

RITA CAROLINA DE MELO

**ANÁLISE DE VARIÂNCIA NO MELHORAMENTO GENÉTICO DE FEIJÃO:
PRESSUPOSIÇÕES DO MODELO ESTATÍSTICO E CONSIDERAÇÃO DAS
FONTES DE VARIAÇÃO APROPRIADAS**

Dissertação apresentada ao Curso de Pós-graduação em Produção Vegetal, na Universidade do Estado de Santa Catarina, como requisito parcial para obtenção do grau de Mestre em Produção Vegetal.

Orientador: Dr. Jefferson Luís Meirelles Coimbra

**LAGES
2018**

Ficha catalográfica elaborada pelo(a) autor(a), com
auxílio do programa de geração automática da
Biblioteca Setorial do CAV/UEDESC

Melo, Rita Carolina de

Análise de variância no melhoramento genético de
feijão: Pressuposições do modelo estatístico e
consideração das fontes de variação apropriadas /
Rita Carolina de Melo. - Lages , 2018.

77 p.

Orientador: Jefferson Luís Meirelles Coimbra

Co-orientadora: Naine Martins do Vale

Dissertação (Mestrado) - Universidade do Estado
de Santa Catarina, Centro de Ciências
Agroveterinárias, Programa de Pós-Graduação em
Produção Vegetal, Lages, 2018.

1. Fontes de variação. 2. Normalidade e
homogeneidade. 3. Decomposição dos quadrados médios.
I. Coimbra, Jefferson Luís Meirelles. II. Vale,
Naine Martins do . , .III. Universidade do Estado
de Santa Catarina, Centro de Ciências
Agroveterinárias, Programa de Pós-Graduação em
Produção Vegetal. IV. Título.

RITA CAROLINA DE MELO

**ANÁLISE DE VARIÂNCIA NO MELHORAMENTO GENÉTICO DE FEIJÃO:
PRESSUPOSIÇÕES DO MODELO ESTATÍSTICO E CONSIDERAÇÃO DAS
FONTES DE VARIAÇÃO APROPRIADAS**

Dissertação apresentada ao Curso de Pós-graduação em Produção Vegetal, na Universidade do Estado de Santa Catarina, como requisito parcial para obtenção do grau de Mestre em Produção Vegetal.

Banca examinadora

Orientador: _____

Dr. Jefferson Luís Meirelles Coimbra

Universidade do Estado de Santa Catarina (UDESC)

Jefferson L. M. Coimbra
PROF. UDESC
DE MELHORAMENTO GENÉTICO

Membro externo: _____

Dra. Simone Silmara Werner

Empresa de Pesquisa Agropecuária e Extensão Rural de Santa Catarina (EPAGRI)

Membro externo: _____

Dr. Enéas Ricardo Konzen

Universidade Federal do Rio Grande do Sul (UFRGS)

Lages, 06 de julho de 2018

Dedico este trabalho a minha família, principalmente aos meus pais pelo esforço que sempre fizeram para que eu tivesse a oportunidade de estudar e chegar até aqui.

AGRADECIMENTOS

A Deus, pela grandeza da vida! Por ter me mantido no caminho de pé;

Aos meus pais, pelo amor e apoio incondicional. Agradeço por entenderem os meus momentos de ausência;

Aos meus irmãos, por entenderem as nossas diferenças e por sempre estarem ao meu lado, enfrentando os ventos contrários;

Ao meu namorado, pela presença diária e por seu constante apoio, incentivando-me na busca do crescimento profissional e pessoal;

Ao Prof. Dr. Jefferson Luís Meirelles Coimbra, pela oportunidade de ter sido sua orientada. Agradeço por todo ensinamento científico e pessoal, pela paciência, dedicação e estímulo dado durante toda a Iniciação Científica e Mestrado;

Ao Prof. Dr. Altamir Frederico Guidolin, pela ajuda e incentivo em todas as etapas da minha pesquisa. Pelos conselhos profissionais e pessoais dados durante todo esse tempo;

Aos colegas de Laboratório por toda a contribuição durante esses anos e pelo convívio que enriqueceram meu desenvolvimento pessoal e profissional.

Ao Programa de Pós-Graduação em Produção Vegetal da Universidade do Estado de Santa Catarina, por ter concedido a oportunidade de cursar o mestrado e desenvolver este trabalho;

Aos membros da banca examinadora, por aceitarem fazer parte desse trabalho e contribuir com os seus conhecimentos;

A CAPES pelo apoio financeiro durante a realização dessa pesquisa;

A todos aqueles que direta ou indiretamente contribuíram para a realização deste trabalho, o meu MUITO OBRIGADA...

“Assim diz o SENHOR: Reprime a tua voz de choro e as lágrimas dos teus olhos, porque há galardão para o teu trabalho”
Jeremias 31:16

RESUMO

Um dos maiores desafios durante a condução de um experimento no melhoramento de plantas é comparar os tratamentos com a maior precisão possível, para se ter segurança nas inferências a serem realizadas a partir dos resultados obtidos. O primeiro fator crucial para realizar testes de hipóteses é garantir que as pressuposições do modelo estatístico sejam atendidas. A violação das pressuposições de normalidade dos erros e homogeneidade de variâncias são mais preocupantes, em função de alterar os níveis de significância e a sensibilidade do teste F . O segundo fator crucial é possibilitar que as causas de variação sejam testadas a partir de um resíduo apropriado. Em ensaios para lançamento de cultivares, o desbalanceamento de informações é uma condição comum. Nesta situação, os testes de hipóteses podem ser comprometidos, e gerar estimativas não fiéis do valor genético. O objetivo deste trabalho foi verificar a especificação adequada do modelo estatístico sobre os testes de hipóteses no melhoramento genético de feijão quanto às pressuposições do modelo e a consideração das fontes de variação apropriadas. Para tanto, foram desenvolvidos dois trabalhos: 1º) Foram utilizados dados referentes ao tempo de cocção de populações segregantes. As pressuposições de normalidade e homogeneidade foram testadas por Shapiro-Wilk e Levene, respectivamente. Foram propostos como soluções para violação das pressuposições: *i*) Modelo linear clássico com uso de transformação de dados e *ii*) Modelo linear generalizado misto. 2º) Foram avaliados experimentos do Ensaio de Valor de Cultivo e Uso de 3 locais comuns e 4 locais não comuns aos anos, considerando seis genótipos de feijão, quanto ao caráter rendimento de grãos. A análise estatística considerou duas situações: *i*) união dos fatores locais e anos de cultivo, tendo como uma única fonte de variação denominada *ambiente* e *ii*) decomposição dos quadrados médios para os fatores local e ano. Quanto às pressuposições do modelo estatístico, o modelo linear clássico e o modelo linear generalizado misto atendem as pressuposições do modelo estatístico e apresentam reflexos diretos no teste de hipótese. As transformações são métodos simples, mas devem ser utilizadas conforme a natureza dos dados. Os modelos lineares generalizados mistos permitem além da separação dos efeitos fixos e aleatórios, a especificação do tipo de distribuição da variável resposta e a estruturação dos resíduos, simultaneamente. Com a decomposição dos quadrados médios em experimentos desbalanceados, não foram verificadas diferenças entre os genótipos avaliados. Os resultados, comparativamente, revelam que a análise simplificada (considerando os ambientes) apresenta alguns pontos errôneos, como a utilização de um resíduo médio para testar a hipótese do fator genótipo. A consideração das verdadeiras fontes de variação no modelo estatístico em Ensaios de Valor de Cultivo e Uso (VCU) reflete diretamente nas conclusões em termos de melhoramento de plantas.

Palavras-chave: Fontes de variação. Normalidade e homogeneidade. Decomposição dos quadrados médios.

ABSTRACT

One of the major challenges during experiments in plant breeding is to compare the treatments using the highest possible precision in order to safely infer from the results. The first crucial factor in performing hypothesis testing is to ensure that the assumptions of the statistical model are met. The violation of normality of errors and homogeneity of variances are more relevant because they can alter the levels of significance and sensitivity of the F test. The second crucial factor is to allow the sources of variation to be tested from an appropriate residue. In trials for cultivar release, unbalanced data are common. In this situation, the hypothesis tests can be compromised, generating untrustworthy estimates of the genetic value. The goal of this study was to verify the adequate specification of the statistical model on the hypothesis tests in the genetic improvement of common bean, considering the assumptions of the model and the appropriate sources of variation. Therefore, two studies were performed: 1^o) Data regarding the cooking time of common bean segregating populations were used. The assumptions of normality and homogeneity were tested by Shapiro-Wilk and Levene, respectively. In order to meet these assumptions some solutions were proposed: *i*) Classic linear model with data transformation and *ii*) Generalized linear mixed models. 2^o) Experiments of Value for Cultivation and Use (VCU) of 3 common sites and 4 non-common sites to years, considering six bean genotypes, were evaluated for grain yield. The statistical analysis considered two situations: *i*) union of the location factors and cultivation years, with a single variation source called *environment* and *ii*) decomposition of the mean squares for sites and years factors. Both the classic linear model and generalized linear mixed models fitted the statistical assumptions of the model, and present direct reflexes in the hypothesis test. Transformations are simple methods but must be used according to the scale of data measurement. The generalized linear mixed models allow in addition to the separation of fixed and random effects, the option to choose the type of distribution of the response variable and structuring of the residues simultaneously. By using decomposition of the mean squares in unbalanced experiments, no differences were observed among the evaluated genotypes. The results, comparatively, show that the simplified analysis (considering the environments) presents some erroneous points, such as the use of an average residue to test the hypothesis of the genotype factor. Consideration of the true sources of variation in the statistical model in VCUs directly reflects on the conclusions in plant breeding.

Keywords: Sources of variation. Normality and homogeneity. Decomposition of mean squares.

LISTA DE TABELAS

Tabela 1 - Características dos genitores envolvidos na hibridação dirigida.....	40
Tabela 2 - Análise de variância para o caráter tempo de cocção proveniente de populações fixas e segregantes de feijão, considerando o erro total e a sua decomposição em erro entre e erro dentro.	43
Tabela 3 - Análise de variância para o caráter tempo de cocção proveniente de populações fixas e segregantes de feijão após a transformação Raiz quadrada, Angular, Logarítmica e Logística e suas respectivas distribuições indicadas. Probabilidade dos testes de Kolmogorov-Smirnov (D) para normalidade e Levene (F) para homogeneidade de variâncias.	45
Tabela 4 - Análise de variância com modelos lineares generalizados mistos (GLMM's) para os efeitos fixos considerando modelos lineares e logarítmicos. Seleção do modelo baseado no Critério de Akaike para cada modelo ajustado.	47
Tabela 5 - Estimativa da diferença entre as médias das 12 populações a partir do teste de comparações múltiplas de Scheffe. Comparações de médias considerando o modelo logarítmico C3 (especificação de distribuição da variável resposta dist=lognormal).	49
Tabela 6 - Análise de variância para o rendimento de grãos (kg ha^{-1}) de um grupo de dez experimentos avaliados no ensaio de Valor de Cultivo e Uso (VCU) de feijão. A causa de variação ambiente é composta pela união dos fatores locais e anos agrícolas.	59
Tabela 7 - Decomposição da análise de variância para o rendimento de grãos (kg ha^{-1}) de um grupo de dez experimentos de genótipos de feijão avaliados no ensaio de Valor de Cultivo e Uso (VCU).	61
Tabela 8 - Resumo das esperanças matemáticas dos quadrados médios de um grupo de dez experimentos, com genótipos de feijão repetidos ao longo de dois anos em locais comuns e não comuns.	64
Tabela 9 - Contrastes univariados para o caráter rendimento de grãos (kg ha^{-1}) considerando os efeitos de Locais comuns (LC): Lages (LG), Ponte Serrada (PS) e Canoinhas (CA) e não comuns (LNC): Chapecó (CH), Guatambu (GT), Urussanga (UR) e Campos Novos (CN).	65

SUMÁRIO

1	INTRODUÇÃO GERAL	19
1.1	HIPÓTESES	22
1.2	OBJETIVOS	22
1.2.1	Geral	22
1.2.2	Específicos	22
2	REVISÃO DE LITERATURA.....	24
2.1	MELHORAMENTO DE PLANTAS	25
2.2	MELHORAMENTO GENÉTICO DO FEIJÃO	26
2.3	APLICAÇÃO DA ESTATÍSTICA A DADOS BIOLÓGICOS: BIOMETRIA	27
2.4	ANÁLISE DE VARIÂNCIA	28
2.4.1	Pressuposições do modelo da análise de variância	29
2.4.1.1	<i>Independência.....</i>	<i>29</i>
2.4.1.2	<i>Homogeneidade de variâncias</i>	<i>30</i>
2.4.1.3	<i>Normalidade dos erros</i>	<i>30</i>
2.4.1.4	<i>Aditividade.....</i>	<i>31</i>
2.4.1.5	<i>Consequências da violação da normalidade e homogeneidade.....</i>	<i>31</i>
2.4.1.6	<i>Soluções para violação das pressuposições de normalidade e homogeneidade</i>	<i>32</i>
2.4.2	Testes de hipóteses	33
3	PRESSUPOSIÇÕES DO MODELO ESTATÍSTICO ATENDIDAS POR MODELOS LINEARES CLÁSSICOS E MODELOS LINEARES GENERALIZADOS MISTOS.....	37
3.1	RESUMO	37
3.2	INTRODUÇÃO.....	37
3.3	MATERIAL E MÉTODOS.....	39
3.3.1	Exemplo aplicado: Tempo de cocção em populações fixas e segregantes de feijão	39
3.3.2	Análise estatística.....	41
3.3.2.1	<i>Modelos lineares clássicos</i>	<i>41</i>
3.3.2.2	<i>Modelos lineares generalizados mistos</i>	<i>41</i>
3.4	RESULTADOS E DISCUSSÃO	42
3.4.1	Análise de variância comum.....	42
3.4.2	Modelos lineares clássicos com uso de transformações.....	44
3.4.3	Modelos lineares generalizados mistos	46
3.5	REFERÊNCIAS	50
4	CONSIDERAÇÃO DAS FONTES DE VARIAÇÃO APROPRIADAS DO MODELO ESTATÍSTICO E SEUS REFLEXOS NO MELHORAMENTO DE PLANTAS.....	54

4.1	RESUMO	55
4.2	INTRODUÇÃO.....	55
4.3	MATERIAL E MÉTODOS.....	57
4.3.1	Ensaio de Valor de Cultivo e Uso (VCU).....	57
4.3.2	Delineamento experimental	57
4.3.3	Análise estatística dos dados.....	57
4.3.3.1	<i>União dos fatores locais e anos de cultivo, tendo como uma única fonte de variação denominada ambiente</i>	58
4.3.3.2	<i>Decomposição dos quadrados médios para os fatores local e ano</i>	58
4.4	RESULTADOS E DISCUSSÃO	59
4.4.1	União dos fatores locais e anos de cultivo, tendo como uma única fonte de variação denominada ambiente	59
4.4.2	Decomposição dos quadrados médios para os fatores local e ano	60
4.5	REFERÊNCIAS	67
5	DISCUSSÃO GERAL	70
6	CONCLUSÕES.....	73
	REFERÊNCIAS	74

1 INTRODUÇÃO GERAL

O melhoramento de plantas tem como objetivo a seleção de constituições genéticas superiores às existentes (ALLARD, 1960). Esta ciência utiliza os conhecimentos de genética e estatística durante a condução dos experimentos para atender este objetivo. De maneira geral, o melhoramento de plantas concentra-se no desenvolvimento de genótipos com alto rendimento de grãos, estáveis, adaptáveis e gerados por tecnologias com baixo impacto no ambiente.

No caso do melhoramento genético do feijão, ainda que os rendimentos de grãos tenham sido crescentes nos últimos anos – margem aproximada de 1.033 kg ha⁻¹ (COMPANHIA NACIONAL DE ABASTECIMENTO, 2018) – a cultura ainda revela demandas expressivas. A cultura do feijão requer melhoramento: da arquitetura de planta, potencializando a colheita mecanizada e a qualidade de sementes; genótipos com precocidade e tolerância aos fatores bióticos e abióticos e fundamentalmente a qualidade tecnológica como reduzido tempo de cocção (SOUZA; RAMALHO; VON PINHO, 2004; SILVA et al., 2013). Estes requerimentos são atendidos por meio de estudos desenvolvidos por inúmeros grupos de pesquisa, que desenvolvem ensaios com o objetivo de atender a estas exigências. No processo de responder estas hipóteses, a aplicação da estatística aos dados biológicos – conhecido como biometria – tem sido ferramenta fundamental. No campo da genética, a biometria tem sido essencial para a consolidação da sub-área de genética quantitativa, que juntas subsidiam a tomada de decisão no melhoramento de plantas (SOKAL; ROHLF, 1995).

O uso da estatística está previsto em todas as fases da experimentação do melhoramento de plantas, desde a obtenção dos genitores para compor os blocos de cruzamentos, seleção de populações segregantes até etapas avançadas de registro e recomendação de cultivares. Durante todas estas etapas, a análise da variância é amplamente utilizada e difundida. Fisher fundamentou os princípios do delineamento experimental e da análise de variância (FISHER, 1971). No delineamento de um experimento são incorporados os vários princípios necessários para a derivação de inferências válidas a partir dos dados gerados através do experimento (SILVA, 2003a). O delineamento experimental especifica a maneira como o experimento deve ser conduzido e como os dados devem ser coletados de modo a permitir a derivação de inferências pelo método estatístico.

