

UNIVERSIDADE FEDERAL DE PELOTAS

Programa de Pós-Graduação em Agronomia



Tese

**Regionalização para o cultivo do feijão no Rio Grande do
Sul com base na interação genótipo x ambiente**

Clause Fátima de Brum Piana

Pelotas, 2009

Clause Fátima de Brum Piana

**Regionalização para o cultivo do feijão no Rio Grande do
Sul com base na interação genótipo x ambiente**

Tese apresentada ao Programa de Pós-Graduação em Agronomia da Universidade Federal de Pelotas como requisito parcial à obtenção do título de Doutor em Ciências (Agronomia: Fitomelhoramento).

Orientador: João Gilberto Corrêa da Silva

Co-Orientador: Irajá Ferreira Antunes

Pelotas, 2009

Dados de catalogação na fonte:
(Marlene Cravo Castillo, CRB 10/744)

P581r Piana, Clause Fátima de Brum

Regionalização para o cultivo do feijão no Rio Grande do Sul
com base na interação genótipo x ambiente / Clause Fátima de
Brum Piana. - Pelotas, 2009.

120f. : il.

Tese (Doutorado) - Programa de Pós-Graduação em
Agronomia / Fitomelhoramento. Faculdade de Agronomia Eliseu
Maciel. Universidade Federal de Pelotas. - Pelotas, 2009, João
Gilberto Corrêa da Silva, Orientador; co-orientador Irajá Ferreira
Antunes.

1. Phaseolus vulgaris 2. Componentes de variância 3.
Estratificação de ambientes 4. Análise de agrupamento I Silva,
João Gilberto Corrêa da (orientador) II .Título.

CDD 635.652

Regionalização para o cultivo do feijão no Rio Grande do Sul com base na interação genótipo x ambiente

TESE

CLAUDE FÁTIMA DE BRUM PIANA

Comitê de Orientação:

Prof. João Gilberto Corrêa da Silva (Ph.D.)

Pesquisador Irajá Ferreira Antunes (Dr.)

Banca examinadora:

Prof. João Gilberto Corrêa da Silva (Ph.D.) - Presidente - UFPel / IFM

Profa. Nerinéia Dalfollo Ribeiro (Dra.) - UFSM / CCR

Pesquisador Arione da Silva Pereira (Ph.D.) - Embrapa Clima Temperado

Prof. Amauri de Almeida Machado (Dr.) - UFPel / IFM

Prof. Fernando Irajá Félix de Carvalho (Ph.D.) - UFPel / FAEM

Aos meus pais Fiorindo Piana (in memoriam)

e Maria Moura de Brum.

Aos meus irmãos Cleuton e Paulo.

Agradecimentos

À CAPES, pela concessão da bolsa, à Faculdade de Agronomia Eliseu Maciel (UFPEl) e à Embrapa Clima Temperado, pela oportunidade.

Ao Prof. João Gilberto Corrêa da Silva, pelos ensinamentos, pela orientação, pela paciência com minhas dificuldades, pela firmeza e pela gentileza e, sobretudo, por me dar o melhor exemplo do que é ser um pesquisador. Foi um privilégio e uma grande honra ter sido sua orientada. Espero que nossa parceria continue por muito tempo ainda.

Ao Irajá Ferreira Antunes, por me mostrar o que são o melhoramento e a experimentação na prática, pela orientação, pela amizade incondicional, pela confiança e pelo estímulo constante. Obrigada por me fazer acreditar nas minhas potencialidades.

Ao Prof. Fernando Irajá Félix de Carvalho, por seus ensinamentos e sugestões, pelo seu excelente humor e sua tolerância com meu gênio difícil. Obrigada por ter compreendido e respeitado as minhas escolhas. Serei eternamente grata pelo seu esforço para conseguir a bolsa que recebi durante o curso; sem ela eu não estaria aqui.

Ao Prof. Amauri de Almeida Machado, pela amizade de tantos anos e por ter me conduzido para essa área tão fascinante – e da qual nunca mais consegui sair – que é a Estatística. Obrigada por estar sempre à disposição para esclarecer minhas dúvidas e descomplicar o que, muitas vezes, parecia incompreensível. Devo a ti, meu mestre e amigo, o interesse e o gosto que tenho pela Estatística.

A todos os membros da banca, por terem aceitado prontamente participar da avaliação deste trabalho e trazer suas contribuições para enriquecê-lo, em especial, à Profa. Nerinéia, pelo carinho com que me recebeu na UFSM.

Aos colegas da Embrapa, Janete, Camila, Rita Arianne, Luciane, Neander, Élen, Ricardo, Carla e Lilian, e aos pesquisadores Vanderlei Caetano e Gilberto Bevilaqua, pela amizade, pela “torcida” e pelo agradável convívio na “Sala do Ira”.

Aos colegas do Fitomelhoramento, pelas contribuições durante o período em que convivemos, em especial à Juliana, à Adriana, à Claudete, à Maraísa, ao Enrique (“*nuestro hermano uruguayo*”), ao Gustavo e à Naciele.

Aos colegas da Estatística, Profa. Lisiane e Prof. Willian, pelo apoio e pela amizade.

Aos meus grandes amigos Cláudia, Sérgio, Sandra e Daniel, pelo carinho, pelo incentivo, pela paciência com o meu humor variável. Os momentos que passamos juntos foram essenciais para aliviar a tensão e recarregar a bateria.

Ao meu querido Guto, “por tudo o que vivemos juntos e separados”. Obrigada por estar sempre por perto. “*Quiero que sepas cuánto me haces bien.*”

À minha família, pelo carinho, pelo apoio, pela palavra certa na hora certa. Obrigada por compreenderem as minhas ausências, por terem valorizado cada passo que dei, um a um, sempre me incentivando a seguir em frente. Tudo isso é por vocês.

Às instituições que colaboraram com a execução do Ensaio Estadual do Feijão no período de 1987/88 a 1994/95 e a todas as pessoas que de alguma forma contribuíram para a geração dos dados utilizados nesta pesquisa.

Resumo

PIANA, Clause Fátima de Brum. **Regionalização para o cultivo do feijão no Rio Grande do Sul com base na interação genótipo x ambiente**. 2009. 120f. Tese (Doutorado) - Programa de Pós-Graduação em Agronomia. Universidade Federal de Pelotas, Pelotas.

No Brasil, o feijão (*Phaseolus vulgaris* L.) é cultivado em uma gama de ambientes ecologicamente diferenciados. Por ser uma cultura altamente influenciada pela variação de ambiente, sua produtividade média no país é instável e baixa. Uma origem da oscilação da produtividade é a interação genótipo x ambiente, a qual tem sido um dos maiores entraves para a obtenção de genótipos que mantenham rendimentos consistentemente elevados nos diversos ambientes de cultivo. Os métodos propostos para a exploração da interação genótipo x ambiente são direcionados para a estabilidade do rendimento dos genótipos ou para a regionalização dos locais de cultivo. A maioria dos genótipos de feijão registrados para cultivo no Rio Grande do Sul evidencia instabilidade de rendimento. A presente pesquisa explorou dados do Ensaio Estadual de Feijão (EEF) do Rio Grande do Sul, conduzido em 24 locais no período de 1987/88 a 1994/95, com variação considerável de genótipos e de locais entre esses anos. Essa pesquisa teve dois objetivos principais: (1) avaliar a magnitude e a natureza da interação genótipo x ambiente e (2) identificar possível estratificação da região de cultivo do feijão no Estado em sub-regiões dentro das quais os genótipos tenham desempenho relativo estável. As inferências sobre os componentes da interação genótipo x ambiente foram procedidas pela análise conjunta de cada um dos oito anos e as análises de dois subconjuntos de quatro anos e do conjunto dos oito anos. Em razão de se pretender lograr uma regionalização de longo prazo, geral para os locais de cultivo do Rio Grande do Sul e para qualquer coleção de genótipos de feijão, os fatores ano, local e genótipo foram considerados aleatórios. Foram utilizadas as

metodologias de máxima verossimilhança e quadrados mínimos generalizados. Essa abordagem permitiu levar em conta a estrutura incompleta e não balanceada dos dados e a heterogeneidade da variância do erro experimental. Os resultados das análises anuais revelaram alta significância do componente da interação genótipo x local em todos os anos, indicando que o desempenho relativo dos genótipos se altera entre os locais. Essa interação também se revelou significativa na análise dos oito anos, mas não significativa nas análises dos dois subconjuntos de quatro anos. Nessas três análises conjuntas de anos a interação tripla genótipo x local x ano foi altamente significativa. A indicação de desempenho heterogêneo dos genótipos entre os locais e a possibilidade do padrão desse desempenho ter alguma consistência ao longo dos anos justificou a tentativa de agrupamento desses locais. Foram efetuadas análises de agrupamento para cada um dos oito anos e para o conjunto dos oito anos, pelo método de Sokal e Michener, que utiliza a distância euclidiana como medida de similaridade. A análise de agrupamento do conjunto dos oito anos constituiu sub-regiões incoerentes com as sub-regiões formadas pelas análises anuais que, por sua vez, foram inconsistentes entre si. Essa incoerência e inconsistência de agrupamentos impossibilitaram a caracterização de uma divisão do Estado para a regionalização da indicação de cultivares. Observe-se, entretanto, que essas evidências podem ter sido influenciadas pelas consideráveis alterações dos genótipos e dos locais de condução do EEF no período de 1987/88 a 1994/95 em cujos dados elas se baseiam. Também podem ter decorrido, em parte, de falhas das técnicas experimentais adotadas nesse período de execução do EEF, particularmente das acentuadas variações da data de semeadura e do estande por parcela.

