

**CRISTIANE ROSA ADAMS**

**ANÁLISE CONJUNTA DE EXPERIMENTOS DESBALANCEADOS E SUAS  
IMPLICAÇÕES EM ENSAIOS DE VCU**

Dissertação apresentada ao Programa de Pós-graduação em Produção Vegetal, da Universidade do Estado de Santa Catarina, como requisito parcial para obtenção do grau de Mestre em Produção Vegetal.  
Orientador: Dr. Jefferson Luís Meirelles Coimbra  
Coorientador: Dr. Sydney Antonio Frehner Kavalco

**LAGES, SC  
2020**

Adams, Cristiane Rosa

Análise conjunta de experimentos desbalanceados e suas implicações em ensaios de VCU / Cristiane Rosa Adams. -- 2020.

51 p.

Orientador: Jefferson Luís Meirelles Coimbra

Coorientador: Sydney Antonio Frehner Kavalco

Dissertação (mestrado) -- Universidade do Estado de Santa

Catarina, Centro de Ciências Agroveterinárias, Programa de Pós-Graduação em Produção Vegetal, Lages, 2020.

1. Competição de cultivares. 2. Decomposição dos quadrados médios. 3. Grupos de experimentos. 4. Esperanças matemáticas. I. Coimbra, Jefferson Luís Meirelles. II. Kavalco, Sydney Antonio Frehner. III. Universidade do Estado de Santa Catarina, Centro de Ciências Agroveterinárias, Programa de Pós-Graduação em Produção Vegetal. IV. Título.

**CRISTIANE ROSA ADAMS**

**ANÁLISE CONJUNTA DE EXPERIMENTOS DESBALANCEADOS E SUAS  
IMPLICAÇÕES EM ENSAIOS DE VCU**

Dissertação apresentada ao Programa de Pós-Graduação em Produção Vegetal da Universidade do Estado de Santa Catarina, como requisito parcial para obtenção do grau de Mestre em Produção Vegetal.

**Banca Examinadora**

Orientador: \_\_\_\_\_

Dr. Jefferson Luis Meirelles Coimbra  
Universidade do Estado de Santa Catarina (UDESC)

*Jefferson L. M. Coimbra*  
PROF. UDESC  
DR. MELHORAMENTO PLANTAS

Membro: \_\_\_\_\_

Dr. Altamir Frederico Guidolin  
Universidade do Estado de Santa Catarina (UDESC)

Membro: \_\_\_\_\_

Dra. Simone Silmara Werner  
Empresa de Pesquisa Agropecuária e Extensão Rural de Santa Catarina (EPAGRI)

**Lages, 20 de fevereiro de 2020**



Dedico à meus pais, Arnaldo e Salei,  
que não mediram esforços para que  
eu chegasse até aqui.



## AGRADECIMENTOS

À Deus, por tudo.

Aos meus pais, Arnaldo e Salei e meu irmão Luiz Carlos, por estarem sempre presentes, mesmo que a quilômetros de distância, em todas as etapas da minha vida, comemorando minhas vitórias e me apoiando quando as coisas não vão muito bem. Nunca haverá palavras suficientes que consigam representar o tamanho do amor e gratidão que tenho por vocês. Devo tudo que fui, sou e ainda serei à vocês. Amo vocês incondicionalmente!

Aos meus Professores Dr. Jefferson Luís Meirelles Coimbra e Dr. Altamir Guidolin por acompanharem esta minha jornada em cada passo, pela amizade, orientação e por todos os ensinamentos que refletiram tanto na vida pessoal quanto acadêmica e profissional.

Aos amigos e colegas do Programa de Pós Graduação em Produção Vegetal.

Aos membros do Instituto de Melhoramento e Genética Molecular – Imagem, sejam bolsistas de IC, mestrandos e doutorandos, pelo convívio e por tornarem a árdua tarefa de campo mais divertida e leve. Em especial, à Rúbia e Rita, parceiras de chimarrão, com quem tive oportunidade de dividir baia, aflições, conquistas e dar muitas risadas.

À minhas amigas que sempre me apoiaram, acreditaram em mim e estiveram presentes, mesmo que os quilômetros impedissem a presença física.

À CAPES pela concessão de bolsa de estudos.

À Empresa de Pesquisa Agropecuária e Extensão Rural de Santa Catarina – EPAGRI pela parceria e ao Pesquisador Dr. Sydney Antonio Frehner Kavalco pela coorientação.

À banca examinadora pelas sugestões e contribuições.

Ao Centro de Ciências Agroveterinárias da Universidade do Estado de Santa Catarina – CAV/UDESC pela oportunidade de realização de mestrado, pelo ensino gratuito e de qualidade.

À todas aquelas pessoas que contribuíram, de forma direta ou indireta, tanto para minha formação quanto para a realização deste trabalho.

Muito Obrigada!





*Ninguém ignora tudo.  
Ninguém sabe tudo.  
Todos nós sabemos alguma coisa.  
Todos nós ignoramos alguma coisa.  
Por isso aprendemos sempre!*

*Paulo Freire*



## RESUMO

Os ensaios para determinação do Valor de Cultivo e Uso – VCU, que são necessários para a liberação de uma nova cultivar ao mercado, frequentemente apresentam desbalanceamento para o fator genótipo quando considerados dados referentes à alguns anos. À medida que genótipos vão sendo considerados obsoletos e retirados dos ensaios, outros genótipos vão sendo inseridos para substituição destes. Nesta situação, ao não considerar o desbalanceamento em suas análises, os pesquisadores podem vir a cometer equívocos, pois os testes de hipóteses podem ser comprometidos e gerar estimativas não fiéis do valor genético. Assim, foram conduzidos dois trabalhos, os quais objetivam: *i)* Avaliar diferentes níveis de desbalanceamento do fator genótipo e a consideração do resíduo experimental apropriado na análise de variância; e *ii)* Verificar as implicações do desbalanceamento do fator genótipo na análise e identificação de genótipos superiores em ensaios de competição de linhagens. Para tanto, no primeiro trabalho foram utilizados dados referentes ao rendimento de grãos de 14 genótipos de feijão provenientes de ensaios de VCU conduzidos nas safras de 14/15 e 15/16 nos municípios catarinenses de Canoinhas, Chapecó, Lages e Ponte Serrada. Para verificar a influência do desbalanceamento foram propostos e simulados quatro níveis, nos quais o número de genótipos comuns e não comuns aos anos era alterado. O desbalanceamento se deu pela remoção de determinado genótipo em uma das safras. Para melhor compreender o desbalanceamento foi adotada a decomposição da variância oriunda dos fatores desbalanceados em grupo dos genótipos comuns, grupo dos genótipos não comuns e o contraste entre estes dois grupos. Ainda, visto a necessidade da composição de resíduos apropriados para compor o denominador do teste F, foram verificadas as esperanças matemáticas dos quadrados médios e os graus de liberdade estimados à partir da fórmula de Satterthwaite. Resultados distintos na análise de variância puderam ser verificados quando considerado o desbalanceamento. O fator genótipo, que inicialmente apresentava diferenças significativas entre os genótipos passou a não mais apresentar diferença, indicando a similaridade dos genótipos avaliados. O contraste entre os grupos foi significativo em todos os níveis de desbalanceamento, sugerindo a necessidade da avaliação de cada grupo individualmente. No segundo trabalho foram utilizados dados referentes ao rendimento de grãos de 22 genótipos, conduzidos em ensaios de VCU nas safras de 12/13 e 13/14 nos municípios de Canoinhas, Lages e Ponte Serrada. O desbalanceamento correspondeu à dois genótipos que foram retirados dos ensaios na safra 13/14 e outros dois genótipos que foram inseridos ao sistema de avaliação nesta safra. Após a decomposição dos fatores e consideração do resíduo apropriado, verificou-se a significância para a interação tripla entre local, ano e genótipo. Procedeu-se sua decomposição para estudar os efeitos simples. Como não foi verificada significância para o grupo dos genótipos não comuns, aplicou-se o teste de médias apenas para os genótipos pertencentes ao grupo de genótipos comuns. Foi possível identificar apenas um genótipo que apresentou superioridade em dois dos seis ambientes. Para os dois trabalhos, a utilização dos denominadores apropriados para os testes de hipóteses e a consideração adequada dos fatores desbalanceados e sua decomposição dos graus de liberdade constituem uma alternativa promissora frente à complexidade dos dados desbalanceados de genótipos avaliados em ensaios de VCU.

**Palavras-chave:** Competição de cultivares. Decomposição dos quadrados médios. Grupos de experimentos. Esperanças matemáticas.



## ABSTRACT

The tests to determine the Cultivation and Use Value - VCU, which are necessary for the release of a new cultivar to the market, frequently present imbalance for the genotype factor when considering data referring to some years. As genotypes are considered obsolete and removed from the assays, other genotypes are being inserted to replace them. In this situation, by not considering the imbalance in their analyzes, researchers may come to misunderstandings, as hypothesis tests can be compromised and generate unreliable estimates of genetic value. Thus, two studies were conducted, which aim to: *i*) Assess different levels of imbalance of the genotype factor and the consideration of the appropriate experimental residue in the analysis of variance; and *ii*) Verify the implications of the imbalance of the genotype factor in the analysis and identification of superior genotypes in line competition tests. For this purpose, in the first work, data referring to the grain yield of 14 bean genotypes from VCU tests conducted in the 14/15 and 15/16 seasons in the municipalities of Canoinhas, Chapecó, Lages and Ponte Serrada were used. To check the influence of the imbalance, four levels were proposed and simulated, in which the number of common and non-common genotypes over the years was changed. The imbalance was caused by the removal of a specific genotype in one of the harvests. To better understand the imbalance, the decomposition of the variance from the unbalanced factors was adopted into a group of common genotypes, a group of non-common genotypes and the contrast between these two groups. Also, given the need for the composition of appropriate residues to compose the denominator of the F test, the mathematical hopes of the mean squares and the degrees of freedom estimated from the Satterthwaite formula were verified. Different results in the analysis of variance could be verified when considering the imbalance. The genotype factor, which initially showed significant differences between the genotypes, no longer shows any difference, indicating the similarity of the evaluated genotypes. The contrast between groups was significant at all levels of imbalance, indicating the need to assess each group individually. In the second work, data referring to grain yield of 22 genotypes were used, conducted in VCU tests in the 12/13 and 13/14 crops in the municipalities of Canoinhas, Lages and Ponte Serrada. The imbalance corresponded to two genotypes that were removed from the trials in the 13/14 crop and two other genotypes were inserted into the evaluation system in this crop. After the decomposition of the factors and consideration of the appropriate residue, the significance for the triple interaction between place, year and genotype was verified. It was decomposed to study the simple effects. As no significance was found for the group of non-common genotypes, the means test was applied only for genotypes belonging to the group of common genotypes. It was possible to identify only one genotype that showed superiority in two of the six environments. For both studies, the use of the appropriate denominators for hypothesis testing and the proper consideration of unbalanced factors and their decomposition of degrees of freedom are a promising alternative in view of the complexity of the unbalanced data of genotypes evaluated in VCU assays.

