

WILSON VITORINO DE ASSUNÇÃO NETO

**ASSOCIAÇÃO ENTRE CARACTERES E MODELAGEM DE (CO)VARIÂNCIAS NA
SELEÇÃO DE PROGÊNIES DE FEIJÃO**

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

Orientador: José Eustáquio de Souza Carneiro

Coorientador: Pedro Crescêncio Souza Carneiro

**VIÇOSA – MINAS GERAIS
2024**

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

T

A851a Assunção Neto, Wilson Vitorino, 1994-
2024 Associação entre caracteres e modelagem de (co)variâncias
na seleção de progênies de feijão / Wilson Vitorino Assunção
Neto. – Viçosa, MG, 2024.
1 tese eletrônica (87 f.): il. (algumas color.).

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

Inclui bibliografia.

DOI: <https://doi.org/10.47328/ufvbbt.2024.110>

Modo de acesso: World Wide Web.

1. *Phaseolus vulgaris*. 2. Feijão-comum - Melhoramento
genético. 3. Feijão-comum - Seleção. 4. Correlação (Estatística).
I. Carneiro, José Eustáquio de Souza, 1960-. II. Universidade
Federal de Viçosa. Departamento de Agronomia. Programa de
Pós-Graduação em Genética e Melhoramento. III. Título.

CDD 22. ed. 635.65223

Bibliotecário(a) responsável: Bruna Silva CRB-6/2552


WILSON VITORINO DE ASSUNÇÃO NETO

**ASSOCIAÇÃO ENTRE CARACTERES E MODELAGEM DE (CO)VARIÂNCIAS NA
SELEÇÃO DE PROGÊNIES DE FEIJÃO**


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

APROVADA: 27 de fevereiro de 2024.

Assentimento:

Documento assinado digitalmente
 **WILSON VITORINO DE ASSUNCAO NETO**
Data: 16/10/2024 18:29:15-0300
Verifique em <https://validar.iti.gov.br>

Wilson Vitorino de Assunção Neto
Autor

Documento assinado digitalmente
 **JOSE EUSTAQUIO DE SOUZA CARNEIRO**
Data: 16/10/2024 18:43:06-0300
Verifique em <https://validar.iti.gov.br>

José Eustáquio de Souza Carneiro
Orientador

Aos meus pais, Rutênio Nogueira e Socorro Assunção.

AGRADECIMENTOS

A Deus.

À Universidade Federal de Viçosa, pela oportunidade de realizar a pós-graduação.

Ao programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento (PPGGM), por toda sua estrutura, corpo docente e pela oportunidade de realizar o doutorado.

Ao meu orientador, professor José Eustáquio de Souza Carneiro, pela sua disponibilidade na orientação, confiança e apoio.

Ao meu coorientador, professor Pedro Crescêncio Souza Carneiro, pela sua orientação, paciência, amizade e conversas que foram essenciais na minha formação.

A todos os professores que contribuíram para a minha formação desde a infância até a pós-graduação, em especial a minha orientadora da Graduação e do Mestrado: Regina Lucia Ferreira Gomes.

Aos meus pais, Rutênio Nogueira e Socorro Assunção, pelo amor, apoio incondicional, orações; e aos meus irmãos, Mariana e Rutênio, por toda amizade, carinho e ensinamentos em todos os momentos.

Ao meu parceiro, João Santiago, por todo companheirismo, atenção e paciência. Obrigado por sempre acreditar em meu potencial e pelo incentivo constante.

Aos colegas do Programa Feijão pela convivência, amizade, ensinamentos e ajuda na condução dos experimentos, em especial a Larissa Oliveira, José Tiago, Lawrência Maria e Núbia Xavier.

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

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

A todos que de alguma forma contribuíram para o meu crescimento profissional e pessoal.

Muito obrigado!

RESUMO

ASSUNÇÃO NETO, Wilson Vitorino, D.Sc., Universidade Federal de Viçosa, março de 2024. **Associação entre caracteres e modelagem de (co)variâncias na seleção de progênies de feijão.** Orientador: José Eustáquio de Souza Carneiro. Coorientador: Pedro Crescêncio Souza Carneiro.

Em programas de melhoramento, a avaliação de progênies em uma série de experimentos visa ganhos com a seleção simultânea para um conjunto de caracteres de interesse. Esses ganhos dependem da magnitude e do sinal das correlações entre estes caracteres, podendo ser alterados em função dos ciclos de recombinação e dos ambientes em que famílias ou linhagens são avaliadas. Outro ponto a se considerar é que esses experimentos são, em geral, avaliados em diferentes ambientes (safra, ano, local) e delineamentos estatísticos. Assim, o desbalanceamento estatístico/genético é um problema que sempre está presente nestas avaliações, além da ocorrência de (co)variâncias entre os efeitos genéticos e não genéticos quando um conjunto de progênies são avaliadas em ambientes distintos, aumentando o erro e tornando a identificação daquelas superiores mais complexa. O uso da abordagem de modelos mistos torna-se necessária pois permite modelar diferentes estruturas de variâncias e covariâncias, além de modelar os efeitos genéticos e residuais na presença da interação $G \times A$. No capítulo I objetivou-se estimar as correlações entre os caracteres aspecto comercial de grãos (AG), arquitetura de plantas (ARQ) e produtividade de grãos (PROD), considerando experimentos de avaliação de linhagens e de famílias de feijão, oriundas dos ciclos C_{III} e C_{IV} do programa de seleção recorrente de feijão vermelho da UFV (PSRFV-UFV) em diferentes safras e anos. De forma geral, as estimativas do coeficiente de correlação foram de magnitudes baixas, porém negativas entre AG e PROD e positivas entre ARQ e PROD, porém de maiores magnitudes para famílias comparadas as linhagens e sem diferenças relevantes comparando estas estimativas nas diferentes safras. Assim, o trabalho do melhorista é facilitado uma vez que as associações entre PROD, AG e ARQ não trazem dificuldades ao melhoramento simultâneo desses caracteres neste programa de melhoramento. No capítulo II, os objetivos foram ajustar modelos, considerando diferentes estruturas de matrizes de (co)variâncias para um conjunto de dados de avaliação de famílias e linhagens oriundas do ciclo C_{IV} do PSRFV-UFV; realizar a seleção por meio do índice de seleção FAI-BLUP, utilizando os valores genotípicos obtidos do modelo melhor ajustado, a fim de dar continuidade ao PSRFV-UFV. O modelo assumindo matrizes de (co)variâncias não estruturadas para os efeitos genéticos foi o que melhor se ajustou ao conjunto de dados. As estimativas de correlações genotípicas entre o desempenho dos genótipos (famílias e linhagens) nos pares de safras foram principalmente de magnitude moderada a alta, para ARQ e AG, corroborando com a fração simples da interação $G \times A$ predominando para estes caracteres. Em relação à PROD, estas correlações foram de baixa magnitude, o que corrobora com a predominância da fração complexa da interação $G \times A$ para esta característica. Utilizando os valores genotípicos preditos (BLUPs) a partir do modelo melhor ajustado, observou-se estimativas de acurácia seletiva e de comunalidade de maior magnitude se comparadas às obtidas com o modelo mais simples. Concluiu-se que a modelagem das estruturas de (co)variâncias para os efeitos genéticos e não genéticos é estratégia eficiente na análise de dados de experimentos que envolvem a

avaliação de famílias ou linhagens em diferentes ambientes. Vinte famílias e 20 linhagens foram selecionadas visando a recombinação e a composição de futuros ensaios de valor de cultivo e uso (VCU), respectivamente.

Palavras-chave: Correlações. *Phaseolus vulgaris* L.. Modelos mistos. Delineamentos experimentais. Feijão-comum.

ABSTRACT

ASSUNÇÃO NETO, Wilson Vitorino, D.Sc., Universidade Federal de Viçosa, March, 2024. **Association between traits and covariance modeling in the selection of bean progenies.** Adviser: José Eustáquio de Souza Carneiro. Co-adviser: Pedro Crescêncio Souza Carneiro.

In breeding programs, the evaluation of progênies across a series of experiments aims to gain from simultaneous selection for a set of traits of interest. These gains depend on the magnitude and sign of the correlations between these traits, which can be altered by recombination cycles and environments in which families or lines are evaluated. Another point to consider is that these experiments are generally evaluated in different environments (crop season, year, location) and statistical designs. Thus, statistical/genetic imbalance is a problem that is always present in these evaluations, in addition to the occurrence of covariance between genetic and non-genetic effects when a set of progenies are evaluated in different environments, increasing the error and making the identification of superior progenies more complex. The use of the mixed model approach becomes necessary as it allows modeling different structures of variance and covariances, as well as modeling genetic and residual effects in the presence of the genotype by environment interaction ($G \times E$). Chapter I aimed to estimate the correlations between the commercial grain aspect (GA), plant architecture (PA) and grain yield (GY) traits, considering an experiment to evaluate red bean lines and families from cycles C_{III} and C_{IV} of UFV's recurrent bean selection program in different crop seasons and years. In general, the correlation estimates were low, being negative for GA and GY and positive between PA and GY, with higher magnitudes for families compared to lines and no relevant differences when comparing crop seasons. It is concluded that the breeder's work is facilitated since there are no undesirable pleiotropic effects or the presence of linked genes in these traits, indicating that the associations between GY, GA, and PA do not pose difficulties for the simultaneous improvement of these traits in this breeding program. In Chapter II, the objectives were to fit a covariance structure model to the evaluation data set of families and lines from the C_{IV}; to make a comparison between genetic and non-genetic parameters with the simplest model; to carry out selection using the FAI-BLUP selection index, using the genotypic values obtained from the best adjusted model, in order to continue the red bean improvement program. The unstructured covariance model for genetic effects was the best fit for the data set. An increase in heritability and accuracy estimates for both family and lines data, with the most accurate estimates being obtained with the best-fitting model. The genetic correlations between crops season were mainly of moderate to high magnitude, especially for PA and GA, with the simple fraction of the $G \times E$ interaction predominating. Regarding GY, the correlations were of low magnitude between environments, confirming the predominance of the complex fraction of the $G \times E$ interaction. Using the best linear predicted genotypic values (BLUPs) of the best-fit model confirms the increase in selective accuracy and communality values compared to the BLUPs of the simplest model, which demonstrates that it is more efficient. It was concluded that modeling the (co)variance structures for genetic and non-genetic effects is an efficient strategy in experiments involving the evaluation of families or lines in different environments. Through this approach, it was possible to select 20 best families for the fifth cycle of recurrent selection recombination and to

select 20 best lines with the greatest potential for future Cultivation and Use Value tests.

Keywords: Correlations. *Phaseolus vulgaris* L.. Mixed models. Experimental designs. Common bean.

LISTA DE ILUSTRAÇÕES

- Figura 1 - Estimativas de correlações entre aspecto comercial de grãos (AG), arquitetura de plantas (ARQ) e produtividade (PROD) comparando famílias e linhagens de dois ciclos de seleção recorrente em 15 gerações. 1A – correlação fenotípica entre AG e ARQ; 1B – correlação fenotípica entre AG e PROD; 1C – correlação fenotípica entre ARQ e PROD; 1D – correlação genotípica entre AG e ARQ; 1E – correlação genotípica entre AG e PROD; 1F – correlação genotípica entre ARQ e PROD; 1G – correlação ambiental entre AG e ARQ; 1H – correlação ambiental entre AG e PROD; 1I – correlação ambiental entre ARQ e PROD.39
- Figura 2 - Estimativas de correlações entre aspecto comercial de grãos (AG), arquitetura de plantas (ARQ) e produtividade (PROD) comparando safras em 15 gerações. 3A – correlação fenotípica entre AG e ARQ; 3B – correlação fenotípica entre AG e PROD; 3C – correlação fenotípica entre ARQ e PROD; 3D – correlação genotípica entre AG e ARQ; 3E – correlação genotípica entre AG e PROD; 3F – correlação genotípica entre ARQ e PROD; 3G – correlação ambiental entre AG e ARQ; 3H – correlação ambiental entre AG e PROD; 3I – correlação ambiental entre ARQ e PROD44
- Figura 3 - Estimativas de herdabilidade do modelo 1 para aspecto de grão (AG), arquitetura de plantas (ARQ) e produtividade (PROD) avaliadas em famílias (F) e linhagens (L) de feijão vermelho nos experimentos: águas/2018 (A18), águas/2019 (A19), seca/2019 (S19), seca/2020 (S20), seca/2021 (S21), seca/2022 (S22), seca/2023 (S23) e inverno/2022 (I22)66
- Figura 4 - Estimativas de herdabilidade com o modelo 3 para aspecto de grão (AG), arquitetura de plantas (ARQ) e produtividade (PROD) avaliadas em famílias (F) e linhagens (L) de feijão vermelho nos experimentos: águas/2018 (A18), águas/2019 (A19), seca/2019 (S19), seca/2020 (S20), seca/2021 (S21), seca/2022 (S22), seca/2023 (S23) e inverno/2022 (I22)66
- Figura 5 - Estimativas de acurácia de acordo com o melhor modelo ajustado (modelo 3) para aspecto de grão (AG), arquitetura de plantas (ARQ) e produtividade (PROD) avaliadas em famílias (F) e linhagens (L) de feijão vermelho nos experimentos: águas/2018 (A18), águas/2019 (A19), seca/2019 (S19), seca/2020 (S20), seca/2021 (S21), seca/2022 (S22), seca/2023 (S23) e inverno/2022 (I22)67

Figura 6 - Estimativas de correlação genotípica entre os desempenhos dos genótipos nos pares de ambientes avaliados para famílias: aspecto de grão (A), arquitetura de plantas (B) e produtividade de grãos (C) e para linhagens: aspecto de grão (D), arquitetura de plantas (E) e produtividade de grãos (F)	69
Figura 7 - Decomposição da interação em simples (valores menores que 50%) e complexa (valores maiores que 50%) para aspecto de grãos (A), arquitetura de plantas (B) e produtividade (C) para as famílias: aspecto de grãos (D), arquitetura de plantas (E) e produtividade (F). A18:águas/2018; A19:águas/2019; I22: inverno/2022; S19: seca/2019; S20: seca/2020; S21: seca/2021; S22: seca/2022 e S23: seca/2023	70
Figura 8 - Comparação entre o ranking das 20 famílias selecionadas com a melhor performance (BLUP's) em cada caractere PROD (A e D), AG (B e E) e ARQ (C e F) selecionada pelo índice de seleção: análise de fatores e distância genótipo - ideótipo (FAI-BLUP)	74
Figura 9 - Comparação entre o ranking das 20 linhagens selecionadas com a melhor performance (BLUP's) em cada caractere PROD (A e D), AG (B e E) e ARQ (C e F) selecionada pelo índice de seleção: análise de fatores e distância genótipo - ideótipo (FAI-BLUP) utilizando os modelos de simetria composta (SC) e não estruturado (NE)	78

LISTA DE TABELAS

Tabela 1 - Detalhes experimentais da avaliação de famílias e linhagens de feijão vermelho no terceiro ciclo de seleção recorrente avaliados quanto aos caracteres aspecto comercial de grãos (AG), arquitetura de plantas (ARQ) e produtividade de grãos (PROD).....	23
Tabela 2 - Detalhes experimentais da avaliação de famílias e linhagens de feijão vermelho no terceiro ciclo de seleção recorrente avaliados quanto aos caracteres aspecto comercial de grãos (AG), arquitetura de plantas (ARQ) e produtividade de grãos (PROD).....	24
Tabela 3 - Detalhes experimentais da avaliação de famílias e linhagens de feijão vermelho no quarto ciclo de seleção recorrente avaliados quanto aos caracteres aspecto comercial de grãos (AG), arquitetura de plantas (ARQ) e produtividade de grãos (PROD).....	25
Tabela 4 - Detalhes experimentais da avaliação de famílias e linhagens de feijão vermelho no quarto ciclo de seleção recorrente avaliados quanto aos caracteres aspecto comercial de grãos (AG), arquitetura de plantas (ARQ) e produtividade de grãos (PROD).....	26
Tabela 5 - Resumo das análises individuais de variância e estimativas de parâmetros referentes aos caracteres aspecto comercial de grãos e arquitetura de plantas avaliados em famílias e linhagens de feijoeiro obtidas do terceiro ciclo (C _{III}) de seleção recorrente em diferentes gerações de endogamia	33
Tabela 6 - Resumo das análises individuais de variância e estimativas de parâmetros referentes ao caractere produtividade de grãos avaliado em famílias e linhagens de feijoeiro obtido do terceiro ciclo (C _{III}) de seleção recorrente em diferentes gerações de endogamia.....	34
Tabela 7 - Resumo das análises individuais de variância e estimativas de parâmetros referentes aos caracteres aspecto comercial de grãos e arquitetura de plantas avaliados em famílias e linhagens de feijoeiro obtidas do quarto ciclo (C _{IV}) de seleção recorrente em diferentes gerações de endogamia	35
Tabela 8 - Resumo das análises individuais de variância e estimativas de parâmetros referentes ao caractere produtividade de grãos avaliado em famílias e linhagens de	

feijoeiro obtidos do quarto ciclo (C _{IV}) de seleção recorrente em diferentes gerações de endogamia.....	36
Tabela 9 - Detalhes experimentais da avaliação de famílias e linhagens de feijão vermelho no quarto ciclo de seleção recorrente avaliados quanto aos caracteres aspecto comercial de grãos (AG), arquitetura de plantas (ARQ) e produtividade de grãos (PROD).....	54
Tabela 10 - Detalhes experimentais da avaliação de famílias e linhagens de feijão vermelho no quarto ciclo de seleção recorrente avaliados quanto aos caracteres aspecto comercial de grãos (AG), arquitetura de plantas (ARQ) e produtividade de grãos (PROD).....	55
Tabela 11 - Níveis relativos a cada caráter para estabelecimento dos ideótipos desejável e indesejável utilizados como critérios no índice FAI-BLUP.....	62
Tabela 12 - Número de parâmetros (NP), Critério de informação de Akaike (AIC), logaritmo da verossimilhança residual maximizada (log(L)) e teste de razão de verossimilhança (LRT) para os quatro modelos ajustados para aspecto de grão (AG), arquitetura de plantas (ARQ) e produtividade (PROD) avaliados em famílias de feijão vermelho.....	63
Tabela 13 - Número de parâmetros (NP), Critério de informação de Akaike (AIC), logaritmo da verossimilhança residual maximizada (log(L)) e teste de razão de verossimilhança (LRT) para os quatro modelos ajustados para aspecto de grão (AG), arquitetura de plantas (ARQ) e produtividade (PROD) avaliados em linhagens de feijão vermelho.....	63
Tabela 14 - Estimativa de parâmetros genéticos do modelo 1 (SC para efeito genético) para aspecto de grão (AG), arquitetura de plantas (ARQ), produtividade de grãos (PROD) em famílias e linhagens de feijão vermelho.....	64
Tabela 15 - Estimativas de variâncias genotípicas a partir do modelo 3 (NE para efeito genético) para aspecto de grão (AG), arquitetura de plantas (ARQ), produtividade de grãos (PROD) em famílias e linhagens de feijão vermelho.....	64
Tabela 16 - Autovalores e variâncias acumuladas (VA) explicadas pelo componente principal (CP) modelados pelo índice de seleção: análise de fatores e distância	

genótipo - ideótipo (FAI-BLUP) utilizando os modelos não estruturado e simetria composta para famílias	72
Tabela 17 - Cargas fatoriais, comunalidade (Co), acurácia seletiva (AS), para aspecto de grãos (AG), arquitetura de plantas (ARQ) e produtividade de grãos (PROD) utilizando experimentos de famílias	73
Tabela 18 - Autovalores e variâncias acumuladas (VA) explicadas pelo componente principal (CP) modelados pelo índice de seleção: análise de fatores e distância genótipo - ideótipo (FAI-BLUP) utilizando os modelos não estruturado e simetria composta para linhagens	75
Tabela 19 - Cargas fatoriais, comunalidade (Co), acurácia seletiva (AS) para aspecto de grãos (AG), arquitetura de plantas (ARQ) e produtividade de grãos (PROD) utilizando experimentos de linhagens	76

SUMÁRIO

INTRODUÇÃO GERAL	16
REFERÊNCIAS.....	18
CAPÍTULO 1 – ASSOCIAÇÃO ENTRE CARACTERES DE IMPORTÂNCIA AGRONÔMICA EM DIFERENTES CICLOS DE SELEÇÃO RECORRENTE DE FEIJÃO VERMELHO	20
1 Introdução.....	20
2 Material e métodos.....	22
2.1 Material genético	22
2.2 Localização, desenho experimental e cultivo	22
2.3 Caracteres avaliados.....	27
2.4 Análises estatísticas.....	27
2.5 Correlações fenotípicas, genotípicas, ambientais	29
3 Resultados e Discussão	31
3.1 Correlação fenotípica, genotípica e ambiental: comparação entre ciclos.....	37
3.2 Correlação fenotípica, genotípica e ambiental: comparação entre famílias e linhagens.....	41
3.3 Correlação fenotípica, genotípica e ambiental: comparação entre safras.....	43
4 Conclusão	45
Referências	45
CAPÍTULO II – ANÁLISES COM DIFERENTES ESTRUTURAS DAS MATRIZES DE (CO)VARIÂNCIAS NA SELEÇÃO DE GENÓTIPOS DE FEIJÃO VERMELHO.....	50
1 Introdução.....	50
2 Material e métodos.....	53
2.1 Material genético	53
2.2 Local, desenho experimental e cultivo	56
2.3 Caracteres avaliados.....	56
2.4 Análises estatísticas.....	57
2.5 Estimacão de parâmetros genéticos	60
2.6 Decomposicão da interaçã $G \times A$	61
2.7 Seleçã de famílias e de linhagens.....	61
3 Resultados	62
3.1 Escolha do modelo melhor ajustado	62

3.2 Estimativas de parâmetros genéticos.....	63
3.3 Correlação genotípica entre os experimentos e decomposição da interação famílias/linhagens x ambientes	67
3.4 Seleção de famílias do C _{IV} para recombinação via índice FAI-BLUP.....	71
3.5 Seleção de linhagens do C _{IV} para composição de futuros ensaios de VCU via índice FAI-BLUP.....	75
4 Discussão	77
4.1 Escolha do melhor modelo ajustado	77
4.2 Estimação de parâmetros genéticos	79
4.3 Correlação genotípica entre os experimentos e decomposição da interação famílias/linhagens x ambientes	80
4.4 Seleção de famílias do C _{IV} para recombinação e seleção de linhagens do C _{IV} para futuros ensaios de VCU via índice FAI-BLUP	81
5 Conclusão	83
Referências.....	83

INTRODUÇÃO GERAL

O feijão comum (*Phaseolus vulgaris* L.) é uma cultura com enorme valor social no Brasil, tendo em vista que é um dos alimentos básicos na dieta da maioria dos brasileiros e uma fonte rica em proteínas, carboidratos e minerais essenciais. Além disso, contribui também para a geração de empregos, demandando mão de obra ao longo de todo o seu ciclo produtivo (De La Fuente *et al.*, 2011; Schmutz *et al.*, 2014). Seu cultivo é disseminado em todo o território brasileiro, envolvendo tanto pequenos quanto grandes produtores, com variados graus de tecnologia aplicada. Segundo dados da Conab (2022), a produção nacional total de grãos de feijão foi de 3,036 milhões de toneladas cultivados em uma área de 2,699 milhões de hectares. Os feijões mesoamericanos tipo carioca e preto são os mais consumidos e cultivados no Brasil, compreendendo 70% e 15% da produção total de feijão comum, respectivamente. Os programas de melhoramento do Brasil têm priorizado seus esforços para aprimorar esses dois tipos de grãos (Pereira *et al.*, 2019).

