

Influência da variabilidade espacial e sua implicação na avaliação do rendimento de grãos em genótipos de feijão

Influence of spatial variability and its implication in the evaluation of grain yield in common bean genotypes

Luan Tiago dos Santos Carbonari^{1*}  ; Paulo Henrique Cerutti²  ; Marcio dos Santos³  ; Felipe Reck Benato⁴ 

^{1,2,3,4} Universidade do Estado de Santa Catarina (UDESC), Centro de Ciências Agroveterinárias (CAV). *corresponding author: carbonari.luan@gmail.com

Recebido 17/10/2022

Aceito /12/2023

Publicado: 22/12/2023

Resumo:

Experimentos a campo bem planejados são capazes lidar com a variabilidade espacial, resultando em informações precisas e com utilidade. Contudo, sabe-se que existe variações nas áreas experimentais, além das indiretamente induzidas por práticas de condução. Neste sentido, o objetivo do trabalho foi decompor as causas de variação, possibilitando verificar o efeito da interação genótipo x bloco e suas implicações, na avaliação do rendimento de grãos em genótipos fixos e segregantes de feijão. O experimento foi conduzido a campo na safra agrícola 2020/21 em Lages – SC. Os tratamentos foram compostos pelos genótipos: i) IPR88 Uirapuru x BAF35, na geração F₂; ii) IPR88 Uirapuru x BAF35, na geração F₅; iii) genitor IPR88 Uirapuru e iv) genitor BAF35; dispostos em delineamento experimental de blocos casualizados com mais de uma repetição por bloco, sendo 3 blocos e 4 repetições por tratamento em cada bloco. Com os dados do rendimento de grãos (g parcela⁻¹), foi realizada a análise de variância e decomposição das causas de variação em contrastes ortogonais. A análise de variância demonstrou significância para bloco, genótipo e a interação genótipo x bloco (p<0,05). Analogamente, a decomposição em genótipos dentro de cada bloco, também revelou significância (p<0,05). Além disso, a decomposição da variação de genótipos nos diferentes blocos, demonstrou uma maior fração da soma de quadrados presente em apenas um bloco, sendo inerente principalmente aos genitores. Com isso, o uso de repetições dentro dos blocos possibilitou uma verificação adequada da variação espacial do experimento, sendo essa fundamental no momento de realizar a seleção de plantas.

Palavras-chave: *Phaseolus vulgaris* L.; Repetição; Variação fenotípica.

Abstract:

Well-designed field experiments are able to deal with spatial variability, resulting in accurate and useful information. However, it is known that there are variations in the experimental areas, in addition to those indirectly induced by driving practices. In this sense, the aim of this paper was to decompose the causes of variation, making it possible to verify the effect of the genotype x block

interaction and its implications, in the evaluation of grain yield in fixed and segregating bean genotypes. The experiment was conducted in the field crop in the 2020/21 season in Lages - SC. The treatments were composed by the genotypes: i) IPR88 Uirapuru x BAF35, in the F₂ generation; ii) IPR88 Uirapuru x BAF35, in the F₅ generation; iii) IPR88 Uirapuru parent and iv) BAF35 parent; arranged in a randomized block experimental design with more than one repetition per block, with 3 blocks and 4 repetitions per treatment in each block. With the grain yield data (g plot⁻¹), analysis of variance and decomposition of the causes of variation by orthogonal contrasts were performed. Analysis of variance showed significance for block, genotype and the genotype x block interaction (p<0.05). Similarly, the decomposition into genotypes within each block also revealed significance (p<0.05). In addition, the decomposition of the genotype variation in the different blocks showed a greater fraction of this sum of squares, present in only one block, being inherent mainly to the parents. Thus, the repetition use within the blocks made it possible to properly verify the spatial variation this the experiment, which is essential when applying the plant selection.

Keywords: *Phaseolus vulgaris* L.; Repetition; Phenotypic variation.

1. Introdução

O feijão comum (*Phaseolus vulgaris* L.) é amplamente cultivado no Brasil, devido principalmente seu consumo ser vinculado a uma excelente fonte de proteínas, carboidratos, fibras alimentares e minerais (Los *et al.*, 2018). Decorrente disso, o cultivo desta cultura é realizado em até três safras, com sistemas de produção diversificados. A produtividade média no país, para os tipos cores e preto foi de 1514 kg ha⁻¹ na safra agrícola de 2021/22. Sendo este, um rendimento de grãos superior quando comparado as produtividades históricas, onde para o tipo de grão carioca nos últimos 40 anos o país reduziu sua área plantada em 30%, contudo demonstrou um aumento da produção de 35% (Conab, 2022). Este fato, em grande parte se deve aos genótipos melhorados e disponibilizados aos agricultores, tornando a atividade do melhoramento genético fundamental nesta cultura.