**Keywords:** Cultivar competition. Decomposition of the middle squares. Experiment groups. Mathematical expectations.



## LISTA DE TABELAS

Tabela 1 -	Análise de variância para o rendimento de grãos ( $\text{kg ha}^{-1}$ ) de quatro grupos de experimentos com desbalanceamento de genótipos de feijão avaliados no ensaio de Valor de Cultivo e Uso (VCU).....	26
Tabela 2 -	Estatísticas para o teste $F$ dos efeitos que compõe a análise de variância de grupos de experimentos com genótipos de feijão comuns ( $G_c$ ) e não comuns ( $G_{nc}$ ) aos anos de avaliação de ensaios de Valor de Cultivo e Uso (VCU).....	28
Tabela 3 -	Resumo das esperanças matemáticas dos quadrados médios ( $E(QM)$ ) de grupos de experimentos com genótipos de feijão comuns ( $G_c$ ) e não comuns ( $G_{nc}$ ) aos anos de avaliação de ensaios de Valor de Cultivo e Uso (VCU).....	29
Tabela 4 -	Análise de variância para o rendimento de grãos ( $\text{kg ha}^{-1}$ ) de quatro grupos de experimentos com desbalanceamento de genótipos de feijão avaliados no ensaio de Valor de Cultivo e Uso (VCU). Análise proposta para a decomposição dos graus de liberdade (GL) do fator genótipo em: comuns ( $G_c$ ) e não comuns ( $G_{nc}$ ).30	
Tabela 5 -	Análise de variância para rendimento de grãos de feijão avaliados em ensaios de VCU sem a consideração do desbalanceamento do fator genótipo.....	36
Tabela 6 -	Análise de variância para rendimento de grãos de feijão avaliados em ensaios de VCU com a decomposição do fator desbalanceado em genótipos comuns ( $G_c$ ) e não comuns ( $G_{nc}$ ).....	38
Tabela 7 -	Estatísticas para o teste $F$ dos efeitos que compõe a análise de variância com genótipos de feijão comuns ( $G_c$ ) e não comuns ( $G_{nc}$ ) aos anos de avaliação de ensaios de Valor de Cultivo e Uso (VCU).....	39
Tabela 8 -	Esperanças matemáticas dos quadrados médios ( $E(QM)$ ) de experimentos com genótipos de feijão comuns ( $G_c$ ) e não comuns ( $G_{nc}$ ) aos anos de avaliação de ensaios de Valor de Cultivo e Uso (VCU).....	39
Tabela 9 -	Análise da variação do caráter rendimento de grãos de feijão dos genótipos comuns ( $G_c$ ) com a decomposição da variação atribuível aos anos para a combinação dos níveis de genótipos e locais.....	41
Tabela 10 -	Análise da variação do caráter rendimento de grãos de feijão dos genótipos comuns ( $G_c$ ) com a decomposição da variação atribuível aos locais para a combinação dos níveis de genótipos e anos.....	42
Tabela 11 -	Análise da variação do caráter rendimento de grãos de feijão dos genótipos comuns ( $G_c$ ) com a decomposição da variação atribuível aos genótipos para a combinação dos níveis de locais e anos.....	42
Tabela 12 -	Rendimento médio de grãos dos genótipos comuns, testemunhas e genótipos não comuns para o caráter rendimento de grãos de feijão avaliados nas safras de 2012/13 e 2013/14 nos locais Canoinhas, Lages e Ponte Serrada.....	44





## SUMÁRIO

<b>1</b>	<b>INTRODUÇÃO GERAL.....</b>	<b>19</b>
<b>2</b>	<b>CAPÍTULO I - ANÁLISE DE GRUPOS DE EXPERIMENTOS COM GENÓTIPOS NÃO COMUNS AOS AMBIENTES.....</b>	<b>23</b>
2.1	RESUMO.....	23
2.2	INTRODUÇÃO.....	23
2.3	MATERIAL E MÉTODOS.....	25
2.4	RESULTADOS E DISCUSSÃO.....	26
<b>3</b>	<b>CAPÍTULO II - DESBALANCEAMENTO DO FATOR GENÓTIPO E SEUS REFLEXOS NO LANÇAMENTO DE CULTIVARES.....</b>	<b>33</b>
3.1	RESUMO.....	33
3.2	INTRODUÇÃO.....	33
3.3	MATERIAL E MÉTODOS.....	34
3.4	RESULTADOS E DISCUSSÃO.....	366
<b>4</b>	<b>CONCLUSÃO GERAL.....</b>	<b>47</b>
	<b>REFERÊNCIAS.....</b>	<b>48</b>



## 1 INTRODUÇÃO GERAL

O feijão possui destaque na agricultura brasileira, sendo cultivado principalmente por pequenos e médios agricultores. Além de sua importância econômica, representa também um importante alimento na dieta da maioria da população, por ser rico em proteínas e minerais, sendo consumido em praticamente todos os estados do país (BALDISSERA et al., 2012; ZANELLA et al., 2019). No estado de Santa Catarina, o feijão é cultivado sob diferentes condições edafoclimáticas. Assim, há grande variação no rendimento de grãos, não somente em função dos sistemas de cultivo e níveis de investimento, mas também em consequência das condições que cada ambiente apresenta (BACKES et al., 2005; DA ROCHA et al., 2009). Isso resulta em rendimento de grãos médio instável ao longo do anos, refletindo a sensibilidade dos genótipos às variações de ambiente (PEREIRA et al., 2016).

Devido a essa grande variabilidade ambiental à qual o feijão é submetido, a avaliação da manifestação fenotípica é muito importante na recomendação de cultivares e programas de melhoramento. O melhoramento é a principal chave para melhoria do desempenho produtivo e tecnológico das plantas, constituindo como uma ferramenta que objetiva a seleção de genótipos com alto rendimento de grãos, estáveis e adaptáveis. Para o sucesso efetivo de um programa de melhoramento de plantas, novos genótipos devem ser diferenciados dos já existentes, seja pelo maior rendimento de grãos, seja por mudanças nos caracteres agrônômicos. Ainda, uma nova cultivar deve atender à demanda de agricultores e consumidores, combinando as melhores qualidades tecnológicas, nutricionais e culinárias (BERTOLDO et al., 2014). Nos programas de melhoramento, o conhecimento da variabilidade genética é de grande interesse para os pesquisadores, uma vez que a variabilidade é fundamental para o sucesso de um trabalho de seleção (ANDRADE, 2019).

Assim, após a identificação de linhagens promissoras, estas devem ser avaliadas e 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). Para que o melhorista possua dados fidedignos relacionados ao genótipo candidato à lançamento, é necessário que o experimento seja repetido em distintos ambientes. Esta exigência de condução é prevista pelo Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento (MAPA), que corresponde ao órgão federal responsável pela indicação dos requisitos mínimos para inscrição no Registro Nacional de Cultivares (RNC). O RNC tem por finalidade habilitar previamente cultivares e espécies para a produção e a comercialização de sementes e mudas no País. Um dos requisitos para o registro de uma nova

cultivar consiste na determinação do Valor de Cultivo e Uso (VCU). Os ensaios de VCU devem obedecer aos critérios estabelecidos pelo MAPA e permitir a observação, mensuração e análise dos diferentes caracteres das distintas cultivares.

Atualmente são exigidos ensaios de VCU para 29 espécies vegetais. Os critérios mínimos a serem observados nestes ensaios são estabelecidos por portarias. A Instrução Normativa nº 25, de 23 de maio de 2006 altera a Portaria nº 294, de 1998 e estabelece os critérios para o ensaio de VCU exclusivamente para feijão. Assim sendo, estes ensaios deverão seguir algumas exigências, como: ser conduzidos em no mínimo três locais de importância para a cultura por época de semeadura, por estado. O período mínimo de realização é de dois anos. O delineamento experimental deverá ser de blocos casualizados com no mínimo três repetições, ou outro delineamento com igual ou superior precisão experimental. Cada parcela deverá ser constituída de no mínimo quatro fileiras de quatro metros, desprezando-se as duas fileiras laterais. Como testemunhas deverão ser utilizadas no mínimo duas cultivares já inscritas no RNC, preferencialmente por grupo de cor, seguindo as cultivares mais plantadas na região ou com maior potencial de rendimento de grãos. Os ensaios deverão ser analisados estatisticamente, sendo que serão considerados aqueles que apresentarem coeficiente de variação (CV) de no máximo 25% e *F* significativo a 5%. A avaliação da produtividade deve ser realizada através da média do peso total dos grãos das parcelas úteis, transformado para kg ha<sup>-1</sup>. As médias obtidas serão comparadas com as médias das testemunhas do ensaio, sendo possível a inscrição no RNC a cultivar que tenha obtido uma produtividade igual ou superior à média das cultivares testemunhas. Caso contrário, o interessado na inscrição deverá indicar a existência de outras características importantes que justifiquem a inclusão no RNC (BRASIL, 2006).

De todas as fases de um programa de melhoramento de plantas, a avaliação dos genótipos em diferentes ambientes representa a mais trabalhosa, onerosa e fundamental, podendo ser o tamanho do programa limitado pela capacidade de avaliação experimental. Por essa razão, experimentos de competição de cultivares devem ter precisão e validade apropriadas para que as diferenças fenotípicas representem os efeitos genotípicos e de ambiente (PIANA; DA SILVA; ANTUNES, 2007; BORNHOFEN et al., 2017). Assim, nestes ensaios vários cuidados são tomados durante a condução, como quanto ao delineamento e casualização experimental, para que o resultado represente realmente o desempenho dos materiais (BUSATO, 2013). Os ensaios de VCU são planejados para serem balanceados, pois a utilização do mesmo conjunto de genótipos e locais a cada ano, resultaria em um conjunto de dados perfeitamente equilibrado. Se todas as combinações dos níveis dos fatores estiverem presentes,

caracterizando portanto um conjunto de dados balanceado, as técnicas de análise de variância são amplamente conhecidas e os resultados obtidos são facilmente analisados por meio de algum sistema computacional para análises estatísticas (MANSO, 2004; SMITH; LIM; CULLIS, 2006; DE MELO, 2018).

Entretanto, muitas vezes os experimentos em melhoramento de plantas são desbalanceados e alguns genótipos não são testados em todas as combinações de locais e anos (ARCINIEGAS-ALARCÓN; GARCÍA-PEÑA; DIAS, 2011; CASANOVES; BALDESSARI; BALZARINI, 2005; YAN, 2015). Ou seja, genótipos deixam de entrar nos ensaios do ano seguinte por apresentarem desempenho similar ou inferior aos demais genótipos e testemunhas. Para substituição destes genótipos considerados obsoletos, novos genótipos são incorporados ao sistema de avaliação (SCHMIDT et al., 2019). Também, uma fração dos genótipos, quando considerados promissores, permanecem nos ensaios por mais de um ano (BORNHOFEN, 2015). O resultado desse procedimento de seleção é um conjunto de dados altamente desequilibrado, com células vazias na classificação local *vs* ano *vs* genótipo (PIEPHO; MÖHRING, 2006). Ao longo dos anos têm-se um grande desbalanceamento, dificultando a tomada de decisão do pesquisador (BUSATO, 2013). Ainda, dificulta a obtenção de valores genotípicos confiáveis, resultando em estimativas de ganhos incertas (BORNHOFEN, 2015). Isso é problemático porque muitas decisões críticas na pesquisa agrícola, incluindo a liberação de novas cultivares, devem ser baseadas na análise conjunta de dados de distintos anos. Assim, genótipos comuns a dois ou mais anos possuem um maior número de informações associados a eles, o que possibilita a adoção da informação de diferentes ensaios para a seleção dos melhores genótipos (PEREIRA, 2016). Portanto, dados desbalanceados de vários anos se tornam um fator limitante importante na realização de análises combinadas (YAN, 2013).

Para o melhoramento, há grande interesse na análise de grupos de experimentos, sendo uma avaliação conjunta capaz de permitir tomar decisões abrangentes a toda uma região a partir da instalação de um mesmo experimento em diversos locais de interesse do pesquisador. A análise de variância para conjuntos de experimentos em esquema fatorial é de simples aplicabilidade e amplamente informativa com dados balanceados, mas pode causar grandes equívocos por parte dos pesquisadores na presença de dados desbalanceados (DE MELO et al., 2019). Esta análise suscita dificuldades metodológicas, principalmente as que decorrem de estrutura de dados incompleta. Esse problema quando não é ignorado pelo pesquisador, em geral é tratado de maneira superficial (PIANA; DA SILVA; ANTUNES, 2012). Nesta situação (fatoriais desbalanceados), destrói-se a ortogonalidade e os cálculos das somas de quadrados tornam-se mais complexos (HECTOR; FELTEN; SCHMID, 2010; WECHSLER, 1998),

podendo o valor fenotípico não ser uma estimativa fiel do valor genético (BORGES et al., 2009). Às vezes, quando se tem um grande número de observações faltantes, algumas funções paramétricas não são estimáveis e um cálculo errado de graus de liberdade para as somas de quadrados pode gerar inferências inadequadas e conclusões pouco verdadeiras do experimento (ARCINIEGAS-ALARCÓN, 2008). Assim, experimentos desbalanceados são usualmente obtidos e nem sempre a análise estatística convencional pode ser realizada diretamente (ARCINIEGAS-ALARCÓN; DIAS; GARCIA-PEÑA, 2014; BUSATO, 2013).

## 2 CAPÍTULO I - ANÁLISE DE GRUPOS DE EXPERIMENTOS COM GENÓTIPOS NÃO COMUNS AOS AMBIENTES

### 2.1 RESUMO

Ensaio de Valor de Cultivo e Uso (VCU) frequentemente são desbalanceados quanto à condução dos genótipos. Portanto, o objetivo foi avaliar diferentes níveis de desbalanceamento do fator genótipo e a consideração do resíduo experimental apropriado como denominador para o teste  $F$  na análise de variância. Foram amostrados 14 genótipos de feijão, sendo considerado o caráter rendimento de grãos. Quatro níveis de desbalanceamento foram simulados e fracionados os graus de liberdade do fator genótipo, em que apenas parte destes são comuns à todos os ambientes. O teste  $F$  foi construído mediante verificação das esperanças matemáticas dos quadrados médios e os graus de liberdade estimados à partir da fórmula de Satterthwaite. O contraste entre os grupos de genótipos comuns e não comuns foi altamente significativo pela estatística  $F$  para todos os níveis, caracterizando a influência do desbalanceamento no desempenho dos genótipos avaliados. Para todos os níveis houveram diferenças entre as análises quando considerado o resíduo apropriado, principalmente para genótipo, o qual não mais apresentou significância. A decomposição dos graus de liberdade aliada à consideração do resíduo experimental apropriado para testar as fontes de variação de interesse é uma alternativa vantajosa para contornar a complexidade do desbalanceamento, tornando confiáveis as inferências obtidas por meio da rede de ensaios.

