

ALICE SILVA SANTANA

**ANÁLISE DE FATORES E MODELAGEM DE ESTRUTURAS DE
(CO)VARIÂNCIAS PARA ENSAIOS MULTIAMBIENTES NA SELEÇÃO DE
LINHAGENS E PROGÊNIES DE FEIJOEIRO**

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

Orientador: José Eustáquio de Souza Carneiro

Coorientador: Pedro Crescêncio Souza Carneiro

**VIÇOSA – MINAS GERAIS
2021**

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

T

Santana, Alice Silva, 1997-

S232a
2021

Análise de fatores e modelagem de estruturas de (co)variância para ensaios multiambientais na seleção de linhagens e progênies de feijão / Alice Silva Santana. – Viçosa, MG, 2021.

1 dissertação eletrônica (73 f.): il. (algumas color.).

Inclui anexo.

Orientador: José Eustáquio de Souza Carneiro.

Dissertação (mestrado) - Universidade Federal de Viçosa.

Inclui bibliografia.

DOI: <https://doi.org/10.47328/ufvbbt.2021.076>

Modo de acesso: World Wide Web.

1. Feijão - Melhoramento genético. 2. Feijão - Seleção - Métodos estatísticos. 3. BLUP. I. Universidade Federal de Viçosa. Departamento de Agronomia. Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento. II. Título.

CDD 22. ed. 635.652

Bibliotecário(a) responsável: Renata de Fátima Alves CRB6/2578

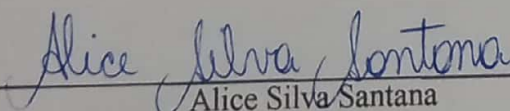
ALICE SILVA SANTANA

**ANÁLISE DE FATORES E MODELAGEM DE ESTRUTURAS DE
(CO)VARIÂNCIAS PARA ENSAIOS MULTIAMBIENTES NA SELEÇÃO DE
LINHAGENS E PROGÊNIES DE FEJJOEIRO**

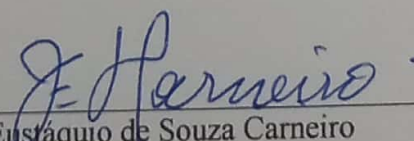
Dissertação apresentada à Universidade Federal de Viçosa, como parte das exigências do Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento, para obtenção do título *Magister Scientiae*.

APROVADA: 19 de julho de 2021

Assentimento:



Alice Silva Santana
Autor



José Eustáquio de Souza Carneiro
Orientador

*Aos meus pais, Maria Clemência e Reginaldo,
e à minha irmã Aline.*

Dedico

AGRADECIMENTOS

Agradeço a Deus pelo dom da vida, pela saúde e proteção diária.

Ao meu exemplo de entrega e de amor, meus pais, Maria Clemência e Reginaldo, pelo apoio, orações e por não medirem esforços para que os meus sonhos sejam realizados, e à minha irmã, Aline, pela amizade, carinho e suporte.

Ao meu namorado, Alison, por todo amor, atenção e paciência. Obrigada por sempre acreditar em meu potencial e pelo incentivo constante.

À Universidade Federal de Viçosa e ao Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento, pela estrutura concedida e oportunidade de realização do mestrado.

Ao Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq), pela concessão da bolsa de estudo.

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

Ao meu orientador, professor José Eustáquio de Souza Carneiro, por toda a disponibilidade e dedicação ao me orientar, pelos conhecimentos transmitidos e pelo exemplo de simplicidade, compreensão e competência que é para mim.

Ao meu coorientador, professor Pedro Crescêncio Souza Carneiro, pelos ensinamentos transmitidos em suas disciplinas e em nossas reuniões e pela enorme contribuição e sugestões adicionadas nesta dissertação.

Aos membros da banca, professor Tiago de Souza Marçal pela colaboração, auxílio e pela forma altruísta de transmitir seu conhecimento, e professor Vinícius Quintão Carneiro pela disponibilidade e sugestões para o aprimoramento deste trabalho.

Ao professor Rodrigo Oliveira de Lima por todas as contribuições pessoais e profissionais e por me ensinar que é mais fácil multiplicar quando se tem humildade para saber dividir.

Aos amigos do Programa Feijão pela convivência, amizade, ensinamentos e ajuda na condução dos experimentos, em especial ao Michel, Tatiana, Igor, Felipe e Laiza.

A todos os funcionários do Campo Experimental de Coimbra por toda dedicação, amizade e suporte na condução dos experimentos.

Aos integrantes do GenMelhor pela amizade e pelos momentos compartilhados, em especial, ao Marco Antônio, pelas contribuições neste trabalho.

A todos que de alguma forma contribuíram para o meu crescimento profissional e pessoal. **MUITO OBRIGADA!**

RESUMO

SANTANA, Alice Silva, M.Sc., Universidade Federal de Viçosa, julho de 2021. **Análise de fatores e modelagem de estruturas de (co)variâncias para ensaios multiambientes na seleção de linhagens e progênies de feijoeiro.** Orientador: José Eustáquio de Souza Carneiro. Coorientador: Pedro Crescêncio Souza Carneiro.

No melhoramento de espécies autógamas, o objetivo final é a obtenção de linhagens com elevada proporção de alelos favoráveis capazes de superar com vantagens aquelas cultivares em uso pelos agricultores. Para alcançar este objetivo, a condução de ensaios de avaliação de progênies e/ou linhagens em múltiplos ambientes faz-se necessária para acomodar os efeitos da interação genótipos por ambientes. Nestes ensaios, é comum a ocorrência de desbalanceamento genético e/ou estatístico de modo que a abordagem de modelos mistos pode ser mais eficiente que a tradicional análise de variância (ANOVA). Os objetivos com este trabalho foram: i) conectar ensaios multiambientes de avaliação de progênies e de linhagens de feijoeiro com desbalanceamento genético e/ou estatístico; ii) escolher o modelo com maior acurácia do valor genotípico tanto de linhagens quanto de progênies de feijoeiro; iii) selecionar linhagens de feijão preto do ciclo C_0 do Programa de Seleção Recorrente de Feijoeiro da UFV (PSRFP-UFV) com potencial para compor futuros ensaios de VCU e iv) selecionar progênies superiores do C_1 , visando tanto a recombinação quanto a extração de linhagens elites. Foram utilizados dois e cinco ensaios de avaliação de progênies e de linhagens, respectivamente, do PSRFP-UFV. Trezentas e oitenta progênies $F_{3;4}$ do C_1 do referido programa juntamente com 5 testemunhas foram avaliadas em delineamento de blocos aumentados na safra seca/2019. A geração $F_{3;5}$ foi avaliada em delineamento látice 20×20 com três repetições e 20 testemunhas. A seleção das melhores linhagens do C_0 para compor os futuros Ensaios de VCU de Minas Gerais foi baseada em dados de cinco experimentos conduzidos de 2018 a 2020. Todos os experimentos foram conduzidos na Unidade de Ensino, Pesquisa e Extensão de Coimbra, MG. Foram avaliados a produtividade de grãos, arquitetura de plantas e aspecto comercial de grão. Cinco modelos foram testados, os quais variaram quanto às combinações das diferentes estruturas de (co)variâncias adotadas. O modelo não estruturado para produtividade de grãos e o modelo com estrutura de correlação uniforme e variâncias heterogêneas (CORUH) para aspecto comercial de grãos e arquitetura de plantas foram os que apresentaram melhor ajuste ao conjunto de dados e que forneceram estimativas mais acuradas dos valores genotípicos das linhagens do C_0 . Considerando os ensaios de avaliação das progênies do C_1 , o modelo de simetria composta para produtividade de grãos e o modelo CORUH para aspecto comercial de grãos foram os que

melhor se ajustaram aos dados. O ganho genético médio predito com a recombinação das progênies selecionadas para produtividade, aspecto comercial de grãos e arquitetura de plantas foi de 2,56, 4,29 e 8,91%, respectivamente. A modelagem assumindo diferentes estruturas de (co)variâncias para os efeitos genéticos e não genéticos é eficiente para conectar ensaios multiambientais que envolvem desbalanceamento estatístico/genético e praticar seleção assertiva dos genótipos.

Palavras-chave: FAI-Blup. Seleção Recorrente. Melhoramento de feijão.

ABSTRACT

SANTANA, Alice Silva, M.Sc., Universidade Federal de Viçosa, July, 2021. **Factor analysis and modeling of (co)variance structures for multi-environment trials in the selection of common bean inbred lines and progenies.** Adviser: José Eustáquio de Souza Carneiro. Co-adviser: Pedro Crescêncio Souza Carneiro.

In the autogamous species breeding, the final objective is to obtain lines with a high proportion of favorable alleles capable of overcoming with advantages those cultivars used by farmers. To achieve this goal, conducting trials to evaluate progenies and/or inbred lines in multiple environments is necessary to accommodate the effects of genotype-by-environment interaction. In these tests, the occurrence of genetic and/or statistical imbalance is common, so the mixed model approach may be more efficient than the traditional analysis of variance (ANOVA). The objectives of this work were: i) to connect multi-environment trials for the evaluation of progenies and inbred lines of common bean with genetic and/or statistical imbalance; ii) choose the model with the highest accuracy of the genotypic value of both inbred lines and progenies of common bean; iii) select black bean inbred lines from the C_0 cycle of the UFV Common Bean Recurrent Selection Program (RSP-UFV) with the potential to compose future cultivation and use value (CUV) trials and iv) select superior C_1 progenies, aiming at both recombination and extraction of elites inbred lines. Two and five trials for the evaluation of progenies and inbred lines, respectively, of the RSP-UFV were carried out. Three hundred and eighty progenies $F_{3:4}$ from the C_1 cycle of RSP-UFV and 5 checks were evaluated in an augmented block design at dry season/2019. The $F_{3:5}$ generation was evaluated in a 20×20 lattice design with three replications and 20 checks. The selection of the best C_0 inbred lines to compose future CUT in Minas Gerais was based on data from five experiments conducted from 2018 to 2020. All experiments were conducted in the municipality of Coimbra, state of Minas Gerais, Brazil. Grain yield, plant architecture and commercial grain aspect were evaluated. Five models were tested, which varied according to the combinations of the different (co)variance structures adopted. The unstructured model for grain yield and the model with uniform correlation structure and heterogeneous variances (CORUH) for grain commercial aspect and plant architecture showed the best fit to the data set and provided more accurate estimates of C_0 inbred lines genotypic values. Considering the C_1 progenies evaluation tests, the compound symmetry structure for grain yield and the CORUH structure for commercial grain aspect were the ones that best fit the data. The predicted mean genetic gain with the recombination of selected progenies for yield, grain commercial aspect and plant architecture was 2.56, 4.29 and 8.91%,

respectively. Modeling assuming different (co)variance structures for genetic and non-genetic effects is efficient to connect multi-environment assays that involve statistical/genetic imbalance and to practice assertive selection of genotypes.

Keywords: FAI-Blup. Recurrent Selection. Bean breeding.

SUMÁRIO

INTRODUÇÃO GERAL	12
REFERÊNCIAS	15
CAPÍTULO 1 - SELEÇÃO DE LINHAGENS DE FEIJÃO PRETO UTILIZANDO MODELOS MISTOS COM DIFERENTES ESTRUTURAS DE (CO)VARIÂNCIAS	17
1. RESUMO	18
2. ABSTRACT	19
3. INTRODUÇÃO	20
4. MATERIAL E MÉTODOS	22
4.1. Programa de Melhoramento de feijão preto da UFV	22
4.2. Condução dos experimentos.....	24
4.3. Características avaliadas	25
4.4. Análises estatísticas.....	25
4.4.1. Modelagem das estruturas de (co)variância.....	25
4.4.2. Estimação de parâmetros genéticos e não genéticos	28
4.4.3. Decomposição da interação $G \times A$	29
4.4.4. Seleção de linhagens via índice FAI-BLUP	29
4.5. Softwares estatísticos	30
5. RESULTADOS E DISCUSSÃO	31
5.1. Escolha do modelo de melhor ajuste.....	31
5.2. Estimativas de parâmetros genéticos.....	31
5.3. Correlação genética e partição da interação $G \times A$	37
5.4. Análise de fatores e seleção de linhagens via índice FAI-BLUP	39
6. CONCLUSÕES.....	45
7. REFERÊNCIAS	46
CAPÍTULO 2 - SELEÇÃO DE PROGÊNIES $F_{3,5}$ DO CICLO 1 DO PROGRAMA DE SELEÇÃO RECORRENTE DE FEIJÃO TIPO PRETO PARA RECOMBINAÇÃO E PARA EXTRAÇÃO DE LINHAGENS	50
1. RESUMO	51
2. ABSTRACT	52
3. INTRODUÇÃO	53
3. MATERIAL E MÉTODOS	55
3.1. Progênies avaliadas	55
3.2. Condução dos experimentos.....	55
3.3. Características avaliadas	55
3.4. Análises estatísticas e seleção de progênies	56
3.5. Software estatístico	57
4. RESULTADOS E DISCUSSÃO	58

4.1.	Escolha do modelo de melhor ajuste.....	58
4.2.	Estimativas de parâmetros genéticos e não genéticos.....	59
4.3.	Desdobramento da interação G×A em parte simples e complexa.....	62
4.4.	Seleção das melhores progênies para extração de linhagens.....	63
4.5.	Seleção da melhor progênie de cada população para recombinação.....	65
5.	CONCLUSÕES.....	68
6.	REFERÊNCIAS.....	69
	ANEXO 1 – Médias genotípicas.....	72

INTRODUÇÃO GERAL

O feijão comum (*Phaseolus vulgaris* L.) é uma cultura comercial de grande importância socioeconômica e de elevado valor nutricional (Cardador-Martínez et al., 2020). É considerado uma das leguminosas mais importantes para o consumo humano direto, principalmente em regiões em desenvolvimento como América Central e do Sul e Sudoeste da África. Nos países dessas regiões, o feijão comum é a principal fonte de proteínas, vitaminas e minerais (Rezende et al., 2017). Aproximadamente 31 milhões de toneladas de grãos de feijão são produzidos por ano mundialmente, sendo que as Américas correspondem a 32,4% da produção total (FAO, 2021).

O Brasil se destaca como o maior produtor e consumidor mundial de feijão comum (FAO, 2021). Segundo dados da Conab (2021), a produção nacional total de grãos de feijão foi de 3,22 milhões de toneladas cultivada em uma área de 1,6 milhões de hectares. O grão é cultivado em todo o país por pequenos, médios e grandes produtores. Entre os tipos de feijão consumidos e cultivados no Brasil, os feijões mesoamericanos tipo carioca e preto são os preferidos, representando 70 e 15% da produção total de feijão comum, respectivamente (Pereira et al., 2019). O feijão tipo preto, ao contrário do carioca, possui propriedades antioxidantes que ajudam a diminuir o dano oxidativo celular (Carbas et al., 2020).

O programa de melhoramento de feijoeiro da Universidade Federal de Viçosa trabalha com o feijão tipo preto com o objetivo de reunir alelos favoráveis para várias características, tais como produtividade de grãos, arquitetura de plantas e aspecto comercial de grão. No entanto, essa tarefa envolve muitas dificuldades como, por exemplo, a grande quantidade de genes responsáveis pelo controle das características e a forte influência do ambiente em sua expressão. Como os alelos que conferem os fenótipos desejáveis não se encontram em um único indivíduo, torna-se necessária a inclusão de vários genitores nos blocos de cruzamento e vários ciclos de recombinação. Assim, a principal estratégia adotada para aumentar a frequência de alelos favoráveis nas populações de melhoramento do feijoeiro da UFV é a seleção recorrente, um processo dinâmico e cíclico baseado na obtenção, avaliação, seleção e recombinação das progênies selecionadas (Silva et al., 2010; Amaro et al., 2007; Ramalho et al., 2005).

A fase de seleção de progênies geralmente envolve a avaliação de um grande número de progênies em diferentes ambientes (locais, safras e, ou, anos) com duas finalidades: seleção para recombinação de progênies e seleção para extração de linhagens. Na primeira, seleção para recombinação, pretende-se identificar a melhor progênie de cada população que serão intercruzadas, gerando a população base do novo ciclo de seleção recorrente. Na segunda,

seleção para extração de linhagens, em geral, são selecionadas de 15 a 20% das melhores progênies independente da população de origem. A seleção de progênies tanto para extração de linhagens quanto para recombinação visa identificar genótipos com alelos favoráveis para arquitetura ereta de planta, grãos de alta aceitação comercial, alto rendimento e resistência aos principais estresses bióticos e abióticos (Rocha et al., 2019).

Em razão da etapa de avaliação de progênies ser conduzida por meio de experimentos em diferentes ambientes, o desbalanceamento estatístico e/ou genético é relativamente comum, podendo dificultar a identificação de genótipos superiores. O delineamento estatístico e o número de repetições entre os experimentos podem variar principalmente pelo baixo número de sementes disponível na geração da qual a progênie é derivada, bem como pela perda de parcelas durante a condução do experimento (Melo et al., 2020). Visando a extração de linhagens, em geral, apenas as progênies com melhor desempenho nas gerações iniciais de avaliação são avançadas para as próximas etapas de avaliação, o que gera desbalanceamento genético (Resende et al., 2015; Bruzi, 2008). Outro fator que dificulta a identificação de genótipos superiores quando avaliados em diferentes ambientes é a ocorrência da interação genótipos por ambientes ($G \times A$). Além disso, pode haver covariância entre os efeitos genéticos e não genéticos quando a progênie é avaliada em diferentes ambientes, o que pode aumentar o erro e dificultar a identificação de genótipos superiores (Smith et al. 2005; Kelly et al. 2007). Estes fatos dificultam o uso da tradicional análise de variância (ANOVA).

Uma alternativa é o uso da abordagem de modelos mistos (Henderson, 1975) que permite modelar diferentes estruturas de variâncias e covariâncias. Modelar os efeitos genéticos e residuais na presença da interação $G \times A$ permite obter um modelo mais realista para dados provenientes de experimentos multiambientes, uma vez que o efeito da interação é devido à heterogeneidade de variância genética e à falta de correlação de genótipos entre pares de ambientes (Bernardo, 2010). A eficiência da modelagem de diferentes estruturas de (co)variâncias para efeitos genéticos e não genéticos foi relatada como eficaz no milho (Dodig et al., 2021; Pereira et al., 2021); forragem (Sripathi et al., 2018), cana-de-açúcar (Balsalobre et al., 2016), trigo (Studnicki et al., 2016) e feijão (Melo et al., 2020). Além disso, por meio desta abordagem, é possível aumentar a acurácia dos valores genéticos e, conseqüentemente, a eficiência da seleção (So e Edwards, 2011).

