dados (Ramalho *et al.*, 2012b). Tanto o DBC como o DQL foram propostos por Fisher para utilização em pesquisa agrícola, no entanto, como já mencionado, quando o número de tratamentos é muito grande estes delineamentos tornam-se pouco viáveis devido as suas particularidades (Yates, 1936). Diante disto, Yates (1936) propôs a utilização dos blocos incompletos randomizados.

Os delineamentos de blocos incompletos, se caracterizam por blocos que não incluem todos os materiais em avaliação, sendo úteis quando há grande número de tratamentos. Uma vez que, blocos com apenas uma parte dos tratamentos avaliados, são menores e conseqüentemente, mais homogêneos. Os delineamentos de blocos incompletos de maior importância, são

os blocos incompletos balanceados e os reticulados quadrados (látices) (Pimentel-Gomes, 2009). Os blocos incompletos balanceados (BIB) ou blocos incompletos equilibrados, apresentam a particularidade de cada tratamento aparecer no mesmo bloco com cada um dos demais tratamentos, e pelo mesmo número de vezes. Assim, neste delineamento não é necessário que todos os tratamentos estejam contidos em cada bloco, apenas uma parte deles. A análise de experimentos organizados em BIB, é um pouco mais complexa do que quando se trabalha com DIC ou DBC, no entanto este delineamento apresenta a vantagem de possibilitar um melhor controle local, por meio da utilização de blocos reduzidos, o que resulta em uma melhor estimativa do erro experimental. Em BIB's a ANOVA pode ser realizada por dois procedimentos distintos: I) Análise intrablocos, neste procedimento ajusta-se os efeitos de tratamento para os efeitos do bloco em que estes estão, neste caso os efeitos de tratamentos são independentes. II) Análise interblocos, a estimação dos efeitos de tratamento é feita por meio dos efeitos do bloco em que estes estão, mas também são consideradas as comparações entre blocos para a estimação. Neste caso as médias dos tratamentos deixam de ser independentes. Embora a análise interblocos permita uma melhor utilização das informações disponíveis, ela utiliza procedimentos estatísticos apenas aproximados, logo deve ser usada apenas quando se tem graus de liberdades de blocos e resíduos grandes (Zimmermann, 2004; Pimentel-Gomes, 2009; Ramalho *et al.* 2012b).

Os reticulados quadrados também denominados de látices, são delineamentos muito utilizados em ensaios de melhoramento de plantas, nos quais são avaliados muitos tratamentos, como avaliação de populações, famílias ou linhagens de culturas anuais como soja, sorgo, milho, feijão dentre outras. Neste delineamento o número de tratamentos deve ser um quadrado perfeito, desta forma o número de blocos por repetição será a raiz quadrada do número de tratamentos, assim como também o número de tratamentos por blocos. Supondo que o número de tratamentos seja 25, o número de blocos por repetição será cinco e o número de tratamentos por bloco também cinco (Pimentel-Gomes, 2009). Ramalho *et al.* (2012b) ressaltam que este delineamento é muito utilizado por melhoristas, pois permite a avaliação de um grande número de tratamentos de uma vez. Assim como o BIB, o látices quadrado permite a análise intrabloco e interblocos.

O látice também apresenta a vantagem de poder ser analisado alternativamente como delineamento de blocos completos casualizados. Para isto basta excluir a informação de blocos e considerar cada repetição como um bloco para o DBC. Esta flexibilidade o enquadra como um delineamento *resolvable*. A análise do látice como DBC permite o cálculo da eficiência do

látice em relação ao DBC. Para isto basta dividir o quadrado médio do resíduo da análise como blocos casualizados pela variância efetiva. Para que o látice apresente alta eficiência, é fundamental que o efeito de blocos tenha sido grande. (Pimentel-Gomes e Garcia, 2002; Zimmermann, 2004; Pimentel-Gomes, 2009; Ramalho *et al.*, 2012b).

Outro tipo de delineamento de bloco incompleto muito utilizado é o delineamento de blocos aumentados (DBA) Federer (1956). O DBA possibilita a avaliação de populações, progênies (famílias ou linhagens), dentre outros materiais, sem que seja necessário a repetição do material avaliado. Os materiais avaliados aparecem apenas uma única vez em único bloco e são denominados de tratamentos regulares. Juntamente com os tratamentos regulares são incluídos os tratamentos testemunhas que aparecem uma única vez em cada bloco, porém são incluídos em todos os blocos. É por meio dos tratamentos testemunhas que é possível estimar o erro experimental (Ramalho *et al.*, 2012b).

O DBA apresenta vantagens como possibilitar a avaliação de genótipos com restrição de sementes e permitir a avaliação de um grande número de tratamentos. Além disto, blocos com tamanhos mais limitados também permitem uma maior homogeneidade do ambiente (Zimmermann, 2004; Ramalho *et al.*, 2012b). Ramalho *et al.* (2012b) ressaltam que quanto maior o número de testemunhas comuns empregadas no experimento, maior a eficiência esperada. Outro ponto também mencionado pelos autores é que este delineamento é mais utilizado nas fases iniciais dos programas de melhoramento, com materiais com muita variação dentro, enquanto que as testemunhas empregadas, quase sempre linhagens, apresentam pouca variação. Como a estimativa do erro é obtida com base nas linhagens, nem sempre esta estimativa portanto será condizente com a dos tratamentos que se quer avaliar.

Uma alternativa ao uso do DBA é a utilização do delineamento parcialmente replicado (P – REP). Neste delineamento, desenvolvido por Cullis *et al.* (2006), propõe-se a repetição de uma porcentagem dos materiais em teste, como alternativa ao uso de cultivares testemunhas para controle do erro do ambiente. Os autores ao apresentarem o método apontam que nas fases iniciais de avaliação de genótipos nos programas de melhoramento de plantas, é comum o melhorista se deparar com sementes em quantidade insuficiente para replicar todos os tratamentos, o que faz com que tenha que usar delineamentos que envolvam a repetição de cultivares testemunhas para a obtenção do erro experimental. Todavia espera-se que com a replicação de uma porcentagem dos próprios materiais em teste para a obtenção do erro, se tenha uma melhor resposta na seleção dos materiais. Assim em um estudo de simulação em que se comparou o

desempenho do P – REP com o grid-plot designs, observou-se que o P – REP apresentou maiores ganhos genéticos (Cullis *et al.*, 2006).

Como incremento, Williams *et al.* (2011) propuseram o delineamento parcialmente replicado aumentado (A – PREP). O propósito do A - PREP consiste que todos os tratamentos sejam replicados, porém em diferentes ambientes utilizados para as avaliações. Assim, uma porcentagem dos tratamentos é replicada no ambiente um, e nos demais ambientes estes tratamentos não são replicados, sendo replicados aqueles que ainda não tiveram duas repetições em nenhum dos ambientes. Moehring *et al.* (2014) avaliou a eficiência do A – PREP em ensaios multiambientes em comparação com designs replicados e não replicados de gerações iniciais de milho e triticale. O estudo demonstrou que o A - PREP é interessante quando se busca resultados de análise de teste único, os autores também ressaltam que o A – PREP supera os designs replicados e clássicos. Cullis *et al.*, 2020 mencionam que atualmente o delineamento A – PREP tem se tornado bem difundido entre os programas de melhoramento genético de plantas da Austrália.

2.2.2 Comparação de delineamentos estatísticos

Um delineamento estatístico frequentemente utilizado no melhoramento de plantas no Brasil, é o delineamento de blocos aumentados (DBA), o qual permite lidar com grande número de tratamentos a serem avaliados e com a limitação de sementes (Souza *et al.*, 2000; Ramalho *et al.*, 2012b; Santana *et al.*, 2023). Contudo, o DBA apresenta algumas particularidades, como a ocupação de um grande número de parcelas experimentais com tratamentos testemunhas e a estimativa do erro experimental feita com base em cultivares testemunhas que são diferentes dos materiais que se está avaliando (Ramalho *et al.*, 2012b).

Alguns trabalhos procuraram comparar o uso do DBA em relação a outros delineamentos: Bearzoti *et al.* (1997) avaliaram clones de batatas em gerações iniciais em delineamentos de látice simples e em DBA. A comparação foi realizada por meio da averiguação das estimativas de herdabilidade, coeficiente de variação e correlação de Spearman dos dois delineamentos. Os autores concluíram que o DBA pode ser utilizado como alternativa ao látice quando a pressão de seleção não é muito forte.

Souza *et al.* (2000) avaliaram famílias de feijão em um látice simples e simularam em cada repetição do látice um experimento de DBA. Para realizarem a comparação entre delineamentos considerou-se as estimativas de coeficiente de variação experimental,

herdabilidade no sentido amplo, e correlação classificatória de Spearman. Ao fim concluíram que o DBA possui baixa precisão para estimativas de parâmetros genéticos e fenotípicos. Os autores, no entanto, afirmam que o delineamento DBA é viável para seleção de famílias em etapas iniciais de avaliação desde que a intensidade de seleção seja moderada.

Souza *et al.* (2006) simularam experimentos de blocos casualizados com tratamentos comuns, experimentos de DBA e DBA duplicados e compararam a eficiência relativa para seleção de clones, considerando modelo de efeito fixo e modelo misto. No modelo de efeito fixo a comparação foi com base na porcentagem média de coincidência dos selecionados, e também com base nas estimativas de correlação de Pearson. No modelo misto considerou-se as estimativas de herdabilidades. Os autores concluíram que a perda de eficiência de seleção pelo DBA em relação aos demais delineamentos é baixa e apontam o DBA como uma boa alternativa para a fase inicial de um programa de melhoramento de plantas, ressaltando que para caracteres de alta herdabilidade o DBA apresenta estimativas mais precisas.

Peternelli *et al.* (2009) também trabalharam com experimentos simulados de blocos casualizados com tratamentos comuns, experimentos de DBA e DBA duplicados, vislumbrando uma situação hipotética de área limitada para implantação dos ensaios. Para a realização da comparação entre delineamentos basearam-se na condição de que o número de tratamentos em seleção excedia o número de unidades experimentais. Observaram que com o DBA a eficiência de seleção é maior quando a variável possui maior valor de herdabilidade, e concluíram que é mais vantajoso optar por avaliar mais genótipos por meio da utilização do DBA, do que avaliar menos genótipos, mas com delineamentos com repetição, como blocos casualizados com tratamentos comuns ou DBA duplicados.

Entretanto, ainda não se tem informações de trabalhos comparando o DBA (Federer, 1956) com o P – REP (Cullis *et al.*, 2006) e nem das possíveis vantagens de um delineamento em relação a outro. Yates (1936) propôs que um delineamento pode ser mais eficiente que outro, caso o erro de comparação de médias par a par seja menor em um delineamento em relação a outro. A proposta inicial de Yates previa a comparação da eficiência do delineamento de blocos incompletos simétricos em relação ao delineamento de blocos casualizados (DBC) e considerava tratamento como de efeito fixo (Yates, 1936).

2.2.3 Análise conjunta de experimentos no melhoramento do feijoeiro

É comum nas etapas iniciais de avaliação de famílias ou de linhagens em programas de melhoramento de feijão, a utilização do delineamento de blocos aumentados (Federer, 1956), pois este delineamento permite a avaliação de um grande número de genótipos e não exige repetição. Na sequência da utilização do DBA, já com maior disponibilidade de sementes, mas ainda com um grande número de genótipos, normalmente é utilizado os delineamentos de blocos incompletos, como o látice. Isto pode ser observado nos trabalhos de Barros (2020), Trindade (2020), Pereira (2021) dentre outros. Já nas fases finais de avaliações de linhagens, inclusive em ensaios de valor de cultivo e uso (VCU), é utilizado o DBC.

O uso de diferentes delineamentos estatísticos, e variado número de repetições, ocasiona o desbalanceamento estatístico entre experimentos de feijão, dificultando a análise conjunta de dados pelos métodos tradicionais. No entanto, Piepho *et al.* (2008), enfatizam a importância da conexão de experimentos sequenciais, uma vez que devido ao aumento da homozigose, os genótipos já não são os mesmos nas diferentes gerações, o que torna importante o aproveitamento da correlação genética dos genótipos em diferentes ambientes. Bruzi (2008), destaca que a análise sequencial de experimentos desbalanceados torna o processo seletivo mais acurado e eficiente, e aponta a utilização da metodologia de modelos mistos como opção para a utilização de dados com estas características. Smith *et al.* (2005), também apontam a metodologia de modelos mistos como um caminho para se alcançar maior precisão nas análises em programas de melhoramento de plantas. Os autores pontuam que nas situações em que ocorre o desbalanceamento dos dados, o mais usual para se estimar os componentes de variância de um modelo linear misto é a máxima verossimilhança residual (REML). Adicionalmente quando se pretende realizar seleção, o ideal é utilizar estimativas que melhor predizem os efeitos verdadeiros dos genótipos, que consiste na melhor predição linear não enviesada (Best Linear Unbiased Prediction – BLUP).

Neste sentido Resende *et al.* (2015), ao proporem um índice de seleção multigeracional, demonstraram que a utilização da informação de todas as gerações disponíveis, bem como a consideração da covariância entre gerações, permite uma maior acurácia seletiva e a obtenção de ganhos superiores em relação à quando se realiza a seleção com base apenas na última geração de avaliação. Na mesma linha de trabalho Batista *et al.* (2017), ao trabalharem com a seleção de famílias de feijão, demonstraram que a inclusão de dados de todas as gerações existentes, com a aplicação do índice multigeracional é o procedimento mais eficiente para a seleção.

Melo *et al.* (2020), evidenciaram que na seleção de progênies de feijoeiro, a modelagem das estruturas de (co)variância para efeitos genéticos e não genéticos, considerando informações de diferentes ambientes, apresenta bons resultados para os programas de melhoramento. Santana *et al.* (2023), ao estudarem a modelagem de estruturas de (co)variância para efeitos genéticos e não genéticos em experimentos de melhoramento de feijão concluíram que este procedimento deve ser aplicado em situações em que há o desequilíbrio dos dados, como nos ensaios de gerações avançadas em diferentes estágios. Assim a utilização da modelagem de estruturas de (co)variância permitem a realização de análises conjuntas de dados em desbalanceamento estatístico ou desbalanceamento genético no melhoramento de feijão.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

ABREU, A.F.B.; RAMALHO, M.A.P.; SANTOS, J.B.; MARTINS, L.A. Progresso do melhoramento genético do feijoeiro nas décadas de setenta e oitenta nas regiões Sul e Alto Paranaíba em Minas Gerais. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 29, n. 1, p. 01-91, 1994.

BARILI, L.D.; VALE, N.M.; CARNEIRO, J.E.S.; SILVA, F.F.; SILVA, F.L. Five decades of black common bean genetic breeding in Brazil. **Pesquisa Agropecuária Tropical**, v. 46, p. 259-266, 2016.

BARROS, L.P. **Índices de seleção e potencial de famílias de feijão vermelho para derivação de linhagens**. 2020. Dissertação (Mestrado em Fitotecnia) - Departamento de Agronomia, Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, MG, 2020.

BATISTA, L.G.; ANJOS, R.S.; POERSCH, N.L.; NALIN, R.S.; CARNEIRO, P.C.S.; CARNEIRO, J.E.S.; RESENDE, M.D.V. Multigeneration index in the selection of common bean inbred families. **Crop Science**, v. 57, n. 5, p. 2354-2360, 2017.

BEARZOTI, E.; PINTO, C.A.B.P.; OLIVEIRA, M.S. Comparação entre métodos estatísticos na avaliação de clones em um programa de melhoramento de batata. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 32, n. 9, p. 877-884, 1997.

BEEBE, S. 5 Common Bean Breeding in the Tropics. **Plant breeding reviews**, v. 36, n. 1, p. 357-426, 2012.

BORÉM, A.; MIRANDA, G.V. **Melhoramento de plantas**. 6. ed. Viçosa, MG: Editora UFV, 2013

BORÉM, A.; CARNEIRO, J.E.S. A cultura. *In*: CARNEIRO, J.E.S.; PAULA JÚNIOR, T.J.; BORÉM, A. **Feijão do plantio a colheita**. 1. ed. Viçosa, MG: Editora UFV, 2015. p. 9-14.

BRUZI, A.T. **Aplicações da análise de modelos mistos em programa de seleção recorrente de feijoeiro comum**. 2008. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de plantas) – Departamento de Biologia, Universidade Federal de Lavras, Lavras, MG, 2008.

CARNEIRO, J.E.S.; POSSOBOM, M.T.D.F.; BARILI, L.D.; VALE, N.M.; et al. Cultivares brasileiras de feijão: contribuições do melhoramento genético. **Informe Agropecuário: Inovações tecnológicas para a produção de feijão**. Belo Horizonte, v.38, n. 298, 2017. p. 44-51.

CONAB. Companhia Nacional de Abastecimento. **Séries históricas das safras**. Disponível em: <https://www.conab.gov.br/info-agro/safras/serie-historica-das-safras/itemlist/category/905-feijao>. Acesso em: 20 mar. 2024.

CULLIS, B.R.; SMITH, A.B.; COCKS, N.A.; BUTLER, D.G. The design of early-stage plant breeding trials using genetic relatedness. **Journal of Agricultural, Biological and Environmental Statistics**, v. 25, p. 553-578, 2020.

CULLIS, B.R.; SMITH, A.B.; COOMBES, N.E. On the design of early generation variety trials with correlated data. **Journal of agricultural, biological, and environmental statistics**, v. 11, p. 381-393, 2006.

DUARTE, J.B.; VENCOVSKY, R. Estimação e predição por modelo linear misto com ênfase na ordenação de médias de tratamentos genéticos. **Scientia Agricola**, v. 58, p. 109-117, 2001.

EMBRAPA. **Dados de conjuntura da produção de feijão comum (Phaseolus vulgaris L.)**. Disponível em: <http://www.cnpaf.embrapa.br/socioeconomia/index.htm>, Acesso em: 23 junho 2024.

FAO. **Crops and livestock products**. Disponível em: <https://www.fao.org/faostat/en/#data/QCL/visualize>, Acesso em: 24 jun. 2024.

FEDERER, W.F. **Experimental design**. LWW, 1956.

FREY, K. J. The Use of F2 Lines in Predicting the Performance of F3 Selections in Two Barley Crosses 1. **Agronomy Journal**, v. 46, n. 12, p. 541-544, 1954.

MALUF, R.S.; SPERANZA, J.S. Preços dos alimentos, modelos de agricultura e abastecimento alimentar no Brasil: os casos da soja e do feijão. Centro de Referência em Segurança Alimentar e Nutricional – CERESAN -, **Actionaid, Relatório Técnico**, v. 7, 2014.

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

MELO, V.L.; MARÇAL, T.S.; ROCHA, J.R.A.S.C.; ANJOS, R.S.R.; CARNEIRO, P.C.S.; CARNEIRO, J.E.S. Modeling (co) variance structures for genetic and non-genetic effects in the selection of common bean progenies. **Euphytica**, v. 216, p. 1-13, 2020.

MOEHRING, J.; WILLIAMS, E.R.; PIEPHO, H. Efficiency of augmented p-rep designs in multi-environmental trials. **Theoretical and applied genetics**, v. 127, p. 1049-1060, 2014.

MOURA, A.D.; BRITO, L.M. Aspectos socioeconômicos. *In*: CARNEIRO, J.E.S.; PAULA JÚNIOR, T.J.; BORÉM, A. **Feijão do plantio a colheita**. 1. ed. Viçosa, MG: Editora UFV, 2015. p. 16-36.

PEREIRA, G.S. **Melhoramento de feijão vermelho por seleção recorrente na UFV: Potencial de linhagens e famílias e progresso genético**. 2021. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento) – Departamento de Agronomia, Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, MG, 2021.

- PETERNELLI, L.A.; SOUZA, E.F.M.; BARBOSA, M.H.P.; CARVALHO, M.P. Delineamentos aumentados no melhoramento de plantas em condições de restrições de recursos. **Ciência Rural**, v. 39, p. 2425-2430, 2009.
- PIEPHO, H. P.; MÖHRING, J.; MELCHINGER, A.E.; BÜCHSE, A. BLUP for phenotypic selection in plant breeding and variety testing. **Euphytica**, v. 161, n. 1-2, p. 209-228, 2008.
- PIMENTEL-GOMES, F. **Curso de estatística experimental**. Piracicaba, SP: FEALQ, 2009. 451 p.
- PIMENTEL-GOMES, F.; GARCIA, C.H. **Estatística aplicada a experimentos agrônômicos e florestais: exposição com exemplos e orientações para uso de aplicativos**. Piracicaba, SP: FEALQ, 2002. 309 p.
- RAMALHO, M. A. P.; FERREIRA, D. F.; OLIVEIRA, AC de. **Experimentação Em Genética e melhoramento de plantas**. 3. ed. Lavras, MG: Editora UFLA, 2012b.
- RAMALHO, M.A.P.; ABREU, A.F.B. Obtenção de cultivares. *In*: CARNEIRO, J.E.S.; PAULA JÚNIOR, T.J.; BORÉM, A. **Feijão do plantio a colheita**. 1. ed. Viçosa, MG: Editora UFV, 2015. p. 96-111.
- RAMALHO, M.A.P.; ABREU, A.F.B.; CARNEIRO, J.E.S. Cultivares. **Informe Agropecuário**, Belo Horizonte, v. 25, n. 223, 2004. p. 21-32.
- RAMALHO, M.A.P.; ABREU, A.F.B.; SANTOS, J.B.; NUNES, J.A.R. **Aplicações da genética quantitativa no melhoramento de plantas autógamas**. Lavras, MG: Editora UFLA, 2012a.
- RAMALHO, M.A.P.; CARVALHO, B.L.; NUNES, J.A.R. Perspectives for the use of quantitative genetics in breeding of autogamous plants. **International Scholarly Research Notices**, 2013. Disponível em: <https://www.hindawi.com/journals/isrn/2013/718127/>. Acesso em 24 dez. 2023.
- 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**. Área de Informação da Sede-Artigo em periódico indexado (ALICE), 1998. Disponível em: <https://ainfo.cnptia.embrapa.br/digital/bitstream/item/92337/1/ALTERNATIVAS-NA-SELECAO-DE-PLANTAS-DE-FEIJOEIRO.pdf>. Acesso em: 21 maio 2023.
- RAMALHO, M.A.P.; SANTOS, J.B. Melhoramento do feijão. **Informe Agropecuário: Feijão Tecnologia de produção**. Belo Horizonte, v.8, n. 90, junho 1982. p. 16-19. Disponível: <https://www.alice.cnptia.embrapa.br/bitstream/doc/476138/1/Melhoramentofeijao.pdf>. Acesso em: 18 maio 2023.
- RESENDE, M.D.V.; RAMALHO, M.A.P.; GUILHERME, S.R.; ABREU, A.F.B. Multigeneration index in the within-progenies bulk method for breeding of self-pollinated plants. **Crop Science**, v. 55, n. 3, p. 1202-1211, 2015.
- RESENDE, M.D.V.; RAMALHO, M.A.P.; GUILHERME, S.R.; ABREU, A.F.B. Multigeneration index in the within-progenies bulk method for breeding of self-pollinated plants. **Crop Science**, v. 55, n. 3, p. 1202-1211, 2015.
- RIBEIRO, N.D.; POSSEBON, S.B.; STORCK, L. Progresso genético em caracteres agrônômicos no melhoramento do feijoeiro. **Ciência Rural**, v. 33, p. 629-633, 2003.

- SANTANA, A. S.; MARÇAL, T.S.; SALVADOR, F.V.; SOUZA, M. H.; SILVA, L. M. B.; SILVA, M. B. P.; PEIXOTO, M.A.A.; CARNEIRO, P.C.S.; CARNEIRO, J. E.S. Analysis of advanced generation multistage field trials data in autogamous plant breeding: An evaluation in common Bean. **Crop Science**. 2023.
- SANTOS, J. B.; VENCOVSKY, R. Controle genético de alguns componentes do porte da planta em feijoeiro. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 21, n. 9, p. 957-963, 1986.
- SANTOS, J.B.; GAVILANES, M.L.; VIEIRA, R.F.; PINHEIRO, L.R. Botânica. *In*: CARNEIRO, J.E.S.; PAULA JÚNIOR, T.J.; BORÉM, A. **Feijão do plantio a colheita**. 1. ed. Viçosa, MG: Editora UFV, 2015. p. 37-63.
- SMITH A.B.; CULLIS B.R.; THOMPSON R. The analysis of crop cultivar breeding and evaluation trials: an overview of current mixed model approaches. **The Journal of Agricultural Science**, v. 143, n. 6, p. 449-462, 2005.
- SOUZA, E.A.; GERALDI, I.O.; RAMALHO, M.A.P. Alternativas experimentais na avaliação de famílias em programas de melhoramento genético do feijoeiro. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 35, p. 1765-1771, 2000.
- SOUZA, E.F.M.; PETERNELLI, L.A.; BARBOSA, M.H.P. Definições de projetos e efeitos de modelos na fase inicial de um programa de melhoramento de plantas. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 41, p. 369-375, 2006.
- SOUZA, T.L.P.O.; MELO, L.C.; PEREIRA, H.S.; FARIA, L.C.; et al. **BRS FP403: cultivar de feijão preto com alta produtividade e qualidade de grãos, moderada resistência à murcha de Fusarium e podridões radiculares**. Comunicado técnico 247. EMBRAPA. 2019. Disponível em: <https://ainfo.cnptia.embrapa.br/digital/bitstream/item/202601/1/CNPAF-2019-ct247.pdf>. Acesso em 18 maio 2023.
- TRINDADE, T.F.H. **Potencial de linhagens e populações de feijão preto oriundas do programa de seleção recorrente da UFV**. 2020. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento) – Departamento de Agronomia, Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, MG, 2020.
- VOYSEST, O. **Mejoramiento genético del frijol (Phaseolus vulgaris L.): legado de variedades de América Latina 1930-1999**. Ciat, 2000.
- WILLIAMS, E.; PIEPHO, H.; WHITAKER, D. Augmented p-rep designs. **Biometrical Journal**, v. 53, n. 1, p. 19-27, 2011.
- YATES, F. Incomplete randomized blocks. **Annals of eugenics**, v. 7, n. 2, p. 121-140, 1936.
- ZIMMERMANN, F.J.P. **Estatística aplicada à pesquisa agrícola**. Santo Antônio de Goiás: Embrapa Arroz e Feijão, 2004.