Palavras-chave: *Phaseolus vulgaris*. Componentes de variância. Estratificação de ambientes. Análise de agrupamento.

Abstract

PIANA, Clause Fátima de Brum. **Common bean cropping regionalization in Rio Grande do Sul State, Brazil, based on genotype x environment interaction.** 2009. 120f. Tese (Doutorado) - Programa de Pós-Graduação em Agronomia. Universidade Federal de Pelotas, Pelotas.

In Brazil, common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) is cultivated in a range of ecologically differentiated environments. For being a culture highly influenced by the environment variation, its average productivity in the Country is unstable and low. An origin of this variation of productivity is the genotype x environment interaction, which has been one of the largest impediments for obtaining genotypes that maintain consistently high yield in the growing environments. The methods proposed for the exploration of the genotype x environment interaction are directed to the stability of the yield of the genotypes or to the regionalization of the growing locations. Most of the common bean genotypes registered for cultivation in Rio Grande do Sul evidences yield instability. The present research explored data from Rio Grande do Sul Common Bean State Trial ("Ensaio Estadual de Feijão" - EEF), executed at 24 locations in the period from 1987/88 to 1994/95, with considerable variation of genotypes and locations among those years. This research had two main objectives: (1) to evaluate the magnitude and the nature of the genotype x environment interaction and (2) to identify possible stratification of the growing region of common bean in the State in sub-regions inside of which the genotypes have stable relative performance. The inferences about the components of the interaction genotype x environment were proceeded by the joint analysis of each one of the eight years and the analyses of two subsets of four years and of the set of eight years. Because of the intent of obtaining a long time regionalization, general for the growing location of the Rio Grande do Sul and for any collection of beans genotypes, the factors year, location and genotype were considered random. The maximum likelihood and the generalized minimum squares methods were used. This approach allowed taking into account the

incomplete and unbalanced structure of the data and the heterogeneity of variance of the experimental error. The results of the annual analyses revealed high significance of the component of the interaction genotype x location in all of the years, indicating that the relative performance of the genotypes varies among locations. This interaction was also revealed significant in the analysis of the eight years, but was not significant in the analyses of the two subsets four years. In these three joint analyses of years the triple interaction genotype x location x year was highly significant. The indication of heterogeneous performance of the genotypes among the locations and the possibility that the pattern of performance have some consistence along the years justified the attempt to the grouping of the locations. Cluster analyses were performed for each one of the eight years and for the set of eight years by the method of Sokal and Michener, that uses the Euclidean distance as similarity measure. The cluster analysis of the set of eight years constituted sub-regions that are generally incoherent with the sub-regions formed by the annual analyses that, by they turn, were inconsistent amongst themselves. This incoherence and inconsistency of groupings disabled the characterization of a division of the State for the regionalization of the indication of cultivars. It should be observed, however, that these evidences might have been influenced by the considerable alterations of the genotypes and of the locations of execution of the EEF among the years of the period from 1987/88 to 1994/95 in whose data they are based. They can also have resulted, partly, of flaws of the experimental techniques adopted in that period of execution of EEF, particularly of the accentuated variations of the sowing date and of the stand by plot.

Key words: *Phaseolus vulgaris*. Variance components. Environment stratification. Cluster analysis.

Lista de figuras

Figura 3.1 Localização dos municípios que constituem a região produtora de feijão no Estado do Rio Grande do Sul.....	44
Figura 3.2 Localização dos municípios onde foi conduzido o EEF nos anos agrícolas de 1987/88 a 1994/95.....	45
Figura 4.1 Dendrograma do agrupamento de 14 locais no período de 1987/88 a 1994/95.....	82
Figura 4.2 Sub-regiões resultantes do agrupamento de locais no período de 1987/88 a 1994/95.	83

Lista de tabelas

Tabela 3.1	Data da semeadura em cada ambiente (combinação de local e ano) de execução do Ensaio Estadual de Feijão nos anos agrícolas de 1987/88 a 1994/95.....	42
Tabela 3.2	Instituições executoras e responsáveis pelo EEF, por município, no período de 1987/88 a 1994/95.....	43
Tabela 3.3	Características geográficas, edáficas e climáticas dos 24 municípios onde foi conduzido o EEF nos anos agrícolas de 1987/88 a 1994/95...	46
Tabela 3.4	Genótipos que compuseram o EEF no período de 1987/88 a 1994/95 e respectivos obtentores/mantenedores (Obt.).....	47
Tabela 3.5	Freqüências dos locais que compuseram cada uma das três análises conjuntas, nos respectivos intervalos de anos considerados.....	50
Tabela 3.6	Freqüências dos genótipos que compuseram cada uma das três análises conjuntas, nos respectivos intervalos de anos considerados...	51
Tabela 3.7	Caracterização dos dez genótipos de feijão considerados na análise conjunta dos locais no período dos oito anos.....	52
Tabela 4.1	Resultados das análises individuais do rendimento de grãos por ambiente de cultivo.....	68
Tabela 4.2	Média e valores extremos do rendimento de grãos (em kg.ha ⁻¹) para o conjunto dos locais em cada ano.....	69
Tabela 4.3	Média e valores extremos do rendimento de grãos (em kg.ha ⁻¹) para o conjunto dos anos em cada local.....	70
Tabela 4.4	Resultados dos testes de homogeneidade de variância do erro (teste de Bartlett) dos locais de cada ano, e dos ambientes de cada um dos dois subconjuntos de quatro anos e do conjunto dos oito anos.....	71
Tabela 4.5	Resultados das análises conjuntas anuais.....	73
Tabela 4.6	Análise da variância conjunta de 36 ambientes dos anos agrícolas de 1987/88 a 1990/91.....	74
Tabela 4.7	Análise da variância conjunta de 41 ambientes dos anos agrícolas de 1991/92 a 1994/95.....	74
Tabela 4.8	Análise da variância conjunta de 72 ambientes dos anos agrícolas de 1987/88 a 1994/95.....	76

Tabela 4.9 Estimativa e teste de nulidade da variância da interação genótipo x local dentro de grupo ($\sigma^2_{GL(R)}$) nos dois últimos estágios da análise de agrupamento, para cada ano e para o conjunto dos oito anos.....	79
Tabela 4.10 Características geográficas, edáficas e climáticas dos 14 locais que compuseram as seis sub-regiões no período de 1987/88 a 1994/95..	84
Tabela 4.11 Freqüências, nos agrupamentos anuais, das seis sub-regiões constituídas para o conjunto dos oito anos e das combinações de locais que compuseram essas sub-regiões.....	88

Sumário

1 Introdução.....	15
2 Revisão de literatura.....	18
2.1 Interação genótipo x ambiente.....	18
2.2 Bases genéticas da interação genótipo x ambiente.....	19
2.3 Estratégias para contornar os efeitos da interação genótipo x ambiente.....	21
2.4 Regionalização.....	24
2.5 Interação genótipo x ambiente em feijão.....	32
2.6 Zoneamento de riscos climáticos para a semeadura do feijão no Rio Grande do Sul.....	38
3. Material e métodos.....	41
3.1 Origem e descrição dos dados.....	41
3.1.1 Ensaio Estadual do Feijão (EEF).....	41
3.1.2 Locais.....	41
3.1.3 Genótipos.....	45
3.1.4 Caracterização dos dados.....	48
3.2 Análises estatísticas.....	48
3.2.1 Análises individuais dos ambientes.....	49
3.2.2 Teste de homogeneidade da variância.....	49
3.2.3 Análises conjuntas.....	50
3.2.3.1 Critérios para a seleção dos subconjuntos de locais e genótipos nas análises conjuntas de anos.....	52
3.2.3.2 Modelos estatísticos.....	53
3.2.3.3 Procedimento para as inferências.....	55
3.2.4 Regionalização.....	59
3.2.4.1 Medida de similaridade.....	60
3.2.4.2 Análise de agrupamento.....	61
3.2.4.3 Determinação do ponto de parada do processo de agrupamento.....	62
3.3 Recursos computacionais.....	64

4. Resultados e discussão.....	67
4.1 Análises de variância.....	67
4.1.1 Análises individuais dos ambientes.....	67
4.1.2 Teste de homogeneidade da variância.....	71
4.1.3 Análises conjuntas.....	71
4.2 Regionalização.....	77
4.2.1 Agrupamento de locais.....	77
4.2.1.1 Análises de agrupamento anuais.....	78
4.2.1.2 Análise de agrupamento conjunta dos oito anos.....	82
4.2.1.3 Análise da consistência dos agrupamentos.....	85
4.3 Considerações finais.....	90
5. Conclusões.....	93
6. Referências.....	94
Apêndices.....	104

Introdução

A cultura do feijão tem papel importante na alimentação dos povos latino americanos. No Brasil, o feijão é consumido tanto no meio rural quanto nas cidades, constituindo-se numa das principais fontes protéicas para as classes mais humildes.