O maior desafio durante a condução de um experimento no melhoramento de plantas é o de comparar os tratamentos com a maior precisão possível, para se ter segurança nas inferências a serem realizadas a partir dos resultados obtidos. Em suma, a base do procedimento de inferência em experimentos comparativos é estimar duas fontes de variabilidade (SILVA,

2003a): *i*) uma estimativa da variabilidade atribuível às diferenças entre tratamentos (obtida pelas diferenças da variável resposta entre unidades com diferentes tratamentos, no qual também inclui a variabilidade casual ou aleatória); *ii*) uma estimativa da variabilidade oriunda de diferenças da variável resposta entre unidades com mesmo tratamento (unicamente resultante da variabilidade casual). Se a primeira estimativa da variabilidade for consideravelmente superior à segunda, de modo que a diferença entre as duas estimativas não possa ser atribuída apenas à própria variabilidade casual, isso mostra evidências de diferenças reais entre os tratamentos (FISHER, 1971).

Entretanto, qualquer que seja a evidência fornecida pelo experimento – em favor ou contrária à presença de diferenças de efeitos reais dos tratamentos, pode ser incorreta. As razões desta afirmação são devido a *falhas durante a condução experimental* e *falhas na interpretação e cálculos das hipóteses*. No primeiro caso, vale ressaltar que violações nos princípios da experimentação agrícola geralmente condiciona a violação das pressuposições do modelo estatístico (SILVA, 2003b).

As pressuposições do modelo estatístico clássico consistem na: *i*) aditividade dos efeitos; *ii*) ausência de correlação das variáveis aleatórias residuais; *iii*) homogeneidade de variância das variáveis aleatórias residuais e *iv*) normalidade dos resíduos. De maneira geral, as pressuposições de homogeneidade de variâncias e normalidade dos erros requerem maior cuidado (SOKAL; ROHLF, 1995). Na maioria dos experimentos, em virtude da natureza dos tratamentos envolvidos, os mesmos podem revelar distintas taxas de erros para cada tratamento, implicando na heterogeneidade de variâncias. Em muitas situações práticas, a variável resposta provém de dados de contagem, além das flutuações que ocorrem nos dados reais, o que leva a utilização de distribuições aproximadas.

Quando as pressuposições são válidas, a análise da variância baseada no teste *F* é uma técnica que fornece procedimentos exatos para inferências, fornecendo probabilidade exata de significância entre os tratamentos. Entretanto, na prática, essas pressuposições se verificam apenas aproximadamente. Pequenos desvios não revelam implicações sérias, porém, é arriscado o emprego generalizado da análise da variância e dos procedimentos de inferência nela baseados sem a verificação da validade de suas pressuposições.

Na presença de violações das pressuposições de homogeneidade de variâncias e normalidade dos erros, podem ser aplicadas soluções com o intuito de atender estes problemas. Dentre essas soluções, é possível elencar como metodologias: Análise de variância clássica baseada em modelos lineares e Análise de variância baseada em modelos lineares generalizados mistos.

Com relação a análise de variância baseada em modelos lineares podem-se citar as seguintes soluções para atendimento das pressuposições, como: *i*) a análise exploratória de dados para visualização e retirada de valores discrepantes (BUSTOS, 1988; BUSTOS, 1990); *ii*) o uso de testes não paramétricos (STEEL; TORRIE; DICKEY, 1997; SPRENT; SMEETON, 2007) e *iii*) transformação de dados (STEEL; TORRIE; DICKEY, 1997). Destes, o último método citado é de ampla aplicação e um dos mais abordados na pesquisa científica para atender as pressuposições de homogeneidade e normalidade. Mais recentemente, também foram propostas a abordagem com modelos lineares generalizados mistos, com o procedimento PROC GLIMMIX do SAS, por exemplo. Este procedimento ajusta modelos estatísticos em que a variável resposta não necessariamente é normalmente distribuída, além de permitir estruturação de variâncias e covariâncias residuais (STATISTICAL ANALYSIS SYSTEM INSTITUTE, 2013).

No segundo caso, ou com relação a falhas na interpretação e cálculos das hipóteses como causa de evidências incorretas fornecidas pelo experimento, vale destacar o uso de resíduos inapropriados para testar hipóteses em experimentos fatoriais. No melhoramento genético do feijão, uma etapa criteriosa no lançamento de novas cultivares é a avaliação dos genótipos candidatos em vários ambientes (ano agrícola, época de cultivo e locais). Nestas condições, a situação mais simples é aquela em que o delineamento empregado é o mesmo em todos os locais e anos, bem como o número de repetições. Esta situação raramente acontece com os programas de melhoramento, pois o número de genótipos comuns, frequentemente varia de ano para ano, já que, a cada etapa do programa de melhoramento, os genótipos considerados inferiores são eliminados e novos são adicionados aos experimentos. Este fato causa um grave desbalanceamento na análise estatística (diferentes números de unidades experimentais dos genótipos avaliados nos locais e/ou anos) que pode levar a conclusões equivocadas (IEMMA, 1995). Nesta situação, quando o balanceamento dos dados não é atendido e o modelo matemático não considera as verdadeiras fontes de variação, podem ser obtidas estimativas não fiéis do valor genético.

Em fatoriais desbalanceados, a ortogonalidade ou independência é perdida, e os cálculos das somas de quadrados tornam-se bem mais complexos, podendo o valor fenotípico não ser uma estimativa fiel do valor genético verdadeiro (WECHSLER, 1998; BORGES et al., 2009). Várias estratégias são amplamente utilizadas para a análise dos dados desbalanceados entre as quais a abordagem de unir os fatores local e ano e sintetizar ao longo dos ambientes é utilizado com maior frequência (BERTOLDO et al., 2009; GUPTA et al., 2013). No entanto, resumir ao longo dos anos ou dos locais, nem sempre é apropriado quando os padrões de cada ano e de

cada local são complexos e variáveis. Além disso, essa abordagem ignora as interações entre o local, genótipo e ano, requerendo uma síntese subjetiva dos resultados (YAN, 2015).

Como alternativa, a variância dos fatores com tratamentos desbalanceados (locais não comuns) pode ser decomposta em três componentes: *i*) variância entre os tratamentos comuns, *ii*) variância entre os tratamentos não comuns e *iii*) variância entre tratamentos comuns e não comuns (IGNACZAK; SILVA, 1978). Analisar estes componentes na análise de variância com dados desbalanceados pode contribuir para a verdadeira estimação do valor genético refletindo nas decisões de um melhorista de plantas.

1.1 HIPÓTESES

As hipóteses do trabalho são:

- a) violações nas pressuposições do modelo estatístico afetam diretamente os resultados da ANOVA;
- b) modelos lineares clássicos e modelos lineares generalizados mistos atendem as pressuposições do modelo estatístico e devem ser aplicados em distintas situações;
- c) a decomposição da variância dos quadrados médios para os fatores desbalanceados reflete diretamente nos resultados obtidos da ANOVA.

1.2 OBJETIVOS

1.2.1 Geral

Verificar como a análise de variância realizada sobre dados obtidos no melhoramento de plantas pode ser alterada mediante violações das pressuposições do modelo e da desconsideração das fontes de variação apropriadas.

1.2.2 Específicos

Os objetivos específicos do trabalho são:

- a) verificar as implicações da violação das pressuposições de homogeneidade da variância e normalidade dos erros sobre a ANOVA;

- b) comparar como as pressuposições do modelo estatístico podem ser atendidas por modelos lineares clássicos e modelos lineares generalizados mistos e seus reflexos sobre os resultados da ANOVA;
- c) decompor a variância dos quadrados médios dos fatores desbalanceados em ensaios de VCU para realização de testes F aproximados;
- d) verificar a consideração das fontes de variação apropriadas do modelo estatístico e seus reflexos nas conclusões em termos de melhoramento de plantas.

2 REVISÃO DE LITERATURA

2.1 MELHORAMENTO DE PLANTAS

O melhoramento de plantas é a arte e a ciência de detectar genótipos superiores aos anteriormente inseridos ou utilizados, para benefício do homem. É tido como *ciência*, pois utiliza de princípios da genética, experimentação e estatística, e é considerada *arte* por depender da sensibilidade do melhorista no seu trabalho diário de distinguir variações genéticas e variações do acaso. Esta ciência iniciou de forma inconsciente há cerca de dez mil anos. Quando se iniciou o cultivo agrícola, adaptações e modificações ocorreram nas plantas, como maior retenção de sementes, crescimento mais determinado e aumento no tamanho e número de inflorescências, tornando-as superiores (ALLARD, 1960).

A gênese do melhoramento de plantas foi motivada pelos trabalhos dos biólogos Charles Darwin (1809 - 1882) e Gregor Mendel (1822 - 1884), que motivaram inúmeros debates que se estenderiam até o início do século XX (BETRÁN; MORENO-GONZÁLEZ; ROMAGOSA, 2009). Darwin procurou demonstrar como havia ocorrido a evolução das espécies com a teoria da seleção natural, na qual as mudanças ocorrem de forma gradual através do tempo. Darwin também elaborou uma teoria razoável sobre a herança dos caracteres a partir de pequenas mudanças que ocorrem na descendência oriunda do cruzamento de parentais. Mendel elaborou as leis da segregação baseado em caracteres de espécies do gênero *Pisum*. As características estudadas eram determinadas por um par de fatores, cujos fatores estariam localizados nos gametas de cada parental. Inúmeros debates surgiram a respeito se a variação contínua proposta por Darwin poderia ser associada aos fatores discretos mendelianos. No início do século XX, o debate foi então solucionado originando a Teoria Sintética da Evolução (GRIFFING, 1994).

Os trabalhos de Fisher em 1918 foram cruciais para o desenvolvimento da teoria do melhoramento de plantas. Fisher foi o primeiro a introduzir o termo “variância” e usou suas propriedades aditivas como elementos importantes da variância fenotípica (FISHER, 1971). Foram definidos os termos genótipo (constituição genética total de um organismo) e fenótipo (aparência de um indivíduo como contraste à sua composição genética ou grupo de indivíduos com aparência semelhante, porém não necessariamente com genótipos idênticos) (ALLARD, 1960).

Desde a definição e consolidação das teorias a respeito da origem do melhoramento de plantas, esta ciência e arte, aplicada em programas de pesquisa teve como principais objetivos

(CALIGARI, 2001): *a) Rendimento útil*: além do rendimento bruto, o melhoramento objetiva os aspectos relacionados ao tempo de armazenamento, desperdício e a aceitação pelo consumidor; *b) Estabilidade do rendimento*: garantir que as cultivares mantenham estabilidade de produção em inúmeros ambientes atenuando as tensões bióticas e abióticas; *c) Qualidade do produto*: isto inclui a qualidade nutricional e o sabor, valor nutritivo, valor calórico, teor de proteína, nível de gordura; *d) Impacto ambiental*: como a agricultura afeta qualquer área onde é praticada, isto gera muitos debates mundialmente. Assim, o melhoramento de plantas objetiva utilizar métodos ecologicamente sustentáveis, como a produção de cultivares com resistência a doenças e pragas e com alta capacidade de assimilação e captação de nutrientes; *e) Elevada adaptabilidade*: necessidade de produzir cultivares que respondam positivamente a melhora nas condições de ambiente, considerando o clima de um determinado local, tipos de práticas agrícolas, etc; *f) Capacidade de previsão*: o melhorista de plantas deve possuir a capacidade de “prever futuro”, como, qual será a situação política no futuro? como as mudanças climáticas afetarão os padrões de crescimento? qual será o espectro de pragas e doenças? o que os consumidores finais exigirão? (CALIGARI, 2001).

2.2 MELHORAMENTO GENÉTICO DO FEIJÃO

O feijão comum (*Phaseolus vulgaris* L.) pertence à família Fabaceae. É uma espécie autógama e diploide ($2n = 2x = 22$). O Brasil é um dos principais produtores e consumidores de feijão comum em todo mundo. Segundo levantamentos da CONAB, estima-se que a produção total de feijão preto (considerando todas as safras) em 2017/18 foi de 484.000 toneladas, com uma produtividade de $1.622 \text{ kg}\cdot\text{ha}^{-1}$ (CONAB, 2018).

O feijão é um dos principais componentes da alimentação brasileira, por ser uma excelente fonte de proteínas (VIEIRA; BORÉM; RAMALHO, 2005), sendo consumido por todas as classes sociais, principalmente pelas de menor poder aquisitivo, em função do menor custo em relação a proteína de origem animal. Além disso, é uma das principais culturas voltadas ao mercado interno, juntamente com o arroz e o milho, sendo que grande parte dos cultivos é realizado pela agricultura familiar (EMBRAPA ARROZ E FEIJÃO, 2012). Ainda que o País revele autossuficiência na produção de feijão, existem lacunas a serem preenchidas na cadeia produtiva, como também no melhoramento desta espécie.

O melhoramento de plantas é a principal chave para melhoria do desempenho produtivo e tecnológico do feijão, constituindo como uma ferramenta que objetiva a seleção de genótipos com alto rendimento útil, estáveis, adaptáveis e oriundos de técnicas ambientalmente

sustentáveis (CALIGARI, 2001). No caso do feijão, vale destacar que esta espécie exibe características que necessitam de aprimoramento, tal como sua arquitetura, selecionando plantas eretas que facilitam o uso de práticas culturais, permitem a colheita mecanizada e evitam que as vagens entrem em contato com o solo, garantindo melhor qualidade das sementes (SILVA et al., 2013). Além da arquitetura, os caracteres de precocidade e a tolerância aos fatores abióticos fazem parte do melhoramento desta cultura, buscando sempre incrementar seu rendimento final. Além dos caracteres produtivos, nos programas de melhoramento de feijão é imperativo que durante a criação de novos genótipos, em uma dada estância, sejam avaliados em relação ao seu tempo de cocção (SOUZA; RAMALHO; VON PINHO, 2004). Genótipos com reduzido tempo de cocção são apreciados, visto que no âmbito da sociedade atual, o tempo de preparo dos alimentos tornou-se menor comparativamente as atividades profissionais, exercido tanto por homens como mulheres.

Selecionados os genótipos candidatos para as características citadas, eles devem revelar superioridade aos genótipos existentes. Para tanto, através de experimentos são testadas hipóteses com o objetivo de validar o desempenho em vários locais de cultivo e/ou vários anos agrícolas (NASSIR; ARIYO, 2011; SILVA et al., 2013). Assim, para que o melhorista de plantas colete dados fidedignos para o genótipo candidato ao lançamento, é necessário repetir o experimento em vários ambientes distintos. Esta exigência é prevista pelo Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento (MAPA), que é o órgão federal responsável pela indicação dos requisitos mínimos para inscrição no Registro Nacional de Cultivares (RNC). Um dos requisitos mais importantes para proteção e/ou registro de novas constituições geneticamente superiores é a determinação do Valor de Cultivo e Uso (VCU). Resumidamente, para o caso da cultura do feijão, os requisitos mínimos para determinação do VCU exigem que o pesquisador avalie suas linhagens em no mínimo três locais (de importância para cultura), num período mínimo de dois anos agrícolas. O MAPA ainda solicita que o delineamento experimental seja conduzido em blocos completamente casualizados com no mínimo três repetições, entre outras exigências (BRASIL, 2006).

2.3 APLICAÇÃO DA ESTATÍSTICA A DADOS BIOLÓGICOS: BIOMETRIA

A palavra estatística foi proposta pela primeira vez em latim por Schmeitzel aproximadamente em 1930 na Universidade de Iena, e aceita logo a seguir por Achenwal. Existem longas discussões sobre se deriva de Estado (organização política) ou de estado (modo de ser) (CASTRO, 1975).

A estatística desde sua origem, passou por três grandes etapas: *i) 1º período:* caracterizado pela organização de registros de informações e cadastros de interesse do Estado, com finalidade fiscal ou de disputas entre governos. Exemplo clássico deste período é caracterizado pela obra de Guilherme I “O Conquistador” no ano de 1086, intitulada “*Domesday book*”; *ii) 2º período:* esse período ficou estabelecido pela tendência de estabelecer a Estatística como disciplina autônoma. Como precursores deste período, pode-se citar John Graunt que em 1662 percebeu certa regularidade ao analisar os registros de batismos, casamentos e enterros; Halley em 1694, também notou que o número de mortes seguia uma Lei razoavelmente fixa quando se computavam muitas pessoas. Em 1708 na Universidade de Iena (Turíngia, Alemanha) foi inaugurado um Curso de Estatística. Em 1749, o alemão Godofred Achenwal generalizou a denominação aceita até hoje de “Estatística”, definindo seu objeto de estudo e as relações com as ciências; e por fim *iii) 3º período:* fase conhecida como “Aperfeiçoamento técnico e científico” iniciou em 1853 com a reunião do primeiro Congresso de Estatística. A estatística foi caracterizada como um método destinado a pesquisar as relações de causa e efeito dos fenômenos, sendo estes previstos dentro de uma razoável margem de erro (CASTRO, 1975).