CAPÍTULO I – EFICIÊNCIA DO DELINEAMENTO PARCIALMENTE REPLICADO (P-REP) EM RELAÇÃO AO DE BLOCOS AUMENTADOS (DBA) NA AVALIAÇÃO DE LINHAGENS DE FEJJOEIRO

RESUMO

O atendimento aos princípios básicos da experimentação, repetição, casualização e controle local, são fundamentais na pesquisa agrícola. No entanto, em algumas etapas do melhoramento de plantas, a utilização de repetição é dificultada, devido à limitação de sementes ou mesmo ao grande número de tratamentos a serem avaliados. No melhoramento do feijoeiro, uma alternativa tem sido a utilização do delineamento de blocos aumentados (DBA), no qual os tratamentos regulares avaliados não se repetem, e a estimativa do erro experimental é obtida com a repetição de cultivares testemunhas. Entretanto, a estimativa do erro com base em testemunhas pode não ser condizente com os materiais em avaliação. Ademais, uma grande parte das parcelas experimentais são ocupadas com testemunhas, limitando o número de tratamentos regulares a serem avaliados. Uma alternativa é a utilização do delineamento parcialmente replicado (P – REP), no qual uma porcentagem dos próprios tratamentos regulares é repetida para estimar o erro experimental. Todavia, ainda são escassas informações sobre a utilização do P – REP. Assim, o objetivo com este trabalho foi avaliar a eficiência do uso do delineamento P – REP em relação ao DBA nas fases iniciais de avaliação de linhagens de feijoeiro, quando se tem muitos tratamentos. Seiscentas linhagens de feijoeiro foram avaliadas em dois ensaios, um no delineamento P – REP, com 50% dos tratamentos repetidos, e o outro em DBA. Os ensaios foram conduzidos lado a lado, na safra de inverno de 2022, na Estação Experimental de Coimbra – MG. Avaliou-se: arquitetura de plantas (ARQ), aspecto comercial de grãos (AG) e produtividade de grãos (PG). Determinou-se: coeficiente de variação (CV%), herdabilidade (h^2), acurácia ($r_{\hat{g}g}$), e a eficiência (E) do uso do P – REP em relação ao DBA. Os CV's dos dois delineamentos ficaram próximos. Para os caracteres ARQ e AG, o DBA permitiu maiores estimativas de h^2 e $r_{\hat{g}g}$. Já para PG, o P – REP obteve maiores h^2 e $r_{\hat{g}g}$. A eficiência (E) do P – REP em relação ao DBA, com base na PG, foi de 78%, considerando efeito de tratamento fixo. Com efeito de tratamento aleatório foi de 19%. Além dos melhores indicadores para PG, o P – REP possibilitou reduzir de 28% para 2,5% a ocupação de parcelas experimentais com testemunhas. Concomitantemente, foi possível repetir 50% dos tratamentos regulares, o que propiciou uma melhor observação das linhagens em campo. Conclui-se que o delineamento P – REP mostrou-se mais eficiente para ser utilizado na etapa inicial de avaliação de famílias ou linhagens de feijoeiro, quando se tem escassez de semente e/ou muitos tratamentos a serem avaliados.

Palavras-chave: Melhoramento do feijoeiro; *Phaseolus vulgaris* L.; Delineamentos de blocos incompletos; Acurácia seletiva.

1 INTRODUÇÃO

Fisher (1926) estabeleceu os princípios básicos da experimentação: Repetição, casualização e controle local (Memoria, 2004). Contudo, a aplicação do princípio da repetição pode ser dificultada em algumas situações, como nas etapas iniciais de avaliações no melhoramento de plantas (Souza *et al.* 2000; Faleiro *et al.*, 2002; Souza *et al.*, 2006; Cullis *et al.*, 2006; Federer; Crossa, 2012; Silva *et al.*, 2020), e em gerações avançadas, quando ocorre a abertura de linhagens endogâmicas (Santana *et al.*, 2023). Nestas fases ocorre limitação de sementes e o número de genótipos a serem avaliados é alto.

No entanto, o uso de delineamentos estatísticos adequados, é indispensável para a estimativa do erro experimental, permitindo assim a interpretação correta dos resultados (Carbonari *et al.*, 2023). Acrescenta-se também, que a utilização de estratégias de análises estatísticas apropriadas possibilita maior acurácia ao processo seletivo em programas de melhoramento de plantas (Cullis *et al.*, 2020).

O melhoramento de plantas tem contribuído para o progresso em caracteres de interesse de diversas culturas, tais como: arroz, aveia, milho, soja e feijão (Borém; Miranda, 2013). No caso do feijão (*Phaseolus vulgaris* L.), certamente o melhoramento genético é um dos fatores que mais contribuíram para o incremento de produtividade de grãos (Carneiro *et al.*, 2017). Possibilitando que a produtividade saltasse de 514 kg.ha⁻¹ em 1985 para 1571 kg.ha⁻¹ em 2022 (EMBRAPA, 2024).

Nos programas públicos de melhoramento de feijão do Brasil, é frequente a derivação e avaliação de linhagens de gerações avançadas em ensaios sequenciais. Sendo que no primeiro ensaio, após a derivação, é avaliado um grande número de tratamentos, e há limitação de sementes, o que inviabiliza o uso de delineamentos com repetição (Santana *et al.*, 2023). Para contornar esta situação, utiliza-se o Delineamento de Blocos Aumentados (DBA) (Souza *et al.*, 2000). No DBA (Federer, 1956), os tratamentos são constituídos pelos genótipos em avaliação, que não se repetem, e pelas cultivares testemunhas, que se repetem e permitem a estimativa do erro experimental (Zimmermann, 2004; Ramalho *et al.*, 2012).

Ramalho *et al.* (2012), ressaltam que quanto maior o número de testemunhas comuns empregadas no experimento, maior a eficiência esperada do DBA. No entanto, a alocação de um grande número de testemunhas acaba por ocupar um espaço que poderia ser utilizado na avaliação de maior número de genótipos. Ademais, o DBA apresenta algumas particularidades como: viabilidade apenas para pressões de seleção não muito fortes (Bearzoti *et al.*, 1997);

baixa precisão para estimativas de parâmetros genéticos e fenotípicos (Souza *et al.*, 2000); indicação de uso para avaliação de caracteres com alta herdabilidade (Souza *et al.*, 2006; Peter-nelli *et al.*, 2009). Assim fica evidente que o DBA possui limitações, principalmente quando se pretende avaliar caracteres de grande importância e de baixa herdabilidade como é o caso da produtividade de grãos. Logo, a abordagem de novas alternativas de delineamentos para ensaios de gerações avançadas, após a derivação de linhagens, se faz necessário.

Uma possibilidade que se apresenta, é a utilização do delineamento parcialmente repli-cado (P – REP), proposto por Cullis *et al.* (2006), no qual apenas parte dos genótipos testados são repetidos, como opção ao elevado número de tratamentos em avaliação e a limitação de sementes. Desta forma, espera-se que a obtenção do erro experimental com base nos próprios tratamentos avaliados, permita uma maior eficiência na seleção. Assim, em um estudo de simu-lação em que se comparou o desempenho do P – REP com o grind-plot designs, observou-se que o P – REP promoveu maiores ganhos genéticos (Cullis *et al.*, 2006).

A utilização do P – REP na fase de abertura de linhagens no melhoramento do feijoeiro é muito adequada. Uma vez que embora a limitação de sementes inviabilize a utilização de delineamentos com repetição, sempre há uma parte dos tratamentos em avaliação que possuem número suficiente de sementes para repetir. Entretanto, ainda não se tem muitas informações se este delineamento seria mais eficiente que o DBA, o que justificaria a sua adoção.

Yates (1936), propôs uma medida para avaliar a eficiência dos delineamentos de blocos incompletos em relação ao delineamento de blocos completos. O racional proposto pelo autor está centrado na ideia de comparar a variância média dos contrastes entre pares de tratamentos. Em sua proposta inicial Yates (1936) considerava tratamento como de efeito fixo. Com base neste trabalho pioneiro, adaptamos ao nosso estudo para a determinação da eficiência do P – REP em relação ao DBA em dois cenários: efeito de tratamento fixo e efeito de tratamento aleatório. Além de termos estimados parâmetros estatísticos e genéticos em ambos os delinea-mentos. Assim, o objetivo com este trabalho foi avaliar a eficiência do uso do delineamento P – REP em relação ao DBA nas fases iniciais de avaliação de linhagens de feijoeiro.

2 MATERIAL E MÉTODOS

2.1 Ensaios de campo

2.1.1 Material vegetal

O material vegetal utilizado neste trabalho é constituído de 600 linhagens de feijão preto, derivadas de cinco populações obtidas de cruzamentos biparentais realizados no Programa de Melhoramento de Feijão da Universidade Federal de Viçosa (PMF-UFV) (Tabela 1). Foram acrescentadas seis cultivares testemunhas: IPR – Uirapuru; VP22; BRS Valente; BRS Esteio; Ouro Negro e BRS FP403.

Tabela 1 - Relação de cruzamentos realizados e identificação das populações.

Cruzamentos	Populações
(BRS Valente x VC16) x CNFP15194	1
(BRS Valente x VC16) x BRS MG Marte	2
(L20 x BRS MG UAI) x (BRS Valente x VC16)	3
IPR Uirapuru x CNFP15194	4
(L20 x BRS MG UAI) x BRS MG Marte	5

2.1.2 Delineamentos experimentais: DBA e P – REP

Em agosto de 2022, na safra de inverno, foram estabelecidos dois ensaios de campo para avaliação das 600 linhagens. Os ensaios foram dispostos lado a lado na Unidade de Ensino Pesquisa e Extensão da Universidade Federal de Viçosa, no município de Coimbra, Estado de Minas Gerais, Brasil (20°45' S, 42°51' W; 720 m).

Um ensaio foi implantado utilizando o delineamento de blocos aumentados (DBA), e o outro o delineamento parcialmente replicado (P – REP). O DBA foi constituído de 42 blocos, em cada bloco foram dispostas 14 linhagens em avaliação, mais seis cultivares testemunhas, totalizando 20 tratamentos por bloco. Assim todo o ensaio ocupou 840 parcelas.

O P – REP foi elaborado de forma que 50% das 600 linhagens em avaliação fossem repetidas. As seis cultivares testemunhas repetiram quatro vezes cada, visando o melhor desenho do delineamento experimental. Assim o P – REP foi composto por 44 blocos com 21 linhagens por bloco, totalizando 924 parcelas.

As parcelas foram constituídas por uma linha de dois metros, espaçadas em 0,50 m. Os tratamentos culturais foram os recomendados para a cultura na região (Carneiro *et al.*, 2015).

2.1.3 Caracteres avaliados

Avaliou-se produtividade de grãos (PG), arquitetura de plantas (ARQ) e aspecto comercial de grãos (AG). Cada parcela foi colhida individualmente, trilhada e pesada, sendo a produção de grãos convertida para $\text{kg}\cdot\text{ha}^{-1}$, para fins de análise. A avaliação da arquitetura de plantas foi realizada por meio da escala de notas de 1 a 5 descrita por Ramalho *et al.* (1998), em que: nota 1, refere-se a planta ereta, com uma haste e poucas ramificações; nota 2, planta ereta com algumas ramificações e guia curta; nota 3, planta semiprostrada, com ramificações e guia mediana; nota 4, Planta prostrada com ramificações e guia longa; nota 5, planta totalmente prostrada e com muitas ramificações.

O aspecto comercial de grãos foi avaliado com base na escala de notas elaborada por Ramalho *et al.* (1998), com adaptações para a avaliação de feijões do tipo preto. Nesta escala, nota 1 refere-se a grão tipo preto, não achatado, com formato grande e elíptico; nota 2, grão tipo preto, com deficiência em uma das características anteriores; nota 3, grão tipo preto, com deficiência em duas das características anteriores; nota 4, grão tipo preto, com deficiência em três das características anteriores; nota 5, grão não corresponde ao padrão preto.

2.2 Análises estatísticas

Os delineamentos discutidos neste trabalho (DBA e P – REP) permitem obter tanto médias fenotípicas ajustadas quanto estimar parâmetros genéticos. Portanto, ambos os delineamentos serão comparados em dois cenários: análise com recuperação de informação interblocos, considerando o efeito das linhagens como fixo ou aleatório.

2.2.1 Análise com recuperação de informação interblocos e efeito fixo de linhagens

Considerando um experimento planejado em DBA ou P – REP com efeito fixo de linhagens e aleatório de blocos, a forma geral do modelo linear mistos é apresentada na equação (1).

$$\mathbf{y} = \mathbf{1}\mu + \mathbf{X}_g\boldsymbol{\tau}_g + \mathbf{Z}_b\mathbf{u}_b + \mathbf{e} \quad (1)$$

em que: $\mathbf{y}^{(N \times 1)}$ é o vetor de observações fenotípicas, em que N é o número de parcelas; μ é o intercepto associado a um vetor unitário $\mathbf{1}^{(N \times 1)}$; $\boldsymbol{\tau}_g^{(g \times 1)}$ é o vetor de efeitos fixos de linhagens

associado a matriz de incidência $\mathbf{X}_g^{(N \times g)}$, sendo g o número de linhagens avaliadas; $\mathbf{u}_b^{(b \times 1)}$ é o vetor de efeitos aleatórios de blocos associado a matriz de incidência $\mathbf{Z}_b^{(N \times b)}$, sendo b o número de blocos; $\mathbf{e}^{(N \times 1)}$ é o vetor de resíduos aleatórios.

Assumiu-se que os vetores \mathbf{u}_b e \mathbf{e} são mutuamente independentes, com distribuição Gaussiana multivariada com média zero e matrizes de (co)variância $\text{var}(\mathbf{u}_b) = \mathbf{G}_b = \sigma_b^2 \mathbf{I}_b$ e $\text{var}(\mathbf{e}) = \mathbf{R} = \sigma_e^2 \mathbf{I}_N$, sendo \mathbf{I}_b e \mathbf{I}_N as matrizes identidade associadas aos efeitos de bloco e resíduos e σ_b^2 e σ_e^2 os componentes de variância de blocos e resíduos.

Considerando o efeito de linhagens como fixo e o de blocos como aleatório, o vetor de efeitos fixos das linhagens ($\boldsymbol{\tau}_g$) é corrigido com base na recuperação de informação entre todos os blocos. Portanto, o vetor de médias fenotípicas corrigidas de linhagens ($\mathbf{y}_{g(f)}$) pode ser obtido por meio da combinação linear apresentada na equação (2).

$$\mathbf{y}_{g(f)} = \mathbf{L}_{g(f)} \boldsymbol{\beta} \quad (2)$$

em que $\mathbf{L}_{g(f)}^{(g \times t)}$ é uma matriz de combinação linear para o vetor de efeitos fixos $\boldsymbol{\tau}^T = (\boldsymbol{\mu}, \boldsymbol{\tau}_g)^T$, em que t representa o número de efeitos no vetor $\boldsymbol{\beta}$ e $\boldsymbol{\beta}^{(t \times 1)}$ é o vetor de soluções do modelo (1), em que $\boldsymbol{\beta}^T = (\boldsymbol{\mu}, \boldsymbol{\tau}_g, \mathbf{u}_b)^T$.

Para avaliar a precisão dos contrastes entre médias do vetor \mathbf{y}_g , pode-se aplicar a equação (3).

$$\text{var}(\mathbf{y}_{g(f)i} - \mathbf{y}_{g(f)i'}) = \text{var}(\mathbf{y}_{g(f)i}) + \text{var}(\mathbf{y}_{g(f)i'}) - 2\text{cov}(\mathbf{y}_{g(f)i}, \mathbf{y}_{g(f)i'}) \quad (3)$$

em que $\text{var}(\mathbf{y}_{gi} - \mathbf{y}_{gi'})$ representa a variância do contraste entre as médias das linhagens i e i' , $\text{var}(\mathbf{y}_{gi})$ e $\text{var}(\mathbf{y}_{gi'})$ representam as variâncias das médias das linhagens i e i' e $\text{cov}(\mathbf{y}_{gi}, \mathbf{y}_{gi'})$ representa a covariância entre as médias das linhagens i e i' .

A estimação da precisão do contraste entre médias de linhagens (3) requer o conhecimento das variâncias e covariâncias associadas às médias das linhagens e i e i' . Essas estimativas podem ser facilmente obtidas por meio da equação (4).

$$\text{var}(\mathbf{L}_{g(f)} \boldsymbol{\beta}) = \mathbf{L}_{g(f)} \mathbf{C}^{-1} \mathbf{L}_{g(f)}^T \quad (4)$$

Considerando a variância média dos $g(g - 1)/2$ contrastes entre médias de linhagens obtidas para os delineamentos DBA e P – REP, é possível inferir sobre a eficiência (5) do P – REP em relação ao DBA por meio da razão de variâncias apresentadas a seguir:

$$E_{(f)} = \text{VMCL}_{\text{DBA}(f)} / \text{VMCL}_{\text{PREP}(f)} \quad (5)$$

em que $E_{(f)}$ é a eficiência do delineamento P – REP em relação DBA, $\text{VMCL}_{\text{DBA}(f)}$ e $\text{VMCL}_{\text{PREP}(f)}$ são as variâncias médias dos contrastes entre pares de linhagens nos delineamentos DBA e P – REP .

Essa estratégia de estimar a eficiência é uma generalização da proposta por Yates (1936). Nela, o delineamento mais eficiente é aquele com maior precisão média dos contrastes entre pares de linhagens. Além disso, optou-se por comparar os delineamentos utilizando o coeficiente de coincidência (CC), que representa o número de linhagens comuns entre os 300 melhores indivíduos de cada delineamento. Por fim, para estabelecer um referencial, foi estimado o desvio padrão médio dos contrastes entre as linhagens testadas e a melhor testemunha. Esse valor foi obtido a partir da variância média dos contrastes mencionados, seguida pelo cálculo do desvio padrão.

Em todas as análises os componentes de variância foram estimados pelo método de máxima verossimilhança residual (REML) (Patterson; Thompson, 1971) e os efeitos fixos e aleatórios estimados pelo sistema de equações de modelos mistos proposto por Henderson *et al.* (1959). Vale destacar que a significância do componente de variância de blocos foi avaliada por meio da análise de *deviance*, enquanto a significância dos efeitos fixos foi verificada pelo teste de Wald. Todas as análises foram realizadas utilizando o *software* Echidna Mixed Models (Gilmour, 2022) versão 1.68.

2.2.2 Análise com recuperação de informação interblocos e efeito aleatório de linhagens

Tendo como referência um experimento planejado em DBA ou P – REP com efeito aleatório de linhagens e blocos, a forma básica do modelo linear misto é apresentada na equação (6).

$$\mathbf{y} = \mathbf{1}\mu + \mathbf{Z}_g\mathbf{u}_g + \mathbf{Z}_b\mathbf{u}_b + \mathbf{e} \quad (6)$$

em que: $\mathbf{y}^{(N \times 1)}$ é o vetor de observações fenotípicas, em que N é o número de parcelas; μ é o intercepto associado a um vetor unitário $\mathbf{1}^{(N \times 1)}$; $\mathbf{u}_g^{(g \times 1)}$ é o vetor de efeitos aleatórios de linhagens associado a matriz de incidência $\mathbf{Z}_g^{(N \times g)}$, sendo g o número de linhagens avaliadas; $\mathbf{u}_b^{(b \times 1)}$ é o vetor de efeitos aleatórios de blocos associado a matriz de incidência $\mathbf{Z}_b^{(N \times b)}$, sendo b o número de blocos; $\mathbf{e}^{(N \times 1)}$ é o vetor de resíduos aleatórios.

Considerou-se que os vetores \mathbf{u}_g , \mathbf{u}_b e \mathbf{e} são respectivamente independentes, com distribuição Gaussiana multivariada com média zero e matrizes de (co)variância $\text{var}(\mathbf{u}_g) = \mathbf{G}_g = \sigma_g^2 \mathbf{I}_g$, $\text{var}(\mathbf{u}_b) = \mathbf{G}_b = \sigma_b^2 \mathbf{I}_b$ e $\text{var}(\mathbf{e}) = \mathbf{R} = \sigma_e^2 \mathbf{I}_N$, sendo \mathbf{I}_g , \mathbf{I}_b e \mathbf{I}_N as matrizes identidade associadas aos efeitos de linhagens, bloco e resíduos e σ_g^2 , σ_b^2 e σ_e^2 os componentes de variância de linhagens, blocos e resíduos.

O coeficiente de variação experimental (CV %) foi estimado com base na equação (7).

$$\text{CV}(\%) = (100\sqrt{\sigma_e^2})/\bar{y}_{\bullet\bullet} \quad (7)$$

em que $\bar{y}_{\bullet\bullet}$ é a média geral e σ_e^2 é a variância residual.

Para estimativa da herdabilidade (h^2), seguimos a metodologia proposta por Cullis et al. (2006), utilizando a seguinte equação (8):

$$h^2 = 1 - \frac{\text{PPEV}}{2\sigma_{gi}^2} \quad (8)$$

em que PPEV refere-se a variância média do erro de predição em pares; e σ_{gi}^2 é a variância genotípica do ensaio i .

A acurácia ($r_{\hat{g}g}$) foi determinada por meio da equação (9).

$$r_{\hat{g}g} = \sqrt{1 - \frac{v_g}{\sigma_{gi}^2}} \quad (9)$$

em que v_g é a variância de predição média associada ao vetor \mathbf{u}_g , e σ_{gi}^2 é a variância genética do ensaio i .

Admitindo os efeitos de linhagens e blocos como aleatórios, o vetor de efeitos aleatórios das linhagens (\mathbf{u}_g) é ajustado pela recuperação de informação entre todos os blocos. Assim, o vetor de médias BLUP pode ser alcançado por meio da combinação linear demonstrada na equação (10).

$$\mathbf{y}_{g(a)} = \mathbf{L}_{g(a)}\boldsymbol{\beta} \quad (10)$$

em que $\mathbf{L}_{g(a)}^{(g \times t)}$ é uma matriz de combinação linear para μ e \mathbf{u}_g , em que t representa o número de efeitos no vetor $\boldsymbol{\beta}$ e $\boldsymbol{\beta}^{(t \times 1)}$ é o vetor de soluções do modelo (7), em que $\boldsymbol{\beta}^T = (\mu, \mathbf{u}_g, \mathbf{u}_b)^T$.

Para estimar a precisão dos contrastes entre as médias BLUP do vetor $\mathbf{y}_{g(a)}$, pode-se utilizar a equação (11).

$$\text{var}(\mathbf{y}_{g(a)i} - \mathbf{y}_{g(a)i'}) = \text{var}(\mathbf{y}_{g(a)i}) + \text{var}(\mathbf{y}_{g(a)i'}) - 2\text{cov}(\mathbf{y}_{g(a)i}, \mathbf{y}_{g(a)i'}) \quad (11)$$

em que $\text{var}(\mathbf{y}_{g(a)i} - \mathbf{y}_{g(a)i'})$ consiste na variância do contraste entre as médias BLUP das linhagens i e i' , $\text{var}(\mathbf{y}_{g(a)i})$ e $\text{var}(\mathbf{y}_{g(a)i'})$ configuram as variâncias das médias das linhagens i e i' e $\text{cov}(\mathbf{y}_{g(a)i}, \mathbf{y}_{g(a)i'})$ corresponde a covariância entre as médias BLUP das linhagens i e i' .

A determinação da precisão do contraste entre as médias BLUP de linhagens (11) necessita do conhecimento das variâncias e covariâncias associadas às médias das linhagens i e i' . Essas determinações são obtidas por meio da equação (12).

$$\text{var}(\mathbf{L}_{g(a)}\boldsymbol{\beta}) = \mathbf{L}_{g(a)}\mathbf{C}^{-1}\mathbf{L}_{g(a)}^T \quad (12)$$

Considerando a variância das médias BLUP dos $g(g - 1)/2$ contrastes entre médias de linhagens obtidas para os delineamentos DBA e P – REP, é possível inferir sobre a eficiência (13) do P – REP em relação ao DBA por meio da razão de variâncias apresentadas a seguir:

$$E_{(a)} = \text{VMCL}_{\text{DBA}(a)}/\text{VMCL}_{\text{PREP}(a)} \quad (13)$$

em que $E_{(a)}$ é a eficiência do delineamento PREP em relação DBA, $\text{VMCL}_{\text{DBA}(a)}$ e $\text{VMCL}_{\text{PREP}(a)}$ são as variâncias das médias BLUP dos contrastes entre pares de linhagens nos delineamentos DBA e PREP.

Essa forma de obter a eficiência é uma adaptação da proposta original de Yates (1936). Por ela, o delineamento mais eficiente é aquele com maior precisão média dos contrastes entre pares de linhagens. Também se optou por comparar os delineamentos com base no coeficiente de coincidência (CC), que representa o número de linhagens comuns entre os 300 melhores indivíduos de cada delineamento. Por fim, para estabelecer um referencial, foi estimado o desvio padrão médio dos contrastes entre as linhagens testadas e a melhor testemunha. Esse valor foi obtido a partir da variância média dos contrastes mencionados, seguida pelo cálculo do desvio padrão.

Em todas as análises os componentes de variância foram estimados pelo método de máxima verossimilhança residual (REML) (Patterson; Thompson, 1971) e os efeitos fixos e

aleatórios estimados pelo sistema de equações de modelos mistos proposto por Henderson *et al.* (1959). A significância do componente de variância de blocos e tratamentos foi determinada por meio da análise de *deviance*. Todas as análises foram realizadas utilizando o *software* Echidna Mixed Models (Gilmour, 2022) versão 1.68.

3 RESULTADOS E DISCUSSÃO

Os resultados das análises de deviance por delineamento considerando linhagens como efeito aleatório (Tabela 2), apresentaram efeito significativo para os componentes de variância de blocos e de tratamentos por meio do teste LRT, para os três caracteres avaliados (PG, ARQ, AG) nos dois delineamentos estudados (DBA e P – REP).

Verifica-se que para produtividade (PG), um caractere quantitativo, a participação do resíduo na porcentagem dos componentes de variância é maior no DBA (49,51%) em relação ao P – REP (30,28%). Por outro lado, para arquitetura (ARQ) e aspecto de grão (AG), caracteres qualitativos, a porcentagem do resíduo foi maior no P – REP em relação ao DBA (Tabela 2). Marques Júnior (1997) menciona que o pesquisador deve sempre buscar reduzir o resíduo experimental, tendo em vista que isto lhe permitirá maior eficiência na discriminação dos tratamentos avaliados. Para isso a escolha do delineamento estatístico mais apropriado a cada tipo de ensaio é fundamental. Neste sentido, com base nos resultados, para a estimativa da produtividade de grãos o P – REP seria mais interessante, enquanto que para ARQ e AG o DBA permitiria um menor resíduo.

Tabela 2 - Porcentagem dos componentes de variância das análises de deviance dos delineamentos DBA e P – REP, considerando efeito aleatório de linhagens, para os caracteres produtividade de grãos (PG), arquitetura de planta (ARQ) e aspecto comercial de grãos (AG).

FV	DBA (%)			P -REP (%)		
	PG	ARQ	AG	PG	ARQ	AG
Blocos	7,75**	3,14**	2,67**	10,78**	5,17**	10,00**
Tratamentos	42,74**	65,66**	78,95**	58,94**	53,52**	47,58**
Resíduo	49,51	31,20	18,38	30,28	41,31	42,42

** significativo a 1 % de probabilidade pelo teste LRT.

A média de produtividade de grãos nos diferentes delineamentos foram próximas, com estimativa de 5009 kg.ha⁻¹ no DBA e 4757 no P – REP (Tabela 3). Isto demonstra que as condições ambientais e de manejo foram muito similares nos dois ensaios. É importante ressaltar que as testemunhas, constituídas por cultivares comerciais, ocuparam 240 das 840 parcelas do

DBA, enquanto que no P – REP as testemunhas corresponderam a 24 das 924 parcelas do experimento. Talvez o maior percentual de materiais comerciais, já aprovados quanto à produtividade de grãos, tenha contribuído para a média superior no DBA. Já para ARQ e AG, em que médias menores é o desejável, verifica-se que o P – REP apresentou menores médias em relação ao DBA, em especial para ARQ. Neste caso também é possível que o maior número de parcelas testemunhas no DBA tenha contribuído para maiores médias de ARQ e AG, uma vez que algumas testemunhas comerciais possuem porte mais prostrado e grãos pequenos, o que resulta em penalização com notas maiores.