Além dos tipos carioca e preto, o programa feijão da Universidade Federal de Viçosa (UFV), vem dedicando esforços no desenvolvimento de linhagens de feijão vermelho, dada a sua importância na região da Zona da Mata Mineira, necessitando atender às demandas dos produtores da região, que vem ganhando destaque com o aumento da área cultivada (Pereira, 2020). Para essa região há a recomendação de algumas cultivares, como a Ouro Vermelho, em 2005, sendo superior cerca de 31% na produção em comparação à cultivar Vermelhinho; a Ouro Vermelho Piramidada (OVR) fonte de resistência à antracnose, mancha-angular e ferrugem, desenvolvida pela UFV-BIOAGRO, obtida por causa da alta susceptibilidade da Ouro Vermelho a diversas doenças (Costa, 2007).

O principal objetivo do programa de melhoramento genético de feijoeiro da UFV é reunir alelos vantajosos para os caracteres de interesse, como produtividade de grãos, arquitetura de plantas e aspecto comercial dos grãos. No entanto, esse processo enfrenta várias dificuldades, entre elas, a complexidade de múltiplos genes que controlam esses caracteres, e a significativa influência do ambiente na sua manifestação. Visando aprimorar esses caracteres, os programas de melhoramento realizam hibridações que almejam combinar em uma nova linhagem os alelos favoráveis encontrados em dois ou mais genitores contrastantes.

Esse processo gera várias populações segregantes, e a seleção das que demonstram maior potencial para gerar linhagens superiores permite evitar desperdício de tempo e recursos financeiros em programas de melhoramento (Ramalho *et al.*, 2012). A estratégia de seleção recorrente, inicialmente proposta para plantas alógamas, tem demonstrado sucesso em culturas autógamas, como o feijoeiro. A seleção recorrente apresenta várias vantagens, incluindo (i) a exploração da variabilidade genética resultante dos cruzamentos entre diferentes linhagens; (ii) a ocorrência frequente de recombinações devido aos sucessivos cruzamentos; e (iii) o direcionamento para o aumento das frequências dos alelos favoráveis por meio de um processo repetitivo de seleção e recombinação (Dias, 2021). Nesse contexto, a magnitude e o sinal das correlações entre os caracteres sob seleção podem afetar a eficácia do programa de melhoramento (Cruz *et al.*, 2012).

Na fase de seleção em um programa de melhoramento por seleção recorrente, é comum a avaliação de progênies em diferentes safras, locais e anos, visando ao melhoramento de caracteres de natureza quantitativa. Também é corriqueiro que a avaliação de tais progênies envolva experimentos em delineamentos estatísticos distintos, como blocos aumentados, látices, blocos casualizados, entre outros, apresentado muitas vezes algum desbalanceamento estatístico e/ou, genético. Outro desafio na identificação de genótipos superiores, ao serem avaliados em diversos ambientes, é a ocorrência de interação genótipos por ambientes ($G \times A$). O uso da abordagem de modelos mistos, assumindo diferentes estruturas de matrizes variância e covariâncias, vem ganhando espaço na análise de dados com essas particularidades, como na soja (Krause *et al.*, 2023), no milho (Hu; Spilke, 2011) e no feijão (Araujo *et al.*, 2023; Melo *et al.*, 2020; Santana *et al.*, 2023).

Frente ao cenário apresentado, este trabalho teve como objetivos: (i) estimar as correlações fenotípicas, genotípicas e ambientais entre aspecto comercial de grãos, arquitetura de plantas e produtividade de grãos em famílias e linhagens de feijão, oriundas de diferentes ciclos de seleção recorrente, safras e anos; (ii) escolher um modelo linear misto, testando diferentes estruturas das matrizes de (co)variâncias genéticas e residuais, que melhor se ajuste a um conjunto de dados de experimentos com famílias e linhagens de feijão vermelho; (iii) utilizar o índice de seleção FAI-BLUP, visando a identificar famílias e linhagens superiores a fim de dar continuidade ao programa de melhoramento de feijão vermelho da UFV.

REFERÊNCIAS

- ARAÚJO, M. S. *et al.* Modeling covariance structures for genetic and non-genetic effects in cowpea multi-environment trials. **Agronomy Journal**, v.115, n. 3, p. 1248-1256, 2023.
- CONAB. Companhia Nacional de Abastecimento. **Boletim da Safra de Grãos**. 95p. Disponível em: <https://www.conab.gov.br/info-agro/safras/graos>. Acesso em: 12 jan. 2024.
- COSTA, M. R. **Melhoramento de feijões preto e vermelho visando a resistência à antracnose, ferrugem e mancha-angular, com o auxílio de marcadores moleculares**. 2007. 100 f. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento) - Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, MG, 2007.
- CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. Viçosa, MG: Editora UFV, 2012. 514p.
- DE LA FUENTE, M. *et al.* 2-DE-based proteomic analysis of common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) seeds. **Journal of Proteomics**, v. 74, n. 2, p. 262-267, 2011.
- DIAS, F. S. **Seleção recorrente no melhoramento do feijão carioca: estratégias para estimativa do progresso genético e para seleção de linhagens**. 2021. 75f. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento) – Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, 2021.
- HU, X.; SPILKE, J. Variance–covariance structure and its influence on variety assessment in regional crop trials. **Field Crops Research**, v. 120, p. 1-8. 2011.
- KRAUSE M. D. *et al.* Models to estimate genetic gain of soybean seed yield from annual multi-environment field trials. **Theor Appl Genet**. v. 136, 2023.
- 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.
- MOURA, M. M.; CARNEIRO, P. C. S.; CARNEIRO, J. E. de S.; CRUZ, C. D. Potencial de caracteres na avaliação da arquitetura de plantas de feijão. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 48, n.4, p. 417-425, 2013.
- 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, G. S. **Potencial de famílias e linhagens de feijão vermelho oriundas do programa de seleção recorrente da UFV**. 2020. 67 f. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento) – Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, 2020.

RAMALHO, M. A. P.; ABREU, A. F. B.; SANTOS, J. B.; NUNES, J. A. R. **Aplicações da genética quantitativa no melhoramento de plantas autógamas**. Lavras, MG: Editora UFLA, 2012. 522p.

RESENDE, M. D. V.; PRATES, D. F.; YAMADA, C. K.; JESUS, A. Estimação de componentes de variância e predição de valores genéticos pelo método da máxima verossimilhança restrita (REML) e melhor predição linear não viciada (BLUP) em pinus. **Boletim de Pesquisa Florestal**, v. 32/33, p. 23-42, 1996.

ROCHA, J. R. A. S. C. *et al.* Selection of Superior Inbred Progenies toward the Common Bean Ideotype. **Agronomy Journal**, v. 111, p. 1181-1189, 2019.

SANTANA, A. S. *et al.* Analysis of advanced Generation multistage field trials data in autogamous plant breeding: An evaluation in common Bean. **Crop Science**, v. 63, p. 1221-1233, 2023.

SCHMUTZ, J. *et al.* A reference genome for common bean and genome-wide analysis of dual domestications. **Nature Genetics**, v. 46, n. 7, p. 707-713, 2014.

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.

CAPÍTULO 1 – ASSOCIAÇÃO ENTRE CARACTERES DE IMPORTÂNCIA AGRONÔMICA EM DIFERENTES CICLOS DE SELEÇÃO RECORRENTE DE FEIJÃO VERMELHO

RESUMO: O feijão comum é uma cultura com enorme valor social no Brasil. Na Zona da Mata Mineira, o feijão do tipo vermelho é amplamente cultivado e consumido. Com base nisso, a Universidade Federal de Viçosa (UFV) conduz um programa de melhoramento de feijão vermelho utilizando a seleção recorrente com ênfase na melhoria da arquitetura de plantas (ARQ), produtividade de grãos (PROD) e aspecto comercial de grãos (AG). Os ganhos com a seleção simultânea, para um conjunto de caracteres de interesse, dependem da magnitude e do sinal das correlações entre estes caracteres, os quais podem ser alterados em função dos ciclos de recombinação e dos ambientes em que as famílias ou linhagens são avaliadas. O presente trabalho objetivou estimar as correlações entre os caracteres ARQ, PROD e AG, com base no desempenho de linhagens e de famílias de feijão vermelho, oriundas dos ciclos C_{III} e C_{IV} do programa de seleção recorrente do feijoeiro da UFV em diferentes safras (águas, inverno e seca). Os experimentos (oito envolvendo linhagens e 11 envolvendo famílias) foram conduzidos na Unidade de Ensino, Pesquisa e Extensão do Departamento de Agronomia da UFV, localizada em Coimbra, MG, nos anos de 2015 a 2022. PROD foi avaliada em kg ha⁻¹, enquanto ARQ e AG por meio de escala de notas. Foram estimados os coeficientes de correlação fenotípica, genotípica e ambiental entre os caracteres que apresentaram efeitos significativos de tratamentos (linhagens ou famílias) nas análises individuais de variância. As estimativas do coeficiente de correlação fenotípica variaram de -0,43 (entre AG e PROD - avaliados em famílias F_{2:9} no inverno de 2022) a 0,52 (entre ARQ e PROD - avaliados em famílias F_{2:9} no inverno de 2022). Cabe ressaltar que para AG e ARQ as maiores notas estão associadas aos fenótipos desfavoráveis. De forma semelhante, as estimativas de correlação genotípica variaram de -0,64 (entre AG e PROD - avaliados em linhagens na safra da seca de 2019) a 0,82 (entre ARQ e PROD - avaliados em famílias F_{2:9} no inverno de 2022). As estimativas do coeficiente de correlação ambiental variaram entre -0,49 (entre AG e PROD - avaliados em linhagens na seca de 2020) e 0,36 (entre ARQ e PROD - avaliados em linhagens na seca de 2019). Concluiu-se que, o trabalho do melhorista é facilitado, pois não houve indícios de presença de efeitos pleiotrópicos indesejáveis ou de genes ligados envolvidos no controle desses caracteres, indicando que as associações entre PROD, AG e ARQ não trazem dificuldades ao melhoramento simultâneo desses caracteres neste programa de melhoramento.

Palavras-chave: Correlações; *Phaseolus vulgaris* L.; porte; melhoramento de plantas; feijão-comum

1 Introdução

Em programas de melhoramento de feijão, sempre haverá uma demanda por cultivares que reúnam o maior número de fenótipos favoráveis, por exemplo, a

arquitetura ereta de planta, que além de promover a facilidade pela colheita mecanizada, a sua copa ereta melhora a ventilação entre as plantas, reduzindo a incidência de doenças (Miklas *et al.*, 2013), resistência aos mais variados patógenos, uma boa qualidade de grãos para atender as exigências do mercado consumidor e a alta produtividade de grãos.

O conhecimento da associação entre caracteres de importância no feijoeiro, como aspecto comercial de grãos, arquitetura de plantas e produtividade de grãos, pode revelar a existência de correlações favoráveis ou desfavoráveis entre eles e, para o estudo dessas correlações, é necessário considerar, além da significância, a magnitude e a direção para uma correta interpretação (Cruz *et al.*, 2012). Para a ocorrência de seleção eficiente, é importante conhecer a correlação entre os caracteres de interesse.

As correlações podem ser divididas em fenotípicas, genotípicas e ambientais. As de causa fenotípicas, são obtidas por avaliações de dois caracteres em um número de indivíduos na população, possuindo causas genéticas e ambientais, todavia, as genéticas são mais importantes para programas de melhoramento, pois são herdáveis. As de causas genotípicas são atribuídas a efeitos pleiotrópicos dos genes ou a ligação gênica, sendo temporária e geralmente se manifesta nas primeiras gerações de populações obtidas do cruzamento de genitores geneticamente divergentes (Vencovsky; Barriga, 1992). Para a correlação ambiental, valores negativos indicam que o ambiente favorece um caráter em detrimento do outro, e valores positivos indicam que dois caracteres são beneficiados ou prejudicados pelas mesmas causas de variações ambientais (Cruz *et al.*, 2012).

O estudo das correlações vem sendo utilizado em diversas culturas, como no arroz (Castro *et al.*, 2019), no milho (Zheng; Liu, 2013; Nardino *et al.*, 2016; Watanabe, 2020); na soja (Nogueira *et al.*, 2012; Sousa *et al.*, 2015; Zhang *et al.*, 2015; Machado *et al.*, 2017). No feijoeiro, Ribeiro e Maziero (2023) – investigando as correlações entre esses caracteres de interesse – obtiveram variações na significância, magnitude e sinal, considerando dados de experimentos individuais e combinados. Ribeiro *et al.* (2018), ao avaliarem 14 linhagens de feijão em diferentes safras, obtiveram correlação de baixa magnitude e negativa entre arquitetura de plantas e produtividade de grãos, afirmando que nem sempre a seleção de caracteres que conferem arquitetura ereta à planta pode ser associada à baixa produtividade de grãos, como relatado por Carmo *et al.* (2007), Cabral *et al.* (2011), Silva *et al.* (2013). Portanto, diante do exposto, o

objetivo deste estudo foi analisar as correlações fenotípicas, genotípicas, ambiental entre aspecto comercial de grãos, arquitetura de plantas e produtividade de grãos em famílias e linhagens de feijão, oriundas de diferentes ciclos de seleção recorrente, cultivadas em diferentes safras e em diferentes anos.

2 Material e métodos

2.1 Material genético

O material genético utilizado foi obtido do Programa de Melhoramento do Feijão Vermelho, iniciado no final da década de 1990, na Universidade Federal de Viçosa. Foram utilizados dados de experimentos do C_{III}, o qual foi obtido a partir da recombinação da melhor família de cada população obtida no C_{II}, sem a inclusão de novos genitores, composto por famílias e linhagens sendo avaliadas e selecionadas em várias gerações: F_{2:3} a F_{2:6}. Dentro das melhores famílias, foram extraídas linhagens avaliadas em F_{6:7} a F_{6:12} (Tabelas 1 e 2).

O C_{IV} foi obtido pelo cruzamento da melhor família de cada população obtida no C_{III}, com dez novos genitores de porte ereto: CIAT 1, CIAT 21, CIAT 22, CNFP 15194, RP 1, CXI-1, CNFC 11948, CNFP 16680, RPCVIII-1 e VC-25. Foram avaliadas e selecionadas em várias gerações: F_{2:3} a F_{2:9}. Na geração F_{2:5} foram extraídas dentro das melhores famílias, linhagens e avaliadas em F_{5:6} e F_{5:8} (Tabelas 3 e 4).

2.2 Localização, desenho experimental e cultivo

Os experimentos foram conduzidos na estação experimental do Departamento de Agronomia da Universidade Federal de Viçosa, localizada em Coimbra-MG (latitude 20°51'24" S, longitude 42°48'10" W e 720 m de altitude), nos anos de 2015 a 2022, nas safras da seca, inverno e águas.

Alguns experimentos foram conduzidos em diferentes delineamentos estatísticos, os quais incluem blocos aumentados (dba), látice e blocos casualizados (dbc). O número de tratamentos e de repetições também variou entre alguns experimentos. Maiores detalhes sobre os experimentos são apresentados nas Tabelas 1, 2, 3 e 4.

Tabela 2 - Detalhes experimentais da avaliação de famílias e linhagens de feijão vermelho no terceiro ciclo de seleção recorrente avaliados quanto aos caracteres aspecto comercial de grãos (AG), arquitetura de plantas (ARQ) e produtividade de grãos (PROD)

Geração	C _{III}			
	Linhagem			
	F _{6:9}	F _{6:10}	F _{6:11}	F _{6:12}
Nº de tratamentos	220	59	59	59
Nº de testemunhas	5	5	5	5
Ano	2019	2020	2021	2022
Safra	seca	seca	seca	seca
Codificação	S19	S20	S21	S22
Delineamento	látice	dbc	dbc	dbc
Nº de Repetições	três	três	três	três
Tamanho da Parcela	2m ²	1m ²	1m ²	1m ²
Caracteres avaliados	AG	AG	AG	AG
	ARQ	ARQ	ARQ	ARQ
	PROD	PROD	PROD	PROD

Tabela 3 - Detalhes experimentais da avaliação de famílias e linhagens de feijão vermelho no quarto ciclo de seleção recorrente avaliados quanto aos caracteres aspecto comercial de grãos (AG), arquitetura de plantas (ARQ) e produtividade de grãos (PROD).

Geração	C _{IV}				
	Família				
	F _{2:3}	F _{2:4}	F _{2:5}	F _{2:6}	F _{2:7}
Nº de tratamentos	380	380	115	58	58
Nº de testemunhas	20	20	6	4	4
Ano	2018	2019	2019	2020	2021
Safra	águas	águas	seca	seca	seca
Codificação	A18	A19	S19	S20	S21
Delineamento	látice	látice	látice	dbc	dbc
Nº de Repetições	duas	três	três	três	três
Tamanho da Parcela	0,5m ²	1m ²	2m ²	1m ²	1m ²
Caracteres avaliados	-	AG	AG	AG	AG
	ARQ	ARQ	ARQ	ARQ	ARQ
	PROD	PROD	PROD	PROD	PROD

Tabela 4 - Detalhes experimentais da avaliação de famílias e linhagens de feijão vermelho no quarto ciclo de seleção recorrente avaliados quanto aos caracteres aspecto comercial de grãos (AG), arquitetura de plantas (ARQ) e produtividade de grãos (PROD).

Geração	C _{IV}			
	Família		Linhagem	
	F _{2:8}	F _{2:9}	F _{5:6}	F _{5:8}
Nº de tratamentos	58	58	650	395
Nº de testemunhas	4	4	4	5
Ano da Safra	2022	2022	2020	2022
Safra	seca	inverno	seca	seca
Codificação	S22	I22	S20	S22
Delineamento	dbc	dbc	dba	látice
Nº de Repetições	três	três	zero	três
Tamanho da Parcela	1m ²	1m ²	0,5m ²	1m ²
Caracteres analisados	AG	AG	AG	AG
	ARQ	ARQ	ARQ	ARQ
	PROD	PROD	PROD	PROD

A densidade de sementes utilizadas em todos os experimentos foi de 12 sementes por metro linear. A adubação e os tratos culturais foram realizados de acordo com as recomendações técnicas para o feijoeiro na região.

2.3 Caracteres avaliados

Os genótipos foram avaliados em relação à produtividade, arquitetura da planta e aspecto comercial dos grãos. A produtividade de grãos foi convertida em kg ha⁻¹, considerando a produção obtida em cada parcela.

A arquitetura da planta foi avaliada com base em uma escala de notas, a qual varia de 1 a 5, em que a nota 1 se refere a plantas do tipo I ou II, eretas, com uma haste e poucas ramificações; nota 2, a plantas do tipo I ou II, eretas, com algumas ramificações e guia curta; nota 3, a plantas semiprostradas, com muitas ramificações e guia mediana; nota 4, a plantas do tipo III, prostradas, com muitas ramificações e guia longa; e nota 5, a plantas do tipo III, completamente prostradas, com muitas ramificações e guias muito longas (Collicchio *et al.*, 1997).

O aspecto comercial dos grãos também foi avaliado por uma escala de notas, variando de 1 a 5 adaptada ao feijão vermelho (Ramalho *et al.*, 1998). A nota 1 se refere ao padrão de grão vermelho: brilhante, não achatado, de formato elíptico e peso médio de 100 sementes entre 22 g e 24 g; nota 2, ao grão tipo vermelho com deficiência em uma das características mencionadas no padrão; nota 3, ao grão tipo vermelho com deficiência em duas das características mencionadas no padrão; nota 4, ao grão tipo vermelho com deficiência em três características mencionadas no padrão; e nota 5, ao grão totalmente fora do padrão vermelho (Menezes Júnior *et al.*, 2011).

2.4 Análises estatísticas

Os dados obtidos em cada experimento foram submetidos à análise de variância individual. Todos os efeitos foram considerados aleatórios, exceto a média. O modelo estatístico utilizado para os experimentos em DBC está representado pela Equação 1:

$$Y_{ij} = m + t_i + b_j + e_{ij} \quad (E1)$$

em que

Y_{ij} = valor observado na parcela que recebeu o tratamento i , no bloco j ; m = média geral do experimento; t_i = efeito do tratamento i , sendo ($i = 1, 2, \dots, n$); b_j = efeito da repetição j , sendo ($j = 1, 2, 3$); e e_{ij} é o erro aleatório associado à observação ij , ou seja, contribuição ao acaso da variação devido a fatores não controlados, assumindo que os erros são independentes e normalmente distribuídos, com média zero e variância σ^2 .