Atualmente a estatística está dividida nos segmentos *i) Descritivo:* aplica procedimentos para organizar, resumir e apresentar dados numéricos e *ii) Inferencial:* métodos utilizados para estudar uma população baseado em amostras probabilísticas (SPIEGEL, 1985). Com o passar dos anos, a estatística serviu como base para estudos biológicos e inclusive voltados para pesquisas do melhoramento de plantas, e a esta aplicação da estatística deu-se o nome de Biometria. O termo “biometria” deriva dos radicais gregos *bios* (vida) e *metron* (medida) e desde o início do século XX tem sido utilizado para se referir ao campo do desenvolvimento de métodos estatísticos e matemáticos aplicáveis aos dados obtidos nas ciências biológicas (THE INTERNATIONAL BIOMETRIC SOCIETY, 2018). No campo da genética, tem sido fundamental para a consolidação da sub-área de genética quantitativa, que juntas subsidiam a tomada de decisão no melhoramento de plantas.

2.4 ANÁLISE DE VARIÂNCIA

A análise de variância foi primeiramente proposta por Ronald Aylmer Fisher (1890-1962), e foi sem dúvida a contribuição mais importante e decisiva para a biometria. Fisher elucidou os princípios de planejamento de experimentos, introduzindo os conceitos de aleatorização e da análise de variância (FISHER, 1971). O teste básico para a análise da

variância é o teste z, hoje geralmente substituído pelos seus equivalentes F de Snedecor, v^2 de Hald ou v de Brieger, todos eles tendo em vista comparar variâncias ou os respectivos desvios padrões (GOMES, 1985).

O teste estatístico de significância para os resultados de um dado experimento com “t” tratamentos e “j” repetições, tem seus resultados divididos em duas classes com interpretações opostas: *i*) aqueles que mostram uma discrepância significativa de uma certa hipótese, ou por outro lado, *ii*) resultados que não mostram discrepância relativa a partir desta hipótese (FISHER, 1971). A hipótese referida trata da hipótese de nulidade e geralmente afirma que não existe relação entre dois fenômenos medidos. De modo geral, a análise de variância proposta por Fisher define uma relação entre as causas de variação controladas sobre as não controladas. Sendo estas estimativas diferentes, porém do mesmo parâmetro, elas não deveriam diferir a não ser pelo acaso (GOMES, 1985).

2.4.1 Pressuposições do modelo da análise de variância

Toda análise de variância de um experimento pressupõe um modelo matemático e a aceitação de algumas hipóteses básicas (GOMES, 1985). Primeiramente, vale ressaltar que toda análise de variância exige que a amostragem de indivíduos seja aleatória. A seleção de amostras não aleatórias pode refletir na ausência de independência, heterogeneidade de variâncias ou em distribuições não normais (SOKAL; ROHLF, 1995).

2.4.1.1 Independência

Na declaração de um modelo estatístico para uma dada variável resposta assume-se que o termo do erro é uma variável aleatória normal, independente e identicamente distribuída. Isto quer dizer que se em num determinado experimento, os mesmos tratamentos forem arrançados de forma adjacente ou em uma ordem lógica, pode-se esperar que devido à sua disposição, revelem rendimentos semelhantes. Assim, seria importante não agrupar todas as parcelas que contém o mesmo tratamento em uma série adjacente de parcelas, mas sim aleatorizar a alocação de tratamentos entre as parcelas experimentais (SOKAL; ROHLF, 1995). Em experimentos bem planejados, a casualização apropriada é uma boa medida de proteção contra a violação deste pressuposto.

A falta de independência dos erros também pode ser resultado da correlação no tempo e não no espaço. Por exemplo, a simples medida de peso em uma balança pode resultar em erros

correlacionados devido à falta de ajuste que resulta em sucessivas subestimações. Experimentos conduzidos em épocas, normalmente também revelam medidas correlacionadas (SILVA, 2003b). Não há ajuste ou uma transformação simples para superar a falta de independência dos erros (SOKAL; ROHLF, 1995). Uma alternativa, seria alterar o desenho básico do experimento ou a maneira em que foi realizado. Se os erros não são independentes a validade do teste F de significância pode ser seriamente prejudicado.

2.4.1.2 Homogeneidade de variâncias

A ausência de homogeneidade de variâncias pode surgir em função de algumas populações revelarem maior variação do que outras, comparativamente. Na condução de um experimento, uma amostra pode ter sido obtida sob condições menos padronizadas que outras e, portanto, revelar maior variância (SOKAL; ROHLF, 1995). Estes casos são conhecidos pela “variância não se relacionar funcionalmente com a média” (SILVA, 2003b). Naturalmente, não se pode esperar que as variáveis respostas dessas origens satisfaçam a pressuposição de homogeneidade de variância. No melhoramento genético, por exemplo, pode-se esperar que a variância de um genótipo de geração F_2 seja mais elevada do que a variância de um genótipo F_1 , dado que a variabilidade genética em F_2 é muito mais elevada do que em F_1 . Em experimentos que envolvam tratamentos e controles, também é de se esperar que os tratamentos revelem maior variabilidade que o controle.

Existem outros casos, em que a heterogeneidade de variâncias pode ser causada pela distribuição dos dados. Em determinadas distribuições, as variâncias podem variar como funções das médias (STEEL; TORRIE; DICKEY, 1997). Por exemplo, para variáveis que seguem a distribuição de Poisson, cuja variância é igual a média ($s^2 = m$), assim populações que revelam elevadas médias apresentam maiores variâncias. Estes casos de heterogeneidade de variâncias são conhecidos por quando a “variância se relaciona funcionalmente com a média” (SILVA, 2003b).

2.4.1.3 Normalidade dos erros

Das quatro pressuposições esta é a menos provável de ser válida. Se a variável resposta é discreta certamente não seguirá esta suposição. Variáveis que exprimem contagem e variáveis contínuas que exprimem peso ou altura de indivíduos que por definição, são restritas a valores positivos, geralmente também não atendem este pressuposto. Em situações reais, usualmente

essa pressuposição verifica-se apenas aproximadamente (SOKAL; ROHLF, 1995; SILVA, 2003b).

Alguns argumentos protegem as inferências da ausência de normalidade, com a robustez do teste F e o teorema do limite central. Somente em casos de distribuições muito assimétricas a falta de normalidade pode exercer papel preponderante sobre os níveis do teste F (SOKAL; ROHLF, 1995).

2.4.1.4 Aditividade

A pressuposição de aditividade significa que não existe interação entre dois efeitos em um modelo. Em uma análise de variância com dois fatores, por vezes, esta ausência de interação pode ser referida como aditividade dos efeitos principais. Isto quer dizer que qualquer variável observada pode ser decomposta em componentes aditivos (STEEL; TORRIE; DICKEY, 1997).

A interação entre os fatores pode ter origem de uma variedade de causas: *i*) mais frequentemente, a interação resulta de uma dada combinação de tratamentos (como nível 2 do fator A, quando combinado com o nível 3 do fator B); *ii*) efeitos similares podem ocorrer quando uma dada repetição se torna muito aberrante; e finalmente *iii*) uma interação resultará se o efeito dos dois fatores A e B na variável resposta Y for multiplicativo e não aditivo (SOKAL; ROHLF, 1995).

2.4.1.5 Consequências da violação da normalidade e homogeneidade

Em situações de não normalidade, os níveis de significância e a sensibilidade do teste F podem ser afetados. O nível verdadeiro de significância geralmente torna-se maior que o nível aparente nestas situações. Isso resulta na rejeição da hipótese nula quando ela é verdadeira (STEEL; TORRIE; DICKEY, 1997). Consequentemente, em ensaios provenientes do melhoramento de plantas, poderiam ser acusadas diferenças entre tratamentos, quando na verdade, estas diferenças não existem.

Casos extremos de violação da pressuposição de homogeneidade de variâncias também podem levar a consequências graves. Ao considerar um experimento com quatro tratamentos (A, B, C e D), sendo os dois primeiros tratamentos provenientes de populações de variância elevada e os demais com variância pequena. Nestas circunstâncias, a diferença entre as médias dos tratamentos A e B necessária para a declaração de significância é maior do que aquela necessária para os tratamentos C e D. Como consequência, testes de significância das duas

referidas diferenças de médias declarariam significância entre as médias dos tratamentos A e B com mais facilidade do que a diferença entre as médias dos tratamentos C e D (SILVA, 2003b).

Muitos autores destacam que as pressuposições do modelo estatístico parecem muito restritivas, mas não são tanto assim. De modo geral, são verificadas apenas aproximadamente (GOMES, 1985). Outros autores, arriscam no palpite que em casos de não normalidade, os limites de erro para probabilidades reais do teste F , considerando um nível arbitrado de 5%, pode estar entre 4% e 7%, o que leva a subestimação da probabilidade tabular, ou seja, há uma tendência de revelar muitos resultados significativos (COCHRAN, 1947). Entretanto, carece na literatura informações que dignifiquem até que ponto ou valor de probabilidade, as violações das pressuposições do modelo, não afetam os resultados da análise da variância.

2.4.1.6 Soluções para violação das pressuposições de normalidade e homogeneidade

Na presença de violações nas pressuposições do modelo estatístico, como a normalidade dos erros e homogeneidade de variâncias, torna-se imperativo corrigi-las, a fim de obter estimativas fiéis do verdadeiro valor genético. Na literatura, estão disponíveis inúmeras metodologias clássicas e metodologias mais contemporâneas com este objetivo.

Em modelos lineares clássicos podem ser empregados a análise exploratória de dados para visualização e retirada de valores discrepantes. Entretanto, na literatura existem pontos discordantes em relação a validade dos métodos exploratórios e a presença de valores discrepantes. Alguns autores sugerem que estes pontos sejam retirados com “critério” (BUSTOS, 1988). Primeiramente, as observações podem ser excluídas se o dado discrepante é fruto de um erro de transcrição de dados. Caso esta não seja a origem, uma alternativa seria realizar uma análise apenas com os *outliers*, com o objetivo de investigar melhor os casos extremos. Entretanto, vale ressaltar que em diversas situações, como no melhoramento de plantas, as informações referentes a estes valores “discrepantes” podem ser mais informativas do que o resto dos dados.

A aplicação de testes não paramétricos também é considerada uma solução para a violação dos pressupostos. Um teste não paramétrico é aquele cujo modelo não especifica condições sobre os parâmetros da população da qual a amostra foi obtida, dispensando por exemplo a suposição de normalidade dos erros (STEEL; TORRIE; DICKEY, 1997; SPRENT; SMEETON, 2007). Entretanto, mesmo que as pressuposições possam ser atendidas com este método, são testes menos poderosos que a análise de variância baseada em testes paramétricos.

Isto porque, ao utilizar testes não paramétricos é menos provável que se rejeite uma dada hipótese nula quando ela é falsa (SOKAL; ROHLF, 1995).

Ainda nos modelos lineares clássicos, podem ser utilizadas como soluções o método de transformação de dados. Neste método, os dados são convertidos em uma nova escala de medida de modo que os dados transformados se aproximem da normalidade (STEEL; TORRIE; DICKEY, 1997). É considerado um dos métodos mais utilizados na pesquisa para solucionar as violações das pressuposições do modelo.

Mais recentemente foram propostos os modelos lineares generalizados mistos, cuja técnica foi desenvolvida por Nelder e Wedderburn (1972). Esta técnica permite a generalização ou flexibilização dos modelos lineares clássicos de variáveis contínuas, de forma que toda estrutura para a estimação e predição em modelos lineares normais, pode ser estendida para os modelos não lineares. A partir desta teoria surgiram inúmeros procedimentos que levam em conta seus pressupostos, como os modelos lineares generalizados mistos. Estes modelos podem assumir variáveis respostas que não são necessariamente normais, além de permitir estruturação de variâncias e covariâncias residuais, que melhoram o ajuste do modelo (SAS Institute, 2013).

2.4.2 Testes de hipóteses

Diante de um modelo estatístico que assuma as pressuposições básicas, resta verificar se a variabilidade entre os efeitos de tratamentos (genótipos segregantes, linhagens ou cultivares) é significativa e não devida ao acaso. Os processos que nos permitem decidir se rejeitamos ou não uma determinada hipótese estatística, ou se a amostra observada difere significativamente dos valores esperados, são denominados testes de hipóteses ou testes de significância (SILVA, 2003a).

Ao tomar a decisão de rejeitar ou aceitar uma hipótese, o pesquisador fica sujeito a incorrer em um dos erros: *i*) Erro tipo I - é o erro que se comete ao rejeitar uma hipótese verdadeira ou *ii*) Erro tipo II - é o erro que se comete ao aceitar uma hipótese falsa. Esses dois tipos de erros são plenamente associados, de tal forma que, ao diminuir a probabilidade de ocorrência de um deles, automaticamente aumenta-se a probabilidade de ocorrência do outro. Ao testar determinada hipótese, admite-se a probabilidade de cometer o erro tipo I (α) também conhecido como nível de significância do teste, geralmente arbitrado em 5% ($\alpha < 0,05$).

A interpretação das hipóteses testadas através da análise de variância de dados balanceados do melhoramento de plantas, pode ser feita em geral sem grandes problemas, desde que provenha de experimentos bem planejados e bem conduzidos (IEMMA, 1995). No entanto,

em programas de melhoramento é comum repetir o mesmo experimento em vários locais distintos ou em ocasiões diferentes. Existem razões para condução desses tipos de experimentos, como em ocasiões quando o objetivo da pesquisa é produzir recomendações que vão se aplicar a uma extensa população (RIBOLDI, 1993). Além disso, esses experimentos são distribuídos por vários locais e por vários anos pois permite que os resultados possam ser generalizados.

Vale destacar que para realização da análise conjunta de experimentos (considerando distintos locais e/ou anos) é pressuposta a homogeneidade de variâncias. Tal suposição pode ser verificada através da relação entre os QME residuais. Algumas literaturas propõem que se todos os experimentos tiverem o mesmo número de repetições a relação entre o maior QM_{erro} sobre o menor QM_{erro} não pode ser superior a sete para permitir a análise conjunta dos experimentos (GOMES, 1985). Outros, e de forma mais usual, aplicam aos quadrados médios residuais um teste que permita concluir se a relação entre os mesmos é homogênea, como por exemplo, o teste F máximo proposto por Hartley.

Na avaliação conjunta dos ensaios, frequentemente, alguns genótipos não são testados em todos os locais de cultivo ou anos agrícolas, mantendo apenas certo número de locais comuns em todos os anos. Assim, o desbalanceamento das observações é uma característica comum, em que por dificuldades na escolha de locais ou conveniência observada ao longo do programa de melhoramento, os locais variam de ano para ano (IGNACZAK; SILVA, 1978).

Em situações mais simples, o delineamento empregado e o número de repetições é o mesmo em todos os ambientes. Entretanto, esta situação raramente acontece, pois, o número de tratamentos comuns varia de ano para ano. Este fato causa um grave desbalanceamento na análise estatística (diferentes números de unidades experimentais dos genótipos avaliados nos locais e/ou anos) que pode levar a conclusões equivocadas, não refletindo o verdadeiro valor genético (IEMMA, 1995).

Constantemente, nesta situação, os pesquisadores realizam a análise estatística de forma elementar, suprimindo os ambientes que não se repetem ao longo da realização dos ensaios de Valor de Cultivo e Uso (PEREIRA et al., 2010). Outras vezes, o pesquisador de forma simples e equivocada, multiplica o número de locais e anos agrícolas considerando no seu modelo matemático, uma única fonte de variação denominada de ambiente. Destarte existem perdas de informações, além de não analisar experimentos conforme previamente foram planejados. Entretanto, com a decomposição dos quadrados médios podem ser obtidas informações adicionais ao melhoramento de plantas, sendo uma alternativa para analisar a complexidade de dados desbalanceados, maximizando todas as possíveis inferências de interesse na rede de

ensaios (IGNACZAK; SILVA, 1978). Adicionalmente, com a inspeção das esperanças matemáticas dos quadrados médios $E(QM)$, os resíduos apropriados são eleitos para o teste de hipótese.

Desta forma, ao conduzir um experimento, qualquer que seja a evidência fornecida pelo mesmo – seja a favor ou contrária à presença de diferenças de efeitos reais dos tratamentos – ela pode ser incorreta. Isto devido a *i)* falhas que ocorrem durante a condução experimental ferindo os princípios da experimentação agrícola e conseqüentemente as pressuposições do modelo e *ii)* falhas na interpretação e cálculo das hipóteses decorrentes de resíduos inapropriados para o teste de hipótese. O melhorista de plantas, nestas condições, deve aplicar de forma coerente os princípios estatísticos a fim de solucionar as violações das pressuposições e testar as hipóteses do experimento a partir de resíduos adequados.