Com base no exposto, o presente estudo teve como objetivos: i) conectar ensaios de avaliação de progênies do C_1 e linhagens do C_0 de feijoeiro com delineamentos distintos, desbalanceamento genético e/ou estatístico, do Programa de Seleção Recorrente de Feijão Preto da UFV (PSRFP-UFV), modelando as diferentes estruturas de (co)variâncias entre as

safras/anos para os efeitos genéticos, de blocos e residuais; ii) escolher o modelo que resulte em valores genotípicos mais acurados tanto de linhagens quanto de progênies de feijoeiro; iii) selecionar linhagens de feijão tipo preto do C₁ do PSRFP-UFV com potencial para compor futuros ensaios de Valor de Cultivo e Uso (VCU) utilizando modelos mistos com diferentes estruturas de (co)variâncias e iv) selecionar as progênies superiores do C₀, visando tanto a recombinação quanto a extração de linhagens elites no PSRFP-UFV.

REFERÊNCIAS

- AMARO, G. B. et al. Phenotypic recurrent selection in the common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) with carioca-type grains for resistance to the fungi *Phaeoisariopsis griseola*. **Genetics and Molecular Biology**, v. 30, p. 584-588, 2007.
- BALSALOBRE T.W.A. et al. Mixed modeling of yield components and brown rust resistance in sugarcane families. **Agronomy Journal**, v. 108, n. 5, p. 1824-1837, 2016
- BERNARDO, R. **Breeding for quantitative traits in plants**. 2nd. ed. Minnesota: Stemma Press, 2010, 400p.
- BRUZI, A. T. **Aplicações da análise de modelos mistos em programas de seleção recorrente no feijoeiro comum**. 2008. 71p. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) - Universidade Federal de Lavras, Lavras, 2008.
- CARBAS, B. et al. Nutrients, antinutrients, phenolic composition, and antioxidant activity of common bean cultivars and their potential for food applications. **Antioxidants**, v. 9, n. 2, p. 186, 2020.
- CARDADOR-MARTÍNEZ, A. et al. Effect of instant controlled pressure-drop on the non-nutritional compounds of seeds and sprouts of common black bean (*Phaseolus vulgaris* L.). **Molecules**, v. 25, n. 6, p. 1464, 2020.
- CONAB - Companhia Nacional de Abastecimento. **Acompanhamento da safra brasileira**. 95p. Disponível em: <<https://www.conab.gov.br/info-agro/safras/graos>>. Acesso em: 20 mar 2021.
- DODIG, D. et al. Dynamics of maize vegetative growth and drought adaptability using image-based phenotyping under controlled conditions. **Frontiers in Plant Science**, v. 12, 2021.
- FAO. FAOSTAT. Statistical Databases. Disponível em: <<http://www.fao.org/faostat/>> Acesso em: 13 jun 2021.
- HENDERSON, C. R. Best linear unbiased estimation and prediction under a selection model. **Biometrics**, p. 423-447, 1975.
- KELLY, A. M. et al. The accuracy of varietal selection using factor analytic models for multi-environment plant breeding trials. **Crop Science**, v. 47, n. 3, p. 1063-1070, 2007.
- MELO, V. L. de et al. Modeling (co) variance structures for genetic and non-genetic effects in the selection of common bean progenies. **Euphytica**, v. 216, n. 5, p. 1-13, 2020.
- PEREIRA, H. S. et al. Genetic diversity among common bean cultivars based on agronomic traits and molecular markers and application to recommendation of parent lines. **Euphytica**, v. 215, n. 2, p. 1-16, 2019.
- PEREIRA, F. de C. et al. Mega-environment analysis of maize breeding data from Brazil. **Scientia Agricola**, v. 79, 2021.
- RAMALHO, M. A. P. et al. Genetic progress after four cycles of recurrent selection for yield and grain traits in common bean. **Euphytica**, v. 144, n. 1, p. 23-29, 2005.

- REZENDE, A. A. et al. Nutritional and protein quality of dry Brazilian beans (*Phaseolus vulgaris* L.). **Food Science and Technology**, v. 38, p. 421-427, 2017.
- RESENDE, M. D. V. et al. Multigeneration index in the within-progenies bulk method for breeding of self-pollinated plants. **Crop Science**, v. 55, n. 3, p. 1202-1211, 2015.
- ROCHA, J. R. do A. S. de C. et al. Selection of superior inbred progenies toward the common bean ideotype. **Agronomy Journal**, v. 111, n. 3, p. 1181-1189, 2019.
- SILVA, G. S. da et al. Estimation of genetic progress after eight cycles of recurrent selection for common bean grain yield. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 10, p. 351-356, 2010.
- 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.
- SO, Y. S.; EDWARDS, J. A comparison of mixed-model analyses of the Iowa crop performance test for corn. **Crop science**, v. 49, n. 5, p. 1593-1601, 2009.
- SRIPATHI, R. et al. Modeling Genotype× Environment Correlation Structures in Long-term Multilocation Forage Yield Trials. **Crop Science**, v. 58, n. 4, p. 1447-1457, 2018.
- STUDNICKI, M. et al. 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. 10, 2016.

CAPÍTULO 1

SELEÇÃO DE LINHAGENS DE FEIJÃO PRETO UTILIZANDO MODELOS MISTOS COM DIFERENTES ESTRUTURAS DE (CO)VARIÂNCIAS

1. RESUMO

A aplicação de metodologias baseadas em modelos mistos é apontada como procedimento eficiente na análise de dados provenientes de ensaios desbalanceados. Por meio desta metodologia é possível modelar de forma mais adequada os efeitos genéticos e não genéticos pelas matrizes de (co)variâncias de modo a obter estimativas de valores genotípicos mais acurados. Assim, os objetivos com este trabalho foram: i) testar as diferentes estruturas de (co)variâncias entre as safras para os efeitos genéticos e não genéticos na avaliação de linhagens de feijoeiro; ii) comparar a acurácia e a eficiência de seleção de linhagens por meio dos métodos BLUP multiambientes e BLUP uniambiente e iii) selecionar as linhagens superiores com potencial para compor futuros ensaios de Valor de Cultivo e Uso (VCU). Para tanto, foram utilizados dados de cinco ensaios com desbalanceamento genético e estatístico, conduzidos de 2018 a 2020 em Coimbra, MG. Foram avaliados a produtividade de grãos (PG), arquitetura de plantas (ARQ) e aspecto comercial de grão (AG). Cinco modelos lineares mistos, considerando diferentes estruturas de (co)variâncias para os efeitos genéticos e não genéticos (blocos e resíduos), foram ajustados. Para a característica PG, o modelo com estrutura de covariâncias heterogêneas (US) para os efeitos genéticos e variâncias heterogêneas (DIAG) para os efeitos de blocos e residuais é o que melhor se ajustou ao conjunto de dados. Para as características ARQ e AG o modelo com estrutura de correlação uniforme e variâncias heterogêneas (CORUH) para os efeitos genéticos e variâncias heterogêneas (DIAG) para os efeitos de blocos e residuais foi o que apresentou melhor ajuste aos dados. Observou-se alterações nas estimativas de herdabilidade e da acurácia para os diferentes modelos ajustados, com destaque para as estimativas mais precisas com o modelo de melhor ajuste. As correlações genéticas entre as safras foram predominantemente de moderada a baixa magnitude, o que confirma a predominância da fração complexa da interação $G \times A$, principalmente para PG e AG. A análise multiambiente aumentou os valores da acurácia seletiva e comunalidade, demonstrando ser mais eficiente e informativa. A modelagem das estruturas de (co)variâncias para os efeitos genéticos e não genéticos é uma estratégia eficiente em ensaios que envolvem a avaliação de linhagens em diferentes ambientes sendo que por meio dela foi possível selecionar quatro linhagens de maior potencial para compor futuros ensaios de VCU.

Palavras-chave: Índice de seleção. Interação genótipos por ambientes. Ensaios multiambientes.

2. ABSTRACT

The application of methodologies based on mixed models is seen as an efficient procedure for analyzing data from unbalanced trials. Through this methodology, it is possible to model in a more adequate way the genetic and non-genetic effects by (co)variance matrices in order to obtain more accurate estimates of genotypic values. Thus, the objectives of this work were: i) to test the different (co)variance structures between crops for genetic and non-genetic effects in the evaluation of common bean inbred lines; ii) compare the accuracy and efficiency of selection of inbred lines using the multi-environment BLUP and one-environment BLUP methods and iii) to select the superior inbred lines with potential to compose future cultivation and use value (CUV) trials. For this purpose, data from five trials with genetic and statistical imbalance, conducted from 2018 to 2020 in Coimbra, MG, Brazil, were used. Grain yield (GY), plant architecture (PA) and commercial grain aspect (GA) were evaluated. Five mixed linear models, considering different (co)variance structures for genetic and non-genetic (blocks and residues) effects, were fitted. For the GY trait, the model with structure of heterogeneous covariance (US) for genetic effects and heterogeneous variance (DIAG) for block and residual effects is the one that best fitted the data set. For PA and GA traits, the model with uniform correlation structure and heterogeneous variances (CORUH) for genetic effects and heterogeneous variances (DIAG) for block and residual effects showed the best fit to the data. Changes were observed in heritability and accuracy estimates for the different adjusted models, with emphasis on the more accurate estimates with the best-fit model. Genetic correlations between crops were predominantly of moderate to low magnitude, which confirms the predominance of the complex fraction of the G×A interaction, mainly for GY and GA. The multi-environment analysis increased the values of selective accuracy and communality, proving to be more efficient and informative. The modeling of (co)variance structures for genetic and non-genetic effects is an efficient strategy in trials that involve the evaluation of inbred lines in different environments, through which it was possible to select four inbred lines with the greatest potential to compose future CUV trials.

Keywords: Selection index. Genotypes by environment interaction. Multi-environment trials.

3. INTRODUÇÃO

Ensaio multiambientes são rotineiramente conduzidos em programas de melhoramento vegetal. Os dados coletados nestes ensaios são fontes de informações importantes que permitem avaliar o desempenho do genótipo em uma variedade de localizações geográficas e/ou anos (Smith, 2005). Os primeiros métodos para análise de ensaios multiambiente concentraram-se em técnicas de Análise de Variância (ANOVA). Entretanto, as suposições que sustentam este modelo podem ser irrealistas principalmente na comum situação de dados desbalanceados (Smith et al., 2005; Meyer, 2009). A ANOVA implica em variância constante dos efeitos de genótipo e, para mais de dois ambientes, em correlação genética uniforme entre os pares de ambientes. Sua estrutura de variância uniforme pode ser insatisfatória e restritiva devido à heterogeneidade de variâncias comumente observada em ensaios multiambientes (Smith, 2005). O método mais adequado para estimativa de componentes de variância em dados desbalanceados é a Máxima Verossimilhança Residual (REML; Patterson e Thompson, 1971). A abordagem de modelos mistos tornou-se popular, pois fornece uma estrutura flexível em que dados desbalanceados genética e/ou estatisticamente são facilmente modelados de maneira apropriada (Kelly et al., 2007).

Por muito tempo se preocupou com a simetria do conjunto de dados para facilitar a análise conjunta. Entretanto, o desbalanceamento genético e/ou estatístico é uma estrutura real dos programas de melhoramento genético. É comum ter conjuntos de dados com diferentes números de genótipos, diferentes delineamentos e/ou diferentes números de repetições. A modelagem de estruturas de (co)variâncias, via aplicação de metodologias baseadas em modelos mistos proposta por Henderson (1959), pode ser adotada visando superar estes desafios. Modelar os efeitos genéticos na presença da interação $G \times A$ permite obter um modelo mais realista, já que o efeito da interação é devido à heterogeneidade de variâncias genética e à falta de correlação de genótipos entre pares de ambientes (Falconer, 1952; Bernardo, 2010).

O uso de métodos estatísticos apropriados tem papel fundamental na eficiência das decisões de seleção em programas de melhoramento genético (Cullis et al., 2020). A Análise de Ensaios Multiestágios em Gerações Avançadas de Endogamia (EMGAE) é uma metodologia que visa avaliar e selecionar linhagens por estágios nos programas de melhoramento de autógamias em geral. No primeiro estágio muitas linhagens são derivadas de progênies endogâmicas e, devido a pequena disponibilidade de sementes nesta fase inicial, as seleções são baseadas em um número limitado de repetições e/ou tamanho de parcela. A intensidade de seleção é alta neste

estágio. No segundo estágio, são realizadas avaliações minuciosas com delineamentos estatísticos mais robustos. Os dados obtidos para cada estágio são gerados a partir de uma série de ensaios de campo semeados em vários ambientes. A seleção sequencial é comum em ambos os estágios, pois assim é possível concentrar esforços nos genótipos de maior potencial. As informações agregadas no primeiro e segundo estágio são utilizadas em conjunto para recomendar as linhagens elites para ensaios de Valor de Cultivo e Uso (VCUs).

Visando a seleção de genótipos, é comum considerar múltiplas características simultaneamente usando índices de seleção como o índice clássico de Smith (1936) e Hazel (1943) e vários outros destes derivados. Porém, esses índices não devem ser usados na presença de multicolinearidade na matriz de (co)variância fenotípica entre as características consideradas no índice. Sob multicolinearidade, as estimativas dos parâmetros podem ser instáveis, os erros padrão nas estimativas podem ser inflados e, conseqüentemente, as estatísticas de inferência podem se tornar viesadas, com o risco de conclusões errôneas (Dormann et al., 2013; Prunier et al., 2015). Vários métodos são projetados para incorporar variáveis colineares, tais como, análise fatorial, análise de componente principal, dentre outras. A análise fatorial produz eixos não correlacionados ou ortogonais entre os fatores finais de modo a torná-los livres de multicolinearidade (Dormann et al., 2013). Rocha et al. (2018) propuseram um índice de seleção, denominado FAI-BLUP, que combina múltiplas características e pode ser facilmente adaptado para incorporar múltiplos ambientes e características simultaneamente. Este índice considera as correlações genéticas entre as características-alvo e o ideótipo de interesse, é livre de multicolinearidade e não precisa estabelecer pesos econômicos.

O foco neste estudo é a seleção de linhagens considerando ambos os estágios da metodologia EMGAE e mostrar a superioridade da modelagem de estruturas de (co)variâncias combinado ao índice de seleção para este fim, tanto em termos de adequação aos dados como em termos do objetivo mais comum dos ensaios multiambientes, nomeadamente a seleção de cultivares superiores. Assim, o presente estudo visa: i) testar as diferentes estruturas de (co)variâncias entre as safras para os efeitos genéticos e não genéticos na avaliação de linhagens de feijoeiro em ensaios EMGAE; ii) escolher o modelo que resulte em valores genotípicos mais acurados de linhagens de feijoeiro; iii) comparar a acurácia e a eficiência de seleção de linhagens por meio dos métodos BLUP multiambientes e BLUP uniambiente e iv) selecionar as linhagens superiores com potencial para compor futuros ensaios de Valor de Cultivo e Uso (VCU).

4. MATERIAL E MÉTODOS

4.1. Programa de Melhoramento de feijão preto da UFV

O material genético utilizado neste trabalho é proveniente do PSRFP-UFV. O programa teve início a partir de um dialelo parcial, esquema 5×7, desenvolvido por Moura (2013). O delineamento genético envolveu 12 linhagens de feijão, sendo cinco linhagens de grãos tipo preto e sete de grãos tipo carioca, as quais diferem quanto à arquitetura, resistência a doenças e produtividade de grãos (Tabela 1).

Tabela 1. Descrição dos genitores utilizados nos cruzamentos dialélicos 5×7.

Genitor	Origem	GC	Porte	Resistência
L20	UFV	Preto	Semi-ereto	Ferrugem/Antracnose
Xamego	PESAGRO/Embrapa	Preto	Ereto	Fusariose
TB 94-01	Embrapa	Preto	Ereto	-
BRS Valente	Embrapa	Preto	Ereto	Antracnose
Diamante Negro	Embrapa/EMGOPA	Preto	Semi-ereto	Bacteriose
VC 12	UFV	Carioca	-	Ferrugem
VC 20	UFV	Carioca	Semi-ereto	Ferrugem
BRS Estilo	Embrapa	Carioca	Ereto	Ferrugem
CNFC 10720	Embrapa	Carioca	Ereto	Mofo-branco
MAI 1813	UFLA	Carioca	-	Mancha-angular
VC 16	UFV	Carioca	Semi-ereto	Mancha-angular
RP 1	UFLA	Carioca	Ereto	Fusariose

GC: Grupo comercial. Os cinco primeiros genitores constituíram o grupo 1 e os demais o grupo 2 do dialelo parcial.

Fonte: Moura (2013); - Sem informações.

Com base na capacidade geral e específica de combinação para as características produtividade de grãos e arquitetura de plantas, Moura (2013) selecionou 20 populações segregantes (Tabela 2), as quais constituíram o ciclo zero (C₀) do PSRFP-UFV. De cada uma das 20 populações segregantes, foram selecionadas 19 plantas com maiores valores de diâmetro do hipocótilo e que continham sementes de tegumento preto, dando origem a 380 progênies.

Tabela 2. Relação das 20 potenciais populações segregantes do ciclo zero (C₀) selecionadas por Moura (2013) e informações sobre porte e resistência a doenças de seus genitores.