O modelo estatístico utilizado para os experimentos em delineamento látice seguiu o modelo estatístico da Equação 2, no qual todos os efeitos foram considerados aleatórios, exceto a média:

$$Y_{ijk} = m + t_i + b_j + (b/r)_{jk} + e_{ijk} \quad (E2)$$

onde

Y_{ijk} : valor observado na parcela que recebeu o tratamento i , no bloco j , dentro da repetição k ; m : média geral do experimento; t_i : efeito do tratamento i , sendo ($i = 1, 2, \dots, n$); b_j : efeito da repetição j , sendo $j = 1, 2$ e 3 ; $(b/r)_{jk}$: efeito do bloco k dentro da repetição j , sendo $l = 1, 2, 3, \dots, n$; e e_{ijk} : erro experimental associado à observação Y_{ijk} , assumindo que os erros são independentes e normalmente distribuídos, com média zero e variância σ^2 .

O modelo estatístico utilizado para os experimentos em delineamento de blocos aumentados seguiu o modelo da Equação 2:

$$Y_{ij} = \mu + \tau_i + B_j + \varepsilon_{ij} \quad (E3)$$

em que

Y_{ij} : é o valor da característica para a i -ésima testemunha no j -ésimo bloco (ou repetição). Para melhor entendimento, é utilizada outra simbologia para expressar o valor de um genótipo, para a mesma característica considerada, dada por:

Z_i^j : é o valor da característica para o i -ésimo genótipo no j -ésimo bloco; μ : constante associada ao modelo; τ_i : efeito do i -ésimo tratamento, que pode ser decomposto em:

T_i : efeito da i -ésima testemunha, com $i = 1, 2, \dots, t$; e G_i^j : efeito do i -ésimo genótipo, com $i = 1, 2, \dots, g_j$.

O total de genótipos avaliados é:

$g = \sum_{j=1}^b g_j$ em que g_j é o número total de genótipos avaliados no j -ésimo bloco;

B_j : efeito do j -ésimo bloco, com $j = 1, 2, \dots, b$; ε_{ij} : erro aleatório.

2.5 Correlações fenotípicas, genotípicas, ambientais

Para estimar os coeficientes de correlação fenotípica, genotípica e ambiental entre os caracteres, foram considerados apenas os experimentos nos quais o efeito de genótipos foi significativo. As covariâncias foram estimadas, segundo Cruz *et al.* (2012), por (Equação 4):

$$Cov(X, Y) = \frac{V(X+Y) - V(X) - V(Y)}{2} \quad (E4)$$

no qual

$Cov(X, Y)$: Covariância da variável x com y ; $V(X + Y)$: Variância de $x+y$; $V(X)$: variância de x ; $V(Y)$: variância de y .

Os coeficientes de correlação fenotípicas, ambiental e genotípica foram estimados para cada experimento em blocos ao acaso (DBC) e em látice (LAT), por meio das expressões descritas (Equações 5, 6 e 7):

Correlação fenotípica:

$$\rho_f = \frac{PMT_{xy}}{\sqrt{(QMT_x QMT_y)}} \quad (E5)$$

Correlação ambiental:

$$\rho_a = \frac{PMR_{xy}}{\sqrt{(QMR_x QMR_y)}} \quad (E6)$$

em que

$PMT_{xy} = \frac{(QMT_{x+y} - QMT_x - QMT_y)}{2}$; $PMR_{xy} = \frac{(QMR_{x+y} - QMR_x - QMR_y)}{2}$; PMT_{xy} : produtos médios associados aos tratamentos; PMR_{xy} : produtos médios associados ao resíduo.

Correlação genotípica:

$$\rho_g = \frac{\sigma_{gxy}}{\sqrt{\sigma^2_{gx} \sigma^2_{gy}}} \quad (E7)$$

sendo

$$\sigma_{gxy} = \frac{PMT_{xy} - PMR_{xy}}{r}; \sigma^2_{gx} = \frac{QMT_x - QMR_x}{r}; \sigma^2_{gy} = \frac{QMT_y - QMR_y}{r}$$

em que

σ_{gxy} : estimador da covariância genotípica entre os caracteres X e Y; e

σ^2_{gx} e σ^2_{gy} : estimador das variâncias genotípicas dos caracteres X e Y, respectivamente.

Os coeficientes de correlação fenotípicas, ambiental e genotípica foram estimados para cada experimento em delineamento em blocos aumentados (DBA), por meio das expressões descritas (Equações 8, 9 e 10):

Correlação fenotípica:

$$\rho_f = \frac{PMTaj_{xy}}{\sqrt{(QMTaj_x QMT_y)}} \quad (E8)$$

Correlação ambiental

$$\rho_a = \frac{PMR_{xy}}{\sqrt{(QMR_x QMR_y)}} \quad (E9)$$

em que

$$PMTaj_{xy} = \frac{(QMTaj_{x+y} - QMTaj_x - QMTaj_y)}{2}; \quad PMR_{xy} = \frac{(QMR_{x+y} - QMR_x - QMR_y)}{2};$$

$PMTaj_{xy}$: produtos médios associados aos tratamentos ajustados; PMR_{xy} : produtos médios associados ao resíduo.

Correlação genotípica

$$\rho_g = \frac{\sigma_{gxy}}{\sqrt{\sigma^2_{gx} \sigma^2_{gy}}} \quad (E10)$$

sendo

$$\sigma_{gxy} = \frac{PMTaj_{xy} - PMR_{xy}}{r}; \sigma^2_{gx} = \frac{QMTaj_x - QMR_x}{r}; \sigma^2_{gy} = \frac{QMTaj_y - QMR_y}{r}$$

em que

σ_{gxy} : estimador da covariância genotípica entre os caracteres X e Y; e

σ^2_{gx} e σ^2_{gy} : estimador das variâncias genotípicas dos caracteres X e Y, respectivamente.

A significância dos coeficientes de correlação foi obtida pelo teste t de Student a 1 e 5% de probabilidade. O software Genes (CRUZ, 2016) foi utilizado nas análises de variância e estimativas dos coeficientes de correlação. Os gráficos foram gerados com o uso do pacote tidyverse (Wickham et. al, 2019) no Software R (R Core Team, 2022).

3 Resultados e Discussão

A significância dos efeitos de genótipos nas análises individuais e as estimativas das variâncias fenotípicas, genotípicas, herdabilidades e coeficientes de variações experimentais para os caracteres avaliados, são apresentados nas Tabelas 5, 6, 7 e 8. Nos dois ciclos de seleção (C_{III} e C_{IV}) foram observadas significância ($p < 0.01$ e $p < 0.05$) para o efeito de genótipos sobre os caracteres avaliados, indicando a existência de variabilidade genotípica tanto para as famílias quanto linhagens para os três caracteres avaliados.

Foram observadas significâncias no aspecto comercial de grãos (AG) no C_{III} nas famílias F_{2:3} a F_{2:6} e nas linhagens F_{6:9} a F_{6:12}. Em relação à arquitetura de plantas (ARQ), as significâncias foram identificadas nas famílias F_{2:5} e F_{2:6} e nas linhagens F_{6:8} a F_{6:11}. Para a produtividade de grãos (PROD), as famílias F_{2:3} a F_{2:6} e as linhagens F_{6:7} e F_{6:9} a F_{6:11} mostraram significância. No C_{IV}, as significâncias para o aspecto comercial de grãos (AG) foram encontradas nas famílias F_{2:4} a F_{2:9} e nas linhagens F_{5:6} e F_{5:8}. Para a arquitetura de plantas (ARQ), as famílias F_{2:4} a F_{2:9} e as linhagens

F_{5:6} e F_{5:8} foram significativas. Já para a produtividade de grãos (PROD), as famílias F_{2:3} a F_{2:6}, F_{2:8} e F_{2:9}, além das linhagens F_{5:6} e F_{5:8}, apresentaram significância.

Tabela 5 - Resumo das análises individuais de variância e estimativas de parâmetros referentes aos caracteres aspecto comercial de grãos e arquitetura de plantas avaliados em famílias e linhagens de feijoeiro obtidas do terceiro ciclo (C_{III}) de seleção recorrente em diferentes gerações de endogamia

Ciclo	C _{III}									
Caractere	Aspecto Comercial de Grãos									
Geração	F _{2:3}	F _{2:4}	F _{2:5}	F _{2:6}	F _{6:7}	F _{6:8}	F _{6:9}	F _{6:10}	F _{6:11}	F _{6:12}
QMG	0,62**	0,52**	0,13**	0,12*	-	0,14 ^{ns}	1,04**	0,35**	0,21**	0,10**
QMR	0,19	0,15	0,05	0,08	-	0,10	0,21	0,11	0,09	0,04
σ_f^2	0,31	0,17	0,04	0,04	-	-	0,35	0,12	0,07	0,04
σ_g^2	0,21	0,12	0,02	0,01	-	-	0,28	0,08	0,04	0,02
h^2	69,40	71,90	58,09	35,87	-	-	79,36	69,03	55,41	58,27
CV%	17,91	16,12	12,00	14,41	-	13,08	16,70	13,31	10,85	9,57
Caractere	Arquitetura de Plantas									
Geração	F _{2:3}	F _{2:4}	F _{2:5}	F _{2:6}	F _{6:7}	F _{6:8}	F _{6:9}	F _{6:10}	F _{6:11}	F _{6:12}
QMG	0,11 ^{ns}	-	0,26**	0,08**	0,18 ^{ns}	0,43**	0,39**	0,31**	0,35**	0,05 ^{ns}
QMR	0,10	-	0,15	0,05	0,21	0,13	0,16	0,10	0,09	0,04
σ_f^2	-	-	0,09	0,03	-	0,40	0,13	0,10	0,12	-
σ_g^2	-	-	0,04	0,01	-	0,26	0,08	0,07	0,08	-
h^2	-	-	43,85	39,94	-	66,14	59,97	68,00	72,90	-
CV%	7,71	-	9,23	5,68	12,48	11,02	10,40	8,13	7,91	4,99

** , * = Significativo pelo teste F ao nível de 1 % e 5% de probabilidade; ^{ns} Não-significativo. QMG = Quadrado médio do genótipo; QMR = Quadrado médio do residuo; σ_f^2 = variância fenotípica; σ_g^2 = variância genotípica; h^2 = herdabilidade; CV% = coeficiente de variação experimental em porcentagem.

Tabela 6 - Resumo das análises individuais de variância e estimativas de parâmetros referentes ao caractere produtividade de grãos avaliado em famílias e linhagens de feijoeiro obtido do terceiro ciclo (CIII) de seleção recorrente em diferentes gerações de endogamia

Ciclo	C _{III}									
Caractere	Produtividade de Grãos									
Geração	F _{2:3}	F _{2:4}	F _{2:5}	F _{2:6}	F _{6:7}	F _{6:8}	F _{6:9}	F _{6:10}	F _{6:11}	F _{6:12}
QMG	1321353,66*	6241137,42**	577818,87**	1804069,24**	352771,66*	429888,87 ^{ns}	696162,23**	1544829,22**	326460,08**	572637,88 ^{ns}
QMR	1060936,79	204992,98	265760,63	605883,55	222702,48	354296,14	205170,28	427495,63	87921,33	643119,90
σ_f^2	660676,83	208045,81	192606,29	601356,42	364121,77	-	232054,07	514943,07	108820,03	-
σ_g^2	130208,43	139714,81	104019,41	399395,23	141419,29	-	163663,98	372444,53	79512,92	-
h^2	19,70	67,15	54,01	66,42	38,84	-	70,52	72,33	73,06	-
CV%	22,59	11,77	15,96	16,32	21,45	18,49	18,81	14,17	14,06	19,89

** , * = Significativo pelo teste F ao nível de 1 % e 5% de probabilidade; ^{ns} Não-significativo. QMG = Quadrado médio do genótipo; QMR = Quadrado médio do resíduo; σ_f^2 = variância fenotípica; σ_g^2 = variância genotípica; h^2 = herdabilidade; CV% = coeficiente de variação experimental em porcentagem.

Tabela 7 - Resumo das análises individuais de variância e estimativas de parâmetros referentes aos caracteres aspecto comercial de grãos e arquitetura de plantas avaliados em famílias e linhagens de feijoeiro obtidas do quarto ciclo (C_{IV}) de seleção recorrente em diferentes gerações de endogamia

Ciclo		C _{IV}							
Caractere		Aspecto Comercial de Grãos							
Geração	F _{2:3}	F _{2:4}	F _{2:5}	F _{2:6}	F _{2:7}	F _{2:8}	F _{2:9}	F _{5:6}	F _{5:8}
QMG	-	1,52**	1,20**	0,32**	0,32**	0,98**	0,30**	0,17**	0,21**
QMR	-	0,14	0,20	0,06	0,10	0,05	0,13	0,06	0,06
σ_f^2	-	0,51	0,40	0,11	0,11	0,33	0,10	0,20	0,07
σ_g^2	-	0,46	0,33	0,08	0,07	0,31	0,05	0,13	0,05
h^2	-	90,76	83,23	79,46	67,43	94,65	54,08	67,47	70,10
CV%	-	13,28	15,64	10,38	11,50	10,32	12,89	10,29	10,83
Caractere		Arquitetura de Plantas							
Geração	F _{2:3}	F _{2:4}	F _{2:5}	F _{2:6}	F _{2:7}	F _{2:8}	F _{2:9}	F _{5:6}	F _{5:8}
QMG	0,54**	1,02**	1,15**	0,98**	1,02**	2,23**	0,22**	0,34**	0,05**
QMR	0,26	0,25	0,22	0,12	0,26	0,11	0,09	0,04	0,04
σ_f^2	0,28	0,34	0,38	0,33	0,34	0,74	0,07	0,30	0,02
σ_g^2	0,14	0,26	0,31	0,29	0,25	0,70	0,04	0,26	0,01
h^2	51,4	75,47	80,67	87,69	74,59	94,94	58,80	87,34	33,14
CV%	14,78	15,95	14,22	11,55	15,93	9,67	8,91	6,31	5,59

** , * = Significativo pelo teste F ao nível de 1 % e 5% de probabilidade; ns Não-significativo. QMG = Quadrado médio do genótipo; QMR = Quadrado médio do resíduo; σ_f^2 = variância fenotípica; σ_g^2 = variância genotípica; h^2 = herdabilidade; CV% = coeficiente de variação experimental em porcentagem.

Tabela 8 - Resumo das análises individuais de variância e estimativas de parâmetros referentes ao caractere produtividade de grãos avaliado em famílias e linhagens de feijoeiro obtidos do quarto ciclo (C_{IV}) de seleção recorrente em diferentes gerações de endogamia.

Ciclo	C _{IV}								
Caractere	Produtividade de Grãos								
Geração	F _{2:3}	F _{2:4}	F _{2:5}	F _{2:6}	F _{2:7}	F _{2:8}	F _{2:9}	F _{5:6}	F _{5:8}
QMG	1236114,76**	1034883,44**	832965,37**	1024620,81**	135088,24 ^{ns}	3452637,20**	1315326,91**	904637,51*	615437,17**
QMR	465202,27	365556,88	246602,20	298141,55	149249,14	609038,86	328091,65	574345,29	348678,00
σ_f^2	618057,38	344961,14	277655,12	341540,27	-	1150879,07	438442,30	1012335,51	205145,72
σ_g^2	385456,25	223108,85	195454,39	242159,75	-	947866,11	329078,42	437990,20	88919,72
h^2	62,36	64,67	70,39	70,90	-	82,36	75,05	43,26	43,34
CV%	26,23	16,22	17,67	11,69	19,77	22,09	12,75	18,38	19,94

** , * = Significativo pelo teste F ao nível de 1 % e 5% de probabilidade; ^{ns} Não-significativo. QMG = Quadrado médio do genótipo; QMR = Quadrado médio do resíduo; σ_f^2 = variância fenotípica; σ_g^2 = variância genotípica; h^2 = herdabilidade; CV% = coeficiente de variação experimental em porcentagem.

Estimativas de parâmetros genéticos, como a variância genotípica no C_{III}, variaram entre 0,04 e 0,35 (AG); 0,01 e 0,26 (ARQ) e 79512,92 e 399395,23 (PROD); e no C_{IV} variaram entre 0,05 e 0,46 (AG); 0,01 e 0,70 (ARQ) e 88919,72 e 947866,11 (PROD) (Tabelas 5, 6, 7 e 8). As estimativas das variâncias genotípicas entre as progênes do CIV foram superiores às do CIII, pois, para a formação do ciclo CIV de seleção recorrente do feijão vermelho, foram incluídos novos genitores visando o porte ereto, adquirindo maior variabilidade genética devido aos intercruzamentos entre vários genitores contrastantes. A ocorrência de recombinação em ciclos avançados em programas de melhoramento continua permitindo o acréscimo de variabilidade genética e possibilitando ganhos genéticos para diversos caracteres avaliados (Menezes Júnior *et al.*, 2013).

A herdabilidade (h^2) estimada para o CIII variou de 35,87% e 79,36% (AG); 39,94% e 72,90% (ARQ) e 19,70% e 73,06% (PROD); e para o ciclo CIV variaram entre 54,08% e 94,65% (AG); 33,14% e 94,94% (ARQ) e 43,26% e 82,36% (PROD). A herdabilidade tem a capacidade em prever o ganho que pode ser alcançado por meio da seleção. De um modo geral, as estimativas de herdabilidade se mantiveram de magnitude média a alta ao longo das gerações de endogamia para AG e ARQ, enquanto que para PROD houve um acréscimo na magnitude à medida que foi avançando as gerações. Essas estimativas de herdabilidade confirmam a presença de variabilidade nos ciclos CIII e CIV. Esses resultados sugerem maiores ganhos com a seleção, o que torna o programa de melhoramento mais eficiente. No entanto, observam-se menores valores de h^2 para PROD, indicando a maior complexidade desse caractere.

Na formação do C_{IV} com a inclusão de dez novos genitores visando o porte ereto, notou-se o aumento da estimativa de herdabilidade dos caracteres avaliados. O aumento na herdabilidade ao longo dos ciclos pode ser explicado pelo acúmulo de alelos favoráveis na população, o que indica que a seleção recorrente é um método de melhoramento eficiente capaz de direcionar os ganhos de seleção (Cobb *et al.*, 2019; Ramalho *et al.*, 2012; Rocha, 2012).

3.1 Correlação fenotípica, genotípica e ambiental: comparação entre ciclos

As estimativas de correlação entre os três caracteres estudados, quando comparadas entre os dois ciclos de seleção recorrente (C_{III} e C_{IV}), são apresentadas na Figura 1. Para a interpretação correta de correlações, três aspectos devem ser considerados: a magnitude, a direção e a significância (Cruz *et al.*, 2012). Os coeficientes de correlação genotípica, fenotípica e ambiental se mostraram positivos e negativos e com baixa, média e alta magnitude. De acordo com Dancey e Reidy (2006), correlações de 0,1 a 0,3 são consideradas fracas; 0,40 a 0,6 moderadas; e 0,7 a 1 fortes.

Em sua maioria, os coeficientes de correlação genotípica foram superiores aos coeficientes de correlação fenotípica, isso causadas pelas diferenças de estimativas de herdabilidades entre os caracteres. Pelas medidas ou avaliações de dois caracteres em uma certa quantidade de indivíduos de uma população, obtém-se a correlação fenotípica, sendo suas causas de origem genéticas e ambientais, visando a utilização em programas de melhoramento, as de causas genéticas possuem maior importância. Alvares *et al.* (2016), ao estudarem caracteres como produtividade, peso de 100 grãos, escurecimento de grãos e arquitetura de plantas no feijoeiro, obtiveram correlações genotípicas mais altas do que fenotípicas para todos os caracteres, corroborando com os resultados obtidos neste estudo.

As correlações entre os caracteres nas gerações dos ciclos C_{III} e C_{IV} são apresentadas na Figura 1. As correlações fenotípicas entre AG e ARQ (Figura 1A) foram de baixa magnitude tanto para o C_{III} , entre -0,23 e 0,24, como para o C_{IV} , entre -0,24 e 0,22. Para AG e PROD (Figura 1B), variaram entre -0,35 e -0,01 para o C_{III} ; e entre -0,41 e 0,15 para o C_{IV} , de baixa magnitude nos dois ciclos. Entre ARQ e PROD (Figura 1C) foram de baixa magnitude, variando de -0,26 e 0,01 para o C_{III} ; e de média magnitude, se concentrando entre -0,11 e 0,57 para o C_{IV} .

Com relação à correlação genotípica entre AG e ARQ (Figura 1D), elas variaram de -0,49 e 0,30 no C_{III} e entre -0,42 e 0,47 no C_{IV} , sendo consideradas de média magnitude, mas com a concentração da maioria das correlações e com tendência a 0. Entre AG e PROD (Figura 1E), foram obtidas correlações entre -0,40 e 0,03 no C_{III} e entre -0,64 e 0,36 para o C_{IV} , consideradas, a maioria, negativas e de média magnitude com tendência abaixo de 0.