3 PRESSUPOSIÇÕES DO MODELO ESTATÍSTICO ATENDIDAS POR MODELOS LINEARES CLÁSSICOS E MODELOS LINEARES GENERALIZADOS MISTOS

3.1 RESUMO

Naturalmente quando concluído um experimento agrícola e estando disponível o dado coletado referente a uma variável resposta, deve ser procedida a análise de variância. Entretanto, os testes de hipóteses desta análise revelam validade somente se as pressuposições do modelo estatístico forem asseguradas. Quando tais pressuposições são violadas devem ser aplicados procedimentos com o propósito de solucionar este problema. O objetivo deste trabalho foi comparar como as pressuposições do modelo estatístico podem ser atendidas por modelos lineares clássicos e modelos lineares generalizados mistos e seus reflexos sobre a análise de variância. Dados oriundos de um programa de melhoramento genético, referentes ao tempo de cocção de populações segregantes foram utilizados. Foram propostas como soluções: *i*) Modelos lineares clássicos com uso de transformação de dados e *ii*) Modelos lineares generalizados mistos. As pressuposições de normalidade e homogeneidade foram testadas por Shapiro-Wilk e Levene, respectivamente. Ambos os modelos utilizados foram capazes de atender as pressuposições do modelo estatístico com impacto direto nos testes de hipóteses. As transformações de dados foram eficazes em estabilizar a variância. Porém, inúmeras transformações não apropriadas, podem ser aplicadas indevidamente e atender as pressuposições, causando distorções no teste de hipótese. Os modelos lineares generalizados mistos podem exigir maior conhecimento teórico se comparado ao modelo linear clássico, mas permitem além da separação dos efeitos fixos e aleatórios, a especificação do tipo de distribuição da variável resposta e a estruturação dos resíduos, simultaneamente, atenuando os ruídos de natureza estranha do modelo estatístico.

Palavras-chave: Análise de variância, homogeneidade de variância, normalidade dos erros.

3.2 INTRODUÇÃO

Os experimentos agrícolas têm como objetivos obter inferências relacionadas aos testes de hipóteses. Concluída a condução do experimento e estando disponíveis os valores obtidos para a variável resposta, deve ser procedida a análise estatística desses resultados para a derivação das inferências que constituem o objetivo do experimento (SILVA, 2003). Tais inferências devem ser obtidas de forma eficiente e não tendenciosa. Aos modelos estatísticos são atribuídas pressuposições que asseguram a validade destas inferências (BOX; COX, 1964).

As pressuposições do modelo estatístico consistem na: *i*) aditividade dos efeitos das fontes de variação da variável resposta; *ii*) ausência de correlação dos erros experimentais, *iii*) variância comum dos erros experimentais e *iv*) distribuição normal dos erros experimentais. Dentre todas as pressuposições do modelo estatístico a homogeneidade de variâncias pode ser considerada a mais crítica, pois a violação de qualquer uma das outras pressuposições da análise de variância pode resultar em resíduos heterogêneos (STEEL; TORRIE; DICKEY, 1997;

COUTO et al., 2009). Em inúmeros experimentos não se pode esperar que esse pressuposto seja plenamente atendido, em virtude da natureza das condições experimentais e dos tratamentos envolvidos (SOKAL; ROHLF, 1995).

Além da homogeneidade de variâncias, a normalidade dos resíduos também requer atenção especial. De todas as pressuposições do modelo, a normalidade dos resíduos é a menos provável de ser válida (SILVA, 2003). Em muitas situações práticas, a variável resposta provém de dados de contagem, além das flutuações que podem ocorrer nos dados reais. Assim, na maioria dos casos, se utilizam distribuições aproximadas.

Caso as pressuposições da normalidade e homogeneidade não sejam atendidas, as conclusões obtidas pelas análises estatísticas podem gerar sérios equívocos (XU; LI; SONG, 2013). Quando tais pressuposições são violadas, a análise paramétrica via teste F e testes de comparações múltiplas de médias ficam prejudicadas. Em situações de não normalidade e heterogeneidade, os níveis de significância e a sensibilidade do teste F ou t podem ser afetados. No caso de não normalidade, o nível verdadeiro de significância é usualmente, mas não sempre, maior que o nível aparente. Isso resulta na rejeição da hipótese nula quando ela é verdadeira (STEEL; TORRIE; DICKEY, 1997). Embora estes testes sejam tolerantes a graus moderados de desvio das pressuposições, qualquer desvio aparentemente importante deve ser verificado e corrigido. Existem diversos métodos descritos na literatura que possibilitam que as pressuposições do modelo estatístico sejam atendidas.

Na literatura são descritas algumas metodologias capazes de solucionar as violações das pressuposições. Com o uso de modelos lineares clássicos podem ser aplicadas: *i*) a análise exploratória de dados para visualização e retirada de valores discrepantes. Entretanto, na literatura existem pontos discordantes em relação a validade dos métodos exploratórios e a presença de valores discrepantes. Alguns autores sugerem que estes pontos sejam retirados com critério (BUSTOS, 1988), por exemplo, investigando se a observação discrepante provém de um erro de transcrição de dados. Em diversas situações, como no melhoramento de plantas, as informações referentes a estes valores “discrepantes” podem ser mais informativas que qualquer outra observação; *ii*) o uso de testes não paramétricos (que não exigem normalidade e homogeneidade de variância) (STEEL; TORRIE; DICKEY, 1997; SPRENT; SMEETON, 2007). Embora exista muitos testes não paramétricos disponíveis, esses são de aplicação restrita e de resultados pouco satisfatórios na maioria dos casos (PAES, 2009); *iii*) os dados ainda podem ser transformados de modo que se aproximem da normalidade (STEEL; TORRIE; DICKEY, 1997). Este método é conhecido como transformação de dados e um dos métodos mais utilizados na pesquisa, por isso, será o método abordado neste trabalho.

Mais recentemente, foram propostas a abordagem com modelos mistos. Os modelos lineares generalizados (MLG) foram propostos por Nelder e Wedderburn (1972) como uma teoria unificada de modelagem que estendesse os modelos lineares clássicos. A partir desta teoria surgiram inúmeros procedimentos que levam em conta seus pressupostos, dentre eles – mais recentemente – os Modelos Lineares Generalizados Misto (GLMM's). Este procedimento ajusta modelos estatísticos em que a variável resposta não necessariamente é normalmente distribuída, além de permitir estruturação de variâncias e covariâncias residuais, que melhoram o ajuste do modelo (SAS Institute, 2013).

Os reflexos do uso de modelos lineares clássicos e modelos lineares generalizados mistos sobre os testes de hipóteses, comparativamente, têm sido pouco abordados. A orientação sobre qual método pode ser mais indicado para determinada situação ainda é pouco discutido e aplicado entre melhoristas de plantas. A maioria dos trabalhos abordam o atendimento ou não das pressuposições em distintas variáveis e condições experimentais (LÚCIO et al., 2012; AZEVEDO; JÚNIOR; FERNANDES, 2016) ou propõem métodos para investigar essas pressuposições (HWANG; WEI, 2006; XU; LI; SONG, 2013). O objetivo deste trabalho foi comparar como as pressuposições do modelo estatístico podem ser atendidas por modelos lineares clássicos e modelos lineares generalizados mistos e seus reflexos nos resultados obtidos na análise de variância.

3.3 MATERIAL E MÉTODOS

3.3.1 Exemplo aplicado: Tempo de cocção em populações fixas e segregantes de feijão

Para exemplificar os métodos propostos neste artigo, foram utilizados dados referentes a constituições genéticas oriundas de um dialelo completo entre os genitores BAF07, BAF09, BAF50 e IPR Uirapuru e seus recíprocos. As características dos genitores envolvidos na hibridação estão descritas na Tabela 1. As populações fixas F_1 oriundas da hibridação deram origem a populações segregantes nas gerações F_2 , F_3 , F_4 , F_5 , F_6 , F_7 , F_8 e F_9 , através do método de condução em bulk. Destas constituições genéticas, foram conduzidas 12 populações em um ensaio de campo:

- a) progênies BAF50 x BAF07 e BAF09 x IPR Uirapuru na geração F_{1-2} (2 populações);
- b) progênies BAF50 x BAF07 e BAF09 x IPR Uirapuru na geração F_{2-3} (2 populações);
- c) progênies BAF50 x BAF07 e BAF09 x IPR Uirapuru na geração F_{7-8} (2 populações);
- d) progênies BAF50 x BAF07 e BAF09 x IPR Uirapuru na geração F_{8-9} (2 populações);

d) genitores BAF07, BAF09, BAF50 e IPR Uirapuru (4 populações).

Tabela 1 - Características dos genitores envolvidos na hibridação dirigida.

Genitores	Grupo comercial	Hábito de crescimento	Tempo de cocção (min)
BAF07	Preto	Tipo III	26,17'
BAF09	Preto	Tipo III	23,85'
BAF50	Carioca	Tipo III	23,66'
IPR Uirapuru	Preto	Tipo II	20,00'

Fonte: Elaborado pelo autor, 2018.

De posse das populações segregantes, foi desenvolvido um ensaio na área experimental do Instituto de Melhoramento e Genética Molecular (IMEGEM), na Universidade do Estado de Santa Catarina (UDESC), no município de Lages-SC. O delineamento experimental foi blocos casualizados com duas repetições por tratamento, o que resulta em 24 unidades experimentais no ensaio. Cada unidade experimental foi composta por quatro linhas de um metro, com densidade de 10 sementes por metro linear.

A avaliação do tempo de cocção foi realizada após a colheita do ensaio. Os grãos foram secos em estufa até atingirem 12% de umidade. Na avaliação do tempo de cozimento foi empregado o aparelho cozedor de Mattson, composto por 25 hastes verticais de 90 g cada e ponta de 2 mm de diâmetro, conforme o método adaptado por Proctor e Watts (1987). Visto que a metodologia utilizada apresenta variação intrínseca do método, foram coletadas duas amostras dentro de cada unidade experimental, resultando em 48 observações quanto ao tempo de cocção (ALMEIDA et al., 2011).

Nestes termos, o modelo estatístico experimental proposto foi:

$$y_{ijk} = \mu + b_i + pop_j + pop(bloco)_{ij} + pop(bloco*rep)_{ijk}$$

Em que: y_{ij} : refere-se a variável tempo de cocção; μ : efeito associado à média geral; b_i : efeito associado a i -ésimo nível do bloco ($i = 1, 2$); pop_j : efeito associado a j -ésimo nível da população ($j = 1, \dots, 12$); $pop(bloco)_{ij}$: efeito do erro experimental e $pop(bloco*rep)_{ijk}$: efeito associado ao erro amostral (informação obtida pela avaliação das repetições dentro das unidades experimentais) ($k = 1, 2$).

3.3.2 Análise estatística

Os dados foram submetidos a análise de variância (ANOVA). A pressuposição de normalidade dos erros foi verificada pelo teste de Kolmogorov-Smirnov ($\alpha=0,05$), visto que o experimento detém ≥ 30 observações ($n=48$), enquanto que a homogeneidade de variância foi verificada pelo teste de Levene ($\alpha=0,05$) visto ser um teste mais indicado, caso ocorra violação da pressuposição de normalidade dos erros.

Nos casos em que as pressuposições foram violadas, aplicou-se, de forma independente, as seguintes soluções: modelos lineares clássicos e modelos lineares generalizados mistos.

3.3.2.1 Modelos lineares clássicos

Os dados referentes ao tempo de cocção foram transformados por quatro fórmulas empíricas (SOKAL; ROHLF, 1995; STEEL; TORRIE; DICKEY, 1997):

$$\text{Raiz quadrada} = \sqrt{y}; \quad \text{Angular} = \sin^{-1} \sqrt{\frac{y+3/8}{n+3/4}}; \quad \text{Logarítmica} = \ln y; \quad \text{Logística} = \log_{10}\left(\frac{y}{1+y}\right).$$

Após a transformação, foram novamente verificadas as pressuposições de normalidade dos erros (Kolmogorov-Smirnov $\alpha=0,05$) e homogeneidade de variâncias (Levene $\alpha=0,05$), para verificar se a transformação foi eficiente em adequar a variável resposta ao pressuposto violado.

Todas as análises mencionadas foram executadas no procedimento PROC GLM do software SAS (SAS Institute, 2013).

3.3.2.2 Modelos lineares generalizados mistos

Os dados foram submetidos à análise de variância com o uso de modelos lineares generalizados mistos. Sua adoção é justificada pois além de separar os efeitos fixos e aleatórios e especificar as distribuições da variável resposta mais usuais, permite estruturar variâncias e covariâncias residuais. Nesta análise, foram consideradas duas categorias de modelos:

- a) modelos lineares (C_1 e C_2): C_1 - consideram a alteração procedimento estatístico (PROC GLM para PROC GLIMMIX) para a separação de efeitos fixos e aleatórios e C_2 - foi

inserida uma estrutura de variância e covariância residual em G do tipo autoregressiva de ordem 1 - AR(1);

- b) modelos logarítmicos (C_3 e C_4): C_3 - foi especificada uma distribuição da variável resposta; e C_4 - foram inseridas tanto a estrutura de variância e covariância em G como a especificação da distribuição.

Nos quatro modelos propostos, foram especificados no comando RANDOM o erro entre - pop(bloco). Após a construção dos modelos para a representação das observações foi utilizado a minimização dos critérios de informação de máxima verossimilhança restrita, com o critério de Akaike para a seleção do modelo mais apropriado. A homogeneidade de variâncias foi verificada pela especificação do comando COVTEST HOMOGENEITY.

Os modelos lineares clássicos e lineares generalizados mistos foram comparados entre si pelos resultados obtidos nos testes de homogeneidade e normalidade e também pelos resultados obtidos na análise de variância. No modelo linear generalizado misto também foi observado o critério de seleção do modelo para fins de comparação. Quando identificado o método mais apropriado, foram obtidos testes de comparações múltiplas de médias por Scheffe a 5% de probabilidade de erro.

Todas análises mencionadas foram executadas no procedimento PROC GLIMMIX do software SAS (SAS Institute, 2013).

3.4 RESULTADOS E DISCUSSÃO

3.4.1 Análise de variância comum

A análise de variância realizada com as observações originais da variável resposta não revelou efeito significativo para os fatores controlados (Tabela 2). O efeito de população não mostrou diferenças significativas quanto ao tempo de cocção. A razão entre os erros entre e dentro evidenciou efeito significativo, mostrando que a variação dentro das parcelas – ou entre as repetições do método – representa uma porção significativa do quadrado médio do erro (Tabela 2). Em outras palavras, o método para cozimento possui variação intrínseca e por isso – como já justificado – seus resíduos devem ser particionados na análise de variância (ALMEIDA et al., 2011).

Ainda que o teste F seja considerado um teste de hipótese robusto, os resultados obtidos na análise de variância devem ser encarados de forma prudente. Vale destacar dois pontos importantes: *i*) no melhoramento genético de plantas autógamas, espera-se que populações com

elevado nível de heterozigose revelem diferenças significativas, permitindo a seleção pelo melhorista (GINKEL; ORTIZ, 2018). Outra questão, contrariamente ao exposto *ii*) se diferenças entre tratamentos fossem observadas, certamente estariam vinculadas ao erro experimental, pois modelos estatísticos com ausência de homogeneidade de variâncias e não normais, fornecem resultados com menor confiabilidade e implicações nas inferências derivadas do ensaio (Tabela 2). Isto porque os resultados de um ensaio são influenciados tanto pela ação oriunda dos tratamentos, como também por variações não controladas pelo experimentador que tendem a mascarar os efeitos de tratamentos (COCHRAN, 1947).

Tabela 2 - Análise de variância para o caráter tempo de cocção proveniente de populações fixas e segregantes de feijão, considerando o erro total e a sua decomposição em erro entre e erro dentro.

Fontes de variação	Graus de liberdade	Quadrado médio
Bloco	1	2,78 ^{ns}
População	11	62,78 ^{ns}
Erro entre (e)	11	26,41
Erro dentro (d)	24	10,76
Erro total	35	15,67
Razão e/d	11	2,45*
^a D=0,1723*		^a F=2,34*
		R ² =0,55
		CV=15,69

Fonte: Elaborado pelo autor, 2018.

* Significativo a 5% de significância. ^a D=Teste de Kolmogorov-Smirnov e F=Teste de Levene. R²=coeficiente de determinação. CV=coeficiente de variação.

É desejável que o teste *F* seja sensível ou poderoso (alta probabilidade de rejeitar uma hipótese nula quando ela é falsa), o que significa que deve detectar a presença de diferenças reais com a maior frequência possível (COCHRAN, 1947). No melhoramento de plantas, este fato se deve a detecção de diferenças genéticas em detrimento da variação não controlada. Entretanto, as inferências obtidas a partir deste teste só podem ser válidas se forem oriundas de um modelo linear, cujas premissas de normalidade e homogeneidade sejam atendidas. O teste de normalidade foi significativo ($p=0,0100$), indicando que os erros não seguem uma distribuição normal. Associado a isso, o teste de homogeneidade de variâncias indicou que não existe um resíduo comum entre as populações ($p=0,0269$) (Tabela 2).

Das quatro pressuposições da análise de variância, a normalidade é a menos provável de ser válida (SILVA, 2003). Variáveis resposta discretas, por exemplo, provavelmente não seguem este pressuposto. Ou mesmo, variáveis contínuas que expressem peso ou altura de

indivíduos, estão restritas a valores positivos, e assim, não representam a distribuição simétrica esperada para normalidade. Por isso, tal pressuposição é verificada apenas aproximadamente. Além disso, é comum que as pressuposições de homogeneidade de variância e distribuição normal dos erros sejam violadas simultaneamente. Isto significa que se a distribuição não é normal, a variância não é homogênea, sendo o contrário também verdadeiro (MARTIN; STORCK, 2008).