Pop.	Genitores	Porte	Resistência
1	L20/BRSMG Uai	Semiereto/Ereto	Ferrugem/Murcha-de-fusário
2	L20/BRS Estilo	Semiereto/Ereto	Ferrugem/Ferrugem
3	L20/VC12	Semiereto/ -	Ferrugem/Ferrugem
4	L20/CNFC 10720	Semiereto/Ereto	Ferrugem/Mofo-branco
5	L20/MAI1813	Semiereto/ -	Ferrugem/Mancha-angular
6	L20/VC16	Semiereto/Semiereto	Ferrugem/Mancha-angular
7	Xamego/ BRSMG Uai	Ereto/Ereto	Murcha-de-fusário/Murcha-de- fusário
8	Xamego/BRS Estilo	Ereto/Ereto	Murcha-de-fusário/Ferrugem
9	Xamego/CNFC 10720	Ereto/Ereto	Murcha-de-fusário/Mofo-branco
10	Xamego/MAI1813	Ereto/ -	Murcha-de-fusário/Mancha-angular
11	Xamego/VC16	Ereto/Semiereto	Murcha-de-fusário/Mancha-angular
12	TB 9401/BRSMG Uai	Ereto/Ereto	- /Murcha-de-fusário
13	TB 9401/BRS Estilo	Ereto/Ereto	- /Ferrugem
14	TB 9401/CNFC 10720	Ereto/Ereto	- /Mofo-branco
15	TB 9401/MAI1813	Ereto/ -	- /Mancha-angular
16	BRS Valente/BRSMG Uai	Ereto/Ereto	Antracnose/Murcha-de-fusário
17	BRS Valente/BRS Estilo	Ereto/Ereto	Antracnose/Ferrugem
18	BRS Valente/CNFC 10720	Ereto/Ereto	Antracnose/Mofo-branco
19	BRS Valente/MAI1813	Ereto/ -	Antracnose/Mancha-angular
20	BRS Valente/VC16	Ereto/Semiereto	Antracnose/Mancha-angular

Fonte: Moura (2013); - Sem informações

As 380 progênies, juntamente com os 12 genitores do dialelo e as oito linhagens de grãos pretos (Ouro Negro, Supremo, VP 22, BRS Campeiro, IPR Tuiuiú, IPR Grelha, IPR Tiziu, Meia Noite), foram avaliadas em delineamento em látice triplo 20 × 20, nas safras da seca (progênies F_{3;4}) e do inverno (progênies F_{3;5}) de 2015. Por ocasião da maturação fisiológica, as plantas foram colhidas e, posteriormente, as características avaliadas foram arquitetura de plantas, severidade de mancha-angular, aspecto comercial de grãos e produtividade de grãos (Paula, 2016). Foram selecionadas as melhores progênies, independentemente da população de origem, visando à extração de linhagens. As famílias utilizadas para derivação das linhagens foram selecionadas com base em experimentos conduzidos por Paula (2016), cujo objetivo foi identificar as melhores famílias derivadas de populações F₃ do ciclo C₀ (Tabela 2) para extração

de linhagens. Além disso, foi selecionada a melhor progênie de cada uma das 20 populações para recombinação e obtenção de um novo ciclo de seleção recorrente (C_1), recombinadas no esquema proposto por Bearzoti (1997). Neste esquema, os pares de cruzamentos foram designados conforme um dialelo circulante, onde cada genitor participou de dois cruzamentos. Assim, com a recombinação das 20 populações do ciclo zero (C_0), obteve-se 20 populações referentes ao ciclo um (C_1).

À semelhança do C_0 , foram selecionadas 19 progênies em cada uma das populações, totalizando 380 progênies avaliadas nas safras da seca/2019 e inverno/2020. As linhagens derivadas das progênies recombinadas do C_0 são objeto de estudo deste capítulo enquanto que as progênies do C_1 são objeto de estudo do Capítulo 2 deste trabalho.

4.2. Condução dos experimentos

As linhagens foram avaliadas na Unidade de Ensino, Pesquisa e Extensão de Coimbra (UEPE Coimbra), MG, pertencente ao Departamento de Agronomia da Universidade Federal de Viçosa. A UEPE Coimbra está situada a 690 metros de altitude, 20°45'S de latitude e 42°51'W de longitude. O trabalho aqui proposto conta com as informações coletadas nas safras da seca/2018 (S18), águas/2018 (A18), seca/2019 (S19), águas/2019 (A19) e inverno/2020 (I20), totalizando cinco ambientes de avaliação. Como há desbalanceamento estatístico e genético, os detalhes desses experimentos são apresentados na Tabela 3. A densidade de semeadura para todos ensaios foi de 12 sementes por metro. A adubação e os tratos culturais adotados foram os recomendados para a cultura do feijoeiro na região (Carneiro et al., 2015).

Tabela 3. Descrição dos cinco ensaios avaliados para a seleção de linhagens de feijão preto utilizando delineamento em látice e cinco testemunhas.

Estágio	Ensaio	Safra	NL	NR	Delineamento	Parcela
I	1	Seca/2018	395	2	Látice 20×20	1 linha de 1m
	2	Águas/2018	164	3	Látice 13×13	4 linhas de 1m
	3	Seca/2019	164	3	Látice 13×13	2 linhas de 2m
II	4	Águas/2019	76	3	Látice 9×9	2 linhas de 2m
	5	Inverno/2020	76	3	Látice 9×9	2 linhas de 2m

NR: número de repetições; NL: número de linhagens

4.3. Características avaliadas

Foram avaliados as características produtividade de grãos (PG) e aspecto comercial de grãos (AG) nos cinco ensaios. A arquitetura de plantas (ARQ) foi avaliada nas safras S18, S19 e A19. A produtividade de grãos foi obtida após a colheita, trilhagem, retirada das impurezas e pesagem dos grãos produzidos por parcela. Os valores foram convertidos para quilogramas por hectare (kg ha^{-1}). A arquitetura de plantas foi avaliada, em nível de parcela, por meio de uma escala de notas que varia de 1 a 5 (Tabela 4), conforme descrito por Ramalho et al. (1998).

Tabela 4. Descrição da escala de notas de arquitetura de plantas de Ramalho et al. (1998).

Nota	Descrição
1	Planta ereta com uma haste e poucas ramificações
2	Planta ereta com algumas ramificações e guia curta
3	Planta semiprostrada com ramificações e guia mediana
4	Planta prostrada com ramificações e guia longa
5	Planta completamente prostrada com muitas ramificações e guias muito longas

O aspecto dos grãos também foi avaliado por uma escala de notas, adaptada de Ramalho et al. (1998) (Tabela 5).

Tabela 5. Descrição da escala de notas de aspecto de grãos do tipo carioca, adaptada de Ramalho et al. (1998).

Nota	Descrição
1	Grão tipo preto, sem presença de brilho, não achatado e com formato elíptico
2	Grão tipo preto com deficiência em uma das características mencionadas no padrão
3	Grão tipo preto com deficiência em duas características mencionadas no padrão
4	Grão tipo preto com deficiência em três das características mencionadas no padrão
5	Grão fora do padrão tipo preto

4.4. Análises estatísticas

4.4.1. Modelagem das estruturas de (co)variância

Os BLUP's dos efeitos de linhagens em cada safra foram preditos a partir do modelo linear apresentado a seguir:

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

em que: \mathbf{y} é o vetor de observações fenotípicas das parcelas; $\boldsymbol{\tau}$ é o vetor de efeitos fixos de safras, repetições dentro de safras, testemunhas e interação testemunhas \times safras; \mathbf{u}_g é o vetor de efeitos genotípicos aleatórios de linhagens em cada safra, com $\mathbf{u}_g \sim N(\mathbf{0}, \mathbf{G}_g)$; \mathbf{u}_b é o vetor de efeitos aleatórios de blocos dentro de repetições, com $\mathbf{u}_b \sim N(\mathbf{0}, \mathbf{G}_b)$; \mathbf{e} é o vetor de resíduos aleatórios, com $\mathbf{e} \sim N(\mathbf{0}, \mathbf{R})$; \mathbf{X} , \mathbf{Z}_g e \mathbf{Z}_b são as matrizes de incidência associadas aos efeitos $\boldsymbol{\tau}$, \mathbf{u}_g e \mathbf{u}_b , respectivamente, e \mathbf{G}_g , \mathbf{G}_b e \mathbf{R} são as matrizes de (co)variâncias dos efeitos \mathbf{u}_g , \mathbf{u}_b e \mathbf{e} , respectivamente.

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

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

Foram ajustados cinco modelos lineares mistos considerando diferentes estruturas de (co)variâncias para os efeitos genéticos e não genéticos (blocos e resíduos) (Tabela 6). As diferentes combinações das estruturas de (co)variâncias, associadas aos cinco modelos, são apresentadas na (Tabela 6). Todos estes modelos consideraram o modelo-base apresentado na Eq. [1]. Para a análise conjunta dos ensaios conduzidos nas cinco safras, as seguintes estruturas de (co)variâncias foram adotadas.

Tabela 6. Estruturas de (co)variâncias ajustadas aos efeitos aleatórios.

Matriz de (co)variância	Modelos*				
	1	2	3	4	5
G_g	SC	SC	DIAGH	CORUH	NE
G_b	DIAGH	DIAGH	DIAGH	DIAGH	DIAGH
R	CV	DIAGH	DIAGH	DIAGH	DIAGH

*SC, simetria composta; DIAGH, diagonal heterogênea; CV, componente de variância; CORUH, correlação uniforme e variâncias heterogêneas; NE, não estruturada.

SC – Simetria composta: variâncias e covariâncias constantes, erros independentes.

$$\begin{bmatrix} (\sigma_g^2 + \sigma_{ga}^2) & \sigma_1^2 & \sigma_1^2 \\ \sigma_1^2 & (\sigma_g^2 + \sigma_{ga}^2) & \sigma_1^2 \\ \sigma_1^2 & \sigma_1^2 & (\sigma_g^2 + \sigma_{ga}^2) \end{bmatrix}$$

CV – Componente de variância: variâncias iguais e observações independentes.

$$\begin{bmatrix} \sigma^2 & 0 & 0 \\ 0 & \sigma^2 & 0 \\ 0 & 0 & \sigma^2 \end{bmatrix}$$

DIAGH: Diagonal heterogênea: variância genética distinta para cada ambiente e ausência de correlação genética entre ambientes

$$\begin{bmatrix} \sigma_{11}^2 & 0 & 0 \\ 0 & \sigma_{22}^2 & 0 \\ 0 & 0 & \sigma_{33}^2 \end{bmatrix}$$

CORUH: Correlação uniforme com variâncias heterogêneas.

$$\begin{bmatrix} \sigma_{11}^2 & \sigma & \sigma \\ \sigma & \sigma_{22}^2 & \sigma \\ \sigma & \sigma & \sigma_{33}^2 \end{bmatrix}$$

NE: Não-estruturada: todas as variâncias e covariâncias podem ser desiguais. Matriz completamente geral e parametrizada

$$\begin{bmatrix} \sigma_{11}^2 & \sigma_{21} & \sigma_{31} \\ \sigma_{12} & \sigma_{22}^2 & \sigma_{32} \\ \sigma_{13} & \sigma_{23} & \sigma_{33}^2 \end{bmatrix}$$

A estimação dos componentes de variância foi realizada com o auxílio do procedimento REML e teste de razão de verossimilhanças (LRT) para verificar a significância das estruturas (componente de variância, SC, NE e DIAG) por meio da estatística qui-quadrado (χ^2) com ν graus de liberdade (Resende, 2007; Mariguelo et al., 2011), onde ν é a diferença entre o número de parâmetros dos modelos comparados. Os cinco modelos foram comparados por meio do Critério de Informação de Akaike (AIC), de modo que, o modelo com melhor ajuste aos dados é o que apresenta o menor valor de AIC (Akaike, 1974), dado a seguir:

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

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

Após a escolha do modelo com melhor ajuste, obteve-se as predições dos valores genotípicos (*Best Linear Unbiased Prediction - BLUP*) das linhagens e realizou-se a seleção das melhores linhagens com base no ganho de seleção, o qual foi estimado de acordo com a seguinte fórmula:

$$GS(\%) = 100 \left(\frac{\sum_{i=1}^5 \bar{u}_{g_i}}{5\hat{\mu}} \right) \quad [4],$$

em que \bar{u}_{g_i} são as médias dos BLUP's da linhagem nas cinco safras avaliadas; $\hat{\mu}$ é a média geral.

4.4.2. Estimação de parâmetros genéticos e não genéticos

As correlações genéticas entre safras, considerando o desempenho das linhagens com relação a um mesmo caráter (PG, AG ou ARQ) em safras diferentes, foram estimadas utilizando-se os parâmetros da matriz de (co)variância G_t .

$$r_G = \frac{\sigma_{g_{ij}}}{\sqrt{\sigma_{g_i}^2 \times \sigma_{g_j}^2}} \quad [5],$$

em que: $\sigma_{g_{ij}}$ é a covariância genética de linhagens entre o par de safra ij ; $\sigma_{g_i}^2$ é a variância genética entre linhagens na safra i ; $\sigma_{g_j}^2$ é a variância genética entre linhagens na safra j .

A estimativa da herdabilidade (h^2) generalizada em modelos mistos lineares complexos não é direto (Cullis et al., 2006). Neste trabalho, a herdabilidade generalizada para cada ensaio foi calculada a partir da seguinte expressão:

$$h^2 = 1 - \frac{PPEV}{2\sigma_{g_t}^2} \quad [6],$$

em que: $PPEV$ significa "Average Pairwise Prediction Error Variance"; $\sigma_{g_t}^2$ é a variância genotípica do ensaio t (Cullis et al., 2006).

A acurácia seletiva foi calculada por meio da equação de Henderson (1984), utilizando o estimador para ensaios desbalanceados como apresentado a seguir:

$$r_{\hat{g}g} = \sqrt{1 - \frac{PEV}{\sigma_g^2}} \quad [7],$$

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

$$CI(\hat{\sigma}_x^2)_{0.95} = \hat{\sigma}_x^2 \pm 1.96SE \quad [8],$$

em que: $\hat{\sigma}_x^2$ é o parâmetro associado ao efeito x e SE é o erro padrão da estimativa do parâmetro.

4.4.3. Decomposição da interação $G \times A$

O componente da interação $G \times A$ foi decomposto em sua parte simples e complexa, seguindo a metodologia de Cruz e Castoldi (1991), os quais consideram que as interações entre os pares de ambientes com os genótipos possuem fração simples quando apresentarem porcentagem abaixo de 50%. A expressão proposta por Cruz e Castoldi (1991) é a seguinte:

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

em que: $\frac{1}{2} (\sqrt{V_{Li}} - \sqrt{V_{Li'}})^2 + k\sqrt{V_{Li} V_{Li'}}$ é a parte simples da interação, sendo $k = 1 - r_{G12} - \sqrt{(1 - r_{Gi,i'})^3}$; $\sqrt{(1 - r_{Gi,i'})^3 V_{Li} V_{Li'}}$ é a parte complexa da interação; V_{Li} , $V_{Li'}$ correspondem às variâncias entre linhagens nas épocas i e i' , respectivamente; $r_{Gi,i'}$ é a correlação genética entre linhagens nas épocas i e i' .

Ressalta-se que para extrair as covariâncias entre os pares de ambientes e, então, decompor a interação $G \times A$ para cada característica, o modelo 5 - NE (Tabela 6) foi adotado.

4.4.4. Seleção de linhagens via índice FAI-BLUP

Comparou-se a seleção das 20 melhores linhagens pelos métodos BLUP uniambiente e BLUP multiambientes. Em ambos os métodos, considerou-se cada característica avaliada em diferentes ambientes como uma nova variável utilizada na seleção simultânea por meio do índice FAI-BLUP. Para o BLUP multiambientes adotou-se a modelagem das estruturas de (co)variâncias por meio da análise conjunta dos cinco ambientes. Para o BLUP uniambiente, as médias genotípicas foram extraídas a partir da análise individual como disposto no modelo 3 (Tabela 6). A eficiência relativa da abordagem multiambiente em relação a uniambiente foi estimada de acordo com Filho et al. (2016):

$$Ef(\%) = 100 \frac{\hat{r}\hat{g}g(m) - \hat{r}\hat{g}g(u)}{\hat{r}\hat{g}g(u)} \quad [10],$$

em que, $\hat{r}\hat{g}g(m)$ e $\hat{r}\hat{g}g(u)$ são as estimativas de acurácia seletiva nas análises multiambiente e uniambiente, respectivamente.

O índice FAI-BLUP baseia-se na análise de fatores e na distância genótipo-ideótipo para classificar genótipos de forma multicaracterística (Rocha et al., 2018). Os ideótipos foram definidos considerando o sentido desejável e indesejável para as características conforme apresentado na Tabela 7, de acordo com os objetivos do programa de melhoramento. Para as variáveis ARQ e AG, valores de média genotípica mínimos são desejados, uma vez que as escalas de notas utilizadas (Tabelas 4 e 5, respectivamente) consideram a nota 1 como referente a plantas mais eretas e com grãos de padrão comercial tipo preto. Já para PG, o ideótipo estabelecido é de máxima média genotípica observada nos experimentos.

Tabela 7. Níveis relativos a cada variável para estabelecimento dos ideótipos desejável e indesejável utilizados como critérios no índice FAI-BLUP.

Ideótipo	ARQ	PG	AG
Desejável	Mínimo	Máximo	Mínimo
Indesejável	Máximo	Mínimo	Máximo

4.5. Softwares estatísticos

Os cinco modelos foram ajustados por meio da rotina implementada no software de modelos Mistos Echidna (Gilmour et al. 2020). A estimativa da herdabilidade foi obtida conforme rotina fornecida por Oakey et al. (2016) com o auxílio do software R versão 4.0.4 (R Core Team, 2021). As etapas envolvidas na análise de fatores e no índice FAI-BLUP foram realizadas conforme a rotina fornecida por Rocha et al. (2018) por meio do software R.

5. RESULTADOS E DISCUSSÃO

5.1. Escolha do modelo de melhor ajuste

O modelo 4 apresentou o menor valor de AIC (Tabela 8) tanto para a característica aspecto comercial de grãos (AG) quanto para arquitetura de planta (ARQ). Além disso, observou-se efeito significativo pelo teste de LRT (teste χ^2), a 1% de probabilidade, para esta estrutura de (co)variâncias. Estes resultados indicam que o modelo 4 se ajustou melhor aos dados de AG e ARQ, evidenciando a heterogeneidade de variância genética e a correlação uniforme dos efeitos genéticos entre os ensaios para estas características.

Para a característica produtividade de grãos (PG), o modelo não estruturado (5) foi o que apresentou o melhor ajuste ao conjunto de dados, sendo o mais indicado. O modelo 5 apresenta a estrutura de (co)variâncias mais complexa, que considera heterogeneidade de variâncias através dos ambientes e todas as possíveis covariâncias específicas entre pares de ambientes (Oliveira et al., 2020). Para t ambientes, a matriz não estruturada compreende $t(t+1)/2$ covariâncias distintas (Meyer, 2009). Embora o modelo 5 apresente maior quantidade de parâmetros (componentes de variância-covariância) a serem estimados (Smith et al., 2005), a associação desta matriz de (co)variâncias com o índice de seleção permite capitalizar a interação G×A fornecendo um ranqueamento mais assertivo das linhagens. Isto significa maior eficiência na seleção quando comparada à seleção com base apenas na média das linhagens.

5.2. Estimativas de parâmetros genéticos

As estimativas de parâmetros relativas ao modelo 1 (Tabela 9) são apresentadas apenas para efeito de comparação com os modelos de melhor ajuste para análise dos dados (Tabela 10). Com base no modelo 1, estimou-se um único componente de variância genotípica a partir do comportamento médio das linhagens avaliadas nas cinco safras. De acordo com o intervalo de confiança, observou-se que o componente de variância genotípica teve efeito significativo para PG e ARQ, porém, não significativo para AG. Entretanto, considerando o modelo 4, houve efeito significativo do componente de variância genotípica para AG nas quatro das cinco safras em que as linhagens foram avaliadas. Estes resultados indicam que a interação G×A consumiu parte da variabilidade genotípica manifestada entre as linhagens em cada uma das cinco safras considerando a característica AG. Pereira et al. (2012) relataram a ocorrência de interação G×A com efeito significativo para várias características de importância agrônômica na cultura do feijoeiro.