Os coeficientes de variação (CV%) (Tabela 3), ficaram abaixo de 14,3%, sendo considerados baixos (Marques Júnior, 1997). Observa-se que para PG e ARQ o DBA apresentou valores ligeiramente maiores que o P – REP, já para AG o P – REP apresentou valores maiores que o DBA. Marques Júnior (1997), ao trabalhar com a eficiência de experimentos com a cultura do feijão, menciona que a média pode influenciar a estimativa dos CV's, sendo que ensaios com menor média podem apresentar maiores CV's, sem que obrigatoriamente estes ensaios possuam maior erro experimental. Assim, o autor considera que a comparação de CV's entre diferentes ensaios precisa ter um certo cuidado por parte do pesquisador. Esta situação parece não ter ocorrido neste trabalho, uma vez que esta associação de menor média com maior CV, só foi observada para AG no P – REP (Tabela 3). Entretanto a diferença de média para o DBA foi de apenas 0,03. Oliveira *et al.* (2009), citando Estefanel *et al.* (1987), mencionam que o uso de diferentes delineamentos estatísticos não altera as médias dos valores de CV's. Souza *et al.* (2000), ao estudar alternativas experimentais na avaliação de famílias de feijoeiro, observou que o delineamento de blocos aumentados, o látice e delineamento de blocos casualizados apresentaram CV's semelhantes. Faleiro *et al.* (2002), ao compararem o delineamento de blocos casualizados com o delineamento de testemunhas intercalares, relataram pequenas diferenças entre os CV's dos diferentes delineamentos. Nos resultados (Tabela 3) observa-se que a variações do CV entre DBA e P – REP também foram semelhantes, com diferenças inferiores a 3,4%.

A herdabilidade para os caracteres ARQ e AG apresentaram maiores valores no DBA em relação ao P - REP (Tabela 3). Souza *et al.* (2006), observaram em seu trabalho que para caracteres de alta herdabilidade, a estimativa de herdabilidade (h^2) pelo DBA é mais precisa em relação aos delineamentos de blocos aumentados duplicados e blocos casualizados com testemunhas intercalares. Esta situação parece ser corroborada neste estudo, uma vez que ARQ e

AG, caracteres qualitativos e com alta herdabilidade, apresentaram maiores valores de herdabilidade no DBA. Já a produtividade de grãos, caractere quantitativo e de baixa herdabilidade, apresentou maior estimativa de herdabilidade no P – REP e menor no DBA (Tabela 3). Souza *et al.* (2000), ao estudarem alternativas experimentais na avaliação de famílias de feijoeiro, observaram menor valor de herdabilidade para produtividade de grãos em ensaios sob o delineamento de blocos aumentados, em relação aos delineamentos látices e blocos casualizados.

Tabela 3 - Estimativa de média, coeficiente de variação (CV%), herdabilidade (h^2) e acurácia (r_{gg}), para produtividade (PG), arquitetura de plantas (ARQ) e aspecto comercial de grãos (AG) nos delineamentos de blocos aumentados (DBA) e parcialmente replicado (P – REP).

Parâmetros	DBA			P -REP		
	PG	ARQ	AG	PG	ARQ	AG
Média	5009	1,99	1,90	4757	1,77	1,87
CV%	14,3	12,7	6,97	12,7	12,1	10,1
h^2	45,6	67,1	80,4	71,6	63,4	59,9
r_{gg}	0,67	0,81	0,89	0,84	0,79	0,77

As acurácias para ARQ e AG nos dois delineamentos ficaram acima de 0,77 (Tabela 3), sendo consideradas altas (Resende; Duarte, 2007). Observa-se que para ARQ os valores ficaram bem próximos em 0,81 (DBA) e 0,79 (P-REP). Já para AG a acurácia no DBA foi de 0,89, superior em 0,12 ao valor estimado no P – REP, que foi de 0,77. De forma geral para os caracteres qualitativos o DBA apresentou valores muito próximos ou melhores que os do P – REP.

Entretanto para produtividade de grãos (PG) (Tabela 3), o P – REP apresentou uma maior acurácia seletiva (0,84) que o DBA (0,67). Com base na classificação proposta por Resende e Duarte (2007), a utilização do P – REP permitiu uma acurácia com classe de precisão alta, enquanto que com o DBA a classe de precisão foi moderada. Devido a produtividade de grãos ser uma característica que apresenta baixa herdabilidade (Gonçalves-Vidigal *et al.*, 2008), talvez a sua estimativa no DBA seja menos precisa do que no P – REP. Assim, considerando que esta característica agrônômica é uma das mais importantes no processo seletivo (Gonçalves-Vidigal *et al.*, 2008; Ribeiro *et al.*, 2017), buscar estratégias que permitam sua melhor estimativa é fundamental. Nos resultados (Tabela 3), fica evidenciado que para produtividade de grãos o P -REP permite uma maior estimativa da acurácia. A acurácia denota a correlação do verdadeiro valor genotípico com o estimado, assim quanto menor a diferença entre o valor real e o estimado, maior será seu valor (Resende; Duarte, 2007). Logo no melhoramento de plantas a acurácia seletiva deve ser considerada um dos principais indicadores da qualidade dos ensaios (Resende; Duarte, 2007).

Além da comparação dos parâmetros estimados, como coeficiente de variação, herdabilidade e acurácia, também determinamos a eficiência (E) do delineamento P – REP em relação ao DBA para o caráter produtividade de grãos (PG). Yates (1936), ao determinar a eficiência do delineamento de blocos incompletos simétricos em relação ao DBC considerou tratamento como de efeito fixo. Neste trabalho as análises para determinação dos parâmetros genéticos e estatísticos, tratamento foi considerado como de efeito aleatório. No entanto com fim de comparação, para a determinação da eficiência (E), também realizamos a análise considerando PG como de efeito fixo, a qual apresentou efeito significativo de linhagem pelo teste de Wald. Desta forma obtivemos a eficiência (E) do P – REP em relação ao DBA, considerando tratamento como de efeito aleatório e como de efeito fixo (Tabela 4).

Tabela 4 - Estimativa da eficiência (E) do delineamento P – REP em relação ao DBA para produtividade de grãos, considerando tratamento (linhagens) como de efeito fixo ou aleatório.

Delineamento	VMCL	$E = \frac{VMCL_{(DBA)}}{VMCL_{(P-REP)}}$
	Efeito Fixo (f)	
DBA	1044484	1,78 (78%)
P – REP	588289	
	Efeito Aleatório (a)	
DBA	484416	1,19 (19%)
P – REP	407044	

VMCL corresponde a variância média dos contrastes entre pares de linhagens nos delineamentos DBA e P – REP, considerando efeito fixo (f) e efeito aleatório (a).

Observamos que ao seguir a proposta original de Yates (1936), e assim considerar o efeito de tratamentos (linhagens) como fixo, o P – REP apresentou uma eficiência 78% superior ao DBA, um valor extremamente alto. O tratamento é considerado como de efeito fixo nos casos em que as conclusões obtidas com os ensaios dizem respeito exclusivamente ao próprio tratamento em avaliação. No melhoramento de plantas, o efeito é considerado fixo quando se trata de ensaios de competição e indicação de cultivares, como nos ensaios de valor de cultivo e uso (VCU) (Cruz *et al.*, 2012). Nas situações que o tratamento avaliado é considerado uma amostra de uma população que se quer caracterizar, o tratamento é considerado de efeito aleatório. Assim, considera-se efeito aleatório, quando se está avaliando progênies de populações segregantes (Cruz *et al.*, 2012). Resende (2004), menciona que no melhoramento genético, os tratamentos devem ser considerados como de efeito aleatório, tendo em vista que isto permite a obtenção de uma maior acurácia preditiva. Ao considerarmos o efeito de tratamento como

aleatório a eficiência (E) foi de 19% (Tabela 4), um valor menor que no fixo, porém mais condizente com as análises estatísticas adotadas nos programas de melhoramento de plantas nas fases iniciais após abertura de linhagens.

A eficiência de 19% é um valor considerável, e se assemelha a eficiência obtida com a comparação de outros pares de delineamentos. Masood *et al.* (2008) ao compararem o uso do delineamento alpha látice com o delineamento de blocos casualizados para determinação da produtividade de trigo observaram uma eficiência relativa de 24 % para o alpha látice. Kumar *et al.* (2020) também comparando o alpha látice com o delineamento de blocos casualizados, obtiveram uma eficiência relativa do Alpha látice de 44%. Souza *et al.* (2006), compararam a eficiência relativa entre os delineamentos de blocos aumentados, blocos aumentados duplicados, e blocos casualizados com testemunhas comuns para seleção de clones. Os autores observaram que o delineamento de blocos aumentados foi ligeiramente inferior aos demais delineamentos. Cullis *et al.* (2006) em seu trabalho de proposição do delineamento P – REP, relataram que em simulação o delineamento permitiu ganhos genéticos superiores que o grid-plot designs.

Trabalhando com uma situação de seleção dos materiais para as próximas etapas de avaliação, aplicamos uma intensidade de seleção de 50%, com a seleção de 300 linhagens. Destas, 232 foram comuns em ambos os delineamentos, quando se considerou o efeito de tratamento como fixo (Figura 1). Quando se considerou tratamento como de efeito aleatório 231 linhagens foram coincidentes entre os delineamentos (Figura 2).

O coeficiente de coincidência (CC) foi de 0,77 em ambos os casos. Assim 23% dos selecionados diferiram entre os delineamentos. Considerando que a intensidade de seleção que aplicamos foi moderada, possivelmente o aumento na intensidade de seleção acarretaria em uma maior porcentagem de divergência dos tratamentos. Como o P – REP, apresentou uma maior acurácia seletiva, e uma maior eficiência em relação ao DBA, é provável que a sua utilização permitiria uma seleção mais eficaz dos genótipos.

Importante observar que a maior parte dos indivíduos selecionados, tanto no efeito fixo quanto no aleatório, apresentaram média igual, considerando o desvio padrão do erro médio, ou superior a cultivar testemunha BRS FP403 (Figuras 1 e 2). A cultivar BRS FP403 atualmente é considerada uma das principais cultivares de feijão preto, com alta produtividade e qualidade de grão (Souza *et al.*, 2019). Assim os materiais selecionados possuem grande potencial produtivo e devem ser avaliados em futuros ensaios com delineamentos mais robustos.

Efeito fixo de linhagens

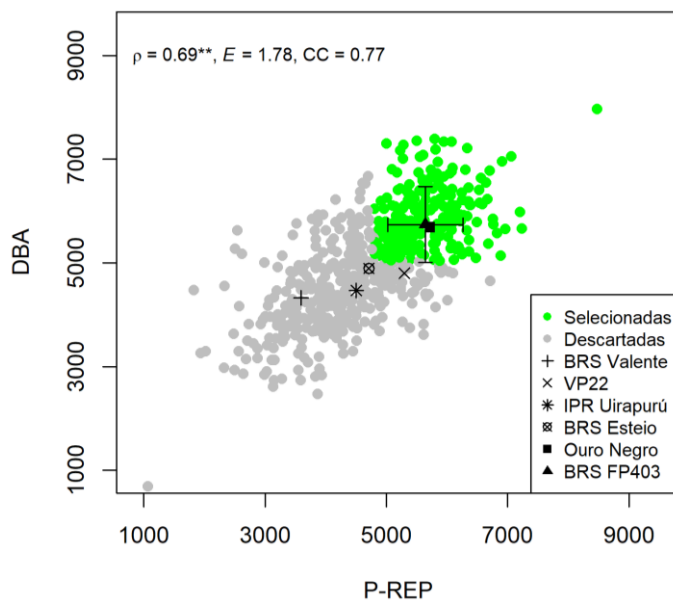


Figura 1 - Dispersão das médias das linhagens obtidas nos delineamentos DBA e P – REP, considerando efeito de tratamento como fixo, para produtividade de grãos ($\text{kg}\cdot\text{ha}^{-1}$). ρ = correlação de Pearson entre delineamentos; E = eficiência do delineamento P – REP em relação DBA; CC = Coeficiente de coincidência simples, entre os delineamentos, na seleção de 300 linhagens. Barras representam o desvio padrão do erro médio de comparação da cultivar testemunha BRS FP403 com as linhagens avaliadas nos dois delineamentos.

Efeito aleatório de linhagens

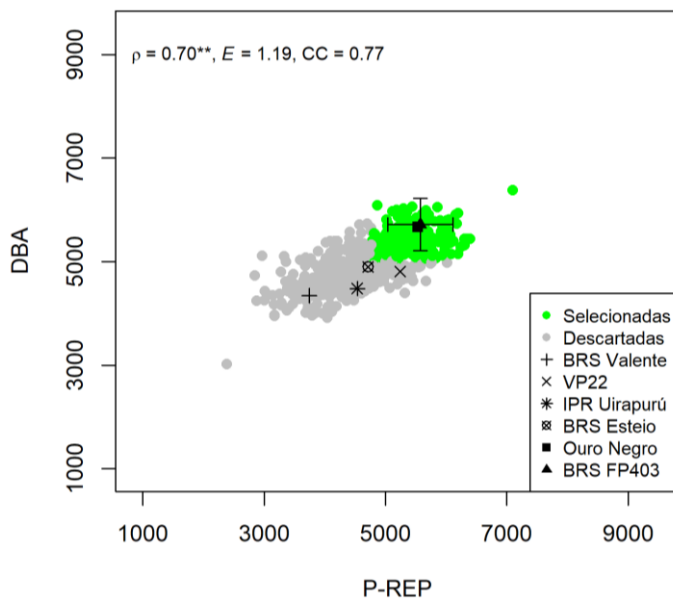


Figura 2 - Dispersão das médias das linhagens obtidas nos delineamentos DBA e P – REP, considerando efeito de tratamento como aleatório, para produtividade de grãos ($\text{kg}\cdot\text{ha}^{-1}$). ρ = correlação de Pearson entre delineamentos; E = eficiência do delineamento P – REP em relação DBA; CC = Coeficiente de coincidência simples, entre os delineamentos, na seleção de 300 linhagens. Barras representam o desvio padrão do erro médio de comparação da cultivar testemunha BRS FP403 com as linhagens avaliadas nos dois delineamentos.

Para além da eficiência estatística é importante considerarmos também a parte prática da adoção de ambos os delineamentos no melhoramento de plantas. Em condições de restrição de área, de recursos humanos e financeiros, a ocupação de um grande percentual de parcelas experimentais com tratamentos testemunhas é improdutivo, uma vez que isto limita o número de tratamentos que poderão ser avaliados no ensaio. No nosso caso o DBA ocupou 840 parcelas, sendo que destas 240 (28%) correspondiam as testemunhas. Por outro lado, o P – REP ocupou 924 parcelas, sendo que destas apenas 24 (2,5%) eram de cultivares testemunhas. Adicionalmente com o P – REP, 50% dos materiais em avaliação foram repetidos, permitindo uma melhor observação dos mesmos em campo. Assim o delineamento P – REP, demonstra ser uma boa alternativa no melhoramento de plantas, em especial no melhoramento do feijoeiro, nas etapas iniciais de abertura de progênies, sejam elas famílias ou linhagens.

4 CONCLUSÕES

O delineamento parcialmente replicado (P – REP) mostrou-se mais eficiente e com maior acurácia seletiva que o delineamento de blocos aumentados (DBA), na avaliação da produtividade de grãos de linhagens de feijoeiro.

O delineamento de blocos aumentados (DBA) apresentou melhores estimativas de acurácia e herdabilidade que o parcialmente replicado (P-REP), na avaliação da arquitetura de plantas (ARQ) e aspecto comercial de grãos (AG).

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

BEARZOTI, E.; PINTO, C.A.B.P.; OLIVEIRA, M.S. Comparação entre métodos estatísticos na avaliação de clones em um programa de melhoramento de batata. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 32, n. 9, p. 877-884, 1997.

BORÉM, A.; MIRANDA, G.V. **Melhoramento de plantas**. 6. ed. Viçosa, MG: Editora UFV, 2013.

CARBONARI, L.T.; CERUTTI, P.H.; SANTOS, M.; BENATO, F.R. Influência da variabilidade espacial e sua implicação na avaliação do rendimento de grãos em genótipos de feijão. **Revista de Ciências Agrárias Amazonian Journal of Agricultural and Environmental Sciences**, v. 66, p. 1-10, 2023.

CARNEIRO, J.E.S.; PAULA JÚNIOR, T.J.; BORÉM, A. (ed.). **Feijão do plantio à colheita**. Viçosa, MG: Editora UFV, 2015. 384 p.

CARNEIRO, J.E.S.; POSSOBOM, M.T.D.F.; BARILI, L.D.; VALE, N.M.; et al. Cultivares brasileiras de feijão: contribuições do melhoramento genético. **Informe Agropecuário: Inovações tecnológicas para a produção de feijão**. Belo Horizonte, v.38, n. 298, 2017. p. 44-51.

CRUZ, C. D.; REGAZZI, A.J.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. vol.1. Viçosa, MG: Editora UFV, 2012. 514 p.

CULLIS, B.R.; SMITH, A.B.; COCKS, N.A.; BUTLER, D.G. The design of early-stage plant breeding trials using genetic relatedness. **Journal of Agricultural, Biological and Environmental Statistics**, v. 25, p. 553-578, 2020.

CULLIS, B.R.; SMITH, A.B.; COOMBES, N.E. On the design of early generation variety trials with correlated data. **Journal of agricultural, biological, and environmental statistics**, v. 11, p. 381-393, 2006.

EMBRAPA. **Dados de conjuntura da produção de feijão comum (Phaseolus vulgaris L.)**. Disponível em: <http://www.cnpaf.embrapa.br/socioeconomia/index.htm>, Acesso em: 10 maio 2024.

ESTEFANEL, V.; PIGNATARO, I. A. B.; STORCK, L. Avaliação do coeficiente de variação de experimentos com algumas culturas agrícolas. **Simpósio de Estatística Aplicada à Experimentação Agrônômica**, v. 2, p. 115-131, 1987.

FALEIRO, F.G.; CRUZ, C.D.; CASTRO, C.; MOREIRA, M.A.; BARROS, E.G. Comparação de blocos casualizados e testemunhas intercalares na estimação de parâmetros genéticos em feijoeiro. **Pesquisa agropecuária brasileira**, v. 37, p. 1675-1680, 2002.

FEDERER, W.F. **Experimental design**. LWW, 1956.

FEDERER, W.T.; CROSSA, J. I. 4 screening experimental designs for quantitative trait loci, association mapping, genotype by environment interaction, and other investigations. **Frontiers in Physiology**, v. 3, p. 156, 2012.

FISHER, R.A. The arrangement of field experiments. **Journal of the ministry of agriculture**, London, v.33, p.503-513, 1926.

GILMOUR A.R. **Echidna mixed model software**. Orange, New South Wales, Australia. Disponível em: <https://www.echidnamms.org/> Acesso em: 17 out. 2022.

GONÇALVES-VIDIGAL, M.C.; MORA, F.; BIGNOTTO, T.S.; MUNHOZ, R.E.F.; SOUZA, L.D. Heritability of quantitative traits in segregating common bean families using a Bayesian approach. **Euphytica**, v. 164, p. 551-560, 2008.

HENDERSON, C. R.; KEMPTHORNE, O.; SEARLE, S.R.; VON KROSIGK C.M. The estimation of environmental and genetic trends from records subject to culling. **Biometrics**, v. 13, n. 1, p. 192-218, 1959.

HENDERSON, C. R. **Animal additive genetic model**. In: Applications of Linear Models in Animal Breeding, University of Guelph, Guelph, Canada, p. 335-339, 1984.

KUMAR, A.; BHARTI, B.; KUMAR, J.; BHATIA, D.; SINGH, G.P.; JAISWAL, J.P.; PRASAD, R. Improving the efficiency of wheat breeding experiments using alpha lattice design over randomised complete block design. **Cereal Research Communications**, v. 48, p. 95-101, 2020.

MARQUES JUNIOR, Oswaldo Gomes. Eficiência de experimentos com a cultura do feijão. **Lavras, MG: UFLA**, 1997.

MASOOD, M.A.; FAROOOQ, K.; MUJAHID, Y.; ANWAR, M.Z. Improvement in precision of agricultural field experiments through design and analysis. **Pakistan Journal of Life and Social Science**, v. 6, n. 2, p. 89-91, 2008.

MEMÓRIA, J.M.P. **Breve história da estatística**. 2004. Disponível em: <https://www.alice.cnptia.embrapa.br/bitstream/doc/110361/1/sgetexto21.pdf>. Acesso em: 21 maio 2023.

OLIVEIRA, R.L.; MUNIZ, J.A.; ANDRADE, M.J.B.; REIS, R.L. Precisão experimental em ensaios com a cultura do feijão. **Ciência e agrotecnologia**, v. 33, p. 113-119, 2009.

PATTERSON, H. D. e THOMPSON, R. Ž. Recovery of interblock information when block sizes are unequal. **Biometrika**, v. 58, p. 545-554, 1971.

PETERNELLI, L.A.; SOUZA, E.F.M.; BARBOSA, M.H.P.; CARVALHO, M.P. Delineamentos aumentados no melhoramento de plantas em condições de restrições de recursos. **Ciência Rural**, v. 39, p. 2425-2430, 2009.

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

RAMALHO, M. A. P.; FERREIRA, D. F.; OLIVEIRA, AC de. **Experimentação Em Genética e melhoramento de plantas**. 3. ed. Lavras, MG: Editora UFLA, 2012.

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

RESENDE, M.D.V.; DUARTE, J.B. Precisão e controle de qualidade em experimentos de avaliação de cultivares. **Pesquisa Agropecuária Tropical**, v. 37, n. 3, p. 182-194, 2007.

RESENDE, M.D.V. Métodos estatísticos ótimos na análise de experimentos de campo. **EMBRAPA**, 2004.

RIBEIRO, N.D.; STECKLING, S.M.; MAZIERO, S.M.; SILVA, M.J.; KLANSENER, G.R.; CASAGRANDE, C.R. Experimental precision of grain yield components and selection of superior common bean lines. **Euphytica**, v. 213, n. 12, p. 290, 2017.

SANTANA, A. S.; MARÇAL, T.S.; SALVADOR, F.V.; SOUZA, M. H.; SILVA, L. M. B.; SILVA, M. B. P.; PEIXOTO, M.A.A.; CARNEIRO, P.C.S.; CARNEIRO, J. E.S. Analysis of advanced generation multistage field trials data in autogamous plant breeding: An evaluation in common Bean. **Crop Science**. 2023.

SILVA, M.J.; CARNEIRO, A.P.S.; FERES, A.L.G.; CARNEIRO, J.E.S.; CECON, P.R. Experimental precision of spatial analysis methods to evaluate the productivity of common bean families. **Revista Ciências Agrárias: Amazonian Journal of Agricultural and Environmental Sciences**, v. 63, 2020 2020.

SOUZA, E.A.; GERALDI, I.O.; RAMALHO, M.A.P. Alternativas experimentais na avaliação de famílias em programas de melhoramento genético do feijoeiro. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 35, p. 1765-1771, 2000.

SOUZA, E.F.M.; PETERNELLI, L.A.; BARBOSA, M.H.P. Definições de projetos e efeitos de modelos na fase inicial de um programa de melhoramento de plantas. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 41, p. 369-375, 2006.

SOUZA, T.L.P.O.; MELO, L.C.; PEREIRA, H.S.; FARIA, L.C.; et al. **BRS FP403: cultivar de feijão preto com alta produtividade e qualidade de grãos, moderada resistência à murcha de Fusarium e podridões radiculares**. Comunicado técnico 247. EMBRAPA. 2019. Disponível em: <https://ainfo.cnptia.embrapa.br/digital/bitstream/item/202601/1/CNPAF-2019-ct247.pdf>. Acesso em 18 maio 2023.

YATES, F. Incomplete randomized blocks. **Annals of eugenics**, v. 7, n. 2, p. 121-140, 1936.

ZIMMERMANN, F.J.P. **Estatística aplicada à pesquisa agrícola**. Santo Antônio de Goiás: Embrapa Arroz e Feijão, 2004.

**CAPÍTULO II - CONEXÃO DE ENSAIOS SEQUENCIAIS SOB DIFERENTES
DELINEAMENTOS EXPERIMENTAIS: APLICAÇÃO AO MELHORAMENTO DO
FEIJOEIRO**

RESUMO

O método *bulk dentro de progênies* é frequentemente utilizado na avaliação de progênies no melhoramento do feijoeiro. Um desafio neste método é a avaliação inicial das progênies, quando se tem limitação de sementes, inviabilizando em muitos casos delineamentos com repetições. Uma possibilidade é a utilização do delineamento parcialmente replicado (P – REP), no qual apenas uma porcentagem dos tratamentos é repetida. Nas fases seguintes, com maior número de sementes, já é possível a realização de delineamentos com repetições, como por exemplo o látice. Entretanto, a utilização de diferentes delineamentos experimentais, durante as gerações de avaliação, causa desbalanceamento estatístico, o que dificulta as análises conjuntas pelos métodos tradicionais. Assim, o objetivo com este trabalho foi avaliar estratégias para conectar experimentos sequenciais sob diferentes delineamentos experimentais, visando a seleção de famílias para derivação de linhagens. Utilizou-se quatro ensaios de avaliação de famílias, sendo: um P – REP, um látice simples e dois látices triplos, todos com 250 famílias. Avaliou-se arquitetura de plantas (ARQ), aspecto comercial de grãos (AG) e produtividade de grãos (PG). Para PG realizou-se análises individuais e conjunta. Trabalhou-se com dois modelos: o de simetria composta (SC) e o não estruturado (US). Estimou-se: acurácia seletiva (r_{gg}), coeficiente de variação (CV%), correlação entre ensaios (r_c) e ganho de seleção (GS%). Para a seleção das famílias comparou-se dois índices, o Média Harmônica da Performance Relativa dos Valores Genéticos (MHPRVG) e a Análise de Fatores e distância de Genótipos-Ideótipos (FAI-BLUP). Considerou-se os dados de produção dos quatro ensaios como características distintas e através destas se obteve o ranqueamento das famílias por meio dos índices. Aplicou-se uma restrição, de forma que apenas as famílias com média de nota de ARQ e AG menor que 2,5 fossem selecionadas. Nas análises individuais os CV's ficaram abaixo de 17% e as acurácias acima de 0,69 indicando boa precisão experimental. Nas análises conjuntas houve incremento da acurácia. Entre os modelos, o US apresentou maiores acurácias que o SC, indicando maior precisão experimental. As correlações entre os experimentos no modelo US foram elevadas e apresentaram decréscimo com o avanço das gerações. A utilização da restrição para ARQ e AG reduziu de 250 para 102 famílias, das quais foram selecionadas as 50 melhores ranqueadas. Conclui-se que o uso da modelagem de efeitos de bloco e resíduo, admitindo a heterogeneidade de variâncias, permitiu a conexão de experimentos com desbalanceamento estatístico, de modo a selecionar os melhores genótipos com maior acurácia.

Palavras-chave: Delineamento parcialmente replicado (P – REP); Ensaios sequenciais; Análises com desbalanceamento estatístico; Modelos mistos.