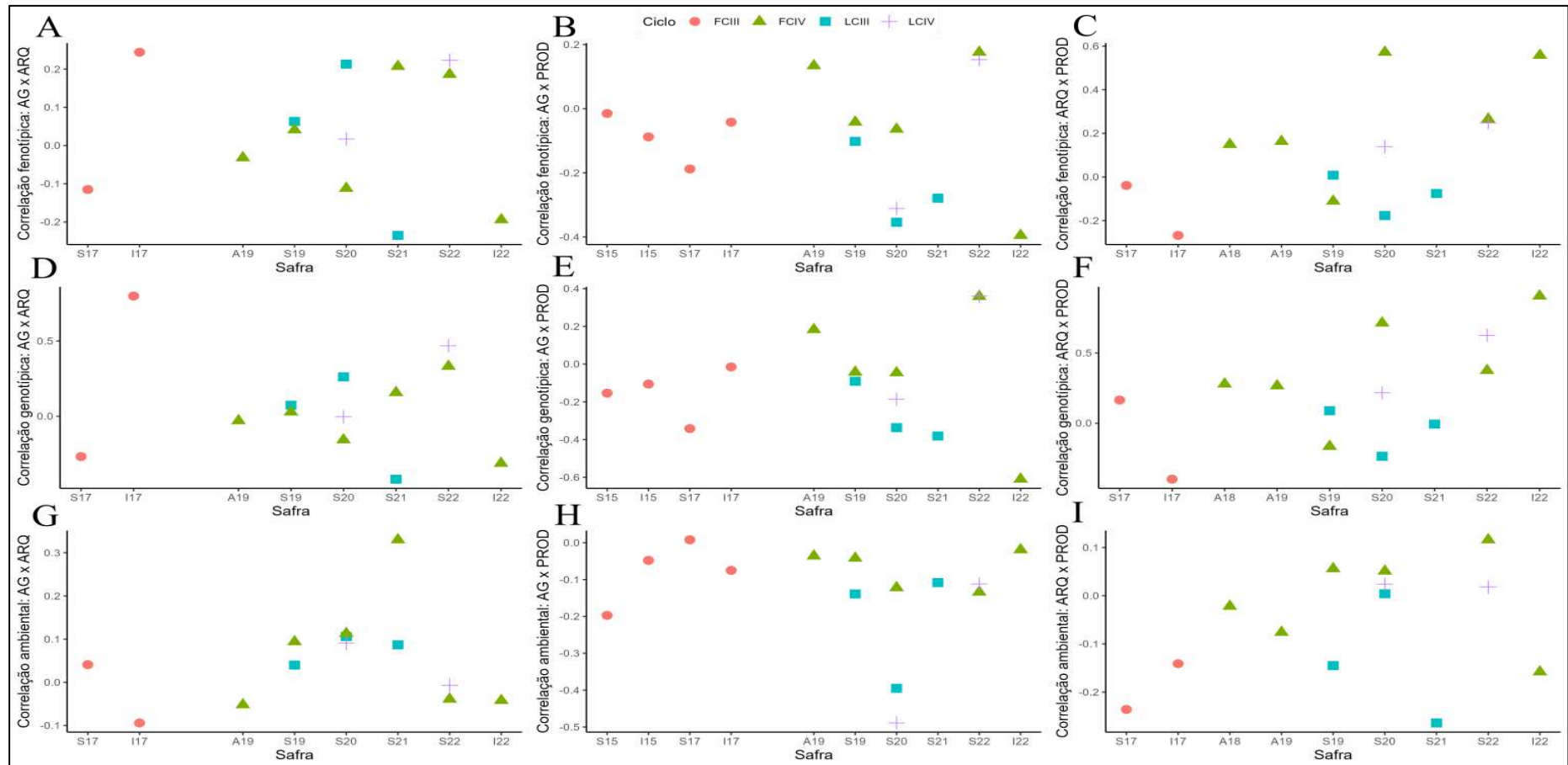


Figura 1 - Estimativas de correlações entre aspecto comercial de grãos (AG), arquitetura de plantas (ARQ) e produtividade (PROD) comparando famílias e linhagens de dois ciclos de seleção recorrente em 15 gerações. 1A – correlação fenotípica entre AG e ARQ; 1B – correlação fenotípica entre AG e PROD; 1C – correlação fenotípica entre ARQ e PROD; 1D – correlação genotípica entre AG e ARQ; 1E – correlação genotípica entre AG e PROD; 1F – correlação genotípica entre ARQ e PROD; 1G – correlação ambiental entre AG e ARQ; 1H – correlação ambiental entre AG e PROD; 1I – correlação ambiental entre ARQ e PROD.

Para ARQ e PROD (Figura 1F) as correlações variaram de -0,26 e 0,31, sendo de baixa magnitude para o C_{III} com tendência a 0, e entre -0,17 e 0,82 com a maior concentração abaixo de 0,5, considerando como média a alta magnitude para o C_{IV}. Ainda na Figura 1, temos os coeficientes de correlação ambiental entre AG e ARQ que foram de baixa magnitude tanto para o C_{III} (entre -0,09 e 0,11) como para o C_{IV} (entre -0,05 e 0,11) (Figura 1G). Entre AG e PROD, tanto para o C_{III} (entre -0,39 e 0,01) como C_{IV} (entre -0,49 e -0,02) os valores também foram de baixa magnitude com a concentração próxima a 0 (Figura 1H). Para ARQ e PROD não foram diferentes das demais, considerados de baixa magnitude também para o C_{III} (entre -0,26 e 0,004) e C_{IV} (-0,16 e 0,06). Com esses valores de coeficientes de correlação ambiental abaixo de 0,5 constata-se que houve uma maior contribuição genética do que ambiental nas correlações entre os caracteres. A maioria das correlações obtidas neste estudo foram não significativas pelo teste t, a 5% de probabilidade. Embora as significâncias estatísticas das correlações sejam possíveis de serem calculadas e utilizadas, entre os melhoristas de plantas, há uma tendência em se valorizar a magnitude e a direção, sendo um critério comum a valorização de estimativas abaixo de -0,5 e acima de 0,5 (Lopes *et al.*, 2002).

Comparando a magnitude das correlações genotípicas entre ciclos, tanto para o C_{III} como para o C_{IV} houve tendência de queda na magnitude e direção negativa entre AG e PROD. Em outras palavras, ao selecionar plantas mais produtivas selecionarão também plantas com padrões de grãos desejáveis. Entre ARQ e PROD no C_{III} de seleção não houve mudança significativa, mas no C_{IV} houve uma tendência de aumento que sugere uma certa dificuldade para obter plantas eretas e produtivas, mas, nota-se a concentração das correlações fenotípicas e genotípicas entre esses caracteres próximas a zero, indicando que é possível a obtenção de plantas eretas e produtivas nas populações avaliadas. Correlações entre arquitetura de plantas e produtividade de grãos com magnitudes expressivas também foram encontradas por Alves *et al.* (2001), logo, o melhorista entende como os caracteres estão correlacionados geneticamente entre si, a seleção quando for praticada em um caráter de uma maneira, afetará os outros caracteres que também são de importância para o programa.

De um modo geral, as correlações genótípicas se mostraram maiores que as fenotípicas e ambas foram superiores as ambientais, indicando que os fatores genéticos contribuíram mais e o ambiente pouco influencia na expressão dos caracteres (Lopes *et al.*, 2002). Desse modo, é necessário discriminar e mensurar o grau de associação genética e ambiental entre os caracteres, isto é, o quanto de correlação genotípica e o quanto de correlação ambiental se deve a correlação fenotípica, considerando que caracteres geneticamente correlacionados com correlação fenotípica significativa podem apresentar resposta positiva na seleção, uma vez que a seleção é baseada no fenótipo.

Neste estudo, observa-se que as correlações obtidas tanto no ciclo C_{III} como no ciclo C_{IV} foram baixas e, de forma geral, as estimativas de correlação foram menores no ciclo III comparado ao IV. Ressalta-se que novos genitores de porte ereto foram incluídos na recombinação para a obtenção do ciclo C_{IV} com foco em se obter materiais mais eretos e produtivos. Contudo, as estimativas de correlação fenotípica, genotípica e ambiental, como apresentaram o mesmo sinal e foram de baixa magnitude, indicam que as associações entre PROD, AG e ARQ não trazem dificuldades ao melhoramento simultâneo desses caracteres.

3.2 Correlação fenotípica, genotípica e ambiental: comparação entre famílias e linhagens

As estimativas dos coeficientes de correlação, considerando famílias e linhagens, estão representadas na Figura 1. Para a correlação fenotípica entre AG e ARQ (Figura 1A), as correlações variaram de -0,24 a 0,24 para famílias e de -0,23 a 0,22 para linhagens, representando uma baixa magnitude para ambas. Entre AG e PROD (Figura 1B), as correlações variaram entre -0,41 e 0,17 para famílias e entre -0,35 e 0,15 para linhagens, representando também uma baixa magnitude para ambas. Entre ARQ e PROD (Figura 1C) variaram de -0,26 a 0,57, com a maioria dos valores acima de 0,2 entre famílias, sendo considerado de média magnitude; e entre -0,17 a 0,24 para linhagens, sendo considerados valores de baixa magnitude.

Os resultados das estimativas de correlação fenotípicas para as famílias encontradas neste estudo corroboram com os obtidos por Parrella *et al.* (2008),

que avaliaram três gerações de famílias (F2:3, F2:4 e F2:5) de feijoeiro visando caracteres de interesse como: alta produtividade, arquitetura de planta ereta e tipos de grãos, além da resistência a antracnose. Os autores verificaram a existência de correlações negativas e de baixa magnitude entre aspecto de grãos e produtividade de grãos; e entre arquitetura de plantas e produtividade de grãos nas famílias avaliadas em três gerações, corroborando com os resultados obtidos neste estudo. Estes resultados indicam que a seleção será favorecida, pois famílias que apresentarem melhor aspecto de grão e arquitetura de planta ereta, serão também as mais produtivas.

Comparando as correlações genotípicas entre famílias e linhagens, para AG e ARQ (Figura 1D), as correlações variaram entre -0,38 e 0,79 para famílias e entre -0,41 e 0,47 para linhagens, sinalizando correlações de baixa a média magnitude. Para AG e PROD (Figura 1E), foram entre -0,61 e 0,35 para famílias e entre -0,38 e 0,36 para linhagens, indicando correlações de baixa a média magnitude e com concentração de correlações negativas tanto para famílias como para linhagens.

Para ARQ e PROD (Figura 1F) foram entre -0,39 e 0,90 considerando famílias, e -0,23 e 0,62 considerando linhagens, apresentando correlações com tendência de aumento para famílias. Em relação às correlações ambientais para famílias e linhagens, entre AG e ARQ, AG e PROD, ARQ e PROD foram obtidos valores de baixa magnitude, sendo eles positivos e negativos, mas com a concentração da maioria próxima a 0, indicando que não ocorre correlação ambiental seja o parentesco famílias ou linhagens.

Resultados semelhantes foram observados por Ribeiro *et al.* (2015) ao avaliarem 212 linhagens de feijoeiro na geração F_{6:7} e F_{6:8}, que também encontram correlações genotípicas de baixas magnitudes entre produtividade de grãos e componente da arquitetura de plantas. Esses resultados também corroboram com os obtidos por Silva *et al.* (2009), que avaliaram e selecionaram linhagens em três gerações distintas: 64 linhagens em F_{5:6}, 39 em F_{5:7} e 15 em F_{5:8}, encontrando correlações genotípicas de baixa magnitude entre produtividade de grãos e arquitetura de plantas.

A correlação genotípica entre dois caracteres avaliados em linhagens endogâmicas é de natureza genética aditiva, possuindo diferentes causas: efeito

da pleiotropia nos genes ou quando é devido a ligação gênica entre os genes (Santos; Vencovsky, 1986). Logo, quando a correlação é devido à ligação gênica, ela será de causa transitória, e se manifestará nas primeiras gerações de populações obtidas do intercruzamento de genitores geneticamente divergentes (Vencovsky; Barriga, 1992). Os resultados obtidos neste trabalho demonstram que as correlações entre arquitetura de plantas, aspecto de grãos e produtividade de grãos, são em virtude de ligações gênicas, pois, nas famílias, as correlações são manifestadas nas primeiras gerações; nas linhagens, sua magnitude é diminuída com o avanço das gerações em razão das recombinações gênicas. Contudo, se fossem determinadas por efeitos pleiotrópicos, se manteriam ao dessas gerações com diferentes graus de endogamia (Rocha, 2012).

3.3 Correlação fenotípica, genotípica e ambiental: comparação entre safras

Os resultados das correlações fenotípicas, genotípicas e ambientais entre os três caracteres diferenciados agora por safras – águas, inverno e seca –, são apresentados na Figura 2. Para correlação fenotípica, observamos que há correlações positivas, mas de baixas magnitudes entre AG e ARQ (Figura 2A); e negativas e de baixa magnitude entre AG e PROD (Figura 2B); para ARQ e PROD, correlações positivas de baixas a médias magnitudes (Figura 2C). Para correlações genotípicas, observa-se a concentração das correlações próximas a zero para AG e ARQ (Figura 2D), negativas e de baixa magnitude para AG e PROD (Figura 2E), positivas e médias para ARQ e PROD (Figura 2F). Para as correlações ambientais, de um modo geral, foram todas consideradas como de baixíssimas magnitudes e bem próximas a zero entre os três caracteres, mesmo avaliando em diferentes safras.

Com os resultados obtidos das correlações em experimentos conduzidos em diferentes safras, águas, seca e inverno, observa-se que a correlação entre os caracteres não possui uma tendência expressiva de alteração por causa da mudança de safra, logo, os efeitos ambientais não influenciam tanto a expressão e a correlação entre esses caracteres.

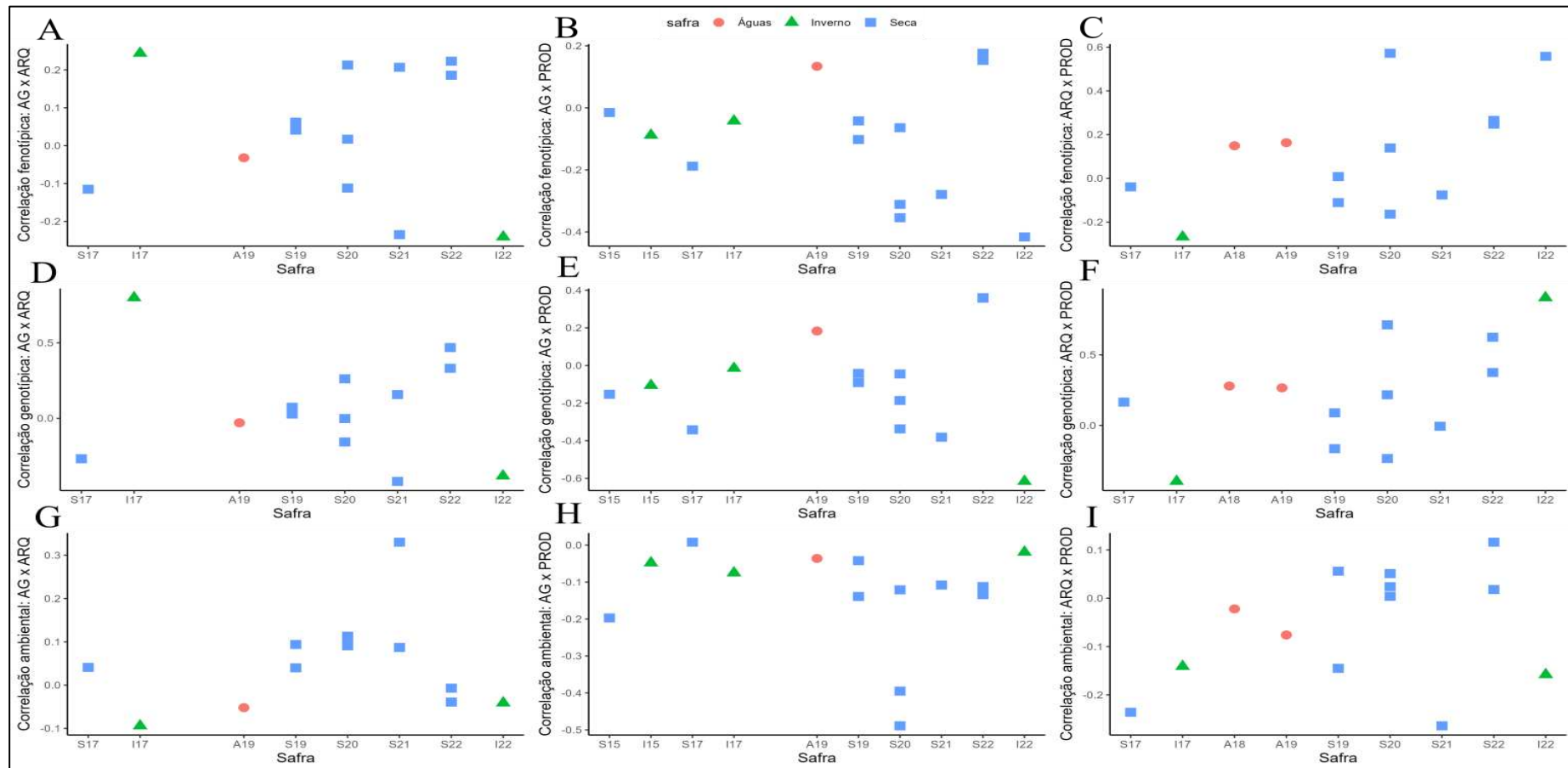


Figura 2 - Estimativas de correlações entre aspecto comercial de grãos (AG), arquitetura de plantas (ARQ) e produtividade (PROD) comparando safras em 15 gerações. 3A – correlação fenotípica entre AG e ARQ; 3B – correlação fenotípica entre AG e PROD; 3C – correlação fenotípica entre ARQ e PROD; 3D – correlação genotípica entre AG e ARQ; 3E – correlação genotípica entre AG e PROD; 3F – correlação genotípica entre ARQ e PROD; 3G – correlação ambiental entre AG e ARQ; 3H – correlação ambiental entre AG e PROD; 3I – correlação ambiental entre ARQ e PROD

Assim, como foram observadas poucas correlações ambientais com efeitos significativos, isso indica que os pares de caracteres não foram beneficiados ou prejudicados pelas variações ambientais.

Corroborando com os resultados obtidos por Rocha (2012), que ao avaliar 48 populações segregantes nas gerações F2, F3 e F4 de feijoeiro, nas safras do inverno e da seca, obteve algumas correlações ambientais de efeitos significativos entre arquitetura de plantas e produtividade de grãos. A diferença de sinal entre correlações genóticas e ambientais são atribuídas às causas de variação herdável e de ambiente que afetam dois caracteres por meio de mecanismos fisiológicos diferentes (Falconer; Mackay, 1996).

4 Conclusão

Comparando-se ciclos de seleção, gerações de endogamia e diferentes safras, as correlações fenotípicas e genóticas indicaram correlações de baixa a alta magnitude com tendência a diminuição com o avanço entre gerações em razão das recombinações gênicas entre os caracteres avaliados.

Em geral, é possível obter plantas com aspecto comercial de grãos desejável, arquitetura ereta e alta produtividade, pois tais caracteres possuem pouca ou nenhuma correlação entre si, facilitando o trabalho do melhorista, uma vez que não há a presença de efeitos pleiotrópicos indesejáveis ou a permanência de efeitos de genes ligados.

Referências

ALVARES, R. C. *et al.* Estimation of genetic parameters and selection of high-yielding, upright common bean lines with slow seed-coat darkening. **Genetics and Molecular Research**, v.15, n. 4, 2016.

ALVES, G. F.; RAMALHO, M. A. P.; ABREU, A. F. B. Performance of ancient and modern bean cultivars evaluated in diferente environmental conditions = Desempenho de cultivares antigas e modernas de feijão avaliadas em diferentes condições ambientais. **Ciência e Agrotecnologia**, v. 25, p. 863-870. 2001.

BUTLER, D. G. *et al.* ASReml estimates variance components under a general linear mixed model by residual maximum likelihood (REML). **ASReml-R reference manual**, v. 4, p. 1-188, 2018.

CABRAL, P. D. S. *et al.* Trail analysis of bean yield (*Phaseolus vulgaris* L.) and their componentes = Análise de trilha do rendimento de grãos de feijoeiro (*Phaseolus vulgaris* L.) e seus componentes. **Revista Ciência Agrônômica**, v. 42, p. 132-138, 2011.

CARMO, S. L. M.; SANTOS, J. B.; HAGIWARA, W. E.; FERREIRA, J. L. Evaluation of 'stay green' in segregating bean families (*Phaseolus vulgaris* L.) = Avaliação do 'stay green' em famílias segregantes de feijão (*Phaseolus vulgaris* L.). **Ciência e Agrotecnologia**, v. 31, p. 953-957, 2007.

CARNEIRO, J. E. S. *et al.* 'Ouro 1206 Vermelho': New red bean cultivar for Minas Gerais, Brazil. **Annual Report of the Bean Improvement Cooperative**, v. 49, p. 281-282, 2006.

CATRO, D. G. *et al.* Estimativas de associação entre caracteres agronômicos na seleção de genótipos de arroz de terras altas. **Magistra**, v. 30, p. 359-367, 2019.

CHIMENEZ-FRAZON, R. *et al.* Genetic parameters, yield adaptability and stability of common bean obtained through mixed models analyses. **Agronomy Science and Biotechnology**, v. 8, p. 1-16. 2022.

COBB, J. N. *et al.* Enhancing the rate of genetic gain in public-sector plant breeding programs: lessons from the breeder's equation. **Theoretical and Applied Genetics**, v. 132, n. 3, p. 627-645, 2019.

COLLICCHIO, E.; RAMALHO, M. A. P.; ABREU, A. F. B. Associação entre o porte da planta do feijoeiro e o tamanho dos grãos. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 32, p. 297-304, 1997.

CRUZ, C. D. Genes Software-extended and integrated with the R, Matlab and Selegen. **Acta Scientiarum**. Agronomy, v. 38, p. 547-552, 2016.

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

DANCEY, C. P.; REIDY, J. **Estatística Sem Matemática para Psicologia: Usando SPSS para Windows**. Porto Alegre, RS: Artmed, 2006. 608p.

FALCONER, D. S.; MACKAY, T. F. C. **Introduction to quantitative genetics**. 4 ed. London: Longman, 1996. 463p.

LIMA, T. V. *et al.* Adaptability and stability of early carioca beans by mixed models. **Bioscience Journal**, v. 36, p. 173-182, 2020.

LOPES, A. C. A.; VELLO, N. A.; PANDINI, F.; ROCHA, M. M. Variabilidade e correlações entre caracteres em cruzamentos de soja. **Scientia Agricola**, v. 59, p. 341-348, 2002.