Tabela 8. Número de parâmetros (NP), critério de informação de Akaike (AIC), logaritmo do ponto de máximo da função de máxima verossimilhança e teste de razão de verossimilhança para os cinco modelos ajustados para a produtividade de grãos (PG), aspecto de grãos (AG) e arquitetura de planta (ARQ) de linhagens de feijão preto.

Modelos	NP	PG			AG			NP	ARQ		
		AIC	LogL	LRT	AIC	LogL	LRT		AIC	LogL	LRT
1	8	31.863,50	-15.923,77	-	-3.213,50	1.614,75	-	6	-699,93	355,96	-
2	12	31.445,00	-15.710,50	426,54*	-3.403,00	1.713,51	197,51*	8	-819,69	417,84	123,76*
3	15	31.401,60	-15.685,78	49,44*	-3.439,50	1.734,76	42,50*	9	-772,54	395,27	45,14*
4	16	31.341,20	-15.654,62	62,32*	-3.498,10	1.765,05	60,57*	10	-853,92	436,96	83,38*
5	25	31.336,90	-15.643,44	22,36*	-3.492,50	1.771,25	12,40*	12	-851,47	437,73	1,54 ^(p=0.21)

* $p < 0.01$

Dessa forma, o modelo de melhor ajuste (4) é mais adequado para análise do conjunto de dados referente à AG, pois considera as diferentes estimativas de variâncias genótípicas manifestadas em cada safra, bem como de covariância entre o desempenho genotípico das linhagens. Pelo modelo 4, a safra A19 apresentou efeito não significativo para o componente de variância genética de AG. Segundo Oliveira et al. (2012) os feijões cultivados na safra das águas geralmente produzem grãos de qualidade inferior, dificultando a discriminação assertiva dos genótipos. As diferenças ambientais entre a safra de inverno, cujo cultivo é irrigado, e a safra das águas, cujo cultivo é sob regime sequeiro, por exemplo, implicam na ocorrência de estresses bióticos e abióticos que limitam a produtividade da cultura e, conseqüentemente, dificultam discriminar os genótipos adequadamente. Essa heterogeneidade de variâncias, a qual é função do ambiente, favorece a interação $G \times A$ (Melo et al., 2020). Assim, a existência de variabilidade dentro de um ambiente e não em outro pode ser melhor corrigida utilizando o modelo 4 (Tabela 8), que assume heterogeneidade de variâncias.

Apenas o par de ambientes S18 e I20 apresentou efeito não significativo de covariância genotípica para a característica PG (Tabela 10). Os demais pares de ambientes apresentaram efeito significativo para este componente. Estes resultados justificam o modelo 5 como o de melhor ajuste para PG. Modelos com matriz de (co)variâncias não estruturada na análise de ensaios que envolvem a avaliação de linhagens em diferentes ambientes permitem melhor acomodar os efeitos da interação $G \times A$. Para AG, houve efeito não significativo de covariância genética entre os pares de ambientes que envolveram a safra A19, o que era esperado uma vez que o componente de variância genotípica teve efeito não significativo nesta safra. Para ARQ, houve efeito significativo de covariância entre todos os pares de safras envolvidos.

As estimativas de herdabilidade a partir do modelo de melhor ajuste para as três características avaliadas estão apresentadas na Figura 1. As estimativas de herdabilidade apresentaram menor magnitude quando estimadas com base no modelo 4 e 5 comparadas ao modelo 1 (Tabela 9 e Figura 1). A adoção de modelos inadequados pode superestimar a herdabilidade (Schmidt et al., 2019). Assim, embora a estimativa de herdabilidade do modelo 1 seja superior, esta não é confiável por ser estimada a partir do modelo de pior ajuste (Tabela 8). Para PG, as estimativas de herdabilidade variaram de 0,38 (I20) a 0,63 (S18; Figura 1).

Tabela 9. Resumo das estimativas de parâmetros genéticos e não genéticos do modelo 1 [SC para o efeito genético para as características produtividade (PG), aspecto comercial de grãos (AG) e arquitetura de plantas (ARQ)].

Parâmetros	PG (kg.ha ⁻¹)			AG (notas)			ARQ (notas)		
	LIC	Estimativas	LSC	LIC	Estimativas	LSC	LIC	Estimativas	LSC
$\hat{\sigma}_g^2$	161.529,31	220.593,4	279.657,4904	$-2,24 \times 10^{-8}$	$2,48 \times 10^{-8}$	$2,72 \times 10^{-8}$	0,08	0,11	0,13
$\hat{\sigma}_{ga}^2$	74.516,10	103.994	133.471,8904	0,012	0,017	0,02	-0,004	0,009	0,02
$\hat{\sigma}_e^2$	262.436,238	284.335,2	306.234,1624	0,04	0,05	0,05	0,13	0,14	0,15
h^2		0,87			-			0,77	
$r_{\hat{g}g}$		0,76			0,67			0,77	

Tabela 10. Resumo das estimativas de parâmetros genéticos e não genéticos do modelo 5 (NE para o efeito genético) para a característica produtividade de grãos e do modelo 4 (CORUH para o efeito genético) para as características aspecto comercial de grãos e arquitetura de plantas.

Parâmetros	PG			AG			ARQ		
	(kg.ha ⁻¹) modelo 5			(notas) modelo 4			(notas) modelo 4		
	LIC	Estimativas	LSC	LIC	Estimativas	LSC	LIC	Estimativas	LSC
$\hat{\sigma}_{gA18}^2$	262.061,7	371.421,10	480.780,5	0,021	0,034	0,047	-	-	-
$\hat{\sigma}_{gS18}^2$	224.399,67	313.610,90	402.822,1	0,017	0,02	0,030	0,091	0,128	0,165
$\hat{\sigma}_{gA19}^2$	70.557,79	127.470,00	184.382,2	-0,014	0,003	0,021	0,068	0,115	0,163
$\hat{\sigma}_{gS19}^2$	33.496,53	50.850,77	68.205,01	0,011	0,019	0,027	0,023	0,038	0,053
$\hat{\sigma}_{gI20}^2$	76.015,41	154.585,20	233.155,00	0,100	0,157	0,213	-	-	-
$\hat{\sigma}_{gA18:S18}$	11.441,42	108.902,20	206.363,00	0,009	0,017	0,024	-	-	-
$\hat{\sigma}_{gA18:A19}$	100.232,96	165.735,20	231.237,4	-0,018	-0,006	0,005	-	-	-
$\hat{\sigma}_{gA18:S19}$	19.564,01	51.320,37	83.076,73	0,007	0,014	0,021	-	-	-
$\hat{\sigma}_{gA18:I20}$	7.063,21	83.798,65	160.534,10	0,023	0,045	0,067	-	-	-
$\hat{\sigma}_{gS18:A19}$	61.899,43	136.166,80	210.434,20	-0,017	-0,007	0,002	0,060	0,099	0,138
$\hat{\sigma}_{gS18:S19}$	60.739,92	97.079,84	133.419,80	0,002	0,007	0,013	0,043	0,063	0,083
$\hat{\sigma}_{gS18:I20}$	-83.241,29	15.537,55	114.316,40	0,025	0,042	0,060	-	-	-
$\hat{\sigma}_{gA19:S19}$	27.601,11	52.493,04	77.384,97	-0,013	-0,004	0,004	0,041	0,064	0,086
$\hat{\sigma}_{gA19:I20}$	31.804,09	82.360,00	132.915,90	-0,029	-0,008	0,012	-	-	-
$\hat{\sigma}_{gS19:I20}$	14.121,74	44.985,08	75.848,42	0,001	0,017	0,033	-	-	-
$\hat{\sigma}_{eA18}^2$	279.842,56	332.455,40	385.068,20	0,056	0,066	0,076	-	-	-
$\hat{\sigma}_{eS18}^2$	428.944,61	501.736,80	574.529,00	0,028	0,033	0,037	0,178	0,209	0,239
$\hat{\sigma}_{eA19}^2$	33.496,53	133.985,90	133.419,8	0,095	0,124	0,152	0,08	0,10	0,12
$\hat{\sigma}_{eS19}^2$	56.291,25	66.940,20	77.589,14	0,034	0,040	0,047	0,065	0,077	0,089
$\hat{\sigma}_{eI20}^2$	203.240,86	260.273,80	317.306,70	0,054	0,071	0,088	-	-	-

LIC limite inferior de confiança, LSC limite superior de confiança, $\hat{\sigma}_g^2$ variância genotípica entre progênies, $\hat{\sigma}_g$ covariância entre pares de safras, $\hat{\sigma}_e^2$ variância residual. PG: produtividade de grãos; AG: aspecto comercial de grãos; ARQ: arquitetura de plantas; - dado não coletado.

Para AG, a menor estimativa de herdabilidade foi observada na safra da S19 (0,43) enquanto que a maior foi observada na safra da S18 (0,60). As estimativas de herdabilidade para ARQ apresentaram menor variação entre as safras, sendo que o valor de maior magnitude foi de 0,62 (A19) e o de menor magnitude foi de 0,64 (S19). Conforme escala proposta por Resende (2015), as herdabilidades encontradas neste trabalho foram caracterizadas como de moderada a alta magnitude. Essas estimativas de herdabilidade indicam uma correlação de moderada a alta entre o genótipo e o fenótipo, constituindo um cenário favorável para a seleção (Alves et al., 2019).

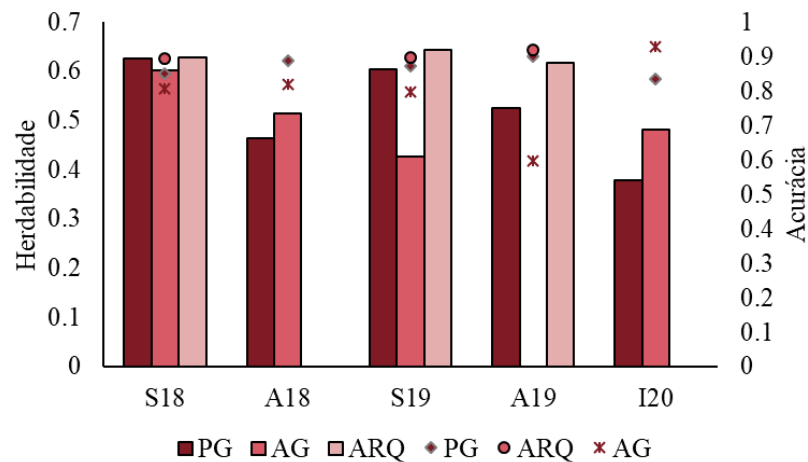


Figura 1. Estimativas de herdabilidade (gráfico de barras) e acurácia (gráfico de pontos) para as características produtividade (PG), aspecto comercial de grãos (AG) e arquitetura de planta (ARQ) avaliados em linhagens de feijão preto nas safras seca/2018 (S18), águas/2018 (A18), seca/2019 (S19), águas/2019 (A19) e inverno/2020 (I20).

As estimativas de acurácia seletiva variaram de 0,83 (I20) a 0,91 (A19) para a característica PG; de 0,60 (A19) a 0,93 (I20) para AG e de 0,90 (S18) a 0,92 (A19) para a característica ARQ (Figura 1). Resende e Duarte (2007) relatam que a acurácia nas fases intermediárias de um programa de melhoramento deve ser de pelo menos 0,7, enquanto que nas fases finais do programa deve ser igual ou superior a 0,9. Além disso, segundo os mesmos autores, estimativas de acurácia entre 0,7 a 0,9 são consideradas altas. A acurácia seletiva é uma importante ferramenta aos melhoristas, uma vez que ela corresponde a correlação entre os valores fenotípicos com os valores genéticos, sendo importante para inferir sobre a confiabilidade do valor fenotípico como indicador do valor genotípico. Estimativas altas de acurácia significam alta qualidade experimental uma vez que a estimativa de acurácia considera tanto a variação residual quanto a variação de natureza genética (Resende e Duarte, 2007). Melo et al. (2020)

ao testarem diferentes estruturas de (co)variâncias na análise de ensaios desbalanceados concluíram que a escolha do modelo com maior acurácia do valor genotípico resultou em estimativas mais acuradas de herdabilidade e de acurácia.

5.3. Correlação genética e partição da interação G×A

As estimativas da correlação genética entre pares de ambientes (Figura 2), extraídas com base no modelo 5 (US), reafirmam a presença de interação G×A. A correlação genética entre os pares de ambientes para PG variou de 0,07 a 0,77. Para AG e ARQ a correlação genética variou de 0,31 a 0,69 e de 0,81 a 0,96, respectivamente. Os coeficientes de correlação genética para a característica PG (Figura 2-A), foram não significativos e de baixa magnitude (0,07) para o par de ambientes seca/2018 e inverno/2020 (S18, I20), indicando predominância de interação do tipo complexa. Para os demais pares de ambientes e características, os coeficientes de correlação genética foram significativos. A existência de correlação entre safras demonstra que elas não são independentes e reforça a importância da modelagem de estruturas de (co)variâncias a fim de aumentar a eficiência do modelo uma vez que mitiga os efeitos da interação G×A (Melo et al., 2020).

De modo geral, as correlações de maior magnitude foram observadas entre os pares de ambientes envolvendo as mesmas safras e menores entre os pares de ambientes envolvendo safras diferentes. Estudos têm demonstrado que o principal efeito da interação G×A na produtividade de grãos em feijoeiro é o efeito de safras, devido a ocorrência de diferentes doenças influenciadas pelas condições climáticas características de cada safra, as quais podem afetar o tamanho, massa e a cor dos grãos (Torga et al., 2013; Pereira et al., 2004).

Os resultados encontrados para correlação genética seguiram aqueles encontrados na decomposição da interação G×A. Estimativas de baixa magnitude de correlação genética indicam a predominância da fração complexa da interação G×A (Elias et al., 2016), como observado na Figura 2. Segundo Robertson (1959), a interação complexa é devida a ausência ou baixa correlação genética entre os genótipos nos pares de ambientes. Esta fração da interação G×A tem grande importância no melhoramento uma vez que resulta na alteração da posição no ranking dos genótipos ao longo dos ambientes. Isto ocorre porque há diferenças na variabilidade dos genótipos entre safras (Zhang et al., 2015).

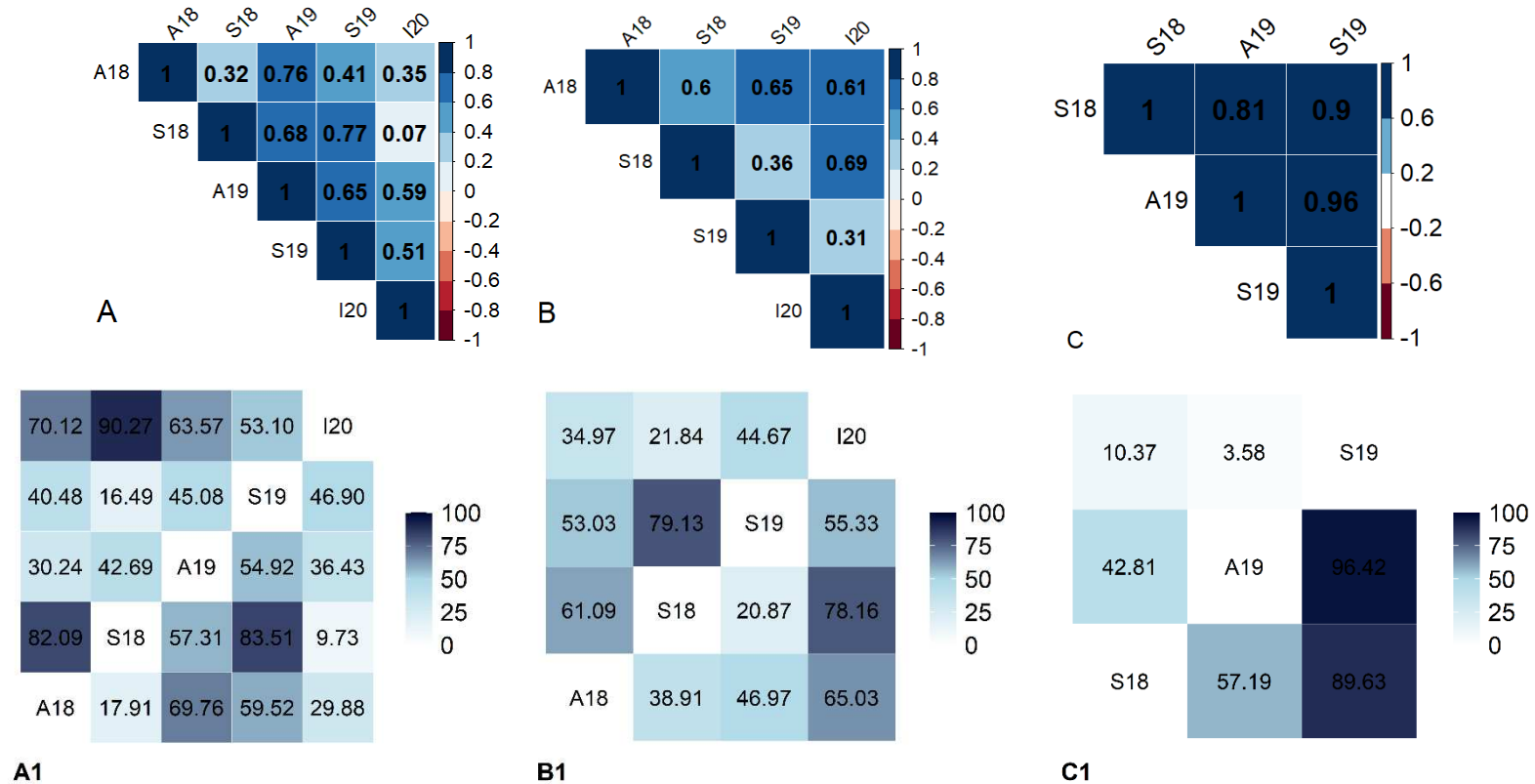


Figura 2. Correlação genética entre os pares de ambientes avaliados para produtividade de grãos (A), aspecto comercial de grãos (B) e arquitetura de plantas (C). Decomposição da interação G×A em sua parte simples (abaixo da diagonal) e complexa (acima da diagonal) para produtividade de grãos (A1), aspecto comercial de grãos (B1) e arquitetura de plantas (C1). A18: águas/2018; S18: seca/2018; A19: águas/2019; S19: seca/2019; I20: inverno/2020.