Assim, de uma maneira geral a produtividade de grãos é afetada por inúmeros fatores ambientais, como estresse hídrico, aporte nutricional, baixas ou altas temperaturas (Konzen *et al.*, 2019). Neste sentido, interações específicas ocorrem, entre genótipos e ambientes, de modo que o valor fenotípico (F) passa a ser composto da seguinte maneira, $F = G + E + G \times E$, em que G é o componente genotípico (efeito do conjunto de genes do indivíduo no valor fenotípico), E é o valor do componente de ambiente (efeitos não genéticos) e GxE representa a interação do genótipo com o ambiente (Falconer & Mackay, 1996). Estes componentes atuam independentemente do genótipo ser uma linha pura, ou segregante nas fases iniciais dos programas de melhoramento.

Deste modo, muitas vezes no processo de melhoramento, o interesse é no conhecimento da expressão média de um caráter, podendo este valor ser decorrente de um genótipo específico, ou um conjunto de genótipos, como no caso de populações segregantes (Allard, 1971). Porém, ao avaliar um determinado genótipo, com um número relativamente satisfatório de repetições em uma mesma área experimental, a média deste pode resultar com segurança o valor genotípico médio, para a condição ao qual o genótipo foi avaliado (Vencovsky & BARRIGA, 1992). Assim, inúmeras observações podem ser realizadas em certa condição delimitada, onde uma divisão a respeito destas informações pode esclarecer o ganho desta realização e a natureza da variação causada pelo ambiente na expressão fenotípica do caráter (Falconer & Mackay, 1996).

Sendo assim, no decorrer do processo de melhoramento em muitos casos a disponibilidade de sementes dos genótipos é reduzida, principalmente nas primeiras gerações segregantes. Isso conduz o melhorista, a adotar delineamentos específicos, reduzir o número de repetições e o tamanho da parcela (Arief *et al.*, 2019; Casler, 2015; Souza *et al.*, 2000). Na situação, da desconsideração de um delineamento apropriado, os fenótipos obtidos ficam à deriva, visto que os objetivos básicos dos delineamentos experimentais são a estimativa do erro, controle do erro e interpretação apropriada dos resultados. Com isso, as técnicas visando o controle do erro comumente utilizadas são o uso de blocos,

técnicas experimentais apropriadas e análise adequada dos dados. No entanto, rotineiramente os delineamentos experimentais não são eficientes em captar adequadamente a heterogeneidade presente na área experimental (Cargnelutti-Filho *et al.*, 2014; Selle *et al.*, 2019; Silva *et al.*, 2016).

Portanto, em inúmeros casos os valores genotípicos são superestimados, principalmente nas primeiras gerações segregantes, resultantes de cruzamentos dirigidos. Com isso, os resultados do melhoramento podem não ser satisfatoriamente alcançados, devido a avaliações fenotípicas não apropriadas (Elias *et al.*, 2018; Velazco *et al.*, 2017). Essa dificuldade, decorre basicamente do problema em separar adequadamente a estimativa do erro experimental, visto não ser possível muitas vezes pelos delineamentos básicos adotados na experimentação (Salvador *et al.*, 2022). Fundamentado neste contexto, este trabalho teve por finalidade decompor as causas de variação, visando verificar o efeito da interação genótipo x bloco e suas implicações, na avaliação do rendimento de grãos em genótipos fixos e segregantes de feijão.

2. Material e Métodos

O experimento foi conduzido em condições de campo, na área experimental do Centro de Ciências Agroveterinárias, na Universidade do Estado de Santa Catarina, na safra agrícola ano de 2020/21 em Lages – SC. As coordenadas geográficas são latitude de 27° 47'S e longitude de 50° 18'W, com 950m de altitude, a classificação climática segundo segundo Koppen é cfb (temperado mesotérmico úmido e verão ameno). O solo do local é classificado como um Cambissolo Húmico Alumínio Léptico, textura argilosa, predominando o substrato siltito + argilito e relevo ondulado, com rampas de aproximadamente 300m de comprimento, apresentando as seguintes propriedades: 34% de argila; pH em água de 5.93; acidez potencial pelo método SMP de 5.21; 10.06 mg.dm³ de P; 80mg.dm³ de K; 2.61% de matéria orgânica; 5.42 cmolc.dm³ de Ca e 2.10 cmolc.dm³ de Mg.

Os genótipos utilizados no estudo, foram originados a partir do cruzamento entre os genitores IPR88 Uirapuru e BAF35, oriundo do Banco Ativo de Germoplasma da UDESC. A hibridação artificial direcionada foi realizada no ano de 2016 em casa de vegetação, segundo o proposto por Viera (1967). Os híbridos destes genitores, deram origem a diferentes populações segregantes nas gerações F₂, F₃, F₄ e F₅ avançadas pelo método de condução em “bulk”, sem aplicação da seleção nestas gerações. Destas populações, foram avaliadas os genótipos: i) IPR88 Uirapuru x BAF35, na geração F₂; ii) IPR88 Uirapuru x BAF35, na geração F₅; iii) genitor IPR88 Uirapuru e iv) genitor BAF35.