1 INTRODUÇÃO

As leguminosas compõem um conjunto de culturas agrícolas de fundamental importância para a humanidade, constituindo importante fonte nutricional (Jimenez-Lopes *et al.*, 2023). Dentre as leguminosas existem diversos tipos de feijões, que são cultivados e consumidos em todo o mundo, com destaque para a produção dos continentes da Ásia, África e América, os quais respondem por mais de 97% da produção global. Considerando os países, a Índia destaca-se como maior produtor global, seguida por Brasil e Myanmar (FAO, 2023). Entretanto, a espécie de maior importância é o feijão comum (*Phaseolus vulgaris* L.), com o Brasil se destacando como o principal produtor mundial (Beebe, 2012; Borém; Carneiro, 2015).

Todavia, a produtividade do feijão comum no Brasil ainda é baixa, com média nacional em torno de 1500 kg.ha⁻¹, aquém do potencial de produção observado em plantios mais tecnificados, onde a média de produtividade se aproxima dos 3000 kg.ha⁻¹ (EMBRAPA, 2023). Dentre as tecnologias que contribuem com o aumento da produtividade do feijoeiro, a utilização de cultivares geneticamente melhoradas certamente é uma das que mais se destacam (Ramalho *et al.*, 2012; Ramalho *et al.*, 2013; Veloso *et al.*, 2015; Carneiro *et al.*, 2017).

Frequentemente, diversos programas de melhoramento genético de espécies autógamas têm empregado o método *bulk dentro de progênies* na avaliação de progênies endogâmicas (Resende *et al.*, 2015; Barros *et al.*, 2018; Volpato *et al.*, 2018; Salvador *et al.*, 2021). Proposto originalmente por Frey (1954), o método consiste em derivar progênies de populações F₂ ou F₃, resultando nas famílias F_{2:3} ou F_{3:4} e, posteriormente, conduzir essas famílias em *bulk* até que se atinja elevado nível de homozigose, geralmente até F_{2:6} ou F_{3:7}, para então derivar linhagens a partir das famílias superiores.

A identificação destas famílias é uma tarefa desafiadora, pois a conexão das múltiplas gerações não é trivial. Isto porque, Piepho *et al.* (2008) argumentam que as famílias se tornam geneticamente diferentes ao longo das gerações de endogamia, devido ao processo meiótico. Neste contexto, Resende *et al.* (2015) propuseram conectar múltiplas gerações, conduzidas pelo método *Bulk Dentro de Progênies*, utilizando uma matriz de parentesco entre gerações, obtida por meio das covariâncias entre gerações fornecidas por Cockerham (1963). Contudo, essa abordagem pressupõe homogeneidade dos efeitos ambientais nas diferentes gerações, ou seja, avaliação simultânea de todas as gerações sob mesma condição ambiental. Entretanto, por praticidade, diversos programas de melhoramento de plantas autógamas têm optado por conduzir o avanço das gerações de endogamia por meio do método *Bulk Dentro de Progênies* de maneira

sequencial (Resende *et al.*, 2015; Batista *et al.*, 2017; Barros *et al.*, 2018; Volpato *et al.*, 2018; Melo *et al.*, 2020; Paula *et al.*, 2020; Salvador *et al.*, 2021; Santana *et al.*, 2023), ou seja, as gerações são avaliadas sob diferentes condições ambientais gerando uma estrutura experimental que pode ser denominada de *Ensaio de Multiambientes e Gerações* (EMAG). Vale destacar que, geralmente, as famílias são derivadas de múltiplas populações segregantes (Resende *et al.*, 2016; Pereira *et al.*, 2017; Rocha *et al.*, 2019; Volpato *et al.*, 2019; Salvador *et al.*, 2021; Volpato *et al.*, 2021), sendo explorada a variabilidade genética média liberada nas diferentes populações segregantes.

Neste cenário, o efeito de geração está essencialmente confundido com o efeito de ambiente, não sendo possível separar a interação genótipos \times ambientes da interação genótipos \times gerações (Batista *et al.*, 2017). Todavia, muitos caracteres de interesse, tais como a produtividade de grãos, possuem forte influência da interação genótipos \times ambientes (Yan *et al.*, 2010; Batista *et al.*, 2017; Ligarreto-Moreno; Pimentel-Ladino, 2022; Rani *et al.*, 2023; Ghazy *et al.*, 2023), nestes casos, a abordagem proposta por Resende *et al.* (2015) pode apresentar menor eficiência. Alternativamente, Melo *et al.* (2020) propuseram a utilização da abordagem citada por Smith *et al.* (2001), para análise dos *Ensaio Multiambientes*, como estratégia para modelar a matriz de (co)variância genotípica entre gerações e capitalizar a interação famílias \times gerações/ambientes sob EMAG. Neste sentido, Melo *et al.* (2020) propuseram a modelagem do efeito de gerações com uma estrutura de (co)variância não estruturada capaz de capturar a heterogeneidade de variâncias e covariâncias entre gerações/ambientes.

Embora essa abordagem seja mais realista para a configuração sequencial dos EMAG, a estrutura experimental dos EMAG pode ser desafiadoramente complexa devido à utilização de diferentes delineamentos experimentais e número variável de repetições ao longo das gerações. Isto se deve, principalmente, pela limitação de sementes ou material propagativo na etapa de derivação de progênies (famílias ou linhagens), bem como à restrição na disponibilidade de recursos no programa de melhoramento (Souza *et al.*, 2006; Peternelli *et al.*, 2009; Zystro *et al.*, 2019). O menor número de sementes restringe o número de repetições, o que resulta na utilização de delineamentos menos robustos nesta etapa (Souza *et al.*, 2000; Woyann *et al.*, 2019; Melo *et al.*, 2020; Salvador *et al.*, 2022), como, por exemplo, o delineamento de blocos aumentados (DBA) (Federer, 1956).

Todavia, Ramalho *et al.* (2012b), ressaltam que a utilização do DBA nas fases iniciais dos programas de melhoramento, nem sempre leva a uma estimativa realista do erro experimental, pois, diferente dos tratamentos regulares, os tratamentos comuns são, na maioria das

vezes, cultivares que possuem pouca variação dentro. Alternativamente, Cullis *et al.* (2006) propuseram o delineamento parcialmente replicado (P – REP), que supera a limitação do delineamento de blocos aumentados, pois possibilita a repetição de uma fração dos tratamentos candidatos a seleção. Assim, este delineamento pode ser considerado uma alternativa vantajosa ao tradicional delineamento de blocos aumentados nos programas de melhoramento de plantas autógamas.

Do exposto, fica evidente a complexidade dos experimentos sequenciais em EMAG, entretanto, hipotetiza-se que a conexão da rede experimental dos EMAG possa ser realizada por meio da modelagem dos efeitos de bloco e resíduo, ou seja, admitindo heterogeneidade de variâncias para ambos os efeitos. Essa abordagem permite considerar a precisão experimental inerente a cada um dos experimentos sequenciais, bem como conectar redes experimentais complexas estruturadas em EMAG nos programas de melhoramento de plantas autógamas.

Assim, o objetivo do trabalho foi propor uma estratégia para conectar experimentos sequenciais de avaliação de famílias sob diferentes delineamentos experimentais estruturados em *Ensaio de Multiambientes e Gerações* para o método *Bulk Dentro de Progênie* nos programas de melhoramento de plantas autógamas, com ênfase no melhoramento genético do feijão visando a seleção de famílias para extração de linhagens.

2 MATERIAL E MÉTODOS

2.1 Ensaio de campo

2.1.1 Material vegetal, condução das populações segregantes e delineamentos experimentais

O material vegetal utilizado neste trabalho é resultado de cinco cruzamentos biparentais de feijão preto realizados no programa de melhoramento de feijão na Universidade Federal de Viçosa (PMF-UFV) (Tabela 1).

As sementes F₁ foram multiplicadas para obtenção das populações F₂ que conduzidas em “bulk” deram origem às populações F₃. Na geração F₃, foram selecionadas 50 plantas de cada população. As plantas foram debulhadas individualmente e as sementes de cada planta constituíram uma progênie (família). Assim, foram avaliadas 250 famílias em quatro ensaios de campo, utilizando o método *Bulk Dentro de Progênie* (Frey, 1954). Os ensaios foram conduzidos na Unidade de Ensino Pesquisa e Extensão, no município de Coimbra, Estado de Minas Gerais, Brasil (20°45' S, 42°51' W; 720 m). As parcelas foram constituídas por uma linha de

dois metros espaçadas em 0,50 m. Os tratos culturais foram os recomendados para a cultura na região (Carneiro *et al.*, 2015).

Tabela 1 - Relação de cruzamentos realizados e identificação das populações.

Cruzamentos	Populações
(BRS Valente x VC16) x CNFP15194	1
(BRS Valente x VC16) x BRS MG Marte	2
(L20 x BRS MG UAI) x (BRS Valente x VC16)	3
IPR Uirapuru x CNFP15194	4
(L20 x BRS MG UAI) x BRS MG Marte	5

Dos quatro ensaios um foi conduzido sob o delineamento parcialmente replicado (P - REP) com 25% das famílias repetidas (Cullis *et al.*, 2006); os outros três utilizando o delineamento látice quadrado. Os detalhes dos ensaios são apresentados na Tabela 2.

Tabela 2 - Descrição dos ensaios, safra, delineamento, geração, número de repetições e características avaliadas.

Descrição	Ensaio¹			
	PRS19	LSA19	LTI20	LTS21
Safra/ano	Seca 2019	Águas 2019	Inverno 2020	Seca 2021
Delineamento	P-REP	Látice Simples	Látice Triplo	Látice Triplo
Geração	F _{3:4}	F _{3:5}	F _{3:6}	F _{3:7}
Nº Famílias	250	250	250	250
Testemunhas	5	6	6	6
Tratamentos	255	256	256	256
Nº repetições	-	2 repetições	3 repetições	3 repetições
Caracteres avaliados²	PG	PG	PG	PG
	ARQ	ARQ	AG	ARQ
	AG	AG		AG

¹ Identificação dos ensaios: PRS19, LSA19, LTI20 e LTS21, onde PR identifica o delineamento P-REP e S19 a safra da seca do ano 2019; LS identifica o delineamento látice simples e A19 a safra das águas de 2019; LT identifica o delineamento látice triplo, I20 e S21 as safras de inverno do ano de 2020 e da seca do ano de 2021, respectivamente. ² PG, produtividade de grãos; ARQ, arquitetura de plantas; AG, aspecto comercial de grãos.

2.1.2 Caracteres avaliados

Avaliou-se produtividade de grãos (PG), arquitetura de plantas (ARQ) e aspecto comercial de grãos (AG). A produção de grãos da parcela foi convertida para kg.ha⁻¹, para fins de análise. A avaliação da arquitetura de plantas foi realizada por meio da escala de notas de 1 a 5 descrita por Ramalho *et al.* (1998), em que: nota 1, refere-se a planta ereta, com uma haste e poucas ramificações; nota 2, planta ereta com algumas ramificações e guia curta; nota 3, planta semiprostrada, com ramificações e guia mediana; nota 4, planta prostrada com ramificações e guia longa; nota 5, planta totalmente prostrada e com muitas ramificações.

O aspecto comercial de grãos foi avaliado com base na escala de notas elaborada por Ramalho *et al.* (1998), com adaptações para a avaliação de feijões do tipo preto. Nesta escala, nota 1 refere-se a grão tipo preto, não achatado, com formato grande e elíptico; nota 2, grão tipo preto, com deficiência em uma das características anteriores; nota 3, grão tipo preto, com deficiência em duas das características anteriores; nota 4, grão tipo preto, com deficiência em três das características anteriores; nota 5, grão não corresponde ao padrão preto.

2.1.3 Condições ambientais

Os quatro ensaios foram conduzidos em safras e anos distintos, portanto sob condições ambientais heterogêneas, com destaque para diferentes condições de pluviosidade e de temperatura (INMET, 2024) (Figura 1).

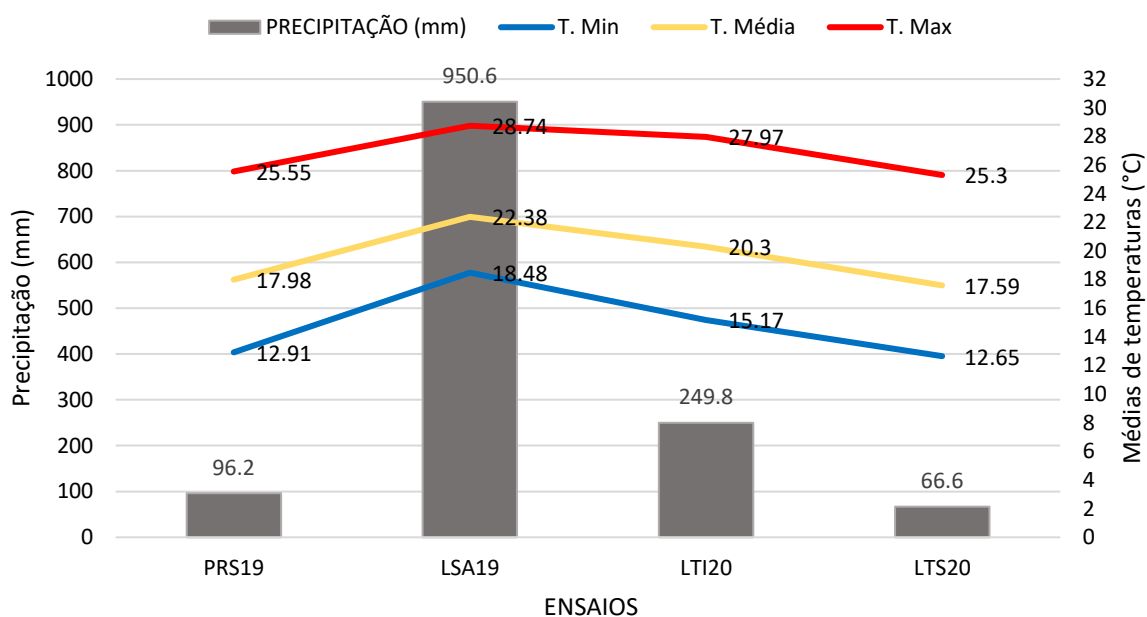


Figura 1 - Dados de precipitação (mm), e temperatura (°C): mínima (T. Min), média (T. Média), máxima (T. Max).

Em relação a pluviosidade, a cultura do feijoeiro se desenvolve bem quando os níveis se situam entre 300 e 500 mm durante todo o ciclo (Andrade *et al.*, 2015). Nos ensaios em que a precipitação foi insuficiente para o desenvolvimento da cultura realizou-se a suplementação de água por aspersão.

2.2 Análises de dados e seleção das famílias

2.2.1 Análises estatísticas

Considerando uma rede experimental estruturada em *Ensaio de Multiambientes e Gerações* (EMAG), com g famílias avaliadas em s safras/gerações sob diferentes delineamentos experimentais em blocos incompletos, a forma geral do modelo linear mistos é apresentada na equação (1).

$$\mathbf{y} = \mathbf{1}\boldsymbol{\mu} + \mathbf{X}_s\boldsymbol{\tau}_s + \mathbf{X}_r\boldsymbol{\tau}_r + \mathbf{Z}_g\mathbf{u}_g + \mathbf{Z}_{gs}\mathbf{u}_{gs} + \mathbf{Z}_b\mathbf{u}_b + \mathbf{e} \quad (1)$$

em que: $\mathbf{y}^{(N \times 1)}$ é o vetor de observações fenotípicas, em que N é o número de parcelas; $\boldsymbol{\mu}$ é o intercepto associado ao vetor de uns $\mathbf{1}^{(N \times 1)}$; $\boldsymbol{\tau}_s^{(s \times 1)}$ é o vetor de efeitos fixos de safras/gerações associado a matriz de incidência $\mathbf{X}_s^{(N \times s)}$, em que s representa o número de safras/gerações; $\boldsymbol{\tau}_r^{(r \times 1)}$ é o vetor de efeitos fixos de repetições dentro de safras associado a matriz de incidência $\mathbf{X}_r^{(N \times r)}$, em que r representa o número repetições avaliadas em todas as safras/gerações; $\mathbf{u}_g^{(g \times 1)}$ é o vetor de efeitos genotípicos aleatórios de famílias associado a matriz de incidência $\mathbf{Z}_g^{(N \times g)}$, em que g é o número de famílias avaliadas; $\mathbf{u}_{gs}^{(gs \times 1)}$ é o vetor de efeitos aleatórios da interação famílias por safras/gerações associado a matriz de incidência $\mathbf{Z}_{gs}^{(N \times gs)}$; $\mathbf{u}_b^{(b \times 1)}$ é o vetor de efeitos aleatórios de blocos dentro de repetições dentro de safras/gerações associado a matriz de incidência $\mathbf{Z}_b^{(N \times b)}$, em que b representa o número de blocos dentro de repetições dentro de safras/gerações; $\mathbf{e}^{(N \times 1)}$ é o vetor de resíduos aleatórios.

Assumiu-se que os vetores \mathbf{u}_g , \mathbf{u}_{gs} , \mathbf{u}_b e \mathbf{e} são mutuamente independentes, distribuição Gaussiana multivariada com média zero e matrizes de (co)variância $\text{var}(\mathbf{u}_g) = \mathbf{G}_g$, $\text{var}(\mathbf{u}_{gs}) = \mathbf{G}_{gs}$, $\text{var}(\mathbf{u}_b) = \mathbf{G}_b$ e $\text{var}(\mathbf{e}) = \mathbf{R}$. Com o intuito de conectar experimentos com diferentes delineamentos experimentais e número variável de repetições, as matrizes de (co)variância de blocos e resíduos foram consideradas heterogêneas e modeladas por meio da operação de soma direta (\oplus). Logo, adotou-se as seguintes estruturas de (co)variância $\mathbf{G}_b = \bigoplus_{j=1}^s \sigma_{bj}^2 \mathbf{I}_{bj}$ e $\mathbf{R} = \bigoplus_{j=1}^s \sigma_{ej}^2 \mathbf{I}_{Nj}$.

A modelagem dos efeitos genotípicos na equação (1) é realizada por meio do efeito médio das famílias ao longo das safras/gerações (\mathbf{u}_g) e do efeito da interação famílias por safras/gerações (\mathbf{u}_{gs}). Todavia, Piepho *et al.* (2008) argumentam que, devido ao processo meiótico, as famílias se tornam geneticamente diferentes ao longo das gerações de endogamia. Portanto, é

essencial prever os efeitos genotípicos de famílias em cada geração (\mathbf{u}_{gEMAG}), como apresentado na equação (2). A variância do vetor \mathbf{u}_{gEMAG} resulta na estrutura de (co)variância de simetria composta (SC) apresentada na expressão (3).

$$\mathbf{u}_{gEMAG} = (\mathbf{1}_g \otimes \mathbf{I}_s) \mathbf{u}_g + \mathbf{u}_{gs} \quad (2)$$

$$\text{var}(\mathbf{u}_{gEMAG}) = (\sigma_g^2 \mathbf{J}_s + \sigma_{gs}^2 \mathbf{I}_s) \otimes \mathbf{I}_g \quad (3)$$

em que: \mathbf{u}_{gEMAG} é o vetor de efeitos genotípicos de famílias em cada safra, $\mathbf{1}_g^{(g \times 1)}$ é um vetor de uns, $\mathbf{I}_s^{(s \times s)}$ e $\mathbf{I}_g^{(g \times g)}$ são matrizes identidade, $\mathbf{J}_s^{(s \times s)}$ é uma matriz de uns, σ_g^2 e σ_{gs}^2 são os componentes de variância genotípico de famílias e da interação famílias por safras/gerações.

A estrutura SC admite variâncias e covariâncias homogêneas (Smith *et al.*, 2015) ao longo das safras/gerações. Alternativamente, Melo *et al.* (2020) propuseram a modelagem do efeito de gerações com uma estrutura de (co)variância não estruturada (US) capaz de capturar a heterogeneidade de variâncias e covariâncias entre gerações/safras por meio de $s(s + 1)/2$ parâmetros. Com o intuito de avaliar os benefícios dos modelos SC e US também modelou-se a matriz de (co)variância de safras/gerações por meio da estrutura diagonal com s componentes de variância, que simula análises individuais para cada safra/geração.

As estruturas de (co)variâncias descritas anteriormente foram estimadas pelo método da máxima verossimilhança residual (REML) (Patterson; Thompson, 1971) e os efeitos fixos e aleatórios estimados pelo sistema de equações de modelos mistos proposto por Henderson *et al.* (1959) por meio do software Echidna Mixed Models (Gilmour, 2022) versão 1.68.

A análise dos experimentos foi conduzida em duas etapas. Na primeira, utilizou-se uma estrutura diagonal para os efeitos genéticos, com o objetivo de estimar parâmetros específicos para cada experimento, replicando os resultados das análises individuais. Na segunda, foram utilizados os modelos de simetria composta (SC) e não estruturado (US) para a modelagem da interação com ambientes/gerações.

A comparação entre modelos foi realizada utilizando o Critério de Informação de Akaike (AIC) (Akaike, 1974) (Expressão 4) e o Critério de Informação Bayesiano (BIC) (Expressão 5). Sendo considerado o melhor modelo aquele em que por ambos os critérios apresentaram o menor valor, com diferença em pelo menos duas unidades (Cavanaugh; Neath, 2019; Resende; Alves, 2020; Neath; Cavanaugh, 2012).

$$AIC = -2 \text{ Log } L + 2 p \quad (4)$$

Onde, $\text{Log } L$ é o logaritmo neperiano do ponto máximo da função de verossimilhança residual, e p consiste no número de parâmetros estimados.

$$BIC = - 2 \text{ Log } L + p \text{ Log } v \quad (5)$$

Onde $v = N - r(x)$, é o número de graus de liberdade do resíduo.

Tendo em vista a complexidade da execução do teste LRT para os componentes de variância obtidos com o modelo não estruturado, optamos pela utilização de intervalos de confiança. Assim, foram estabelecidos intervalos de confiança com base na distribuição normal a 95 % de confiança para as estimativas de correlações entre ensaios (Expressão 6).

$$CI(r_G)_{0.95} = r_G \pm 1.96SE \quad (6)$$

Onde, r_G é a correlação estimada entre ensaios, e SE é o erro padrão da estimativa.

Já para os componentes de variância os intervalos de confiança foram delimitados com base na distribuição qui-quadrado, a 95 % de confiança, por meio da seguinte expressão (Expressão 7):

$$\frac{v\sigma^2}{x^2_{v,1-\frac{\alpha}{2}}} \leq \sigma^2 \leq \frac{v\sigma^2}{x^2_{v,\frac{\alpha}{2}}} \quad (7)$$

onde, v são os graus de liberdade dos componentes de variância estimados; σ^2 são as estimativas dos componentes de variâncias; $\chi^2_{v,\alpha}$ é o percentil de um valor aleatório de qui-quadrado com v graus de liberdade (Ott; Longnecker, 2016).

A estratificação de ambientes foi obtida por meio do software GENES (Cruz, 2013). E a decomposição da interação determinada por meio da metodologia proposta por Cruz e Castoldi (1991), a qual possui a seguinte expressão (Expressão 8):

$$VLS = \frac{1}{2} (\sqrt{V_{li}} - \sqrt{V_{lr}})^2 + K\sqrt{V_{li}V_{lr}} + \sqrt{(1 - r_{G_{li,r}})^3 V_{li}V_{lr}} \quad (8)$$

Onde, $\frac{1}{2} (\sqrt{V_{li}} - \sqrt{V_{li'}})^2 + K\sqrt{V_{li}V_{li'}}$ é a parte simples da interação, com $K = 1 - r_{i,i'} - \sqrt{(1 - r_{G_{i,i'}})^3}$; e $\sqrt{(1 - r_{G_{i,i'}})^3} V_{li}V_{li'}$ é a parte complexa da interação. Sendo que V_{li} , $V_{li'}$ refere-se às variâncias entre famílias nos ensaios i e i' ; e $r_{G_{i,i'}}$ é a correlação genética entre estes ensaios.

2.2.2 Parâmetros estimados

Determinou-se os seguintes parâmetros: acurácia seletiva ($r_{\hat{g}g}$) (Expressão 9), coeficiente de variação (CV%) (Expressão 10), e correlação entre ensaios (r_G) (Expressão 11).

$$r_{\hat{g}g} = \sqrt{1 - \frac{PEV \text{ média}}{\sigma_g^2}} \quad (9)$$

Em que, PEV média consiste na média da variância do erro de predição; σ_g^2 é a variância genética do ensaio.

$$CV\% = \frac{\sqrt{\sigma_e^2}}{MÉDIA \text{ GERAL}} \times 100 \quad (10)$$

Onde, σ_e^2 é a variância residual do ensaio.

$$r_G = \frac{\sigma_{g_{ij}}}{\sqrt{(\sigma_{gi}^2 \times \sigma_{gj}^2)}} \quad (11)$$

No qual, $\sigma_{g_{ij}}$ é a covariância genética de famílias entre os ensaios i e j ; σ_{gi}^2 é a variância genética entre famílias na safra i ; e σ_{gj}^2 é a variância genética entre famílias na safra j .

2.2.3 Seleção das famílias

Para a seleção das melhores famílias comparou-se dois índices de seleção: O Média Harmônica da Performance Relativa dos Valores Genéticos (MHPRVG) e o Análise Fatorial e

distância de ideótipos (FAI-BLUP). O MHPRVG permite a seleção simultânea por produtividade, estabilidade e adaptabilidade (Resende, 2004). Já o FAI-BLUP considera a correlação existente entre os dados e direciona a seleção de genótipos mais próximos do ideótipo almejado (Rocha *et al.*, 2017).

Para ambos os índices, considerou-se os dados de produtividade dos quatro ensaios como características distintas e através destas se obteve o ranqueamento das famílias. Em sequência aplicou-se uma restrição aos ranqueados, de forma que apenas as famílias com média de nota de Arq e AG menor que 2,5 permanecessem no rank.

O ganho de seleção (GS) foi obtido com a divisão da média BLUP dos 50 selecionados pela média geral do ensaio e multiplicado por 100 (Expressão 12).

$$GS = \frac{\text{Média BLUP selecionados}}{\text{Média ensaio}} \times 100 \quad (12)$$

3 RESULTADOS E DISCUSSÃO

Os resultados das análises de deviance por ensaio (Tabela 3), evidenciaram efeito significativo para os componentes de variância de blocos e de tratamentos por meio do teste LRT. A média de produtividade de grãos ficou acima de 2500 kg.ha⁻¹, superando em muito a média de produtividade de feijão-comum no Brasil, que em 2022 foi estimada em 1571 kg.ha⁻¹ (EMBRAPA, 2023). E se equiparando à média de produtividade de feijão irrigado no Centro Sul do Brasil, que em 2022/23 ficou em 2769 kg.ha⁻¹ (CONAB, 2024).