**Palavras-chave:** Dados desbalanceados. Ensaio de VCU. Decomposição dos quadrados médios.

### 2.2 INTRODUÇÃO

A produção e comercialização de sementes e mudas no Brasil requer a inscrição no Registro Nacional de Cultivares (RNC), coordenado e administrado pelo Serviço Nacional de Proteção de Cultivares, órgão do Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento (MAPA). Um dos requisitos à inscrição de uma nova cultivar no RNC é a condução de ensaios de Valor de Cultivo e Uso (VCU). Para tanto, são desenvolvidos diversos ensaios objetivando avaliar o desempenho das linhagens para a seleção e recomendação segura de genótipos superiores com atributos agronômicos desejáveis, cujas normas variam de acordo com a cultura

avaliada. Para culturas como o feijão (*Phaseolus vulgaris* L.), os ensaios devem ser conduzidos em no mínimo três locais representativos para a cultura, durante dois anos agrícolas (BRASIL, 2006).

Para os programas de melhoramento de plantas, a etapa de condução e avaliação dos ensaios de VCU constitui-se como uma das mais onerosas, uma vez que diversos genótipos são avaliados em distintos ambientes (locais, anos, épocas de plantio, etc.). Quando o pesquisador dispõe de todas as combinações dos níveis dos fatores, caracterizando um conjunto de dados balanceado, as técnicas de análise de variância são amplamente difundidas e os resultados obtidos possuem fácil interpretação. Nesta situação, todos os efeitos são ortogonais, o que permite calcular cada soma de quadrados independentemente das demais. Entretanto, ao romper o requisito de balanceamento, destruindo também a ortogonalidade, as somas de quadrado tornam-se mais complexas (WECHSLER, 1998).

Desta forma, ao considerar uma série histórica de anos de condução de ensaios e o dinamismo dos programas de melhoramento de plantas quanto a inserção e/ou remoção de genótipos em avaliação, o desbalanceamento dos dados é algo intrínseco aos ensaios de VCU (SARINELLI et al., 2019; YAN, 2015). Os genótipos conduzidos podem ser classificados em dois grupos, não comuns ou comuns, quanto a sua presença em todos os ambientes de avaliação. Portanto, genótipos não comuns correspondem a genótipos que não estão presentes em todos os ambientes, de modo que os níveis dos fatores não se combinam em igual número. Enquanto que os genótipos comuns, correspondentes à testemunhas e genótipos de interesse, que permanecem por mais anos em avaliação, apresentam uma estrutura de dados balanceada.

Existem algumas abordagens na literatura que buscam contornar esta situação de desbalanceamento, como a extração de um conjunto balanceado, que elimine os genótipos e/ou ambientes não comuns (CECCARELLI; GRANDO; BAUM, 2007; YAN et al., 2011). Porém, assim uma gama muito grande de dados coletados não é devidamente aproveitada por não apresentar o balanceamento. Isso acaba causando desperdício de informações, recursos, tempo, e ainda, pode resultar na recomendação inapropriada de genótipos.

A atual forma de análise dos ensaios de VCU não considera o fato dos genótipos serem comuns ou não comuns aos anos de avaliação. Assim, procede-se a análise considerando o número total de genótipos, ignorando o desbalanceamento. Mesmo que o número de genótipos em avaliação permaneça constante em todos os anos, ou seja, presente o mesmo  $n$  para este fator, a classificação em comum e não comum pode causar influência na interpretação dos resultados obtidos a partir da análise de variância. Alguns autores já demonstraram essa influência ao trabalhar com locais não comuns aos anos de avaliação, porém com genótipos



comuns (DE MELO et al., 2019; IGNACZAK; SILVA, 1978). Desta forma, o objetivo foi avaliar diferentes níveis de desbalanceamento do fator genótipo e a consideração do resíduo experimental apropriado na análise de variância.

### 2.3 MATERIAL E MÉTODOS

Foram amostrados 14 genótipos de feijão avaliados nos ensaios de VCU, provenientes da rede de experimentação constituída pela Empresa de Pesquisa Agropecuária e Extensão Rural de Santa Catarina (EPAGRI) em parceria com a Universidade do Estado de Santa Catarina (UDESC). Os ensaios foram conduzidos em quatro municípios de Santa Catarina, sendo eles Canoinhas (CA), Chapecó (CH), Lages (LA) e Ponte Serrada (PS), durante duas safras (2014/15 e 2015/16). Os ensaios foram conduzidos seguindo as normas determinadas pelo MAPA, sendo mensurado o caráter rendimento de grãos em quilogramas por hectare ( $\text{kg ha}^{-1}$ ).

O desbalanceamento foi simulado alterando o número de genótipos comuns ( $G_c$ ) e não comuns ( $G_{nc}$ ) em cada análise, mantendo sempre 14 genótipos por análise. Foram formados quatro grupos, os quais são denominados e constituídos por: dez genótipos comuns e quatro genótipos não comuns ( $10G_c4G_{nc}$ ); oito genótipos comuns e seis genótipos não comuns ( $8G_c6G_{nc}$ ); seis genótipos comuns e oito genótipos não comuns ( $6G_c8G_{nc}$ ); e quatro genótipo comuns e dez genótipos não comuns ( $4G_c10G_{nc}$ ).

O seguinte modelo foi adotado:

$$Y_{ijk} = \mu + L_i + A_j + G_k + (LA)_{ij} + (LG)_{ik} + (AG)_{jk} + (LAG)_{ijk} + e_{ijk}$$

em que  $Y_{ijk}$  é a média da variável resposta do genótipo  $k$ , no local  $i$  e no ano  $j$ ;  $\mu$  representa o efeito médio geral;  $L_i$  o efeito do local  $i$  ( $i = 1, \dots, 4$ );  $A_j$  o efeito do ano  $j$  ( $j = 1, 2$ );  $G_k$  o efeito do genótipo  $k$  ( $k = 1, \dots, 14$ );  $(LA)_{ij}$  o efeito da interação do local  $i$  com o ano  $j$ ;  $(LG)_{ik}$  o efeito da interação do local  $i$  com o genótipo  $k$ ;  $(AG)_{jk}$  o efeito do ano  $j$  com o genótipo  $k$ ;  $(LAG)_{ijk}$  o efeito da interação do local  $i$  com o ano  $j$  e o genótipo  $k$  e  $e_{ijk}$  refere-se ao efeito do resíduo.

Para compreender o desbalanceamento dos dados foi adotada a decomposição dos fatores conforme proposto por Ignaczak e Silva (1978). Esta metodologia propõe que os fatores principais desbalanceados e suas interações sejam decompostas em três componentes: variância entre os genótipos comuns ( $G_c$ ); variância entre os genótipos não comuns ( $G_{nc}$ ) e o contraste entre os grupos de genótipos comuns *versus* não comuns ( $G_c$  vs  $G_{nc}$ ). Os graus de liberdade dos fatores considerando os diferentes níveis de desbalanceamento foram estimados a partir da

fórmula aproximada de Satterthwaite (1946). As esperanças matemáticas dos quadrados médios ( $E(QM)$ ) foram utilizadas para verificar o quadrado médio do resíduo apropriado para análise de cada fator e o respectivo teste  $F$  aproximado.

## 2.4 RESULTADOS E DISCUSSÃO

A dinâmica dos programas de melhoramento exige dos pesquisadores certa flexibilidade para lidar com a inserção e remoção de genótipos dos ensaios ao longo dos anos. De maneira geral, ensaios de VCU são desbalanceados quanto ao número de genótipos avaliados. Porém, as análises estatísticas atualmente realizadas não consideram o desbalanceamento e as possíveis influências que este possa causar nos resultados obtidos. Desta forma, são apresentadas quatro análises de variância (Anova), correspondentes a quatro níveis de desbalanceamento, que simulam diferentes combinações de genótipos comuns ( $G_c$ ) e não comuns ( $G_{nc}$ ) aos anos de condução de ensaios de VCU (Tabela 1). É possível verificar que empregando a estimativa do resíduo geral da análise global como denominador para o cálculo da estatística  $F$ , há significância para todos os fatores principais e para as interações entre local e ano ( $L \times A$ ) e entre genótipo e local ( $G \times L$ ) em todos os níveis, com exceção desta última interação, que teve sua significância detectada apenas nos últimos dois grupos de análises ( $6G_c8G_{nc}$  e  $4G_c10G_{nc}$ ). Estes resultados evidenciam que as diferentes constituições genotípicas avaliadas revelam desempenho significativamente diferente entre os ambientes avaliados (locais e anos).

Tabela 1 – Análise de variância para o rendimento de grãos ( $kg\ ha^{-1}$ ) de quatro grupos de experimentos com desbalanceamento de genótipos de feijão avaliados no ensaio de Valor de Cultivo e Uso (VCU).

FV	$10G_c4G_{nc}$		$8G_c6G_{nc}$		$6G_c8G_{nc}$		$4G_c10G_{nc}$	
	GL	QM	GL	QM	GL	QM	GL	QM
Local (L)	3	12.217.880*	3	11.088.496*	3	9.890.836*	3	9.337.087*
Ano (A)	1	28.146.154*	1	21.312.072*	1	11.231.708*	1	6.645.747*
L x A	3	10.790.677*	3	8.770.334*	3	7.993.447*	3	5.826.702*
Genótipo (G)	13	1.271.938*	13	1.381.350*	13	1.843.956*	13	2.019.232*
G x L	39	248.491	39	334.746	39	396.585*	39	476.219*
G x A	9	299.388	7	364.274	5	174.253	3	31.791
L x A x G	27	168.201	21	194.275	15	134.076	9	141.952
Total	95	1.375.096	87	1.362.424	79	1.357.028	71	1.384.966

Fonte: Elaborada pela autora, 2019. \* Significativo a 5% de erro pelo teste  $F$ . Teste de hipóteses conforme resíduo geral.

Em análises de variância usuais, o resíduo experimental utilizado com denominador para confecção dos testes de hipóteses é o produto de todos os efeitos principais (o resíduo geral da Anova). Este resíduo não leva em consideração as diferenças de unidade que existe entre os fatores, ou seja, não considera a presença do desbalanceamento (Tabela 1). Desta forma, se o resíduo utilizado no teste de hipótese não for considerado de maneira apropriada, os testes de significância, ou as razões de variância, também não serão. Assim, usualmente são obtidas estimativas viesadas, conduzindo o pesquisador a tomar uma decisão distorcida à respeito de suas constituições genéticas em avaliação.

Para superar estes problemas, a estatística  $F$  aproximada pôde ser obtida por meio da construção de combinações lineares de quadrados médios (Tabela 2). Este processo exige que sejam inspecionadas as esperanças matemáticas dos quadrados médios  $E(QM)$ . Com os valores esperados de cada fator, o quadrado médio de interesse pode ser corretamente dividido por um quadrado médio residual. Portanto, considerando a condição de avaliação dos genótipos de VCU (desbalanceamento), foram obtidos resíduos apropriados para testar cada fonte de variação pelas combinações lineares de quadrados médios (Tabela 3).

De posse das  $E(QM)$  foi possível identificar que fundamentalmente, os testes de significância podem ser alterados se não for levado em consideração os fatores desbalanceados. Em uma situação em que houvessem apenas dados balanceados para o fator genótipo, por exemplo, a  $E(QM)$  seria composta pelas fontes de variação correspondentes às interações entre genótipo e ano ( $G \times A$ ), local e genótipo ( $L \times G$ ), e pela interação tripla entre local, ano e genótipo ( $L \times A \times G$ ). Entretanto, em função do desbalanceamento dos dados, a  $E(QM)$  do fator genótipo apresenta adicionalmente as fontes ano ( $A$ ) e a interação entre local e ano ( $L \times A$ ) (Tabela 3). Essa inserção de fatores se justifica pois existem dados correspondentes à determinados genótipos que estão ausentes em algum dos anos. Deste modo, na composição das combinações de quadrados médios, é imprescindível considerar o fato do genótipo estar presente ou não em determinado ano, visto que as esperanças correspondem ao que se espera que ocorra com a média da variável resposta em questão. Assim, igualando as esperanças matemáticas do fator de interesse com a esperança do resíduo composto para tal, resta apenas um componente de variância, fornecendo assim um teste  $F$  adequado para avaliar o efeito do fator.