Os efeitos da não normalidade podem ser acompanhados por uma perda de eficiência na estimação dos efeitos de tratamento. Efeito similar ocorre para heterogeneidade de variâncias, em que existem taxas de erro diferentes entre os tratamentos (COCHRAN, 1947). Nestas condições, em que as pressuposições do modelo estatístico foram violadas, torna-se necessário a adoção de algum procedimento que possa solucionar ao menos razoavelmente essas premissas.

3.4.2 Modelos lineares clássicos com uso de transformações

A transformação de dados pode ser indicada para casos que existe uma heterogeneidade de variâncias originada de uma relação entre a média e a variância (STEEL; TORRIE; DICKEY, 1997). Assim, uma transformação apropriada – determinada com base nesta relação – pode conduzir à estabilização da variância e conseqüentemente, uma aproximação da distribuição normal (PINO, 2014). A questão intrigante reside “qual transformação deve ser empregada?”. Para fins de comparação, foram efetuadas quatro distintas transformações indicadas segundo determinadas distribuições para verificar os seus efeitos sobre os resultados da análise de variância e sobre os resultados dos testes de normalidade dos erros e homogeneidade de variâncias (Tabela 3).

Existem efeitos diferenciados sobre os testes de hipóteses dos fatores principais quando são considerados os diferentes tipos de transformação (Tabela 3). O valor de F para o fator população obteve uma variação entre as transformações em torno de 36%. Essa variação refletiu significativamente nos valores de probabilidade reais, sendo que três transformações proporcionaram diferenças significativas entre os níveis do fator população. Entre as quatro transformações, duas atenderam plenamente as pressuposições testadas (Angular e Logística), revelando elevados coeficientes de determinação (0,67 e 0,66).

Comumente, uma transformação da variável resposta atende as pressuposições do modelo estatístico, pois seu propósito usual é alterar a escala de medida (SILVA, 2003). Quando a variância tende a mudar com a média dos tratamentos, a variância só será estabilizada

por uma mudança de escala apropriada (BARTLETT, 1947; BOX; COX, 1964). Fica evidenciado que mais de uma transformação pode revelar resultados estatísticos equivalentes – como a logítica e a angular (Tabela 3). E, para futuros pesquisadores que estão iniciando na pesquisa científica, pode parecer uma forma de “brincar com seus dados” para obter a resposta desejada, levando a distorções no teste de hipótese e comprometendo a real estimativa do estimador do parâmetro. Portanto, é essencial que o pesquisador empregue determinado tipo de transformação em detrimento de outras inadequadas de forma consciente, levando em consideração a natureza dos dados.

Tabela 3 - Análise de variância para o caráter tempo de cocção proveniente de populações fixas e segregantes de feijão após a transformação Raiz quadrada, Angular, Logarítmica e Logítica e suas respectivas distribuições indicadas. Probabilidade dos testes de Kolmogorov-Smirnov (D) para normalidade e Levene (F) para homogeneidade de variâncias.

Transformação	Natureza dos dados	Análise de variância				Pressuposições	
		Bloco	População	R ²	CV	Pr>D	Pr>F
Raiz quadrada	Poisson	0,08 ^{ns}	2,70 ^{ns}	0,59	6,98	0,0363	0,0287
Angular	Binomial	0,15 ^{ns}	4,20*	0,67	6,29	0,1500	0,1732
Logarítmica	Lognormal	0,06 ^{ns}	3,04*	0,62	3,90	0,0806	0,0345
Logítica	Empírica	0,04 ^{ns}	3,61*	0,66	-10,38	0,1500	0,0851

Fonte: Elaborado pelo autor, 2018.

* Significativo a 5% de significância. R²=coeficiente de determinação. CV=coeficiente de variação.

Sabidamente, o critério para escolha de um método de transformação mais conhecido e utilizado pelos pesquisadores tem origem no conhecimento dos aspectos distributivos da variável resposta, determinando empiricamente ou teoricamente a relação entre a variância e a média (BOX; COX, 1964). Por exemplo, a transformação raiz quadrada é apropriada para análises com dados de contagem, cujos dados frequentemente seguem uma distribuição de Poisson (distribuição cuja variável resposta exibe contagem de indivíduos com valores pequenos, $\sigma^2=m$). De forma similar, a transformação angular é indicada para dados que seguem uma distribuição binomial. Em contrapartida, se os dados forem transformados por uma escala logarítmica (se $x = \ln y$), diz-se que y revela uma distribuição Lognormal (distribuição cuja variável resposta exibe contagem de indivíduos com valores grandes muito variáveis, $\sigma=m$) (STEEL; TORRIE; DICKEY, 1997). Assim, os dados utilizados neste trabalho (tempo de cocção de grãos em minutos) não provêm de medidas de contagem, não sendo apropriado

aplicar uma transformação angular (indicada para dados binomiais), por exemplo, mesmo que esta tenha atendido as pressuposições de homogeneidade de variâncias e normalidade dos erros.

As transformações são consideradas metodologias clássicas, bastante utilizadas na comunidade científica. Vários trabalhos têm detectado melhoras no atendimento das pressuposições após o uso de alguma transformação de dados. Por exemplo, a comparação de tratamentos quanto a curva de dose-resposta de defensivos agrícolas, após uma transformação logarítmica (MANIKANDAN, 2010). Liang et al. (2015) detectaram que ambas as pressuposições de normalidade e homogeneidade foram melhoradas com a transformação logarítmica de valores de EC50 de fungicidas, e permitiram evidenciar diferenças significativas entre produtos, após a transformação. Outros trabalhos, entretanto, levantam a hipótese se “Já chegou o tempo de aposentadoria dos métodos de transformação?” (WILSON et al., 2010). Estes autores realizaram uma revisão sobre o uso da transformação angular em dados de proporção e do uso de regressões logísticas (baseadas em modelos lineares generalizados) em diversas revistas de elevado impacto, e concluíram que o uso deste último método em oposição a um modelo linear geral melhorou a qualidade dos resíduos em 50%, em comparação com o efeito da transformação angular. Além disso, a transformação angular mudou a decisão final de significância em apenas 4.8% dos dados, enquanto que a regressão logística alterou a decisão em 33.3%.

Ainda que a transformação de dados possa sugerir certa objeção na escolha do tipo mais apropriado, é um dos métodos mais utilizados e acessíveis na pesquisa científica. Geralmente, se uma transformação pode ser identificada que estabiliza a variância, isso tem várias vantagens práticas, principalmente a simplicidade (PIEPHO, 2009).

3.4.3 Modelos lineares generalizados mistos

Comparativamente, os dados foram analisados segundo modelos lineares generalizados mistos. Para tanto, foram considerados quatro modelos distintos que presumem ou não a estruturação dos erros (modelos lineares) e a especificação de uma distribuição (modelos logarítmicos). Independente do modelo proposto a hipótese de homogeneidade de variâncias foi aceita. A simples separação de efeitos fixos e aleatórios permitiu separar as taxas de erros entre tratamentos. Além disso, foi possível verificar que com a especificação correta do modelo, houve uma penalização do número de parâmetros e redução do valor obtido pelo critério de Akaike (AIC), fornecendo indicativos de melhora no atendimento da pressuposição de normalidade dos resíduos (Tabela 4). Os modelos lineares generalizados mistos proporcionam

ajustes ao modelo estatístico que isolam características estranhas perturbadoras permitindo que as pressuposições sejam razoavelmente atendidas (PIEPHO, 2009).

Tabela 4 - Análise de variância com modelos lineares generalizados mistos (GLMM's) para os efeitos fixos considerando modelos lineares e logarítmicos. Seleção do modelo baseado no Critério de Akaike para cada modelo ajustado.

Fontes de variação	Modelos lineares		Modelos logarítmicos	
	C ₁	C ₂	C ₃	C ₄
Bloco	0,39 ^{ns}	0,39 ^{ns}	0,78 ^{ns}	0,78 ^{ns}
População	2,37 ^{ns}	2,37 ^{ns}	3,21 [*]	3,21 [*]
Critério de Akaike	212,39	236,39	-26,11	-2,11
^a Teste de homogeneidade ($p > \chi^2$)	0,4356	0,9734	0,6200	0,9932

Fonte: Elaborado pelo autor, 2018.

* Significativo a 5% de significância. ^a Baseado na estatística Qui-quadrado ($\alpha=0,05$); C₁: Modelo simples. C₂: Modelo com estruturação dos erros. C₃: Modelo com especificação da distribuição. C₄: Modelo com estruturação dos erros e especificação da distribuição.

Outro ponto que merece destaque são os testes de hipóteses e a qualidade de ajuste do modelo. Claramente, existem diferenças entre os quatro modelos ajustados quanto aos testes de hipóteses dos efeitos fixos, bem como, aos valores obtidos para os critérios de seleção do modelo (Tabela 4). Considerando os modelos lineares, no modelo C₁ não foram constatadas diferenças entre os níveis dos fatores bloco e população, ainda que a pressuposição de homogeneidade fosse razoavelmente atendida. Fato igualmente apurado para o modelo C₂, que acrescentou a estrutura de variâncias e covariâncias residuais do tipo autoregressiva de ordem 1 - AR(1). Isto justifica a inexistência de uma dependência temporal ou espacial nos fatores considerados, tal que, a inclusão desta estrutura não alterou os resultados obtidos entre os modelos lineares C₁ e C₂.

Contrariamente, nos modelos logarítmicos foi possível verificar alterações de grande magnitude (Tabela 4). O modelo C₃ sofreu alterações seja nos testes de hipóteses ou na magnitude relativa dos critérios de seleção. Neste modelo, foram detectadas diferenças entre os níveis do fator população. Os critérios de seleção também revelaram um menor valor relativo (AIC=-26.11), fato desejável para escolha do modelo mais apropriado. Tal fato indica que, diferentemente da estrutura de variâncias e covariâncias residuais, a especificação de uma distribuição adequada, permite diminuir a influência de fatores estranhos no modelo estatístico (PAES, 2009).

A distribuição especificada no modelo C₃ e C₄ foi determinada com base em testes de distribuição e a respectiva verificação do valor de AIC, sendo a lognormal – dentre todas as distribuições possíveis de serem especificadas no procedimento GLIMMIX – a que revelou menor valor de AIC, portanto, apropriada para explicar os efeitos do tempo de cocção. Fato que corroborou com os resultados obtidos na análise clássica. A distribuição lognormal é apropriada para exprimir contagem de indivíduos com valores grandes. Esta distribuição é frequentemente utilizada para caracterizar variáveis respostas relacionadas ao tempo, como no presente caso (SILVA, 2003).

Similarmente ao modelo C₃, o modelo C₄ revelou diferenças significativas entre os níveis do fator população. Os valores de *F* e dos critérios de seleção foram semelhantes ou idênticos entre os modelos logarítmicos, ratificando que a estrutura residual imposta no modelo C₄, não representa alterações significativas para este ensaio em particular (AIC=-2.11). Porém, em ensaios nos quais existe uma correlação residual – como por exemplo, ensaios com medidas repetidas no tempo ou no espaço – a estruturação dos erros pode conduzir a um modelo mais apropriado.

Indubitavelmente, o modelo linear generalizado misto revela como vantagem a possibilidade de estruturar resíduos e especificar distribuições, simultaneamente (NELDER; WEDDERBURN, 1972), fato que era impossível no modelo linear clássico. Em experimentação agrícola, ou mais especificamente em trabalhos voltados para o melhoramento genético, pode existir uma relação entre as observações e os erros condicionados a estas observações. Vale ressaltar também, que nestes mesmos ensaios é plenamente comum o desbalanceamento de informações, que podem provocar alterações nos componentes da variância e nos testes de hipóteses (DUARTE; VENCOVSKY, 2001). O modelo linear generalizado misto também revela contribuição neste aspecto, ajustando adequadamente os graus de liberdade do resíduo. Entretanto, vale destacar que o uso do modelo linear generalizado misto prevê maior disponibilidade de tempo e recursos computacionais pelo pesquisador. Análises com modelos mistos pode requerer horas ou dias, especialmente quando se estruturam matrizes de variâncias e covariâncias residuais. Além disso, o método exige que o usuário identifique a especificação correta de cada comando de acordo com a situação de seu experimento, do contrário, modelos mal especificados podem levar a conclusões erradas.

De acordo com o modelo C₃ foram realizadas comparações múltiplas de médias por Scheffe (Tabela 5). De acordo com o teste de médias, é possível verificar diferenças significativas entre a população 6 (BAF50 x BAF07 F₂) com as demais populações em estudo. Em termos de melhoramento genético, estas diferenças podem ser capitalizadas para seleção de

genótipos superiores, pois a geração F₂ é considerada a geração de maior variabilidade genética. Esta variabilidade foi ampliada devido a hibridação entre genitores com tempos de cocção distintos (genitor BAF50 com 23,66' x genitor BAF07 26,17'). Vale destacar que estas diferenças são fidedignas, pois foram reveladas por um modelo com alta qualidade de ajuste. Destaca-se assim a importância de verificar as pressuposições do modelo estatístico e usar as devidas soluções para o atendimento das mesmas antes de realizar qualquer inferência baseada em testes paramétricos.

Tabela 5 - Estimativa da diferença entre as médias das 12 populações a partir do teste de comparações múltiplas de Scheffe. Comparações de médias considerando o modelo logarítmico C3 (especificação de distribuição da variável resposta dist=lognormal).

i/j	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12
1	.	0,09	0,10	0,27	-0,22	-0,16	-0,01	0,04	0,07	0,17	0,22	0,15
2		.	0,01	0,18	-0,31	-0,25*	-0,10	-0,05	-0,02	0,08	0,12	0,06
3			.	0,16	-0,32	-0,26*	-0,11	-0,06	-0,03	0,07	0,11	0,05
4				.	-0,49	-0,42*	-0,28*	-0,23	-0,20	-0,09	-0,05	-0,11
5					.	0,06	0,21	0,26	0,29	0,39	0,44	0,37
6						.	0,14	0,20*	0,23*	0,33*	0,37*	0,31*
7							.	0,05	0,08	0,19	0,23*	0,17*
8								.	0,03	0,13	0,18*	0,11
9									.	0,11	0,15	0,08
10										.	0,04	-0,02
11											.	-0,06

Fonte: Elaborado pelo autor, 2018.

* Significativo a 5% de significância ($Pr > |t|$).

As vantagens do modelo linear generalizado misto já foram corroboradas em outros trabalhos de distintas áreas do conhecimento como ciências biológicas (WILSON et al., 2010), ciências do solo (LARK; CORSTANJE, 2009) ou mesmo nas ciências sociais (LO; ANDREWS, 2015). Outros trabalhos, entretanto, ainda conservam o uso de abordagens tradicionais, ou modelos lineares clássicos com o uso de transformações de dados em detrimento dos modelos lineares generalizados, alegando que tal abordagem tradicional prevê testes estatísticos robustos em uma ampla gama de condições, ao contrário das metodologias mais contemporâneas, que podem levar a conclusões erradas se o modelo for mal especificado (IVES, 2015). Piepho (2009) alega que vale a pena explorar diferentes transformações de dados

antes de utilizar uma análise de modelo linear generalizado misto mais complexa. Algumas transformações são preferíveis, por serem mais simples em estabilizar a variância.

A transformação de dados pode provocar distorções se a alteração de escala de medida não ser apropriada. Entretanto, irrefutavelmente, revela ser um método simples, com efeitos prejudiciais mínimos, a ponto de não recompensar os esforços com a adoção de metodologias mais contemporâneas. Já com relação ao uso de modelos lineares generalizados mistos, foi demonstrado os seus atributos, como o de estruturar matrizes residuais e especificar diferentes distribuições, simultaneamente. A utilização de um método em detrimento de outro por parte de melhoristas, em modelos heterocedásticos e não normais, pode estar condicionado ao conhecimento da distribuição da variável resposta e a necessidade de considerar outros atributos como a correlação dos resíduos nos experimentos. Assim, as hipóteses da análise de variância podem ser testadas de forma mais eficiente e simplificada.

Ambos os modelos, lineares clássicos e lineares generalizados mistos foram capazes de atender as pressuposições do modelo estatístico. A transformação de dados é um método mais acessível se comparado ao modelo linear generalizado misto, porém deve ser escolhida com critério. Caso o pesquisador disponha de tempo e capacidade computacional, pode usufruir de modelos lineares generalizados mistos que permitem a especificação do tipo de distribuição da variável resposta e a estruturação dos resíduos, simultaneamente.

3.5 REFERÊNCIAS

ALMEIDA, C. B. et al. Existe variabilidade para o caráter tempo de cocção em feijão? Depende do Erro!. **Bioscience Journal**, Uberlândia, MG, v. 27, n. 6, p. 915-923, nov./dez. 2011.

AZEVEDO, A. M.; JÚNIOR, W. C. A.; FERNANDES, J. S. C. Transformação Box-Cox na homocedasticidade e normalidade uni e multivariada em experimentos de batata-doce. **Horticultura Brasileira**, Brasília, DF, v. 34, n. 1, p. 93-101, jan./mar. 2016.

BARTLETT, M. S. The Use of Transformations. **Biometrics**, [S.l.], v. 3, n. 1, p. 39-52, mar. 1947.

BOX, G. E. P.; COX, D. R. An Analysis of Transformations. **Journal of the Royal Statistical Society. Series B (Methodological)**, [S.l.], v. 26, n. 2, p. 211-252, jan. 1964.