Considerando apenas o gênero *Phaseolus*, o Brasil se destaca como o maior produtor e consumidor mundial. Entretanto, a produtividade média no País, apesar de crescente, ainda é muito baixa, visto que muitas cultivares têm potencial para produzir mais de 3.000kg.ha⁻¹. A média dos últimos dez anos foi de 743kg.ha⁻¹, com extremos de 627kg.ha⁻¹, em 1998/99, e 882kg.ha⁻¹, em 2007/08 (CONAB, 2009).

A produção do feijão no Brasil permaneceu estagnada por muitos anos ao redor de três milhões de toneladas (CONAB, 2009). Somente a partir de 2005 começou a apresentar crescimento consistente, que está hoje na ordem de 500 mil toneladas. O Estado do Rio Grande do Sul possui a oitava produção de feijão do País, com 109.624 toneladas, e sua participação na produção nacional baixou de 5,2% para 3,5%, considerando as médias dos períodos 1998 a 2000 e 2004 a 2006 (SEPLAG, 2008).

No Brasil, o feijão é cultivado em regiões com ampla gama de ambientes ecologicamente distintos. Sua produtividade varia muito entre regiões e de um ano para o outro. Isso revela que o feijão é uma cultura cujo desempenho é altamente influenciado pela variação de ambiente. A baixa produtividade média e sua elevada dependência das condições de ambiente tornam o feijão uma cultura de risco, gerando insegurança aos produtores e, muitas vezes, desestimulando o seu cultivo.

As respostas diferenciadas dos genótipos às variações do ambiente caracterizam a interação genótipo x ambiente. Essa interação tem sido um dos maiores entraves para os programas de melhoramento genético de plantas na obtenção de genótipos que mantenham rendimentos consistentemente elevados nos diversos ambientes de uma região. Um fato comum observado nessas pesquisas é a alteração dos desempenhos relativos dos genótipos com a variação do ambiente,

revelando que nenhum dos genótipos manifesta desempenho superior aos demais em todos os ambientes. Isso significa que pode ser inviável a obtenção de um genótipo uniformemente superior para o conjunto de ambientes.

Entre os métodos propostos para exploração da interação genótipo x ambiente, segundo um enfoque prático, isto é, sem consideração das causas intrínsecas, uns são direcionados para a adaptabilidade e a estabilidade do desempenho dos genótipos e outros para a regionalização dos locais de cultivo. Essas duas abordagens têm por base, respectivamente:

- a identificação de genótipos que mantenham desempenho elevado e estável em uma grande área;
- a identificação de sub-regiões da região de cultivo cujos ambientes sejam suficientemente homogêneos para que possam ser revelados genótipos uniformemente superiores.

Sob qualquer das duas abordagens, a pesquisa deve compreender a análise de dados de um experimento conduzido em diversos locais e anos. Entretanto, a análise estatística de experimentos de ampla abrangência espacial e temporal suscita diversas dificuldades metodológicas decorrentes sobretudo de estrutura de dados incompleta e de heterogeneidade da variância do erro experimental. Apesar da importância de problemas dessa natureza, a maioria dos pesquisadores não os tem considerado adequadamente, possivelmente por desconhecimento das metodologias apropriadas para tratá-los.

Outro problema fundamental dessas pesquisas, que parece freqüente e não tem sido devidamente considerado na literatura, é o erro experimental que resulta de falhas de técnicas experimentais empregadas nos experimentos que originam os dados, particularmente de falta de uniformidade dessas técnicas entre ambientes. Essas falhas de técnicas experimentais podem comprometer as inferências.

No Rio Grande do Sul algumas pesquisas têm sido realizadas com o objetivo de identificar genótipos de feijão com estabilidade de rendimento e adaptabilidade aos diversos ambientes de cultivo; a maioria delas, entretanto, não tem alcançado sucesso. A segunda abordagem, que busca o controle da interação genótipo x ambiente pela estratificação das áreas heterogêneas de cultivo, já tem sido adotada para a cultura do feijão nos estados de São Paulo e Minas Gerais; mas no Rio Grande do Sul, até o momento, nenhum estudo desta natureza foi relatado.

Esta pesquisa tem o objetivo geral de contribuir para tornar o cultivo do feijão no Rio Grande do Sul mais eficiente, partindo da hipótese de que recomendações de tecnologias específicas para regiões homogêneas resultarão em incremento da produtividade das lavouras pela diminuição dos riscos para a produção e, conseqüentemente, propiciarão maior retorno econômico para o grande contingente de produtores dedicados a esse cultivo. Para esse fim, serão explorados os resultados da época de cultivo da safra dos anos de 1987/88 a 1994/95 do Ensaio Estadual de Feijão no Rio Grande do Sul, com os seguintes objetivos específicos:

- avaliar a magnitude e a natureza da interação genótipo x ambiente, utilizando metodologia que leve em conta a heterogeneidade da variância do erro experimental e seja adequada para a estrutura não balanceada do experimento; e
- identificar possível estratificação da região de cultivo do feijão no Estado do Rio Grande do Sul em sub-regiões dentro das quais os genótipos tenham desempenho relativo estável.

Revisão de literatura

2.1 Interação genótipo x ambiente

O valor fenotípico de um indivíduo, quando avaliado em um ambiente, é o resultado da ação do efeito genotípico sob a influência do meio ao qual é submetido. Entretanto, a avaliação de um indivíduo em vários ambientes também deve levar em conta um componente adicional que influencia o seu valor fenotípico, que é a interação entre o efeito genotípico e o efeito do ambiente (CRUZ; CARNEIRO, 2003). A interação genótipo x ambiente expressa as alterações do comportamento dos genótipos diante das variações do ambiente.

Segundo Eberhart e Russell (1966), genótipos de qualquer espécie costumam apresentar comportamento diferenciado quando submetidos a diferentes condições de ambiente, significando que a classificação relativa dos genótipos para uma determinada característica pode alterar-se de um ambiente para outro.

Robertson (1959 apud CRUZ; CARNEIRO, 2003) classificou a interação genótipo x ambiente em dois tipos: simples e complexa. A interação simples é a variação das respostas dos genótipos entre ambientes sem alteração de suas posições relativas. A interação complexa ocorre quando as respostas dos genótipos às variações do ambiente são de tal magnitude que causam alteração nas suas classificações.

A interação do tipo complexa constitui-se num dos maiores problemas dos programas de melhoramento de qualquer espécie, tanto na fase de seleção dos genótipos quanto na fase de registro das cultivares. Quando esta interação é relevante, suas causas, natureza e implicações devem ser cuidadosamente consideradas. Os métodos estatísticos são uma ferramenta importante para esses propósitos.

Allard e Bradshaw (1964) classificaram as variações de ambiente que concorrem para a interação genótipo x ambiente em duas categorias: previsíveis e imprevisíveis. Variações ambientais previsíveis provêm das características

permanentes do ambiente, tais como tipo de solo, comprimento do dia e aspectos gerais de clima, e, também, de características determinadas pelo homem, como época de semeadura e técnicas culturais. A segunda categoria compreende as variações circunstanciais de ambiente, como variações ocasionais de clima (quantidade e distribuição de chuvas, temperatura etc.) e ocorrências eventuais de pragas e doenças.

A presença de interação genótipo x ambiente significa baixa correlação entre fenótipo e genótipo. Nessas circunstâncias, dados que expressem somente desempenhos médios de cultivares não são uma base adequada para a indicação de cultivares. Um método de melhoramento eficiente deve considerar os desempenhos médios e, também, a estabilidade relativa das cultivares sob uma ampla faixa de ambientes da região de cultivo (LIANG; HEYNE; WALTER, 1966).

Apesar de haver concordância entre os melhoristas de plantas sobre a consideração da interação genótipo x ambiente na obtenção de melhores genótipos, não há consenso quanto ao que pode ser feito em relação a ela. Alguns enfatizam o efeito camuflado dessa interação sobre os valores genotípicos, e se empenham em estimar a magnitude da variância atribuível a esta interação para utilizar tais estimativas no desenvolvimento de métodos de seleção mais eficazes. Outros argumentam que é pouco provável a obtenção de cultivares estáveis pelo melhoramento, com o enfoque que considera apenas características finais, como produtividade e qualidade, e acreditam que progressos reais somente serão possíveis quando forem elucidados os caminhos pelos quais as características finais são alcançadas (OLIVEIRA, 1976).