Tabela 2 – Estatísticas para o teste  $F$  dos efeitos que compõe a análise de variância de grupos de experimentos com genótipos de feijão comuns ( $G_c$ ) e não comuns ( $G_{nc}$ ) aos anos de avaliação de ensaios de Valor de Cultivo e Uso (VCU).

FV	10C4NC	8C6NC	6C8NC	4C10NC
Local (L)	$\frac{QM_L + \left(\frac{67}{60}\right) QM_{LAG}}{\left(\frac{6}{5}\right) QM_{LA} + \left(\frac{11}{12}\right) QM_{GcL}}$	$\frac{QM_L + \left(\frac{109}{88}\right) QM_{LAG}}{\left(\frac{11}{8}\right) QM_{LA} + \left(\frac{19}{22}\right) QM_{GcL}}$	$\frac{QM_L + \left(\frac{22}{15}\right) QM_{LAG}}{\left(\frac{5}{3}\right) QM_{LA} + \left(\frac{4}{5}\right) QM_{GcL}}$	$\frac{QM_L + \left(\frac{71}{36}\right) QM_{LAG}}{\left(\frac{9}{4}\right) QM_{LA} + \left(\frac{13}{18}\right) QM_{GcL}}$
Ano (A)	$\frac{QM_A + QM_{LAG}}{QM_{LA} + QM_{GA}}$	$\frac{QM_A + QM_{LAG}}{QM_{LA} + QM_{GA}}$	$\frac{QM_A + QM_{LAG}}{QM_{LA} + QM_{GA}}$	$\frac{QM_A + QM_{LAG}}{QM_{LA} + QM_{GA}}$
L x A	$\frac{QM_{LA}}{QM_{LAG}}$	$\frac{QM_{LA}}{QM_{LAG}}$	$\frac{QM_{LA}}{QM_{LAG}}$	$\frac{QM_{LA}}{QM_{LAG}}$
Genótipo (G)	$\frac{QM_G + \left(\frac{769}{902}\right) QM_{LAG}}{\left(\frac{1}{65}\right) QM_A + \left(\frac{64}{65}\right) QM_{GA} + \left(\frac{769}{902}\right) QM_{GcL}}$	$\frac{QM_G + \left(\frac{676}{867}\right) QM_{LAG}}{\left(\frac{3}{104}\right) QM_A + \left(\frac{101}{104}\right) QM_{GA} + \left(\frac{676}{867}\right) QM_{GcL}}$	$\frac{QM_G + \left(\frac{1397}{1974}\right) QM_{LAG}}{\left(\frac{2}{39}\right) QM_A + (39) QM_{GA} + \left(\frac{1397}{1974}\right) QM_{GcL}}$	$\frac{QM_G + \left(\frac{1199}{1883}\right) QM_{LAG}}{\left(\frac{5}{52}\right) QM_A + \left(\frac{47}{52}\right) QM_{GA} + \left(\frac{1199}{1883}\right) QM_{GcL}}$
$G_c$	$\frac{QM_{Gc} + QM_{LAG}}{QM_{GcL} + QM_{GA}}$	$\frac{QM_{Gc} + QM_{LAG}}{QM_{GcL} + QM_{GA}}$	$\frac{QM_{Gc} + QM_{LAG}}{QM_{GcL} + QM_{GA}}$	$\frac{QM_{Gc} + QM_{LAG}}{QM_{GcL} + QM_{GA}}$
$G_{nc}$	$\frac{QM_A + \left(\frac{14}{15}\right) QM_{GA} + \left(\frac{1}{2}\right) QM_{GcL} - \left(\frac{1}{2}\right) QM_{LAG}}{QM_{GA} + \left(\frac{7}{12}\right) QM_{GcL}}$	$\frac{QM_A + \left(\frac{37}{40}\right) QM_{GA} + \left(\frac{1}{2}\right) QM_{GcL} - \left(\frac{1}{2}\right) QM_{LAG}}{QM_{GA} + \left(\frac{7}{11}\right) QM_{GcL}}$	$\frac{QM_A + \left(\frac{19}{21}\right) QM_{GA} + \left(\frac{1}{2}\right) QM_{GcL} - \left(\frac{1}{2}\right) QM_{LAG}}{QM_{GA} + \left(\frac{7}{10}\right) QM_{GcL}}$	$\frac{QM_A + \left(\frac{31}{36}\right) QM_{GA} + \left(\frac{1}{2}\right) QM_{GcL} - \left(\frac{1}{2}\right) QM_{LAG}}{QM_{GA} + \left(\frac{7}{9}\right) QM_{GcL}}$
$G_c$ vs $G_{nc}$	$\frac{QM_{GcGnc} + \left(\frac{7}{12}\right) QM_{LAG}}{QM_{GA} + \left(\frac{7}{12}\right) QM_{GcL}}$	$\frac{QM_{GcGnc} + \left(\frac{7}{11}\right) QM_{LAG}}{QM_{GA} + \left(\frac{7}{11}\right) QM_{GcL}}$	$\frac{QM_{GcGnc} + \left(\frac{7}{10}\right) QM_{LAG}}{QM_{GA} + \left(\frac{7}{10}\right) QM_{GcL}}$	$\frac{QM_{GcGnc} + \left(\frac{7}{9}\right) QM_{LAG}}{QM_{GA} + \left(\frac{7}{9}\right) QM_{GcL}}$
G x L	$\frac{QM_{GL}}{\left(\frac{1}{65}\right) QM_{LA} + \left(\frac{64}{65}\right) QM_{LAG}}$	$\frac{QM_{GL}}{\left(\frac{3}{104}\right) QM_{LA} + \left(\frac{101}{104}\right) QM_{LAG}}$	$\frac{QM_{GL}}{\left(\frac{2}{39}\right) QM_{LA} + \left(\frac{37}{39}\right) QM_{LAG}}$	$\frac{QM_{GL}}{\left(\frac{5}{52}\right) QM_{LA} + \left(\frac{47}{52}\right) QM_{LAG}}$
$G_c$ x L	$\frac{QM_{GcL}}{QM_{LAG}}$	$\frac{QM_{GcL}}{QM_{LAG}}$	$\frac{QM_{GcL}}{QM_{LAG}}$	$\frac{QM_{GcL}}{QM_{LAG}}$
$G_{nc}$ x L	$\frac{QM_{GncL}}{\left(\frac{1}{15}\right) QM_{LA} + \left(\frac{14}{15}\right) QM_{LAG}}$	$\frac{QM_{GncL}}{\left(\frac{3}{40}\right) QM_{LA} + \left(\frac{37}{40}\right) QM_{LAG}}$	$\frac{QM_{GncL}}{\left(\frac{2}{21}\right) QM_{LA} + \left(\frac{19}{21}\right) QM_{LAG}}$	$\frac{QM_{GncL}}{\left(\frac{5}{36}\right) QM_{LA} + \left(\frac{31}{36}\right) QM_{LAG}}$
$(G_c$ vs $G_{nc})$ x L	$\frac{QM_{(GcGnc)L}}{QM_{LAG}}$	$\frac{QM_{(GcGnc)L}}{QM_{LAG}}$	$\frac{QM_{(GcGnc)L}}{QM_{LAG}}$	$\frac{QM_{(GcGnc)L}}{QM_{LAG}}$
$G_c$ x A	$\frac{QM_{GA}}{QM_{LAG}}$	$\frac{QM_{GA}}{QM_{LAG}}$	$\frac{QM_{GA}}{QM_{LAG}}$	$\frac{QM_{GA}}{QM_{LAG}}$

Fonte: Elaborada pela autora, 2019.

Tabela 3 – Resumo das esperanças matemáticas dos quadrados médios (E(QM)) de grupos de experimentos com genótipos de feijão comuns ( $G_c$ ) e não comuns ( $G_{nc}$ ) aos anos de avaliação de ensaios de Valor de Cultivo e Uso (VCU).

FV	Esperanças matemáticas dos quadrados médios
Local (L)	$\sigma^2LAG + \left(\frac{2g_c g + g_1^2 + g_2^2}{g_t}\right) \sigma^2LA + \left(\frac{4g_c + g_1 + g_2}{g_t}\right) \sigma^2LG + g_t \sigma^2L$
Ano (A)	$\sigma^2LAG + l \sigma^2GA + g_c \sigma^2LA + (l(g_c)) \sigma^2A$
L x A	$\sigma^2LAG + g_c \sigma^2LA$
Genótipo (G)	$\sigma^2LAG + l \sigma^2GA + \left(\frac{g_1}{(g_c + g_1 + g_2) - 1}\right) \sigma^2LA + \left(l \left(\frac{g_1}{(g_c + g_1 + g_2) - 1}\right)\right) \sigma^2A + \left(\frac{4g_c + g_1}{g_t}\right) \sigma^2LG + \left(l \left(\frac{4g_c + g_1}{g_t}\right)\right) \sigma^2G$
$G_c$	$\sigma^2LAG + l \sigma^2GA + a \sigma^2LG + (l(a)) \sigma^2G$
$G_{nc}$	$\sigma^2LAG + l \sigma^2GA + \left(\frac{g_1}{(g_1 + g_2) - 1}\right) \sigma^2LA + \left(l \left(\frac{g_1}{(g_1 + g_2) - 1}\right)\right) \sigma^2A + \sigma^2LG + l \sigma^2G$
$G_c$ vs $G_{nc}$	$\sigma^2LAG + l \sigma^2GA + \left(\frac{g_c + g + g_1 + g_2}{g_t}\right) \sigma^2LG + \left(l \left(\frac{g_c + g + g_1 + g_2}{g_t}\right)\right) \sigma^2G$
G x L	$\sigma^2LAG + \left(\frac{g_1}{(g_c + g_1 + g_2) - 1}\right) \sigma^2LA + \left(\frac{4g_c + g_1}{g_t}\right) \sigma^2LG$
$G_c$ x L	$\sigma^2LAG + a \sigma^2LG$
$G_{nc}$ x L	$\sigma^2LAG + \left(\frac{g_1}{(g_1 + g_2) - 1}\right) \sigma^2LA + \sigma^2LG$
( $G_c$ vs $G_{nc}$ ) x L	$\sigma^2LAG + \left(\frac{g_c + g + g_1 + g_2}{g_t}\right) \sigma^2LG$
$G_c$ x A	$\sigma^2LAG + l \sigma^2GA$
L x A x $G_c$	$\sigma^2LAG$

Fonte: Elaborada pela autora, 2019. \*  $g_c$ : genótipos comuns aos dois anos.  $g_1$ : genótipos não comuns ao primeiro ano.  $g_2$ : genótipos não comuns ao segundo ano.  $g$ :  $g_c + g_1 + g_2$ .  $g_t$ : genótipos total.  $a$ : anos.  $l$ : local.

Para garantir uma comparação adequada entre os grupos de desbalanceamento, os autores deste trabalho propuseram uma constância do grau de liberdade para o fator genótipo (GL=13), alterando apenas o número de genótipos comuns e não comuns aos anos. À medida que os genótipos não comuns foram sendo acrescentados, houve uma tendência de incremento no valor do quadrado médio do fator genótipo e em seu percentual de representatividade dentro de cada nível. A representatividade do fator genótipo frente às demais fontes de variação da Anova correspondeu à 15% no primeiro nível (10 $G_c$ 4 $G_{nc}$ ), passando à 27% no último nível proposto (4 $G_c$ 10 $G_{nc}$ ). Este incremento, se deve à maior variação dentro do fator, ocasionada pelo desbalanceamento dos dados. Considerando a existência de um resíduo apropriado (observado pela inspeção das E(QM)) e para compreender a origem deste incremento em termos de valores de quadrados médios, deve ser realizada a decomposição dos graus de liberdade do fator genótipo em genótipos comuns, não comuns e verificado o contraste entre estes (Tabela 4).

Tabela 4 – Análise de variância para o rendimento de grãos ( $\text{kg ha}^{-1}$ ) de quatro grupos de experimentos com desbalanceamento de genótipos de feijão avaliados no ensaio de Valor de Cultivo e Uso (VCU). Análise proposta para a decomposição dos graus de liberdade (GL) do fator genótipo em: comuns ( $G_c$ ) e não comuns ( $G_{nc}$ ).