BUSTOS, O. H. Outliers e robustez. **Revista Brasileira de Estatística**, Rio de Janeiro, v. 49, n. 192, p. 7-30, jul./dez. 1988.

COCHRAN, W. G. Some consequences when the assumptions for the analysis of variance are not satisfied. **Biometrics**, [S.l.], v. 3, n. 1, p. 22-38, mar. 1947.

COUTO, M. R. M. et al. Transformação de dados em experimentos com abobrinha italiana em ambiente protegido. **Ciência Rural**, Santa Maria, v. 39, n. 6, p. 1701-1707, set. 2009.

DUARTE, J. B.; VENCOVSKY, R. Estimação e predição por modelo linear misto com ênfase na ordenação de médias de tratamentos genéticos. **Scientia Agricola**, Piracicaba, v. 58, n. 1, p. 109-117, jan./mar. 2001.

GINKEL, M.; ORTIZ, R. Cross the best with the best, and select the best: HELP in breeding selfing crops. **Crop Science**, Madison, v. 58, n. 1, p. 17-30, abr. 2018.

HWANG, Y.; WEI, P. F. A novel method for testing normality in a mixed model of a nested classification. **Computational Statistics & Data Analysis**, [S.l.], v. 51, n. 2, p. 1163-1183, nov. 2006.

IVES, A. R. For testing the significance of regression coefficients, go ahead and log-transform count data. **Methods in Ecology and Evolution**, Londres, v. 6, n. 7, p. 828-835, abr. 2015.

LARK, R. M.; CORSTANJE, R. Non-homogeneity of variance components from spatially nested sampling of the soil. **European Journal of Soil Science**, [S.l.], v. 60, n. 3, p. 443-452, jun. 2009.

LIANG, H. J. et al. Logarithmic transformation is essential for statistical analysis of fungicide EC50 values. **Journal of Phytopathology**, Göttingen, v. 163, n. 6, p. 456-464, jun. 2015.

LO, S; ANDREWS, S. To transform or not to transform: using generalized linear mixed models to analyse reaction time data. **Frontiers in psychology**, Lausana, Suíça, v. 6, n. 1171, p. 1-16, ago. 2015.

LÚCIO, A. D. et al. Violação dos pressupostos do modelo matemático e transformação de dados. **Revista de Horticultura Brasileira**, Brasília, DF, v. 30, n. 3, p. 415-423, jul./set. 2012.

MANIKANDAN, S. Data transformation. **Journal of pharmacology & Pharmacotherapeutics**, Mumbai, Índia, v. 1, n. 2, p. 126-127, jul./dez. 2010.

MARTIN, TN; STORCK, L. Análise das pressuposições do modelo matemático em experimentos agrícolas no delineamento blocos ao acaso. In: MARTIN, T.N.; ZIECH, M. F. **Sistemas de Produção Agropecuária**. Curitiba: UTFPR, 2008. p. 177-196.

NELDER, J. A.; WEDDERBURN, R. W. M. Generalized linear models. **Journal of the Royal Statistical Society**, [S.l.], v. 19, n. 3, p. 92-100, jan. 1972.

PAES, A. T. O que fazer quando a distribuição não é normal? **Einstein: Educação Continuada em Saúde**, [S.l.], v. 7, n. 1, p. 3-4, 2009.

PIEPHO, H. P. Data transformation in statistical analysis of field trials with changing treatment variance. **Agronomy Journal**, Madison, v. 101, n. 4, p. 865-869, jul. 2009.

PINO, F. A. A questão da não normalidade: uma revisão. **Revista de economia agrícola**, São Paulo, v. 61, n. 2, p. 17-33, jul./dez. 2014.

PROCTOR, J. R.; WATTS, B. M. Development of a modified Mattson bean cooker procedure based on sensory panel cookability evaluation. **Canadian Institute of Food Science and Technology Journal**, [S.l.], v. 20, n. 1, p. 9-14, fev. 1987.

SILVA, J. G. C. **Estatística experimental**: Análise estatística de experimentos. Pelotas: UFPEL, 2003. 315 p.

SOKAL, R. R.; ROHLF, F. J. **Biometry**: The principles and practice of statistics in biological research. 3. ed. New York: W. H. Freeman, 1995. 887 p.

SPRENT, P.; SMEETON, N. C. **Applied non parametric statistical methods**. Boca Raton: Chapman & Hall, 2007. 530 p.

STATISTICAL ANALYSIS SYSTEM. **SAS/STAT® 13.1 User's Guide High-Performance Procedures**. Cary, USA: SAS Institute Inc, 2013. 566 p.

STEEL, R. G. D.; TORRIE, J. H.; DICKEY, D. A. **Principles and procedures of statistics: a biometrical approach**. New York: McGraw-Hill, 1997. 666 p.

XU, W.; LI, W.; SONG, D. Testing normality in mixed models using a transformation method. **Statistical Papers**, Heidelberg, Alemanha, v. 54, n. 1, p. 71-84, fev. 2013.

WILSON, E. et al. **The Arcsine Transformation: has the Time Come for Retirement?** Memorial University of Newfoundland, Newfoundland and Labrador, Canada. Disponível em: <<http://www.mun.ca/biology/dschneider/b7932/B7932Final10Dec2010.pdf>>. Acesso em: 20 jun 2018.

4 CONSIDERAÇÃO DAS FONTES DE VARIAÇÃO APROPRIADAS DO MODELO ESTATÍSTICO E SEUS REFLEXOS NO MELHORAMENTO DE PLANTAS

4.1 RESUMO

O objetivo deste trabalho foi verificar a consideração das fontes de variação apropriadas do modelo estatístico e seus reflexos nas conclusões em termos de melhoramento de plantas. Foram avaliados experimentos do Ensaio de Valor de Cultivo e Uso de 3 locais comuns aos anos (Lages, Ponte Serrada e Canoinhas) e 4 locais não comuns aos anos (Chapecó, Guatambu, Urussanga e Campos Novos). Para representar o desbalanceamento entre os locais comuns e não comuns aos anos, foram avaliados seis genótipos de feijão, quanto ao caráter rendimento de grãos. A análise estatística considerou duas situações: *i*) união dos fatores locais e anos de cultivo, tendo como uma única fonte de variação denominada *ambiente* e *ii*) decomposição dos quadrados médios para os fatores local e ano. De acordo com a análise simplificada para fonte de variação ambiente, o teste *F* para o fator genótipo foi altamente significativo ($p=0,0006$), indicando que os genótipos avaliados revelam um desempenho agrônomico distinto. De modo contrário, com a utilização da decomposição dos quadrados médios, respeitando as devidas partições dos graus de liberdade, o teste de hipótese para o fator genótipo não foi significativo ($p=0,7370$). Estes resultados, analisados comparativamente, revelam que a análise simplificada apresenta alguns pontos errôneos, como a utilização de um resíduo médio para testar a hipótese do fator genótipo, pois este fator é composto de várias fontes de variação, não existindo um teste *F* exato. Mas testes *F* aproximados podem ser obtidos através da construção de combinações lineares de quadrados médios. Este fato aponta a relevância da consideração das fontes de variação apropriadas do modelo estatístico com reflexo direto nas conclusões e recomendações de cultivares com desempenhos superiores, realmente comprovados por meio dos ensaios de recomendações de cultivares.

Palavras-chave: Ensaios de VCU, análise de variância, esperanças matemáticas.

4.2 INTRODUÇÃO

O cultivo do feijão (*Phaseolus vulgaris* L.) no Brasil é realizado por pequenos, médios e grandes produtores agrícolas. Essa classificação pode ser aplicada em termos de extensão de área bem como o nível de investimento empregado para o cultivo deste importante produto agrícola (IBGE, 2015). Todavia, a média nacional de produtividade de grãos é baixa (aproximadamente 1.000 kg ha^{-1}) e varia enormemente entre regiões e anos agrícolas (CONAB, 2016). No estado de Santa Catarina o desempenho de genótipos recomendados para cultivo pode variar mais de 100% (1.925 a 3.885 kg ha^{-1}).

Para atender a demanda de cultivares mais produtivas e estáveis são exigidos a condução de uma série de experimentos realizados em vários locais de cultivo e/ou vários anos agrícolas (DIAS et al., 2009; SCHMILDT et al., 2011; NASSIR; ARIYO, 2011; SILVA et al., 2013; BOUKID et al., 2017; CARVALHO et al., 2017). Esta exigência é prevista pelo Ministério da

Agricultura, Pecuária e Abastecimento (MAPA), que é o órgão federal responsável pela indicação dos requisitos mínimos para inscrição no Registro Nacional de Cultivares (RNC). Um dos requisitos mais importantes para proteção e/ou registro de novas constituições geneticamente superiores é a determinação do Valor de Cultivo e Uso (VCU) (BRASIL, 2006). Resumidamente, para o caso da cultura do feijão, os requisitos mínimos para determinação do VCU exigem que o pesquisador avalie suas linhagens em no mínimo três locais (de importância para a cultura), num período mínimo de dois anos agrícolas.

Entretanto, o desbalanceamento de dados é uma característica comum nestes ensaios, quando se considera uma série histórica de anos. Determinados genótipos passam a apresentar uma importância relativa, quando comparados aos demais, e nesta condição não são conduzidos em determinados locais no próximo ano (YAN, 2015). Assim, os locais variam de ano para ano, permanecendo apenas certo número de locais comuns a todos os anos (IGNACZAK; SILVA, 1978).

A análise fatorial para um conjunto de experimentos é de simples aplicabilidade e amplamente informativa com dados balanceados, mas pode causar grandes equívocos por parte dos pesquisadores na presença de dados desbalanceados (WECHSLER, 1998). Nesta situação (fatoriais desbalanceados), destrói-se a ortogonalidade e os cálculos das somas de quadrados tornam-se bem mais complexos (WECHSLER, 1998), podendo o valor fenotípico não ser uma estimativa fiel do valor genético verdadeiro (BORGES et al., 2009). Várias estratégias são amplamente utilizadas para a análise dos dados desbalanceados (DELACY et al., 1996), entre as quais a abordagem de unir os fatores local e ano e sintetizar ao longo dos *ambientes* tem sido utilizado com grande frequência (BERTOLDO et al., 2009; GUPTA et al., 2013). No entanto, resumir ao longo dos anos ou dos locais, nem sempre é apropriado quando os padrões de cada ano e de cada local são complexos e variáveis. Além disso, essa abordagem ignora as interações entre o local, genótipo e ano, requerendo uma síntese subjetiva dos resultados (YAN, 2015).

Alternativamente, a variância dos fatores com tratamentos desbalanceados (locais não comuns) pode ser decomposta em três componentes: *i*) variância entre os tratamentos comuns, *ii*) variância entre os tratamentos não comuns e *iii*) variância entre tratamentos comuns e não comuns (IGNACZAK; SILVA, 1978). Analisar estes componentes na análise de variância com dados desbalanceados pode contribuir para a verdadeira estimação do valor genético refletindo nas decisões de um melhorista de plantas. Assim, o objetivo deste trabalho foi verificar a consideração das fontes de variação apropriadas do modelo estatístico em ensaios de valor de cultivo e uso e seus reflexos nas conclusões em termos de melhoramento de plantas.

4.3 MATERIAL E MÉTODOS

4.3.1 Ensaio de Valor de Cultivo e Uso (VCU)

As análises consideraram seis genótipos de feijão comuns a todos os locais: BRS Campeiro, IPR Uirapuru, CHP 01-238, FTs 1, LP 09-40 e LP 09-181. Os experimentos foram conduzidos em sete locais do estado de Santa Catarina, durante dois anos agrícolas (2012/13 e 2013/14) provenientes de uma rede de experimentação constituída pela Empresa de Pesquisa Agropecuária e Extensão Rural de Santa Catarina (EPAGRI), através do ensaio de Valor de Cultivo e Uso de Feijão (VCU), em conjunto com a Universidade do Estado de Santa Catarina (UDESC), sendo:

- a) três locais comuns (LC) aos anos: Lages (LG), Ponte Serrada (PS) e Canoinhas (CA);
- b) quatro locais não comuns (LNC) aos anos: Chapecó (CH), Guatambu (GT), Urussanga (UR) e Campos Novos (CN).

Assim, os genótipos foram avaliados em 10 diferentes ambientes: Canoinhas/2013, Canoinhas/2014, Lages/2013, Lages/2014, Ponte Serrada/2013, Ponte Serrada/2014, Chapecó/2013, Urussanga/2013, Campos Novos/2014 e Guatambu/2014.

4.3.2 Delineamento experimental

O Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento (MAPA) prevê os requisitos mínimos para o lançamento de cultivares de feijão. Dentre eles, o delineamento experimental foi de blocos casualizados com quatro repetições. A unidade experimental foi composta de quatro linhas de quatro metros de comprimento, espaçadas 0,50 m entre si, com uma densidade de 15 sementes por metro linear. A área útil consistiu nas duas linhas centrais com 0,5 m de bordadura. Foi mensurado o caráter rendimento de grãos em quilogramas por hectare (kg ha^{-1}) de cada parcela.

4.3.3 Análise estatística dos dados

Primeiramente, foi verificada a suposição de homogeneidade de variâncias pelo teste de F máximo ou de Hartley a 5% de significância ($k=7$ e $GL=15$). O teste revelou variâncias

homogêneas ($4,95 < 5,54$), permitindo assim a análise conjunta dos experimentos. Após isso, os dados foram analisados considerando:

4.3.3.1 União dos fatores locais e anos de cultivo, tendo como uma única fonte de variação denominada ambiente

$$Y_{ijk} = \mu + B_i + G_j + AM_k + G^*AM_{jk} + e_{ijk}$$

Em que: Y_{ijk} é a média da variável resposta do genótipo j , no bloco i , no ambiente k ; μ representa um efeito médio geral; B_i o efeito fixo do bloco i ($i = 1, 2, 3, 4$); G_j o efeito fixo do genótipo j ($j = 1, \dots, 6$); AM_k o efeito fixo do ambiente k ($k = 1, \dots, 10$); G^*AM_{jk} é a interação do j -ésimo nível do fator genótipo e k -ésimo nível do fator ambiente e e_{ijk} refere-se ao efeito do resíduo.

4.3.3.2 Decomposição dos quadrados médios para os fatores local e ano

$$Y_{ijkl} = \mu + B_i + L_j + A_k + G_l + (LA)_{jk} + (LG)_{jl} + (AG)_{kl} + (LAG)_{jkl}$$

Sendo: Y_{ijkl} é a média da variável resposta do genótipo l , no bloco i , no local j e no ano k ; μ representa um efeito médio geral; B_i é o efeito fixo do bloco i ($i = 1, 2, 3, 4$); L_j o efeito fixo do local j ($j = 1, \dots, 7$); A_k o efeito fixo do ano k ($k = 1, 2$); G_l o efeito fixo do genótipo l ($g = 1, \dots, 6$); $(LA)_{jk}$ o efeito fixo da interação do local j com o ano k ; $(LG)_{jl}$ o efeito fixo da interação entre o local j e o genótipo l ; $(AG)_{kl}$ o efeito fixo da interação do ano k com o genótipo l e $(LAG)_{jkl}$ o efeito fixo da interação do local j com o ano k e o genótipo l e e_{ijkl} refere-se ao efeito do resíduo.

Além disso, em virtude do desbalanceamento dos dados (locais não comuns) foi adotada a decomposição dos fatores desbalanceados conforme proposto por Ignaczak e Silva (1978), em que a variância dos fatores com tratamentos desbalanceados e suas interações com demais fatores foi decomposta em três componentes: *i*) variância entre os tratamentos comuns, *ii*) variância entre os tratamentos não comuns; e *iii*) variância entre tratamentos comuns e não comuns. Os graus de liberdade foram estimados a partir da fórmula de Satterthwaite (1946).

As esperanças dos quadrados médios foram utilizadas para verificar o quadrado médio do resíduo adequado para análise de cada fator, e o respectivo teste F aproximado. Contrastes de interesse entre os locais foram efetuados dentro da variância de locais comuns e locais não comuns. Todas as análises foram efetuadas pelo software SAS utilizando o comando PROC GLM (LITTELL et al., 2006).

4.4 RESULTADOS E DISCUSSÃO

4.4.1 União dos fatores locais e anos de cultivo, tendo como uma única fonte de variação denominada ambiente

Usualmente, os genótipos candidatos ao lançamento de cultivares são avaliados em distintos *ambientes*. Na atual situação, ou modelo apresentado, os genótipos foram avaliados em 10 ambientes distintos: Canoinhas/2013, Canoinhas/2014, Lages/2013, Lages/2014, Ponte Serrada/2013, Ponte Serrada/2014, Chapecó/2013, Urussanga/2013, Campos Novos/2014 e Guatambu/2014. Resumidamente, entende-se por ambiente a união dos fatores anos e locais.

Nesta condição, o fator ambiente foi significativo e revelou expressivo quadrado médio (283.875.748), considerado de maior magnitude dentre todos os efeitos principais da análise da variância (Tabela 6). Esse resultado pode ser explicado por três razões, ocorrendo ou não simultaneamente: *i*) variância do efeito entre os anos significativa; *ii*) variância do efeito entre os locais significativa e *iii*) variância do efeito entre os anos e locais significativa.