2.2 Bases genéticas da interação genótipo x ambiente

O interesse pelas causas básicas da interação genótipo x ambiente recebeu mais estímulo com a elucidação do código genético, na década de 1960. Até então, os melhoristas de plantas práticos tinham a atenção centrada nas características finais (ALLARD; BRADSHAW, 1964).

Com o entendimento do código genético, foi possível compreender que o desempenho inferior de genótipos em determinados ambientes pode ser causado por falha de um ou mais sistemas no desempenho de suas funções na seqüência de

eventos bioquímicos e fisiológicos da planta, apesar da operação ter continuidade em outros sistemas em taxas não limitantes.

Apesar desse avanço, um problema básico, ao nível molecular, permanecia sem solução: a regulação da ação gênica. Ainda era necessário entender como os genes atuavam para prover a diversidade de padrões de desenvolvimento que estavam por trás da interação genótipo x ambiente. Na tentativa de preencher essa lacuna muitos trabalhos foram desenvolvidos, desde estudos bioquímicos de sistemas enzimáticos até análises baseadas na separação das características finais em seus componentes. Entretanto, sob o ponto de vista prático, tais estudos trouxeram poucas contribuições diretamente úteis para os melhoristas.

Verma, Chahal e Murty (1978) observaram que em quase todas as espécies de plantas cultivadas há genótipos apropriados para ambientes favoráveis e ambientes desfavoráveis. A disponibilidade de genótipos com diferentes níveis de desempenho médio e de sensibilidade à variação de ambiente sugere não apenas que essas características têm controle genético separado, mas que, de fato, podem existir dois grupos de sistemas gênicos distintos controlando a sensibilidade em ambientes distintos, em adição a alguns genes comuns. Analisando a adaptabilidade e a estabilidade de cultivares de milho, Vencovski e Torres (1988) também verificaram que estas duas características não se mostram correlacionadas, podendo ter bases genéticas distintas.

Vencovski e Barriga (1992) investigaram a natureza intrínseca do componente de variância da interação genótipo x ambiente por meio de um modelo simples em que consideraram a ação de um gene com dois alelos se expressando em vários ambientes. Sob o contexto genético é possível quantificar a interação em função da instabilidade da expressão genotípica dos homozigotos e dos heterozigotos. Esses autores demonstraram que a interação genótipo x ambiente é determinada geneticamente pela variação dos locos em homozigose, em heterozigose e pela covariância dos efeitos gênicos desses locos.

A partir da descoberta das evidências de que a estabilidade do rendimento de grãos e a adaptabilidade ao ambiente são características herdáveis e com a possibilidade de estimá-las através de métodos estatísticos, tais características, de grande interesse para os melhoristas, tornaram-se passíveis de melhoramento.

Torres (1988 apud CRUZ; CARNEIRO, 2003) investigou a hereditariedade do padrão de adaptabilidade de cultivares de milho, utilizando metodologia de

regressão segmentada, e comparou os resultados com aqueles relativos à hereditariedade da produtividade. Concluiu que a adaptabilidade e a produtividade têm controles genéticos independentes, dada a falta de correlação entre elas. Também verificou que o coeficiente de determinação para o rendimento de grãos foi duas vezes maior que para a adaptabilidade. Baseado nesses resultados, sugeriu a seleção para produtividade nas etapas iniciais do programa de melhoramento e a seleção para adaptabilidade, em uma larga faixa de ambientes, somente após a obtenção de genótipos superiores. Gama e Hallauer (1980) também sugeriram esta estratégia de seleção para o milho.

Piana et al. (1999), avaliando a estabilidade e adaptabilidade de genótipos de feijão, verificaram que genótipos aparentados apresentaram estabilidade e adaptabilidade semelhantes entre si, sugerindo que essas características estão sob controle genético. Outro aspecto que eles ressaltaram é a independência com que os genótipos expressam essas duas características, o que pode ser uma evidência de que elas são controladas por dois sistemas gênicos diferentes, conforme sugerido por Verma, Chahal e Murty (1978).

2.3 Estratégias para contornar os efeitos da interação genótipo x ambiente

Duas estratégias têm sido utilizadas para otimizar o rendimento de genótipos na presença da interação genótipo x ambiente: o uso de cultivares com adaptabilidade e alta estabilidade de rendimento em ambientes variáveis e a divisão de áreas heterogêneas em subáreas homogêneas, cada uma tendo suas cultivares específicas. Tai (1971) considerou a segunda estratégia pouco eficaz, sobretudo, pela impossibilidade de reduzir a interação genótipo x ano pela simples limitação da área. Eberhart e Russel (1966) também discutiram este aspecto, ressaltando que, mesmo com a estratificação de ambientes baseada nas diferenças macroambientais, a interação de genótipos com locais dentro de uma sub-região e com ambientes no mesmo local em anos diferentes, freqüentemente, permanece grande.

A utilização de cultivares com ampla adaptabilidade e boa estabilidade é recomendada para amenizar os efeitos da interação genótipo x ambiente, mas um problema que surge de início ao se adotar essa estratégia é a conceituação dos

termos adaptabilidade e estabilidade, pois várias definições são encontradas na literatura (CRUZ; CARNEIRO, 2003).

Mariotti et al. (1976) usaram o termo "adaptabilidade" para designar a capacidade potencial de um genótipo para assimilar vantajosamente o estímulo do ambiente e denominaram "estabilidade" a capacidade de um genótipo exibir comportamento altamente previsível frente às variações do ambiente. Alguns autores consideram essas conceituações as mais apropriadas; entretanto, Moraes (1980) associou essa definição de estabilidade à "estabilidade de comportamento" e alertou que a mesma não deve ser confundida com "estabilidade fenotípica", que, segundo vários autores (FINLAY; WILKINSON, 1963; ALLARD; BRADSHAW, 1964; EBERHART; RUSSEL, 1966; TAI, 1971), se refere à capacidade de os genótipos apresentarem somente pequenas variações no seu comportamento geral quando submetidos a diferentes ambientes.

Outra corrente de melhoristas prefere usar o termo estabilidade para se referir ao comportamento de cultivares ao longo dos anos num dado local (estabilidade temporal) e o termo adaptabilidade para o comportamento de cultivares em diferentes locais num dado ano (estabilidade geográfica) (VENCOVSKI; BARRIGA, 1992).

Tem sido recomendado o termo geral "desempenho genotípico" para designar o comportamento e as flutuações de um genótipo quando desenvolvido em vários ambientes. De acordo com Verma, Chahal e Murty (1978), um genótipo com desempenho genotípico ideal é aquele com rendimento elevado e constante em ambientes desfavoráveis, mas com capacidade de responder a ambientes favoráveis ou à melhoria do ambiente. Cruz e Carneiro (2003) observaram que para características como produtividade de grãos este conceito é o mais atual.

A literatura é vasta quando se refere às metodologias que visam caracterizar a adaptabilidade e a estabilidade fenotípica. Embora todos os métodos tenham por base a interação genótipo x ambiente, suas diferenças, que, em parte, resultam dos diferentes conceitos de estabilidade adotados, vão desde os parâmetros considerados para avaliar os genótipos até os procedimentos empregados para estimá-los.

O método mais antigo consiste em uma análise da variância conjunta de um experimento conduzido em vários locais numa sucessão de anos. Desta forma, determinam-se não somente os efeitos principais atribuíveis aos fatores genótipo,

local e ano, mas, também, as magnitudes das interações genótipo x local, genótipo x ano e genótipo x local x ano (OLIVEIRA, 1976).

Vários outros métodos têm sido sugeridos, compreendendo técnicas de estatística paramétricas (YATES; COCHRAN, 1938; PLAISTED; PETERSON, 1959; WRICKE, 1962; FINLAY; WILKINSON, 1963; EBERHART; RUSSELL, 1966; TAI, 1971; SHUKLA, 1972; VERMA, CHAHAL; MURTY, 1978; SILVA; BARRETO, 1985; CRUZ; TORRES; VENCovsky, 1989; SILVA, 1998; TOLER; BURROWS, 1998); de estatística não paramétricas (LIN; BINNS, 1988; HUENH, 1990; ANNICCHIARICO, 1992; HERNANDES; CROSSA; CASTILLO, 1993; CARNEIRO, 1998); e de análise multivariada (GAUCH, 1992; EBDON; GAUCH, 2002a; MURAKAMI; CRUZ, 2004; ANNICCHIARICO; BELLAH; CHIARI, 2005; YAN; TINKER, 2005; GAUCH, 2006). Os métodos clássicos de Finlay e Wilkinson (1963) e Eberhart e Russell (1966), baseados na análise de regressão linear, eram os mais utilizados até meados da década de 1990, quando os métodos de análise multivariada passaram a ter uso mais freqüente.

