

CONSIDERAÇÕES SOBRE A SELEÇÃO DE GENÓTIPOS VERDADEIRAMENTE SUPERIORES NO MELHORAMENTO DE FEIJÃO

Diógenes Albert Darius¹, Paulo Henrique Cerutti², Cristiane Rosa Adams², Rita Carolina de Melo², Jefferson Luís Meirelles Coimbra³, Altamir Frederico Guidolin⁴

¹ Acadêmico do Curso de Agronomia – CAV- bolsista PROBIC.

² Acadêmicos do Curso de Pós-graduação em Produção Vegetal – CAV.

³ Professor, Departamento de Agronomia – CAV.

⁴ Orientador, Departamento de Agronomia – CAV– altamirguidolin@gmail.com.

Palavras-chave: *Phaseolus vulgaris* L. Resíduo apropriado. Ensaios de VCU.

A cultura do feijão (*Phaseolus vulgaris* L.) é de grande importância na alimentação brasileira e demanda que os programas de melhoramento trabalhem no desenvolvimento de cultivares superiores em caracteres de importância agrônômica. Os ensaios de Valor de Cultivo e Uso (VCU) são relevantes na determinação da superioridade de constituições genéticas e fazem parte das exigências do MAPA para o lançamento de cultivares. Frequentemente, o método utilizado para o lançamento das cultivares não considera, de forma apropriada, o efeito do erro experimental, visto o desbalanceamento dos dados, com um n distinto em cada nível de fator. Sendo assim, o principal objetivo foi determinar um procedimento alternativo para a seleção de constituições genéticas superiores por meio de uma estimativa do erro experimental correta. Para ilustrá-lo, foi utilizado um conjunto de dados obtidos por meio do delineamento de blocos ao acaso com o seguinte modelo matemático ($Y_{ijk} = m + B + G_i + L_j + A_k + L \cdot A_{jk} + G \cdot A_{ik} + G \cdot L_{ij} + L \cdot A \cdot G_{ijk} + e_{ijk}$) com quatro repetições. Os ensaios foram conduzidos em duas safras agrícolas (2014 e 2015) e em quatro locais, avaliando 20 linhagens. Dessas linhagens, 11 eram comuns aos dois anos e nove linhagens estavam presentes em apenas um dos anos, não sendo considerado comuns a esses. A variável resposta mensurada foi o rendimento de grãos ($\text{kg} \cdot \text{ha}^{-1}$). Os dados foram submetidos a uma análise de variância por modelos lineares gerais no software SAS *University*. Dessa forma, obteve-se a estimativa dos quadrados médios de cada componente do modelo e suas respectivas esperanças matemáticas, que apresentam a distribuição de variância atribuída a cada componente do quadrado médio. As esperanças, por sua vez, foram utilizadas para compor, por meio de combinações lineares, o teste F adequado. Os graus de liberdade foram fracionados para o fator principal de genótipo e para a interação genótipo x local. Baseando-se no método proposto por Ignaczak e Silva e considerando o desbalanceamento de genótipos, o resultado obtido para o efeito principal de genótipo não apresentou significância ($P > 0,05$), ao contrário do resultado obtido com a análise comumente realizada (Tabela 1). Essa diferença é resultado da purificação do valor genotípico dos dados. Este fato deve-se a composição de quadrados médios baseados em suas respectivas esperanças matemáticas, as quais mostraram-se mais eficientes em distinguir o efeito genético dos genótipos, compondo um erro experimental adequado. Por esse motivo, o valor da estatística para o teste F não foi inflacionada, evitando discriminações errôneas. Ao comparar os resultados para o efeito da interação ($G \times L$) de ambos os métodos, não foi encontrado tal diferença; entretanto, ao fracionar seus graus de liberdade, detectou-se comportamentos distintos entre genótipos comuns e os não comuns, ao

longo dos locais. Dessa forma, o desbalanceamento torna a análise clássica incoerente, tornando necessário o desdobramento dos graus de liberdade para o efeito de interação. Por outro lado, o efeito de variação entre linhagens não demonstra distinção entre GC vs. GNC aos dois anos, evidenciando que o desbalanceamento de genótipos não resultou em diferença de comportamento entre esses dois grupos, ainda que o desbalanceamento de genótipos pode ser alterado entre cada safra agrícola, mudando a proporção entre genótipos não comuns e comuns. Sendo assim, provavelmente o grau de desbalanceamento apresente alteração na significância para o efeito de GC vs. GNC. Além disso, empregando o desdobramento dos graus de liberdade, foi detectado significância entre os genótipos comuns; revelando que deve ser necessário considerar o grau de desbalanceamento para obter resultados mais fidedignos da estimativa do estimador do parâmetro. Portanto, o método apresentado é apropriado para contornar tal situação; permitindo o lançamento de linhagens que realmente tenham valor genético superior para atender as demandas de cultivo de feijão, mitigando o efeito da variação genótipo vs. ambiente.

Tabela 1. Análise de variância de conjunto de experimentos com genótipos desbalanceados considerando o fracionamento dos graus de liberdade. Santa Catarina, 2014/2015.

Causas de variação	Graus de liberdade	Soma de quadrados	Quadrados médios
Ano (Genótipos comuns)	(1)	29.017.438	29.017.438
Local	(3)	51.166.539	17.055.513
Genótipo	(19)	18.581.673	977.982 ^{ns}
Genótipos comuns (Gc)	10	10.897.550	1.089.755*
Genótipos não comuns (Gnc)	8	6.860.227	857.528 ^{ns}
Gc x Gnc	1	823.895	823.895 ^{ns}
Ano x Gc	(10)	3.614.422	3.614.420
Local. x Ano (Gc)	(3)	37.869.165	12.623.055
Local. x Genótipo	(57)	25.604.414	449.200 ^{ns}
Local. x Gc	30	4.953.832	165.127 ^{ns}
Local. x Gnc	24	17.546.117	731.088 ^{ns}
Local. x (Gc x Gnc)	3	3.104.464	1.034.821*
Local x Ano x Gc	(30)	5.559.069	185.302
TOTAL	124	210.039.736	

* Significância a 5% de probabilidade de erro