- NARDINO, M. *et al.* Correlações fenotípica, genética e de ambiente entre caracteres de milho híbrido da região sul do Brasil. **Revista Brasileira de Biometria**. n. 3, p.379-394, 2016.
- NASCIMENTO, M. R.; DAHER, R. F.; SANTOS, P. R.; SOUZA, G. A. Adaptability and stability of black and purple bean genotypes. **Pesquisa Agropecuária Tropical**, v. 52, e. 71631, 2022.
- MACHADO, B. Q. V. *et al.* Phenotypic and genotypic correlations between soybean agronomic traits and path analysis. **Genetics and Molecular Research**, v.16, n.2, 2017.
- MENEZES JÚNIOR, J. A. N. *et al.* Common bean breeding to improve red grain lines. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 11, p. 50-58, 2011.
- MENEZES JÚNIOR, J. A. N. *et al.* Two cycles of recurrent selection in red bean breeding. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 13, p. 41-48, 2013.
- MOURA, M. M.; CARNEIRO, P. C. S.; CARNEIRO, J. E. de S.; CRUZ, C. D. Potencial de caracteres na avaliação da arquitetura de plantas de feijão. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 48, n. 4, p. 417-425, 2013.
- NOGUEIRA, A. P. O. *et al.* Análise de trilha e correlações entre caracteres em soja cultivada em duas épocas de semeadura. **Bioscience Journal**. v. 28, n. 6, p.877-888, 2012.
- PARRELLA, N. N. L. D.; SANTOS, J. B.; PARRELLA, R. A. C. Seleção de famílias de feijão com resistência à antracnose, produtividade e tipo de grão carioca. **Ciência e Agrotecnologia**, Lavras, v. 32, n. 5, p. 1503-1509, 2008.
- PEREIRA, G. S. **Potencial de famílias e linhagens de feijão vermelho oriundas do programa de seleção recorrente da UFV**. 2020. 67 f. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento) – Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, 2020.
- R CORE TEAM. **R: A language and environment for statistical computing. R Foundation for Statistical Computing**. Vienna, Austria. 2022. Available from: <https://www.R-project.org/>.
- RAMALHO, M. A. P.; ABREU, A. F. B.; SANTOS, J. B.; NUNES, J. A. R. **Aplicações da genética quantitativa no melhoramento de plantas autógamas**. Lavras, MG: Editora UFLA, 2012. 522p.
- RAMALHO, M. A. P.; PIROLA, L. H.; ABREU, A. F. B. Alternativas na seleção de plantas de feijoeiro com porte ereto e grão tipo carioca. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 33, n. 12, p. 1989-1994, 1998.
- RESENDE, M. D. V. Software SELEGEN-REML/BLUP: a useful tool for plant breeding. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 16, p. 330-339, 2016.

RIBEIRO, N. D.; KLASENER, G. R.; SOMAVILLA, I. P.; SANTOS, G. G. Upright plant architecture traits and their relationship with grain yield in the selection of Mesoamerican common bean lines cultivated at low altitude. **Genetics and Molecular Research**, v. 18, n. 2, gmr18323, 2019.

RIBEIRO, N. D.; MAZIERO, S. M. Environmental variability in indirect selection for grain yield in common bean lines. **Scientia Agricola**, v. 80, e20220082, 2023.

RIBEIRO, N. D.; SANTOS, G. G. D.; MAZIERO, S. M.; STECKLING, S. D. M. Phenological, plant architecture and grain yield traits on common bean lines selection. **Revista Caatinga**, v. 31, n. 3, p. 657-666, 2018.

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

ROCHAA, G. S. **Causas de correlação entre caracteres e efeito de ambientes na predição do potencial de populações segregantes no melhoramento do feijoeiro**. 80 f. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento) – Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, 2012.

SANTOS, J. B.; VENCOVSKY, R. Controle genético de alguns componentes do porte da planta em feijoeiro. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**. Brasília. v. 21, n. 9, p. 957-963, 1986.

SANTOS, J. B.; VENCOVSKY, R. Correlação fenotípica e genética entre alguns caracteres agrônômicos do feijoeiro (*Phaseolus vulgaris* L.). **Ciência e Prática**, Lavras, v. 10, n. 3, p. 265-272, 1986.

SILVA, C. A.; ABREU, A. F. B.; RAMALHO, M. A. P. Associação entre arquitetura de planta e produtividade de grãos em progênies de feijoeiro de porte ereto e prostrado. **Pesquisa agropecuária brasileira**, v. 44, n. 12, p. 1647-1652, 2009.

SILVA, V. M. P. *et al.* Genetic potential of common bean parents for plant architecture improvement. **Scientia Agricola**, v. 70, p. 167-175, 2013.

SOUSA, L. B. *et al.* Correlation between yield components in F6 soybean progenies derived from seven biparental crosses. **Bioscience Journal**, v. 31, n. 6, p.1692-1699, 2015.

VENCOVSKY, R.; BARRIGA, P. **Genética biométrica no fitomelhoramento**. Ribeirão Preto, SP: Sociedade Brasileira de Genética, 1992. 496p.

WATANABE, I. A. M. **Potencial genético e correlação entre caracteres em população de milho branco**. 2020. 58f. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento) – Universidade Federal de Goiás, Goiânia, 2020.

WICKHAM H. *et al.* Welcome to the tidyverse. **Journal of Open Source Software**, v. 4, n. 43, p. 1686, 2019.

ZHANG, H. *et al.* Genetic dissection of the relationship between plant architecture and yield component traits in soybean (*Glycine max*) by association analysis across multiple environments. **Plant Breeding**, v.134, n. 5, p.564-572, 2015.

ZHENG Z. P.; LIU, X. H. Genetic analysis of agronomic traits associated with plant architecture by QTL mapping in maize. **Genetics and Molecular Research**, v. 12, n. 2, p. 1243-1253, 2013.

CAPÍTULO II – ANÁLISES COM DIFERENTES ESTRUTURAS DAS MATRIZES DE (CO)VARIÂNCIAS NA SELEÇÃO DE GENÓTIPOS DE FEIJÃO VERMELHO

RESUMO: A etapa de avaliação de famílias e de linhagens em um programa de melhoramento por seleção recorrente em plantas autógamas, normalmente, envolve experimentos conduzidos em diferentes delineamentos estatísticos, safras e anos. Desta forma, a presença de desbalanceamento genético e, ou, estatístico é corriqueira nestes experimentos. Nesta situação, destaca-se o uso da metodologia de modelos mistos nas análises de dados desta natureza, visando a seleção daqueles genótipos (famílias ou linhagens) de maior potencial. Assim, o objetivo com este trabalho foi analisar via modelos mistos dados de experimentos do programa de melhoramento do feijão vermelho por seleção recorrente da Universidade Federal de Viçosa (PMSRFV-UFV), visando a seleção de genótipos superiores, testando diferentes estruturas de matrizes de (co)variâncias genética e residual. Foram utilizados dados de dez experimentos, em que foram avaliadas famílias e linhagens oriundas do quarto ciclo (ciclo C_{IV}) do PMSRFV-UFV. Estes experimentos apresentavam tanto desbalanceamento genético quanto estatístico e foram conduzidos de 2018 a 2023, em diferentes safras, em Coimbra, MG. Foram avaliados a produtividade de grãos, arquitetura de plantas e aspecto comercial de grãos. Quatro modelos lineares mistos, considerando diferentes estruturas da matriz de (co)variâncias para os efeitos genéticos e não genéticos (blocos e resíduos), foram ajustados. Para os três caracteres, tanto para famílias como para linhagens, o modelo assumindo matriz de (co)variâncias não estruturada para os efeitos genéticos e variâncias heterogêneas para os efeitos residuais é o que melhor se ajustou ao conjunto de dados. As correlações entre as safras foram consideradas de baixa magnitude, especialmente para a arquitetura da planta e o aspecto comercial de grão, com a fração simples da interação G×A predominando. Em relação à produtividade, as correlações foram de baixa magnitude entre os ambientes, confirmando a predominância da fração complexa da interação G×A. Os valores genotípicos preditos (BLUPs) obtidos a partir do modelo melhor ajustado apresentaram maior acurácia seletiva comparados aos BLUPs obtidos com o modelo mais simples (simetria composta), comprovando a eficiência do modelo de melhor ajuste. Utilizando o índice FAI-BLUP, foram selecionadas 20 famílias para serem recombinadas, dando continuidade ao PMSRFV-UFV, e 20 linhagens para comporem futuros ensaios de VCU.

Palavras-chave: Modelos mistos. Interação genótipos por ambientes. Índice de seleção. FAI-BLUP.

1 Introdução

A gestão de programas de melhoramento genético do feijão-comum (*Phaseolus vulgaris* L.) apresenta, em geral, o desafio de lidar com elevado

volume de experimentos, resultando em uma vasta quantidade de dados que abrangem caracteres de interesse para o produtor e para o consumidor, tais como: aspecto comercial de grãos, arquitetura de plantas e produtividade de grãos. É comum que os vários fenótipos favoráveis relativos aos caracteres de interesse sejam encontrados em diferentes genitores e, dada a natureza quantitativa desses caracteres, é quase impossível reunir todos eles em um único indivíduo em apenas um ciclo de seleção. Nesse contexto, destaca-se o uso da seleção recorrente (Santana *et al.*, 2023).

A estratégia de seleção recorrente vem sendo adotada com sucesso no melhoramento do feijoeiro na Universidade Federal de Viçosa e em outros programas de melhoramento (Carvalho *et al.* 2017; Menezes Júnior *et al.*, 2013; Pádua *et al.*, 2021; Ramalho *et al.*, 2005). Também vem sendo empregada em outras espécies, como o arroz (Morais Júnior *et al.*, 2017; Pinheiro *et al.*, 2012), o trigo (Ramya *et al.*, 2016; Zhang *et al.*, 2015) e a soja (Soares *et al.*, 2020). Para caracteres quantitativos, a etapa de seleção visando à recombinação, baseia-se na avaliação de progênies em diferentes safras, anos e geração de endogamia. Também é comum, na primeira geração em que as progênies são derivadas, haver restrição quanto ao número de sementes. Além disso, comumente ocorrer seleção de progênies com o avanço das gerações de endogamia. Assim, é comum que esses experimentos apresentem desbalanceamento genético e/ou estatístico.

Segundo Smith *et al.* (2005), desequilíbrio estatístico significa que o número de repetições entre os experimentos pode variar, principalmente devido à escassez de sementes nas primeiras gerações, nas quais a progênie é derivada, e devido à possível perda de parcelas ou tratamentos durante a condução dos experimentos. Adicionalmente, pode haver (co)variação entre os efeitos genéticos e entre os não genéticos quando as progênies são avaliadas em diferentes ambientes. Esse fenômeno pode resultar em aumento dos efeitos residuais e dificultar a identificação de genótipos superiores. O método mais usado em análises de dados oriundos de experimentos conduzidos em um conjunto de ambientes é a ANOVA. Entretanto, esse método é eficiente para experimentos balanceados com os mesmos delineamentos experimentais, número de repetições e de tratamentos e, além disso, seguindo os pressupostos

estabelecidos de que todos os ambientes possuem a mesma variância genética e que todos os pares de ambientes também possuem a mesma (co)variância genética (Smith *et al.*, 1999, 2001, 2015).

Outro ponto que se deve levar em consideração na avaliação de experimentos em diferentes condições ambientais é a ocorrência de interação genótipos x ambientes (GxA). A interação GxA pode ser particionada nas frações simples e complexa (Robertson, 1959). A fração complexa é especialmente relevante no processo de seleção de progênes, já que essa interação pode levar a uma alteração na classificação dos genótipos nos diferentes ambientes. A interação GxA resulta da variação genética heterogênea entre os ambientes, juntamente com a falta de correlação perfeita dos genótipos entre os diferentes ambientes (Falconer, 1952). Falconer e Mackay (1996) destacaram que um caractere avaliado em dois ambientes não deve ser tratado como o mesmo caractere, mas como caracteres distintos.

Para se trabalhar com dados desbalanceados, é consenso que a utilização do método da Máxima Verossimilhança Residual (REML) (Patterson; Thompson, 1971) é a melhor opção (Cullis *et al.*, 2020; Kelly *et al.*, 2007; Melo *et al.*, 2020; Santana *et al.*, 2023). Alguns estudos vêm apontando a eficiência em se modelar as diferentes estruturas das matrizes de (co)variâncias genética e residual para análise de experimentos multiambientes. Peixoto *et al.* (2021), avaliando 84 híbridos de milho quanto ao ciclo, morfologia e caracteres de rendimento em quatro ambientes, chegaram à conclusão de que, ao lidar com múltiplos caracteres em diversos ambientes, é recomendado considerar modelos que levem em conta tanto variâncias residuais homogêneas quanto heterogêneas para alcançar o melhor ajuste. Ward *et al.* (2019), avaliando 329 genótipos de trigo em dois locais e em dois anos, concluíram que modelos que incorporam a informação da interação GxA e múltiplos caracteres aumentaram a acurácia preditiva em 9,6% para caracteres de baixa herdabilidade. Além desses, outros estudos vêm empregando a modelagem das estruturas de (co)variâncias (Chaves *et al.*, 2022; Melo *et al.*, 2020; Santana *et al.*, 2023).

Além de determinar qual modelo melhor se ajusta aos dados, outro aspecto crucial é a seleção do material, levando em consideração um conjunto de caracteres de interesse. O índice de seleção baseado em análise de fatores

e design genótipo-ideótipo (FAI-BLUP), proposto por Rocha *et al.* (2018), tem se mostrado eficaz para a seleção, integrando informações de múltiplos caracteres, ambientes e ideótipo. Além disso, esse índice incorpora a correlação entre os caracteres e considera a direção de seleção definida pelo melhorista, visando selecionar genótipos mais alinhados com o ideótipo (Rocha *et al.* 2019).

Nesse contexto, os objetivos deste estudo foram: (i) escolher um modelo linear misto, testando diferentes estruturas das matrizes de (co)variâncias genética e residual, que melhor se ajuste ao conjunto de dados de avaliação de famílias e linhagens de feijão vermelho; (ii) utilizar o índice FAI-BLUP na seleção de famílias e linhagens de maior potencial para dar continuidade ao programa de melhoramento de feijão vermelho da UFV.

2 Material e métodos

2.1 Material genético

O material genético usado neste estudo foi obtido do ciclo IV (C_{IV}) de seleção recorrente de feijão vermelho do programa de melhoramento de feijão da Universidade Federal de Viçosa (UFV). O C_{IV} foi obtido pelo cruzamento da melhor família de cada população obtida no C_{III} , com dez novos genitores de porte ereto: CIAT 1, CIAT 21, CIAT 22, CNFP 15194, RP 1, CXI-1, CNFC 11948, CNFP 16680, RPCVIII-1 e VC-25. As famílias foram avaliadas por várias gerações, de $F_{2:3}$ a $F_{2:9}$. Na geração $F_{2:5}$ foram extraídas, dentro das melhores famílias, linhagens que foram avaliadas em $F_{5:6}$, $F_{5:8}$ e $F_{5:9}$ (Tabelas 9 e 10).

Tabela 9 - Detalhes experimentais da avaliação de famílias e linhagens de feijão vermelho no quarto ciclo de seleção recorrente avaliados quanto aos caracteres aspecto comercial de grãos (AG), arquitetura de plantas (ARQ) e produtividade de grãos (PROD)

Geração	C _{IV}				
	F _{2:3}	F _{2:4}	F _{2:5}	F _{2:6}	F _{2:7}
Nº de tratamentos	380	380	115	58	58
Nº de testemunhas	20	20	6	4	4
Ano da Safra	2018	2019	2019	2020	2021
Safra	águas	águas	seca	seca	seca
Codificação	A18	A19	S19	S20	S21
Delineamento	látice	látice	látice	dbc	dbc
Nº de Repetições	duas	três	três	três	três
Tamanho da Parcela	0,5m ²	1m ²	2m ²	1m ²	1m ²
Caracteres analisados	-	AG	AG	AG	AG
	ARQ	ARQ	ARQ	ARQ	ARQ
	PROD	PROD	PROD	PROD	PROD

Tabela 10 - Detalhes experimentais da avaliação de famílias e linhagens de feijão vermelho no quarto ciclo de seleção recorrente avaliados quanto aos caracteres aspecto comercial de grãos (AG), arquitetura de plantas (ARQ) e produtividade de grãos (PROD)

Geração	C _{IV}				
	F _{2:8}	F _{2:9}	F _{5:6}	F _{5:8}	F _{5:9}
Nº de tratamentos	58	58	650	395	395
Nº de testemunhas	4	4	4	5	5
Ano da Safra	2022	2022	2020	2022	2023
Safra	seca	inverno	seca	seca	seca
Codificação	S22	I22	S20	S22	S23
Delineamento	dbc	dbc	dba	látice	látice
Nº de Repetições	três	três	sem repetição	três	três
Tamanho da Parcela	1m ²	1m ²	0,5m ²	1m ²	1m ²
Caracteres analisados	AG	AG	AG	AG	AG
	ARQ	ARQ	ARQ	ARQ	ARQ
	PROD	PROD	PROD	PROD	PROD

2.2 Local, desenho experimental e cultivo

Os experimentos foram conduzidos na estação experimental do Departamento de Agronomia da Universidade Federal de Viçosa, localizada em Coimbra, MG (latitude 20°51'24" S, longitude 42°48'10" W e 720 m de altitude) nos anos de 2018 a 2023, nas safras das Águas, Inverno e Seca.

Foram usados experimentos em delineamento de blocos aumentados (DBA) com 654 tratamentos sem repetição; delineamento em látice (DL) com 121 a 400 tratamentos e 2 a 3 repetições; e delineamento em blocos ao acaso (DBC) com 62 tratamentos e 3 repetições (Tabela 9 e 10). A densidade de sementes utilizadas em todos os experimentos foram 12 sementes por metro linear. A adubação e os tratos culturais foram realizados de acordo com as recomendações técnicas para o feijoeiro na região.

2.3 Caracteres avaliados

Os genótipos foram avaliados em relação à produtividade, arquitetura da planta e aspecto comercial dos grãos. A produtividade de grãos (PROD) foi convertida em kg ha⁻¹, considerando a produção obtida em cada parcela.

A arquitetura da planta (ARQ) foi avaliada com base em uma escala de notas que varia de 1 a 5, na qual a nota 1 se refere a plantas do tipo I ou II, eretas, com uma haste e poucas ramificações; nota 2 a plantas do tipo I ou II, eretas, com algumas ramificações e guia curta; nota 3 a plantas semiprostradas, com muitas ramificações e guia mediana; nota 4 a plantas do tipo III, prostradas, com muitas ramificações e guia longa; e nota 5 a plantas do tipo III, completamente prostradas, com muitas ramificações e guias muito longas (Collicchio *et al.*, 1997).

O aspecto comercial dos grãos (AG) também foi avaliado por uma escala de notas variando de 1 a 5, adaptada ao feijão vermelho (Ramalho *et al.* 1998). A nota 1, refere-se ao padrão de grão vermelho brilhante, não achatado, de formato elíptico e peso médio de 100 sementes entre 22 g e 24 g; nota 2, ao grão tipo vermelho com deficiência em uma das características mencionadas no padrão; nota 3, ao grão tipo vermelho com deficiência em duas das

características mencionadas no padrão; nota 4, ao grão tipo vermelho com deficiência em três características mencionadas no padrão; e, nota 5, ao grão totalmente fora do padrão vermelho (Menezes Júnior *et al.*, 2011).

2.4 Análises estatísticas

Neste estudo os dados foram analisados utilizando uma abordagem de dois estágios, em que no primeiro estágio foram estimadas as variâncias médias para cada ambiente separadamente e, posteriormente, foram combinadas por meio de uma análise ponderada no estágio 2, no qual os pesos são uma medida da incerteza relativa das médias de variância estimadas para cada ambiente. Por meio dessa abordagem todos os efeitos são estimados no primeiro estágio, exceto o de interação GxA e seus parâmetros de variação associados (Gogel *et al.* 2018).

Para as análises posteriores foram utilizados quatro modelos lineares mistos ajustados aos dados obtidos, assumindo diferentes estruturas das matrizes de (co)variâncias para efeitos genéticos (família ou linhagem) e não genéticos (blocos e resíduo). As análises foram realizadas de acordo com a Equação (1):

$$\mathbf{y} = \mathbf{1}\boldsymbol{\mu} + \mathbf{X}_t \boldsymbol{\tau}_t + \mathbf{X}_{rt}\boldsymbol{\tau}_{rt} + \mathbf{X}_c\mathbf{t}_c + \mathbf{X}_{ct}\boldsymbol{\tau}_{ct} + \mathbf{Z}_g\mathbf{u}_g + \mathbf{Z}_b\mathbf{u}_b + \mathbf{e} \quad (\text{E1})$$

onde

\mathbf{y} ($N \times 1$) é o vetor das observações fenotípicas, sendo N o número de parcelas; $\mathbf{1}$ ($N \times 1$) é o vetor unitário; $\boldsymbol{\mu}$ (1×1) é o intercepto; $\boldsymbol{\tau}_t$ é o vetor de efeitos fixos dos experimentos associados à matriz \mathbf{X}_t ($N \times t$), em que t é o número de experimentos; $\boldsymbol{\tau}_{rt}$ é o vetor de efeitos fixos das repetições dentro dos experimentos associados à matriz \mathbf{X}_{rt} ($N \times rt$), em que r é o número de repetições; \mathbf{t}_c é o vetor de efeitos fixos das testemunhas associadas a matriz \mathbf{X}_c ($N \times c$), em que c é o número de testemunhas; $\boldsymbol{\tau}_{ct}$ é o vetor dos efeitos fixos da interação testemunhas x experimentos associadas a matriz \mathbf{X}_{ct} ($N \times ct$); \mathbf{u}_g é o vetor dos efeitos aleatórios das famílias ou linhagens para cada experimento associado a

matriz \mathbf{Z}_g ($N \times g$), em que g é o número de famílias/linhagens; \mathbf{u}_b é o vetor de efeitos aleatórios dos blocos associado a matriz \mathbf{Z}_b ($N \times bt$), sendo b o número de blocos; \mathbf{e} ($N \times 1$) é o vetor dos resíduos aleatórios. Assumiu-se que os vetores \mathbf{u}_g , \mathbf{u}_b e \mathbf{e} são de efeitos aleatórios e mutuamente independentes e distribuídos como multivariada gaussiana, com média zero e matrizes de (co)variâncias \mathbf{G}_g , \mathbf{G}_b e \mathbf{R} , respectivamente.

Para a matriz \mathbf{G}_g , assumiu-se no modelo 1 a estrutura de simetria composta (CS), dada por

$$\mathbf{G}_g = (\sigma_g^2 \mathbf{J}_t + \sigma_{gt}^2 \mathbf{I}_t) \otimes \mathbf{I}_g \quad (\text{E2})$$

em que

σ_g^2 é o componente da variância associado ao efeito de famílias/linhagens; \mathbf{J}_t é a matriz diagonal com dimensão $N_t \times N_t$, sendo N_t o número de experimentos; σ_{gt}^2 é o componente de variância associado à interação famílias/linhagens x experimentos e \mathbf{I}_t é a matriz identidade com dimensão $N_t \times N_t$.