Cruz e Carneiro (2003) ressaltaram que, na medida em que essas metodologias foram sendo desenvolvidas, houve tendência de aumento no número de parâmetros para avaliar o desempenho de cultivares, o que tornou a interpretação mais difícil. Por outro lado, metodologias simples, com base numa só informação (LIN; BINNS 1998; HERNANDES; CROSSA; CASTILLO, 1993, por exemplo), que apresentam grande facilidade de interpretação, podem deixar a desejar quanto à análise do desempenho genotípico.

A maioria dos pesquisadores admite como procedimento mais racional para levar em conta o efeito da interação genótipo x ambiente a utilização de cultivares que apresentem estabilidade de desempenho nos diversos ambientes de cultivo. Entretanto, quando essa estratégia se mostra ineficiente ou insuficiente para lograr tal propósito, a estratificação do ambiente é recomendada como uma segunda alternativa. Esta estratégia e a metodologia desenvolvida para implementá-la serão discutidas a seguir.

2.4 Regionalização

Diante da dificuldade de obtenção de genótipos que mantenham estabilidade de comportamento sobre uma grande região heterogênea, pesquisadores têm se voltado para a estratégia da regionalização. A regionalização compreende a subdivisão da região heterogênea, para a qual os genótipos estão sendo melhorados, em sub-regiões, de modo que cada uma delas forme um ambiente mais homogêneo e tenha genótipos apropriados.

Mendonça et al. (2007) salientaram que o elevado custo financeiro dos ensaios de avaliações finais de genótipos torna fundamental a identificação de padrões similares de variação das respostas de genótipos entre os ambientes, por meio de técnicas de estratificação do ambiente. Isto possibilitaria uma eventual redução do número de ambientes quando existissem problemas técnicos ou escassez de recursos.

Os métodos utilizados para a regionalização podem ser agrupados em três linhas gerais. Uma delas se fundamenta principalmente nas características de ambiente e procura ajustar as necessidades da cultura às disponibilidades do ambiente, considerando diretamente as diferenças dessas características e conferindo um valor secundário à influência dessas características sobre o genótipo. Outra linha parte das reações dos genótipos, quando expostos a diferentes ambientes, considerando o efeito das características do ambiente sobre os genótipos, sem requerer um conhecimento específico dessas características (CORDEIRO; SILVA, 1980). Uma abordagem intermediária considera relevantes as características do ambiente e as reações dos genótipos a essas características. Essa abordagem, entretanto, tem sido pouco utilizada pela falta de registro de dados ambientais em experimentos.

A primeira abordagem procede à regionalização pela divisão da área heterogênea em subáreas com base nas características ambientais relevantes: temperatura, precipitação e tipo de solo, de modo a minimizar a interação genótipo x local.

Pascale e Mota (1966) estudaram as características climáticas do Rio Grande do Sul e determinaram os tipos agroclimáticos para a cultura do trigo neste Estado. Mota et al. (1974) também apresentaram uma proposta de regionalização

agroclimática desse Estado para várias culturas, utilizando como critério básico as aptidões climáticas.

Brown, Sorrells e Coffman (1983) sugeriram o agrupamento de locais de experimentos com base em variáveis ambientais selecionadas, através de um método que usa análise de regressão linear e análise de agrupamento.

Melo, Fontana e Berlato (2004) analisaram, em comparação ao zoneamento agrícola, alguns indicadores de produção da soja nos municípios com produção significativa da cultura no Rio Grande do Sul. A análise de agrupamento foi realizada pelo método de Ward. Os municípios foram agrupados em função do rendimento, da produção e da razão entre a área colhida de soja e a área total do município. O resultado da análise de agrupamento quanto ao rendimento foi comparado ao zoneamento agroclimático da soja para o Estado. Os autores verificaram uma estreita relação entre os grupos formados pela análise das três variáveis. Concluíram que o zoneamento agrícola da soja no Estado do Rio Grande do Sul apresenta uma possível inconsistência no agrupamento dos municípios por rendimento. Nos outros agrupamentos, esta inconsistência não foi observada.

Informações sobre as características que contribuem para a interação genótipo x ambiente são úteis para entender a natureza dessa interação e estabelecer procedimentos de seleção de genótipos mais tolerantes às variações do ambiente (SAEED; FRANCIS, 1984); entretanto, o valor do ambiente obtido a partir de características do ambiente exige uma amostragem ambiental cuidadosa (EBERHART; RUSSEL, 1966; JOBIM; WESTPHALEN; FEDERIZZI, 1999a). Ademais, tais características variam no tempo, em intensidade e duração, dificultando a determinação de seus efeitos sobre os genótipos (FREEMAN; PERKINS, 1971). Para Finlay e Wilkinson (1963), a complexidade do ambiente dificilmente pode ser representada por variáveis isoladas.

Ao dividirem as variações de ambiente em previsíveis e imprevisíveis, Allard e Bradshaw (1964) enfatizaram que as implicações de efeitos significativos da interação genótipo x ano são muito diferentes daquelas referentes à interação genótipo x local. Isto porque as variações de ano para ano não são previsíveis, e, para controlá-las, deve-se buscar a obtenção de cultivares também adaptadas a flutuações ambientais imprevisíveis, o que é necessário para que o processo de regionalização seja eficiente. Vencovski e Torres (1988) analisaram as estabilidades temporal e geográfica de cultivares de milho e também concluíram que uma seleção

para maior adaptabilidade (estabilidade geográfica) não garantiria estabilidade diante das flutuações climáticas entre anos.

De acordo com Silva (1982), a estratificação do ambiente dentro de anos é mais eficaz quando a maior proporção da interação genótipo x ambiente é devida a local. Todavia, ainda existem poucos relatos de pesquisa de regionalização que examinem as variações ambientais previsíveis e imprevisíveis, ou seja, que considerem os efeitos da flutuação anual em interações genótipo x local.

A abordagem que leva em conta apenas as reações dos genótipos quando expostos a diferentes ambientes é a que tem tido mais adeptos nas pesquisas visando à regionalização.

Os métodos de regionalização mais utilizados baseiam-se na análise de agrupamento ou análise de conglomeração ("cluster analysis"). Essa abordagem foi originalmente utilizada por Abou-El-Fittouth, Rawlings e Miller (1969) e, desde então, diversos métodos de agrupamento têm sido propostos, com algumas variações quanto ao critério de similaridade e à medida de distância que adotam, e ao algoritmo de agrupamento utilizado (MUNGOMERY; SHORTER; BYTH, 1974; BYTH; EISEMANN; DE LACY, 1976; CAMPBELL; LAFEVER, 1977, por exemplo).

Horner e Frey (1957) propuseram a subdivisão do Estado de Iowa (EUA) em duas, três, quatro e cinco sub-regiões para produção de aveia e concluíram que o melhor agrupamento de locais, para cada uma das regionalizações, reduziu o quadrado médio da interação genótipo x local dentro da região de 11%, 21%, 30% e 40%, respectivamente, em relação ao quadrado médio da interação no Estado.

Abou-El-Fittouth, Rawlings e Miller (1969), com base nos resultados de experimentos de competição de cultivares de algodão nos Estados Unidos, utilizaram a análise de agrupamento para a classificação de locais. Eles adotaram como critério a redução da interação genótipo x local e consideraram, inicialmente, uma matriz dos efeitos da interação genótipo x local. A partir dessa matriz, foram obtidas duas medidas de similaridade entre todos os pares de locais: um coeficiente de distância e um coeficiente de correlação. Então, os locais com interações mais similares foram sendo agrupados em estágios sucessivos, até a formação de um único grupo. Esses autores usaram uma adaptação do método de conglomeração em grupos variáveis, baseado em uma ligação média, originalmente proposto por Sokal e Michener (1958). Concluíram que a medida mais adequada é o coeficiente de distância, utilizando como critério de escolha entre as duas medidas a soma dos

quadrados da interação genótipo x local dentro de grupos de locais para estágios equivalentes do processo de conglomeração. Abou-El-Fittouth, Rawlings e Miller (1969) foram os primeiros a utilizar classificação numérica em estudos de regionalização. A partir de então, outros autores adotaram essa abordagem (CORDEIRO; SILVA, 1980; SILVA, 1982).

Rosito (1974) investigou a adequação da regionalização existente para produção de trigo no Rio Grande do Sul, utilizando os rendimentos médios das combinações de cultivares e locais, por meio das interações entre cultivares e locais e das correlações entre locais, tomando os locais dois a dois. Concluiu que a regionalização preestabelecida para o Estado apresenta um razoável grau de compatibilidade com relação à interação genótipo x local.