O delineamento experimental utilizado foi o bloco casualizado com mais de uma repetição por bloco, sendo 3 blocos e 4 repetições por tratamento em cada bloco. A unidade experimental a campo foi composta de quatro linhas de 2m, espaçadas 0,5m, com densidade de semeadura de 12 sementes por metro linear. As duas linhas internas foram destinadas a avaliação do rendimento de grãos (grama parcela⁻¹), totalizando 1,5 m² de parcela útil. As práticas culturais durante o ciclo foram realizadas conforme as recomendações técnicas da cultura do feijão, enquanto a adubação de semeadura e cobertura tiveram como base a interpretação da análise de solo. A adubação nitrogenada em cobertura foi parcelada em duas aplicações, nos estádios vegetativos de primeira (V3) e terceira (V4) folha trifoliolada aberta.

As análises foram realizadas com o modelo linear geral, utilizando o procedimento GLM do SAS OnDemand for Academics (SAS), com análise de variância seguindo o modelo matemático: $Y_{ijk} = m + b_j + g_i + g_{bij} + e_{ijk}$, onde Y_{ijk} : é a observação numa unidade experimental que recebeu um genótipo i ($i=1,2,3$ e 4), num bloco j ($j=1, 2, e 3$) e em uma repetição k ($k=1,2,3$ e 4); m : é a constante inerente a todas as observações (média geral); b_j : é o efeito proporcionado pelo bloco j (desvio em relação a m , decorrente da ação do bloco); g_i : é o efeito proporcionado pelo genótipo i (desvio em relação a m , decorrente da ação do genótipo); g_{bij} : é o efeito da interação proporcionado pelo genótipo i com o bloco j . e_{ijk} : é o efeito aleatório do erro em cada unidade experimental, sendo o efeito da repetição k , no bloco j , para o genótipo i .

Posteriormente a análise de variância, se observada a significância (5% de probabilidade de erro), os graus de liberdade dos tratamentos foram decompostos em contrastes ortogonais. A decomposição da variabilidade das causas de variação de modo independente, foi previamente estabelecida. Com isso, os genótipos IPR88 Uirapuru e BAF35, compuseram o grupo genitores (linhagens) e as gerações F_2 e F_5 caracterizaram o grupo segregante. Desta forma, as comparações relevantes a serem obtidas foram: C1: IPR88 Uirapuru vs BAF35; C2: geração F_2 vs geração F_5 ; C3: genitores (IPR88 Uirapuru e BAF35) vs segregantes (F_2 e F_5); na presença de significância para a interação genótipos x bloco, estes contrastes foram aplicados para os j blocos ($j=1, 2$ e 3).

3. Resultados e Discussão

A análise de variância sintetiza as informações de um experimento controlado, discriminando a variação dos fatores experimentais controlados e resíduo (erro). Para o experimento com 4 genótipos dispostos em 3 blocos com 4 repetições (Tabela 1), esta demonstrou significância para as causas de variação bloco, genótipo e a interação genótipo x bloco ($p<0,05$). A significância do bloco demonstra efetividade do delineamento experimental básico, ao captar a variação em diferentes extratos da área, tornando as condições dentro dos blocos mais homogêneas e entre blocos heterogêneas. Esta causa de variação, captou um percentual da variação explicada da soma de quadrados de aproximadamente 12,93. O fator genótipo apresentou variação explicada de aproximadamente 30,19%, enquanto a interação genótipo x bloco apresenta uma fração de cerca de 21,98%, da soma de quadrados. A porcentagem explicada pelo resíduo é de 34,89%, o qual reflete um coeficiente de variação (C.V.) de 14,17%, sendo esta medida uma estimativa da precisão experimental, onde valores na faixa de 10 a 20% são considerados médios (Pimentel-Gomes, 2000).

Além disso, na Tabela 1 também foi possível verificar a decomposição da variação do fator genótipo, em três contrastes ortogonais. Devido a independência que a ortogonalidade proporciona, é possível fazer a relação que estes representam a variação dos grupos previamente estabelecidos. Deste modo, o grupo genitores composto pelos genótipos IPR88 Uirapuru e BAF35, apresentaram significância ($p<0,05$), captando cerca de 74,49% de toda soma de quadrados atribuída a genótipos. Os genótipos segregantes também revelaram significância ($p<0,05$), contudo a variação inerente a este grupo, composto pelas gerações segregantes F_2 e F_5 conduzidas por bulk, é de aproximadamente 22,15%. A comparação destes dois grupos não foi significativa ($p<0,05$), com cerca de 3,41% da fração explicada da soma de quadrados de genótipos.