No modelo 2, assumiu-se a estrutura de simetria composta heterogênea (CSH) para a matriz \mathbf{G}_g , o que considera a heterogeneidade das variâncias genéticas nos diferentes experimentos

$$\mathbf{G}_g = \{\mathbf{D}_t[\rho_g \mathbf{J}_t + (1 - \rho_g) \mathbf{I}_t] \mathbf{D}_t\} \otimes \mathbf{I}_g \quad (\text{E3})$$

em que

ρ_g é a correlação genética e \mathbf{D}_t .

Para o modelo 3, assumiu-se para a matriz \mathbf{G}_g (co)variâncias não estruturadas (US), como proposto por Smith *et al.* (2015). Nesse modelo, considera-se a heterogeneidade tanto das variâncias nas safras quanto heterogeneidade das covariâncias entre os pares de safras. Considerado como um modelo multiplicativo, a matriz de (co)variâncias para os efeitos de famílias/linhagens pode ser descrita como:

$$G_g = G_t \otimes I_g \quad (\text{E4})$$

em que

G_g é a matriz de (co)variâncias dos efeitos das famílias/linhagens e G_t é a matriz de (co)variâncias genética.

No modelo 4, utilizou-se a estrutura de Fator Analítico. Os efeitos genotípicos foram modelados usando as estruturas de matrizes de (co)variância FA (Piepho, 1997; Smith *et al.*, 2001):

$$\mathbf{g} = (\hat{\Lambda} \otimes I_V) \tilde{\mathbf{f}} + \hat{\delta} \quad (\text{E5})$$

em que

$\hat{\Lambda}$ é a matriz de dimensões $J \times K$ das K cargas para os J ambientes ($\hat{\Lambda} = [\hat{\lambda}_{kj}]$), $\tilde{\mathbf{f}}$ é o vetor de escores K para V genótipos ($\tilde{\mathbf{f}} = \{f_{kv}\}$), $\hat{\delta}$ é o vetor VJ da falta de ajustes dos efeitos ($\hat{\delta} = \{\hat{\delta}_{vj}\}$). I_V é uma matriz identidade de ordem V . $\tilde{\mathbf{f}}$ e $\hat{\delta}$ são independentes e tem distribuição multivariada gaussiana com média zero e variância dada por $\mathbf{D} \otimes I_V$ e $\Psi \otimes I_V$, respectivamente. \mathbf{D} é a matriz de variância dos escores fatoriais que possui dimensões $K \times K$ e é simétrica positiva (semi-definida), e Ψ é a matriz diagonal (de dimensão $J \times J$) de variância dos ambientes específicos que não foram capturadas por nenhum fator ($\Psi = \{\hat{\psi}_j\}$).

Nos quatro modelos ajustados, admitiu-se para os efeitos de blocos e resíduos matriz diagonal com variâncias heterogêneas nas diferentes safras, dadas por:

$$G_b = \bigoplus_{j=1}^t \sigma_{b_j}^2 I_{b_j} \text{ e } R = \bigoplus_{j=1}^t \sigma_{e_j}^2 I_{n_j} \quad (\text{E6})$$

em que

$\sigma_{b_j}^2$ é a variância dos efeitos do bloco j e $\sigma_{e_j}^2$ é a variância do resíduo na safra j .

Para o ajuste dos modelos foram utilizados os pacotes Tidyverse (Wickham, 2019) e AsREML (The VSNi Team, 2023) no software R (R Core Team, 2023). Os componentes de variância foram estimados usando a máxima

verossimilhança restrita (REML) e o teste de razão de verossimilhança (LRT) para determinar a significância das estruturas (componente de variância CS, CSH e US), e teste qui-quadrado (χ^2) com ν graus de liberdade (Mariguele *et al.*, 2011) em que ν é a diferença entre o número de parâmetros comparados nos modelos.

Os quatro modelos foram comparados usando o Critério de Informação Akaike (AIC), sendo o modelo com o menor valor designando o melhor ajuste aos dados (Akaike 1974): $AIC = -2\log(L) + 2p$, em que $\log(L)$ é o logaritmo Neperiano do ponto máximo da função de verossimilhança residual e p é o número de parâmetros estimados via modelo. Os valores genotípicos das famílias/linhagens foram preditos por meio das melhores previsões lineares não viesadas (BLUPs) do melhor modelo ajustado.

2.5 Estimação de parâmetros genéticos

Foram estimados tanto para famílias como para linhagens a herdabilidade (h^2), segundo Cullis *et al.* (2006), a acurácia seletiva ($r_{\hat{g}g}$) pela equação de Henderson (1984) e a correlação genética (ρ_{gij}) entre os experimentos conforme Bernardo (1995), dadas por:

$$h^2 = 1 - \frac{PPEV}{2\sigma_g^2} \quad (E7)$$

em que

PPEV é Previsão Média da Variância do Erro em Pares e σ_g^2 é a variância genotípica; $r_{\hat{g}g} = \sqrt{1 - \frac{PPEV}{\sigma_g^2}}$, em que PEV é a variância do erro predito e $\rho_{gij} = \frac{\sigma_{gij}}{\sigma_{g_i}^2 \times \sigma_{g_j}^2}$, em que σ_{gij} é a covariância genética das famílias/linhagens entre os pares de experimentos ij ; $\sigma_{g_i}^2$ é a variância genética entre as famílias/linhagens no experimento i ; $\sigma_{g_j}^2$ é a variância genética entre as famílias/linhagens no experimento j .

2.6 Decomposição da interação $G \times A$

O componente de variância da interação famílias/linhagens \times experimentos foi decomposto em suas partes simples e complexas, conforme Cruz e Castoldi (1991). A parte complexa da interação foi dada por:

$$\sqrt{(1 - \rho_{gij})^3 \sigma_{gi}^2 \sigma_{gj}^2} \quad (E8)$$

em que

σ_{gi}^2 e σ_{gj}^2 são os componentes de variância genotípica nos experimentos i e j , respectivamente, e ρ_{gij} é a correlação genética entre os experimentos i e j .

2.7 Seleção de famílias e de linhagens

Foi realizada a seleção das 20 melhores linhagens considerando os BLUP's do valor genético com base no modelo mais simples (SC) e com base no modelo melhor ajustado. Procedeu-se da mesma forma para a seleção das 20 melhores famílias para serem recombinadas, visando dar continuidade ao programa de seleção recorrente de feijão vermelho da UFV. Em ambas as estratégias, uma mesma característica avaliada em ambientes diferentes foi considerada uma nova característica para ser utilizada no índice FAI-BLUP.

O índice FAI-BLUP se baseia na análise de fatores e na distância genótipo-ideótipo para classificar genótipos de forma multicaracterística (Rocha *et al.*, 2018). A análise de componentes principais foi empregada para derivar as cargas fatoriais da matriz de correlação genotípica, a qual foi obtida a partir dos valores genotípicos. Optou-se pela abordagem varimax (Kaiser, 1958) para realizar a rotação dos fatores, e os escores fatoriais foram calculados utilizando o método dos mínimos quadrados ponderados (Bartlett, 1938).

Os ideótipos foram definidos considerando o sentido desejável e indesejável para os caracteres, conforme apresentado na Tabela 11, de acordo com os objetivos do programa de melhoramento do feijoeiro. Para os caracteres

ARQ e AG, valores de média genotípica mínimos são desejados, uma vez que as escalas de notas utilizadas consideram a nota 1 como referente a plantas mais eretas e com grãos de padrão comercial. Já para PROD, o ideótipo estabelecido é de máxima média genotípica observada nos experimentos.

Tabela 11 - Níveis relativos a cada caráter para estabelecimento dos ideótipos desejável e indesejável utilizados como critérios no índice FAI-BLUP

Ideótipo	ARQ	PROD	AG
Desejável	Mínimo	Máximo	Mínimo
Indesejável	Máximo	Mínimo	Máximo

O número de ideótipos é dado pelo seguinte algoritmo:

$$NI = 2^n \quad (E9)$$

em que:

NI = número de ideótipos; n = número de fatores

O número de fatores (n) a ser considerado devem ser igual ao número de autovalores próximo a um (Kaiser, 1958). Além disso, é aconselhável que a porcentagem da variância acumulada dos componentes principais se aproxime de 80%, conforme indicado por Cruz et al. (2012).

3 Resultados

3.1 Escolha do modelo melhor ajustado

Com base no Critério de informação de Akaike (AIC), o modelo que melhor se ajustou aos dados foi o modelo 3 (Não Estruturado - NE), obtendo os menores valores de AIC para os três caracteres, tanto considerando famílias (Tabela 12) quanto linhagens (Tabela 13). Além disso, foi observado efeito significativo pelo teste de razão de verossimilhança (LRT) (teste χ^2) ao nível de 1% de probabilidade para estas estruturas de co(variância) nos modelos testados. Observou-se, ainda, que o Modelo 1 (Simetria Composta) – o mais simplificado entre os quatro analisados, em termos de ajuste – registrou os maiores valores de AIC para os três caracteres testados tanto para famílias como para linhagens.

Tabela 12 - Número de parâmetros (NP), Critério de informação de Akaike (AIC), logaritmo da verossimilhança residual maximizada (log(L)) e teste de razão de verossimilhança (LRT) para os quatro modelos ajustados para aspecto de grão (AG), arquitetura de plantas (ARQ) e produtividade (PROD) avaliados em famílias de feijão vermelho

Modelos ^a	NP	AIC	log(L)	LRT ^b
AG				
1	2	-4301,515	2152,758	-
2	7	-4367,177	2190,588	75,661 ^c
3	21	-4394,298	2218,149	55,121^c
4	12	-4367,728	2195,864	44,569 ^c
ARQ				
1	2	-4418,841	2211,421	-
2	8	-4521,935	2268,967	115,090 ^c
3	28	-4536,780	2296,390	54,845^c
4	14	-4533,594	2280,797	31,186 ^c
PROD				
1	2	39572,280	-19784,140	-
2	8	39499,500	-19741,750	84,775 ^c
3	28	39464,990	-19704,500	74,508^c
4	14	39463,920	-19717,960	26,922 ^c

Nota: valores em negrito indica o melhor modelo para cada caractere.

^aModelos: 1: simetria composta; 2: simetria composta heterogênea; 3: não-estruturado; 4: fator analítico;

^bComparações dos modelos através do LRT (modelo 2 vs modelo 1, modelo 3 vs modelo 2, modelo 4 vs modelo 3); ^cSignificância para $p \leq 0.01$ pelo teste de razão de verossimilhança.

Tabela 13 - Número de parâmetros (NP), Critério de informação de Akaike (AIC), logaritmo da verossimilhança residual maximizada (log(L)) e teste de razão de verossimilhança (LRT) para os quatro modelos ajustados para aspecto de grão (AG), arquitetura de plantas (ARQ) e produtividade (PROD) avaliados em linhagens de feijão vermelho

Modelos ^a	NP	AIC	log(L)	LRT ^b
AG				
1	2	-6807,541	3405,770	-
2	4	-6909,289	3458,644	105,750 ^c
3	6	-6919,145	3465,572	13,856^c
4	6	-6919,145	3465,572	0,0001
ARQ				
1	2	-6998,681	3501,340	-
2	4	-7802,839	3905,419	808,160 ^c
3	6	-7804,654	3908,327	5,815^c
4	6	-7804,654	3908,327	0,001
PROD				
1	2	40100,400	-20048,200	-
2	4	40049,860	-20020,930	54.536 ^c
3	6	40031,960	-20009,980	21.902^c
4	6	40031,960	-20009,980	0.001

Nota: valores em negrito indica o melhor modelo para cada caractere.

^aModelos: 1: simetria composta; 2: simetria composta heterogênea; 3: não-estruturado; 4: fator analítico;

^bComparações dos modelos através do LRT (modelo 2 vs modelo 1, modelo 3 vs modelo 2, modelo 4 vs modelo 3); ^cSignificância para $p \leq 0.01$ pelo teste de razão de verossimilhança.

3.2 Estimativas de parâmetros genéticos

As estimativas de parâmetros genéticos obtidas com o modelo 1 (SC) são apresentadas (Tabela 14) para efeito de comparação com o modelo de melhor ajuste, modelo 3 – NE (Tabela 15). De acordo com o teste LRT, a variância genotípica foi significativa para AG e PROD entre famílias e para ARQ e PROD entre linhagens, considerando o modelo 1. Já considerando o modelo 3, a variância genotípica foi significativa em seis dos sete experimentos de famílias considerando AG, ARQ, e significativo para PROD em todos os experimentos (Tabela 15). Considerando as linhagens, houve significância em dois dos três experimentos para AG e ARQ, e significativo para PROD em todos os experimentos (Tabela 15). Por meio do modelo 1, observou-se efeito significativo da interação genótipos x ambientes (GxA) para todas os caracteres avaliados (Tabela 14).

Tabela 14 - Estimativa de parâmetros genéticos do modelo 1 (SC para efeito genético) para aspecto de grão (AG), arquitetura de plantas (ARQ), produtividade de grãos (PROD) em famílias e linhagens de feijão vermelho

Parâmetros ^a	AG _{fam}	ARQ _{fam}	PROD _{fam}	AG _{lin}	ARQ _{lin}	PROD _{lin}
σ_g^2	0,256 ^b	0,162 ^b	161458,500 ^b	0,001 ^{ns}	0,051 ^b	21873,760 ^b
σ_{ga}^2	0,088 ^b	0,085 ^b	181330,500 ^b	0,062 ^b	0,063 ^b	111493,320 ^b
r_{gg}	0,872	0,843	0,786	0,270	0,520	0,401

^a σ_g^2 : variância genotípica; σ_{ge}^2 : variância da interação genótipos x ambientes e r_{gg} : acurácia seletiva; ^bSignificância para $p \leq 0.01$ pelo teste de razão de verossimilhança; ^{ns}Não significativo para $p \leq 0.01$ pelo teste de razão de verossimilhança.

Tabela 15 - Estimativas de variâncias genotípicas a partir do modelo 3 (NE para efeito genético) para aspecto de grão (AG), arquitetura de plantas (ARQ), produtividade de grãos (PROD) em famílias e linhagens de feijão vermelho

Parâmetros	Safra/Ano	AG	ARQ	PROD
$\sigma_{gF2:3}^2$	Águas/18	-	-	458531,18 ^a
$\sigma_{gF2:4}^2$	Águas/19	0,3349 ^a	0,2999 ^a	305839,44 ^a
$\sigma_{gF2:5}^2$	Seca/19	0,2383 ^a	0,0582 ^a	388726,57 ^a
$\sigma_{gF2:6}^2$	Seca/20	0,5537 ^a	0,3094 ^a	248670,515 ^a
$\sigma_{gF2:7}^2$	Seca/21	0,5140 ^a	0,2545 ^a	326134,55 ^a
$\sigma_{gF2:8}^2$	Seca/22	0,3086 ^a	0,2829 ^a	27061,002 ^a
$\sigma_{gF2:9}^2$	Inverno/22	0,1229 ^a	0,0737 ^a	469357,217 ^a
$\sigma_{gL5:6}^2$	Seca/20	0,1164 ^{ns}	0,2657 ^{ns}	347221,45 ^a
$\sigma_{gL5:8}^2$	Seca/22	0,0687 ^a	0,0144 ^a	169083,347 ^a
$\sigma_{gL5:9}^2$	Seca/23	0,0289 ^a	0,0386 ^a	80428,497 ^a

^aSignificância para $p \leq 0.01$ pelo teste de razão de verossimilhança; ^{ns}Não significativo para $p \leq 0.01$ pelo teste de razão de verossimilhança.

Para o cálculo das herdabilidades, utilizou-se a variância residual estimada no primeiro passo das análises, logo, foram obtidas uma variância

fenotípica em cada ambiente. Para o modelo 1, temos uma variância genotípica apenas, no qual foi dividida pela variância fenotípica particularizada por ambiente. No modelo 3, obtivemos uma variância genotípica por ambiente, as quais, divididas pelas respectivas variâncias fenotípicas, obtivemos as herdabilidades por ambiente. Isso é causado porque a variância residual é fixada em 1 no segundo passo da análise, por uma questão de falta de graus de liberdade.

As herdabilidades estimadas com o modelo 1 variam de 0,06 a 0,93 (Figura 3). A menor estimativa de herdabilidade observada para AG foi no experimento de linhagens na S23 (0,06); a maior foi no experimento de famílias na S22 (0,93), demonstrando uma grande variação. Para ARQ, a menor estimativa de herdabilidade foi observada no experimento de linhagens na S23 (0,24) e maior estimativa de herdabilidade foi no experimento I22 (0,86), demonstrando também uma grande variação. Para PROD a variação foi elevada também entre o experimento de linhagens S20 (0,1) e experimento de famílias S21 (0,80).

Comparando com o modelo 3 (Figura 4), observamos que as estimativas das herdabilidades foram maiores e houve uma menor variação entre os experimentos, entre 0,32 e 0,96. Para AG, as estimativas de herdabilidade tiveram uma menor variação, com 0,34 no experimento de linhagens S23 e 0,96 no experimento de famílias S20. Da mesma forma, observamos uma baixa variação para ARQ, com 0,44 no experimento de linhagens S22 e 0,86 no experimento de famílias S20. Para PROD, observou-se baixa variação também entre 0,32 no experimento de linhagens S23 e 0,81 no experimento de famílias I22.

As estimativas de acurácia seletiva, conforme demonstrado na Tabela 15, foram obtidas para cada caráter considerando o modelo 1, com valores variando de 0,270 (aspecto de grão de linhagens) a 0,872 (aspecto de grão de famílias).

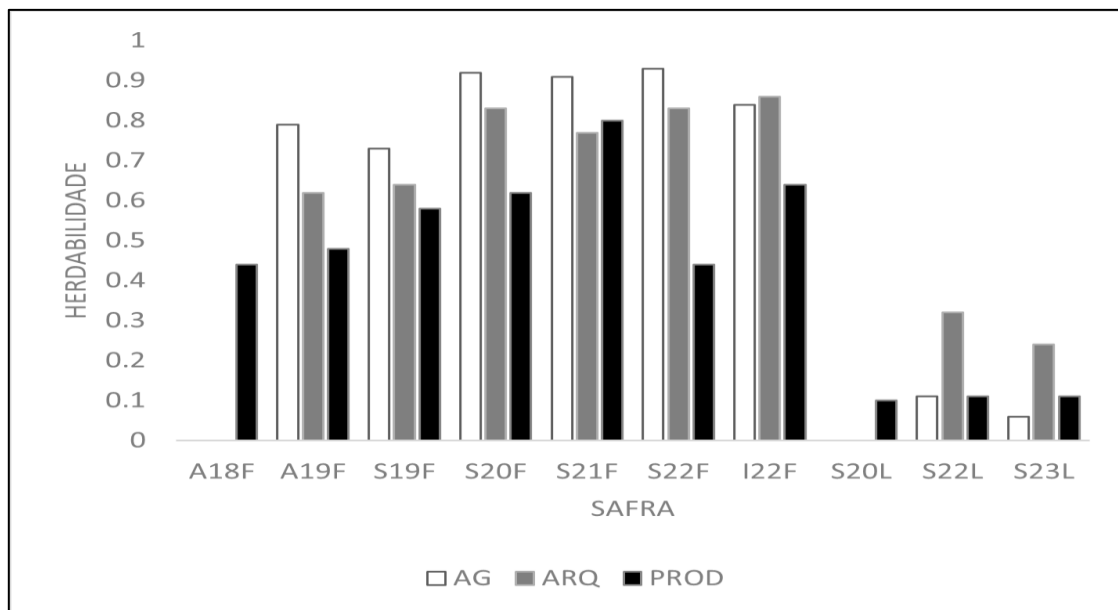


Figura 3 - Estimativas de herdabilidade do modelo 1 para aspecto de grão (AG), arquitetura de plantas (ARQ) e produtividade (PROD) avaliadas em famílias (F) e linhagens (L) de feijão vermelho nos experimentos: águas/2018 (A18), águas/2019 (A19), seca/2019 (S19), seca/2020 (S20), seca/2021 (S21), seca/2022 (S22), seca/2023 (S23) e inverno/2022 (I22)

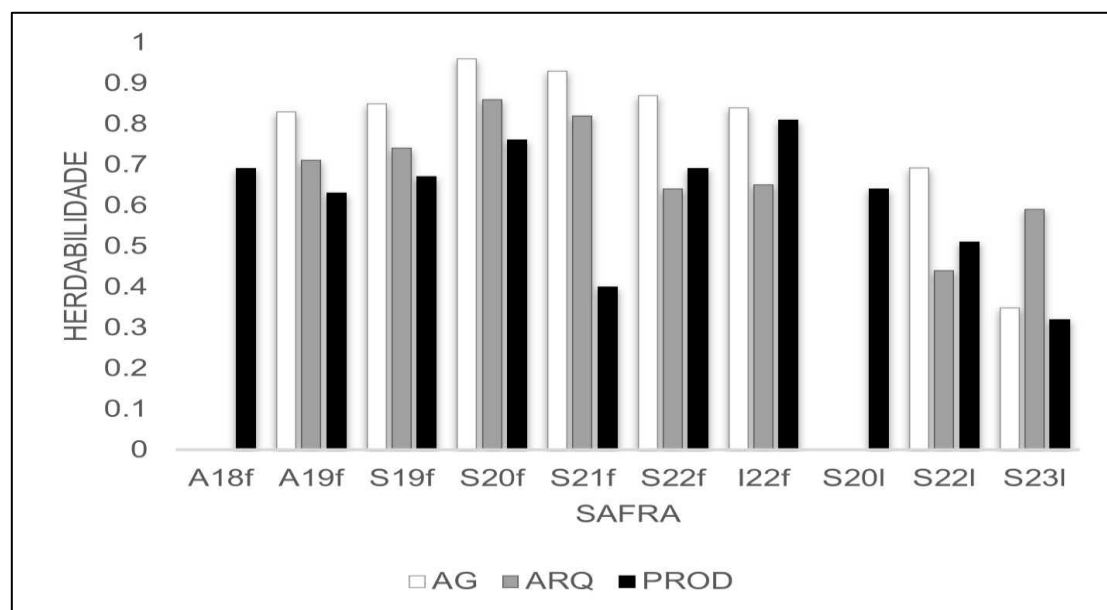


Figura 4 - Estimativas de herdabilidade com o modelo 3 para aspecto de grão (AG), arquitetura de plantas (ARQ) e produtividade (PROD) avaliadas em famílias (F) e linhagens (L) de feijão vermelho nos experimentos: águas/2018 (A18), águas/2019 (A19), seca/2019 (S19), seca/2020 (S20), seca/2021 (S21), seca/2022 (S22), seca/2023 (S23) e inverno/2022 (I22)

Em contraste, foram obtidas estimativas específicas para cada safra avaliada considerando o modelo 3, com valores variando de 0,66 a 0,97 para o

caráter AG, de 0,65 a 0,95 para o caráter ARQ, e de 0,33 a 0,94 para o caráter PROD (Figura 5). Foi observado que as estimativas de acurácia seletiva foram maiores utilizando as diferentes estruturas de co(variância) do modelo não-estruturado (modelo 3) que as estimativas utilizando as estruturas de co(variância) do modelo de simetria composta (modelo 1) (Tabela 14). As estimativas de acurácia seletiva para o modelo 3 (Figura 5), de modo geral, mostraram-se superiores à acurácia média obtida pelo modelo 1 (Tabela 14).