Considerando resultados de um experimento com nove cultivares de trigo conduzido em onze locais da região tritícola da Austrália, Seif, Evans e Balaam (1979) adotaram um procedimento multivariado para classificar locais, utilizando variáveis canônicas. Sugeriram a divisão da região em duas sub-regiões. Este método oferece as vantagens de levar em conta a interação tripla genótipo x local x ano e utilizar toda a informação de um conjunto de dados não balanceado, mesmo quando cada local não está representado em cada ano.

Cordeiro e Silva (1980) fizeram uma apreciação crítica do zoneamento da Região Centro Sul do Brasil para a cultura do milho, a partir da análise das interações genótipo x local, oferecendo subsídios para o seu aperfeiçoamento. Utilizaram os resultados do Ensaio Estadual do Milho, referentes a três anos agrícolas (1974/75 a 1976/77). Adotaram o método de análise de conglomeração conhecido como ligação média não ponderada, para classificar os locais de acordo com a similaridade de seus padrões de interação genótipo x local. Verificaram a presença de dois núcleos principais de agregação que se identificavam com as regiões Centro e Sul e indicaram a possibilidade de aperfeiçoar o zoneamento em vigor pela definição de novas regiões. Os autores ressaltaram que proposição de um novo zoneamento foi inviável devido à inadequação dos dados disponíveis para tal propósito.

As duas técnicas supracitadas foram também adotadas por Silva (1982), que utilizou parte dos resultados do Ensaio Sul-Brasileiro de Cultivares de Trigo Precoces, no período de três anos, para proceder à classificação de ambientes do Rio Grande do Sul. Agrupou os locais de acordo com a similaridade de seus padrões de

interação genótipo x local utilizando três métodos multivariados: variáveis canônicas, análise de conglomeração e componentes principais. Concluiu que os métodos de análise de conglomeração e de componentes principais não apresentam consistência na classificação dos locais entre os anos estudados, sendo o método de análise de variáveis canônicas o que melhor se adapta ao caso em estudo. Este método revelou que os locais das três regiões estudadas (Região II: Veranópolis e Lagoa Vermelha; Região III: Cruz Alta, Espumoso, Júlio de Castilhos e Passo Fundo; Região IV: São Luís Gonzaga, Santo Augusto e Santo Ângelo) se comportaram como uma única região no Estado para as cinco cultivares consideradas.

Silveira (1980) estudou a interação genótipo x local e a sub-regionalização de parte da região de arroz de sequeiro do Estado de São Paulo, a partir de dados de três conjuntos uniformes de ensaios realizados no período de três anos. O autor utilizou análises da variação individuais e conjuntas dos locais para identificar a interação genótipo x local e avaliar a participação desse componente na variação total. Obteve o erro associado à estimativa do componente da interação dos locais tomados 2 a 2, 3 a 3, ..., e os agrupou em função da magnitude da interação e de sua repetibilidade nos três anos considerados. Definiu as sub-regiões por meio de intervalos de confiança e de análise de correlação da produção das cultivares entre e dentro dos agrupamentos. Caracterizou uma sub-região homogênea, agrupando quatro locais, que reduziu em aproximadamente cinco vezes a magnitude da interação genótipo x local em relação à área total estudada.

Entre os métodos de estratificação do ambiente, Mendonça et al. (2007) destacaram aqueles que procuram formar subgrupos homogêneos, em que a interação genótipo x ambiente seja não significativa (LIN, 1982) ou, em outros casos, significativa, mas de natureza predominantemente simples (CRUZ; CASTOLDI, 1991). O método definido por Cruz e Castoldi (1991) procura quantificar o percentual da parte simples atuante da interação genótipo x ambiente, ou seja, daquela parte que não altera de modo relevante as posições relativas dos genótipos de um ambiente para outro ou que não comprometam suas recomendações.

Técnicas multivariadas têm sido utilizadas tanto na análise de adaptabilidade e de estabilidade como na regionalização. Um exemplo é o modelo de efeitos principais aditivos e interação multiplicativa (AMMI - "additive main effect and multiplicative interaction"), introduzido por Gollob (1968), que tem sido utilizado e discutido por muitos autores (GAUCH, 1992; YAN et al., 2000; EBDON; GAUCH,

2002a, 2002b, MA et al., 2004; ANNICCHIARICO; BELLAH; CHIARI, 2005; FERREIRA et al., 2006).

O AMMI é uma forma de análise de componentes principais e um método de ordenação. Ele generaliza uma família de modelos: o modelo AMMI0 considera apenas os efeitos principais aditivos de genótipo e de ambiente e classifica os genótipos de maneira idêntica em todos os ambientes, ignorando a interação genótipo x ambiente; o AMMI1 considera esses efeitos principais e o primeiro componente principal (PCA1) da matriz de resíduos para interpretar a variação não aditiva; o modelo AMMI2 considera os efeitos principais e interpreta a variação não aditiva pelos dois primeiros componentes principais (PCA1 e PCA2) da matriz dos resíduos. Os modelos subsequentes acrescentam componentes principais, sucessivamente. Os componentes multiplicativos de mais alta ordem que não são significativos podem ser ignorados, resultando um modelo reduzido (FOX; CROSSA; ROMAGOSA, 1997).

A análise fatorial também é utilizada nos estudos de estratificação do ambiente. Esta técnica permite reduzir um número elevado de variáveis originais a um pequeno número de variáveis abstratas, denominadas fatores. Cada fator irá agrupar um conjunto de ambientes altamente correlacionados entre si, mas fracamente correlacionados com os ambientes agrupados nos demais fatores (CRUZ; CARNEIRO, 2003).

Peterson (1992) usou análise fatorial para determinar similaridades entre locais de teste e zonas de produção de uma região de cultivo de trigo duro vermelho de inverno, com base no comportamento de cultivares em experimentos conduzidos por um período de trinta anos.

Estudos de adaptabilidade, estabilidade e estratificação ambiental têm sido realizados de forma dissociada. Entretanto, recentemente, Murakami e Cruz (2004) propuseram um método que utiliza as análises de adaptabilidade e de estratificação ambiental, simultaneamente, pelo princípio da similaridade do desempenho genotípico, que se baseia na técnica de análise fatorial.

De acordo com Oliveira et al. (2005), a metodologia proposta por Murakami e Cruz (2004) provê eficiência para unir locais por suas similaridades em desempenho genotípico, apresentando um grande potencial para explorar a adaptabilidade dos genótipos de acordo com a estratificação do ambiente. Além disso, esta metodologia também pode ser eficiente para a avaliação da capacidade

representativa dos locais, com a vantagem de tornar mais fácil a execução e a interpretação, permitindo a identificação do ambiente mais habilitado para substituir o local de maior capacidade geral de representatividade, caso este apresente um problema inesperado.

Garbuglio et al. (2007) verificaram possíveis divergências entre os resultados obtidos nas avaliações da adaptabilidade de 27 genótipos de milho e na estratificação de 22 ambientes no Estado do Paraná. A estratificação do ambiente foi feita com o uso do método tradicional (LIN, 1982) e da análise fatorial (MURAKAMI; CRUZ, 2004) aliada ao percentual da porção simples da interação genótipo x ambiente (CRUZ; CASTOLDI, 1991), e a análise de adaptabilidade por meio de regressão segmentada (CRUZ; TORRES; VENCOVSKY, 1989) e análise fatorial. Os autores verificaram que a técnica baseada em análise fatorial, aliada ao método de Cruz e Castoldi, permite agrupamentos de ambientes altamente correlacionados, o que não acontece com o método tradicional de Lin. Com relação à adaptabilidade dos genótipos, resultados obtidos por representações gráficas diferiram daqueles da regressão segmentada. Concluíram que a análise fatorial é uma ferramenta eficiente nos processos de estratificação ambiental e nos estudos de adaptabilidade dos genótipos de milho. Trabalho semelhante foi realizado por Mendonça et al. (2007), que também alcançaram sucesso utilizando a técnica de análise fatorial na estratificação de ambientes para a soja.

Com a diversidade de metodologias desenvolvidas para estudar a interação genótipo x ambiente, muitas das quais não foram mencionadas aqui, a escolha de uma delas pode ser a primeira dificuldade encontrada pelo pesquisador. A importância dessas metodologias em programas de melhoramento de plantas foi salientada e discutida por Silva (1995). A análise estatística de experimentos de melhoramento genético de abrangência regional, conduzidos em diversos locais e anos, suscita diversas dificuldades metodológicas, principalmente as decorrentes da estrutura de dados incompleta e de violação da pressuposição de homogeneidade da variância do erro experimental. Esses problemas, quando não são ignorados pelo pesquisador, em geral, são tratados de forma inadequada. Silva (1997) fez uma apreciação sobre esses problemas metodológicos com base em uma revisão ampla da literatura.