Os resultados demonstram uma situação rotineira da experimentação agrícola realizada no melhoramento de plantas, onde os tratamentos apresentam uma fração considerável da soma de quadrados explicada do experimento. Contudo, o fato dos genitores captarem maior proporção da soma da soma de quadrados explicada é intrigante, decorrente basicamente destes genótipos apresentarem em sua constituição genética, praticamente todos os locos em homozigose, se comparada as gerações segregantes, onde em F_2 a homozigose é de apenas 50% dos locos segregantes e em F_5 aproximadamente 93,75% (Allard, 1971). Neste sentido, a diferença de magnitude da variação destes genótipos, é decorrente basicamente do desempenho diferencial que as populações segregantes apresentam em relação aos homozigotos para a mesma condição. Considerando os resultados, essas diferenças podem ser explicadas basicamente pela diferença entre os genitores, apresentada para o caráter rendimento de grãos e a complementação que ambos demonstram nas progênies em “bulk”, visto estas não serem submetidas a nenhum processo de seleção. Apesar destas evidências, verifica-se a existência de uma dificuldade demonstrada na avaliação das populações segregantes, onde à medida que a frequência genotípica for alterada pela seleção, o componente ambiental atuando na variação fenotípica é alterado, considerando as condições experimentais visualizadas a campo (Falconer & Mackay, 1996).

Tabela 1. Análise de variância e decomposição dos graus de liberdade do fator genótipo para o caráter rendimento de grãos em genótipos de feijão (g parcela⁻¹).**Table 1.** Analysis of variance and decomposition of the genotype factor degrees of freedom for the grain yield character in common bean genotypes (g plot⁻¹).

Causa de variação	G.L.	S.Q.	Q.M.	P.E. (%)
Bloco	2	24898,87	12449,43*	12,93
Genótipo	3	58134,89	19378,29*	30,19
Genitores	(1)	43265,04	43265,04*	74,49
Segregantes	(1)	12880,66	12880,66*	22,15
Genitores vs Segregantes	(1)	1989,19	1989,18	3,41
Genótipo x Bloco	6	42325,79	7054,29*	21,98
Resíduo	36	67180,75	1866,13	34,89
Total	47	192540,31		
Média = 304,68 g parcela ⁻¹		R ² = 0,65		
C.V. (%) = 14,17		Raíz QME = 43,20		

*Significativo a 5% de probabilidade de erro tipo I, pelo teste F; (G.L.): graus de liberdade; (S.Q.): soma de quadrados; (Q.M.): quadrados médios; (P.E.): proporção da soma de quadrados explicada; (C.V.): coeficiente de variação; (R²): coeficiente de determinação.

Este fato é demonstrado pela significância da interação genótipo x bloco nos resultados obtidos, e revelam uma preocupação em relação a precisão das informações fenotípicas. Isso porque em geral a variância causada pelo ambiente é uma fonte de perturbação, que reduz a precisão nos estudos genéticos, onde o objetivo do pesquisador é consequentemente reduzir o máximo possível esta variação, mediante a técnicas de planejamento e condução experimental (Arief *et al.*, 2019; Elias, *et al.*, 2018; Velazco *et al.*, 2017). Neste sentido, a redução do viés da estimativa do erro e o incremento da precisão experimental são fundamentais para uma adequada condução das populações segregantes e avaliação fidedigna das progênies. De modo aplicado, as técnicas comumente mais utilizadas para o controle do erro experimental são: *i*) utilização de um delineamento adequado; *ii*) técnicas de condução do experimento apropriadas, visando proporcionar aos genótipos as mesmas condições de ambiente, tratos culturais e medidas dos caracteres; e *iii*) análise de dados correta, podendo serem utilizadas análises complementares visando esse controle.

A partir destas preocupações, referente a qualidade das informações obtidas com o processo de melhoramento, inúmeras são as alternativas para obtenção de informações a respeito da qualidade destes resultados, principalmente relacionando a variância e média dos genótipos, além das observações verificadas em cada parcela, as quais são fundamentais para a seleção (Vencovsky & Barriga, 1992). Visto que estas informações individuais são fenotípicas, o controle do erro torna-se fundamental. A nível de planejamento, este controle pode ser realizado principalmente com base nos princípios de repetição, casualização e controle local (Pimentel-Gomes, 2000). Considerando este contexto, há diferentes modos de obter um maior conhecimento e concomitantemente o controle a respeito destas informações (Bernal-Vasquez *et al.*, 2014). Basicamente a confiabilidade destas estimativas, consideram principalmente o erro experimental como denominador ou numerador. Além desta abordagem clássica, diferentes metodologias de análise espacial de experimentos podem ser empregadas. Uma delas é o método que utiliza os desvios das unidades experimentais vizinhas como uma covariável, supondo principalmente que as parcelas mais próximas sejam mais correlacionadas que as distantes, mesmo que o princípio de controle local tenha sido realizado (Cargnelutti-Filho *et al.*, 2014).

De maneira análoga, para este caso considerando os princípios básicos de experimentação, com repetições dentro do bloco, a causa de variação inerente ao erro é passível do particionamento na interação Genótipo x Bloco e no erro inerente a Genótipo/Bloco dentro de Repetição. Com esta

divisão, como observado na Tabela 1, verifica-se um comportamento diferencial dos genótipos nos diferentes blocos, podendo ser uma perturbação no momento de realizar a seleção com base no valor fenotípico. Isso ocorre devido principalmente a distinção da variabilidade espacial nos blocos, onde os diferentes genótipos podem ser mais ou menos sensíveis as diferenças ambientais. Neste sentido, há evidências que ao considerar um melhor controle experimental, consecutivamente a precisão dos valores fenotípicos é maior, e conseqüentemente ocorre uma chance de obter melhores estimativas e ganhos genéticos para os diferentes caracteres (Bernal-Vasquez *et al.*, 2014).