Os CV's ficaram abaixo de 17%, portanto inferiores ao limite de 25% aceito nas normas de ensaios de Valor de Cultivo e Uso de feijão (BRASIL, 2023). Abreu *et al.* (1994), ao levantarem dados de 78 ensaios de avaliação de linhas puras de feijão no Sul e no Alto Paranaíba de Minas Gerais, observaram uma estimativa de CV de 24,6%. Marques Júnior (1997), estudando a eficiência de experimentos com a cultura do feijão, considerou em seu trabalho de avaliação de linhagens, CV's abaixo de 14,75 como baixos, entre 14,76 e 25,43 como médios, entre 25,44 e 30,77 como altos e maiores que 30,78 como muito altos. Por este critério os CV's dos ensaios seriam considerados médios e baixos, embora neste trabalho a avaliação é de famílias e não de linhagens.

A acurácia para produtividade de grãos apresentou valores acima de 0,69. Segundo Resende *et al.* (2007), quanto maiores forem os valores de acurácia, menor é a distância entre os valores genéticos preditos e os valores verdadeiros, sendo que valores acima de 0,65 indicam

moderada precisão, acima de 0,70 alta precisão, acima de 0,90 muito alta precisão. No nosso estudo dois ensaios apresentaram alta precisão (LTI20, LTS21), um muito alta precisão (LSA19), e um precisão moderada (PRS19). No caso do ensaio com precisão moderada, cabe ressaltar que ele se refere ao delineamento P – REP, o qual não possui repetição de todos os tratamentos, o que provavelmente contribuiu para sua menor precisão em relação aos demais. Entretanto é válido ressaltar que ainda assim os resultados das análises por ensaio caracterizam experimentos com boa qualidade experimental.

Tabela 3 - Análises individuais de deviance para produtividade de grãos (PG) dos ensaios de avaliação de famílias.

Ensaio ¹	PG, média (kg.ha ⁻¹)	CV (%)	r _{gg}	Componentes Variância (%)		
				Blocos	Tratamentos	Resíduo
PRS19	3810,53	14,91	0,69	-	43,54**	56,46
LSA19	2899,67	16,89	0,95	1,52**	82,88*	15,60
LTI20	3321,42	16,20	0,84	7,70**	42,52**	49,78
LTS21	2533,99	12,79	0,87	12,40**	48,30**	39,30

** , * significativo a 1% e 5% respectivamente, pelo teste de razão verossimilhança (LRT); ¹ Identificação dos ensaios: PRS19, LSA19, LTI20 e LTS21, onde PR identifica o delineamento P-REP e S19 a safra da seca do ano 2019; LS identifica o delineamento látice simples e A19 a safra das águas de 2019; LT identifica o delineamento látice triplo, I20 e S21 as safras de inverno do ano de 2020 e da seca do ano de 2021, respectivamente; CV (%) coeficiente de variação experimental; r_{gg} acurácia seletiva.

A comparação dos dois modelos de estruturas de covariâncias mostrou que tanto pelo critério de Informação de Akaike (AIC) quanto pelo Critério de Informação Bayesiano (BIC), o modelo US apresentou melhor ajuste (Tabela 4).

Tabela 4 - Critérios de comparação dos modelos de simetria composta (SC) e não estruturado (US).

Critérios	Modelos	
	SC	US
Akaike (AIC)	32871,83	32557,05
Bayesiano (BIC)	32929,49	32660,84

A estruturação de modelos estatísticos e genéticos consiste em um dos pilares básicos do melhoramento genético (Resende; Alves, 2020), sendo que a escolha de modelos mais adequados ao conjunto de dados torna-se uma das etapas mais importantes em análises estatísticas (Cavanaugh; Neath, 2019). A comparação entre modelos para a escolha do mais eficiente pode ser feita utilizando os critérios de AIC e BIC. Em ambos os casos, o modelo mais adequado é aquele que apresenta menor valor em pelo menos 2 unidades (Cavanaugh; Neath, 2019; Resende; Alves, 2020; Neath; Cavanaugh, 2012). Observou-se que o modelo US, levando-se em

conta tanto AIC quanto BIC, apresentou valores consideravelmente menores, com mais de 250 unidades de diferença, em relação ao modelo SC.

Embora tanto pelo critério de AIC quanto BIC o modelo mais adequado tenha sido o US, optou-se por dar sequência nas análises considerando ambos os modelos, tanto o US quanto o SC, afim de verificarmos o quanto haveria de influência a escolha do modelo na seleção.

Os componentes de variância obtidos em ambos os modelos para produção foram testados em intervalos de confiança com distribuição qui-quadrado a 5% de probabilidade (Tabela 5). Com exceção do componente de variância para bloco do modelo SC, todos os demais ficaram compreendidos nos intervalos de confiança. Esta delimitação em intervalos de 5% de probabilidade indica que em 95% dos casos o intervalo encerra o valor verdadeiro da estimativa (Pimentel-Gomes, 2009). Assim temos o respaldo que os componentes estimados pelos modelos são confiáveis.

Tabela 5 - Porcentagem dos componentes de variância da análise conjunta para produtividade de grãos, considerando os modelos não estruturado (US) e de simetria composta (SC).

Modelos	Ensaio ¹	Componentes de Variância (%)		
		Blocos	Tratamentos	Resíduo
US	PRS19	1,33*	48,14*	50,53*
	LSA19	1,95*	82,77*	15,28*
	LTI20	8,80*	42,09*	49,11*
	LTS21	11,71*	48,63*	39,66*
SC	-	5,16	10,37*	84,46*

*Porcentagem de componentes de variância compreendidos em intervalos de confiança com distribuição qui-quadrado significativo a 5% de probabilidade; ¹ Identificação dos ensaios: PRS19, LSA19, LTI20 e LTS21, onde PR identifica o delineamento P-REP e S19 a safra da seca do ano 2019; LS identifica o delineamento látice simples e A19 a safra das águas de 2019; LT identifica o delineamento látice triplo, I20 e S21 as safras de inverno do ano de 2020 e da seca do ano de 2021, respectivamente

Quando trabalhamos com o modelo US, foi possível obter as correlações entre os ensaios. Para testar as correlações utilizou-se o intervalo de confiança com base na distribuição normal (Tabela 6). Todas as estimativas de correlações ficaram delimitadas nos intervalos de confiança estabelecidos, indicando que são confiáveis. Observa-se que ao longo do avanço das gerações, as correlações foram reduzindo, assim enquanto a correlação entre $F_{3:4}$ (PRS19) x $F_{3:5}$ (LSA19) foi de 0,91, a correlação entre $F_{3:4}$ (PRS19) x $F_{3:7}$ (LTS21) foi de 0,58 (Figura 2).

Tabela 6 - Estimativas das correlações genotípicas entre ensaios de avaliação de famílias.

Ensaio ¹	Intervalo de confiança		
	Limite Inferior	Estimativa	Limite Superior
PRS19 x LSA19	0,7695	0,9153*	1,0611
PRS19 x LTI20	0,6184	0,7848*	0,9512
LSA19 x LTI20	0,6225	0,7170*	0,8115
LTS21 x PRS19	0,4146	0,5842*	0,7537
LTS21 x LSA19	0,5883	0,6798*	0,7713
LTS21 x LTI20	0,6053	0,7145*	0,8237

*componentes de variância compreendidos em intervalos de confiança com distribuição normal, significativo a 5% de probabilidade; ¹ Identificação dos ensaios: PRS19, LSA19, LTI20 e LTS21, onde PR identifica o delineamento P-REP e S19 a safra da seca do ano 2019; LS identifica o delineamento látice simples e A19 a safra das águas de 2019; LT identifica o delineamento látice triplo, I20 e S21 as safras de inverno do ano de 2020 e da seca do ano de 2021, respectivamente

Até algum tempo atrás era comum a seleção no melhoramento de plantas ser baseada apenas na última geração de avaliação (Resende *et al.*, 2016). Bruzi (2008) pontuou que análises que se baseiam somente na média, ou que levam em conta apenas a geração de referência, possui menor eficiência, em especial quando se está trabalhando com gerações pouco avançadas. Considerando os resultados das correlações obtidas pelo modelo US em nosso trabalho, o material avaliado apresenta redução da correlação ao longo das gerações (Figura 2), logo a seleção com base apenas no ensaio da última geração poderia não refletir o real comportamento das famílias ao longo das gerações. Isto reforça os benefícios da utilização das análises via modelos mistos, uma vez que o procedimento permite a conexão de ensaios com diferentes desenhos experimentais, tornando possível utilizar as informações de (co)variâncias entre parentes existentes (Bernardo, 2020).

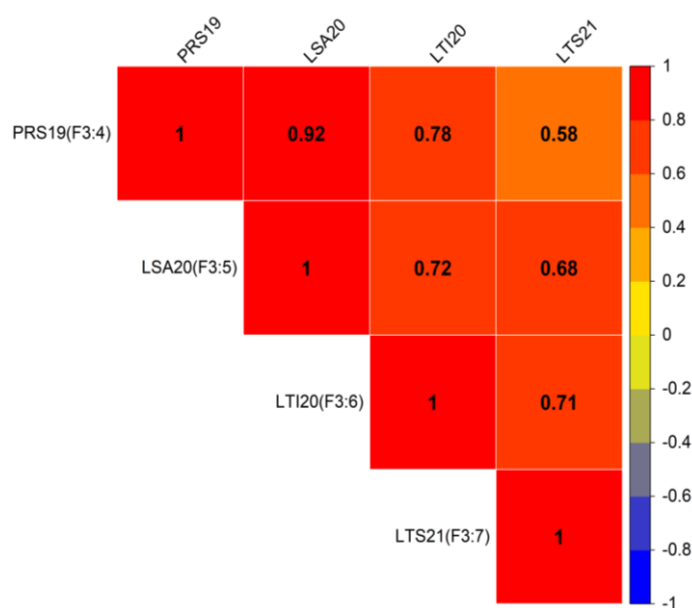


Figura 2 - Correlação genotípica entre ensaios ao longo das gerações.

Neste contexto Resende *et al.* (2015), propuseram a utilização de um índice multigeracional, o qual considera todas as informações e covariâncias existentes ao longo de diversas gerações, visando tornar a seleção mais eficiente, os autores observaram que este procedimento permitiu maior precisão seletiva. Em 2017, Batista *et al.* agregaram a este índice a informação de diferentes gerações e épocas de cultivo e concluíram ser este o método mais eficiente para a seleção de progênies de feijão comum.

Também trabalhando com a modelagem de estruturas de (co)variância na seleção de feijão comum, Santana *et al.* (2023) observaram em seu trabalho que a produtividade de grãos foi a característica que apresentou menor correlação. Os autores atribuíram este fato a interação genótipo por ambiente com predomínio da parte complexa. Nos nossos resultados observamos que os valores de correlações entre ensaios para produtividade de grãos foram altos. Ao realizarmos a decomposição da interação verificamos ser ela em sua maior parte de natureza simples (Figura 3). Isto talvez sugira que o decréscimo das correlações com o avanço das gerações possa ser mais uma consequência do aumento da endogamia nas famílias, do que uma resposta da interação genótipo por ambiente. Todavia Piepho *et al.* (2008), enfatizam ser complexo discernir o que são os efeitos específicos das gerações e os efeitos da interação genótipo por ambiente. Melo *et al.* (2020), destacam que é comum em programas de melhoramento de feijão a avaliação de famílias com diferentes graus de endogamia e em diferentes ambientes, o que justifica o processo de modelagem das estruturas de variâncias e covariâncias.

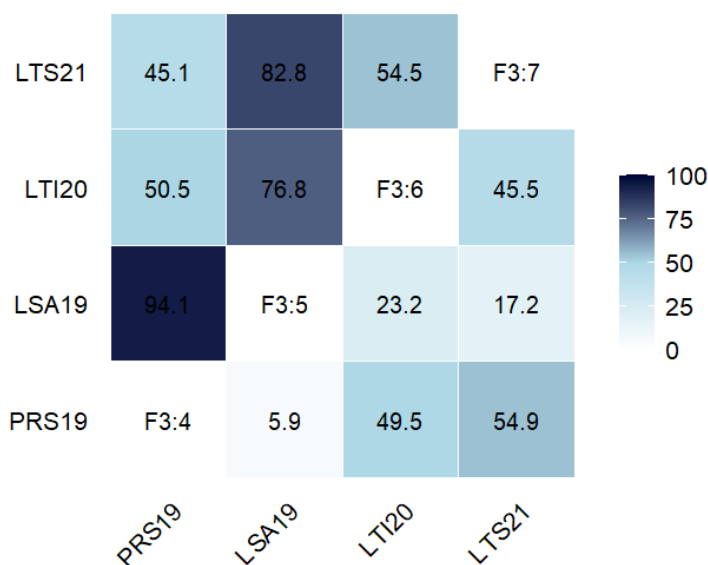


Figura 3 - Decomposição da interação famílias x ensaios em fração simples (acima da diagonal) e complexa (abaixo da diagonal) em porcentagem para produtividade de grãos.

A avaliação de famílias é a uma etapa muito importante no melhoramento, logo o melhorista deve buscar reduzir o erro experimental e maximizar a acurácia (Bruzi, 2008). Resende *et al.* (2007), apontam que a acurácia seletiva é uma das medidas mais eficientes para a análise da precisão experimental, todavia ainda é pouco utilizada. Em nosso trabalho as acurácias obtidas com as análises conjuntas, foram iguais ou superiores as das análises individuais (Tabela 7). Piepho e Moehring (2006), também observaram maior acurácia seletiva quando consideraram dados de um conjunto de ensaios, em detrimento a utilização de apenas o último ensaio. Considerando os dois modelos, o US apresentou valores em dois ensaios maiores que o do SC. Studiniki *et al.* (2016), apontaram em um estudo sobre avaliação de cultivares de trigo, que o modelo US permite uma maior precisão experimental em relação ao modelo SC, o qual desconsidera a interação.

Tabela 7 - Acurácia (r_{gg}) individual (ind.) e conjunta (conj.), nos modelos não estruturado (US) e de simetria composta (SC), dos ensaios de avaliações de famílias.

Modelos	Ensaio ¹	r_{gg} ind.	r_{gg} conj.
US	PRS19	0,69	0,91
	LSA19	0,95	0,95
	LTI20	0,84	0,88
	LTS21	0,87	0,87
SC	-	-	0,88

¹ Identificação dos ensaios: PRS19, LSA19, LTI20 e LTS21, onde PR identifica o delineamento P-REP e S19 a safra da seca do ano 2019; LS identifica o delineamento látice simples e A19 a safra das águas de 2019; LT identifica o delineamento látice triplo, I20 e S21 as safras de inverno do ano de 2020 e da seca do ano de 2021, respectivamente.

Ainda tratando da acurácia, é importante observar que no caso do ensaio com o delineamento P-REP (PRS19) (Tabela 7), ocorreu um incremento significativo desta na análise conjunta em relação a individual, o que permitiu com que ela saísse de uma condição de moderada precisão, para muito alta precisão na classificação de Resende *et al.* (2007). Isto nos sugere que a utilização deste tipo de delineamento em gerações iniciais não compromete a acurácia seletiva, em especial quando se utiliza o modelo US, uma vez que a utilização desta estrutura de análise parece permitir que o delineamento P-REP seja beneficiado com a correlação existente com os demais experimentos. Cullis *et al.* (2006) ao proporem o delineamento P-REP, demonstraram por simulação que comparado ao grid-plot designs, O P-REP permite um maior ganho genético, o que permite supor que o mesmo possa promover uma maior eficiência nos programas de melhoramento.

Em relação a seleção, as melhores famílias selecionadas com base nos índices FAI-BLUP e MHPRVG foram coincidentes dentro do modelo SC. Já no modelo US houve divergência em dois tratamentos na seleção entre FAI-BLUP e MHPRVG sendo eles 47 e 34 respectivamente. O índice FAI-BLUP proposto por Rocha *et al.* (2017), possui como fundamentos a análise fatorial e a distância genótipo ideótipo. Em seu trabalho de proposição ficou demonstrado a capacidade do índice de permitir ganhos equilibrados no sentido desejável para as diferentes características de interesse para o melhorista durante a seleção. Já o MHPRVG, apresentado por Resende (2004), tem por fundamento a adaptabilidade e estabilidade sob a ótica de modelos mistos, e pode ser utilizado quando se trabalha com modelo multivariado, portanto, é adequado quando se possui dados de mais de um ambiente (Resende, 2004).

Os resultados idênticos (modelo SC) e praticamente idênticos (modelo US) entre os selecionados pelo FAI-BLUP e MHPRVG era de algum modo esperado, uma vez que o mecanismo do FAI-BLUP é similar ao da análise multivariada, onde via análise de fatores são extraídos os componentes principais, tornando as variáveis independentes e assim permitindo a seleção. Desta forma como foram utilizados os BLUPS do modelo US, ocorre a tendência de que os selecionados pelo MHPRVG coincidam com os selecionados pelo FAI-BLUP.

Quando comparamos os selecionados pelo mesmo índice nos diferentes modelos (SC e US), observamos que o FAI-BLUP e o MHPRVG diferem em três e quatro tratamentos selecionados respectivamente. No modelo de simetria composta admite-se que a correlação é a mesma para qualquer par de ambientes, que a variância é homogênea, e que há ausência de interação genótipo por ambiente (Resende *et al.*, 2014). Esta interpretação é irreal e possivelmente conduz a seleção equivocada de tratamentos, uma vez que para um ranqueamento com base no mais próximo possível do real valor dos tratamentos, é necessário a utilização de ferramentas que melhor predizem estes valores, e esta ferramenta é o BLUP (Smith *et al.*, 2005). Neste sentido, Smith *et al.* (2001) propuseram a utilização de um modelo não estruturado para melhor prever as variâncias genéticas e as covariâncias entre ambientes.

Ainda com o intuito de comparar os diferentes modelos e índices de seleção, foi calculado o ganho de seleção predito (GS) obtido em cada um dos casos, considerando uma intensidade de seleção de 20% (Tabela 8). Todavia é necessário ressaltar que estas previsões de GS são superestimadas, uma vez que os ganhos reais são menores, assim estas estimativas nos servem apenas como forma de comparação.

De acordo com a tabela 8, observamos que os ganhos foram superiores quando se utilizou o modelo US, entre os índices de seleção os ganhos foram similares. Resende *et al.* (2015),

ao utilizarem dados de mais de uma geração para realizar a seleção também observaram aumento do ganho genético. Outro ponto importante a se mencionar é que o índice FAI-BLUP agrupou os quatro ensaios em um único fator (Tabela 8). Os fatores representam um conjunto de variáveis que são altamente correlacionadas (Cruz *et al.*, 2014), isto vem de encontro aos altos valores observados nas correlações entre ensaios, que anteriormente discutimos.

Tabela 8 - Ganhos de seleção preditos para famílias, com os modelos de simetria composta (SC) e não estruturado (US), utilizando os índices de seleção Média Harmônica da Performance Relativa dos Valores Genéticos (MHPRVG) e Análise Fatorial e distância de ideótipos (FAI-BLUP).

Fator	Ensaio ¹	Ganho de Seleção (%)			
		SC		US	
		MHPRVG	FAI-BLUP	MHPRVG	FAI-BLUP
1	PRS19	7,28	7,28	9,96	9,72
	LSA19	10,10	10,10	29,59	29,12
	LTI20	7,62	7,62	9,65	9,80
	LTS21	10,58	10,58	7,53	8,03

¹ Identificação dos ensaios: PRS19, LSA19, LTI20 e LTS21, onde PR identifica o delineamento P-REP e S19 a safra da seca do ano 2019; LS identifica o delineamento látice simples e A19 a safra das águas de 2019; LT identifica o delineamento látice triplo, I20 e S21 as safras de inverno do ano de 2020 e da seca do ano de 2021, respectivamente.

O ganho superior no ensaio LSA19 pode ser explicado por este ser o ambiente que mais contribuiu com a interação, o que foi observado quando se realizou a estratificação dos ambientes (Tabela 9). Provavelmente o fator determinante para que o ensaio LSA19 apresenta-se comportamento distinto dos demais foram as condições ambientais. De acordo com a figura 1 observamos que o índice pluviométrico do respectivo ensaio ficou em 950 mm, uma vez que foi conduzido na safra das águas (outubro a janeiro) período de maior incidência de chuvas na região. O feijoeiro apresenta melhor desempenho quando cultivado em condições que a precipitação seja bem distribuída e fique entre 300 e 500 mm (Andrade, 2010; Balardin, 2000; Silveira; Stone, 1998). Assim, chuvas intensas e frequentes, como observado na safra das águas influenciam desempenho da cultura (Andrade *et al.*, 2015). Em relação a temperatura embora este ensaio, LSA19, tem apresentado temperaturas superiores aos demais (Figura 1), a temperatura média ficou em torno de 22 ° C, dentro do limite recomendado para o bom desenvolvimento da cultura (Andrade *et al.*, 2015).

Diante destas informações, optamos por realizar a seleção com base no modelo US, utilizando o ranqueamento do índice FAI-BLUP. A utilização da restrição a tratamentos que possuíam média de nota de Arquitetura de Planta e Aspecto Comercial de Grãos superior a 2,5,

reduziu de 250 para 102 famílias, das quais foram selecionadas as 50 melhores ranqueadas (Figura 4).

Tabela 9 - Estratificação de ambientes para os quatro ensaios realizados.

Grupo	Ensaio ¹
I	PRS19, LTI20, LTS21
II	LSA19

¹ Identificação dos ensaios: PRS19, LSA19, LTI20 e LTS21, onde PR identifica o delineamento P-REP e S19 a safra da seca do ano 2019; LS identifica o delineamento látice simples e A19 a safra das águas de 2019; LT identifica o delineamento látice triplo, I20 e S21 as safras de inverno do ano de 2020 e da seca do ano de 2021, respectivamente.

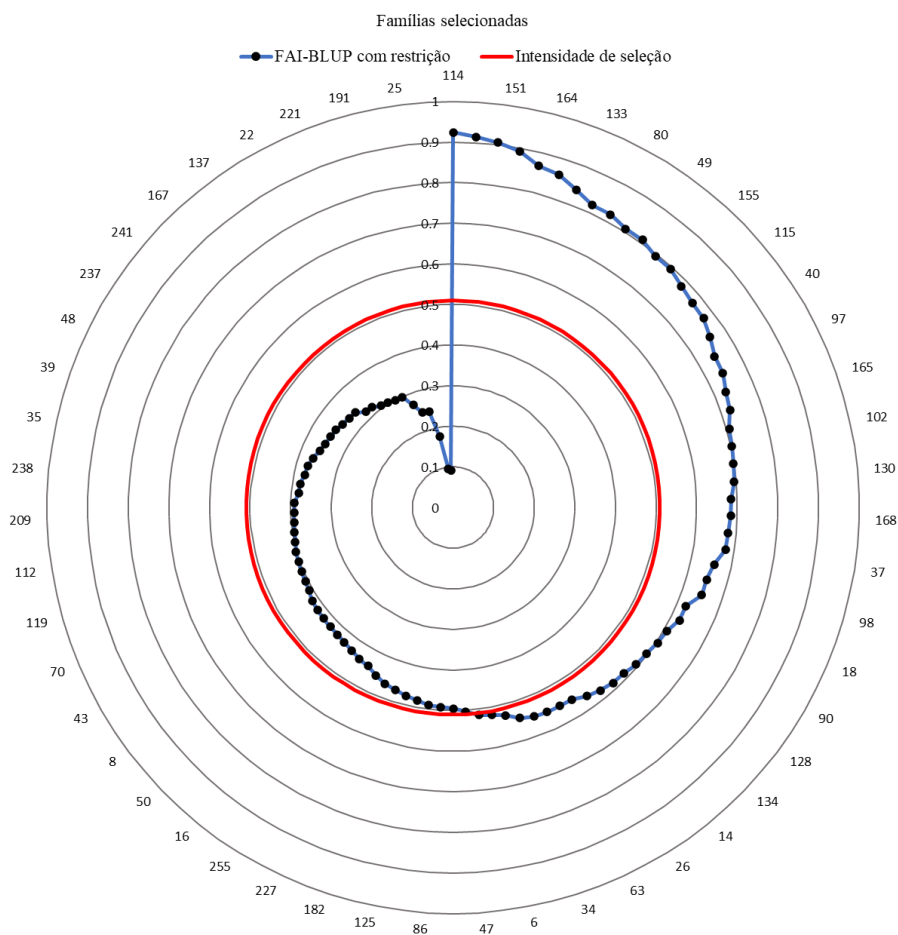


Figura 4 - Famílias selecionadas pelo FAI-BLUP após aplicação da restrição aos tratamentos com nota média superior a 2,5 para arquitetura de planta e aspecto comercial de grãos.

Das 50 famílias selecionadas 10 são oriundas da população um, 15 da população dois, 14 da população três, cinco da população quatro e seis da população cinco. Todas as selecionadas apresentaram média de produtividade superior a cultivar testemunha Uirapuru, cinco famílias (114, 151, 141, 19, 164) tiveram média superior a cultivar testemunha mais produtiva BRS FP403, que atualmente é referência em feijão preto (Tabela S1).

4 CONCLUSÕES

O uso da modelagem de efeitos de bloco e resíduo, admitindo heterogeneidade de variâncias, permitiu a conexão de experimentos com desbalanceamento estatístico, de modo a selecionar os melhores genótipos com maior acurácia.

Foram identificadas famílias de feijão preto para derivação de linhagens com potencial equivalente ou superior às cultivares recomendadas para o estado de Minas Gerais.

5 MATERIAL SUPLEMENTAR

Tabela Suplementar 1 - Relação dos tratamentos selecionados e suas populações de origem.

Populações	Nome Tratamento	Tratamento	Médias		
			Produtividade	ARQ	AG
1	796F3I40	114	4236	2,4	2,0
1	796F3I42	151	4219	2,3	2,0
3	798F3I138	141	4212	2,5	2,3
5	800F3I230	19	4207	2,5	2,3
3	798F3I121	164	4159	2,5	2,5
3	798F3I120	133	4040	2,4	2,5
3	798F3I150	7	4026	2,3	2,4
2	797F3I99	152	3962	2,4	2,0
1	796F3I11	80	3959	2,4	2,3
2	797F3I65	100	3907	2,4	2,3
1	796F3I49	175	3899	2,3	2,1
1	796F3I20	49	3897	2,4	2,3
2	797F3I69	115	3836	2,4	2,4
1	796F3I18	155	3827	2,4	2,0
2	797F3I72	44	3807	2,4	2,3

2	797F3I79	40	3805	2,4	2,2
1	796F3I34	66	3757	2,5	2,1
1	796F3I46	87	3742	2,3	2,3
1	796F3I15	97	3698	2,4	2,4
2	797F3I54	53	3697	2,3	2,0
2	797F3I75	165	3688	2,3	2,2
3	798F3I124	106	3591	2,4	2,4
2	797F3I82	102	3585	2,3	2,1
3	798F3I130	130	3574	2,3	2,5
3	798F3I125	121	3536	2,5	2,4
3	798F3I149	37	3521	2,4	2,5
2	797F3I62	142	3510	2,4	2,4
2	797F3I81	23	3490	2,2	2,2
4	799F3I164	93	3477	2,4	2,3
2	797F3I74	98	3468	2,2	2,0
2	797F3I56	127	3458	2,2	2,0
3	798F3I148	168	3439	2,4	2,2
3	798F3I111	36	3406	2,5	2,0
2	797F3I76	90	3361	2,2	2,4
2	797F3I90	24	3325	2,4	2,4
3	798F3I144	18	3323	2,4	2,4
3	798F3I105	134	3288	2,3	2,5
3	798F3I141	14	3280	2,2	2,4
1	796F3I2	46	3266	2,5	2,5
2	797F3I80	65	3233	2,2	2,4
3	798F3I133	128	3230	2,4	2,1
4	799F3I185	138	3222	2,2	2,1
5	800F3I244	26	3161	2,4	2,4
5	800F3I235	63	3139	2,3	2,1
4	799F3I155	15	3135	2,4	2,2
5	800F3I219	28	3108	2,4	2,4
4	799F3I181	6	3040	2,3	1,8
4	799F3I189	129	3033	2,3	2,2
5	800F3I239	27	3031	2,4	2,3
5	800F3I208	34	2983	2,5	2,1

Testemunhas	BRS FP403	256	4074	3,1	2,1
	VP22	45	3483	3,1	1,9
	OURO NEGRO	122	3417	4,0	1,6
	BRS ESTEIO	118	3316	2,8	2,2
	BRS VALENTE	72	3062	2,6	2,3
	IPR UIRAPURU	8	2750	2,5	2,1

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

ABREU, A.F.B.; RAMALHO, M.A.P.; SANTOS, J.B.; MARTINS, L.A. Progresso do melhoramento genético do feijoeiro nas décadas de setenta e oitenta nas regiões Sul e Alto Paranaíba em Minas Gerais. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 29, n. 1, p. 01-91, 1994.