FV	10 $G_c$ 4 $G_{nc}$		8 $G_c$ 6 $G_{nc}$		6 $G_c$ 8 $G_{nc}$		4 $G_c$ 10 $G_{nc}$	
	GL	QM	GL	QM	GL	QM	GL	QM
Local (L)	3	12.217.880	3	11.088.496	3	9.890.836	3	9.337.087
Ano (A)	1	28.146.154	1	21.312.072	1	11.231.708	1	6.645.747
L x A	3	10.790.677*	3	8.770.334*	3	7.993.447*	3	5.826.702*
Genótipo (G)	13	1.271.938	13	1.381.350	13	1.843.956	13	2.019.232
$G_c$	9	448.727	7	501.195	5	409.062	3	346.411
$G_{nc}$	3	2.921.815	5	2.311.600	7	2.570.841	9	2.215.652
$G_c$ vs $G_{nc}$	1	3.731.213*	1	2.891.180*	1	3.930.234*	1	5.269.913*
G x L	39	248.491	39	334.746	39	396.585	39	476.219
$G_c$ x L	27	161.311	21	187.619	15	183.780	9	140.270
$G_{nc}$ x L	9	571.009	15	595.962	21	568.590	27	625.046
( $G_c$ vs $G_{nc}$ ) x L	3	65.554	3	58.552	3	256.567	3	144.621
$G_c$ x A	9	299.388	7	364.274	5	174.253	3	31.791
L x A x $G_c$	27	168.201	21	194.275	15	134.076	9	141.952
Total	95	1.375.096	87	1.362.424	79	1.357.028	71	1.384.966

Fonte: Elaborada pela autora, 2019. \* Significativo a 5% de erro pelo teste  $F$ . Teste de hipóteses conforme resíduo apropriado avaliado pela inspeção das E(QM).

Diferentemente da análise inicialmente apresentada, apenas a interação entre local e ano (LxA) e o contraste entre os grupos de genótipos comuns e não comuns ( $G_c$  vs  $G_{nc}$ ) revelaram valores significativos ( $p \leq 0.05$ ) para a estatística  $F$ , independentemente do grupo de desbalanceamento. A interação entre locais e anos (LxA) altamente significativa em todos os grupos, confirma a variabilidade do comportamento do rendimento de grãos dos genótipos ao longo dos anos. Este fato reforça a necessidade de serem considerados mais anos nas avaliações dos genótipos, pois os anos revelam características intrínsecas que impedem a sua repetição (Tabela 4).

Considerando ainda os quadrados médios correspondentes aos desdobramentos do fator genótipo, o contraste entre grupos de genótipos comuns e não comuns ( $G_c$  vs  $G_{nc}$ ) revelou o maior quadrado médio em todos os grupos de desbalanceamento (Tabela 4). Fato este se deve substancialmente em virtude da maior variância dos genótipos não comuns em relação aos comuns. Essa variação é atribuída à dinâmica dos genótipos nos ensaios de VCU, em que anualmente, os genótipos considerados inferiores são descartados em detrimento de genótipos mais produtivos, e ainda, a possibilidade de estar avaliando genótipos que não estejam completamente homocigotos. Isso provoca uma dispersão das médias dos genótipos. De modo contrário, os genótipos comuns (que geralmente são as testemunhas), presentes em todos os

ensaios, revelam elevada similaridade genética, comportamento mais estável, culminando em menor variância.

Ainda, é possível verificar que tanto dentro do grupo dos genótipos comuns quanto do grupo dos genótipos não comuns não foi encontrada diferença significativa entre os genótipos que os compõe. Já para o contraste entre os grupos de genótipos, foi possível a verificação de significância para todos os níveis de desbalanceamento. Essa significância indica que os grupos de genótipos apresentam comportamento distinto. Assim, fica evidente a necessidade de avaliar os genótipos separadamente de acordo com o grupo ao qual pertencem, considerando o resíduo apropriado, independentemente do número de genótipos não comuns.

Quando se dispõe de dados balanceados, as análises são relativamente simples. Mas, ao possuir dados desbalanceados, o pesquisador deve proceder a análise estatística com maior cautela. Interpretações viesadas quanto ao fator genótipo podem ser causadas pelo desbalanceamento, quando não for decomposto corretamente seus graus de liberdade e considerada sua estimativa apropriada do erro experimental. Na primeira situação apresentada, ao verificar a significância do fator genótipo – concluindo que pelo menos uma das constituições genéticas diverge significativamente das demais – o passo seguinte consistiria na realização de um teste de comparação de médias, para identificar o/os genótipo/s superior/es. Entretanto, considerando o desdobramento dos fatores desbalanceados e a utilização de um resíduo apropriado como testador (segunda situação), o fator genótipo não revelou valores significativos. Deste modo, não houve diferença significativa entre as constituições genéticas avaliadas. Ainda, a situação contrária também poderia ser verdadeira. Ao considerar o resíduo apropriado, os fatores de interesse poderiam ser significativos, e ao não se utilizar deste, o pesquisador seria levado a acreditar na ausência de variação significativa. Segundo De Melo *et al.* (2019), a consideração das verdadeiras fontes de variação fazem com que resultados fidedignos sejam obtidos.

De modo geral, ao realizar uma análise inapropriada e tirar conclusões acerca dos genótipos avaliados, existe a possibilidade de estar eliminando ou mantendo nos ensaios genótipos considerados semelhantes. Sendo os ensaios de competição de genótipos uma das etapas mais onerosas e decisivas em programas de melhoramento de plantas, a eficiência em sua avaliação deve ser potencializada. A correta composição do denominador que irá compor o teste F é essencial, pois qualquer procedimento posterior de comparações de médias (passo determinante em um ensaio de competição de genótipos), deve-se utilizar do resíduo experimental indicado na análise. Deste modo, a decomposição dos graus de liberdade, aliada

à consideração do resíduo apropriado, é uma alternativa mais adequada para contornar a complexidade do desbalanceamento de dados obtidos na rede de ensaios de VCU



### 3 CAPÍTULO II - DESBALANCEAMENTO DO FATOR GENÓTIPO E SEUS REFLEXOS NO LANÇAMENTO DE CULTIVARES

#### 3.1 RESUMO

Dados referentes à ensaios de Valor de Cultivo e Uso (VCU) constantemente apresentam desbalanceamento. Pesquisadores podem cometer equívocos desconsiderando esta situação em suas análises. Assim, o objetivo deste trabalho foi verificar as implicações do desbalanceamento do fator genótipo na análise e identificação de genótipos superiores em ensaios de competição de linhagens. Os dados correspondem a ensaios de VCU realizados durante dois anos em três locais. O desbalanceamento do fator genótipo ocorreu em todos os ambientes, de modo que dois genótipos foram conduzidos apenas em uma safra e outros dois conduzidos apenas na safra seguinte. O fator desbalanceado genótipo foi decomposto em grupo comum, grupo não comum e o contraste destes. A presença de interação tripla significativa conduziu à análise dos genótipos por ambiente. Dentre os genótipos, apenas um apresentou superioridade em dois dos seis ambientes. A consideração apropriada dos genótipos quanto à sua presença nos ensaios, a especificação do resíduo adequado e a verificação de quais genótipos estão sendo efetivamente considerados nas interações permite obter resultados mais fidedignos quanto aos genótipos superiores em ensaios de VCU.

**Palavras chave:** Ensaios de VCU. Decomposição de quadrados médios. Dados desbalanceados.

#### 3.2 INTRODUÇÃO

No melhoramento genético de plantas, a obtenção de cultivares superiores tem sido um desafio constante. Neste processo, uma das últimas etapas consiste na avaliação dos genótipos em um determinado número de locais, durante alguns anos. Para o feijão o Ministério da Agricultura determina que sejam conduzidos os ensaios de Valor de Cultivo e Uso (VCU) em no mínimo três locais representativos para a cultura, durante dois anos agrícolas e nas safras da região (BRASIL, 2006). A condução de ensaios de VCU tem por objetivo verificar a adaptabilidade e estabilidade dos genótipos quando submetidos à diferentes condições de ambiente. Além de ser uma das etapas mais onerosas no programa de melhoramento, constitui

um passo essencial, uma vez que a seleção e liberação de cultivares superiores depende destes ensaios.

Estes ensaios são planejados para serem balanceados, ou seja, todos os fatores combinados com todos os níveis dos outros fatores (ARCINIEGAS-ALARCÓN; GARCÍA-PEÑA; KRZANOWSKI, 2016). Entretanto, em função do desempenho do genótipo em cada ano, alguns deixam de participar dos ensaios nos anos seguintes, por apresentar desempenho insatisfatório. Em contrapartida, novos genótipos são inseridos nos ensaios e genótipos com desempenho superior são mantidos, sendo comuns a mais de um ano. Assim, no decorrer dos anos, esta alteração nos genótipos rompe o balanceamento e a ortogonalidade (BORGES et al., 2012; WECHSLER, 1998). Nesta situação, podem ser obtidas estimativas não fiéis do valor genético (DE MELO et al., 2019), dificultando a tomada de decisão por parte dos pesquisadores. A estrutura incompleta dos dados quando não é ignorada pelo pesquisador, em geral é tratada de maneira errônea, considerando o fator genótipo independente do desbalanceamento. Ao não considerar o desbalanceamento dos dados o pesquisador pode adotar procedimentos e tirar conclusões equivocadas sobre os genótipos (BORNHOFEN, 2015).

Sendo a correta discriminação dos genótipos superiores parte intrínseca de qualquer programa de melhoramento genético, a análise apropriada torna-se fundamental. É preciso avaliar os genótipos com precisão, de modo que os resultados obtidos representem o desempenho dos genótipos. Porém, quando há o desbalanceamento, algumas interações não são estimáveis na análise conjunta e um cálculo errôneo de graus de liberdade para as somas de quadrados pode gerar inferências inadequadas e conclusões pouco realistas sobre os ensaios. A decomposição dos fatores desbalanceados pode contribuir para a verdadeira estimação do valor genético, refletindo nas decisões de um melhorista de plantas (DE MELO et al., 2019). Deste modo, o objetivo foi verificar as implicações do desbalanceamento do fator genótipo na análise e identificação de genótipos superiores em ensaios de competição de linhagens.

### 3.3 MATERIAL E MÉTODOS

Os dados utilizados foram referentes ao rendimento de grãos de 22 genótipos de feijão avaliados nos ensaios de VCU conduzidos pela Empresa de Pesquisa Agropecuária e Extensão Rural de Santa Catarina (EPAGRI) em parceria com a Universidade do Estado de Santa Catarina (UDESC). Os genótipos incluem linhagens e cultivares comerciais, codificadas de G1 à G22. Os ensaios foram conduzidos em seis ambientes distintos, constituídos pelas safras de

2012/13 e 2013/14, em três locais de Santa Catarina, sendo eles Canoinhas (CA), Lages (LA) e Ponte Serrada (PS).

Conforme as recomendações do ensaio de VCU para a cultura do feijão, o delineamento experimental adotado foi de blocos casualizados, com quatro repetições. As parcelas continham quatro metros de comprimento, com espaçamento de 0.50 m entre linhas, possuindo quatro linhas, sendo computado o rendimento de grãos por parcela nas duas linhas centrais.

O seguinte modelo foi adotado:

$$Y_{ijkb} = \mu + B_b + L_i + A_j + G_k + (LA)_{ij} + (LG)_{ik} + (AG)_{jk} + (LAG)_{ijk} + e_{ijkb}$$

onde  $Y_{ijkb}$  é a média da variável resposta do genótipo  $k$ , no local  $i$  e no ano  $j$ ;  $\mu$  representa o efeito médio geral;  $B_b$  o efeito de bloco  $b$  ( $b = 1, \dots, 4$ );  $L_i$  o efeito do local  $i$  ( $i = 1, 2, 3$ );  $A_j$  o efeito do ano  $j$  ( $j = 1, 2$ );  $G_k$  o efeito do genótipo  $k$  ( $k = 1, \dots, 22$ );  $(LA)_{ij}$  o efeito da interação do local  $i$  com o ano  $j$ ;  $(LG)_{ik}$  o efeito da interação do local  $i$  com o genótipo  $k$ ;  $(AG)_{jk}$  o efeito do ano  $j$  com o genótipo  $k$ ;  $(LAG)_{ijk}$  o efeito da interação do local  $i$  com o ano  $j$  e o genótipo  $k$  e  $e_{ijkb}$  refere-se ao efeito do resíduo.

O desbalanceamento para o fator genótipo ocorreu em todos os ambientes, de modo que dois genótipos foram conduzidos apenas na safra 2012/13 e outros dois genótipos foram conduzidos apenas na safra 2013/14. Assim, foi adotada a decomposição dos graus de liberdade dos fatores conforme proposto por Ignaczak e Silva (1978). Para compor o teste  $F$  apropriado foram inspecionadas as esperanças matemáticas dos quadrados médios e constituídas combinações lineares para análise de cada fator após o desdobramento. Os respectivos graus de liberdade foram estimados a partir da fórmula aproximada de Satterthwaite (1946).