Diante desta informação, uma alternativa visando verificar as diferentes implicações desta condição, é a decomposição da variação dos genótipos nos diferentes blocos, permitindo assim a visualização dos desempenhos genotípicos estratificados na estrutura experimental delineada (Cochran & Cox, 1954). Os desdobramentos da causa de variação genótipo dentro do bloco apresentado na Tabela 2, demonstram significância para estratificação nos três blocos ($P < 0,05$). Comprovando deste modo, o desempenho diferencial dos genótipos dentro de cada bloco para o rendimento de grãos. Destacando as somas de quadrados explicada de genótipo dentro de bloco, observa-se que genótipos dentro do bloco um, captam cerca de 30% destas proporções (P.E.), enquanto o bloco dois explica aproximadamente 18,65%. Por fim, os genótipos dentro do bloco três, apresentam estimativa desta soma de quadrados em magnitude superior a 50%.

Essa distinção, pode ser decorrente basicamente das parcelas serem compostas por 4 linhas de 2 m, utilizando apenas as linhas centrais para a avaliação do rendimento de grãos (g parcela⁻¹). Considerando apenas 4 genótipos e 4 repetições dentro de cada bloco, o tamanho deste é relativamente pequeno, o que pode favorecer essas discrepâncias, contudo este fato de certa forma é salutar considerando o delineamento em questão, que tem como prerrogativa o estabelecimento de uma maior homogeneidade dentro do bloco e heterogeneidade entre blocos (Silva, 2016). Sendo assim, tratando-se de genótipos em gerações iniciais nos programas de melhoramentos as parcelas geralmente ficam restringidas quanto ao seu tamanho.

Este fato ocorre, devido principalmente a pouca disponibilidade de sementes, o que de certa forma incrementa a variância residual (Souza *et al.*, 2000). Principalmente, se comparado a parcelas em tamanhos regulares, utilizadas rotineiramente nos ensaios de valor cultivo e uso da cultura, as quais são compostas geralmente por 4 linhas de 4 metros de comprimento. Com isso, independentemente da abordagem experimental no planejamento e análise estatística aplicada aos dados obtidos, o objetivo básico em termos de informação genética, é referente principalmente ao aumento da precisão dos efeitos genotípicos estimados, separando da melhor forma os componentes da variação fenotípica, proporcionando que o ganho genético obtido seja mais próximo possível, se comparado ao ganho esperado com a seleção (Da-Silva *et al.*, 2021).

As decomposições das variações de genótipos dentro de cada bloco, em contrastes ortogonais dos tratamentos, são observadas na Tabela 2. O bloco um apresenta significância para as comparações inerentes ao contraste 2 e 3 (C₂ e C₃), os quais são inerentes das gerações segregantes (F₂ e F₅) e genitores versus segregantes, por vez a comparação entre os genitores IPR88 Uirapuru versus BAF35 (C₁), não apresentou significância ($p > 0,05$). De modo geral, as proporções explicadas da soma de quadrados inerente aos genótipos dentro do bloco 1 (30173), para os contrastes C₁, C₂ e C₃, foram respectivamente 9,32%, 27,79% e 62,89%, demonstrando uma maior variação para os genótipos segregantes e a comparação entre segregantes e os genitores. De modo análogo, para no bloco dois o único contraste significativo foi para segregantes na comparação entre F₂ e F₅ (C₅), onde as proporções explicadas das somas de quadrados foram respectivamente 38,11%, 60,44% e 1,45% para C₄, C₅ e C₆. Por vez, no bloco três a significância foi observada apenas para os genitores ($p < 0,05$), captando grande porção da soma de quadrados, cerca de 96,24%. Estes resultados, indicam a ocorrência de causalidade para a estratificação da variação de genótipos dentro de blocos. Neste caso os genótipos dentro do bloco 3 demonstraram cerca de 51% da proporção explicada da soma de quadrados, inerente a causa de variação genótipos dentro de blocos.

Neste sentido, os resultados demonstram a ocorrência de dependência da distribuição espacial dos resultados, ou seja, a tendência que o valor observado para uma variável em uma determinada posição, se assemelha mais aos valores observados próximos a ela, em relação aos demais do conjunto

amostral. Portanto, os genótipos apresentam um efeito diferencial entre os blocos, decorrente da interação destes com a variabilidade espacial da área experimental. Onde, um conjunto de genótipos pode ser mais ou menos sensível as influências de ambiente e resultar em maior ou menor variação. Essa variabilidade, observada na avaliação genética de plantas a campo, é inerente basicamente a algumas fontes de variação que podem existir ao longo das áreas experimentais, incluindo principalmente alterações do pH, estrutura e fertilidade do solo, incidência de pragas e doenças, que podem incidir na área experimental (Elias *et al.*, 2018; Velazco *et al.*, 2017).