AKAIKE, H. A new look at the statistical model identification. **IEEE transactions on automatic control**, v. 19, n. 6, p. 716-723, 1974.

ANDRADE, M.J.B. Cultura do feijoeiro. In: SCORSOLINI-COMIN, F. (Org.). **Aperfeiçoamento em agronegócio**. Ribeirão Preto -SP: Inepad, 2010, v.2, p. 48-62.

ANDRADE, M.J.B.; OLIVEIRA, D.P.; FIGUEIREDO, M.A.; MARTINS, F.A.D. In: CARNEIRO, J.E.S.; PAULA JÚNIOR, T.J.; BORÉM, A. **Feijão do plantio a colheita**. 1. ed. Viçosa, MG: Editora UFV, 2015. p. 9-14.

BALARDIN, R.S.; COSTA, E.C.C.; RIBEIRO, N.D. (Ed.). **Feijão, recomendações técnicas para cultivo no Rio Grande do Sul**. 2000. Santa Maria, Comissão Estadual de Pesquisa de Feijão – CEPEF, 2000. 80 p.

BARROS, M. S.; MORAIS JÚNIOR, O.P.; MELO, P.G.S.; MORAIS, O.P.; CASTRO, A.P.; BRESEGHELLO, F. Effectiveness of early-generation testing applied to upland rice breeding. **Euphytica**, v. 214, p. 1-14, 2018.

BATISTA, L.G.; ANJOS, R.S.; POERSCH, N.L.; NALIN, R.S.; CARNEIRO, P.C.S.; CARNEIRO, J.E.S.; RESENDE, M.D.V. Multigeneration index in the selection of common bean inbred families. **Crop Science**, v. 57, n. 5, p. 2354-2360, 2017.

BEEBE, S. 5 Common Bean Breeding in the Tropics. **Plant breeding reviews**, v. 36, n. 1, p. 357-426, 2012.

BERNARDO, R. Reinventing quantitative genetics for plant breeding: something old, something new, something borrowed, something BLUE. **Heredity**, v. 125, n. 6, p. 375-385, 2020.

BORÉM, A.; MIRANDA, G.V. **Melhoramento de plantas**. 6. ed. Viçosa, MG: Editora UFV, 2013.

BORÉM, A.; CARNEIRO, J.E.S. A cultura. In: CARNEIRO, J.E.S.; PAULA JÚNIOR, T.J.; BORÉM, A. **Feijão do plantio a colheita**. 1. ed. Viçosa, MG: Editora UFV, 2015. p. 9-14.

BRASIL. Ministério da Agricultura Pecuária e Abastecimento. **Valor de Cultivo Uso VCU**. Disponível em: <https://www.gov.br/agricultura/pt-br/assuntos/insumos-agropecuarios/insumos-agricolas/sementes-e-mudas/registro-nacional-de-cultivares-2013-rnc-1/valor-de-cultivo-e-uso-2013-vcu>. Acesso em: 11 nov. 2023.

BRUZI, A.T. **Aplicações da análise de modelos mistos em programa de seleção recorrente de feijoeiro comum**. 2008. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de plantas) – Departamento de Biologia, Universidade Federal de Lavras, Lavras, MG, 2008.

CARNEIRO, J.E.S.; PAULA JÚNIOR, T.J.; BORÉM, A. (ed.). **Feijão do plantio à colheita**. Viçosa, MG: Editora UFV, 2015. 384 p.

CARNEIRO, J.E.S.; POSSOBOM, M.T.D.F.; BARILI, L.D.; VALE, N.M.; et al. Cultivares brasileiras de feijão: contribuições do melhoramento genético. **Informe Agropecuário: Inovações tecnológicas para a produção de feijão**. Belo Horizonte, v.38, n. 298, 2017. p. 44-51.

CAVANAUGH, J.E.; NEATH, A.A. The Akaike information criterion: Background, derivation, properties, application, interpretation, and refinements. **Wiley Interdisciplinary Reviews: Computational Statistics**, v. 11, n. 3, p. e1460, 2019.

COCKERHAM, C. C. Estimation of genetic variances. **Statistical genetics and plant breeding**, v. 982, p. 53-94, 1963.

CONAB. Companhia Nacional de Abastecimento. **Séries históricas das safras**. Disponível em: <https://www.conab.gov.br/info-agro/safras/serie-historica-das-safras/itemlist/category/905-feijao>. Acesso em: 20 mar. 2024.

CRUZ, C. D.; CASTOLDI, F. Decomposição da interação genótipos × ambientes em parte simples e complexa. **Revista Ceres**, v.38, p. 422-430, 1991.

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

CRUZ, D.C.; CARNEIRO, P.C.S.; REGAZZI, A.J. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. v.2, 3. Ed. Viçosa, MG: UFV, 2014. 668 p.

CULLIS, B.R.; SMITH, A.B.; COOMBES, N.E. On the design of early generation variety trials with correlated data. **Journal of agricultural, biological, and environmental statistics**, v. 11, p. 381-393, 2006.

EMBRAPA. **Dados de conjuntura da produção de feijão comum (Phaseolus vulgaris L.)**. Disponível em: <http://www.cnpaf.embrapa.br/socioeconomia/index.htm>, Acesso em: 11 nov. 2023.

EMBRAPA. **Dados de conjuntura da produção de feijão comum (Phaseolus vulgaris L.)**. Disponível em: <http://www.cnpaf.embrapa.br/socioeconomia/index.htm>, Acesso em: 11 nov. 2023.

FAO. **Crops and livestock products**. Disponível em: <https://www.fao.org/faostat/en/#data/QCL/visualize>, Acesso em: 14 novembro 2023.

FEDERER, W.F. **Experimental design**. LWW, 1956.

FREY, K. J. The Use of F2 Lines in Predicting the Performance of F3 Selections in Two Barley Crosses 1. **Agronomy Journal**, v. 46, n. 12, p. 541-544, 1954.

GHAZY, M. I.; ABDELRAHMAN, M.; EL-AGOURY, R.Y.; EL-HEFNAWY, T.M.; EL-NAEM, S.A.; DAHER, E.M.; REHAN, M. Exploring Genetics by Environment Interactions in Some Rice Genotypes across Varied Environmental Conditions. **Plants**, v. 13, n. 1, p. 74, 2023.

GILMOUR A.R. **Echidna mixed model software**. Orange, New South Wales, Australia. Disponível em: <https://www.echidnamms.org/> Acesso em: 17 out. 2022.

HENDERSON, C. R.; KEMPTHORNE, O.; SEARLE, S.R.; VON KROSIGK C.M. The estimation of environmental and genetic trends from records subject to culling. **Biometrics**, v. 13, n. 1, p. 192-218, 1959.

INMET. **Dados meteorológicos – banco de dados**. Disponível em: <https://bdmep.inmet.gov.br/>, Acesso em: 05 jun. 2024.

JIMENEZ-LOPEZ, J.C.; SINGH, K.B.; CLEMENTE, A.; CZUBINSKI, J.; OCHATT, S.; WETTBERG, E.V.; SMYKAL P. Legumes for Global Food Security Volume II. **Frontiers in Plant Science**, v. 14, p. 1273600, 2023.

LIGARRETO–MORENO, G.; PIMENTEL–LADINO, C. Grain yield and genotype x environment interaction in bean cultivars with different growth habits. **Plant Production Science**, v. 25, n. 2, p. 232-241, 2022.

MARQUES JÚNIOR, O. G. **Eficiência de experimentos com a cultura do feijão. 1997. 80p.** 1997. Tese de Doutorado. Tese (Doutorado)-Universidade Federal de Lavras, Lavras.

MELO, V.L.; MARÇAL, T.S.; ROCHA, J.R.A.S.C.; ANJOS, R.S.R.; CARNEIRO, P.C.S.; CARNEIRO, J.E.S. Modeling (co) variance structures for genetic and non-genetic effects in the selection of common bean progenies. **Euphytica**, v. 216, p. 1-13, 2020.

NEATH, A.A.; CAVANAUGH, J.E. The Bayesian information criterion: background, derivation, and applications. **Wiley Interdisciplinary Reviews: Computational Statistics**, v. 4, n. 2, p. 199-203, 2012.

OTT, R.L.; LONGNECKER, M.T. **An introduction to statistical methods and data analysis**. Cengage Learning, 2016.

PATTERSON, H. D. e THOMPSON, R. Ž. Recovery of interblock information when block sizes are unequal. **Biometrika**, v. 58, p. 545-554, 1971.

PAULA, R.G.; PEREIRA, G.S.; PAULA, I.G.; CARNEIRO, A.L.N.; CARNEIRO, P.C.S.; ANJOS, R.S.R.; CARNEIRO, J.E.S. Multipopulation recurrent selection: An approach with generation and population effects in selection of self-pollinated progenies. **Agronomy Journal**, v. 112, n. 6, p. 4602-4612, 2020.

PEREIRA, F. C.; BRUZI, A.T.; MATOS, J.W.; REZENDE, B.A.; PRADO, L.C.; NUNES, J.A.R. Implications of the population effect in the selection of soybean progeny. **Plant Breeding**, v. 136, n. 5, p. 679-687, 2017.

- PETERNELLI, L.A.; SOUZA, E.F.M.; BARBOSA, M.H.P.; CARVALHO, M.P. Delineamentos aumentados no melhoramento de plantas em condições de restrições de recursos. **Ciência Rural**, v. 39, p. 2425-2430, 2009.
- PIEPHO, H. P.; MÖHRING, J.; MELCHINGER, A.E.; BÜCHSE, A. BLUP for phenotypic selection in plant breeding and variety testing. **Euphytica**, v. 161, n. 1-2, p. 209-228, 2008.
- PIEPHO, H.P.; MÖHRING, J. Selection in cultivar trials—is it ignorable? **Crop Science**, v. 46, n. 1, p. 192-201, 2006.
- PIMENTEL-GOMES, F. **Curso de estatística experimental**. Piracicaba, SP: FEALQ. 2009. 451 p.
- RAMALHO, M. A. P.; FERREIRA, D. F.; OLIVEIRA, AC de. **Experimentação Em Genética e melhoramento de plantas**. 3. ed. Lavras, MG: Editora UFLA, 2012b.
- RAMALHO, M.A.P.; ABREU, A.F.B.; SANTOS, J.B.; NUNES, J.A.R. **Aplicações da genética quantitativa no melhoramento de plantas autógamas**. Lavras, MG: Editora UFLA, 2012a.
- RAMALHO, M.A.P.; CARVALHO, B.L.; NUNES, J.A.R. Perspectives for the use of quantitative genetics in breeding of autogamous plants. **International Scholarly Research Notices**, v. 2013, 2013. Disponível em: <https://www.hindawi.com/journals/isrn/2013/718127/>. Acesso em 24 dez. 2023.
- RAMALHO, M.A.P.; CARVALHO, B.L.; NUNES, J.A.R. Perspectives for the use of quantitative genetics in breeding of autogamous plants. **International Scholarly Research Notices**, v. 2013, 2013. Disponível em: <https://www.hindawi.com/journals/isrn/2013/718127/>. Acesso em 4 nov. 2023.
- RAMALHO, M.A.P.; PIROLA, L.H.; ABREU, Â.F.B. Alternativas na seleção de plantas de feijoeiro com porte ereto e grão tipo carioca. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 33, n. 12, p. 1989-1994, 1998.
- RANI, R.; RAZA, G.; ASHFAQ, H.; RIZWAN, M.; SHIMELIS, H.; TUNG, M.H.; ARIF, M. Analysis of genotype× environment interactions for agronomic traits of soybean (*Glycine max* [L.] Merr.) using association mapping. **Frontiers in Genetics**, v. 13, 2023.
- RESENDE, M.D.V. **Métodos estatísticos ótimos na análise de experimentos de campo**. EMBRAPA Florestas, Colombo PR, 2004.
- RESENDE, M.D.V.; ALVES, R.S. Linear, generalized, hierarchical, bayesian and random regression mixed models in genetics/genomics in plant breeding. **Functional Plant Breeding Journal**, v.2, n.2, 2020.
- RESENDE, M.D.V.; DUARTE, J.B. Precisão e controle de qualidade em experimentos de avaliação de cultivares. **Pesquisa Agropecuária Tropical**, v. 37, n. 3, p. 182-194, 2007.
- RESENDE, M.D.V.; RAMALHO, M.A.P.; CARNEIRO, P.C.S.; CARNEIRO, J.E.S.; BATISTA, L.G.; GOIS, I.B. Selection index with parents, populations, progenies, and generations effects in autogamous plant breeding. **Crop Science**, v. 56, n. 2, p. 530-546, 2016.

RESENDE, M.D.V.; RAMALHO, M.A.P.; GUILHERME, S.R.; ABREU, A.F.B. Multigeneration index in the within-progenies bulk method for breeding of self-pollinated plants. **Crop Science**, v. 55, n. 3, p. 1202-1211, 2015.

RESENDE, MDV de; SILVA, FF e; AZEVEDO, C. F. **Estatística matemática, biométrica e computacional: Modelos mistos, multivariados, categóricos e generalizados (REML/BLUP), inferência bayesiana, regressão aleatória, seleção genômica, QTL-GWAS, estatística espacial e temporal, competição, sobrevivência**. Viçosa, MG: UFV, 2014. 881p.

ROCHA, J.R.A.S.C.; MACHADO, J.C.; CARNEIRO, P.C.S. Multitrait index based on factor analysis and ideotype-design: Proposal and application on elephant grass breeding for bioenergy. **Gcb Bioenergy**, v. 10, n. 1, p. 52-60, 2017.

ROCHA, J.R.A.S.C.; NUNES, K.V.; CARNEIRO, A.L.N.; MARÇAL, T.S.; SALVADOR, F.V.; CARNEIRO, P.C.S.; CARNEIRO, J.E.S. Selection of superior inbred progenies toward the common bean ideotype. **Agronomy Journal**, v. 111, n. 3, p. 1181-1189, 2019.

SALVADOR, F.V.; PEREIRA, G.S.; SOUZA, M.H.; SILVA, L.M.B.; SANTANA, A. S.; PAULA, I.G.; STECKLING, S.M.; FERNANDES, R.S.; MARÇAL, T.S.; CARNEIRO, A.P.S.; CARNEIRO, P.C.S.; CARNEIRO, J.E.S. Correcting experimental data for spatial trends in a common bean breeding program. **Crop Science**, v. 62, n. 2, p. 825-838, 2022.

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

SANTANA, A. S.; MARÇAL, T.S.; SALVADOR, F.V.; SOUZA, M. H.; SILVA, L. M. B.; SILVA, M. B. P.; PEIXOTO, M.A.A.; CARNEIRO, P.C.S.; CARNEIRO, J. E.S. Analysis of advanced generation multistage field trials data in autogamous plant breeding: An evaluation in common Bean. **Crop Science**. 2023.

SILVEIRA, P.M.; STONE, L.F. Requerimento de água. In: SILVEIRA, P.M.; STONE, L.F. (Ed.). Irrigação no feijoeiro. Santo Antônio de Goiás-Go : Embrapa Arroz e Feijão, 2001. 230 p.

SMITH A.B.; CULLIS B.R.; THOMPSON R. The analysis of crop cultivar breeding and evaluation trials: an overview of current mixed model approaches. **The Journal of Agricultural Science**, v. 143, n. 6, p. 449-462, 2005.

SMITH, A.; CULLIS, B.; THOMPSON, R. Analyzing variety by environment data using multiplicative mixed models and adjustments for spatial field trend. **Biometrics**, v. 57, n. 4, p. 1138-1147, 2001.

SMITH, A.B. **Multiplicative mixed models for the analysis of multi-environment trial data**. 1999. Tese (Doutorado em estatística) – Department of Statistics, University of Adelaide, Australia.

- SMITH, A.B.; GANESALINGAM, A.; KUCHEL, H.; CULLIS, B.R. Factor analytic mixed models for the provision of grower information from national crop variety testing programs. **Theoretical and applied genetics**, v. 128, p. 55-72, 2015.
- SOUZA, E. F. M.; PETERNELLI, L. A.; BARBOSA, M. H. P. Designs and model effects definitions in the initial stage of a plant breeding program. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 41, p. 369-375, 2006.
- SOUZA, E.A.; GERALDI, I.O.; RAMALHO, M.A.P. Alternativas experimentais na avaliação de famílias em programas de melhoramento genético do feijoeiro. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 35, p. 1765-1771, 2000.
- STUDNICKI, M.; MADRY, W.; NORAS, K.; WÓJCIK-GRONT, E.; GACEK, E.; Yield response of winter wheat cultivars to environments modeled by different variance-covariance structures in linear mixed models. **Spanish journal of agricultural research**, v. 14, n. 2, p. e0703-e0703, 2016.
- VELOSO, J.S.; SILVA, W.; PINHEIRO, L.R.; SANTOS, J.B.; FONSECA Jr, N.S.; EUZEBIO, M.P. Genetic divergence of common bean cultivars. **Genetics and molecular research**, v. 14, n. 3, p. 11281-11291, 2015.
- VOLPATO, L.; ROCHA, J.R.A.S.C.; ALVES, R.S.; LUDKE, W.H.; BORÉM, A.; SILVA, F.L. Inference of population effect and progeny selection via a multi-trait index in soybean breeding. **Acta Scientiarum. Agronomy**, v. 43, p. e44623, 2021.
- VOLPATO, L.; ALVES, R.S.; TEODORO, P.E.; RESENDE, M.D.V.; NASCIMENTO, M.; NASCIMENTO, A.C.C.; LUDKE, W.H.; SILVA, F.L.; BORÉM, A. Multi-trait multi-environment models in the genetic selection of segregating soybean progeny. **PloS one**, v. 14, n. 4, p. e0215315, 2019.
- VOLPATO, L.; SIMIQUÉLI, G.F.; ALVES, R.S.; ROCHA, J.R.A.S.C.; DEL CONTE, M.V.; RESENDE, M.D.V.; CARNEIRO, P.C.S.; SILVA, F.L. Selection of inbred soybean progeny (Glycine max): an approach with population effect. **Plant Breeding**, v. 137, n. 6, p. 865-872, 2018.
- WOYANN, L. G.; ZDZIARSKI, A.D.; BARETTA, D.; MEIRA, D.; DALLACORTE, L.V.; BENIN, G. Selection of high-yielding, adapted and stable wheat lines in preliminary trials. **Crop breeding and applied biotechnology**, v. 19, p. 412-419, 2019.
- YAN, Z.; LAUER, J.G.; BORGES, R.; LEON, N. Effects of genotype× environment interaction on agronomic traits in soybean. **Crop science**, v. 50, n. 2, p. 696-702, 2010.
- ZYSTRO, J.; COLLEY, M.; DAWSON, J. Alternative experimental designs for plant breeding. **Plant breeding reviews**, v. 42, p. 87-117, 2019.

CAPÍTULO III – UTILIZAÇÃO DO DELINEAMENTO PARCIALMENTE REPLICADO AUMENTADO (A – PREP) NA AVALIAÇÃO DE LINHAGENS DE FEIJÃO EM DIFERENTES AMBIENTES

RESUMO

Em programas de melhoramento de feijão (*Phaseolus vulgaris* L.) é frequente o uso de ensaios sequenciais para avaliação de famílias e linhagens, que de forma geral, ocorrem em diferentes ambientes (safras, locais e anos). Na primeira avaliação após a derivação de famílias ou de linhagens é comum grande número de tratamentos e restrição de sementes. Como forma de conciliar estes fatores têm-se utilizado o delineamento de blocos aumentados no primeiro ensaio. Na sequência, com maior número de sementes disponível, já se torna possível a utilização de delineamentos com repetição. Entretanto, esta prática ocasiona o desbalanceamento estatístico. Uma opção que possibilita compatibilizar grande número de tratamentos, restrição de sementes e ainda permite uma melhor estimativa dos efeitos de tratamentos, é a utilização do delineamento parcialmente replicado aumentado (A – PREP). No A – PREP uma porcentagem dos tratamentos se repete nos diferentes ambientes. Ao analisar conjuntamente os ambientes, há uma complementariedade entre os ensaios. Assim, o objetivo com este trabalho foi avaliar a utilização do A – PREP em ensaios de avaliação de linhagens de feijoeiro em diferentes ambientes. Foram estabelecidos dois ensaios, um na safra da seca de 2022 e outro na safra de inverno de 2022. Os ensaios foram constituídos de 600 linhagens, sendo que em cada safra 50% dos materiais foram repetidos. Avaliou-se produtividade de grãos (PG), arquitetura de plantas (ARQ) e aspecto comercial de grãos (AG). Com base nas análises individuais, as estimativas dos CV's situaram abaixo de 13,04%, e as acurácias foram altas (>0,70), caracterizando boa precisão experimental. Na análise conjunta, houve interação significativa para linhagens x safras. Contudo, linhagens apresentou efeito significativo demonstrando a existência de variabilidade. O desvio padrão de contrastes entre pares de tratamentos na análise conjunta, considerando o A – PREP, foi menor comparado as análises individuais, indicando maior precisão na comparação de tratamentos. Selecionou-se os 300 tratamentos mais produtivos e aplicou-se uma restrição de forma a eliminar linhagens com nota de ARQ e AG maior que 2. Restaram 198 linhagens com desempenho em PG e ARQ similar ou superior a cultivar testemunha BRS FP403, e AG similar a cultivar testemunha Ouro Negro. Conclui-se que o A – PREP é adequado para a avaliação de linhagens de feijão, possibilitando melhor estimativa do efeito de tratamentos na análise conjunta e, conseqüentemente, uma seleção mais acurada.

Palavras-chaves: Ensaios sequenciais; acurácia seletiva; *Phaseolus vulgaris* L.

1 INTRODUÇÃO

Um dos fatores que contribuíram para o incremento da produtividade do feijão (*Phaseolus vulgaris* L.) no Brasil nas últimas décadas, foi o desenvolvimento de cultivares melhoradas, em sua maioria nos programas públicos de melhoramento de feijão (Lemos *et al.*, 2020). Nestes programas de melhoramento, a obtenção de cultivares mais produtivas constitui o principal objetivo (Cullis *et al.*, 2020; Ribeiro *et al.*, 2020).

Como estratégia para se maximizar a produtividade de grãos, os melhoristas têm realizado os testes de gerações iniciais, entretanto a execução destes testes pode ser trabalhosa e exigir muitos recursos (Lin *et al.*, 2023). Uma vez que, nas etapas iniciais após a derivação de progênies, é necessário a avaliação do maior número possível de tratamentos, tendo em vista que, quanto maior número de indivíduos sob avaliação, maiores são as possibilidades de obtenção de genótipos de interesse (Souza *et al.*, 2000).

Quando se utiliza o método bulk dentro de progênies (Frey, 1954), a avaliação de um grande número de tratamentos é necessária em duas fases: a primeira é quando se deriva famílias de populações F₂ ou F₃; e a segunda é quando são derivadas linhagens de famílias F_{2:6} ou F_{3:7}. Em ambos os casos o melhorista ainda precisa lidar com a baixa disponibilidade de sementes, o que torna complexo a utilização de delineamentos com repetição (Salvador *et al.*, 2022).

Visando o uso de delineamentos estatísticos na experimentação, em situações que o uso de repetição para os tratamentos avaliados é um limitador, Federer (1956) propôs o delineamento de blocos aumentados (DBA). No DBA os tratamentos avaliados ocorrem apenas uma única vez, em único bloco, e são chamados de tratamentos regulares. Juntamente com os tratamentos regulares são incluídos os tratamentos testemunhas, que aparecem uma única vez em cada bloco, porém são incluídos em todos os blocos. É por meio da repetição dos tratamentos testemunhas que é possível estimar o erro experimental (Ramalho *et al.* 2012b).

Embora o DBA contorne situações em que há dificuldade em se aplicar a repetição, o uso de tratamentos testemunhas em todos os blocos resulta em um grande número de unidades experimentais ocupadas com materiais que não se pretende selecionar, limitando a área que poderia ser utilizada para alocação de tratamentos regulares que se quer avaliar. Além do mais, a estimativa do erro experimental com base apenas nas testemunhas, talvez não seja coerente com os tratamentos regulares avaliados (Ramalho *et al.* 2012b).

No entanto, apesar destes inconvenientes, nos programas públicos de melhoramento de feijão no Brasil ainda é comum o uso do DBA no primeiro ensaio após a abertura de famílias, ou no primeiro ensaio após abertura de linhagens. Porém, considerando que a produtividade de grãos é uma característica que possui baixa herdabilidade, o uso de delineamentos experimentais que possuam maior eficiência em suas estimativas é fundamental para uma seleção mais acurada (Cullis *et al.*, 2020).

Neste sentido Cullis *et al.* (2006), propuseram o delineamento parcialmente replicado (P – REP), no qual uma porcentagem dos próprios tratamentos avaliados é repetida, e por meio destes é estimado o erro experimental. Assim, este delineamento possibilita conciliar baixa disponibilidade de sementes e grande número de tratamentos a serem avaliados nos ensaios iniciais.

Além das avaliações em estágios iniciais, também é comum no melhoramento de plantas a realização de ensaios sequenciais em diferentes ambientes (locais, safras, anos), com vistas à quantificar a interação genótipo por ambiente (Souza *et al.*, 2020). Contudo, a limitação inicial de sementes, ocasiona o uso de diferentes delineamentos e diferentes números de repetições, caracterizando o desbalanceamento estatístico entre ensaios (Melo *et al.*, 2020). Santana *et al.* (2023), apontam a fase de avaliação de linhagens em ensaios sequenciais, como uma fase em que muitos genótipos são avaliados e o uso de repetições é limitado, o que resulta em desbalanceamento estatístico quando se considera o conjunto dos ensaios.

Uma alternativa à limitação de sementes, ao grande número de tratamentos em avaliação, e que ainda permite uma melhor estimativa dos efeitos de tratamentos nos primeiros ensaios após a derivação de progênies (famílias ou linhagens), é a utilização do delineamento parcialmente replicado aumentado (A – PREP). Proposto por Willians *et al.* (2011), este delineamento consiste em replicar uma porcentagem dos tratamentos avaliados em cada ambiente, de maneira que ao se considerar o conjunto de ambientes, cada tratamento possa ser repetido pelo menos duas vezes.