Nas normas estabelecidas pelo MAPA para ensaios de VCU não há referência à testes de comparação de médias. Entretanto, devido ao rendimento de grãos dos genótipos em avaliação ser comparado às cultivares testemunhas, foi adotado o teste de Dunnett a 5% de significância. Uma vez que este teste apresenta como restrição ao seu uso o fato de fazer comparações com uma única testemunha e devido aos ensaios de VCU possuírem mais de uma testemunha, a média destas foi utilizada para verificar a superioridade dos demais genótipos. Após análise das médias dos genótipos testemunhas (G1, G11, G15 e G16), verificou-se que não houve diferença entre elas, de modo que optou-se por tomar a média geral das testemunhas para fins de comparação.

### 3.4 RESULTADOS E DISCUSSÃO

A forma atualmente adotada de avaliação dos ensaios de VCU para registro de uma nova cultivar no Registro Nacional de Cultivares (RNC) apresenta apenas dois critérios relacionados à análise estatística: *i*) os ensaios não devem ultrapassar a estimativa de 25% para o coeficiente de variação (CV) e *ii*) os ensaios devem possuir estatística *F* significativa a 5% de probabilidade (BRASIL, 2006). Atendendo o disposto pelo MAPA, a análise conjunta apresentou CV =15.6%, conferindo precisão experimental desejável, tendo em vista que caracteres complexos, como o rendimento de grãos, são fortemente influenciados pelo ambiente. Com relação ao segundo critério, na análise de variância (Anova) sem considerar o desbalanceamento de dados, foi possível verificar a significância da estatística *F* ( $p \leq 0.05$ ) para todas as fontes de variação presentes, com exceção do bloco (Tabela 5).

Tabela 5 – Análise de variância para rendimento de grãos de feijão avaliados em ensaios de VCU sem a consideração do desbalanceamento do fator genótipo.

Fonte de Variação	Graus de Liberdade	Quadrado Médio	p
Bloco	3	321.744	0.2352
Local (L)	2	157.192.413	<.0001
Ano (A)	1	28.826.900	<.0001
L x A	2	1.860.362	0.0003
Genótipo (G)	21	2.553.093	<.0001
G x L	42	694.229	<.0001
G x A	17	609.037	0.0003
L x A x G	34	429.194	0.0023
Resíduo	357	225.808	
Total	479		

Fonte: Elaborada pela autora, 2019.

Foi possível identificar a presença de comportamento diferenciado entre os 22 genótipos avaliados, em função da estatística *F* altamente significativa ( $p < 0.0001$ ) (Tabela 5). A partir do resultado da análise de variância, é de interesse do pesquisador verificar onde encontram-se efetivamente as diferenças apontadas, uma vez que por meio da estatística *F* obtêm-se informações gerais relacionadas com o comportamento médio dos genótipos (BANZATTO; KRONKA, 1995). Assim, testes de comparações de médias seriam aplicados aos genótipos em avaliação. Porém, dentre os genótipos avaliados, dois foram retirados dos ensaios, de modo que apresentam informações correspondentes apenas à safra de 2012/13. Outros dois genótipos foram inseridos nos ensaios, possuindo informações referentes à safra de 2013/14 apenas, sendo denominados de genótipos não comuns. Comparar o fator genótipo como um todo (22

genótipos), sem considerar o desbalanceamento pode não ser apropriado. Devido a este desbalanceamento nos dados, alguns genótipos ( $G_c$ ) possuem um número maior de observações ( $n$ ) associadas à eles comparativamente aos demais ( $G_{nc}$ ). Essa diferença no número de observações que compõe o valor fenotípico de cada genótipo se deve aos níveis atribuídos aos genótipos não comuns, que não estão presentes em todas as combinações de locais e anos. Ao não conduzir os genótipos em todas as combinações de locais e anos, a obtenção de estimativas confiáveis à respeito destes é desfavorecida, resultando em ganhos incertos (BORNHOFEN, 2015). Análises baseadas em dados de vários anos fornecem melhores estimativas do desempenho dos genótipos do que análises que considerem apenas um ano (ARIEF et al., 2019). A consequência direta no melhoramento de plantas é o comprometimento da recomendação de cultivares quando verificada apenas a média geral do genótipo como critério de seleção.

Assim, a decomposição dos graus de liberdade dos fatores desbalanceados proposta por Ignaczak e Silva (1978) em grupos comuns ( $G_c$ ), não comuns ( $G_{nc}$ ) e o contraste entre os grupos ( $G_c$  vs  $G_{nc}$ ) permite obter informações pormenorizadas acerca dos genótipos avaliados nos ensaios (Tabela 6). Para o contraste entre os grupos comum e não comum ( $G_c$  vs  $G_{nc}$ ), foi possível identificar a sua significância e consequente indicação de que a avaliação dos genótipos deve ser realizada dentro de cada grupo ao qual o genótipo pertence. De acordo com os genótipos comuns ( $G_c$ ) estes apresentaram estatística  $F$  significativa, indicando a presença de diferença entre os genótipos presentes neste grupo. De modo contrário, os genótipos não comuns ( $G_{nc}$ ) não apresentaram estatística  $F$  significativa, fato que pode ter sido constatado em função da similaridade em seu comportamento. Assim, devido a diferença entre os genótipos ter sido detectada apenas entre os genótipos pertencentes ao grupo que possuía os genótipos comuns, as comparações e análises posteriores são apresentadas apenas com este grupo.

Tabela 6 - Análise de variância para rendimento de grãos de feijão avaliados em ensaios de VCU com a decomposição do fator desbalanceado em genótipos comuns ( $G_c$ ) e não comuns ( $G_{nc}$ ).

Fonte de Variação	Graus de Liberdade	Quadrado Médio	p
Bloco	3	321.744	0.2352
Local (L)	2	157.192.413	0.0039
Ano (A)	1	28.826.900	0.0412
L x A	2	1.860.362	0.0210
Genótipo (G)	21	2.553.093	0.0153
$G_c$	17	2.588.953	0.0046
$G_{nc}$	3	1.804.810	0.4680
$G_c$ vs $G_{nc}$	1	4.188.305	0.0375
G x L	42	694.229	0.0813
$G_c$ x L	34	616.569	0.1479
$G_{nc}$ x L	6	879.805	0.1267
( $G_c$ vs $G_{nc}$ ) x L	2	1.457.709	0.0452
$G_c$ x A	17	609.037	0.1879
L x A x $G_c$	34	429.194	0.0023
Resíduo	357	225.808	
Total	479		

Fonte: Elaborada pela autora, 2019.

Uma das dificuldades em trabalhar com conjunto de dados desbalanceados consiste na especificação do resíduo experimental. Ao realizar a decomposição dos graus de liberdade do fator desbalanceado, o resíduo apropriado para testar cada fonte de variação da Anova deve ser composto. Algumas vezes, há um uso inadvertido por parte dos pesquisadores quanto ao emprego do resíduo experimental global ( $QM = 225.808$ ), o qual não é apropriado em situações de desbalanceamento (DE ALMEIDA et al., 2011). Devido à essa inadequação do teste  $F$ , é necessário entender as fontes de variação e aplicar o denominador apropriado. Sendo a razão de variâncias, neste caso, um teste chamado “não exato” (IGNACZAK; SILVA, 1978), torna-se necessária a composição de combinações lineares (Tabela 7).

Deste modo, após a inspeção das esperanças matemáticas dos quadrados médios realiza-se a composição do resíduo, isolando a fonte de variação de interesse (Tabela 8). Portanto, quando há presença de fatores desbalanceados, a decomposição dos graus de liberdade destes é essencial, uma vez que nas combinações lineares de quadrados médios, algumas das próprias fontes de variação são testadas com fatores oriundos da decomposição.

Tabela 7 – Estatísticas para o teste  $F$  dos efeitos que compõe a análise de variância com genótipos de feijão comuns ( $G_c$ ) e não comuns ( $G_{nc}$ ) aos anos de avaliação de ensaios de Valor de Cultivo e Uso (VCU).

Fonte de variação	Estatística
Bloco (B)	$\frac{QM_B}{QM_R}$
Local (L)	$\frac{QM_L + \left(\frac{191}{180}\right) QM_{LAG}}{\left(\frac{10}{9}\right) QM_{LA} + \left(\frac{19}{20}\right) QM_{GcL}}$
Ano (A)	$\frac{QM_A + QM_{LAG}}{QM_{LA} + QM_{GA}}$
L x A	$\frac{QM_{LA}}{QM_{LAG}}$
Genótipo (G)	$\frac{QM_G + \left(\frac{127}{140}\right) QM_{LAG}}{\left(\frac{1}{189}\right) QM_A + \left(\frac{188}{189}\right) QM_{GA} + \left(\frac{127}{140}\right) QM_{GcL}}$
$G_c$	$\frac{QM_{Gc} + QM_{LAG}}{QM_{GcL} + QM_{GA}}$
$G_{nc}$	$\frac{QM_{Gnc}}{\left(\frac{1}{27}\right) QM_A + \left(\frac{26}{27}\right) QM_{GA} + \left(\frac{1}{2}\right) QM_{GcL} - \left(\frac{1}{2}\right) QM_{LAG}}$
$G_c$ vs $G_{nc}$	$\frac{QM_{GcGnc} + \left(\frac{11}{20}\right) QM_{LAG}}{QM_{GA} + \left(\frac{11}{20}\right) QM_{GcL}}$
G x L	$\frac{QM_{GL}}{\left(\frac{1}{189}\right) QM_{LA} + \left(\frac{188}{189}\right) QM_{LAG}}$
$G_c$ x L	$\frac{QM_{GcL}}{QM_{LAG}}$
$G_{nc}$ x L	$\frac{QM_{GncL}}{\left(\frac{1}{27}\right) QM_{LA} + \left(\frac{26}{27}\right) QM_{LAG}}$
$(G_c$ vs $G_{nc})$ x L	$\frac{QM_{(GcGnc)L}}{QM_{LAG}}$
$G_c$ x A	$\frac{QM_{GA}}{QM_{LAG}}$
L x A x $G_c$	$\frac{QM_{LAG}}{QM_R}$

Fonte: Elaborada pela autora. R: Resíduo global

Tabela 8 – Esperanças matemáticas dos quadrados médios ( $E(QM)$ ) de experimentos com genótipos de feijão comuns ( $G_c$ ) e não comuns ( $G_{nc}$ ) aos anos de avaliação de ensaios de Valor de Cultivo e Uso (VCU).

FV	Esperanças matemáticas dos quadrados médios
Local (L)	$4 \sigma^2 LAG + 80 \sigma^2 LA + 7.6 \sigma^2 LG + 160 \sigma^2 L$
Ano (A)	$4 \sigma^2 LAG + 12 \sigma^2 GA + 72 \sigma^2 LA + 216 \sigma^2 A$
L x A	$4 \sigma^2 LAG + 72 \sigma^2 LA$
Genótipo (G)	$4 \sigma^2 LAG + 12 \sigma^2 GA + 0.381 \sigma^2 LA + 1.1429 \sigma^2 A + 7.2571 \sigma^2 LG + 21.771 \sigma^2 G$
$G_c$	$4 \sigma^2 LAG + 12 \sigma^2 GA + 8 \sigma^2 LG + 24 \sigma^2 G$
$G_{nc}$	$4 \sigma^2 LAG + 12 \sigma^2 GA + 2.6667 \sigma^2 LA + 8 \sigma^2 A + 4 \sigma^2 LG + 12 \sigma^2 G$
$G_c$ vs $G_{nc}$	$4 \sigma^2 LAG + 12 \sigma^2 GA + 4.4 \sigma^2 LG + 13.2 \sigma^2 G$
G x L	$4 \sigma^2 LAG + 0.381 \sigma^2 LA + 7.2571 \sigma^2 LG$
$G_c$ x L	$4 \sigma^2 LAG + 8 \sigma^2 LG$
$G_{nc}$ x L	$4 \sigma^2 LAG + 2.6667 \sigma^2 LA + 4 \sigma^2 LG$
$(G_c$ vs $G_{nc})$ x L	$4 \sigma^2 LAG + 4.4 \sigma^2 LG$
$G_c$ x A	$4 \sigma^2 LAG + 12 \sigma^2 GA$
L x A x $G_c$	$4 \sigma^2 LAG$

Fonte: Elaborada pela autora, 2019.