Por outro lado, alta correlação genética entre pares de ambiente, como observado para a característica ARQ (Figura 2-C), indica predominância da fração simples da interação G×A (Figura 2-C1). Dessa forma, quanto maior for a correlação genética menor será a alteração da classificação dos genótipos entre pares de safras e maior será a fração de natureza simples da interação G×A.

5.4. Análise de fatores e seleção de linhagens via índice FAI-BLUP

Pretende-se nesta seção, além de apresentar as linhagens selecionadas, comparar os resultados obtidos com o índice FAI-BLUP a partir do BLUP uniambiente, sem modelar as estruturas de (co)variâncias, com os resultados do mesmo índice utilizando o BLUP multiambientes. Considerando a seleção feita a partir do BLUP multiambientes, os três primeiros autovalores explicaram 81,02% da variância total entre as linhagens a partir das doze variáveis dadas pelas características avaliadas ao longo dos ambientes (Tabela 11). Por outro lado, considerando a seleção feita a partir do BLUP uniambiente, os três primeiros autovalores explicaram apenas 57,40% da variação total entre as linhagens. Segundo critério de Kaiser (1958), o número de fatores é definido pelo número de autovalores iguais ou superiores à unidade. Assim, três fatores foram utilizados no índice FAI-BLUP visando a seleção das linhagens com base no BLUP multiambientes e no BLUP uniambiente.

Tabela 11. Autovalores e variância acumulada (VA) explicada pelos componentes principais (CP's) utilizando BLUP uniambiente e multiambiente.

CP	BLUP multiambiente		BLUP uniambiente	
	Autovalor	VA (%)	Autovalor	VA (%)
1	4,406	36,717	2,91	24,27
2	3,253	63,824	2,18	42,48
3	2,063	81,019	1,79	57,40
4	0,794	87,640	1,09	66,52
5	0,582	92,488	0,81	73,27
6	0,321	95,161	0,70	79,12
7	0,254	97,277	0,61	84,22
8	0,217	99,087	0,55	88,78
9	0,102	99,936	0,47	92,71
10	0,005	99,980	0,36	95,74
11	0,002	99,999	0,30	98,25
12	0,000	100,000	0,21	100,00

A partir das cargas fatoriais, que indicam a correlação de cada variável com um determinado fator, observou-se que o fator 1 foi constituído pela variável resultante da avaliação da característica PG, enquanto que os fatores 2 e 3 foram constituídos pelas variáveis resultantes da avaliação das características AG e ARQ (Tabela 12), respectivamente. O grupo de variáveis em cada fator tem alta correlação entre si e baixa correlação com as variáveis dos outros fatores (Rocha et al., 2018). Ressalta-se que as cargas fatoriais finais referentes as características PG, AG e ARQ apresentaram o mesmo sinal em cada fator. Este resultado indica o potencial dos três fatores para a prática da seleção visando o melhoramento destas características nos ambientes considerados, o que permite, portanto, capitalizar o efeito da interação $G \times A$ no processo de seleção. Por meio da análise de fatores, que produz eixos não correlacionados ou ortogonais entre os fatores finais, são gerados escores livres de multicolinearidade (Dormann et al., 2013).

Com base na seleção feita a partir do BLUP multiambientes, os três fatores apresentaram valores de comunalidade variando de 0,65 a 0,99 (Tabela 12). De modo geral, as variáveis apresentaram altos valores de comunalidade no BLUP multiambientes. Isto indica que alta proporção da variação está sendo explicada pelos fatores (Oliveira et al., 2020). Por outro lado, a seleção feita a partir do BLUP uniambiente apresentou comunalidade mínima igual a 0,37 e máxima equivalente a 0,76. Isto sugere que o BLUP uniambiente reduziu a proporção da variação entre os genótipos que é explicada pelos fatores comuns.

O BLUP multiambientes apresentou acurácia superior ao uniambiente (Tabela 12) resultando, portanto, em eficiência de seleção positiva com média geral igual a 13,95%. A análise via modelo multivariado tem demonstrado vantagens em relação ao modelo univariado, proporcionando maior precisão na estimação de parâmetros como herdabilidade e acurácia seletiva, assim como na predição dos valores genotípicos, pois considera simultaneamente uma quantidade maior de dados e utiliza as correlações genéticas e residuais entre as características nas estimações (Mendonça et al., 2016; Alves et al., 2018; Ematné et al., 2018). Em contrapartida, segundo Sobreira (2009), em situações em que as herdabilidades das características entre os ambientes são semelhantes e as características são favoravelmente correlacionadas, a análise com modelo que considera múltiplas características poderá não fornecer um incremento significativo no valor da acurácia das avaliações.

Tabela 12. Cargas fatoriais, comunalidade (Co), acurácia seletiva (AS) e eficiência de seleção (*Ef*) para as características arquitetura de plantas (ARQ), produtividade de grãos (PG) e aspecto comercial dos grãos (AG) avaliadas nas safras consideradas.

Ambiente*	Variável	BLUP multiambientes					BLUP uniambiente					<i>Ef</i>
		Fatores					Fatores					
		1	2	3	Co	AS	1	2	3	Co	AS	
S18	PG	-0,81	-0,08	0,02	0,66	0,85	-0,53	0,08	-0,51	0,55	0,70	21,42
	AG	-0,06	-0,87	-0,14	0,79	0,81	-0,19	0,68	0,06	0,51	0,71	14,08
	ARQ	0,15	0,07	0,98	0,99	0,90	-0,05	0,08	-0,78	0,61	0,71	26,76
A18	PG	-0,76	-0,14	-0,18	0,64	0,89	-0,69	0,18	0,16	0,54	0,86	3,49
	AG	0,11	-0,89	0,08	0,81	0,82	0,21	0,74	-0,09	0,59	0,78	5,13
S19	PG	-0,88	0,11	-0,11	0,80	0,87	-0,67	-0,12	0,08	0,47	0,77	12,98
	AG	0,08	-0,82	-0,16	0,70	0,80	0,18	0,43	0,38	0,37	0,73	9,58
	ARQ	0,18	0,07	0,97	0,99	0,90	0,38	-0,09	-0,77	0,76	0,72	25,00
A19	PG	-0,94	0,01	-0,18	0,92	0,91	-0,84	-0,01	0,04	0,71	0,82	10,97
	ARQ	0,17	0,08	0,97	0,99	0,91	0,35	-0,05	-0,71	0,63	0,85	7,05
I20	PG	-0,71	0,28	-0,24	0,64	0,83	-0,51	-0,44	0,16	0,48	0,64	29,68
	AG	-0,07	-0,87	-0,02	0,76	0,93	-0,11	0,79	0,02	0,65	0,92	1,08

*S18: seca/2018; A18: águas/2018; S19: seca/2019; A19: águas/2019; I20: inverno/2020.

Ao comparar o ranking do índice de seleção via BLUP multiambientes e uniambiente (Tabela 13), observou-se que a ordem das linhagens selecionadas foi alterada. Considerando a seleção das 20 linhagens de melhor desempenho com base no BLUP uniambiente, a linhagem 342 não foi selecionada uma vez que ficou na 22^a posição do ranking. Por outro lado, ao adotar o BLUP multiambientes, a linhagem 342 ocupou a posição 18^a do ranking e, portanto, ficou entre as 20 linhagens de melhor desempenho para dar continuidade ao programa de melhoramento. No lugar da linhagem 342, a linhagem 315 seria selecionada na 20^a posição do BLUP uniambiente (dado não apresentado). A linhagem 315 pertence à população 17 e suas médias genotípicas podem ser visualizadas no Anexo 1. Observou-se que o desempenho da linhagem 342 não foi uniforme em todos os ambientes uma vez que em algumas safras ela teve melhor desempenho que a linhagem 315 enquanto que em outras, não. Isso reforça a existência da interação G×A e a importância de modelar as estruturas de (co)variâncias para melhor acomodar os seus efeitos (Smith et al., 2005; Smith et al., 2015).

Tabela 13. Comparação do ranking do BLUP multiambientes e uniambiente das 20 linhagens de melhor desempenho selecionadas com base no índice FAI-Blup e seus respectivos ganhos de seleção.

BLUP multiambientes	BLUP uniambiente	Linhagem	População	GS(%)
1	2	197	13	1,40
2	1	86	6	1,78
3	4	89	6	1,27
4	3	312	17	2,07
5	7	307	17	1,31
6	9	207	13	0,72
7	6	219	13	0,66
8	18	295	17	2,39
9	12	204	13	1,14
10	13	357	19	1,44
11	11	304	17	1,52
12	16	203	13	1,14
13	5	367	20	4,68
14	15	216	13	1,00
15	8	220	13	1,86
16	10	205	13	1,68
17	19	212	13	2,88
18	22	342	19	1,32
19	17	223	13	0,68
20	14	206	13	1,29

Outro aspecto importante que deve ser levado em consideração é verificar se uma estratégia prioriza genótipos aparentados em detrimento de outra. O sucesso no desenvolvimento de linhagens está na presença de diversidade (Nkhata et al., 2020). Dar sequência ao programa de melhoramento com linhagens boas e divergentes aumenta a probabilidade de obter genótipos que tenham bom desempenho para múltiplas características não diretamente mensuradas no programa de melhoramento. Por isso, é importante priorizar metodologias que favoreçam genótipos superiores e divergentes. O índice FAI-BLUP, realizado a partir do BLUP uniambiente, selecionou uma linhagem da população 19 e da 20; duas linhagens da população 6; cinco linhagens da população 17 e onze linhagens da população 13. O índice FAI-BLUP, realizado a partir do BLUP multiambientes, selecionou uma linhagem da população 20; duas linhagens da população 6 e da 19; quatro linhagens da população 17 e onze linhagens da população 13. Dessa forma, as mesmas quatro populações foram representadas entre as vinte linhagens selecionadas a partir do BLUP uniambiente e multiambiente.

De modo geral, as linhagens selecionadas nas metodologias BLUP multiambientes e uniambiente foram equivalentes. Viana et al. (2010), ao considerarem as características de rendimento de grãos e capacidade de expansão em grãos de milho-pipoca para a seleção dentro de famílias de meio-irmãos, também observaram que o modelo multivariado resultou nos mesmos indivíduos selecionados no modelo univariado. A coincidência entre as linhagens selecionadas é justificada pelas estimativas semelhantes de herdabilidade e acurácia nos experimentos (Figura 1) indicando que a precisão com que se avaliou as características em cada ambiente é parecida. Assim, quando as estimativas de herdabilidade são semelhantes, as características são favoravelmente correlacionadas e possuem valores semelhantes de correlação genética e residual, a adoção do modelo multivariado pode não fornecer um aumento significativo na acurácia dos valores genéticos, resultando em equivalência de indivíduos selecionados (Bauer; Léon, 2008; Viana et al., 2010; Volpato et al., 2019).

Adotar o BLUP uniambiente equivale admitir que não há associação entre ambientes, o que pode não ser verdadeiro. Por outro lado, a abordagem multiambiente leva em consideração a associação existente entre safras, de modo que as características não são mais independentes, e isto é incorporado no índice FAI-BLUP. Observou-se neste trabalho que o BLUP multiambientes aumentou a comunalidade (Tabela 12), o que implica em maior proporção da variação total entre as linhagens sendo explicada pela análise multiambiente. Além disso, esta abordagem resultou em maior eficiência de seleção sendo, portanto, uma importante ferramenta para aumentar a resposta à seleção de linhagens superiores em programas de melhoramento.

O BLUP multiambientes foi eficiente na seleção de linhagens com elevado potencial para compor futuros ensaios de VCU em Minas Gerais. As linhagens 367, 212, 295 e 312 apresentaram os maiores valores de ganhos de seleção (4,67, 2,87, 2,39 e 2,07%, respectivamente). A partir das quatro linhagens selecionadas, três populações foram representadas o que indica manutenção da diversidade genética. Portanto, estas linhagens possuem alto potencial para compor futuros ensaios de VCU. Em algumas safras foi possível identificar linhagens com produtividade superior à testemunha Ouro Negro, cultivar de maior potencial produtivo no experimento (Tabela 1 - Anexo 1). Quanto ao aspecto comercial de grãos, as linhagens apresentaram notas próximas a 2, indicando bom potencial quanto a esse atributo. Além disso, a arquitetura de planta das linhagens selecionadas foi semelhante às testemunhas de porte ereto, BRS-Esteio e BRS-Valente. Dessa forma, foram identificadas linhagens com potencial para compor futuros ensaios de VCU com desempenho semelhante ou superior às cultivares comerciais Ouro Negro, BRS-Esteio e BRS-Valente.

6. CONCLUSÕES

A modelagem das diferentes estruturas de (co)variâncias para os efeitos genéticos e não genéticos é uma estratégia eficiente em ensaios que envolvem a avaliação de linhagens de feijoeiro em diferentes ambientes.

Para a característica PG, o modelo com estrutura de covariâncias heterogêneas (US) para os efeitos genéticos e variâncias heterogêneas (DIAG) para os efeitos de blocos e para os efeitos residuais é o que melhor se ajustou ao conjunto de dados. Para as características ARQ e AG o modelo com estrutura de correlação uniforme e variâncias heterogêneas (CORUH) para os efeitos genéticos e variâncias heterogêneas (DIAG) para os efeitos de blocos e para os efeitos residuais é o que melhor se ajustou aos dados, com valores genotípicos mais acurados.

A análise multiambiente aumentou os valores da acurácia seletiva e comunalidade, demonstrando ser mais eficiente e informativa que a análise uniambiente.

O índice FAI-BLUP utilizando o BLUP multiambientes, comparado ao BLUP uniambiente, foi eficiente para selecionar quatro linhagens superiores com potencial para compor futuros ensaios de Valor de Cultivo e Uso (VCU) de Minas Gerais.

7. REFERÊNCIAS

- AKAIKE, H. A new look at the statistical model identification. **IEEE transactions on automatic control**, v. 19, n. 6, p. 716-723, 1974.
- ALVES, R. S. et al. Multiple-trait BLUP: a suitable strategy for genetic selection of Eucalyptus. **Tree Genetics and Genomes**, v. 14, n. 5. p. 77, 2018.
- ALVES, R. S. et al. Multiple-trait BLUP in longitudinal data analysis on *Jatropha curcas* breeding for bioenergy. **Industrial Crops and Products**, v. 130, p. 558-561, 2019.
- BAUER, A. M.; LÉON, J. Multiple-trait breeding values for parental selection in self-pollinating crops. **Theoretical and Applied Genetics**, v. 116, n. 2, p. 235-242, 2008.
- BEARZOTI, E. **Simulação de seleção recorrente assistida por marcadores moleculares em espécies autógamas**. 1997, 230p. Tese (Doutorado em genética e melhoramento de plantas) – Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz, Piracicaba, SP.
- BERNARDO, R. **Breeding for quantitative traits in plants**. 2nd. ed. Minnesota: Stemma Press, 2010. 400p.
- BURGUEÑO, J. et al. Genomic prediction of breeding values when modeling genotype× environment interaction using pedigree and dense molecular markers. **Crop Science**, v. 52, n. 2, p. 707-719, 2012.
- CARNEIRO, J. E. de S. et al. **Feijão: do plantio à colheita**. – Viçosa: Ed. UFV, 2015.
- COIMBRA, J. L. M. et al. Mineração da interação genótipo x ambiente em *Phaseolus vulgaris* L. para o Estado de Santa Catarina. **Ciência Rural**, v. 39, n. 2, p. 355-363, 2009.
- 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, n. 4, p. 381-393, 2006.
- CROSSA, J. et al. Modeling genotype× environment interaction using additive genetic covariances of relatives for predicting breeding values of wheat genotypes. **Crop science**, v. 46, n. 4, p. 1722-1733, 2006.
- CRUZ, C. D.; CASTOLDI, F. Decomposição da interação genótipos × ambientes em parte simples e complexa. **Revista Ceres**, v.38, p. 422-430, 1991.
- DORMANN. C. F. et al. Collinearity: a review of methods to deal with it and a simulation study evaluating their performance. **Ecography**, v. 36, n. 1, p. 27– 46, 2013.
- ELIAS, A. A. et al. Half a century of studying genotype× environment interactions in plant breeding experiments. **Crop Science**, v. 56, n. 5, p. 2090-2105, 2016.
- EMATNÉ, H. J. et al. Genetic progress in popcorn recurrent selection by a multivariate mixed-model approach. **Ciência e Agrotecnologia**, v. 42, n. 2, p. 159–167, mar. 2018.
- FALCONER, D. S, **The problem of environment and selection**. American Naturalist v. 86, p. 293-298, 1952.
- FILHO, J. E. A. et al. Multi-trait BLUP model indicates sorghum hybrids with genetic potential for agronomic and nutritional traits. **Genetics and Molecular Research**, v.15, n. 1, 2016.

- GILMOUR, A. R. **Echidna mixed model software**. Orange, New South Wales, Australia. Disponível em: <<http://www.echidnamms.org/Resources/Echidna%20Mixed%20Model%20Software.pdf>>. Acessado 07 de dezembro de 2020.
- HAZEL, L. N. The genetic basis for constructing selection indexes. **Genetics**, v. 28, n. 6, p. 476-490, 1943.
- HENDERSON, C. R. et al. 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.
- HENDERSON, C. R. et al. The estimation of environmental and genetic trends from records subject to culling. **Biometrics**, v. 13, p. 192-218, 1959.
- KAISER, H. The varimax criterion for analytic rotation in factor analysis, **Psychometrika**, v. 23, p. 187-200, 1958.
- KELLY, A. M. et al. 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.
- MARIGUELE, K. H. et al. Métodos de análise de dados longitudinais para o melhoramento genético da pinha. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 46, p. 1657-1664, 2011.
- MENDONÇA, L. F. et al. Accuracy and simultaneous selection gains for grain yield and earliness in tropical maize lines. **Maydica**, v. 61, n. 3, 2016.
- MOURA, L. M. **Cruzamentos dialélicos visando à escolha de genitores no melhoramento de feijão preto**. 2013. 30 f. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento) - Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, 2013.
- MELO, V. L. et al. Modeling (co) variance structures for genetic and non-genetic effects in the selection of common bean progenies. **Euphytica**, v. 216, n. 5, p. 1-13, 2020.
- MEYER, K. Factor-analytic models for genotype \times environment type problems and structured covariance matrices. **Genetics Selection Evolution**, v. 41, n. 1, p. 1-11, 2009.
- NKHATA, W. et al. Population structure and genetic diversity analyses of common bean germplasm collections of East and Southern Africa using morphological traits and high-density SNP markers. **PLoS One**, v. 15, n. 12, p. e0243238, 2020.
- OKEY, H. et al. Genomic selection in multi-environment crop trials. **G3: Genes, Genomes, Genetics**, v. 6, n. 5, p. 1313-1326, 2016.
- OLIVEIRA, D. P. et al. Grain technological quality of common beans cultivars in the rainy crop season. **Semina: Ciências Agrárias**, v. 33, n. 5, p. 1831-1838, 2012.
- OLIVEIRA, I. C. M. et al. Genotype-by-environment interaction and yield stability analysis of biomass sorghum hybrids using factor analytic models and environmental covariates. **Field Crops Research**, v. 257, p. 107929, 2020.
- PAULA, R. G. de. **Modelos mistos na avaliação do potencial genético de populações e progênies de feijoeiro**. 2016. 46f. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento) - Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, 2016.