A proposta do A – PREP parece se adequar a realidade dos programas de melhoramento de feijão, uma vez que permite lidar com a restrição de sementes no primeiro ensaio após a derivação de progênies, sejam elas famílias ou linhagens, e viabiliza o uso de ensaios sequenciais que se complementam ao serem avaliados conjuntamente. Contudo ainda se tem poucas informações na literatura sobre o uso do A – PREP no melhoramento de feijão. Assim o objetivo deste trabalho é abordar a utilização do delineamento A – PREP na avaliação de linhagens de feijão preto em diferentes ambientes.

2 MATERIAL E MÉTODOS

2.1 Ensaios de campo e condições ambientais

Dois ensaios de campo foram instalados sob o delineamento parcialmente replicado aumentado (A – PREP). O primeiro ensaio (P – REP I) foi conduzido na safra da seca de 2022, com plantio em março. O segundo ensaio (P – REP II) foi conduzido na safra de inverno de 2022, com plantio em agosto.

Ambos os ensaios foram constituídos por 600 linhagens de feijão preto, sendo que em cada um deles 50% dos tratamentos foram repetidos, de forma que ao analisar conjuntamente os dois ensaios eles se complementam, apresentando duas repetições para cada tratamento. Foram adicionadas aos ensaios seis cultivares testemunhas: IPR – Uirapuru; VP22; BRS Valente; BRS Esteio; Ouro Negro e BRS FP403. As testemunhas foram repetidas quatro vezes. Assim, cada experimento foi composto por 924 parcelas.

As parcelas foram constituídas de uma linha de dois metros espaçadas em 0,50 m. Os ensaios foram conduzidos na Unidade de Ensino Pesquisa e Extensão da Universidade Federal de Viçosa, no município de Coimbra, Estado de Minas Gerais, Brasil (20°45' S, 42°51' W; 720 m). Como os ensaios foram implantados em épocas distintas de plantio, os genótipos foram expostos a diferentes condições ambientais, em especial para os volumes de precipitação (INMET, 2024) (Figura 1). Em ambos os ensaios houve a necessidade de uso de irrigação suplementar, para que a cultura pudesse completar seu ciclo. Os tratamentos culturais foram os recomendados para a cultura na região (Carneiro *et al.*, 2015).

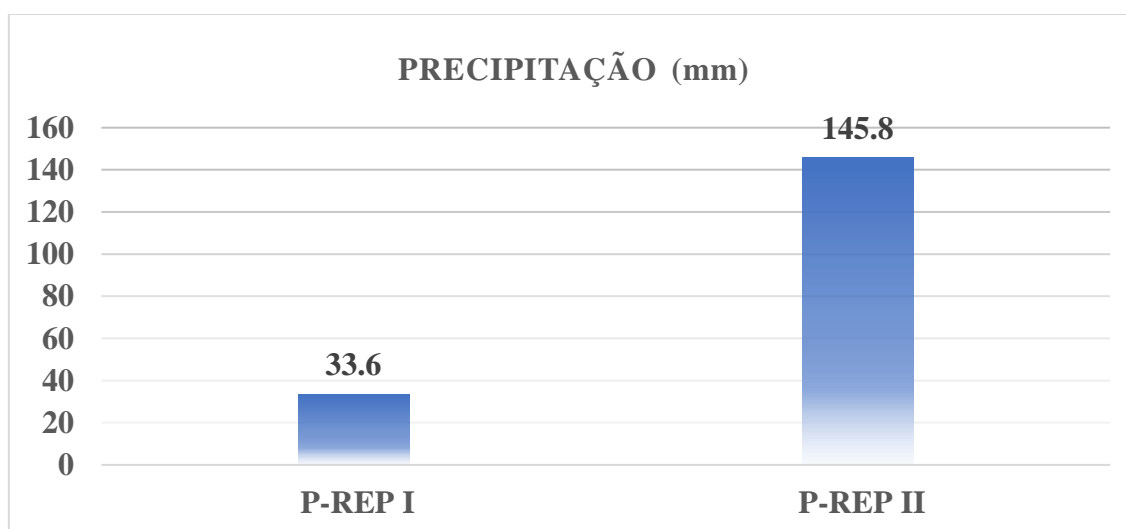


Figura 1 - Dados de precipitação (mm), dos ensaios P - REP I e P - REP II.

2.1.1 Caracteres avaliados

Avaliou-se produtividade de grãos (PG), arquitetura de plantas (ARQ) e aspecto comercial de grãos (AG). A produção de grãos da parcela foi pesada e convertida para $\text{kg}\cdot\text{ha}^{-1}$, para fins de análise. A avaliação da arquitetura de plantas foi realizada por meio da escala de notas de 1 a 5 descrita por Ramalho *et al.* (1998), em que: nota 1, refere-se a planta ereta, com uma haste e poucas ramificações; nota 2, planta ereta com algumas ramificações e guia curta; nota 3, planta semiprostrada, com ramificações e guia mediana; nota 4, planta prostrada com ramificações e guia longa; nota 5, planta totalmente prostrada e com muitas ramificações.

O aspecto comercial de grãos foi avaliado com base na escala de notas elaborada por Ramalho *et al.* (1998), com adaptações para a avaliação de feijões do tipo preto. Nesta escala, nota 1 refere-se à grão tipo preto, não achatado, com formato grande e elíptico; nota 2, grão tipo preto, com deficiência em uma das características anteriores; nota 3, grão tipo preto, com deficiência em duas das características anteriores; nota 4, grão tipo preto, com deficiência em três das características anteriores; nota 5, grão não corresponde ao padrão preto.

2.2 Análises de dados e seleção

2.2.1 Análises estatísticas

Considerando uma rede experimental estruturada em P – REP aumentado (A – PREP), com g linhagens avaliadas em s safras, a forma geral do modelo linear mistos é apresentada na equação (1).

$$\mathbf{y} = \mathbf{1}\boldsymbol{\mu} + \mathbf{X}_s\boldsymbol{\tau}_s + \mathbf{Z}_g\mathbf{u}_g + \mathbf{Z}_{gs}\mathbf{u}_{gs} + \mathbf{Z}_b\mathbf{u}_b + \mathbf{e} \quad (1)$$

em que: $\mathbf{y}^{(N \times 1)}$ é o vetor de observações fenotípicas, em que N é o número de parcelas; $\boldsymbol{\mu}$ é o intercepto associado ao vetor de uns $\mathbf{1}^{(N \times 1)}$; $\boldsymbol{\tau}_s^{(s \times 1)}$ é o vetor de efeitos fixos de safras associado a matriz de incidência $\mathbf{X}_s^{(N \times s)}$, em que s representa o número de safras/gerações; $\mathbf{u}_g^{(g \times 1)}$ é o vetor de efeitos genotípicos aleatórios de linhagens associado a matriz de incidência $\mathbf{Z}_g^{(N \times g)}$, em que g é o número de linhagens avaliadas; $\mathbf{u}_{gs}^{(gs \times 1)}$ é o vetor de efeitos aleatórios da interação linhagens por safras associado a matriz de incidência $\mathbf{Z}_{gs}^{(N \times gs)}$.

$\times g^s$); $\mathbf{u}_b^{(b \times 1)}$ é o vetor de efeitos aleatórios de blocos dentro de repetições dentro de safras associado a matriz de incidência $\mathbf{Z}_b^{(N \times b)}$, em que b representa o número de blocos dentro de repetições dentro de safras; $\mathbf{e}^{(N \times 1)}$ é o vetor de resíduos aleatórios.

Assumiu-se que os vetores \mathbf{u}_g , \mathbf{u}_{gs} , \mathbf{u}_b e \mathbf{e} são mutuamente independentes, distribuição Gaussiana multivariada com média zero e matrizes de (co)variância $\text{var}(\mathbf{u}_g) = \mathbf{G}_g$, $\text{var}(\mathbf{u}_{gs}) = \mathbf{G}_{gs}$, $\text{var}(\mathbf{u}_b) = \mathbf{G}_b$ e $\text{var}(\mathbf{e}) = \mathbf{R}$. As matrizes de (co)variância de blocos e resíduos foram consideradas heterogêneas e modeladas por meio da operação de soma direta (\oplus). Logo, adotou-se as seguintes estruturas de (co)variância $\mathbf{G}_b = \oplus_{j=1}^s \sigma_{bj}^2 \mathbf{I}_{bj}$ e $\mathbf{R} = \oplus_{j=1}^s \sigma_{ej}^2 \mathbf{I}_{Nj}$.

A modelagem dos efeitos genotípicos na equação (1) é realizada por meio do efeito médio das linhagens ao longo das safras/gerações (\mathbf{u}_g) e do efeito da interação linhagens por safras (\mathbf{u}_{gs}). Contudo, é possível prever os efeitos genotípicos de linhagens em cada safra (\mathbf{u}_g), como apresentado na equação (2). A variância do vetor \mathbf{u}_g resulta na estrutura de (co)variância de simetria composta (SC) apresentada na expressão (3).

$$\mathbf{u}_g = (\mathbf{1}_g \otimes \mathbf{I}_s) \mathbf{u}_g + \mathbf{u}_{gs} \quad (2)$$

$$\text{var}(\mathbf{u}_g) = (\sigma_g^2 \mathbf{J}_s + \sigma_{gs}^2 \mathbf{I}_s) \otimes \mathbf{I}_g \quad (3)$$

em que: \mathbf{u}_g é o vetor de efeitos genotípicos de linhagens em cada safra, $\mathbf{1}_g^{(g \times 1)}$ é um vetor de uns, $\mathbf{I}_s^{(s \times s)}$ e $\mathbf{I}_g^{(g \times g)}$ são matrizes identidade, $\mathbf{J}_s^{(s \times s)}$ é uma matriz de uns, σ_g^2 e σ_{gs}^2 são os componentes de variância genotípico de linhagens e da interação linhagens por safras/gerações.

A estrutura SC admite variâncias e covariâncias homogêneas (Smith et al., 2015) ao longo das safras. Contudo, sob A – PREP a precisão na comparação das linhagens é equilibrada na análise conjunta, pois todos os pares de linhagens são comparados com precisão similar. Para demonstrar isso, adotou-se a mesma estratégia descrita no capítulo 1 para estimar o desvio padrão entre os pares de contrastes entre linhagens, seja nas análises individuais ou conjuntas.

Tanto nas análises individuais quanto na análise conjunta os componentes de variância foram estimados por meio do método da máxima verossimilhança restrita (REML) (Patterson e Thompson, 1971), e os efeitos fixos e aleatórios determinados pelo sistema de equações de modelos mistos proposto por Henderson *et al.* (1959). Por meio do teste

de razão de verossimilhança (LRT) obteve-se significância dos componentes de variância (Equação 4).

$$\text{LRT} = (-2\text{Log L})_{p-1} - (-2\text{LogL})_p \quad (4)$$

As análises estatísticas foram realizadas por meio do Software Echidna Mixed Models (Gilmour, 2023) versão 1.68.

2.2.2 Parâmetros estimados

Foram estimados: coeficiente de variação (CV%); herdabilidade (h^2); acurácia seletiva ($r_{\hat{g}g}$), e correlação entre ensaios (r_G).

Para a determinação do coeficiente de variação (CV%), utilizou-se a seguinte expressão (Equação 5):

$$\text{CV\%} = \frac{\sqrt{\sigma_e^2}}{\text{MÉDIA GERAL}} \times 100 \quad (5)$$

Onde, σ_e^2 é a variância residual do ensaio.

Para o cálculo da herdabilidade (h^2), (Equação 6), adotamos a proposta de Cullis *et al.* (2006), utilizando a seguinte expressão:

$$h^2 = 1 - \frac{\text{PPEV}}{2\sigma_{gi}^2} \quad (6)$$

Sendo que: PPEV refere-se ao “Variância média do erro de predição em pares”; σ_{gi}^2 é a variância genotípica do ensaio i .

Para a estimativa da acurácia seletiva utilizou-se a expressão de Henderson (1984) (Equação 7):

$$r_{\hat{g}g} = \sqrt{1 - \frac{\text{PEV média}}{\sigma_g^2}} \quad (7)$$

Em que, PEV média consiste na média da variância do erro de predição; σ_g^2 é a variância genética do ensaio.

Para a correlação entre ensaios (r_G), aplicou-se a seguinte expressão (Equação 8):

$$r_G = \frac{\sigma_g^2}{\sigma_g^2 + \sigma_{ga}^2} \quad (8)$$

Em que, σ_g^2 é a variância de genótipos e σ_{ga}^2 é a variância da interação genótipos por ambiente.

A determinação da parte simples e complexa da interação genótipo x ambiente foi realizada com base na metodologia de Cruz e Castoldi (1991) (Equação 9):

$$VLS = \frac{1}{2} (\sqrt{V_{li}} - \sqrt{V_{li'}})^2 + K\sqrt{V_{li}V_{li'}} + \sqrt{(1 - r_{Gi,i'})^3 V_{li}V_{li'}} \quad (9)$$

Onde, $\frac{1}{2} (\sqrt{V_{li}} - \sqrt{V_{li'}})^2 + K\sqrt{V_{li}V_{li'}}$ é a parte simples da interação, com $K = 1 - r_{i,i'}$; e $\sqrt{(1 - r_{Gi,i'})^3 V_{li}V_{li'}}$ é a parte complexa da interação. Sendo que V_{li} , $V_{li'}$ refere-se às variâncias entre linhagens nos ensaios i e i' ; e $r_{Gi,i'}$ é a correlação genética entre estes ensaios.

2.2.3 Seleção das linhagens

Foram ranqueadas as 300 linhagens mais produtivas com base nas médias da análise conjunta. A estas linhagens aplicou-se uma restrição de forma que todos os materiais com média de nota de ARQ e ou AG maior que dois fossem eliminadas do ranqueamento.

3 RESULTADOS E DISCUSSÃO

As análises de deviance individuais apresentaram efeitos de blocos e tratamentos significativos por meio do teste LRT a 1% para os três caracteres avaliados (PG, ARQ, AG), nos dois ensaios PREP I e PREP II (Tabela 1). A média estimada de produtividade

foi maior no ensaio II, superando o ensaio I em mais de 1000 kg.ha⁻¹ (Tabela 1). A maior taxa de precipitação no ensaio II (Figura 1) é um dos fatores que ajudam a explicar esta diferença na produtividade. Outro fator que contribuiu para a menor produtividade no ensaio I, foi que este ensaio foi mais afetado pela competição com plantas daninhas. As médias de ARQ e AG foram inferiores a dois, indicando que as linhagens apresentam um padrão de arquitetura de planta ereta e aspecto comercial de grãos de acordo com o almejado pelo consumidor.

Os CV's ficaram abaixo de 13,04%, considerando os três caracteres avaliados nos dois ensaios (Tabela 1). Isto classifica os CV's como baixos, de acordo com a proposta de Marques Junior (1997) para experimentos de linhagens na cultura do feijão. Ressalta-se também que a variação dos CV's entre ensaios, para a mesma característica foi muito baixa.

Para ARQ e AG, caracteres qualitativos, a herdabilidade estimada ficou bem próxima nos dois ensaios (Tabela 1). A herdabilidade reflete a proporção genética da variação fenotípica, a qual será transmitida aos seus descendentes (Ramalho *et al.*, 2012a). Para produtividade a herdabilidade foi menor no ensaio I, com estimativa de 0,53 (Tabela 1). Já no ensaio II, a estimativa foi de 0,72. Provavelmente as melhores condições ambientais, com menor competição com plantas daninhas, permitiram os maiores valores, uma vez que, devido a produtividade ser um caractere quantitativo, sofre muita influência do ambiente (Ramalho *et al.*, 1993; Coelho *et al.*, 2002). Ramalho *et al.* (2012a) afirmam que uma das possibilidades de se obter melhores estimativas de herdabilidade é aperfeiçoar a precisão experimental, o que naturalmente promoverá melhores resultados no momento da seleção.

Tabela 1 - Resumo das análises de deviance individuais para produtividade de grãos (PG), arquitetura de plantas (ARQ) e aspecto comercial de grãos (AG) e parâmetros estimados dos ensaios P – REP I e P – REP II.

Efeitos aleatórios	GL	P – REP I			P – REP II		
		PG	ARQ	AG	PG	ARQ	AG
Blocos	1	344,16**	23,88**	111,04**	89,58**	24,78**	62,45**
Linhagens	1	72,93**	162,24**	140,55**	157,56**	184,16**	107,37**
Média geral		3653,30	1,67	1,94	4757,5	1,78	1,87
CV(%)		13,04	12,06	11,14	12,74	12,06	10,14
h^2		0,53	0,64	0,67	0,72	0,63	0,59
r_{gg}		0,72	0,80	0,82	0,84	0,79	0,77

** significativo a 1 % pelo teste LRT. GL: grau de liberdade; CV (%): coeficiente de variação; r_g : correlação genotípica; h^2 : herdabilidade; r_{gg} : acurácia.

As acurácias foram todas acima de 0,70 (Tabela 1), sendo consideradas altas na classificação de Resende *et al.* (2007). A acurácia informa a proximidade do valor estimado com os ensaios, do valor genotípico verdadeiro, assim são desejáveis valores o mais próximo de 1 (Resende *et al.*, 2007). Na seleção de linhagens de feijoeiro visando materiais altamente produtivos, a acurácia é a ferramenta estatística mais indicada a ser utilizada (Ribeiro *et al.*, 2017), uma vez que maiores acurácias resultam em maior ganho genético em programas de melhoramento (Kelly *et al.*, 2007).

A análise de deviance conjunta, obtida pelo modelo de simetria composta, apresentou efeito significativo a 1% de probabilidade pelo teste LRT para: Linhagens, Linhagens x Safras, Blocos x P – REP I, Blocos x P – REP II, e Safra para os três caracteres avaliados ARQ, AG e PG (Tabela 2). A interação linhagens x safras, indica que as linhagens apresentam um comportamento distinto em cada safra. Esta interação ocorre devido a diferenças entre os ambientes de avaliação, que leva a um comportamento inconsistente das linhagens, em especial para características quantitativas complexas como a produtividade (Batista *et al.*, 2017; Ligarreto-Moreno; Pimentel-Ladino, 2022; Rani *et al.*, 2023). Ao particionarmos a interação genótipo por ambiente para produtividade de grãos, verificamos que a parte complexa era de 45%, portanto ocorrendo o predomínio da interação simples. No caso da interação simples não ocorre mudança no ranqueamento dos genótipos. A ocorrência da interação genótipo por ambiente, provavelmente é um dos fatores que explica a correlação genotípica (r_G) de 0,57 para produtividade de grãos (Tabela 2), uma vez que, em se tratando de linhagens em alto grau de homozigose, esperávamos correlações maiores. Entretanto, Piepho *et al.* (2008), apontam que a interação genótipo por ambiente pode confundir os efeitos de geração. Para ARQ e AG, caracteres pouco influenciados pelo ambiente as correlações foram altas, ficando acima de 0,70.

Em relação a herdabilidade (h^2) e a acurácia ($r_{\hat{g}g}$), verificou-se uma redução dos valores na análise conjunta, em relação aos obtidos nas análises individuais (Tabela 2). Esta redução é esperada uma vez que a análise conjunta é realizada com base nas médias dos dois ambientes, e a ocorrência de interação genótipo por ambiente reduz a variabilidade (Cruz *et al.*, 2012). Entretanto, mesmo com a ocorrência da interação, houve significância para linhagens, o que demonstra a persistência de variabilidade entre os materiais, possibilitando a seleção (Melo *et al.*, 2007).

Tabela 2. Análise de variância conjunta, utilizando o modelo de simetria composta, para produtividade de grãos (PG), arquitetura de plantas (ARQ) e aspecto comercial de grãos (AG).

Efeitos aleatórios	PG			ARQ			AG		
	GL	RV		GL	RV		GL	RV	
Linhasgens	1	60,08**		1	130,51**		1	153,52**	
Linhasgens × Safras	1	21,23**		1	31,33**		1	12,47**	
Blocos/Safra P – REP I	1	366,61**		1	25,39**		1	109,41**	
Blocos/Safra P – REP II	1	62,68**		1	25,10**		1	69,32**	
Efeitos fixos	GLN	GLD	F	GLN	GLD	F	GLN	GLD	F
Safra	1	85,38	135,59**	1	90,62	27,44**	1	77,57	7,33**
Média geral		4207,06			1,72			1,91	
r_G		0,57			0,70			0,78	
h^2		0,48			0,61			0,65	
$r_{\hat{g}}$		0,69			0,78			0,81	

** significativo a 1 % pelo teste LRT. GL : grau de liberdade; RV: razão de verossimilhança; GLN: grau de liberdade do numerador; GLD: grau de liberdade do denominador. r_G : correlação genotípica; h^2 : herdabilidade; $r_{\hat{g}}$: acurácia.

A interação genótipo por ambiente é consequência da expressão diferencial de genes influenciada pelas variações do ambiente. Assim, a heterogeneidade ambiental é um dos fatores que contribuem para a ocorrência da interação (Elias *et al.*, 2016). Aparício *et al.* (2024) mencionam que a heterogeneidade é causada pela existência de variações de fertilidade no solo, ocorrência de pragas e doenças, desuniformidade no fornecimento de água, presença de plantas daninhas, dentre outros. No nosso caso, acreditamos que a falha no controle de plantas daninhas e o menor índice de precipitação no ensaio P – REP I (Figura 1), foram os principais fatores que contribuíram para a maior heterogeneidade ambiental. Quando se trabalha com avaliação de um grande número de tratamentos, e ensaios em múltiplos ambientes, é necessário separar o efeito da interação genótipo por ambiente do efeito do erro residual, neste caso a ausência de repetição pode ser um limitador. Assim a utilização do delineamento parcialmente replicado pode se tornar uma alternativa nestes casos (Elias *et al.*, 2016).

Ao analisarmos os dados dos dois ensaios, observamos que o desvio padrão de contrastes entre pares de tratamento, dentro de cada ensaio é flutuante, tendo em vista que alguns genótipos se repetem e outros não. Assim a precisão de comparação dos materiais é variável. No entanto quando ocorre a combinação dos dados para a avaliação do A – PREP como um todo, com base na média da análise conjunta, este desvio se dissipa, com todos os tratamentos ficando equilibrados (Figura 2).

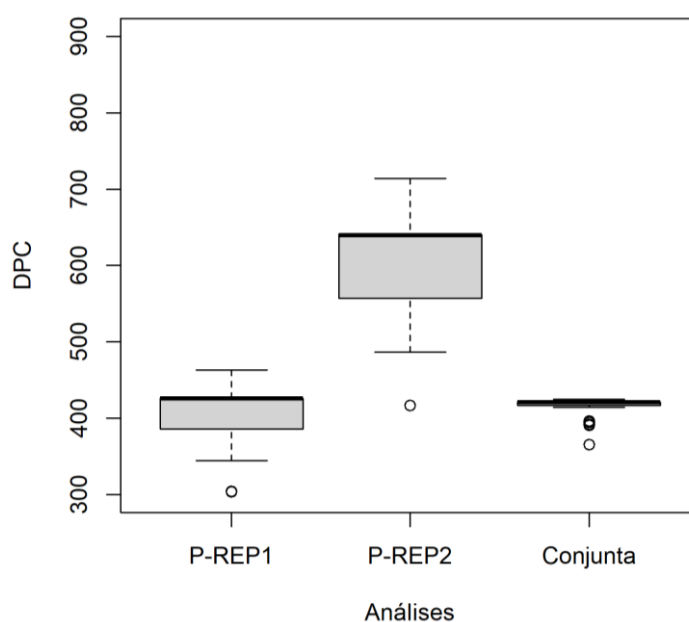


Figura 2 - Desvio padrão de contrastes entre pares de tratamentos nos ensaios P – REP I, P – REP II, e na análise conjunta considerando o delineamento parcialmente replicado aumentado (A – PREP).

De acordo com Santana *et al.* (2023), no melhoramento genético de feijão no Brasil, é comum nas fases avançadas a avaliação de um grande número de linhagens endogâmicas em ensaios sequenciais. Ocorre que no primeiro ensaio de avaliação, logo após a derivação de linhagens, a restrição de sementes é uma realidade que impõe o uso de delineamentos que flexibilizam a repetição de materiais, como é o delineamento de blocos aumentado (Federer, 1956) e o P – REP (Cullis *et al.*, 2006). Entretanto nos ensaios seguintes, já ocorre o uso de delineamentos com repetição completa, assim ao considerar a sequência de ensaios no melhoramento de feijão, observa-se um desbalanceamento estatístico (Melo *et al.*, 2020; Santana *et al.*, 2023). A utilização do A – PREP, permite lidar com a restrição de sementes, com grande número de materiais em avaliação, e oferece uma alternativa intermediária ao desbalanceamento estatístico, uma vez que ao analisar conjuntamente os dados dos diversos ensaios, há uma complementariedade do número de repetições nos ensaios, possibilitando uma melhor estimativa dos efeitos de tratamentos. Moehring *et al.* (2014) pontuam que é esperado que o A – PREP apresente uma performance intermediária entre delineamentos sem e com repetição.

Zystro *et al.* (2019) mencionam que o uso de delineamentos alternativos, que permitam a avaliação de um grande número de tratamentos e a estimativa correta do erro ambiental, possibilitam maiores ganhos genéticos em programas de melhoramento que trabalham com restrição de recursos. Gonzalez-Barrios *et al.* (2019) destacam que na avaliação de grande número de tratamentos, o emprego de delineamento estatístico apropriado permite uma maior capacidade de discriminação dos genótipos.

Considerando o melhoramento do feijoeiro, a utilização do A – PREP é vantajosa pois permite conciliar a avaliação de um grande número de tratamentos e contorna a restrição de semente no primeiro ensaio. Com a realização dos ensaios aumentados, é possível uma melhor estimativa dos efeitos de tratamentos, possibilitando uma seleção mais drástica nos primeiros ensaios. Neste trabalho, tendo em vista que a interação genótipo por ambiente foi predominantemente simples, a seleção foi com base nas médias da análise conjunta, selecionando os 300 melhores em produção e aplicando uma restrição, de forma que linhagens com média de nota de arquitetura e aspecto de grão maior que dois fossem descartadas.

Na figura 3 é possível observar o desempenho em produtividade de grãos (PG) e em arquitetura de plantas (ARQ) das linhagens avaliadas e selecionadas, em relação as testemunhas comerciais utilizadas. Observa-se que as linhagens selecionadas apresentaram desempenho igual ou superior a todas as testemunhas, inclusive a testemunha BRS FP403 referência atual para produtividade de grãos e arquitetura ereta em feijões de grãos pretos (Souza *et al.*, 2019).