Deste modo, utilizando-se do denominador apropriado para confecção do teste  $F$ , foi possível verificar alterações no valor da probabilidade para as fontes de variação da Anova, com exceção do bloco e da interação tripla entre local x ano x genótipo (L x A x G) (Tabela 5). Assim, a não consideração do desbalanceamento não explora de forma eficaz a peculiaridade dos dados. A principal modificação entre as Anovas diz respeito às interações genótipo e local (GxL) e genótipo e ano (GxA). Estas interações apresentaram ausência de significância na Anova realizada após a especificação do resíduo apropriado (Tabela 6). Isso indica que o rendimento de grãos dos genótipos foi consistente tanto entre os locais quanto entre os anos. Ao desdobrar a interação entre genótipo e local (G x L), verifica-se a significância para a fonte  $(G_c \times G_{nc}) \times L$ , indicando que os grupos (comum e não comum) se comportam diferentemente em cada local. Ainda, outra limitação em conjuntos de dados desbalanceados consiste na dificuldade em estimar interações devido à sua estrutura não ortogonal, uma vez que não há todas as combinações de genótipos nos locais e anos. Por conseguinte, a interação tripla considera, e permite obter informações, apenas referente aos genótipos comuns. O mesmo se aplica à interação GxA (Tabela 6).

Qualquer conclusão que se deseje obter a partir da Anova em relação aos efeitos principais estará mascarada pelo efeito da interação tripla que apresentou-se significativa pela estatística  $F$ . A maior contribuição para que este efeito tenha se mostrado significativo deve-se ao efeito de local e ano, visto a amplitude do quadrado médio para a interação dupla (LxA). Assim, o procedimento apropriado para interpretar o efeito da interação tripla consiste em sua decomposição, em que é possível detalhar o efeito de cada fator em relação aos níveis dos demais fatores. Assim, os graus de liberdade foram desdobrados por meio dos efeitos simples, fixando dois fatores e variando outro (BERTOLDO et al., 2009a).

Na decomposição da interação tripla para estudar o efeito simples dos anos, foi possível detectar comportamento constante entre os anos apenas para os genótipos G8, G11, G14 e G15, não apresentando diferença significativa na produtividade independentemente do local considerado (Tabela 9). Os demais genótipos apresentaram resultados significativos quanto à alteração do rendimento de grãos na comparação dos anos em pelo menos um dos locais, com exceção do genótipo G4. Esse comportamento diferenciado através dos anos se justifica pelas características intrínsecas de cada ano, tais como quantidade e distribuição de chuvas e variações na temperatura. Não há dúvidas de que o ano corresponde ao fator mais imprevisível na pesquisa experimental (ASSEFA et al., 2015). E sendo o rendimento de grãos um caráter quantitativo, o efeito do ano pode dificultar o trabalho do melhorista (DE MELO et al., 2019).



Tabela 9 – Análise da variação do caráter rendimento de grãos de feijão dos genótipos comuns ( $G_c$ ) com a decomposição da variação atribuível aos anos para a combinação dos níveis de genótipos e locais.

Genótipo	Graus de liberdade	Quadrado médio		
		Canoinhas	Lages	Ponte Serrada
G1	1	1.018.164*	291.084	271.216
G2	1	2.281.248*	1.081.920*	111.156
G3	1	6.046.503*	1.457.778*	720.000
G4	1	1.373.653*	6.408.200*	1.164.338*
G5	1	783.126	2.438.736*	195.313
G6	1	6.599.344*	224.450	1.116.018*
G7	1	406	1.152.921*	2.227.105*
G8	1	529.420	219.122	531.480
G9	1	1.073.845*	750.313	59.513
G10	1	945.312*	243.951	1.300.078*
G11	1	135.460	460.320	4.095
G12	1	2.289.800*	6.385	144.991
G13	1	249.925	1.274.406*	883.121*
G14	1	564.453	400.960	14.196
G15	1	647.522	653.796	314.821
G16	1	1.243.464*	1.591.328*	477.265
G17	1	1.704.781*	1.301	59.858
G18	1	1.654.381*	67.712	33.800
Resíduo	357	225.808		

Fonte: Elaborada pela autora, 2019. \* Significativo a 5% de erro pelo teste  $F$ .

Já com relação à decomposição do efeito simples do local, apresentou-se altamente significativo para todas as decomposições realizadas, com exceção do genótipo G4 no ano 2013 (Tabela 10). Este resultado pode ser explicado devido ao fato dos três locais representarem diferentes regiões do estado de Santa Catarina, sendo Ponte Serrada pertencente à região Oeste, Canoinhas à região do Planalto Norte e Lages à região Serrana. Assim, os locais utilizados para avaliação dos genótipos são selecionados de modo a representar a diversidade de condições edafoclimáticas aos quais estes serão futuramente submetidos.

Tabela 10 – Análise da variação do caráter rendimento de grãos de feijão dos genótipos comuns com a decomposição da variação atribuível aos locais para a combinação dos níveis de genótipos e anos.

Genótipo	Graus de liberdade	Quadrado médio	
		2012/13	2013/14
G1	2	3.972.689	3.747.722
G2	2	4.758.223	5.557.292
G3	2	6.531.812	4.789.316
G4	2	576.123 <sup>ns</sup>	3.485.370
G5	2	2.417.252	5.491.994
G6	2	7.263.056	4.621.984
G7	2	4.980.376	4.118.560
G8	2	3.295.431	2.570.079
G9	2	3.390.501	4.486.841
G10	2	3.699.121	2.106.853
G11	2	5.456.096	3.642.913
G12	2	7.230.739	4.961.339
G13	2	4.766.346	5.510.324
G14	2	6.070.847	3.160.747
G15	2	2.707.407	5.881.338
G16	2	2.880.343	4.200.964
G17	2	8.679.908	7.398.910
G18	2	7.227.901	6.224.064
Resíduo	357	225.808	

Fonte: Elaborada pela autora, 2019. <sup>ns</sup> Não significativo a 5% de erro pelo teste *F*.

Em relação ao efeito simples de genótipo, foi possível identificar a significância para todas as combinações de local e ano (ambiente), assim reafirmando a diferença no rendimento de grãos entre os genótipos (Tabela 11). De acordo com os QM de cada ambiente verifica-se que os de maior magnitude correspondem à safra de 2012/13. Isso indica maior variação das médias neste ano. Já a safra de 2013/14 apresenta os menores valores de QM, indicando que os genótipos não apresentaram muita variação, sendo o rendimento de grãos de todos os genótipos próximo da média geral do ambiente.

Tabela 11 – Análise da variação do caráter rendimento de grãos de feijão dos genótipos comuns com a decomposição da variação atribuível aos genótipos para a combinação dos níveis de locais e anos.

Local	Graus de liberdade	Quadrado médio	
		2012/13	2013/14
Canoinhas	17	1.297.546*	467.988*
Lages	17	1.524.639*	685.860*
Ponte Serrada	17	733.406*	580.078*
Resíduo	357	225.808	

Fonte: Elaborada pela autora, 2019 \* Significativo a 5% de erro pelo teste *F*.

A manifestação fenotípica é resultado da ação do genótipo sob influência do ambiente. Entretanto, em ensaios de competição de genótipos, como os ensaios de VCU, onde são considerados diferentes ambientes, há um efeito adicional proporcionado pela interação entre estes. Esta interação é muito importante no melhoramento de plantas, pois em caso de existência de interação significativa, há possibilidade de o genótipo com desempenho superior em um ambiente não o ser em outro. Deste modo, a presença de interação dificulta a seleção ou recomendação de um genótipo de forma mais ampla. Assim, ao trabalhar com caracteres quantitativos, a presença de variabilidade de ambiente afeta diretamente a capacidade de detectar genótipos superiores (COBB et al., 2013). Nesse sentido, o conhecimento do comportamento dos genótipos frente aos ambientes aos quais são submetidos é fundamental para que o melhorista selecione os mais estáveis às variações de ambiente (BERTOLDO et al., 2009b).

Como os genótipos comuns apresentaram diferenças significativas para todas as combinações de local e ano, procedeu-se o teste de comparação de médias de Dunnett, para identificar os genótipos que apresentavam melhor desempenho em cada ambiente (Tabela 12). Ainda, podem ser verificadas as médias que compõe a média da testemunha e as médias correspondentes ao rendimento de grãos dos genótipos não comuns. De acordo com os rendimentos médios de grãos dos genótipos avaliados nas duas safras foi possível observar que a maioria das médias gerais foi superior a  $2.500 \text{ kg ha}^{-1}$ , valor superior à média de rendimento de grãos de lavouras de Santa Catarina, estimada em  $1600 \text{ kg ha}^{-1}$  para as safras de 2012/13 e 2013/14 (EPAGRI, 2015). Estes resultados já são esperados, visto que as condições experimentais geralmente são mais adequadas ao crescimento e desenvolvimento das culturas, quando comparado às condições de lavoura.

Observa-se que são relativamente poucos os genótipos que superam significativamente a média das testemunhas dentro de cada combinação de local e ano. Esta similaridade entre os genótipos e testemunhas pode estar relacionada com a estreita base genética que os programas de melhoramento de feijão evidenciam, principalmente no final do processo de seleção de genótipos superiores. A safra de 2013/14 apresenta-se como a que os genótipos foram menos produtivos, havendo um decréscimo de 16% na produtividade média geral nesta safra. Predominantemente os genótipos superiores às testemunhas foram identificados na safra de 2012/13. Vale ressaltar as diferenças observadas no desempenho dos genótipos avaliados no mesmo local ao longo dos anos. O local Canoinhas na safra 2012/13 foi o local que apresentou o maior número de genótipos superiores, com 6 dos 14 genótipos com produtividade acima da média das testemunhas. Entretanto, na safra seguinte (2013/14), nenhum genótipo superou as

testemunhas. Assim, a variação das características imprevisíveis, de clima por exemplo, pode favorecer um local em determinado ano e desfavorecê-lo em outro (CASANOVES; BALDESSARI; BALZARINI, 2005).

Tabela 12 – Rendimento médio de grãos dos genótipos comuns, testemunhas e genótipos não comuns para o caráter rendimento de grãos de feijão avaliados nas safras de 2012/13 e 2013/14 nos locais Canoinhas, Lages e Ponte Serrada.

	Canoinhas		Lages		Ponte Serrada		$\bar{x}$	
	12/13	13/14	12/13	13/14	12/13	13/14		
Genótipos Comuns	G2	3949*	2881	1971	1235	3755	3520	2885
	G3	5008*	3269	2557	1703	4411	3810	3460
	G4	3963*	3134	3559*	1769	4317	3554	3383
	G5	3624	2998	2932*	1828	4483	4171	3339
	G6	4905*	3089	2229	1894	3292	4039	3241
	G7	3339	3353	2555	1796	4757*	3701	3250
	G8	3505	2990	1894	1563	3425	2910	2715
	G9	4119*	3386	2556	1943	4180	4008	3365
	G10	3652	2964	2166	1817	3968	3161	2955
	G12	4004*	2934	1803	1747	4242	3973	3117
	G13	3533	3180	2490	1692	4673*	4008	3263
	G14	3942	3411	2044	2492*	4353	4269	3418
	G17	2980	2057	930	904	3787	3615	2379
	G18	3208	2298	988	804	3411	3281	2332
Testemunhas	G1	3678	2965	2245	1864	4161	3793	3118
	G11	2720	2980	1889	2368	4195	4240	3065
	G15	3653	3084	2250	1678	3695	4092	3075
	G16	3860	3072	2547	1655	4134	3646	3152
	$\bar{x}$ test	3478	3025	2233	1891	4046	3943	-
Genótipos Não Comuns	G19	3796	-	2400	-	3325	-	3174
	G20	3632	-	1358	-	4005	-	2998
	G21	-	3044	-	2011	-	2764	2606
	G22	-	2481	-	1593	-	2863	2312

Fonte: Elaborada pela autora, 2019. \* Indica resultado significativamente superior à testemunha pelo teste de Dunnett à 5%. DMS: 469 kg/ha. Teste de médias considerando apenas os genótipos comuns.

A variabilidade do comportamento dos genótipos de local para local e de ano para ano salienta a necessidade de se dar atenção à estabilidade do comportamento das linhagens e à escolha de testemunhas estáveis. Destaca-se a importância da estabilidade de produção através dos anos principalmente para os genótipos G11 e G15, que constituem duas das testemunhas dos ensaios. Estes genótipos apresentaram capacidade de se adaptarem às flutuações das características imprevisíveis ao longo dos anos de cultivo nos locais avaliados.