- PATTERSON, H. D. e THOMPSON, R. Ž. Recovery of interblock information when block sizes are unequal. **Biometrika**, v. 58, p. 545-554, 1971.
- PEREIRA, H. S.; SANTOS, J. B.; ABREU, A. F. B. Linhagens de feijoeiro com resistência à antracnose selecionadas quanto a características agronômicas desejáveis. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 39, p. 209–215, 2004.
- PEREIRA, H. S. et al. Influência do ambiente em cultivares de feijoeiro-comum em cerrado com baixa altitude. **Bragantia**, v. 71, n. 2, p. 165-172, 2012.
- PIEPHO, H. P. et al. BLUP for phenotypic selection in plant breeding and variety testing. **Euphytica**, v. 161, n. 1-2, p. 209-228, 2008.
- PRUNIER, J. G. et al. Multicollinearity in spatial genetics: separating the wheat from the chaff using commonality analyses. **Molecular ecology**, v. 24, n. 2, p. 263-283, 2015.
- R Core Team. **R: A language and environment for statistical computing** [Computer software]. R Foundation for Statistical Computing, Vienna, Austria. Disponível em: <<http://www.R-project.org>>. Acesso em: 13 de janeiro de 2021.
- RAMALHO, M, A. P.; PIROLA, L. H.; ABREU, A. F. B. Alternativas na seleção de plantas de feijoeiro com porte ereto e grão tipo carioca. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 33, p. 1989-1994, 1998.
- RESENDE, M. D. V. **Matemática e Estatística na análise de experimentos e no melhoramento genético**. Embrapa Florestas, Colombo, 2007.
- RESENDE, M. D. V.; DUARTE, J. B. Precisão e controle de qualidade em experimentos de avaliação de cultivares. **Pesquisa Agropecuária Tropical**, v. 37, p. 182–194, 2007.
- RESENDE, M. D. V. **Genética quantitativa e de populações**. Suprema, Visconde do Rio Branco, Brasil, 2015.
- ROBERTSON, A. **Experimental design on the measurement of heritabilities and genetic correlations: biometrical genetics**. Pergamon Press, New York, 1959.
- ROCHA, J. R. do A. S. de C.; MACHADO, J. C.; CARNEIRO, P. C. S. Multitrait index based on factor analysis and ideotype-design: proposal and application on elephant grass breeding for bioenergy. **Gcb Bioenergy**, v. 10, n. 1, p. 52-60, 2018.
- ROCHA, J. R. do A. S. de C. et al. Selection of superior inbred progenies toward the common bean ideotype. **Agronomy Journal**, v. 111, n. 3, p. 1181-1189, 2019.
- SCHMIDT, P. et al. Estimating Broad-Sense Heritability with Unbalanced Data from Agricultural Cultivar Trials. **Crop Science**, v. 59, n. 2, p. 525-536, 2019.
- SMITH, H. F. A discriminant function for plant selection. **Annals of eugenics**, v. 7, n. 3, p. 240-250, 1936.
- SMITH, A. B. **Multiplicative mixed models for the analysis of multi-environment trial data**. These, The University of Adelaide, 1999.
- SMITH, A. B.; CULLIS, B. R.; THOMPSON, R. Analyzing variety by environment data using multiplicative mixed models and adjustments for spatial field trend. **Biometrics**, v. 57, p. 1138–1147, 2001.

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. B. et al. Factor analytic mixed models for the provision of grower information from national crop variety testing programs. **Theoretical and Applied Genetics**, v. 128, n. 1, p. 55-72, 2015.

SOBREIRA, F. M. **Melhor predição linear não viesada (BLUP) multicaracterística na seleção recorrente de plantas anuais.** (2019), 37 f, Dissertação (Genética e Melhoramento) – Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, 2009.

TORGA, P. P. et al. Interaction of common beans cultivars of the black group with years, locations and sowing seasons. **Euphytica**, v. 189, p. 239-248, 2013.

VIANA, J. M. S. et al. Multi-trait BLUP in half-sib selection of annual crops. **Plant Breeding**, v. 129, n. 6, p. 599-604, 2010.

VOLPATO, L. et al. Multi-trait multi-environment models in the genetic selection of segregating soybean progeny. **PLOS ONE**, v. 14, n. 4, 2019

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

CAPÍTULO 2

**SELEÇÃO DE PROGÊNIES F_{3:5} DO CICLO 1 DO PROGRAMA DE SELEÇÃO
RECORRENTE DE FEIJÃO TIPO PRETO PARA RECOMBINAÇÃO E PARA
EXTRAÇÃO DE LINHAGENS**

1. RESUMO

No melhoramento do feijoeiro, progênies são extraídas de populações segregantes, via seleção recorrente, e avaliadas em vários ambientes (safras, locais e, ou, anos). Na análise conjunta destes ensaios, a abordagem de modelos lineares mistos é superior à tradicional análise de variância para avaliar o desempenho das progênies e lidar com dados desbalanceados. Assim, os objetivos com este trabalho foram: i) comparar diferentes modelos lineares mistos na análise de dados obtidos da avaliação de progênies de feijoeiro em ensaios com diferentes delineamentos experimentais, ii) escolher o modelo que resulte em valores genotípicos mais acurados de progênies de feijoeiro e iii) selecionar as progênies superiores, visando tanto a recombinação quanto a extração de linhagens elites do PSRFP-UFV. Para tanto, 380 progênies derivadas em F_3 , juntamente com cinco testemunhas foram avaliadas em delineamento de blocos aumentados na safra da seca/2019. A geração $F_{3.5}$ foi avaliada em delineamento látice 20×20 , com 20 testemunhas, na safra do inverno/2020. Foram avaliadas as características produtividade, arquitetura de plantas e aspecto comercial de grãos. Considerando diferentes estruturas de (co)variâncias para os efeitos genéticos e não genéticos foram ajustados quatro modelos lineares mistos. O índice FAI-BLUP foi utilizado para seleção das 20 melhores progênies independente da população de origem, visando a extração de linhagens, e para a seleção da melhor progênie de cada população, visando a recombinação. Entre os modelos ajustados, o de simetria composta para produtividade de grãos e o modelo com estrutura de correlação uniforme e variâncias heterogêneas (CORUH) para aspecto comercial de grãos apresentaram menores valores de critério de informação de Akaike (AIC). As progênies selecionadas apresentaram elevado potencial para recombinação e extração de linhagens com desempenho semelhante ou superior às testemunhas utilizadas no experimento. A modelagem das estruturas de (co)variâncias possibilitou conectar ensaios com delineamentos distintos, bem como mitigar os efeitos da interação $G \times A$ na seleção de progênies de feijoeiro visando a extração de linhagens e a recombinação de progênies.

Palavras-chave: Modelos mistos. Desbalanceamento genético/estatístico. REML/BLUP.

2. ABSTRACT

In common bean breeding, progenies are extracted from segregating populations, via recurrent selection, and evaluated in various environments (crops, locations and/or years). In the joint analysis of these trials, the mixed linear model approach is superior to the traditional analysis of variance to assess the performance of progenies and deal with unbalanced data. Thus, the objectives of this work were: i) to compare different mixed linear models in the analysis of data obtained from the evaluation of common bean progenies in trials with different experimental designs, ii) to choose the model that results in more accurate genotypic values of common bean progenies and iii) select superior progenies, aiming at both recombination and extraction of elite inbred lines from the RSP-UFV. Therefore, 380 F₃-derived progenies, together with five checks were evaluated in an augmented block design in the 2019 dry season. The F_{3;5} generation was evaluated in a 20×20 lattice design, with 20 controls, in the 2020 winter season. Grain yield, plant architecture and commercial aspect of grains were evaluated. Considering different (co)variance structures for genetic and non-genetic effects, four mixed linear models were fitted. The FAI-BLUP index was used to select the 20 progenies with best performance regardless of the original population, aiming the extraction of inbred lines. The same index was used to select the best progeny from each population, aiming recombination. Among the adjusted models, the compound symmetry structure for grain yield and the model with uniform correlation structure and heterogeneous variances (CORUH) for grain commercial aspect presented lower values for Akaike information criterion (AIC). The selected progenies showed high potential for recombination and extraction of inbred lines with performance similar or superior to the checks used in the experiment. The modeling of (co)variance structures turns possible connecting trials with different designs, as well as to mitigate the effects of the G×A interaction in the selection of common bean progenies.

Keywords: Mixed models. Genetic/statistical unbalance. REML/BLUP.

3. INTRODUÇÃO

No melhoramento de espécies autógamas, o objetivo final é a obtenção de linhagens com elevada frequência de alelos favoráveis capazes de superar com vantagens aquelas cultivares em uso pelos agricultores (Ramalho et al., 2012). Para alcançar este objetivo, a estratégia da seleção recorrente tem demonstrado elevada eficiência (Soares et al., 2020; Cerutti et al., 2021; Queiroz et al., 2021; Paula et al., 2020; Guimarães et al., 2021). Tanto no melhoramento do feijoeiro quanto no de outras espécies autógamas, muitas populações segregantes são obtidas pelo cruzamento de várias linhagens previamente escolhidas como fonte de alelos favoráveis para as características de interesse, objetivando a prática da seleção (Resende et al., 2016).

Considerando o melhoramento de características quantitativas, as progênies oriundas destas populações são avaliadas em mais de um ambiente. Devido à pequena disponibilidade de sementes, a avaliação das progênies na geração em que elas são derivadas (fase inicial) é realizada em ensaios com parcelas menores e com número reduzido de repetições, ou até mesmo sem repetições. À medida que o número de sementes das progênies aumenta, torna-se possível avaliá-las em outras condições ambientais (locais, safras e, ou, anos) e também em gerações mais avançadas de endogamia. A avaliação das progênies em diferentes ambientes permite capitalizar o efeito da interação genótipos \times ambientes, visando o desenvolvimento de linhagens com ampla adaptabilidade (Melo et al., 2020).

É comum o melhorista de espécies autógamas conduzir ensaios de avaliação de progênies que envolvam delineamentos experimentais distintos e, ou, perda de parcelas durante a sua condução. Assim, a ocorrência de desbalanceamento genético e, ou, estatístico para mais de um ensaio de avaliação de progênies em diferentes ambientes é uma estrutura real de programas de melhoramento (Melo et al., 2020). Dessa forma, a abordagem de modelos mistos (Henderson, 1975) pode ser mais eficiente que a tradicional análise de variância (ANOVA) para a análise de dados de ensaios desbalanceados, pois permite que diferentes estruturas de (co)variâncias entre efeitos genéticos e não genéticos sejam consideradas (Smith et al., 2005; Kelly et al., 2007). A chance de sucesso de um programa de melhoramento é maior quando se pratica a seleção para mais de uma característica de interesse de forma conjunta (Moeinizade et al., 2020; Lenz et al., 2020). Com esse intuito, são utilizados índices de seleção, pois consideram várias características simultaneamente. Rocha et al. (2018) propuseram um índice baseado em análise de fatores, considerando a distância genótipo-ideótipo. Esse índice tem potencial para capitalizar a interação $G \times A$ quando se considera as avaliações das características em cada ambiente como novas variáveis a serem contempladas pelo índice (Rocha et al., 2018).

Com base no exposto, o presente estudo teve como objetivos i) comparar diferentes modelos lineares mistos, modelando as estruturas de (co)variâncias para os efeitos genéticos e não genéticos, na análise de dados obtidos da avaliação de progênies de feijoeiro em ensaios com diferentes delineamentos experimentais, ii) escolher o modelo que resulte em valores genotípicos mais acurados de progênies de feijoeiro e iii) selecionar as progênies superiores, visando tanto a recombinação quanto a extração de linhagens do PSRFP-UFV.

3. MATERIAL E MÉTODOS

3.1. Progênies avaliadas

As progênies avaliadas nesse trabalho são provenientes do primeiro ciclo (C_1) do PSRFP-UFV, já detalhado no item material e métodos do Capítulo 1. Sementes F_1 resultantes de 20 combinações híbridas que compuseram a população do C_1 foram multiplicadas para a obtenção das sementes F_2 e F_3 . Considerando o diâmetro de hipocótilo e cor do grão, derivou-se de cada uma das 20 populações F_3 19 progênies $F_{3:4}$, totalizando 380 progênies, as quais foram avaliadas em dois ensaios, descritos a seguir.

3.2. Condução dos experimentos

As 380 progênies derivadas em F_3 , juntamente com cinco testemunhas, totalizando 385 tratamentos, foram avaliadas em delineamento de blocos aumentados na safra seca/2019, cuja parcela constituiu-se em uma linha de 1,0 m em razão do reduzido número de sementes. A geração $F_{3:5}$ foi obtida por amostragem (bulk) de sementes produzidas por cada progênie da geração anterior e foi avaliada em delineamento látice 20×20 com três repetições. O espaçamento entre linhas foi de 0,5 m para ambos ensaios. Assim, foram utilizados dados de dois ensaios (Tabela 1), visando a seleção de progênies de maior potencial para recombinação e para extração de linhagens. A densidade de semeadura para os dois ensaios foi de 12 sementes por metro. As práticas culturais e de manejo relacionadas a fertilização e ao controle de pragas seguiram as recomendações técnicas para a cultura do feijão na região (Carneiro et al., 2015).

Tabela 1. Descrição dos dois ensaios utilizados para a seleção de progênies de feijão preto.

Ensaio	Safra	Geração	Delineamento	NP	NT	Parcela
1	Seca/2019	$F_{3:4}$	DBA	380	5	1 linha de 1m
2	Inverno/2020	$F_{3:5}$	Látice	380	20	2linhas de 1m

NP número de progênies; NT número de testemunhas

3.3. Características avaliadas

Foram avaliadas as características aspecto comercial de grãos (AG) e produtividade de grãos (PG) nos dois ensaios. A arquitetura de plantas (ARQ) foi avaliada na safra da seca/2019. Para a avaliação do aspecto comercial de grãos adotou-se uma escala com notas de 1 a 5 proposta por Ramalho et al. (1998), adaptada para avaliação de feijão preto (Tabela 5, Capítulo 1). A arquitetura de planta (ARQ) também seguiu a escala de notas (Tabela 4, Capítulo 1) proposta por Ramalho et al. (1998). Para a característica PG procedeu-se a colheita manual de

todas as plantas da parcela, trilhagem, retiradas de impurezas e pesagem dos grãos (g parcela⁻¹). Os valores foram convertidos para quilogramas por hectare (kg ha⁻¹).

3.4. Análises estatísticas e seleção de progênes

As características AG e PG foram utilizadas para a análise conjunta dos experimentos. A modelagem das estruturas de (co)variâncias, assim como o critério para seleção da melhor estrutura para estimação dos parâmetros genéticos e não genéticos, seguiram os quatro primeiros modelos descritos no Capítulo 1, no item material e métodos. As estimativas de correlação genética, herdabilidade, acurácia seletiva e a decomposição da interação G×A foram estimadas de acordo com o descrito no item material e métodos do Capítulo 1.

Após a escolha do modelo mais adequado para a análise conjunta dos dados, foram extraídas as médias BLUP's para seleção das melhores progênes com base no índice FAI-BLUP (Rocha et al., 2018). Com o intuito de capitalizar a interação progênes × ambientes, considerou-se cada característica avaliada em diferentes ambientes como uma nova variável utilizada na seleção simultânea por meio do índice adotado. As médias BLUP's de ARQ da safra seca/2019 foram extraídas a partir da análise individual e inseridas como uma nova variável para o índice FAI-BLUP. De acordo com Rocha et al. (2019), características avaliadas em uma única safra/geração podem ser incluídas no índice FAI-BLUP. Os escores do índice FAI-BLUP foram obtidos com base nos mesmos ideótipos de PG, AG e ARQ definidos no Capítulo 1 (Tabela 8).

Após a determinação dos ideótipos, as distâncias de cada genótipo de acordo com os ideótipos (distância genótipo-ideótipo) foram estimadas e convertidas em probabilidade espacial, permitindo a classificação dos genótipos. A seguinte expressão foi utilizada:

$$P_{ij} = \frac{\frac{1}{d_{ij}}}{\sum_{i=1; j=1}^{i=n; j=m} \frac{1}{d_{ij}}} \quad [1],$$

em que, P_{ij} é a probabilidade do i -ésimo genótipo ($i = 1, 2, \dots, n$) ser semelhante ao j -ésimo ideótipo ($j = 1, 2, \dots, m$); d_{ij} é a distância genótipo-ideótipo do i -ésimo genótipo ao j -ésimo ideótipo - com base na distância Euclidiana.

Primeiramente, praticou-se a seleção das 20 progênes de maior potencial independente da população de origem visando a extração de linhagens. Posteriormente, a melhor progênie de

cada uma das populações avaliadas foi selecionada, totalizando 20 progênies, visando a recombinação e obtenção do ciclo C₂ do PSRFP-UFV.

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

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

em que $\bar{u}_{g_{i(p)}}$ e $\bar{u}_{g_{i(p'')}}$ são as médias dos BLUP's das progênies selecionadas na população p e p' nas safras da seca e do inverno, respectivamente, ou, no caso de ARQ são as médias dos BLUP's das progênies selecionadas na safra da seca; $\hat{\mu}$ é a média geral. A estimação do GS para as características AG e ARQ seguiu a proposta de Dos Anjos et al. (2019) que sugere subtrair a média geral do denominador da equação 2 pelo valor do fenótipo indesejável a fim de obter valores não viesados. Ressalta-se que, a partir do esquema de cruzamento das 20 progênies selecionadas proposto por Bearzoti (1997), 20 novas populações são obtidas de cruzamentos biparentais. Assim, os ganhos preditos, calculados segundo equação [2], foram realizados para cada uma destas populações.

3.5. Software estatístico

Os quatro modelos foram ajustados por meio da rotina implementada no software de modelos Mistos Echidna (Gilmour et al., 2020). A estimativa da herdabilidade foi obtida conforme rotina fornecida por Oakey et al. (2016) com o auxílio do software R versão 4.0.4 (R Core Team, 2021). As etapas envolvidas na análise de fatores e no índice FAI-BLUP foram realizadas conforme a rotina fornecida por Rocha et al. (2018) através do software R.