Tabela 2. Desdobramento dos graus de liberdade de genótipos dentro de blocos em contrastes ortogonais, para o caráter rendimento de grãos em feijão (g parcela⁻¹).

Table 2. Breakdown of degrees of freedom of genotypes within blocks in orthogonal contrasts, for the grain yield character in common bean (g plot⁻¹).

Causa de variação	G.L.	S.Q.	Q.M.	P.E. (%)
Genótipo Bloco	9	100460,68	11162,30*	
Genótipo Bloco 1	3	30173,00	10058,00*	30,03
C ₁	(1)	2812,50	2812,50	9,32
C ₂	(1)	8385,12	8385,12*	27,79
C ₃	(1)	18975,06	18975,06*	62,89
Genótipo Bloco 2	3	18738,00	6245,83*	18,65
C ₄	(1)	7140,12	7140,12	38,11
C ₅	(1)	11325,12	11325,12*	60,44
C ₆	(1)	272,25	272,25	1,45
Genótipo Bloco 3	3	51551,00	17184,00*	51,31
C ₇	(1)	49612,50	49612,50*	96,24
C ₈	(1)	2,00	2,00	0,00
C ₉	(1)	1936,00	1936,00	3,76
Resíduo	36	67180,75	1866,13	

*Significativo a 5% de probabilidade de erro tipo I, pelo teste F; (G.L.): graus de liberdade; (S.Q.): soma de quadrados; (Q.M.): quadrados médios; (P.E.): proporção da soma de quadrados explicada; (C₁): genitores dentro do bloco 1; (C₂): segregantes dentro do bloco 1; (C₃): genitores vs segregantes dentro do bloco 1; (C₄): genitores dentro do bloco 2; (C₅): segregantes dentro do bloco 2; (C₆): genitores vs segregantes dentro do bloco 2; (C₇): genitores dentro do bloco 3; (C₈): segregantes dentro do bloco 3; (C₉): genitores vs segregantes dentro do bloco 3.

Assim sendo, como observado na Tabela 2, uma grande proporção da soma de quadrados foi captada especificadamente para o grupo composto pelos genitores dispostos no bloco três deste ensaio. Isso é um indício para considerar com cautela, os desempenhos dos genótipos dispostos nessa fração da área experimental, levando em consideração principalmente a manifestação da heterogeneidade capturada pelo delineamento experimental. Posto isso, a importância de considerar estes aspectos estão presentes em distintos estudos (Da-Silva *et al.*, 2021; Hoefler *et al.*, 2020). Apesar disso, existem poucos trabalhos que levam em consideração a sutileza destas informações, ou realizam estudos prévios, visando estabelecer princípios adequados, com objetivo de planejar o experimento com melhor eficiência. Isto é decorrente muitas vezes, deste aspecto ser julgado dispendioso em tempo e recursos, no entanto esse planejamento adequado pode alicerçar a tomada de decisões a respeito das informações fenotípicas. Além disso contribuir em experimentos futuros, sendo suporte na definição do número de repetições, tamanho de parcela, número e tamanho de blocos, favorecendo uma maior chance de sucesso na seleção de plantas (Casler, 2015).

Ao levar em consideração a realização do controle local, visando fundamentalmente uma maior captação da heterogeneidade da área, é de conhecimento que a variabilidade espacial pode não ser controlada totalmente, principalmente se esta for menor que os blocos devido a sua ocorrência de forma gradual (Borges *et al.*, 2019). Com isso, a restrição do tamanho de parcelas, imposta pelo baixo número de sementes, se torna em muitos casos um fato agravante a este aspecto. Fazendo assim, com

que o planejamento experimental necessite ser ajustado, visando obter um controle mais efetivo da variabilidade espacial. De um modo geral, quanto maior o número de tratamentos, os delineamentos experimentais tendem a uma menor eficiência, em termos do controle desta variabilidade (Casler, 2015). Isso ocorre basicamente, devido a maior heterogeneidade observada dentro dos blocos, fazendo com que os valores fenotípicos apresentem um afastamento dos valores genotípicos.

Alguns autores tem estudado, a colaboração da abordagem experimental e modelagem espacial, ligado as áreas de condução de experimentos (Clarke & Stefanova, 2011; Silva, 2016). Estes observam, que até um certo ponto a modelagem pode melhorar o desempenho dos delineamentos experimentais, contudo a mesma tem uma inferioridade se comparada a utilização dos princípios básicos da experimentação. Portanto, a modelagem deve ser considerada uma estratégia suplementar e não alternativa aos delineamentos experimentais (Borges *et al.*, 2019). Isso porque ao utilizar somente uma repetição para os diferentes tratamentos, como no delineamento de blocos aumentados, o erro padrão das médias ajustadas fica seriamente afetado, interferindo na classificação das melhores progêneses, sendo fundamental a condução de experimentos com repetições, devido a seleção destas progêneses necessitar de um maior rigor (Souza *et al.*, 2000).