Tabela 6 - Análise de variância para o rendimento de grãos (kg ha^{-1}) de um grupo de dez experimentos avaliados no ensaio de Valor de Cultivo e Uso (VCU) de feijão. A causa de variação ambiente é composta pela união dos fatores locais e anos agrícolas.

Causa de Variação	Graus de liberdade	Quadrado médio	Valor p
Bloco	3	342.571	0,1535
Ambiente	9	283.875.748	0,0006
Genótipo	5	881.941	<0,0001
Genótipo x ambiente	45	384.798	0,0008
Erro experimental	177	192.894	
	$R^2 = 0,89$	$CV = 16,44\%$	$\bar{Y} = 2.671 \text{ kg ha}^{-1}$

Fonte: Elaborado pelo autor, 2018.

Como demonstrado em numerosos trabalhos, o fator ambiente influencia fortemente o rendimento de grãos (BERTOLDO et al., 2009; COIMBRA et al., 2009), o que também foi

demonstrado neste estudo. O grande desafio do melhoramento de plantas é elucidar a participação deste fator no desempenho genotípico, visando ajustar as constituições genéticas ao ambiente (VENCOVSKY; RAMALHO; TOLEDO, 2012). Entretanto, a alternância de genótipos e locais nos ciclos de melhoramento é uma situação frequentemente constatada, principalmente em espécies anuais e de ciclo rápido como o feijão. Assim, ao mesmo tempo que os locais podem afetar o desempenho de determinadas constituições genéticas, os anos também podem estar exercendo efeito súpero. Nestas condições, o melhorista não consegue atribuir reais causas ao maior ou menor desempenho genotípico, afetando diretamente suas decisões. Enfim, o desempenho genotípico será estável no próximo ano e/ou em outras regiões? (GUPTA et al., 2013).

Considerando ainda a Tabela 6, é notável que o teste F para o fator genótipo foi altamente significativo ($p=0,0006$), ou seja, provavelmente os seis genótipos avaliados revelam um desempenho agrônômico distinto quando avaliados ou testados nestes ambientes. Fato este que inicialmente torna-se importante visto a necessidade explícita de genótipos variantes que atendam as demandas específicas e regionalizadas de um programa de melhoramento genético (BERTOLDO et al., 2009). Imediatamente, os genótipos avaliados também respondem em diferentes proporções à mudança nos ambientes ($p=0,0008$), revelando diferentes padrões de rendimento de grãos que podem repercutir em alterações na classificação destes genótipos, conforme o local e ano agrícola avaliados (Tabela 6).

Inicialmente, a análise de variância considerando a união dos fatores local e ano mostra-se informativa. Entretanto, informações pormenorizadas podem ser obtidas pela decomposição das causas de variação quanto ao desbalanceamento, quando se realiza a união de experimentos com apenas parte dos locais comuns a todos os anos (IGNACZAK; SILVA, 1978). Dessa forma, a variância do ambiente (9 graus de liberdade) pode ser decomposta: *i*) variância dos anos (1 grau de liberdade), *ii*) variância dos locais (6 graus de liberdade) e *iii*) variância da interação entre anos e locais comuns (2 graus de liberdade) (Tabela 7). Essa decomposição permitiu compreender o efeito dos fatores desbalanceados sobre a análise de variância e contribuiu para inferir sobre as causas de variação relevantes.

4.4.2 Decomposição dos quadrados médios para os fatores local e ano

A decomposição dos quadrados médios e a sua respectiva consideração no modelo estatístico proporcionou resultados diferentes comparativamente à análise de variância considerando a união dos fatores local e ano. Além disso, forneceu informações adicionais

quanto aos efeitos dos fatores e suas interações sobre o comportamento dos genótipos, bem como suas implicações em termos de melhoramento de plantas.

Indubitavelmente, a grande discrepância entre as duas situações propostas neste trabalho refere-se ao efeito dos genótipos sobre o rendimento de grãos. No atual modelo considerado, o efeito dos genótipos (G) não revelou diferença significativa com a decomposição dos quadrados médios (Tabela 7). Diferentemente do que ocorreu na análise de variância considerando a união dos fatores local e ano.

Tabela 7 - Decomposição da análise de variância para o rendimento de grãos (kg ha^{-1}) de um grupo de dez experimentos de genótipos de feijão avaliados no ensaio de Valor de Cultivo e Uso (VCU).

Causas de variação	Graus de liberdade	Quadrado médio	Percentual
Bloco (B)	3	342.571 ^{ns}	-
Genótipo (G)	5	881.941 ^{ns}	-
Anos (A) _{p/LC}	1	4.763.306 ^{ns}	-
Locais (L)	(6)	41.762.639*	-
<i>Comuns (LC)</i>	2	47.049.643*	28%
<i>Não comuns (LNC)</i>	3	19.483.210*	11%
<i>LC x LNC</i>	1	98.026.914*	59%
A x LC	2	74.514 ^{ns}	-
G x A _{p/LC}	5	867.749*	-
G x L	(30)	358.477 ^{ns}	-
<i>G x LC</i>	10	361.466 ^{ns}	37%
<i>G x LNC</i>	15	408.868 ^{ns}	42%
<i>G x (LC vs. LNC)</i>	5	201.330 ^{ns}	22%
G x A x LC	10	222.284 ^{ns}	-
Erro experimental médio	177	192.894	
Total	239		

Fonte: Elaborado pelo autor, 2018.

*Significativo a 5% de significância pelo teste *F*.

Igualmente, o efeito de ano sobre o rendimento de grãos não foi significativo (Tabela 7). Comparativamente, com a primeira análise proposta (união dos fatores local e ano), o pesquisador seria levado a acreditar que, anos e locais, estariam atuando concomitantemente sobre o rendimento de grãos. Assim, nota-se que a decomposição dos fatores fornece informações adicionais muito importantes. O ano é sem dúvida o fator mais imprevisível na pesquisa experimental (ASSEFA et al., 2015), e como o rendimento de grãos é um caráter estritamente quantitativo, o efeito do ano pode dificultar o trabalho do melhorista. De posse dessa informação, o pesquisador pode ter maior eficiência na sua seleção, pois os anos conduzidos foram suficientes para poder discriminar os genótipos.

De modo contrário, o efeito de locais (6 graus de liberdade) apresentou maior importância significativa na análise de variância ($QM=41.762.639$), comparativamente aos demais efeitos principais. A decomposição deste fator, com seus respectivos graus de liberdade, em *Locais comuns (LC)*, *Locais não comuns (LNC)* e a interação destes ($LC \times LNC$), também revelaram efeito significativo. Destes, os LC apresentam maior importância relativa, perfazendo 38% da variância de local em detrimento dos LNC que contribuíram apenas com 23% da variância. Em outras palavras, o efeito significativo do fator local foi estreitamente relacionado aos locais comuns (LG, PS e CA) na análise de variância. A interação $LC \times LNC$ por sua vez, revelou o maior quadrado médio da análise de variância (98.026.914) e teve contribuição de 39% na variância, fundamentalmente em virtude dos LC (Tabela 7).

Estes resultados sugerem a necessidade do melhoramento de plantas em atender as necessidades específicas de cada região agrícola, visto as peculiaridades de cada município e as variações intrínsecas de cada ambiente (BERTOLDO et al., 2009). Outra informação extremamente útil em termos de melhoramento genético de plantas é distinguir em quais locais o melhorista pode conduzir e avaliar suas constituições genéticas sem que haja uma interferência forte em termos de fenótipo ocasionada pelo efeito de ambiente (COIMBRA et al., 2009). Assim, fica claro que os locais comuns apresentam maior poder de discriminação dos genótipos, visto sua maior importância relativa no total da variância de locais, em detrimento dos locais não comuns que podem mascarar os efeitos genéticos, levando a inconsistências na classificação destes genótipos.

Com relação ao efeito da interação entre os fatores $G \times A_{p/LC}$, também foi constatado diferença significativa a 5% de significância. Os genótipos quando avaliados nos locais comuns, ao longo dos anos, revelaram comportamento diferencial quanto ao caráter rendimento de grãos. Novamente este fato pode ser explicado pela contribuição expressiva dos LC na análise de

variância (Tabela 7). O efeito da interação genótipo x ambiente descreve o comportamento diferencial dos genótipos frente aos ambientes contrastantes. Sendo que seu efeito pode levar os diferentes genótipos avaliados a uma diversidade enorme de padrões e resultados (PIEPHO et al., 2017). De maneira contrária, a interação entre os genótipos e os locais (G x L) não foi significativa (Tabela 7). Apenas o efeito principal de local contribuiu significativamente para o rendimento de grãos, enquanto que os genótipos não foram discriminados, independentemente do local comum ou não comum.

Um dos principais objetivos de um programa de melhoramento reside na recomendação de novas constituições genéticas ajustadas aos ambientes de cultivo (VENCOVSKY; RAMALHO; TOLEDO, 2012). As análises propostas neste trabalho revelam que interpretações viesadas quanto ao efeito de genótipo podem ser causadas pela variação entre os locais comuns e não comuns (fator desbalanceado), que não tiveram sua decomposição considerada na primeira análise. Entretanto, surge a indagação, qual análise propõe as verdadeiras causas de variação para os testes de hipóteses deste experimento? Os resultados, analisados comparativamente, revelam que a análise considerando a união dos fatores local e ano apresenta alguns pontos errôneos.

O primeiro ponto discordante na análise de variância considerando a união dos fatores local e ano, refere-se ao denominador para a confecção do teste de hipótese. Para todos os fatores o teste F é calculado baseado no quadrado médio do resíduo (192.894). Entretanto, com a inspeção das esperanças matemáticas dos quadrados médios ($E(QM)$) referentes aos efeitos de unidade (Tabela 8), é possível verificar o resíduo mais apropriado ao teste de hipótese, de acordo com as inferências que o experimento tem como objetivo derivar (SILVA, 1999; COIMBRA et al., 2006). A análise das esperanças matemáticas dos quadrados médios ($E(QM)$) corresponde ao que se espera que ocorra com a média populacional da variável resposta em questão. O fator genótipo, por exemplo, é composto de várias fontes de variação, tais como as interações entre genótipo x ano x local, genótipo x ano e genótipo x local, não podendo assim, ser igualado com as esperanças dos quadrados médios do resíduo. Tal como para o fator genótipo, os efeitos de anos (A) e locais (L), bem como suas decomposições (comuns e não comuns) também não possuem uma esperança matemática que proporcione um teste F exato (Tabela 8).

Nestes casos, torna-se necessário a construção de combinações lineares de quadrados médios para a obtenção do respectivo teste de hipótese. Portanto, o teste de hipótese baseado na utilização do resíduo total – como na análise considerando a união dos fatores local e ano – pode fornecer estimativas viesadas, não condizentes com o verdadeiro valor genético. Em

outras palavras, em algumas situações, torna-se necessário a composição das esperanças dos quadrados médios, a fim de obter um teste *F* exato.

Tabela 8 - Resumo das esperanças matemáticas dos quadrados médios de um grupo de dez experimentos, com genótipos de feijão repetidos ao longo de dois anos em locais comuns e não comuns.

Causas de variação	Esperanças matemáticas dos quadrados médios
Bloco (B)	$\sigma_e^2 + 36 \sigma^2(B)$
Genótipo (G)	$\sigma_e^2 + 4 \sigma^2(L*G*A) + 12 \sigma^2(G*A) + 8 \sigma^2(L*G) + 24 \sigma^2(G)$
Anos (A) _{p/LC}	$\sigma_e^2 + 4 \sigma^2(L*G*A) + 24 \sigma^2(L*A) + 12 \sigma^2(G*A) + 72 \sigma^2(A)$
Locais (L)	$\sigma_e^2 + 4 \sigma^2(L*G*A) + 19.2 \sigma^2(G*A) + 5.6 \sigma^2(L*G) + 38.4 \sigma^2(G)$
<i>Comuns (LC)</i>	$\sigma_e^2 + 4 \sigma^2(L*G*A) + 24 \sigma^2(L*A) + 8 \sigma^2(LC*G) + 48 \sigma^2(L)$
<i>Não comuns (LNC)</i>	$\sigma_e^2 + 4 \sigma^2(L*G*A) + 24 \sigma^2(L*A) + 4 \sigma^2(LNC*G) + 24 \sigma^2(L)$
A x LC	$\sigma_e^2 + 4 \sigma^2(L*G*A) + 24 \sigma^2(L*A)$
G x A _{p/LC}	$\sigma_e^2 + 4 \sigma^2(L*G*A) + 12 \sigma^2(G*A)$
G x L	$\sigma_e^2 + 4 \sigma^2(L*G*A) + 5.3333 \sigma^2(L*G)$
<i>G x LC</i>	$\sigma_e^2 + 4 \sigma^2(L*G*A) + 8 \sigma^2(G*LC)$
<i>G x LNC</i>	$\sigma_e^2 + 4 \sigma^2(L*G*A) + 4 \sigma^2(G*LNC)$
L x G x A	$\sigma_e^2 + 4 \sigma^2(L*G*A)$
Erro	σ_e^2

Fonte: Elaborado pelo autor, 2018.

Outro ponto errôneo da análise que considera a união dos fatores local e ano refere-se à categorização dos fatores experimentais. O modelo estatístico deve exprimir corretamente a estrutura do experimento (SILVA, 1999). Rotineiramente, os modelos biométricos propostos não distinguem os efeitos de duas categorias de fatores experimentais: *i) Fatores de tratamentos*, cujos níveis são atribuídos aleatoriamente às unidades elementares, sob controle do pesquisador e *ii) Fatores intrínsecos*, cujos níveis são determinados pelas próprias unidades (SILVA, 1999). A natureza dos ensaios de recomendação de cultivares (VCU-RNC) exigem

que os genótipos candidatos sejam avaliados em distintos locais e anos. Na primeira análise, estes fatores foram considerados unicamente como uma fonte de variação denominada *ambiente*. Entretanto, o fator ambiente é considerado um fator *intrínseco*, visto a impossibilidade de sua repetição no experimento, tendo seus níveis determinados pelas próprias unidades. Por exemplo, não é possível repetir a combinação do ambiente Canoinhas/2013, pois o mesmo compreende características permanentes do local Canoinhas e do ano 2013, relacionadas aos aspectos gerais do clima, tipo de solo, distribuição de chuvas, que idealmente deveriam se manter constantes, mas que variam imprevisivelmente.

Outra informação relevante que pode ser extraída com a decomposição dos fatores desbalanceados, refere-se à comparação entre os ambientes. Para abordar sobre a superioridade de um determinado ambiente frente a outros, em análises com dados desbalanceados, o uso de teste de comparações múltiplas pode não ser adequado. Para tanto, a variância da interação LC x LNC pode ser explorada a partir de comparações de interesse, com a utilização de contrastes (Tabela 9).

Tabela 9 - Contrastes univariados para o caráter rendimento de grãos (kg ha^{-1}) considerando os efeitos de Locais comuns (LC): Lages (LG), Ponte Serrada (PS) e Canoinhas (CA) e não comuns (LNC): Chapecó (CH), Guatambu (GT), Urussanga (UR) e Campos Novos (CN).

Contraste	Graus de liberdade	Quadrado médio	Percentual
<i>Locais</i>	6	41.762.639*	-
<i>Comuns (LC)</i>	(2)	47.049.643*	-
C ₁ : LG vs. PS + CA	1	77.996.928*	83%
C ₂ : PS vs. CA	1	16.102.359*	17%
<i>Não comuns (LNC)</i>	(3)	19.483.210*	-
C ₁ : CN vs. CH + GT + UR	1	4.011.764*	7%
C ₂ : CH vs. GT + UR	1	30.850.619*	53%
C ₃ : GT vs. UR	1	23.587.258*	40%

Fonte: Elaborado pelo autor, 2018.

*Significativo a 5% de significância pelo teste *F*

A técnica de contrastes possui a flexibilidade de comparar o efeito da variação desejada sobre os genótipos, considerando os locais não comuns, seguindo os critérios adotados pelas comissões responsáveis pelo lançamento de cultivares. Dessa forma, podem ser estabelecidas inferências sobre um determinado valor de significância e não apenas comparar um desempenho médio superior de 5% em relação às testemunhas (SILVA, 2014). De acordo com a análise dos contrastes – em relação aos locais comuns – pode ser observado que LG representa a maior variação para o período e genótipos considerados, com 83% da variação dos locais comuns, em detrimento da comparação entre PS e CA, com apenas 17%. Já com relação aos locais não comuns, CH revela maior variação em comparação aos demais 3 locais incomuns, com 53% da variação. Exemplo similar pode ser atribuído a GT, que comparativamente a UR, revelou 40% da variação total dos locais não comuns. Possivelmente, estes locais revelam baixa capacidade de distinção entre genótipos, devendo o pesquisador ser cauteloso quando estes locais forem determinantes para a seleção de determinadas constituições genéticas (Tabela 9).