4. RESULTADOS E DISCUSSÃO

4.1. Escolha do modelo de melhor ajuste

Todos os modelos de estruturas de (co)variâncias comparados neste trabalho possuem a mesma estrutura diagonal heterogênea de blocos (DIAGH). O que difere os modelos é a estrutura da matriz de (co)variâncias ajustada aos efeitos genéticos e residuais. Para verificar a heterogeneidade dos resíduos comparou-se o modelo 1, que possui estrutura de variância uniforme (SC) para efeito de resíduo, com o modelo 2 que assume estrutura diagonal heterogênea para o mesmo efeito. Para PG, a diferença no desvio foi de 0,56 e os modelos diferiram em um parâmetro (Tabela 2). Assim, o valor de P associado a 0,56 em uma distribuição de Qui-quadrado com um grau de liberdade foi não significativo ($P > 0,05$). O modelo 1, que admite estrutura uniforme residual, apresentou o menor valor de AIC (23.134,6) em relação ao modelo 2 e, portanto, proporcionou uma melhora significativa na qualidade de ajuste do modelo aos dados de PG.

Para AG, a diferença no desvio entre os modelos 1 e 2 foi igual a 30,34 associado a um valor de P significativo ($P < 0,01$). O modelo 2, que admite uma estrutura diagonal heterogênea residual, apresentou menor valor de AIC (-2.058,4) em relação ao modelo 1 e, portanto, proporcionou uma melhora significativa na qualidade de ajuste do modelo aos dados de AG. Resultados similares foram relatados por Melo et al. (2020), os quais observaram melhoria no ajuste do modelo quando a heterogeneidade residual foi incorporada em ensaios de avaliação de progênies de feijão vermelho em diferentes safras e gerações. Estes resultados demonstram a superioridade da abordagem de modelos mistos em relação às tradicionais análises de variância (ANOVA), principalmente devido à flexibilidade para se modelar as estruturas de covariância residual. Alguns autores relatam que a obtenção mais acurada de valores genotípicos é uma das vantagens de modelar de forma adequada os resíduos heterogêneos em análise conjunta de ensaios (Smith et al., 2005; Kelly et al., 2007; Pádua et al., 2016; Rocha et al., 2019).

Após identificar a estrutura da matriz de (co)variâncias residuais mais condizente com os dados analisados, procurou-se a estrutura que melhor acomodasse o efeito de genótipos e da interação $G \times A$. Para isso, foram feitas comparações entre os modelos 1 (SC) e 3 (DIAGH) e os modelos 1 e 4 (CORUH). O modelo 1 aborda estrutura de simetria composta (SC), a qual assume que todos os ambientes possuem a mesma variância genética e que os pares de ambientes possuem a mesma covariância genética e, portanto, a mesma correlação genética (Smith et al., 2005). O modelo 3 (DIAGH) assume variância genética distinta para cada

ambiente e ausência de correlação genética entre ambientes. Já o modelo 4 assume heterogeneidade de variâncias e correlação homogênea entre ensaios para os efeitos genéticos.

Tabela 2. Número de parâmetros (NP), critério de informação de Akaike (AIC), logaritmo do ponto de máximo da função de máxima verossimilhança e teste de razão de verossimilhança para os quatro modelos ajustados para a produtividade de grãos (PG) e aspecto de grãos (AG) de progênies de feijão preto.

Modelos	NP	PG			AG		
		AIC	LogL	LRT	AIC	LogL	LRT
1	5	23.134,6	-11.562,2	-	-2.030,1	1.020,1	-
2	6	23.136,0	-11.562,1	-0,56 ^(p=0,45)	-2.058,4	1.035,2	30,34*
3	6	23.178,5	-11.583,2	42,50*	-2.023,1	1.017,5	35,35*
4	7	23.137,5	-11.561,7	43,04*	-2.066,9	1.040,4	45,84*

* $p < 0.01$

Para a característica PG, observou-se que o modelo 1 apresentou menor valor de AIC (23.134,6; Tabela 2) quando comparado com o modelo 3 (23.178,5). Também, observou-se efeito significativo pelo teste de LRT (teste χ^2 a $P < 0,01$) para a estrutura de covariância SC (modelo 1) comparada ao modelo 3. Estes resultados apontam que o modelo 1 se ajustou melhor aos dados de PG, evidenciando a homogeneidade de variância genética. Considerando a característica AG, o modelo 4 (CORUH) apresentou o menor valor de AIC (-2.066,9) e valor de P significativo, indicando que a estrutura de (co)variâncias que admite correlação uniforme e variâncias heterogêneas foi a que apresentou o melhor ajuste ao conjunto de dados. O modelo 4 acomoda diferentes variâncias genéticas manifestadas pelo conjunto de progênies nos diferentes ambientes em que foram avaliadas bem como a falta de correlação entre o desempenho dos genótipos ao longo dos ensaios (Smith et al., 2005).

4.2. Estimativas de parâmetros genéticos e não genéticos

A Tabela 3 apresenta as estimativas dos parâmetros genéticos e não genéticos estimados segundo os modelos de melhor ajuste para as características produtividade (modelo 1) e aspecto comercial de grãos (modelo 4). Houve efeito significativo para o componente de variância genotípica das progênies em ambas as características e safras, indicando viabilidade do uso de técnicas seletivas. No modelo 4, observou-se que a proporção de aumento do componente de variância genotípica da safra da seca/2019 e do inverno/2020 foi menor para PG em relação a AG. Esta última característica apresentou um aumento de aproximadamente duas vezes o valor do componente de variância genotípica na safra do inverno/2019 em relação à safra da

seca/2020. Esta diferença de variabilidade entre safras explica o porquê que os dados de AG se ajustaram melhor ao modelo CORUH enquanto que os dados de PG se ajustaram melhor ao modelo SC.

Embora tenha sido relatado que a suposição de variância e correlação genéticas constantes entre os ambientes é irrealista esta pode ser verdadeira quando a diferença de variabilidade genética entre os ambientes é baixa (Cullis et al., 1998; Smith et al., 2005). O modelo SC é uma estrutura de (co)variância parcimoniosa. Como visto na Tabela 2, este é o modelo que requer o menor número de parâmetros entre aqueles testados neste trabalho. O modelo CORUH é mais complexo em relação ao modelo SC, uma vez que admite heterogeneidade de variâncias (Coelho et al., 2020). Jia e Booker (2018) afirmam que, apesar das pressuposições do modelo SC serem limitantes, modelos com menor número de parâmetros e uma estrutura mais simples podem ser mais adequados para analisar um número reduzido de conjuntos de dados.

Tendo em vista que a interação $G \times A$ é a expressão diferencial de genes frente às diferentes condições ambientais (Zhang et al., 2015), o modelo 4 acomoda melhor os efeitos da interação $G \times A$ para AG, que é uma característica que leva em consideração outras variáveis como forma, tamanho, brilho e cor do grão. O principal efeito da interação $G \times A$ no feijoeiro é o de safras, devido a ocorrência de diferentes doenças influenciadas pelas condições climáticas características de cada safra (Ramalho et al., 1993). Estas diferentes condições podem afetar a produtividade, influenciando a massa e o tamanho dos grãos, o que também poderá afetar o aspecto comercial de grãos (Torga et al., 2013; Pereira et al., 2004). Correlações de moderada a alta magnitude indicam que os genes estão se expressando de igual modo nos diferentes ambientes e, portanto, possuem pequeno efeito da interação $G \times A$ (Falconer, 1952). Este resultado corrobora o melhor ajuste do modelo 1 que considera homogeneidade de variância e de covariância genética entre safras, de forma que o componente de variância genética estimado é único entre as safras (Melo et al., 2020).

Os efeitos das variâncias residuais foram significativos o que indica influência significativa do ambiente na expressão dos genes envolvidos no controle genético das características e, portanto, confirma a natureza quantitativa dos mesmos. Efeitos significativos da variância residual também indicam que a fração aleatória proveniente de fontes não controladas apresentam estimativas residuais diferentes de um ambiente para outro. Isto está de acordo com o teste LRT que indicou uma estrutura de variância diagonal heterogênea para a variância residual.

Tabela 3. Resumo das estimativas de parâmetros genéticos e não genéticos do modelo 1 (SC para o efeito genético) para a característica produtividade de grãos e do modelo 4 (CORUH para o efeito genético) para as características aspecto comercial de grãos.

Modelos	Parâmetros	PG (kg ha ⁻¹)			AG (notas)		
		LIC	Estimativas	LSC	LIC	Estimativas	LSC
1	$\hat{\sigma}_g^2$	144.067,68	211.638,80	279.209,91	0,02	0,04	0,05
	$\hat{\sigma}_b^2$	-42.650,42	0,21	42.650,85	-0,001	0,01	0,02
	$\hat{\sigma}_{ga}^2$	95.300,86	159.470,30	223.639,73	0,02	0,03	0,04
	$\hat{\sigma}_e^2$	378.287,26	418.603,80	458.920,33	0,05	0,06	0,06
	h^2		0,58			0,57	
	r_{gg}		0,72			0,72	
4	$\hat{\sigma}_{gS19}^2$	97.280,35	308.851,50	520.422,64	0,02	0,04	0,06
	$\hat{\sigma}_{gI20}^2$	310.257,74	388.026,00	465.794,25	0,06	0,07	0,09
	$\hat{\sigma}_{gS19:I20}$	140.072,33	206.948,10	273.823,86	0,02	0,03	0,04
	$\hat{\sigma}_{bS19}^2$	-	-	-	$-6,2 \times 10^{-4}$	0,01	0,02
	$\hat{\sigma}_{bI20}^2$	45.673,75	88.391,56	131.109,36	$-4,5 \times 10^{-4}$	0,001	0,004
	$\hat{\sigma}_{eS19}^2$	250.297,55	616.840,84	616.840,84	0,02	0,04	0,05
	$\hat{\sigma}_{eI20}^2$	379.498,84	422.463,20	465.427,55	0,05	0,064	0,07
	$\rho(S19,I20)$	-66.875,17	0,59	66.876,37	0,52	0,53	0,54
	h_{S19}^2		0,66			0,63	
	h_{I20}^2		0,76			0,85	
	r_{ggS19}		0,72			0,75	
r_{ggI20}		0,86			0,89		

LIC limite inferior de confiança, LSC limite superior de confiança, $\hat{\sigma}_g^2$ variância genotípica entre progênies, $\hat{\sigma}_{gS19}^2$ variância genotípica entre progênies na safra seca/2019, $\hat{\sigma}_{gI20}^2$ variância genotípica entre progênies na safra inverno/2020, $\hat{\sigma}_{ga}^2$ variância do efeito da interação progênies por safras, $\hat{\sigma}_e^2$ variância residual, ρ correlação genética entre o par de safra, h^2 herdabilidade entre média de progênies, h_{S19}^2 herdabilidade entre médias de progênies na safra da seca/2019, h_{I20}^2 herdabilidade entre médias de progênies na safra da seca/2019, r_{ggS19} acurácia seletiva na safra da seca, r_{ggI20} acurácia seletiva na safra do inverno.

Os valores de herdabilidade mantiveram-se acima de 0,55 para ambas as características, sendo o mesmo observado para acurácia seletiva. O uso do modelo de melhor ajuste para AG resultou em estimativas mais elevadas de herdabilidade. Resultados similares foram reportados por Gouveia et al. (2020) para ensaios de forrageira avaliados em diferentes ambientes, em que os autores obtiveram estimativas mais acentuadas de herdabilidade quando o modelo de melhor ajuste ao conjunto de dados foi considerado na análise. As estimativas de herdabilidade de PG

foram superiores sob o modelo 4 em comparação com o modelo 1 (modelo de melhor ajuste aos dados). Schmidt et al. (2019) relatam que dar sequência à análise com um modelo inapropriado pode superestimar a herdabilidade. Assim, embora a estimativa de herdabilidade do modelo 1 seja inferior, é a mais confiável por ter sido estimada a partir do modelo de melhor ajuste.

4.3. Desdobramento da interação G×A em parte simples e complexa

A fração complexa da interação G×A correspondeu a 48,12% para PG (Tabela 4). Como o percentual é inferior a 50%, há predomínio de interação do tipo simples, o que confirma o melhor ajuste do modelo 1 que assume variância genética constante e correlação genética única entre pares de ambientes. Cruz e Castoldi (1991) relatam que a diferença de variabilidade genotípica constitui fator decisivo na determinação da maior importância da parte simples em relação à complexa. A pouca diferença de variabilidade genotípica entre as duas safras avaliadas para PG (Tabela 3) afeta a correlação genética e também a fração complexa da interação G×A.

Tabela 4. Estimativas da parte complexa (acima da diagonal) e respectivos valores percentuais (abaixo da diagonal), resultantes da decomposição da interação entre genótipos e pares de ambientes a partir das características produtividade de grãos (PG) e aspecto comercial de grãos (AG).

Ambientes	PG		AG	
	S19	I20	S19	I20
S19		16.693,06		0,0028
I20	48,12		65,78	

Considerando a característica AG, houve predominância da fração complexa (65,78%; Tabela 4). A existência da interação do tipo complexa está associada à falta de correlação entre os genótipos e indica existência de genótipos com desempenho superior em um ambiente, mas inferior em outro. Segundo Pereira et al. (2012) as condições ambientais afetam drasticamente a massa de cem grãos que é um parâmetro utilizado para inferir sobre o tamanho do grão, um dos atributos levados em consideração durante a avaliação do aspecto comercial dos grãos na escala de nota.

A existência de respostas diferenciadas de genótipos às variações ambientais tem sido frequentemente constatada (Coelho et al., 2020; Tsai et al., 2020; Mbiu et al., 2020). Essa interação, além de influenciar os ganhos genéticos, dificulta a recomendação para mais de um ambiente. Na cultura do feijoeiro, os ambientes podem ser caracterizados por anos, locais e

safras. Ramalho et al. (1993) constataram que o efeito de safra possui maior influência sobre a interação $G \times A$, concluindo que para recomendação mais segura é indispensável que as avaliações sejam conduzidas nas três safras.

4.4. Seleção das melhores progênies para extração de linhagens

Como resultado do efeito significativo do componente de interação genótipos por ambientes (Tabela 3), não é recomendado praticar a seleção com base em apenas uma safra, pois o ranking das progênies superiores em cada safra não é equivalente. Assim, considerar as características avaliadas em diferentes ambientes como variáveis distintas, com os BLUP's extraídos via modelo de melhor ajuste, é uma estratégia adequada para melhor tratar os efeitos da interação $G \times A$ nos processos de seleção. Ressalta-se que os BLUP's de ARQ, extraídos a partir da análise individual, também foram inseridos como nova variável, visando seleção simultânea (Figura 1).

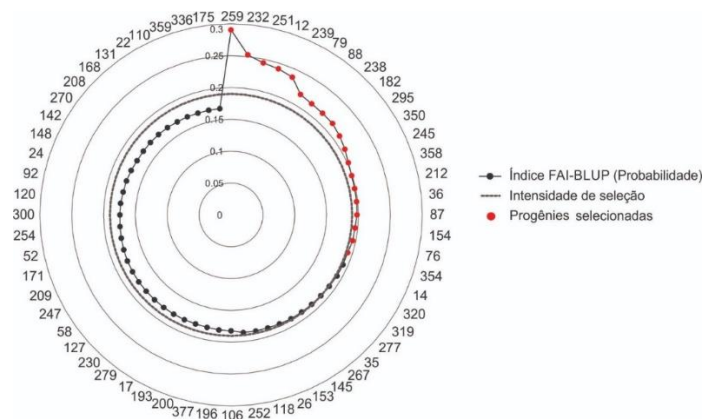


Figura 1. Progênies selecionadas independente da família de origem do ciclo C_0 , visando a extração de linhagens.

As 20 primeiras progênies selecionadas (259, 232, 251, 12, 239, 79, 88, 238, 182, 295, 350, 245, 358, 212, 36, 87, 154, 76, 354 e 14; Figura 1) apresentam maior probabilidade de se assemelharem ao ideótipo, ou seja, apresentam valores balanceados quanto à PG, AG e ARQ. Cabe ressaltar que as progênies selecionadas com o auxílio do índice são aquelas cujo desempenho foi menos influenciado pelas variações ambientais e, portanto, possuem maior adaptação, simultaneamente, às duas safras. As médias fenotípicas das vinte progênies de melhor desempenho estão apresentadas na Tabela 5.

Tabela 5. Médias fenotípicas de produtividade de grãos (PG), em kg ha⁻¹, aspecto comercial de grãos (AG) e arquitetura de plantas (ARQ) das 20 melhores progênie, avaliadas nas safras da seca/2019 e do inverno/2020, em Coimbra-MG.

Médias fenotípicas						
População	Progênie	Seca/2019			Inverno/2020	
		PG	AG	ARQ	PG	AG
621	259	4.762,53	2,01	2,75	5.830,05	1,95
621	232	4.519,82	2,04	2,5	4.769,11	2,06
628	251	4.425,92	1,87	2,75	4.753,61	1,77
614	12	4.022,94	1,84	2,25	4.920,80	2,13
615	239	4.436,41	1,92	2,25	4.857,20	2,02
611	79	4.025,87	1,96	2,25	4.832,22	1,79
619	88	4.315,85	1,94	2,75	4.717,48	2,16
621	238	4.334,50	2,04	2,5	4.701,23	2,05
621	182	4.302,65	2,19	2,75	4.557,32	2,22
615	295	4.044,10	1,88	2,5	4.860,33	2,16
619	350	4.182,21	2,09	2,5	5.224,79	2,30
615	245	3.954,33	1,90	2,75	4.584,96	1,93
615	358	4.245,17	2,00	2,5	5.012,35	1,93
613	212	4.105,43	1,88	2,75	5.151,51	2,02
628	36	4.215,00	2,07	2,75	4.616,40	2,17
612	87	4.329,79	2,03	2,75	5.082,61	2,06
624	154	4.501,10	2,11	2,5	4.604,13	2,33
621	76	4.400,80	2,17	2,25	4.635,35	2,45
628	354	4.166,07	1,97	2,5	4.728,66	1,80
620	14	4.180,12	2,18	2,25	4.282,66	2,20
Médias fenotípicas – Testemunhas						
Ouro Negro		5.446,67	2,17	3,05	4.284,79	1,675
IPR-Uirapuru		3.666,67	2,33	2,45	3.553,44	2,30
BRS-Valente		4.253,33	2,67	2,57	3.753,50	2,15

As progênie selecionadas apresentaram alto potencial produtivo com médias que variaram de 3.954,33 a 5.830,05 kg ha⁻¹. O mesmo foi observado quanto ao aspecto comercial de grãos, cujos valores situaram-se abaixo de 2,5 em uma escala de notas de 1 a 5, em que 1 representa o padrão comercial de grãos. O cultivar Ouro Negro é referência quanto à produtividade e ao aspecto comercial de grãos, evidenciando assim o potencial dessas progênie para extração de linhagens no PSRFP-UFV uma vez que foram selecionadas progênie com desempenho semelhante ou superior a esta testemunha.