Ainda, verifica-se que os genótipos G17 e G18 apresentaram comportamento significativamente inferior às testemunhas em vários ambientes (Tabela 12). O genótipo G17 não apresentou rendimento de grãos promissor nos ambientes de Canoinhas e Lages, independente do ano. Já no ambiente Ponte Serrada, apesar de não superar a testemunha, apresentou rendimento de grãos superior a 3600 kg ha<sup>-1</sup>, mais que o dobro da média estadual para as duas safras (1600 kg ha<sup>-1</sup>). Se o programa de melhoramento fosse direcionado para selecionar genótipos para uma região específica, o genótipo G17 poderia ser considerado para a região de Ponte Serrada em função de seu rendimento de grãos promissor e estabilidade. De modo contrário, o genótipo G8, foi significativamente inferior às testemunhas apenas em Ponte Serrada, independente do ano. Portanto, alguns genótipos podem apresentar rendimento de grãos elevados em alguns locais, mas não em outros; do mesmo modo que alguns locais podem estar mais associados à alguns genótipos durante alguns anos. Devido ao desempenho abaixo da média dos genótipos G17 e G18, provavelmente o melhorista retiraria esses genótipos de avaliação no próximo ano de ensaio de VCU, uma vez que apresentaram-se significativamente inferiores em 4 e 5 dos 6 ambientes, respectivamente.

Observa-se que houve variação entre os genótipos de desempenho superior às testemunhas ao longo dos ambientes. Apenas o genótipo G4, dentre todos os genótipos, apresentou-se significativamente superior em dois ambientes, correspondendo aos locais Ponte Serrada e Lages na safra 2012/13. Este genótipo ainda destacou-se quanto à sua constância de produtividade nos três locais avaliados nesta safra. E apesar de não superar as testemunhas nos três locais nesta safra, apresentou desempenho promissor em Ponte Serrada, igualando-se às testemunhas. Este resultado é importante para os pesquisadores, pois a identificação de genótipos produtivos e estáveis proporcionam uma recomendação mais confiável (DE FIGUEIREDO et al., 2015). Entretanto, este foi o único genótipo que apresentou diferença entre as safras para todos os locais. Isso reforça a influência do ano na expressão do fenótipo, uma vez que os resultados obtidos na safra 2013/14 foram inferiores aos apresentados na safra anterior.

Sabe-se que a interação tripla tem merecido atenção dos pesquisadores por dificultar o progresso da seleção de genótipos. Por meio de sua decomposição para verificação dos efeitos simples dos fatores que a compõe, o pesquisador obtém informações detalhadas e consequentemente maior confiabilidade na identificação de genótipos superiores. Apenas um genótipo (G4) apresentou superioridade em relação às testemunhas pelo teste de Dunnett (5%) em dois dos seis ambientes considerados.

De maneira geral, os ensaios de VCU conduzidos por um programa de melhoramento apresentam desbalanceamento. Essencialmente, a possibilidade de compreender quais genótipos estão sendo considerados em determinadas interações permite evitar que o pesquisador tire conclusões distorcidas em relação aos genótipos em avaliação. Assim, ao realizar a análise conjunta de experimentos conduzidos ao longo dos anos, em que os genótipos não são comuns entre os anos, as conclusões não devem ser baseadas unicamente na significância do fator genótipo, como previsto pelo MAPA. Cabe salientar que o resíduo experimental e seu grau de liberdade compõe os testes de comparação de médias. Desta forma, ao utilizar-se do resíduo apropriado, baseado na consideração adequada dos fatores desbalanceados e sua decomposição de graus de liberdade, resultados mais fidedignos podem ser obtidos.

#### 4 CONCLUSÃO GERAL

A utilização de dados de rendimento de grãos de genótipos de feijão provenientes de ensaios de VCU conduzidos em distintos locais ao longo dos anos frequentemente estará relacionada com o desbalanceamento. Isso porque o programa de melhoramento e conseqüentemente os ensaios de VCU, constituem um processo dinâmico, com retirada de genótipos obsoletos e inserção de novos potenciais genótipos superiores. Assim, independentemente do número de genótipos não comuns presentes no conjunto de dados quando considerados estes ensaios, a variância devida ao fator desbalanceado genótipo e suas interações devem ser decompostas. Pois assim é possível que se obtenham informações pormenorizadas à respeito dos genótipos em avaliação. Ainda, possibilita evitar a comparação entre genótipos pertencentes à grupos distintos quanto à sua presença ou não em todos os ensaios. Tendo em vista as dificuldades ao lidar com dados desbalanceados, o uso de resíduo experimental apropriado como denominador para o teste de hipóteses, aliado à consideração dos fatores desbalanceados e à decomposição da variância destes, constituem uma alternativa mais adequada para contornar a complexidade do desbalanceamento, inerente aos ensaios de VCU.





## REFERÊNCIAS

- ANDRADE, J. A. D. C. Genetic variability and breeding potential of Flintisa Composite of maize in two levels of technology. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 19, n. August 2015, p. 145–152, 2019.
- ARCINIEGAS-ALARCÓN, S. **Imputação de dados em experimentos com interação genótipo por ambiente: uma aplicação a dados de algodão**. [s.l.] Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz, 2008.
- ARCINIEGAS-ALARCÓN, S.; DIAS, C. T. DOS S.; GARCIA-PEÑA, M. Imputação múltipla livre de distribuição em tabelas incompletas de dupla entrada. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 49, n. 9, p. 683–691, 2014.
- ARCINIEGAS-ALARCÓN, S.; GARCÍA-PEÑA, M.; DIAS, C. T. DOS S. Imputação de dados em experimentos com interação genótipo x ambiente. **Interciencia**, v. 36, n. 6, p. 444–449, 2011.
- ARCINIEGAS-ALARCÓN, S.; GARCÍA-PEÑA, M.; KRZANOWSKI, W. Missing value imputation in multi-environment trials: Reconsidering the Krzanowski method. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 16, p. 77–85, 2016.
- ARIEF, V. N. et al. Utilization of multiyear plant breeding data to better predict genotype performance. **Crop Science**, v. 59, n. 2, p. 480–490, 2019.
- 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**, v. 203, n. 3, p. 477–489, 2015.
- BACKES, R. L. et al. Adaptabilidade e estabilidade de genótipos de feijoeiro no Estado de Santa Catarina. **Acta Scientiarum Agronomy**, v. 27, n. 2, p. 309–314, 2005.
- BALDISSERA, J. N. DA C. et al. Uso do melhor preditor linear não-viesado (BLUP) na predição de híbridos em feijão. **Bioscience Journal**, v. 28, n. 3, p. 395–403, 2012.
- BANZATTO, D. A.; KRONKA, S. N. **Experimentação agrícola**. [s.l.] Jaboticabal: UNESP, 1995.
- BERTOLDO, J. G. et al. Tempo de cocção de grãos de feijão em função de doses de fósforo no plantio e do tempo de armazenamento. **Biotemas**, v. 22, n. 1, p. 39–47, 2009a.
- BERTOLDO, J. G. et al. Rendimento de grãos em feijão preto: O componente que mais interfere no valor fenotípico é o ambiente. **Ciência Rural**, v. 39, n. 7, p. 1974–1982, 2009b.
- BERTOLDO, J. G. et al. Genetic progress of black bean (*Phaseolus vulgaris* L.) over seven years. **Interciencia**, v. 39, n. 1, p. 24–31, 2014.
- 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**, v. 27, n. 3, p. 478–490, 2009.

BORGES, V. et al. Value for cultivation and use of upland rice cultivars tested in multi-environments. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 12, n. 1, p. 25–33, 2012.

BORNHOFEN, E. et al. Métodos estatísticos para estudo de adaptabilidade e estabilidade em trigo. **Bragantia**, v. 76, n. 1, p. 1-10, 2017.

BORNHOFEN, E. **Avaliação dos efeitos genéticos e ambientais na evolução do rendimento de grãos, qualidade de panificação e estabilidade de trigo**. [s.l.] Universidade Tecnológica Federal do Paraná, 2015.

BRASIL. Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento. **Requisitos mínimos para determinação do Valor de Cultivo e Uso de Feijão (Phaseolus vulgaris) para a inscrição no Registro Nacional de Cultivares - RNC**. Brasília, 2006.

BUSATO, C. C. **Aplicabilidade do software Selegen para avaliação de desempenho produtivo, adaptabilidade e estabilidade de genótipos de arroz irrigado**. [s.l.] Universidade Federal de Pelotas, 2013.

CASANOVA, F.; BALDESSARI, J.; BALZARINI, M. Evaluation of multienvironment trials of peanut cultivars. **Crop Science**, v. 45, n. 1, p. 18–26, 2005.

CECCARELLI, S.; GRANDO, S.; BAUM, M. Participatory plant breeding in water-limited environments. **Experimental Agriculture**, v. 43, p. 411–435, 2007.

COBB, J. N. et al. Next-generation phenotyping: Requirements and strategies for enhancing our understanding of genotype-phenotype relationships and its relevance to crop improvement. **Theoretical and Applied Genetics**, v. 126, n. 4, p. 867–887, 2013.

DA ROCHA, F. et al. Efeito de ambiente sobre a produtividade de feijão carioca para o Estado de Santa Catarina. **Bragantia**, v. 68, n. 3, p. 621–627, 2009.

DE ALMEIDA, C. B. et al. Existe variabilidade para o caráter tempo de cocção em feijão? Depende do erro! **Bioscience Journal**, v. 27, n. 6, p. 915–923, 2011.

DE FIGUEIREDO, A. G. et al. Application of mixed models for evaluating stability and adaptability of maize using unbalanced data. **Euphytica**, v. 202, n. 3, p. 393–409, 2015.

DE MELO, R. C. et al. Consideration of the appropriate variation sources of the statistical model and their impacts on plant breeding. **Acta Scientiarum Agronomy**, v. 41, n. 1, p. 1–8, 2019.

EPAGRI. **Síntese Anual da Agricultura de Santa Catarina**. Florianópolis, 2015.

HECTOR, A.; FELTEN, S. VON; SCHMID, B. Analysis of variance with unbalanced data: An update for ecology & evolution. **Journal of Animal Ecology**, v. 79, n. 2, p. 308–316, 2010.

IGNACZAK, J. C.; SILVA, J. G. C. DA. Análise conjunta de grupo de experimentos com alguns locais e tratamentos não comuns. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 13, n. 3, p. 59–66, 1978.

MANSO, E. M. **Emprego do modelo superparametrizado em experimento fatorial desbalanceado com dois e três fatores.** [s.l.] Universidade Federal de Lavras, 2004.

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**, v. 39, n. 1, p. 220–225, 2011.

PEREIRA, F. DE C. **Estratégias para seleção de progênies em soja.** [s.l.] Universidade Federal de Lavras, 2016.

PEREIRA, T. C. V. et al. Reflexo da interação genótipo x ambiente sobre o melhoramento genético de feijão. **Ciência Rural**, v. 46, n. 3, p. 411 - 417, 2016.

PIANA, C. F. D. B.; DA SILVA, J. G. C.; ANTUNES, I. F. Ajuste do rendimento para a variação do estande em experimentos de melhoramento genético do feijão. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 42, n. 12, p. 1687–1696, 2007.

PIANA, C. F. D. B.; DA SILVA, J. G. C.; ANTUNES, I. F. Regionalização para o cultivo do feijão no Rio Grande do Sul com base na interação genótipo x ambiente. **Revista Ceres**, v. 59, n. 2, p. 213–224, 2012.

PIEPHO, H. P.; MÖHRING, J. Selection in cultivar trials - Is it ignorable? **Crop Science**, v. 46, n. 1, p. 192–201, 2006.

SARINELLI, J. M. et al. Training population selection and use of fixed effects to optimize genomic predictions in a historical USA winter wheat panel. **Theoretical and Applied Genetics**, v. 132, n. 4, p. 1247–1261, 2019.

SATTERTHWAITE, F. E. An Approximate distribution of estimates of variance components. **Biometrics Bulletin**, v. 2, n. 6, p. 110–114, 1946.

SCHMIDT, P. et al. Estimating broad-sense heritability with unbalanced data from agricultural cultivar trials. **Crop Science**, v. 59, n. 2, p. 525–536, 2019.

SMITH, A. B.; LIM, P.; CULLIS, B. R. The design and analysis of multi-phase plant breeding experiments. **Journal of Agricultural Science**, v. 144, n. 5, p. 393–409, 2006.

WECHSLER, F. S. Fatoriais fixos desbalanceados: Uma análise mal compreendida. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 33, n. 3, p. 231–262, 1998.

YAN, W. et al. Assessing the representativeness and repeatability of test locations for genotype evaluation. **Crop Science**, v. 51, n. 4, p. 1603–1610, 2011.

YAN, W. Biplot analysis of incomplete two-way data. **Crop Science**, v. 53, n. 1, p. 48–57, 2013.

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

ZANELLA, R. et al. Performance os common bean genotypes as a function of growing seasons and technological input levels. **Pesquisa Agropecuária Tropical**, v. 49, n. 1, p. 1 - 10, 2019.