Considerando os resultados observados, a utilização de repetições nos blocos é uma alternativa para realizar o diagnóstico da variabilidade presente dentro dos blocos, considerando que rotineiramente é empregado o uso de uma covariável. Além disso, foi possível visualizar que as gerações segregantes demonstram significância para o rendimento de grãos em apenas uma fração da área experimental. Desta forma, fica evidente a influência das fontes de variações não controladas, resultando no desempenho genotípico diferencial para um mesmo genótipo no experimento. Este fato implica que a seleção fenotípica de indivíduos superiores, podem não resultar em indivíduos superiores, decorrente do valor fenotípico estar inflado pelo erro, devido as diferentes condições micro ambientais presentes nas áreas experimentais. Assim, uma quantidade suficiente de repetições, a partir de genótipos em homozigose (onde se tem maior disponibilidade de sementes) podem ser alocadas dentro dos diferentes blocos. Permitindo desta maneira, uma avaliação das condições das áreas experimentais, podendo colaborar com o controle da variabilidade espacial pelo delineamento experimental, além de incrementar os graus de liberdade do resíduo.

4. Conclusão

A interação genótipo x bloco apresentou uma fração da soma de quadrados total do experimento de 21,98%, a partir da decomposição dos graus de liberdade desta variação foi observado uma proporção relevante da soma de quadrados presente em apenas um bloco, sendo inerente principalmente aos genitores IPR88 Uirapuru e BAF35, comprovando assim a dependência espacial dos erros. O uso de repetições dentro dos blocos possibilita uma verificação adequada da variação espacial do experimento, podendo ser fundamental na tomada decisões, principalmente no momento de realizar a seleção de plantas.

Referências

- ALLARD, R. W. **Princípios do melhoramento genético das plantas**. São Paulo: E. Blücher, 1971. 381 p.
- ARIEF, V. N.; DESMAE, H.; HARDNER, C.; DELACY, I. H.; GILMOUR, A.; BULL, J. K.; & BASFORD, K. E. Utilization of multiyear plant breeding data to better predict genotype performance. **Crop Science**, v. 59, n. 2, p. 480-490, 2019. DOI: 10.2135/cropsci2018.03.0182
- BERNARDELI, A.; ROCHA, J. R. A. S. D. C.; BORÉM, A.; LORENZONI, R.; AGUIAR, R.; SILVA, J. N. B.; LAMAS COSTA, M. D. B. Modeling spatial trends and enhancing genetic selection: An approach to soybean seed composition breeding. **Crop Science**, v. 61, n. 2, p. 976-988, 2021. DOI: 10.1002/csc2.20364

- BERNAL-VASQUEZ, A. M.; MÖHRING, J.; SCHMIDT, M.; SCHÖNLEBEN, M.; SCHÖN, C. C.; PIEPHO, H. P. The importance of phenotypic data analysis for genomic prediction-a case study comparing different spatial models in rye. **BMC genomics**, v. 15, n. 1, p. 1-17, 2014. DOI: 10.1186/1471-2164-15-646
- BORGES, A.; GONZÁLEZ-REYMUDEZ, A.; ERNST, O.; CADENAZZI, M.; TERRA, J.; GUTIÉRREZ, L. Can spatial modeling substitute for experimental design in agricultural experiments? **Crop Science**, v. 59, n. 1, p. 44-53, 2019. DOI: 10.2135/cropsci2018.03.0177
- BURGUEÑO, Juan. Spatial analysis of field experiments. **Applied statistics in agricultural, biological, and environmental sciences**, p. 319-344, 2018. DOI: 10.2134/appliedstatistics.2016.0011.c12
- CAMPOS, J. F. D.; CARNEIRO, A. P. S.; PETERNELLI, L. A.; CARNEIRO, J. E. D. S.; SILVA, M. J. D.; CECON, P. R. Classificação de famílias do feijoeiro sob diferentes cenários de dependência espacial e precisão experimental. **Pesquisa Agropecuária Brasileira [online]**. v. 51, n. 02, pp. 105-111, 2016. DOI: 10.1590/S0100-204X2016000200002
- CARGNELUTTI FILHO, A.; STORCK, L.; TOEBE, M.; BURIN, C.; ALVES, B. M.; FACCO, G.; NEU, I. M. M. Precisão experimental relacionada a tamanhos de parcelas, números de tratamentos e repetições em nabo forrageiro. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 49, p. 428-439, 2014. DOI: 10.1590/S0100-204X2013000700007
- CASLER, M. D. Fundamentals of experimental design: Guidelines for designing successful experiments. **Agronomy Journal**, v. 107, n. 2, p. 692-705, 2015. DOI: 10.2134/agronj2013.0114
- CLARKE, G. P. Y.; STEFANOVA, K. T. Optimal design for early-generation plant-breeding trials with unreplicated or partially replicated test lines. **Australian & New Zealand Journal of Statistics**, v. 53, n. 4, p. 461-480, 2011. DOI: 10.1111/j.1467-842X.2011.00642.x
- COCHRAN, W.; COX, G.M. **Experimental Designs**. New York: John Wiley, 1957. 611p.
- CONAB - COMPANHIA NACIONAL DE ABASTECIMENTO. Acompanhamento da Safra Brasileira de Grãos, Brasília, DF, v. 9, safra 2021/22, n. 11 décimo primeiro levantamento, agosto 2022.
- DA SILVA, É. D. B.; XAVIER, A.; FARIA, M. V. Joint modeling of genetics and field variation in plant breeding trials using relationship and different spatial methods: A simulation study of accuracy and bias. **Agronomy**, v. 11, n. 7, p. 1397, 2021. DOI: 10.3390/agronomy11071397
- ELIAS, A. A.; RABBI, I.; KULAKOW, P.; JANNINK, J. L. Improving genomic prediction in cassava field experiments using spatial analysis. **G3: Genes, Genomes, Genetics**, v. 8, p. 53– 62, 2018. DOI: 10.1534/g3.117.300323
- FALCONER, D. S.; MACKAY, T. F. C. **Introduction to quantitative genetics**. 1996. Harlow, Essex, UK: Longmans Green, v. 3, 1996.
- KONZEN, E. R.; RECCHIA, G. H.; CASSIERI, F.; CALDAS, D. G. G.; BERNY MIER Y TERAN, J. C.; GEPTS, P.; TSAI, S. M. DREB genes from common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) show broad to specific abiotic stress responses and distinct levels of nucleotide diversity. **International journal of genomics**, v. 2019, 2019. DOI: 10.1155/2019/9520642
- LOS, F. G. B.; ZIELINSKI, A. A. F.; WOJEICCHOWSKI, J. P.; NOGUEIRA, A.; DEMIATE, I. M. Beans (*Phaseolus vulgaris* L.): whole seeds with complex chemical composition. **Current Opinion in Food Science**, v. 19, p. 63-71, 2018. DOI: 10.1016/j.cofs.2018.01.010
- PIMENTEL-GOMES, F. **Curso de Estatística Experimental**. 14. ed. Piracicaba: ESALQ, 2000. 477p.