O modo usual de contornar problemas decorrentes de estrutura fatorial incompleta é a consideração apenas de análises separadas por ano. Esse caminho

tem sido seguido por vários autores (CORDEIRO; SILVA, 1980; SILVA, 1982; MURAKAMI; CRUZ, 2004). Entretanto, essa abordagem ignora as interações de local e genótipo com ano e requer a síntese subjetiva dos resultados separados das análises individuais dos anos. Ressalte-se que inferências restritas a um ano particular ou separadas para anos individuais de um conjunto de anos são questionáveis em estudos de regionalização. Outros autores (OLIVEIRA, 2005; GARBUGLIO et al., 2007; MENDONÇA et al., 2007) optaram por agrupar ambientes (combinações de locais e anos), o que também dificilmente pode conduzir a resultados interpretáveis. Para que tenham importância prática, inferências sobre regionalização devem ser aplicáveis a um conjunto de anos no futuro; para tal devem ser consistentes nos anos considerados na amostra.

O procedimento que tem sido mais utilizado para contornar o problema da heterogeneidade da variância do erro experimental foi proposto por Cochran (1954). Esse procedimento utiliza o método da análise da variação (método dos momentos), que não considera efeitos aleatórios apropriadamente e ignora a heterogeneidade da variância, e efetua um ajuste dos graus de liberdade do erro pela fórmula de Satterthwaite (1946). A abordagem apropriada deve fundamentar-se na formulação apropriada da estrutura das variâncias e covariâncias dos efeitos aleatórios presentes no modelo estatístico, particularmente na consideração da possibilidade de heterogeneidade da variância do erro experimental. Um procedimento para tal é a utilização de métodos baseados na verossimilhança (SEARLE; CASELLA; MCCULLOCH, 1992; LITTELL et al., 2006). Embora o desenvolvimento dessa metodologia tenha sido iniciado na década de 60 (THOMPSON, 1962; PATTERSON; THOMPSON, 1971), ela é muito exigente em recursos computacionais e sua implementação em programas estatísticos é recente. Por essa razão, ela ainda é pouco utilizada.

Ferreira et al. (2006) destacaram que o uso de modelos mistos para modelar e estimar efeitos da interação genótipo x ambiente e para testar a estabilidade é um enfoque que pode ser usado se genótipos, ambientes e interação genótipo x ambiente forem considerados como efeitos aleatórios. Referiram outra abordagem que tem potencial para lograr sucesso: o uso de marcadores moleculares para obter informação sobre a interação genótipo x ambiente em termos de QTLs ("quantitative trait loci"). Acrescentaram que muitas técnicas biométricas podem ser usadas para decompor os efeitos QTL dos genótipos e da interação, oferecendo potencial para o

aprimoramento dos métodos empregados para avaliar a estabilidade fenotípica e para entender as causas da interação genótipo x ambiente.

2.5 Interação genótipo x ambiente em feijão

O feijão (*Phaseolus vulgaris* L.) é uma espécie exigente em nutrientes, muito sensível a características climáticas extremas, como alta ou baixa umidade do solo, alta ou baixa temperatura do ar, ventos fortes, além de ser conhecida como muito suscetível a doenças e pragas. A própria arquitetura da planta é deficiente tendo, por exemplo, um sistema radicular limitado (PORTES, 1988).

Devido a essa extrema sensibilidade às variações do ambiente, o feijão tem sido alvo de muitas pesquisas relacionadas à interação genótipo x ambiente, principalmente depois da década de 1980. Essas pesquisas têm sido realizadas mais intensamente no Brasil do que em outros países (CAMACHO, 1968; LAING, 1978; BEAVER, 1985; PARK, 1987; ALFARO; MURILLO, 1988; AYEYEH, 1988; UNANDER et al., 1989; MEKBIB, 2002).

Ramalho, Santos e Zimmermann (1993) discutiram as implicações da interação genótipo x ambiente no melhoramento genético do feijão e alertam para as desvantagens de um procedimento adotado com frequência pelos melhoristas: a eliminação de alta proporção das progênies antes que elas sejam convenientemente avaliadas. Os autores ponderaram que a pressa em lançar o maior número de cultivares no menor tempo possível faz com que o melhorista utilize alta intensidade de seleção já nas primeiras avaliações, o que pode resultar em eliminação de progênies com adaptação ampla e seleção daquelas com adaptação específica. As cultivares obtidas deste modo têm utilidades opostas às aquelas desejadas, uma vez que a indicação de cultivares para uma região de grande abrangência requer cultivares com adaptação ampla, dada a diversidade de ambientes em que o feijão é cultivado.

Park (1987) utilizou dados de rendimento de seis cultivares de feijão cultivadas em sete locais de Ontário (Canadá) durante seis anos para analisar, entre outros aspectos, os componentes da interação cultivar x ambiente. Observou que a interação cultivar x ano não foi significativa, mas as interações cultivar x local e cultivar x local x ano foram altamente significativas. Isto indica que o desempenho

médio relativo do conjunto de cultivares nos locais não se altera ao longo dos anos, mas o desempenho médio relativo do conjunto de cultivares nos anos se altera entre os locais; e o desempenho dos genótipos também varia entre os ambientes, sendo, portanto, afetado por efeitos de locais e de anos.

Elias, Hemp e Canton (1999) analisaram o rendimento de nove genótipos de feijão em sete ambientes do Estado de Santa Catarina, num período de cinco anos, com o propósito de estudar os componentes da interação genótipo x ambiente. Os ambientes compreenderam combinações de seis locais com duas épocas de cultivo. Foram procedidas as análises conjuntas dos ambientes por ano e a análise conjunta dos anos. Em todas as análises conjuntas anuais os autores verificaram que a interação genótipo x ambiente foi significativa. Na análise conjunta dos anos observaram que o componente genótipo x ambiente superou o componente genótipo x ano, sendo o primeiro altamente significativo e o segundo significativo ao nível de 5% de probabilidade. Os autores concluíram que há necessidade de estudos de comportamento dos genótipos promissores em diversos anos e locais, de modo a identificar cultivares especificamente adaptadas a diferentes regiões de cultivo no Estado de Santa Catarina.

O Rio Grande do Sul apresenta duas épocas de cultivo do feijão: a safra, conhecida como cultivo “da primavera”, semeada de agosto a dezembro, e a safrinha, conhecida como cultivo “do verão”, semeada de janeiro a fevereiro (CEPEF, 2007). Na região central do Brasil essas duas épocas, safra e safrinha, são conhecidas como cultivo “das águas” e cultivo “da seca”, respectivamente. Nessa região o feijão é cultivado também numa terceira época, denominada cultivo “de outono-inverno”, em que há necessidade de irrigação, pois a semeadura ocorre entre maio e julho, meses com poucas chuvas (SILVA, 1996).

Estudos com feijão têm evidenciado que, entre os componentes do ambiente (época de cultivo, local e ano), a época de cultivo é que contribuiu mais para a interação genótipo x ambiente (OLIVEIRA et al., 2005). Ramalho, Abreu e Santos (1993), ao analisarem os resultados de experimento de genótipos de feijão no Estado de Minas Gerais, conduzido em dezesseis ambientes, envolvendo dois locais e duas épocas de semeadura, verificaram que os efeitos de local, ano, época de semeadura e cultivar foram responsáveis por mais de 50% da variação total da produção de grãos. As interações envolvendo genótipos, que são as mais

importantes, revelaram pequena participação na variação total (14%), sendo a interação genótipo x época a mais expressiva.

Tem sido recomendado que avaliações de cultivares de feijão sejam realizadas em várias épocas de cultivo em detrimento de locais (CARBONELL; POMPEU, 1997, 2000; RAMALHO; ABREU; SANTOS, 1998). Para Carbonell e Pompeu (1997), a estratificação do ambiente dentro de cada época de cultivo onde a interação é significativa permite identificar ambientes específicos para a seleção e avaliação de genótipos que são resistentes ou tolerantes a fatores desta interação (doenças, temperatura, chuvas etc.).

Em feijão, pesquisas relacionadas com a análise de estabilidade do rendimento de grãos e adaptabilidade dos genótipos (SANTOS, 1980; PACOVA et al. 1987; DUARTE, 1988; DUARTE; ZIMMERMANN, 1994; COIMBRA, 1999; ELIAS, HEMP; CANTON, 1999; JOBIM; WESTPHALEN; FEDERIZZI, 1999a, 1999b; PIANA et al., 1999; CARBONELL; POMPEU, 2000; CARBONELL et al., 2001; DALLA CORTE; MODA-CIRINO; DESTRO, 2002; RIBEIRO et al.; 2004b; ELIAS et al., 2005; FARIA et al., 2005; FERREIRA et al., 2006; OLIVEIRA et al., 2006; BURATTO et al., 2007) ainda são muito mais numerosas do que aquelas que visam à estratificação de áreas heterogêneas de cultivo (CARBONELL; POMPEU, 1997; OLIVEIRA et al., 2005).