De maneira geral, a análise de ensaios para recomendação de cultivares frequentemente é constituída por uma série de dados desbalanceados. Nesta situação, como a ortogonalidade é perdida, os cálculos das somas de quadrados tornam-se bem mais complexos (WECHSLER, 1998), podendo o valor fenotípico não ser uma estimativa fiel do verdadeiro valor genético. Constantemente, os pesquisadores realizam a análise estatística de forma elementar, suprimindo os ambientes que não se repetem ao longo da realização dos ensaios de Valor de Cultivo e Uso (PEREIRA et al., 2010). Outras vezes, o pesquisador de forma simples e equivocada, multiplica o número de locais e anos agrícolas considerando no seu modelo estatístico, uma única fonte de variação denominada de *ambiente*. Destarte existem perdas de informações, além de não analisar experimentos conforme previamente foram planejados.

A decomposição dos quadrados médios pode ser uma alternativa vantajosa para analisar a complexidade de dados desbalanceados, maximizando todas as possíveis inferências de interesse na rede de ensaios. Analisando e interpretando os resultados obtidos por meio da análise e respeitando as devidas quebras dos graus de liberdade pode ser observado que o fator de tratamento genótipos não revelou diferenças significativas pelo teste F quando testado pela composição dos quadrados médios apropriados. Este fato aponta a relevância da consideração das verdadeiras fontes de variação no modelo estatístico com reflexo direto nas conclusões e recomendações de cultivares com desempenhos superiores realmente comprovados por meio dos ensaios de recomendações de cultivares.

4.5 REFERÊNCIAS

ASSEFA, T. et al. Improving adaptation to drought stress in small red common bean: phenotypic differences and predicted genotypic effects on grain yield, yield components and harvest index. **Euphytica**, Wageningen, Países Baixos, v. 203, n. 3, p. 477-489, jun. 2015.

BERTOLDO, J. G. et al. Stratification of the state of Santa Catarina in macro-environments for bean cultivation. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, Viçosa, MG, v. 9, n. 4, p. 335-343, dez. 2009.

BORGES, V. et al. Progresso genético do programa de melhoramento de arroz de terras altas de minas gerais utilizando modelos mistos. **Revista Brasileira de Biometria**, São Paulo, v. 27, n. 3, p. 478-490, jul./set. 2009.

BOUKID, F. et al. Understanding the effects of genotype, growing year, and breeding on tunisian durum wheat allergenicity. 1. The Baker's Asthma case. **Journal of Agricultural and Food Chemistry**, [S.l.], v. 65, n. 28, p. 5831-5836, jul. 2017.

BRASIL. **Requisitos mínimos para determinação do valor de cultivo e uso de feijão (*Phaseolus vulgaris* L.), para a inscrição no registro nacional de cultivares - RNC**. Brasília, DF, MAPA, Anexo IV, 2006.

CARVALHO, L. C. B. et al. Genotype x environment interaction in cowpea by mixed models. **Revista Ciência Agronômica**, Ceará, v. 48, n. 5, p. 872-878, dez. 2017.

COIMBRA, J. L. M. et al. Esperanças matemáticas dos quadrados médios: uma análise essencial. **Ciência Rural**, Santa Maria, v. 36, n. 6, p. 1730-1738, nov./dez. 2006.

COIMBRA, J. L. M. et al. Mineração da interação genótipo x ambiente em *Phaseolus vulgaris* L. para o Estado de Santa Catarina. **Ciência Rural**, Santa Maria, v. 39, n. 2, p. 355-363, mar./abr. 2009.

COMPANHIA NACIONAL DE ABASTECIMENTO - CONAB. **Acompanhamento da safra brasileira de grãos safra 2016/17: Segundo Levantamento**, Brasília, v. 4, p. 1-156, nov. 2016.

DELACY, I. H. et al. **Analysis of multi-environment trials - A historical perspective**. In: COOPER, M.; HAMMER, G. L. Plant adaptation and crop improvement. Wallingford, UK, p. 39-124, 1996.

DIAS, F. T. C. et al. Adaptabilidade e estabilidade fenotípica para o caráter rendimento de grãos em cultivares de soja para o Estado do Ceará. **Revista Ciência Agronômica**, Ceará, v. 40, n. 1, p. 129-134, jan./mar. 2009.

GUPTA, S. K. et al. Identifying mega-environments and essential test-locations for pearl millet cultivar selection in India. **Crop Science**, Madison, v. 53, n. 6, p. 2444-2453, out. 2013.

IBGE - Instituto Brasileiro de Geografia e estatística. **Levantamento sistemático da produção agrícola**. Rio de Janeiro, v. 29, n. 10, p. 1-79, out. 2015.

IGNACZAK, J. C.; SILVA, J. G. C. Análise conjunta de grupo de experimentos com alguns locais e tratamentos não comuns. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, DF, v. 13, n. 3, p. 56-66, mar. 1978.

LITTELL, R. C. et al. **SAS® for mixed models**. Cary: SAS Institute, 2006, 828p.

NASSIR, A. L.; ARIYO, O. J. Genotype x Environment Interaction and Yield-Stability Analyses of Rice Grown in Tropical Inland Swamp. **Notulae Botanicae Horti Agrobotanici Cluj-Napoca**, [S.l.], v. 39, n. 1, p. 220-225, 2011.

PEREIRA, H. S. et al. Indicação de cultivares de feijoeiro-comum baseada na avaliação conjunta de diferentes épocas de semeadura. **Pesquisa agropecuária brasileira**, Brasília, DF, v. 45, n. 6, p. 571-578, jun. 2010.

PIEPHO, H. P. et al. Designing an experiment with quantitative treatment factors to study the effects of climate change. **Journal of Agronomy and Crop Science**, Madison, v. 203, n. 6, p. 584-592, dez. 2017.

SATTERTHWAITE, F. E. An approximate distribution of estimates of variance components. **Biometrics Bulletin**, Raleigh, v. 2, n. 6, p. 110-114, dez. 1946.

SCHMILDT, E. R. et al. Avaliação de metodologias de adaptabilidade e estabilidade de cultivares milho. **Acta Scientiarum. Agronomy**, Maringá, v. 33, n. 1, p. 51-58, jan./mar. 2011.

SILVA, J. G. C. A consideração da estrutura das unidades em inferências derivadas do experimento. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, DF, v. 34, n. 6, p. 910-925, jun. 1999.

SILVA, J. G. C. Análise crítica do processo de lançamento de cultivares. **Revista da Estatística UFOP**, [S.l.], v. 3, n. 2, p.16-21, 2014.

SILVA, T. R. C et al. Agronomic performance of popcorn genotypes in Northern and Northwestern Rio de Janeiro State. **Acta Scientiarum Agronomy**, Maringá, v. 35, n. 1, p. 57-63, jan./mar. 2013.

VENCOVSKY, R.; RAMALHO, M. A. P.; TOLEDO, F. H. R. B. Contribution and perspectives of quantitative genetics to plant breeding in Brazil. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, Viçosa, MG, v. 12, p. 7-14, 2012.

WECHSLER, F. S. Fatoriais fixos desbalanceados: uma análise mal compreendida. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, DF, v. 33, n. 3, p. 231-262, mar. 1998.

YAN, W. Mega-environment analysis and test location evaluation based on unbalanced multiyear data. **Crop science**, Madison, v. 55, n. 1, p. 113-122, jan. 2015.

5 DISCUSSÃO GERAL

Todo experimento desenvolvido no melhoramento de plantas deve a rigor ser executado de acordo com os preceitos do método científico. Isto inclui a correta especificação do modelo estatístico, de modo a garantir a validade dos testes de hipóteses. No primeiro estudo foram expostas as possíveis violações das pressuposições de normalidade dos erros e homogeneidade de variâncias. E, fundamentalmente, como modelos lineares clássicos com uso de transformações e modelos lineares generalizados mistos, são capazes de atender estas suposições.

Evidentemente que ambos os modelos são capazes de atender as pressuposições citadas, entretanto, transformações inapropriadas ou erros de especificação em modelos lineares generalizados mistos, podem levar a conclusões equivocadas. O pesquisador deve escolher um dos métodos conforme as condições de sua pesquisa e aquele que permitirá maior simplicidade. Isto porque, todos os dois métodos utilizados, foram capazes de alterar as conclusões obtidas na análise de variância, alterando fundamentalmente, os resultados obtidos no melhoramento de plantas.

Dada a importância das pressuposições do modelo estatístico, o pesquisador também deve reconhecer as devidas causas de variação e os respectivos denominadores apropriados para os testes de hipóteses. Na situação de experimentos conduzidos em distintos anos e locais, o desbalanceamento de informações é uma condição comum, visto que alguns genótipos são retirados em detrimento de seu desempenho inferior, comparativamente as testemunhas do ensaio.

Ainda que, um maior número de experimentos possa proporcionar maior grau de confiança nas inferências obtidas – visto a possibilidade de generalizações das conclusões para distintas condições e locais – a união de experimentos deve respeitar as pressuposições do modelo, tal como a homogeneidade de variâncias. No caso deste trabalho, o teste da razão máxima de F ou teste de Hartley ($k=7$ e $GL=15$) revelou variâncias homogêneas a 5% de significância ($4,95 < 5,54$), o que torna razoável a união dos experimentos sem causar problemas nas inferências obtidas.

Com a inspeção das esperanças matemáticas dos quadrados médios foi possível diagnosticar os denominadores adequados para os testes das hipóteses para o fator genótipo. Analisando os resultados, comparativamente, foi possível verificar que a análise simplificada (considerando a união dos fatores local e ano) apresenta alguns pontos errôneos, como a utilização de um resíduo médio para testar a hipótese do fator genótipo. O fator genótipo é

composto de várias fontes de variação (genótipo x ano, genótipo x local ...), não existindo um teste F exato. Porém, o cálculo de testes F aproximados podem ser obtidos através da construção de combinações lineares de quadrados médios, permitindo que sejam realizadas estimativas verdadeiras para os genótipos avaliados nestes ensaios.

Portanto, tanto a violação das pressuposições do modelo estatístico, como os testes de hipóteses que consideram denominadores inapropriados, podem conduzir a distorções nas conclusões obtidas no melhoramento genético. O pesquisador deve procurar especificar seu modelo estatístico conforme os preceitos estabelecidos pelo método científico.

6 CONCLUSÕES

Os modelos lineares clássicos com uso de transformações e modelos lineares generalizados mistos atendem as pressuposições de normalidade dos erros e homogeneidade de variâncias, e apresentam reflexos diretos nos resultados da análise de variância. Ambos os métodos constituem ferramentas valiosas em ensaios conduzidos no melhoramento de plantas.

A consideração das verdadeiras fontes de variação no modelo estatístico em Ensaios de Valor de Cultivo e Uso (VCU) reflete diretamente nas conclusões em termos de seleção no melhoramento de plantas. A decomposição dos fatores desbalanceados é uma alternativa vantajosa para o entendimento pormenorizado das causas de variação relevantes.

REFERÊNCIAS

ALLARD, R. W. **Principles of plant breeding**, 2. ed. New York: Wiley, 1960

BERTOLDO, J. G. et al. Stratification of the state of Santa Catarina in macro-environments for bean cultivation. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, Viçosa, MG, v. 9, n. 4, p. 335-343, dez. 2009.

BETRÁN, J.; MORENO-GONZÁLEZ, J.; ROMAGOSA, I. **Theory and application of plant breeding for quantitative traits**. In: CECARELLI, S.; GUIMARÃES, E. P.; WELTZIEN, E. (Ed.). *Plant breeding and farmer participation*. Rome: FAO, 2009. p. 27-62.

BORGES, V. et al. Progresso genético do programa de melhoramento de arroz de terras altas de minas gerais utilizando modelos mistos. **Revista Brasileira de Biometria**, São Paulo, v. 27, n. 3, p. 478-490, jul./set. 2009.

BRASIL. **Requisitos mínimos para determinação do valor de cultivo e uso de feijão (*Phaseolus vulgaris* L.), para a inscrição no registro nacional de cultivares - RNC**. Brasília, DF, MAPA, Anexo IV, 2006.

BUSTOS, O. H. Outliers e robustez. **Revista Brasileira de Estatística**, Rio de Janeiro, v. 49, n. 192, p. 7-30, jul./dez. 1988.

CALIGARI, P. D. S. **Plant breeding and crop improvement**. 2001. Disponível em: <https://www.researchgate.net/publication/227986002_Plant_Breeding_and_Crop_Improvement>. Acesso em: 20 mar. 2018.

CASTRO, L. S. V. de. **Pontos de estatística**. 17. ed. rev. e ampl. Rio de Janeiro: Científica, 1975. 261 p.

COCHRAN, W. G. Some consequences when the assumptions for the analysis of variance are not satisfied. **Biometrics**, [S.l.], v. 3, n. 1, p. 22-38, mar. 1947.

COMPANHIA NACIONAL DE ABASTECIMENTO - CONAB. **Acompanhamento da safra brasileira de grãos safra 2017/18: Sexto Levantamento**, Brasília, v. 5, p. 1-129, mar. 2018.

EMBRAPA ARROZ E FEIJÃO. **Informações técnicas para o cultivo do feijoeiro-comum na Região Central-Brasileira: 2012-2014**, Santo Antônio de Goiás, 2012. Disponível em: <<http://www.cnpaf.embrapa.gov.br/pesquisa/feijão.html>>. Acesso em: 10 abr. 2018.

FISHER, R. A. **Design of Experiments**. New York: Hafner Publishing Company, 1971.

GOMES, P. **Curso de estatística experimental**. 11. ed. Piracicaba: Nobel, 1985. 466 p.

GRIFFING, B. **Historical perspective on contributions of quantitative genetics to plant breeding**. In: FREY, K. J. (Ed.). *Historical perspective in plant science*. Ames: Iowa State University, 1994.

GUPTA, S. K. et al. Identifying mega-environments and essential test-locations for pearl millet cultivar selection in India. **Crop Science**, Madison, v. 53, n. 6, p. 2444-2453, out. 2013.

IGNACZAK, J. C.; SILVA, J. G. C. Análise conjunta de grupo de experimentos com alguns locais e tratamentos não comuns. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, DF, v. 13, n. 3, p. 56-66, mar. 1978.

IEMMA, A. F. Que hipóteses estatísticas testamos através do “SAS” em presença de caselas vazias? **Scientia Agrícola**, Piracicaba, v. 52, n. 2, p. 210-220, mai./ago. 1995.

NASSIR, A. L.; ARIYO, O. J. Genotype x Environment Interaction and Yield-Stability Analyses of Rice Grown in Tropical Inland Swamp. **Notulae Botanicae Horti Agrobotanici Cluj-Napoca**, [S.l.], v. 39, n. 1, p. 220-225, 2011.

NELDER, J. A.; WEDDERBURN, R. W. M. Generalized linear models. **Journal of the Royal Statistical Society**, [S.l.], v. 135, n. 3, p. 370-384, 1972.

PEREIRA, H. S. et al. Indicação de cultivares de feijoeiro-comum baseada na avaliação conjunta de diferentes épocas de semeadura. **Pesquisa agropecuária brasileira**, Brasília, DF, v. 45, n. 6, p. 571-578, jun. 2010.

RIBOLDI, J. **Delineamentos experimentais de campo**. Porto Alegre: UFRGS/Instituto de Matemática, 1993. 720 p.

SILVA, J. G. C. **Planejamento de experimentos**. Pelotas: UFPEL, 2003. 364 p.

SILVA, J. G. C. **Estatística Experimental: Análise Estatística de Experimentos**. Pelotas: UFPEL, 2003. 315 p.

SILVA, V. M. P. et al. Genetic potential of common bean parents for plant architecture improvement. **Scientia Agricola**, Piracicaba, v. 70, n. 3, p. 167-175, mai./jun. 2013.

SOKAL, R. R.; ROHLF, F. J. **Biometry**: The principles and practice of statistics in biological research. 3. ed. New York: W. H. Freeman, 1995. 887 p.

SOUZA, L. V.; RAMALHO, M. A. P.; VON PINHO, E. V. R. Genetic parameters in relation to the physiological quality of common bean seeds. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, Viçosa, MG, v. 4, n. 1, p. 43-47, mar. 2004.

SPIEGEL, M. R. **Estatística**. 2. ed. São Paulo: MacGraw-Hill do Brasil, 1985. 454 p.

SPRENT, P.; SMEETON, N.C. **Applied non parametric statistical methods**. Boca Raton: Chapman & Hall, 2007. 530 p.

STATISTICAL ANALYSIS SYSTEM. **SAS/STAT® 13.1 User's Guide High-Performance Procedures**. Cary: SAS Institute Inc, 2013. 566 p.

STEEL, R. G. D.; TORRIE, J. H.; DICKEY, D. A. **Principles and procedures of statistics: a biometrical approach**. New York: McGraw-Hill, 1997. 666 p.

THE INTERNATIONAL BIOMETRIC SOCIETY. **Definição de Biometria**. 2018. Disponível em: <<https://www.biometricsociety.org/about/definition-of-biometrics>>. Acesso em: 20 jul. 2018.

VIEIRA, C.; BORÉM, A.; RAMALHO, M. A. P. **Improvement of common bean**. In: BORÉM, A. Improvement of cultivated species. Viçosa: UFV, 2005. p. 301-391.

WECHSLER, F. S. Fatoriais fixos desbalanceados: uma análise mal compreendida. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, DF, v. 33, n. 3, p. 231-262. mar. 1998.

YAN, W. Mega-environment analysis and test location evaluation based on unbalanced multiyear data. **Crop Science**, Madison, v. 55, n. 1, p. 113-122, jan. 2015.