SALVADOR, F. V.; PEREIRA, G. D. S.; SOUZA, M. H. D.; SILVA, L. M. B. D.; SANTANA, A. S.; DE PAULA, I. G.; ... CARNEIRO, J. E. D. S. Correcting experimental data for spatial trends in a common bean breeding program. **Crop Science**, v. 62, n. 2, p. 825-838, 2022. DOI: 10.1002/csc2.20703

SELLE, M. L.; STEINSLAND, I.; HICKEY, J. M.; GORJANC, G. Flexible modelling of spatial variation in agricultural field trials with the R package INLA. **Theoretical and Applied Genetics**, v. 132, p. 3277– 3293, 2019. DOI:10.1007/s00122-019-03424-y

SILVA, M. J. D.; CARNEIRO, A. P. S.; FERES, A. L. G.; CARNEIRO, J. E. S.; SANTOS, N. T.; CECON, P. R. Spatial dependence in experiments of progeny selection for bean (*Phaseolus vulgaris* L.) yield. **Revista Ceres**, v. 63, p. 477-485, 2016.

SOUZA, E.A. de; GERALDI, I.O.; RAMALHO, M.A.P. Alternativas experimentais na avaliação de famílias em programas de melhoramento genético do feijoeiro. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.35, p.1765-1771, 2000.

VELAZCO, J. G.; RODRÍGUEZ-ÁLVAREZ, M. X.; BOER, M. P.; JORDAN, D. R.; EILERS, P. H. C.; MALOSETTI, M.; VAN EEUWIJK, F. A. Modelling spatial trends in sorghum breeding field trials using a two-dimensional P-spline mixed model. **Theoretical and Applied Genetics**, v. 130, p. 1375– 1392, 2017. DOI: 10.1007/s00122-017-2894-4

VENCOVSKY, R.; BARRIGA, P. Genética biométrica no Fitomelhoramento. Ribeirão Preto: Revista Brasileira de Genética, 1992. 496p.

Author contribution:

Luan Tiago dos Santos Carbonari: Conceituação, Curadoria de Dados, Análise Formal, Investigação, Metodologia, Software, Validação, Visualização, Escrita – Primeira Redação; Paulo Henrique Cerrutti: Análise Formal, Software, Validação, Escrita – Revisão e Edição; Marcio dos Santos: Análise Formal, Conceituação, Validação, Escrita – Revisão e Edição; Felipe Reck Benato: Análise Formal, Conceituação, Validação, Escrita – Revisão e Edição.

Acknowledgment

Agradecemos a Universidade do Estado de Santa Catarina (UDESC), ao Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq) e a Fundação de Amparo a Pesquisa e Inovação do Estado de Santa Catarina (FAPESC), por todo suporte intelectual e financeiro.

Financing Sources

There was no source of funding.

Conflict of Interest

The authors declare no conflict of interest.

Associate Editor

Saly Takeshita Yamaguti

ORIGINAL ARTICLE