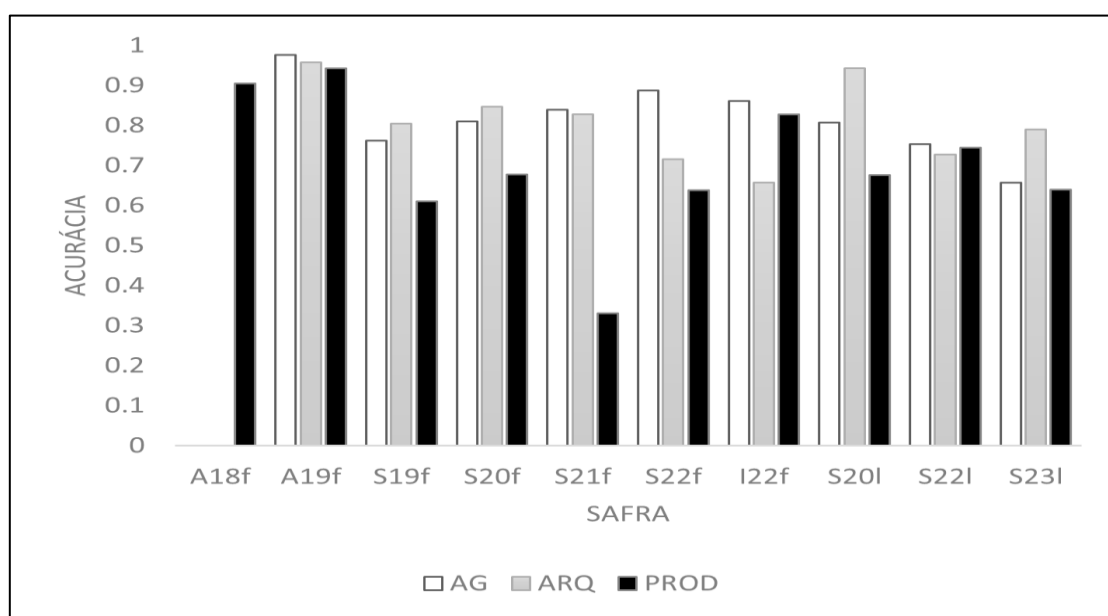


Figura 5 - Estimativas de acurácia de acordo com o melhor modelo ajustado (modelo 3) para aspecto de grão (AG), arquitetura de plantas (ARQ) e produtividade (PROD) avaliadas em famílias (F) e linhagens (L) de feijão vermelho nos experimentos: águas/2018 (A18), águas/2019 (A19), seca/2019 (S19), seca/2020 (S20), seca/2021 (S21), seca/2022 (S22), seca/2023 (S23) e inverno/2022 (I22)

3.3 Correlação genotípica entre os experimentos e decomposição da interação famílias/linhagens x ambientes

Os coeficientes de correlação genotípica entre os pares de experimentos considerando famílias, para o caráter AG variou de 0,59 a 0,89. Para ARQ e PROD considerando famílias, o coeficiente de correlação genotípica variou de 0,56 a 0,91 e -0,07 e 0,84 respectivamente (Figura 6). Considerando linhagens, para o caráter AG a variação foi de -0,27 a 0,1; ARQ variou de 0,39 a 0,52 e PROD variou de 0,05 a 0,62 (Figura 6). O menor coeficiente de correlação

genotípica obtido para AG foi entre os pares de ambiente S19 e S22 e para PROD foi entre os ambientes A19 e S21. Para ARQ, todos os coeficientes de correlação genotípica foram acima de 0,60 para famílias e acima de 0,40 para linhagens.

As estimativas de correlação genotípica entre os desempenhos dos genótipos nos pares de ambientes são indicativos da presença da interação simples ou complexa entre as famílias/linhagens x experimentos avaliados. A elevada correlação genotípica entre os experimentos sugere a predominância da parte simples da interação, enquanto a baixa correlação indica a predominância da parte complexa da interação. A parte complexa predominou para AG, conforme evidenciado na Figura 7D, quando se consideraram as linhagens; em PROD, tanto nas famílias (Figura 7C) quanto nas linhagens (Figura 7F), com valores entre os diferentes pares de ambientes excedendo 50%. Por outro lado, a parte simples foi predominante para AG quando se tratou das famílias (Figura 7A), e para ARQ, tanto nas famílias (Figura 7B) quanto nas linhagens (Figura 7E), com valores entre os pares de ambientes inferiores a 50%.

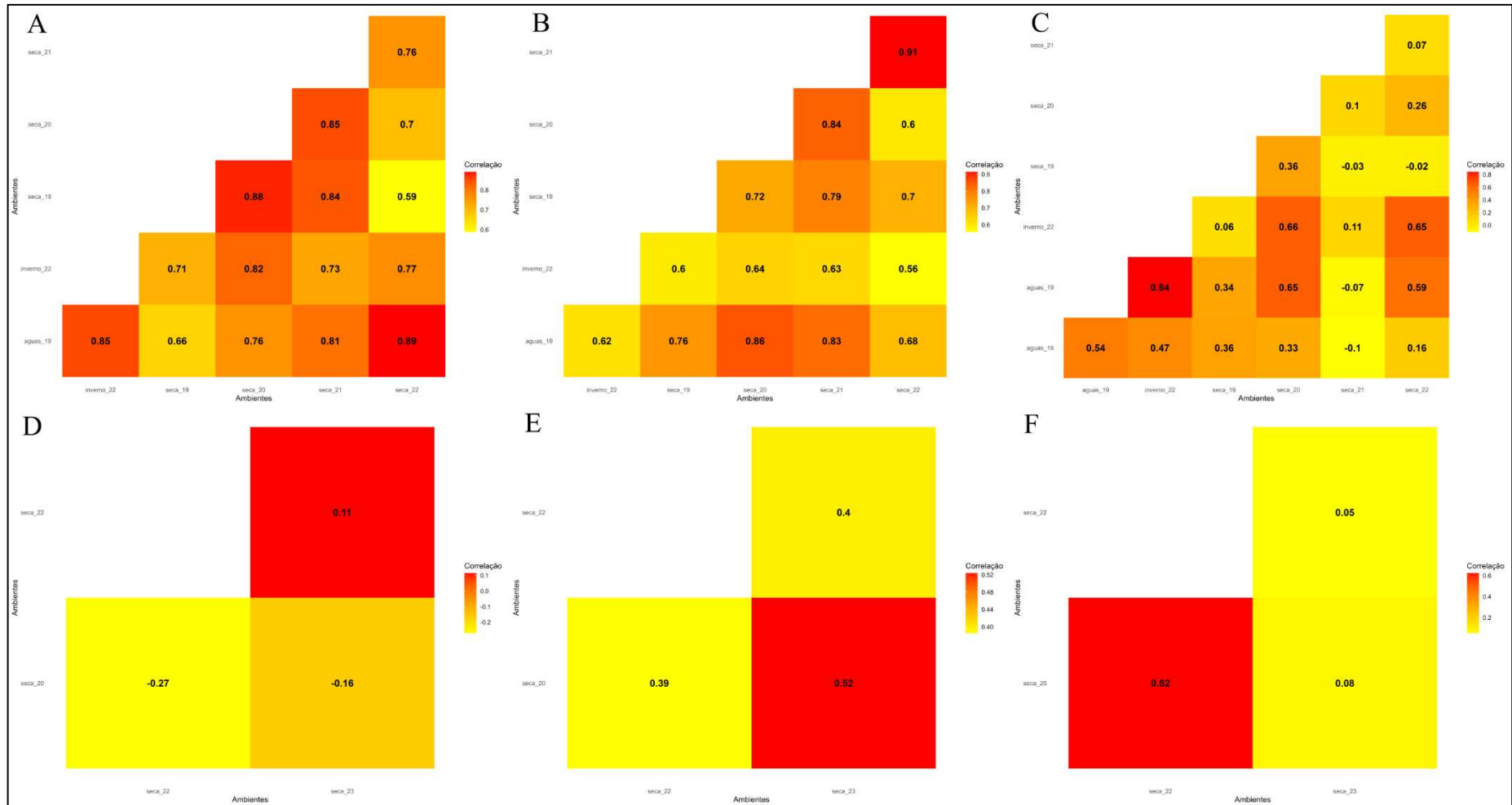


Figura 6 - Estimativas de correlação genotípica entre os desempenhos dos genótipos nos pares de ambientes avaliados para famílias: aspecto de grão (A), arquitetura de plantas (B) e produtividade de grãos (C) e para linhagens: aspecto de grão (D), arquitetura de plantas (E) e produtividade de grãos (F)



Figura 7 - Decomposição da interação em simples (valores menores que 50%) e complexa (valores maiores que 50%) para aspecto de grãos (A), arquitetura de plantas (B) e produtividade (C) para as famílias: aspecto de grãos (D), arquitetura de plantas (E) e produtividade (F). A18:águas/2018; A19:águas/2019; I22: inverno/2022; S19: seca/2019; S20: seca/2020; S21: seca/2021; S22: seca/2022 e S23: seca/2023

3.4 Seleção de famílias do C_{IV} para recombinação via índice FAI-BLUP

Foi utilizado o índice de seleção FAI-BLUP considerando os dois modelos: o de melhor ajuste, que é o Não Estruturado (FAI-BLUP NE); e o mais simples, que o de Simetria Composta (FAI-BLUP SC). Analisando o FAI-BLUP NE, para as famílias foram considerados os quatro primeiros componentes que explicaram 90,9% total da variação detectada (Tabela 16), seguindo o critério estabelecido por Kaiser (1958), qual seja, os autovalores próximos a 1 indicam o número de fatores a serem considerados e, segundo Cruz *et al* (2012), em que a variância acumulada dos componentes principais deve ser próxima de 80%. Em relação ao FAI-BLUP-SC, para famílias apenas os dois autovalores foram considerados, sendo os únicos próximos de 1 o qual explicaram 73,1% total da variação detectada (Tabela 16).

Para as cargas fatoriais do FAI-BLUP NE foi observado que ARQ se mostrou altamente correlacionada com o Fator 1, enquanto AG se mostrou altamente correlacionada com o Fator 2 e PROD se mostrou altamente correlacionada com o Fator 3 e 4 para famílias. Diferente do modelo com o melhor ajuste, o FAI-BLUP SC foi observado que ARQ e PROD se mostraram altamente correlacionada ao Fator 1 e AG se mostrou altamente correlacionada ao fator 2 (Tabela 17).

Considerando a seleção feita a partir do BLUP NE, os valores de comunalidade variaram 0,491 a 0,986; enquanto pelo BLUP SC os valores de comunalidade variaram entre 0,589 e 0,891, se comparados ao modelo ajustado, foram, de maneira geral, menores. Outro ponto a se destacar é em relação a acurácia que, de modo geral, pelo FAI-BLUP NE para famílias, obteve-se valores superiores aos do FAI-BLUP SC (Tabela 17). Foi realizada seleção por meio do ranqueamento nas duas abordagens: FAI-BLUP NE e FAI-BLUP SC, foram selecionadas três melhores famílias da população 677, 682, 686, 687, 689 e 690, pois foram as populações que contribuíram com maior número de famílias no experimento I22 (Figura 8). Para as demais populações foi selecionada apenas a melhor família, visando manter a variabilidade genética no quinto ciclo de seleção recorrente do feijão vermelho (C_v).

Tabela 16 - Autovalores e variâncias acumuladas (VA) explicadas pelo componente principal (CP) modelados pelo índice de seleção: análise de fatores e distância genótipo - ideótipo (FAI-BLUP) utilizando os modelos não estruturado e simetria composta para famílias

CP	FAI-BLUP Modelo NE		FAI-BLUP Modelo SC	
	Autovalores	VA (%)	Autovalores	VA (%)
1	6,65	36,9	1,20	40,1
2	5,19	65,8	0,992	73,1
3	3,50	85,2	0,806	100
4	1,02	90,9	-	-
5	0,750	95,1	-	-
6	0,237	96,4	-	-
7	0,177	97,4	-	-
8	0,128	98,1	-	-
9	0,105	98,7	-	-
10	0,0723	99,1	-	-
11	0,0644	99,4	-	-
12	0,0377	99,6	-	-
13	0,0206	99,8	-	-
14	0,0153	99,8	-	-
15	0,0125	99,9	-	-
16	0,00939	100	-	-

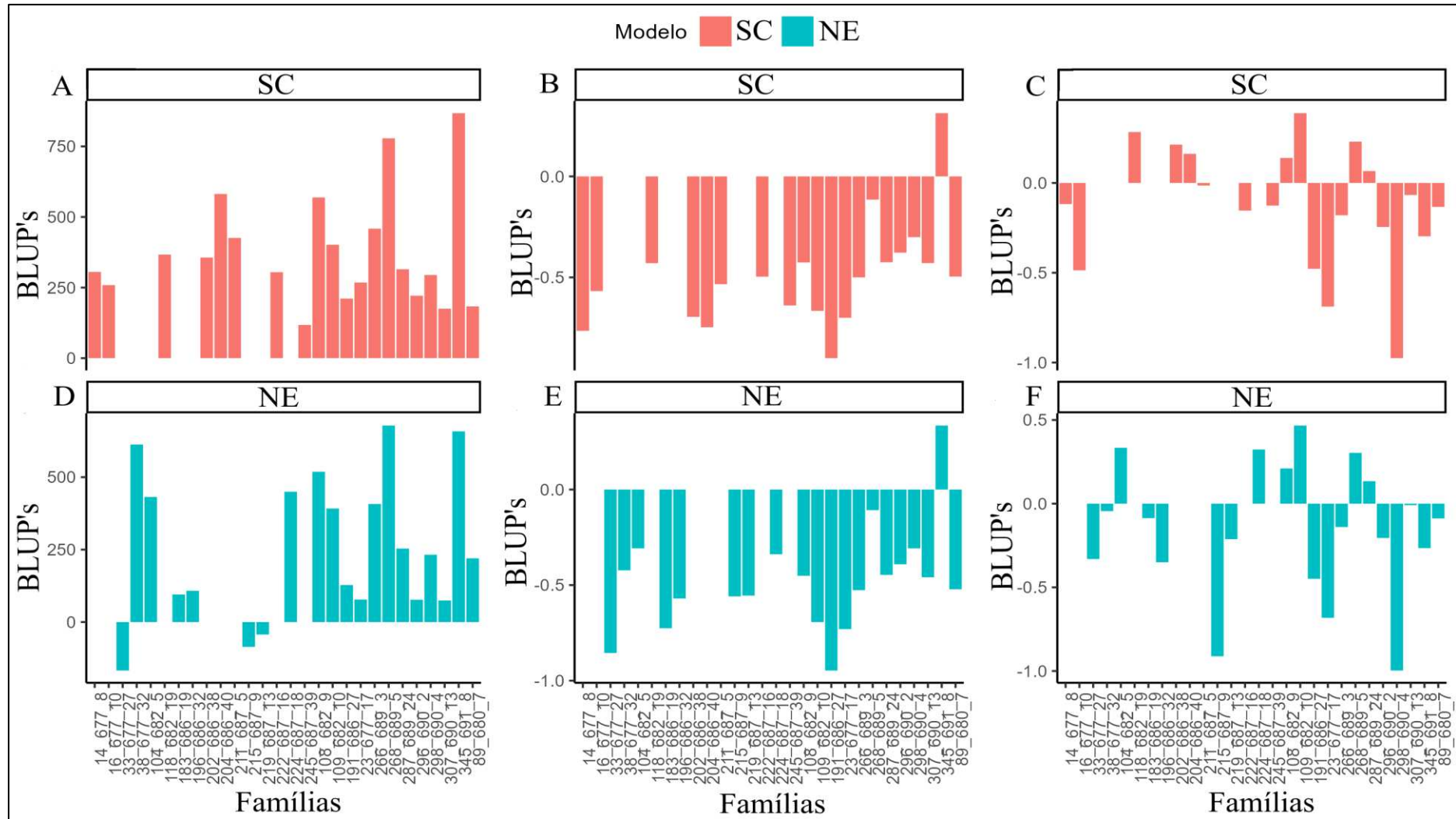


Figura 8 - Comparação entre o ranking das 20 famílias selecionadas com a melhor performance (BLUP's) em cada caractere PROD (A e D), AG (B e E) e ARQ (C e F) selecionada pelo índice de seleção: análise de fatores e distância genótipo - ideótipo (FAI-BLUP)

Das 20 famílias selecionadas, 12 (23_677_17, 89_680_7, 108_682_9, 109_686_27, 191_686_27, 266_689_3, 287_689_24, 268_689_5, 298_690_4, 296_690_2, 307_690_13, 345_691_8) foram selecionadas por ambas as metodologias. Sendo as outras 8 (38_677_32, 33_677_27, 104_682_5, 196_686_32, 183_686_19, 215_687_9, 219_687_13, 224_687_18) selecionadas apenas pelo modelo FAI-BLUP NE (Figura 8). Como essa metodologia apresentou uma acurácia seletiva maior, sugere-se a seleção dessas famílias para compor o próximo ciclo de seleção recorrente.

3.5 Seleção de linhagens do Civ para composição de futuros ensaios de VCU via índice FAI-BLUP

Para as linhagens, os quatro primeiros autovalores explicaram 73,7% total da variação detectada entre as linhagens x experimento x caracteres (Tabela 18). Considerando o FAI-BLUP-SC para linhagens, apenas os dois primeiros autovalores foram considerados, sendo os únicos próximos de 1 o qual explicaram 81,6% total da variação detectada (Tabela 18).

Tabela 18 - Autovalores e variâncias acumuladas (VA) explicadas pelo componente principal (CP) modelados pelo índice de seleção: análise de fatores e distância genótipo - ideótipo (FAI-BLUP) utilizando os modelos não estruturado e simetria composta para linhagens

CP	FAI-BLUP Modelo NE		FAI-BLUP Modelo SC	
	Autovalores	VA (%)	Autovalores	VA (%)
1	2,87	31,9	1,52	50,7
2	1,49	48,4	0,928	81,6
3	1,30	62,8	0,552	100
4	0,973	73,7	-	-
5	0,781	82,3	-	-
6	0,612	89,1	-	-
7	0,496	94,7	-	-
8	0,323	98,2	-	-
9	0,158	100	-	-

Para as cargas fatoriais do modelo FAI-BLUP NE, observou-se que ARQ se mostrou altamente correlacionada com o Fator 1 enquanto AG se mostrou altamente correlacionada com o Fator 2, e PROD se mostrou altamente correlacionada com o Fator 3 (Tabela 19). Diferente do modelo com o melhor ajuste, o FAI-BLUP SC demonstrou uma associação inconsistente para ARQ entre o Fator 1 e Fator 2, o caráter AG ao Fator 2 e o caráter PROD ao Fator 1.

Tabela 19 - Cargas fatoriais, comunalidade (Co), acurácia seletiva (AS) para aspecto de grãos (AG), arquitetura de plantas (ARQ) e produtividade de grãos (PROD) utilizando experimentos de linhagens

Experimento	Caractere	FAI-BLUP NE						FAI-BLUP SC			
		Fatores				Co	AS	Fatores			
		1	2	3	4			1	2	Co	AS
S20	AG	-0,032	-0,798	-0,167	-0,007	0,666	0,807	-0,005	-0,944	0,891	0,270
	ARQ	-0,867	-0,064	0,145	-0,009	0,777	0,943	-0,652	-0,528	0,704	0,520
	PROD	-0,126	0,168	0,932	0,060	0,917	0,677	-0,922	0,063	0,853	0,400
S22	AG	-0,208	0,712	0,106	0,072	0,567	0,754				
	ARQ	-0,782	0,153	0,059	0,128	0,655	0,728				
	PROD	-0,188	0,085	0,933	0,011	0,914	0,745				
S23	AG	-0,032	0,537	-0,062	-0,496	0,539	0,658				
	ARQ	-0,848	0,126	0,150	-0,035	0,759	0,789				
	PROD	-0,071	0,077	0,029	0,909	0,838	0,640				

Os valores de comunalidade obtidos pelo FAI-BLUP NE variaram de 0,539 a 0,917, enquanto os valores obtidos pelo FAI-BLUP SC variaram de 0,704 a 0,891. Estes valores foram menores em comparação com o modelo de melhor ajuste. Além disso, destaca-se que, de maneira geral, as acurácias obtidas pelo FAI-BLUP NE para as linhagens foram superiores às do FAI-BLUP SC, como evidenciado na Tabela 19.

Desse mesmo modo, realizou-se a seleção de linhagens por meio do ranqueamento das duas abordagens (Figura 9), em que foram selecionadas as 20 melhores linhagens independente da família, de cada metodologia, e foram comparadas quanto aos BLUPs dos três caracteres avaliados. Das 20 linhagens selecionadas, 7 (686_F2_68, 677_F2_240, 687_F2_9, 686_F2_58, 686_F2_7, 690_F2_10, 677_F2_85) foram selecionadas por ambas as metodologias. Sendo as outras 13 (687_F2_42, 690_F2_16, 689_F2_38, 677_F2_173, 686_F2_12, 677_F2_25, 686_F2_48, 677_F2_86, 677_F2_46, 677_F2_41, 687_F2_110, 687_F2_43, 689_F2_32) selecionadas apenas pelo modelo FAI-BLUP NE (Figura 9). Como essa metodologia apresentou uma acurácia seletiva maior, sugere-se a seleção dessas linhagens para compor futuros ensaios de VCU's. De um modo geral, para a metodologia FAI-BLUP NE para PROD observou-se BLUPs com valores positivos (desejável) e BLUPs com valores negativos para AG e ARQ (desejável), diferentemente dos obtidos pelo FAI-BLUP SC o qual se obteve BLUPs positivos, mas com valores menores que o FAI-BLUP NE para PROD (indesejável) e BLUPs com valores negativos para AG e ARQ (desejável) mas com valores não tão menores como os obtidos pelo FAI-BLUP NE.