As progênies selecionadas também apresentaram elevado potencial para porte ereto de plantas, cujas médias fenotípicas variaram de 2,25 a 2,75, sendo possível identificar progênies com valores fenotípicos inferiores às testemunhas IPR-Uirapuru e BRS-Valente. É importante destacar que os valores fenotípicos apresentados na Tabela 5 referem-se às médias, o que significa ser possível selecionar, dentro das progênies, plantas com notas abaixo de aspecto comercial de grãos e arquitetura de plantas e superior quanto à produtividade de grãos. A seleção baseada apenas na geração mais avançada de endogamia pode ser afetada pelo efeito da interação $G \times A$ (Resende et al., 2016). Assim, a seleção simultânea baseada em múltiplas características, ambientes e no ideótipo, é uma importante estratégia que ampara o desenvolvimento de cultivares mais adaptadas (Rötter et al., 2015).

4.5. Seleção da melhor progênie de cada população para recombinação

As médias fenotípicas de PG variaram de 3.799,60 kg ha⁻¹ a 6.500,00 kg ha⁻¹ (Tabela 6). Foi possível identificar progênies que superaram o desempenho produtivo da testemunha Ouro Negro, cultivar de maior potencial produtivo no experimento. As médias fenotípicas de AG estiveram próximas de 2, indicando bom potencial quanto a esse atributo comparado às melhores testemunhas. Entre as 20 progênies selecionadas, nove apresentaram nota de ARQ inferiores às testemunhas IPR-Uirapuru e BRS-Valente (Tabela 6). Ressalta-se que para AG e ARQ, menores notas indicam melhor desempenho. Observou-se que a progênie de melhor desempenho produtivo em uma safra não correspondeu à progênie de maior potencial na outra safra. Essa falta de correspondência se deve à interação $G \times A$, que interfere a classificação das progênies superiores em ambientes distintos (Melo et al., 2020).

Tratando-se de características de herança poligênica ou de baixa herdabilidade como a produtividade de grãos, a seleção baseada no desempenho das progênies é mais eficiente, pois permite ao melhorista fazer as avaliações em experimentos com mais de uma repetição e em diferentes ambientes. Esse tipo de avaliação estima com maior precisão os valores genotípicos, já que as contribuições dos efeitos ambientais, residuais e da interação genótipos por ambientes são reduzidas (Ramalho et al., 2012). Adicionado a isso, o emprego de modelos lineares mistos possibilita modelar diferentes estruturas de (co)variâncias para efeitos aleatórios que seguem padrões diferentes de correlações entre ambientes. Isto permite investigar a presença de heterocedasticidade e identificar modelos que melhor se ajustam aos dados, resultando em estimativas mais realistas e acuradas (Henderson, 1984; Smith et al., 2005; Balsalobre et al., 2016).

Tabela 6. Médias fenotípicas de produtividade (PG), em kg ha⁻¹, aspecto comercial de grãos (AG) e arquitetura de plantas (ARQ) da melhor progênie de cada população, avaliadas nas safras da seca/2019 e do inverno/2020 em Coimbra-MG.

Progênie	Médias fenotípicas				
	Seca/2019			Inverno/2020	
	PG	AG	ARQ	PG	AG
79	3.878,10	2,00	2,25	5.140,00	1,67
87	4.423,80	2,00	2,75	5.340,00	2,00
212	3.817,00	1,75	2,75	5.366,67	2,00
12	3.799,70	1,75	2,25	4.973,33	2,17
239	4.867,00	1,75	2,25	5.106,67	2,00
277	3.799,60	1,50	2,25	4.590,00	2,00
56	4.230,20	2,50	2,75	4.970,00	2,50
24	4.093,10	2,25	2,75	4.120,00	2,17
88	4.683,00	1,75	2,75	4.900,00	2,17
14	4.698,90	2,50	2,25	4.026,67	2,17
259	4.762,53	2,01	2,75	5.830,05	1,95
359	3.925,70	2,00	2,50	5.993,33	2,17
267	3.535,90	1,75	2,50	4.826,67	1,67
154	4.501,10	2,11	2,5	4.604,13	2,33
22	4.276,10	2,50	2,75	5.206,67	2,33
196	4.606,60	2,00	1,75	3.800,00	2,17
163	4.635,90	1,75	2,25	4.180,00	2,00
251	4.924,50	1,75	2,75	4.900,00	1,67
120	5.375,60	2,25	2,25	4.706,67	2,33
192	3.936,20	2,25	2,00	3.840,00	2,17
Médias fenotípicas – testemunhas					
Ouro Negro	5.446,67	2,17	3,05	4.284,79	1,67
IPR-Uirapuru	3.666,67	2,33	2,45	3.553,44	2,30
BRS-Valente	4.253,33	2,67	2,57	3.753,50	2,15

Os ganhos preditos com a recombinação conforme o esquema proposto por Bearzoti (1997), em que as progênie selecionadas são cruzadas aos pares e cada progênie participa de dois cruzamentos (dialelo circulante), estão apresentados na Tabela 7. O ganho médio de seleção (GMS) para PG, AG e ARQ foi de 2,56, 4,29 e 8,91%, respectivamente. Dessa forma, o índice de seleção com base nos BLUP's extraídos com o modelo de melhor ajuste foi uma alternativa eficiente para acomodar os efeitos da interação G×A no processo seletivo.

Tabela 7. Ganho predito (%) com a recombinação das 20 progênes selecionadas com base na produtividade de grãos e o ganho médio de seleção (GMS).

Progênes recombinadas	PG	AG	ARQ
277×14	2,26	4,39	14,28
87×212	4,12	6,57	4,80
154×277	1,87	3,95	11,12
12×24	1,36	4,51	14,28
239×88	3,43	6,10	11,12
251×56	1,45	3,26	7,96
267×22	1,92	4,51	7,96
24×359	2,75	1,89	4,80
88×163	1,68	5,61	4,80
79×22	2,99	4,00	7,96
196×259	3,68	5,20	14,28
359×196	2,32	2,47	7,96
87×14	2,69	2,40	11,12
154×251	3,32	5,92	11,12
239×120	3,74	2,69	7,96
259×192	3,93	3,99	7,96
163×79	1,44	8,62	4,80
267×56	1,35	2,71	7,96
120×212	3,75	3,05	4,80
192×12	1,17	3,89	11,12
GMS	2,56	4,29	8,91

Resultados similares têm sido reportados por outros autores que relatam que a escolha do modelo de estruturas de (co)variâncias de melhor ajuste é capaz de aumentar a eficiência do processo seletivo podendo acelerar o lançamento de cultivares mais adaptadas (Crossa et al., 2006; Studnicki et al., 2016; Faveri et al., 2017; Rocha et al., 2019; Gouveia et al., 2020). Assim, a flexibilização das estruturas de (co)variâncias em ensaios que envolvem progênes avaliadas em diferentes ambientes é uma estratégia eficiente para os programas de melhoramento, sobretudo para características que sofrem elevada influência da interação G×A.

5. CONCLUSÕES

A modelagem das estruturas de (co)variâncias para os efeitos genéticos e não genéticos possibilitou conectar ensaios com diferentes delineamentos experimentais, bem como mitigar os efeitos da interação $G \times A$ na seleção de progênes de feijoeiro.

Entre os modelos testados, o modelo que considera simetria composta para produtividade de grãos e o modelo com correlação uniforme e variâncias heterogêneas para aspecto comercial de grãos, considerando os efeitos genéticos, e variâncias heterogêneas para os efeitos não genéticos, foram os modelos com valores genotípicos mais acurados de progênes de feijão tipo preto em diferentes ambientes.

As progênes selecionadas neste trabalho, tanto para a recombinação quanto para extração de linhagens, auxiliarão o Programa de Melhoramento Feijão da UFV na obtenção de linhagens próximas ao ideótipo de feijão preto.

6. REFERÊNCIAS

- BEARZOTI, E. **Simulação de seleção recorrente assistida por marcadores moleculares em espécies autógamas**. 1997, 230p. Tese (Doutorado em genética e melhoramento de plantas) – Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz, Piracicaba, SP.
- BALSALOBRE, T. W. A. et al. Mixed modeling of yield components and brown rust resistance in sugarcane families. **Agronomy Journal**, v. 108, n. 5, p. 1824–1837, 2016.
- CARNEIRO, J. E. de S. et al. **Feijão: do plantio à colheita**. – Viçosa: Ed. UFV, 2015.
- CERUTTI, P. H. et al. Identification of superior progenies between common bean gene groups for root system obtained by recurrent selection. **Bragantia**, v. 80, 2021.
- COELHO, I. F. et al. Multiple-trait, random regression, and compound symmetry models for analyzing multi-environment trials in maize breeding. **PLoS one**, v. 15, n. 11, p. e0242705, 2020.
- CULLIS, B. R. et al. Spatial analysis of multi-environment early generation trials. **Biometrics**, v. 54, p.1-18, 1998.
- CROSSA, J. et al. Modeling genotype× environment interaction using additive genetic covariances of relatives for predicting breeding values of wheat genotypes. **Crop science**, v. 46, n. 4, p. 1722-1733, 2006.
- CRUZ, C. D.; CASTOLDI, F. Decomposição da interação genótipos × ambientes em parte simples e complexa. **Revista Ceres**, v.38, p. 422-430, 1991.
- DOS ANJOS, R. S. R. et al. New proposals to estimate unbiased selection gain and coefficient of variation in traits evaluated using score scales. **Crop Science**, v. 59, n. 3, p. 937-944, 2019.
- FALCONER, D. S., **The problem of environment and selection**. American Naturalist v. 86, p. 293-298, 1952.
- FAVERI, J. de et al. Residual variance–covariance modelling in analysis of multivariate data from variety selection trials. **Journal of Agricultural, Biological and Environmental Statistics**, v. 22, n. 1, p. 1-22, 2017.
- JIA, G.; BOOKER, H. M. Optimal models in the yield analysis of new flax cultivars. **Canadian Journal of Plant Science**, v. 98, n. 4, p. 897-907, 2018.
- GILMOUR A, R. **Echidna mixed model software**. Orange, New South Wales.Australia. Disponível em: <<http://www.echidnamms.org/Resources/Echidna%20Mixed%20Model%20Software.pdf>>. Acesso em: 07 de dezembro de 2020.
- GOUVEIA, B. T. et al. Genotype-by-environment interaction for turfgrass quality in bermudagrass across the southeastern United States. **Crop Science**, v. 60, n. 6, p. 3328-3343, 2020.
- GUIMARÃES, P. H, R. et al. Index selection can improve the selection efficiency in a rice recurrent selection population. **Euphytica**, v. 217, n. 5, p. 1-16, 2021.
- HENDERSON, C. R. Best linear unbiased estimation and prediction under a selection model. **Biometrics**, p. 423-447, 1975.

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

KELLY, A. M. et al. 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.

LENZ, P. R. N. et al. Multi-trait genomic selection for weevil resistance, growth, and wood quality in Norway spruce. **Evolutionary applications**, v. 13, n. 1, p. 76-94, 2020.

MBIU, J. P. et al. Performance and adaptability of common bean genotypes at different agro-ecological environments in Kagera region. **Journal of Plant Breeding and Crop Science**, v. 12, n. 3, p. 237-245, 2020.

MELO, V. L. et al. Modeling (co)variance structures for genetic and non-genetic effects in the selection of common bean progenies. **Euphytica**, v. 216, n. 5, p. 1-13, 2020.

MOEINIZADE, S. et al. Multi-trait genomic selection methods for crop improvement. **Genetics**, v. 215, n. 4, p. 931-945, 2020.

OAKEY, H. et al. Genomic selection in multi-environment crop trials. **G3: Genes, Genomes, Genetics**, v. 6, n. 5, p. 1313-1326, 2016.

PÁDUA, J. M. V. et al. A multi- environment trials diallel analysis provides insights on the inheritance of fumonisin contamination resistance in tropical maize. **Euphytica**, v. 211, p. 277-285, 2016.

PEREIRA, H. S.; SANTOS J. B.; ABREU, A. F. B. Linhagens de feijoeiro com resistência à antracnose selecionadas quanto a características agronômicas desejáveis. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 39, p. 209–215, 2004.

PEREIRA, H. S. et al. Influência do ambiente em cultivares de feijoeiro-comum em cerrado com baixa altitude. **Bragantia**, v. 71, n. 2, p. 165-172, 2012.

PAULA, R. G. de et al. 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.

QUEIROZ, L. R. de et al. Recurrent selection for high iron and zinc concentrations in black bean grain. **Bragantia**, v. 80, 2021.

RAMALHO, M. A. P.; ABREU, A. F. B.; RIGHETTO, G. U. Interação de cultivares de feijão por épocas de semeadura em diferentes localidades do Estado de Minas Gerais. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 28, n. 10, p. 1183-1189, 1993.

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

RAMALHO, M. A. P. et al. **Aplicações da genética quantitativa no melhoramento de plantas autógamas**, Lavras: UFLA, 2012.

RESENDE, M. D. et al. Selection index with parentes, populations, progenies, and generations effects in autogamous plant breeding. **Crop Science**, v. 56, n. 2, p. 530-546, 2016.

RÖTTER, R. P. et al. Use of crop simulation modelling to aid ideotype design of future cereal cultivars. **Journal of experimental botany**, v. 66, n. 12, p. 3463-3476, 2015.

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

ROCHA, J. R. D. A. S. D. C. et al. Selection of superior inbred progenies toward the common bean ideotype. **Agronomy Journal**, v. 111, n. 3, p. 1181-1189, 2019.

R Core Team. **R: A language and environment for statistical computing** [Computer software]. R Foundation for Statistical Computing, Vienna, Austria. Disponível em: <<http://www.R-project.org>>. Acesso em: 13 de janeiro de 2021.

SCHMIDT, P. et al. Estimating Broad-Sense Heritability with Unbalanced Data from Agricultural Cultivar Trials. **Crop Science**, v. 59, n. 2, p. 525-536, 2019.

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.

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

STUDNICKI, M. et al. 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. 10, 2016.

TSAI, Hsin-Yuan et al. Use of multiple traits genomic prediction, genotype by environment interactions and spatial effect to improve prediction accuracy in yield data. **PloS one**, v. 15, n. 5, p. e0232665, 2020.

TORGA, P. P. et al. Interaction of common beans cultivars of the black group with years, locations and sowing seasons. **Euphytica**, v. 189, p. 239-248, 2013.

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

ANEXO 1 – Médias genotípicas

Tabela 1. Médias genotípicas das 20 linhagens de melhor desempenho de acordo com o método BLUP multiambientes e a linhagem 315.

Linhagem	Seca/2018			Águas/2018		Seca/2019			Águas/2019		Inverno/2020	
	ARQ	AG	PROD	AG	PROD	ARQ	AG	PROD	ARQ	PROD	AG	PROD
197	2,34	1,79	4.372,95	2,17	2.539,20	2,33	1,90	4.476,64	2,79	2.962,96	2,33	4.089,88
86	2,72	1,98	4.524,06	2,07	4.081,95	2,20	1,95	3.752,02	2,97	2.556,53	1,76	3.988,62
89	2,34	2,05	4.267,24	2,02	3.630,79	2,33	1,90	3.288,09	3,16	2.775,41	1,90	3.710,73
312	3,09	2,11	4.332,74	2,07	3.066,20	2,55	1,95	4.411,73	3,03	2.893,96	1,76	4.352,71
307	2,65	1,92	4.465,71	2,17	2.781,04	2,42	1,99	4.034,60	3,34	2.916,18	2,19	4.055,40
207	2,59	1,92	4.532,18	2,17	2.763,89	2,38	1,99	4.226,35	3,16	2.584,19	2,19	4.001,53
219	2,28	1,98	4.713,78	2,27	2.766,18	2,25	1,99	3.724,61	2,60	2.649,07	2,19	4.152,36
295	2,90	1,92	4.829,16	2,22	3.595,77	2,46	1,99	5.000,79	3,16	2.751,33	2,42	3.503,91
204	2,84	1,92	4.900,39	2,12	3.013,87	2,51	2,08	3.745,86	3,28	2.738,23	1,76	3.719,34
357	2,84	1,73	4.432,07	2,32	3.160,99	2,51	2,22	3.982,74	2,97	2.828,29	2,33	4.036,02
304	2,72	1,73	4.238,56	2,27	3.004,57	2,46	2,08	4.778,05	3,40	2.850,74	2,19	3.674,09
203	2,97	1,98	4.779,95	2,32	2.809,90	2,46	2,17	4.871,35	2,79	2.740,37	2,33	3.908,92
367	3,16	1,98	4.585,42	2,22	4.565,57	2,51	2,04	4.139,59	3,40	3.341,55	1,90	4.320,38
216	3,09	1,92	4.722,29	2,17	2.839,80	2,51	1,99	3.910,80	3,16	2.670,39	2,19	4.158,83
220	2,84	1,92	4.441,31	2,07	3.041,22	2,51	2,22	4.311,77	3,46	2.873,55	2,19	4.206,21
205	2,84	1,98	4.373,92	2,17	3.418,36	2,42	2,22	3.818,08	3,16	2.769,00	2,33	4.305,30
212	3,16	1,98	4.364,29	2,27	3.609,62	2,51	2,08	4.734,74	3,16	3.077,07	2,33	3.697,80
342	2,97	1,98	4.553,23	2,32	3.708,30	2,46	2,13	4.235,26	3,28	2.979,97	1,90	3.699,94
223	2,78	1,92	4.313,43	2,17	2.986,47	2,10	2,13	4.562,16	3,09	2.521,02	1,90	3.786,12

Continuação:													
206	2,97	1,92	4.529,70	2,32	3.188,15	2,29	2,04	3.817,45	3,09	2.803,76	2,48	4.008,02	
315	3,16	1,79	4.599,42	2,17	2.497,63	2,42	2,08	3.680,66	3,71	3.143,24	2,21	4.068,34	
Médias das testemunhas													
Ouro Negro	4,25	1,87	5.540,6	1,83	3.386,87	3,08	1,58	4.018,8	4,33	2.871,67	1,5	4.180,00	
BRS-Esteio	2,63	2,25	4.890,7	2,33	4.040,13	2,75	1,83	2.897,5	3,25	1.496,67	2,5	3.533,33	
BRS-Valente	3,13	1,87	4.136,4	2,58	2.137,73	2,41	2,16	3.762,43	3,5	1.195,0	2,0	3.333,33	