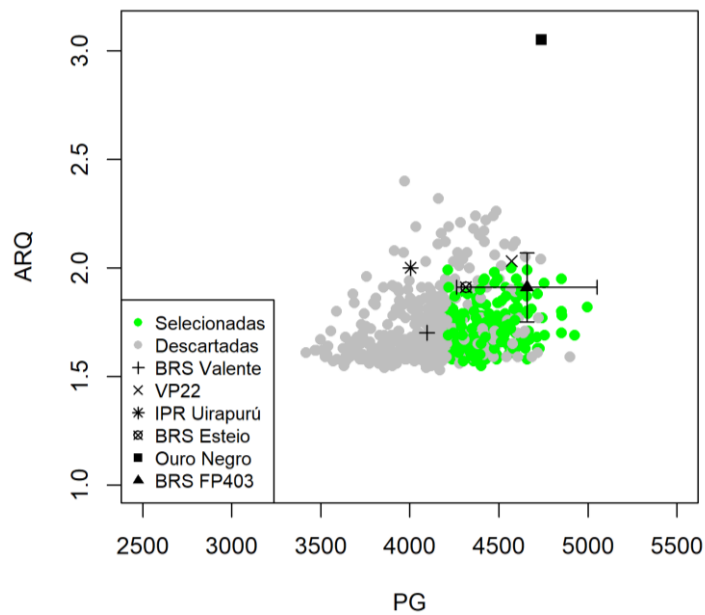


Figura 3 - Dispersão das médias das linhagens para arquitetura de planta (ARQ) e produtividade de grãos (PG). Barras representam o desvio padrão do erro médio de comparação da cultivar testemunha BRS FP403 com as linhagens avaliadas.

Na figura 4 é demonstrado o desempenho em produtividade de grãos (PG) e aspecto comercial de grãos (AG) das linhagens avaliadas e selecionadas, em relação às cultivares testemunhas. Verifica-se que para AG as linhagens selecionadas apresentam desempenho similar à cultivar Ouro Negro, referência em aspecto comercial de grãos para feijões de grãos pretos.

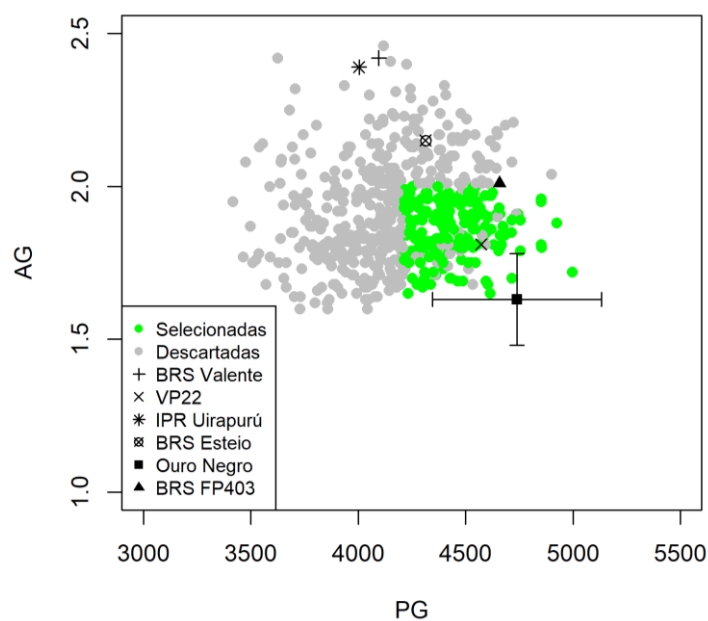


Figura 4 - Dispersão das médias das linhagens para aspecto comercial de grãos (AG) e produtividade de grãos (PG). Barras representam o desvio padrão do erro médio de comparação da cultivar testemunha Ouro Negro com as linhagens avaliadas.

Das 300 linhagens mais produtivas selecionadas, com a aplicação da restrição para ARQ e AG, descartando as que apresentavam média de nota superior a 2, restaram 198, correspondendo a seleção de 33% dos materiais avaliados (Figura 5).

Na figura 6 está representado a variação da produtividade de grãos, e das notas de arquitetura e aspecto comercial de grãos das linhagens selecionadas. A menor produtividade (PG) ficou em torno de 4200 kg.ha⁻¹, a maior parte dos tratamentos apresentou valores em torno de 4400 kg.ha⁻¹. As notas de AG se concentraram em torno de 1,9 e as notas de ARQ em torno de 1,7.

Assim conforme demonstrado nas figuras 3 e 4, as linhagens selecionadas utilizando o delineamento A – PREP, demonstram desempenho igual ou superior as cultivares testemunhas em produtividade de grãos (PG), arquitetura de plantas (ARQ) e aspecto comercial de grãos (AG). As médias de PG, ARQ, e AG das linhagens selecionadas podem ser consultadas na tabela suplementar 1.

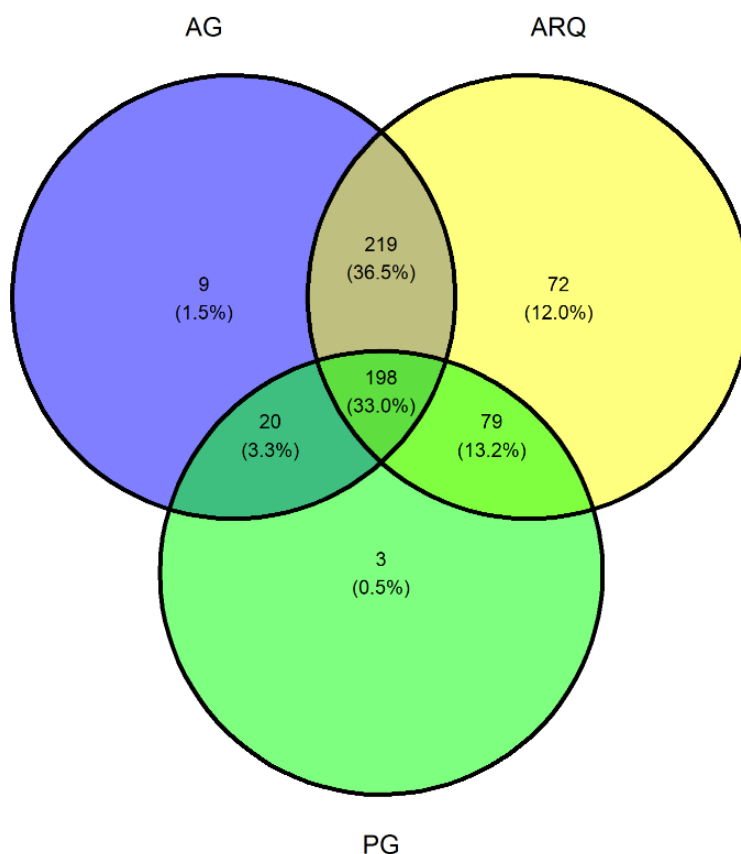


Figura 5 - Representação da seleção das linhagens mais produtivas com média de nota de ARQ e AG menor que 2.

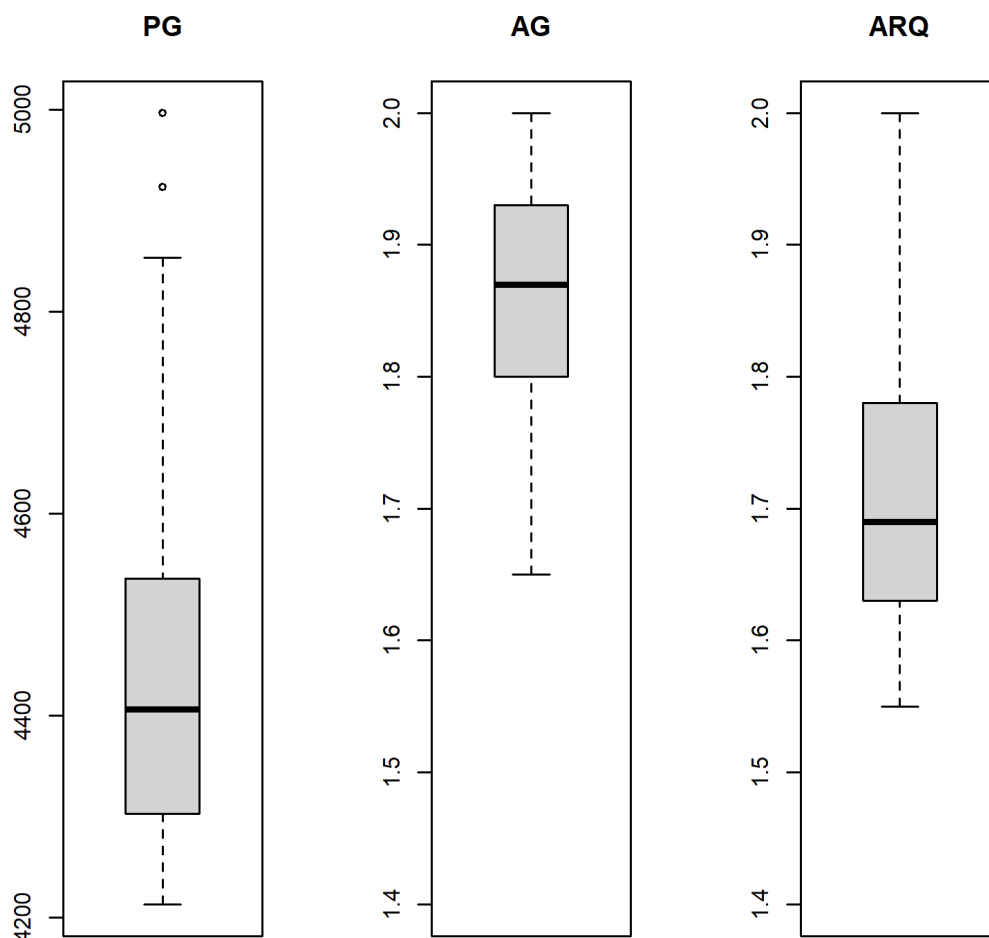


Figura 6 - Representação da variação dos dados de produtividade de grãos (PG), aspecto de grão (AG) e arquitetura de plantas (ARQ), para as 198 linhagens selecionadas.

4 CONCLUSÃO

O delineamento parcialmente replicado aumentado (A – PREP) mostrou-se efetivo nas fases iniciais de avaliação de linhagens de feijão, possibilitando melhor estimativa dos efeitos de tratamentos na análise conjunta e, conseqüentemente, uma seleção mais acurada.

5 MATERIAL SUPLEMENTAR

Tabela Suplementar 1 - Relação dos tratamentos selecionados, ranqueados pela maior produtividade média (PG), com médias de aspecto comercial de grãos (AG) e arquitetura de plantas (ARQ).

Tratamentos	Médias		
	PG	AG	ARQ
304	4997	1,72	1,82
308	4924	1,88	1,69

61	4854	1,80	1,78
299	4851	1,96	1,95
52	4851	1,95	1,70
93	4851	1,81	1,80
468	4755	1,89	1,69
340	4754	1,79	1,93
71	4744	1,91	1,77
18	4728	1,90	1,63
72	4716	1,70	1,63
310	4715	1,89	1,88
32	4712	1,85	1,68
36	4683	1,84	1,81
37	4673	1,87	1,67
62	4666	1,81	1,71
75	4660	1,84	1,79
341	4660	1,80	1,67
292	4659	1,91	1,99
94	4658	1,80	1,58
303	4655	1,93	1,87
474	4653	1,79	1,80
34	4647	1,90	1,63
293	4644	1,91	1,65
99	4629	1,81	1,65
16	4625	1,98	1,65
317	4618	1,86	1,89
51	4618	1,97	1,66
76	4613	1,65	1,78
295	4611	1,97	1,91
100	4607	1,90	1,87
345	4604	1,68	1,82
307	4599	1,90	1,95
312	4596	1,85	1,86
253	4594	1,69	1,63
66	4592	1,87	1,70
557	4591	1,97	1,76
393	4584	1,91	1,81
156	4580	1,83	1,63
301	4567	1,93	2,00
413	4565	1,92	1,72
559	4555	1,81	1,74
14	4555	1,95	1,64
95	4553	1,94	1,60
78	4550	1,90	1,65
286	4546	1,75	1,75
97	4546	2,00	1,65
471	4546	1,86	1,71

334	4540	1,89	1,87
290	4536	1,98	1,91
570	4535	1,80	1,73
73	4534	1,86	1,79
287	4532	2,00	1,74
455	4528	1,91	1,69
148	4525	1,75	1,70
331	4522	1,81	1,71
20	4519	1,95	1,75
255	4516	1,82	1,85
556	4514	1,88	1,66
452	4514	1,98	1,67
542	4513	1,75	1,70
46	4509	1,83	1,68
403	4494	1,88	1,69
560	4492	1,90	1,95
337	4492	1,80	1,84
178	4491	1,95	1,77
258	4488	1,81	1,78
12	4488	1,91	1,58
465	4486	1,82	1,73
224	4486	1,84	1,60
48	4485	1,69	1,77
146	4480	1,76	1,72
74	4478	1,81	1,70
294	4476	1,94	1,93
545	4474	1,83	1,98
554	4473	1,80	1,63
17	4468	1,97	1,63
457	4466	1,96	1,73
80	4463	1,85	1,67
96	4463	1,95	1,65
256	4462	1,69	1,64
406	4447	1,95	1,68
483	4444	1,86	1,79
64	4437	1,80	1,70
313	4436	1,81	1,75
152	4432	1,96	1,73
207	4430	1,70	1,64
417	4429	1,88	1,75
257	4429	1,95	1,76
210	4427	1,70	1,58
338	4427	1,81	1,83
558	4424	1,92	1,68
86	4423	1,92	1,59
90	4421	1,98	1,62

302	4421	1,93	1,76
314	4419	1,90	1,77
520	4417	1,83	1,95
141	4416	1,78	1,92
309	4413	1,88	1,94
472	4400	1,93	1,65
343	4400	1,84	1,78
320	4400	1,86	1,84
91	4399	1,93	1,59
50	4399	1,81	1,55
399	4397	1,95	1,66
549	4395	1,87	1,90
394	4395	1,75	1,86
40	4394	1,73	1,67
475	4394	1,83	1,60
378	4390	1,95	1,62
424	4389	1,97	1,60
69	4386	1,94	1,90
65	4385	1,88	1,63
57	4384	1,88	1,65
451	4384	1,95	1,75
566	4381	1,83	1,59
401	4380	1,90	1,68
382	4377	1,77	1,84
38	4376	1,83	1,74
342	4374	1,90	1,86
13	4373	2,00	1,60
412	4372	1,89	1,62
361	4371	1,80	1,70
462	4370	2,00	1,77
373	4370	1,89	1,60
392	4369	1,96	1,65
42	4366	1,90	1,71
43	4365	1,91	1,66
235	4364	1,83	1,63
144	4361	1,71	1,80
39	4358	1,79	1,57
130	4357	1,90	1,59
31	4352	1,89	1,62
562	4348	1,72	1,72
238	4338	1,82	1,65
433	4338	1,68	1,71
411	4329	1,77	1,69
70	4325	1,81	1,67
270	4324	1,96	1,88
83	4322	1,98	1,60

177	4318	1,82	1,61
431	4318	1,92	1,67
33	4314	1,98	1,66
484	4311	1,91	1,60
145	4309	1,72	1,58
163	4309	1,70	1,77
404	4308	1,80	1,63
174	4304	1,79	1,63
311	4303	1,92	1,79
332	4303	1,91	1,68
202	4300	1,67	1,61
568	4299	1,69	1,57
370	4298	1,89	1,68
578	4294	1,85	1,69
543	4293	1,96	1,79
561	4289	1,75	1,73
254	4287	1,83	1,70
142	4287	1,68	1,89
248	4285	1,95	1,64
400	4282	1,93	1,76
473	4281	1,80	1,59
47	4280	1,79	1,66
567	4272	1,68	1,61
408	4270	1,89	1,58
153	4265	1,83	1,60
165	4261	1,79	1,74
335	4259	1,95	1,62
45	4259	1,95	1,65
369	4258	1,94	1,77
82	4252	2,00	1,64
385	4252	1,79	1,87
416	4251	1,84	1,69
546	4251	1,70	1,77
418	4248	1,85	1,69
185	4246	1,79	1,59
92	4245	1,87	1,64
344	4243	1,89	1,78
497	4243	1,89	1,70
252	4240	1,77	1,65
356	4240	1,98	1,81
491	4239	1,85	1,65
160	4238	1,86	1,60
463	4237	1,93	1,58
541	4236	1,75	1,60
161	4232	1,65	1,65
458	4226	1,78	1,77

77	4225	1,84	1,67
2	4224	1,95	1,63
264	4222	1,90	1,84
84	4221	1,94	1,74
240	4219	1,98	1,63
514	4217	1,99	1,91
402	4217	1,99	1,60
575	4216	1,79	1,69
155	4216	1,96	1,60
166	4216	1,95	1,81
414	4214	1,93	1,60
563	4213	1,76	1,99
Ouro Negro	4974	1,59	3,34
BRS FP403	4878	2,02	1,95
VP22	4718	1,79	2,09
BRS Esteio	4319	2,18	1,94
IPR Uirapuru	3930	2,47	2,06
BRS Valente	3841	2,50	1,69

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

APARICIO, J.; GEZAN, S.A.; ARIZA-SUAREZ, D.; RAATZ, B.; DIAZ, S.; HEILMAN-MORALES A.; LOBATON, J. Mr. Bean: a comprehensive statistical and visualization application for modeling agricultural field trials data. **Frontiers in Plant Science**, v. 14, p. 1290078, 2024.

BATISTA, L.G.; ANJOS, R.S.; POERSCH, N.L.; NALIN, R.S.; CARNEIRO, P.C.S.; CARNEIRO, J.E.S.; RESENDE, M.D.V. Multigeneration index in the selection of common bean inbred families. **Crop Science**, v. 57, n. 5, p. 2354-2360, 2017.

CARNEIRO, J.E.S.; PAULA JÚNIOR, T.J.; BORÉM, A. (ed.). **Feijão do plantio à colheita**. Viçosa, MG: Editora UFV, 2015. 384 p.

COELHO, A.D.F.; CARDOSO, A.A.; CRUZ, C.C.; ARAUJO, G.A.A.; FURTADO, M.R.; AMARAL, C.L.F. Herdabilidades e correlações da produção do feijão e dos seus componentes primários, nas épocas de cultivo da primavera-verão e do verão-outono. **Ciência Rural**, v. 32, p. 211-216, 2002.

CRUZ, C. D.; CASTOLDI, F. Decomposição da interação genótipos \times ambientes em parte simples e complexa. **Revista Ceres**, v.38, p. 422-430, 1991.

CRUZ, C. D.; REGAZZI, A.J.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. vol.1. Viçosa, MG: Editora UFV, 2012. 514 p.

CULLIS, B.R.; SMITH, A.B.; COCKS, N.A.; BUTLER, D.G. The design of early-stage plant breeding trials using genetic relatedness. **Journal of Agricultural, Biological and Environmental Statistics**, v. 25, p. 553-578, 2020.

CULLIS, B.R.; SMITH, A.B.; COOMBES, N.E. On the design of early generation variety trials with correlated data. **Journal of agricultural, biological, and Environmental Statistics**, v. 11, p. 381-393, 2006.

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

FEDERER, W.F. **Experimental design**. LWW, 1956.

FREY, K. J. The Use of F2 Lines in Predicting the Performance of F3 Selections in Two Barley Crosses 1. **Agronomy Journal**, v. 46, n. 12, p. 541-544, 1954.

GILMOUR A.R. **Echidna mixed model software**. Orange, New South Wales, Australia. Disponível em: <https://www.echidnamms.org/> Acesso em: 17 fev. 2023.

GONZÁLEZ-BARRIOS, P.; DÍAZ-GARCÍA, L.; GUTIÉRREZ, L. Mega-environmental design: Using genotype \times environment interaction to optimize resources for cultivar testing. **Crop Science**, v. 59, n. 5, p. 1899-1915, 2019.

HENDERSON, C. R.; KEMPTHORNE, O.; SEARLE, S.R.; VON KROSIGK C.M. The estimation of environmental and genetic trends from records subject to culling. **Biometrics**, v. 13, n. 1, p. 192-218, 1959.

HENDERSON, C. R. **Animal additive genetic model**. In: Applications of Linear Models in Animal Breeding, University of Guelph, Guelph, Canada, pp 335-339, 1984.

INMET. Dados meteorológicos – banco de dados. Disponível em: <https://bdmep.inmet.gov.br/>, Acesso em: 05 jun. 2024.

KELLY, A.M.; SMITH, A.B.; ECCLESTON, J.A.; CULLIS, B.R. The accuracy of varietal selection using factor analytic models for multi-environment plant breeding trials. **Crop Science**, v. 47, n. 3, p. 1063-1070, 2007.

LEMOES, R.C.; ABREU, A.F.B.; SOUZA, E.A.; SANTOS, J.B.; RAMALHO, M.A.P. A half century of a bean breeding program in the South and Alto Paranaíba regions of Minas Gerais. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 20, n. 2, p. e295420211, 2020.

LIGARRETO–MORENO, G.; PIMENTEL–LADINO, C. Grain yield and genotype \times environment interaction in bean cultivars with different growth habits. **Plant Production Science**, v. 25, n. 2, p. 232-241, 2022.

LIN, J.; ARIEF, V.; JAHUFER, Z.; OSORNO, J.; MCCLEAN, P.; JARQUIN, D.; HOYOS-VILLEGAS, V. Simulations of rate of genetic gain in dry bean breeding programs. **Theoretical and Applied Genetics**, v. 136, n. 1, p. 14, 2023.

MARQUES JÚNIOR, O. G. **Eficiência de experimentos com a cultura do feijão. 1997. 80p.** 1997. Tese de Doutorado. Tese (Doutorado)-Universidade Federal de Lavras, Lavras.

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

MELO, V.L.; MARÇAL, T.S.; ROCHA, J.R.A.S.C.; ANJOS, R.S.R.; CARNEIRO, P.C.S.; CARNEIRO, J.E.S. Modeling (co) variance structures for genetic and non-genetic effects in the selection of common bean progenies. **Euphytica**, v. 216, p. 1-13, 2020.

MOEHRING, J.; WILLIAMS, E.R.; PIEPHO, H. Efficiency of augmented p-rep designs in multi-environmental trials. **Theoretical and Applied Genetics**, v. 127, p. 1049-1060, 2014.

PIEPHO, H. P.; MÖHRING, J.; MELCHINGER, A.E.; BÜCHSE, A. BLUP for phenotypic selection in plant breeding and variety testing. **Euphytica**, v. 161, n. 1-2, p. 209-228, 2008.

RAMALHO, M. A. P.; FERREIRA, D. F.; OLIVEIRA, AC de. **Experimentação em genética e melhoramento de plantas**. 3. ed. Lavras, MG: Editora UFLA, 2012b.

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

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

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

RANI, R.; RAZA, G.; ASHFAQ, H.; RIZWAN, M.; SHIMELIS, H.; TUNG, M.H.; ARIF, M. Analysis of genotype× environment interactions for agronomic traits of soybean (*Glycine max* [L.] Merr.) using association mapping. **Frontiers in Genetics**, v. 13, 2023.

RESENDE, M.D.V.; ALVES, R.S. Linear, generalized, hierarchical, bayesian and random regression mixed models in genetics/genomics in plant breeding. **Functional Plant Breeding Journal**, v.2, n.2, 2020.

RESENDE, M.D.V.; DUARTE, J.B. Precisão e controle de qualidade em experimentos de avaliação de cultivares. **Pesquisa Agropecuária Tropical**, v. 37, n. 3, p. 182-194, 2007.

RESENDE, M.D.V.; SILVA F.F.; AZEVEDO C.F. **Estatística matemática, biométrica e computacional: modelos mistos, multivariados, categóricos e generalizados (REML/BLUP), inferência bayesiana, regressão aleatória, seleção genômica, QTL-QWAS, estatística espacial e temporal, competição, sobrevivência.**, Visconde do Rio Branco, MG: Suprema, 2014; 1: 881 p.

RIBEIRO, N. D.; STECKLING, S.M.; MAZIERO, S.M.; KLASENER, G.R. Higher-precision experimental statistics for the selection of early and upright common bean lines. **Acta Scientiarum. Agronomy**, v. 42, 2020.

RIBEIRO, N.D.; STECKLING, S.M.; MAZIERO, S.M.; SILVA, M.J.; KLANSENER, G.R.; CASAGRANDE, C.R. Experimental precision of grain yield components and selection of superior common bean lines. **Euphytica**, v. 213, n. 12, p. 290, 2017.

SALVADOR, F.V.; PEREIRA, G.S.; SOUZA, M.H.; SILVA, L.M.B.; SANTANA, A. S.; PAULA, I.G.; STECKLING, S.M.; FERNANDES, R.S.; MARÇAL, T.S.; CARNEIRO,

A.P.S.; CARNEIRO, P.C.S.; CARNEIRO, J.E.S. Correcting experimental data for spatial trends in a common bean breeding program. **Crop Science**, v. 62, n. 2, p. 825-838, 2022.

SANTANA, A. S.; MARÇAL, T.S.; SALVADOR, F.V.; SOUZA, M. H.; SILVA, L. M. B.; SILVA, M. B. P.; PEIXOTO, M.A.A.; CARNEIRO, P.C.S.; CARNEIRO, J. E.S. Analysis of advanced generation multistage field trials data in autogamous plant breeding: An evaluation in common Bean. **Crop Science**. 2023.

SMITH, A.B. **Multiplicative mixed models for the analysis of multi-environment trial data**. 1999. Tese (Doutorado em estatística) – Department of Statistics, University of Adelaide, Australia.

SOUZA, E.A.; GERALDI, I.O.; RAMALHO, M.A.P. Alternativas experimentais na avaliação de famílias em programas de melhoramento genético do feijoeiro. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 35, p. 1765-1771, 2000.

SOUZA, M. H., PEREIRA JÚNIOR, J. D. P., STECKLING, S. D. M., MENCALHA, J., DIAS, F.D. S., ROCHA, J. R. D. A. S. D. C., CARNEIRO, P. C. S., & CARNEIRO, J. E.S. Adaptability and stability analyses of plants using random regression models. **PLoS One**, 15(12). 2020.

SOUZA, T.L.P.O.; MELO, L.C.; PEREIRA, H.S.; FARIA, L.C.; et al. **BRS FP403: cultivar de feijão preto com alta produtividade e qualidade de grãos, moderada resistência à murcha de Fusarium e podridões radiculares**. Comunicado técnico 247. EMBRAPA. 2019. Disponível em: <https://ainfo.cnptia.embrapa.br/digital/bitstream/item/202601/1/CNPAF-2019-ct247.pdf>. Acesso em 18 maio 2023.

WILLIAMS, E.; PIEPHO, H.; WHITAKER, D. Augmented p-rep designs. **Biometrical Journal**, v. 53, n. 1, p. 19-27, 2011.

ZYSTRO, J.; COLLEY, M.; DAWSON, J. Alternative experimental designs for plant breeding. **Plant breeding reviews**, v. 42, p. 87-117, 2019.

CONCLUSÕES GERAIS

A utilização do delineamento parcialmente replicado (P – REP) mostrou-se mais eficiente do que o delineamento de blocos aumentados (DBA) nas fases iniciais de avaliação de linhagens de feijoeiro.

Modelar os efeitos de blocos e resíduos, considerando a heterogeneidade de variâncias, permite reunir informações de vários experimentos com desbalanceamento estatístico, resultando em uma seleção mais acurada.

O delineamento parcialmente replicado aumentado (A – PREP) mostrou-se efetivo para avaliação de linhagens de feijão, possibilitando melhor estimativa dos efeitos de tratamentos na análise conjunta e, conseqüentemente, uma seleção mais acurada.