4 Discussão

4.1 Escolha do melhor modelo ajustado

A utilização de modelos mistos em dados desbalanceados é crucial para o melhorista, pois sua flexibilidade permite lidar com amplo volume de experimentos de diversos tamanhos (Oliveira, 2020).

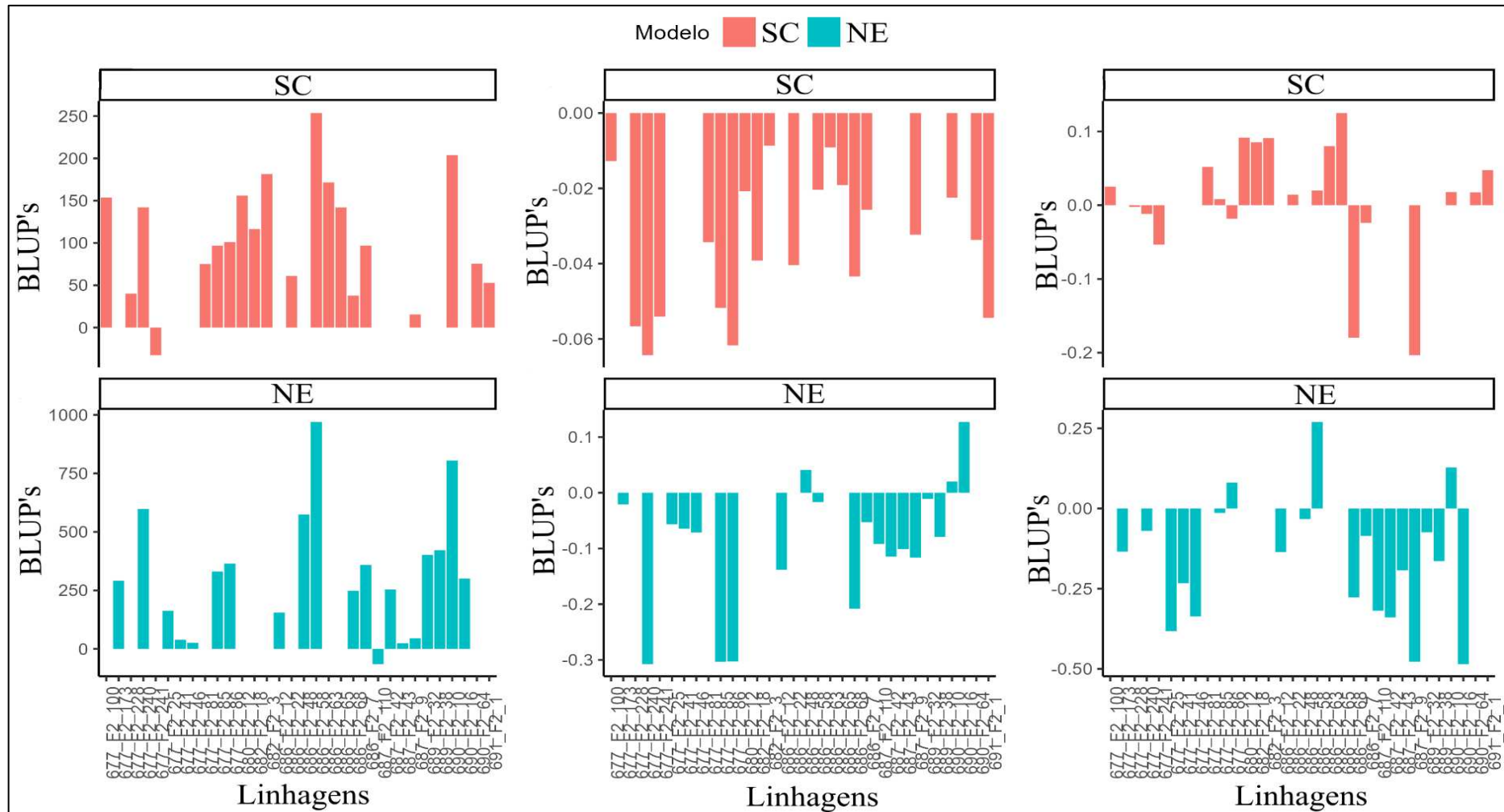


Figura 9 - Comparação entre o ranking das 20 linhagens selecionadas com a melhor performance (BLUP's) em cada caractere PROD (A e D), AG (B e E) e ARQ (C e F) selecionada pelo índice de seleção: análise de fatores e distância genótipo - ideótipo (FAI-BLUP) utilizando os modelos de simetria composta (SC) e não estruturado (NE)

Estudos de modelagem de estruturas de co(variância) são conduzidos em diversas culturas de interesse para mitigar o efeito da interação genótipo-ambiente como no milho (Peixoto *et al.*, 2021); trigo (Ward *et al.*, 2019) e no feijão (Melo *et al.*, 2020; Santana *et al.*, 2023).

No caso do feijão-comum, o estudo de Santana *et al.* (2023) avaliou a performance de linhagens endogâmicas avançadas de feijão-comum em cinco experimentos ao longo de diferentes anos, analisando os caracteres de aspecto dos grãos arquitetura das plantas e produtividade de grãos, utilizando diversas estruturas de modelagem de co(variância) (simetria composta (SC), diagonal (DI), simetria composta heterogênea (SCH), não estruturado (NE) e fator analítico (FA)) concluíram que os modelos com NE para produtividade e SCH para aspecto de grãos e arquitetura de plantas foram os mais apropriados. Melo *et al.* (2020), ao avaliarem a modelagem de estruturas de co(variância) para o efeito da interação GA em uma população de feijão-comum em duas safras (seca e inverno de 2015), observaram que o modelo NE foi o que melhor se ajustou aos dados, resultando em um ganho médio de produtividade, via BLUPs preditos, de 2,97%.

Os resultados obtidos neste trabalho indicam que o modelo de co(variância) não-estruturado é apropriado para estimar parâmetros genéticos e não genéticos de interesse avaliando os efeitos da interação G x A e como ela influencia na acurácia preditiva. Ele é o modelo mais geral para modelar a interação G x A, estimando uma variância genética para cada ambiente avaliado e estimando as matrizes de (co)variâncias entre os ambientes, por mais que seja raramente utilizado em experimentos multi-ambiente, pois, à medida que o número de tentativas de ajuste aumenta, o número de parâmetros também aumenta, influenciando na estimação dos parâmetros de variância (Smith *et al.*, 2015).

4.2 Estimação de parâmetros genéticos

No modelo de SC, apenas um componente de variância genotípica foi estimado para cada caractere com base na média de desempenho das famílias e um para linhagens em todos os experimentos avaliados. Por outro lado, no modelo NE, foram obtidos componentes de variâncias genotípicas distintos para cada caractere avaliado em cada experimento. Estes resultados sugerem que a escolha inadequada da estrutura de co(variância) pode levar a estimativas equivocadas de variância

genotípica, conseqüentemente na avaliação da variabilidade genética, da herdabilidade e do material genético a ser selecionado. Conforme destacado por Melo *et al.* (2020), essa observação sugere que a variabilidade genética observada entre os genótipos em cada safra decorre da expressão diferencial dos genes que controlam o caractere, possivelmente indicando a expressão de genes distintos em cada safra. Desse modo, o modelo NE demonstrou ser o mais adequado ao considerar as diferentes estimativas de variâncias genotípicas em cada safra, além da covariância entre os desempenhos dos genótipos.

O aumento nas estimativas de herdabilidade – observadas no modelo 3 (Figura 4) e comparada ao modelo 1 (Figura 3) – são atribuíveis à decomposição das variâncias genotípicas para cada safra avaliada. Essa decomposição proporciona uma maior precisão nas estimativas das variâncias genotípicas, permitindo uma melhor distinção da porção genotípica na variância fenotípica. Essa abordagem melhora a precisão das estimativas de herdabilidade resultando em avaliações mais precisas, o que, por sua vez, aprimora a eficácia do processo de seleção. Tais resultados são consistentes com estudos previamente reportados por Melo *et al.* (2020) e Santana *et al.* (2023), similares sobre os mesmos caracteres do feijão-comum.

Observou-se um aumento nos valores de acurácia seletiva, especialmente para as linhagens avaliadas, com variação de 0,27 a 0,52 (Tabela 14), para o modelo 3, com variação de 0,64 a 0,94 (Figura 5). De acordo com Resende e Duarte (2007), nos processos de seleção no melhoramento de plantas devem ser almejados valores de acurácia superiores a 70%, logo, os valores de acurácia obtidos pelo modelo NE são classificados como moderados a muito altos, em comparação com os obtidos pelo modelo de SC, que são considerados baixos a moderados. Esses resultados destacam que a acurácia seletiva aumenta à medida que os desvios absolutos entre os valores genéticos paramétricos e os valores genéticos estimados ou previstos diminuem.

4.3 Correlação genotípica entre os experimentos e decomposição da interação famílias/linhagens x ambientes

De forma geral, os coeficientes de correlação genética foram mais elevados entre safras de mesmas estações (Seca – Seca, Águas – Águas), porém, em anos distintos (por exemplo, S19-S20, S19-S21, S20-S21, S21-S22; Figura 6A-F), e

menores para pares de safras em estações diferentes (I22-S19, I22-A19, I22-S20; Figura 6A-F). Essa tendência pode ser explicada pelo esperado aumento da correlação em ambientes com estações semelhantes, mas em anos diferentes, ao passo que ambientes com estações diferentes tendem a exibir correlações mais baixas. No entanto, existem exceções a essa regra devido à influência de vários fatores que podem diferenciar um ano agrícola do outro. Assim, destaca-se a relevância da modelagem das estruturas de co(variância), uma vez que ela revela variação nas correlações entre as safras (Melo *et al.*, 2020).

Os resultados referentes aos componentes da interação, tanto simples quanto complexa, demonstraram uma tendência semelhante às correlações entre os pares de experimentos avaliados. Em outras palavras, pares de experimentos com correlações de baixa magnitude indicam a predominância da parte complexa da interação, enquanto experimentos com correlações de alta magnitude indicam a predominância da parte simples da interação. Isso explica o porquê de uma estrutura mais completa de (co)variância, como a não-estruturada, ajustou-se melhor para esses caracteres, mais ainda para PROD. É conhecido que os atributos de produtividade são governados por múltiplos genes, cada um contribuindo com efeitos aditivos discretos, o que resulta em interações genéticas e ambientais complexas.

Destaca-se a suscetibilidade do caráter produtividade de grãos à interação GxA em comparação com aspecto comercial de grãos e arquitetura de plantas, uma vez que apresentou maiores porcentagens de decomposição na parte complexa. Isso resultou em alterações no ranqueamento das famílias e das linhagens entre os experimentos (interações cruzadas) para esse caractere. Estudos anteriores sobre a interação GxA em progênies de feijão-comum sugerem que o fator que mais influencia essa interação é o efeito das safras (Pereira *et al.*, 2013). As diferenças entre as safras, frequentemente mais significativas do que as variações anuais, são causadas por uma variedade de condições ambientais, como variações na quantidade de água, nos níveis de luminosidade e na incidência de pragas e doenças. Esses elementos exercem uma influência direta sobre os principais atributos desse caractere, incluindo formato, peso e cor dos grãos.

4.4 Seleção de famílias do C_{IV} para recombinação e seleção de linhagens do C_{IV} para futuros ensaios de VCU via índice FAI-BLUP

Utilizando o índice FAIBLUP, obtivemos as estimativas dos autovalores e da variância acumulada. Seguindo o critério estabelecido por Kaiser (1958), os autovalores superiores a 1 indicam o número de fatores a serem considerados. Assim, o FAI-BLUP com os BLUPs obtidos pelo modelo não estruturado (FAI-BLUP NE) foi reduzido a quatro fatores, enquanto o FAI-BLUP utilizado os BLUPs pelo modelo de simetria composta (FAI-BLUP SC) foi reduzido a apenas um fator. Uma das vantagens do índice FAI-BLUP na seleção é sua capacidade de transformar um conjunto extenso de caracteres em fatores que reduzem a dimensionalidade, adicionando caracteres abstratos que apresentam alta correlação dentro do fator e baixa correlação entre fatores (Cruz; Carneiro, 2014).

A relação entre o fator e o caractere estudado é explicada pelo sinal da carga fatorial. Quando dois caracteres possuem coeficientes de cargas fatoriais altos e do mesmo sinal, apresentam uma correlação positiva. Por exemplo, na Tabela 17 e 19, observa-se que o caractere ARQ possui alta correlação com o fator 1, AG apresenta alta correlação com o fator 2, e PROD exibe alta correlação com os fatores 3 e 4 (Seiler; Stafford, 1985). São considerados relevantes as cargas fatoriais superiores a 0,5 e inferiores a -0,50 (Fruchter, 1967; Tabela 17 e 19). No entanto, no caso do FAI-BLUP SC, não é possível aplicar essa mesma classificação, pois todos os caracteres foram resumidos em apenas um fator, tanto para famílias quanto para linhagens. Com base nessa premissa, podemos afirmar que o Fator 1 corresponde ao Fator ARQ, o Fator 2 ao Fator AG, e o Fator 3 ao Fator PROD.

A utilização da modelagem multivariada, como é o caso do modelo não estruturado, oferece diversas vantagens em comparação com modelos mais simples, como o de simetria composta. Esses modelos permitem estimativa mais precisa de parâmetros como herdabilidade e acurácia seletiva, observado neste presente estudo, além de melhor predição dos valores genotípicos. Isso ocorre porque os modelos multivariados consideram simultaneamente maior quantidade de dados, como diferentes variâncias e covariâncias, incorporando as correlações genéticas e residuais entre os caracteres nas estimativas (Mendonça *et al.*, 2016; Alves *et al.*, 2018; Ematné *et al.*, 2018).

A etapa de recombinação de famílias, visando a geração de um novo ciclo de seleção e extração de linhagens, é de suma importância para assegurar ganhos futuros nos programas de seleção recorrente (Ramalho *et al.*, 2012). Ao compararmos os BLUPs obtidos pelo FAI-BLUP NE e o FAI-BLUP SC, observamos tanto para as

famílias visando a recombinação, como para linhagens visando a composição em ensaios de VCU's, a superioridade do modelo NE frente ao de SC (Figura 8 e 9).

É evidente que o emprego da modelagem de estruturas de co(variância) para a obtenção dos valores genotípicos tem ganhado destaque como uma etapa crucial para os melhoristas. Diante da manipulação de grande volume de materiais e da geração de extensos conjuntos de dados, provenientes de diferentes delineamentos experimentais, torna-se fundamental atingir maior precisão para tornar a seleção mais eficiente. Dessa forma, essa abordagem se configura como uma ferramenta importante para potencializar a resposta à seleção de famílias e linhagens superiores em programas de melhoramento.

5 Conclusão

Ao modelar estruturas de co(variância), demonstrou-se eficácia ao lidar com conjuntos de dados desbalanceados, capturando a heterogeneidade das variâncias. O modelo não estruturado se destacou como o mais adequado na avaliação de progênies de feijão ao longo de múltiplas safras e anos. A utilização do índice de seleção FAI-BLUP demonstrou maior eficiência na seleção das melhores famílias e linhagens, com base nos BLUPs obtidos pelo modelo Não-Estruturado em comparação com o modelo de Simetria Composta.

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, 2018.

BERNARDO, R. Genetic models for predicting maize single-cross performance in unbalanced yield trial data. **Crop Science**, v. 35, n.1, p. 141-147, 1995.

CARVALHO, B. L. *et al.* New strategy for evaluating grain cooking quality of progenies in dry bean breeding programs. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 17, p. 115-123, 2017.

CHAVES, S. F. *et al.* Application of linear mixed models for multiple harvest/site trial analyses in perennial plant breeding. **Tree Genetics & Genomes**, v. 18, n.6, p. 1-12. 2022.

COLLICCHIO E.; RAMALHO M. A. P.; ABREU A. F. B. Associação entre o porte da planta do feijoeiro e o tamanho dos grãos. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 32, p. 297-304, 1997.

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

CRUZ, C. D.; CARNEIRO, P. C. S.; REGAZZI, A. J. **Modelos Biométricos Aplicados ao Melhoramento Genético (Volume 2)**. 3. ed. Viçosa, MG: Editora UFV, 2014.

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

CULLIS, B. R. *et al.* The design of early-stage plant breeding trials using genetic relatedness. **Journal of Agricultural, Biological and Environmental Statistics**, v. 25, n. 4, p. 553-578, 2020.

CULLIS, B. R.; SMITH, A. B.; Coombes, N. E. On the design of early generation variety trials with correlated data. **Journal of agricultural, biological, and environmental statistics**, v. 11, n. 4, p. 381-393, 2006.

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, 2018.

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

FALCONER, D. S.; MACKAY, T. F. C. **Introduction to quantitative genetics**. Longman: Essex, 1996.

FRUCHTER, B. **Introduction to factor analysis**. D. Van Nostrand Company, 1967.

GOGEL, B.; SMITH, A.; CULLIS, B. Comparison of a one- and two-stage mixed model analysis of Australia's National Variety Trial Southern Region wheat data. **Euphytica**, v. 214, n. 44, 2018.

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

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 multienvironment 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.

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.

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.

MENEZES JÚNIOR, J. A. N. *et al.* Two cycles of recurrent selection in red bean breeding. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 13, p. 41-48, 2013.

MOURA, M. M. *et al.* Potencial de caracteres na avaliação da arquitetura de plantas de feijão. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 48, n. 4, p. 417-425, 2013.

MENEZES JÚNIOR, J. A. N.; CARNEIRO J. E. S.; SILVA, V. M. P.; SILVA, L. C.; PETERNELLI, L. A.; CARNEIRO, P. C. S. Common bean breeding to improve red grain lines. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 11, p. 50-58, 2011.

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, 2020.

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

PEIXOTO, M. A.; COELHO, I. F.; EVANGELISTA, J. S. P. C.; SANTOS, S. S. O.; ALVES, R. S.; PINTO, J. F. N.; REIS, E. F.; BHERING, L. L. Selection of maize hybrids: an approach with multi-trait, multi-environment, and ideotype-design. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 21, n. 2, 2021.

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.

PINHEIRO, L. S. *et al.* Genetic variability of rice recurrent selection populations as affected by male sterility or manual recombination. **Pesquisa agropecuária brasileira**, Brasília, v. 47, n. 6, p.808-814, 2012.

R CORE TEAM. **R: A language and environment for statistical computing**. Vienna, Austria: R Foundation for Statistical Computing, 2023. Disponível em: <https://www.R-project.org/>. Acesso em: 10 nov. 2024.

RAMYA, P. *et al.* Effect of recurrent selection on drought tolerance and related morpho-physiological traits in bread wheat. **PLOS ONE**, v. 11, n. 6, 2016.

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, MG: Editora UFLA, 2012. 522p.
- 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.
- ROBERTSON, A. **Experimental design on the measurement of heritabilities and genetic correlations: biometrical genetics**. New York: Pergamon Press, 1959.
- ROCHA, J. R. A. S. C.; MACHADO, J. C.; CARNEIRO, P. C. S. Multitrait index based on factor analysis and ideotype-design: Proposal and application on elephant grass breeding for bioenergy. **GCB Bioenergy**, v. 10, n. 1, p. 52-60, 2018.
- ROCHA, J. R. A. S. C. *et al.* Selection of superior inbred progenies toward the common bean ideotype. **Agronomy Journal**, v. 111, n. 3, p. 1181-1189, 2019.
- SANTANA, A. S. *et al.* Analysis of advanced Generation multistage field trials data in autogamous plant breeding: An evaluation in common Bean. **Crop Science**, v. 63, p. 1221-1233, 2023.
- SEILER, G. J.; STAFFORD, R. E. Factor analysis of components of yield in guar. **Crop Science**, v. 25, n. 6, p. 905-908, 1985.
- 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.
- SMITH, A.; CULLIS, B.; THOMPSON, R. Analyzing variety by environment data using multiplicative mixed models and adjustments for spatial field trend. **Biometrics**, v. 57, n. 4, p. 1138-1147, 2001.
- SMITH, A. B.; 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. **Multiplicative mixed models for the analysis of multi-environment trial data**. Adelaide, AU: The University of Adelaide, 1999.
- 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.
- SOARES, I. O. *et al.* Genetic and phenotypic parameters associated with soybean progenies in a recurrent selection program Genetic and phenotypic parameters associated with soybean progenies in a recurrent selection program. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 20, n. 4, 2020.

THOMPSON R. *et al.* A sparse implementation of the average information algorithm for factor analytic and reduced rank variance models. **Australian & New Zealand Journal of Statistics**, v. 45, n. 4, p. 445-459, 2003.

TOLHURST D. J. *et al.* Genomic selection using random regressions on known and latent environmental covariates. **Theoretical and Applied Genetics**, v. 135, p. 3393-3415, 2022.

VSN International Ltda. **ASREML**: A suite of statistical tools for mixed models, version 4.2. Hemel Hempstead: VSN International Ltda, 2023. Disponível em: <http://www.vsni.co.uk/software/asreml>. Acesso em: 20 nov. 2023.

WARD, B. P. *et al.* Multienvironment and multitrait genomic selection models in unbalanced early-generation wheat yield trials. **Crop Science**, v. 59, n. 2, p. 491-507, 2019.

WICKHAM H. *et al.* Welcome to the tidyverse. **Journal of Open Source Software**, v. 4, n. 43, 2019.

Zhang, L. *et al.* Recurrent selection for wider seedling leaves increases early biomass and leaf area in wheat (*Triticum aestivum* L.). **Journal of Experimental Botany**, v. 66, p. 1215-1226, 2015.