Duarte e Zimmermann (1994) avaliaram o comportamento do rendimento de grãos de 17 genótipos de feijão mulatinho em 12 ambientes, compreendendo os Estados de Goiás, Rondônia, Acre, Minas Gerais, Bahia e Sergipe. Verificaram que 25% dos genótipos mostraram resposta diferenciada quando cultivados em ambientes favoráveis e desfavoráveis, alguns destes exibindo respostas superiores em condições piores, outros respondendo mais em condições melhores. Para os autores, isto evidencia adaptações a ambientes de baixa a média produtividade e a ambientes de média a alta produtividade, respectivamente. Observaram para os 75% restantes o mesmo padrão de resposta para condições mais e menos favorecidas. Acrescentaram que o germoplasma avaliado mostrou baixa potencialidade para cultivo em condições de tecnologia avançada.

Outros autores avaliaram adaptabilidade e estabilidade de rendimento de genótipos de feijão em ambientes dos Estados de Minas Gerais (OLIVEIRA et al., 2006), Paraná (DALLA CORTE, MODA-CIRINO; DESTRO, 2002; BURATTO et al., 2007) e Santa Catarina (ELIAS et al., 2005). Em todas essas pesquisas os

ambientes compreenderam combinações de locais e épocas de cultivo, no período de dois anos agrícolas, exceto no trabalho de Elias et al. (2005) que foi conduzido em um único ano. Nessas pesquisas a interação genótipo x ambiente revelou-se significativa e foram identificados alguns genótipos com alto rendimento, ampla adaptabilidade e boa estabilidade.

Com o objetivo de quantificar os valores da interação genótipo x ambiente e identificar os grupos de locais mais similares e os mais contrastantes, Carbonell e Pompeu (1997) analisaram três experimentos de feijão conduzidos em várias localidades paulistas, nas três épocas de cultivo. Os três experimentos abrangeram um total de 134 ambientes que foram divididos de acordo com as épocas de cultivo: da seca, 47; de inverno, 48; e das águas, 39. As médias dos rendimentos dos genótipos por ambiente foram submetidas à análise conjunta para avaliação da interação genótipo x ambiente por época e no conjunto das épocas. Como medidas de similaridade, foram utilizados os quadrados médios da interação genótipo x ambiente obtidos nas análises conjuntas, de acordo com Horner e Frey (1957). Os ambientes foram classificados como contrastantes (interação genótipo x ambiente significativa) ou como ecologicamente similares (interação genótipo x ambiente não significativa).

De acordo com Fan et al. (2001), um local ideal para avaliar o rendimento potencial de um conjunto de genótipos deve refletir o potencial relativo desses genótipos sobre uma ampla gama de ambientes possíveis. Muitos critérios e métodos têm sido sugeridos para a escolha de locais representativos em experimentos de programas de melhoramento (HAMBLIN; FISHER; RIDING, 1980; BROWN; SORRELLS; COFFMAN, 1983; GENG; HU; BASSET, 1990; LIN; BUTLER, 1988; LIN; MORRISON, 1992; LAWRENCE; DE LACY, 1993; ABDALLA; CROSSA; CORNELIUS, 1997; FAN et al., 2001). Entretanto, na maioria das vezes, esses locais são determinados por fatores arbitrários, como conveniência, região administrativa etc., ou por critérios ocasionais (FAN et al., 2001).

Carbonell e Pompeu (1997) argumentaram que os ambientes contrastantes são importantes para fins de avaliação de genótipos, pois possibilitam a avaliação sob condições estressantes de cultivo no caso da ocorrência de doença, estiagem ou qualquer outro fator ligado ao solo, como acidez ou falta de nutriente. No entanto, para análise de grupos de experimentos para fins de produtividade, esses ambientes são muitas vezes retirados das análises conjuntas, pois têm alta contribuição para a

interação genótipo x ambiente e a heterogeneidade da variância do erro. Seus resultados, nesses casos, seriam auxiliares nas decisões para recomendação em ambientes estressantes (contrastantes) ou para exclusão de genótipos dos ensaios quando verificada alta suscetibilidade a algum fator, como doença, por exemplo, em cada época de plantio. Duarte e Zimmermann (1991) alertaram para a ocorrência de instabilidade nos resultados da identificação desses ambientes contrastantes em relação aos anos, tendo em vista a imprevisibilidade das condições dos ambientes. No entanto, para Carbonell e Pompeu (1997), isso poderia ser amenizado se fossem realizados estudos envolvendo grande número de ambientes (épocas de plantio e locais). Nesse caso, a avaliação da interação genótipo x ambiente seria mais próxima da realidade e, portanto, mais consistente.

Esses autores ressaltaram, ainda, que a avaliação que se restringe a ambientes com interação genótipo x ambiente não significativa e com homogeneidade de variância do erro não reflete a população de ambientes para a qual se faz a recomendação. Segundo Ramalho, Abreu e Righetto (1993), quanto maior o número e a diversidade de ambientes testados, melhor é a decisão sobre a recomendação dos genótipos, em detrimento de alguns locais com interação genótipo x ambiente altamente significativa.

Carbonell e Pompeu (1997) verificaram uma nítida separação dos ambientes contrastantes quando não ocorreram doenças, e consideraram este fato uma evidência de que fatores estressantes, inerentes a cada época e local de plantio, têm grande influência sobre os valores das médias considerados nas avaliações de genótipos para fins de recomendação.

Oliveira et al. (2005) investigaram a eficiência de diferentes métodos de estratificação ambiental, a partir de dois ensaios de valor de cultivo e uso (VCU), um de feijão preto e outro de feijão carioca, conduzidos em seis municípios do Estado de Minas Gerais, nos anos de 2002 e 2003, nas três épocas tradicionais de cultivo, totalizando 14 ambientes. Três métodos foram utilizados para agrupar os locais: método tradicional de Lin (1982), partição da interação em suas partes simples e complexa (CRUZ; REGAZZI, 2001) e análise fatorial (MURAKAMI; CRUZ, 2004). Concluíram que os subgrupos formados pelo método de estratificação ambiental tradicional incluíam, em sua maioria, ambientes referentes à safra de inverno e que a decomposição da interação nas suas frações simples e complexa não contribuiu para aprimorar o agrupamento. Já a análise fatorial foi mais eficiente em apontar a

similaridade entre os ambientes do que a análise baseada no princípio de interação genótipo x ambiente não significativa, indicando seu potencial para esse tipo de estudo.

No Rio Grande Sul alguns trabalhos têm sido realizados com o propósito de identificar genótipos com estabilidade de rendimento e ampla adaptabilidade, mas nenhuma pesquisa visando à estratificação da região de cultivo foi referida na literatura até o momento.

Jobim, Westphalen e Federizzi (1999b) analisaram a interação genótipo x ambiente para o rendimento de grãos de 22 genótipos de feijão testados em cinco locais do Rio Grande do Sul, na época de cultivo de safra, nos anos agrícolas 1987/88 e 1988/89. A análise da variação conjunta dos anos mostrou que as interações genótipo x local e genótipo x ano foram não significativas; enquanto a interação tripla genótipo x local x ano foi altamente significativa, evidenciando comportamentos específicos dos genótipos frente a certas condições de locais e anos. Os autores argumentaram que a não significância das interações duplas pode ser explicada pela grandeza do quadrado médio da interação tripla usada para o teste F exigido pelo modelo aleatório. Utilizando o método de regressão linear de Eberhart e Russel (1966) identificaram dois genótipos superiores quanto à adaptabilidade e apenas quatro como instáveis. Entre os estáveis, nove apresentaram adaptação geral, quatro, adaptação específica a bons ambientes e cinco, adaptação a ambientes ruins.

Adotando a abordagem metodológica que considera as características do ambiente e as reações dos genótipos a essas características (referida na seção 2.4), Jobim, Westphalen e Federizzi (1999b) utilizaram variáveis ambientais meteorológicas e índice de doenças no modelo de regressão linear como avaliadores do ambiente, visando comparar a sua eficiência em relação ao índice ambiental. Este estudo foi realizado paralelamente ao trabalho supracitado dos mesmos autores (JOBIM; WESTPHALEN; FEDERIZZI, 1999a), considerando, portanto, os mesmos conjuntos de ambientes e de genótipos. Os resultados indicaram a importante participação do índice ambiental na predição da estabilidade; enquanto as variáveis do ambiente pouco ou nada acrescentaram à linearidade do modelo, sugerindo que o ambiente físico não foi suficientemente representado. Concluíram que a metodologia envolvendo as variáveis ambientais não proporcionou

boa discriminação entre os genótipos e que o índice ambiental foi melhor estimador do ambiente.

Ribeiro et al. (2004b) avaliaram 16 cultivares de feijão em experimentos conduzidos durante três anos agrícolas (2000/01, 2001/02 e 2002/03) em Santa Maria, nos cultivos de safra (ambientes favoráveis) e de safrinha (ambientes desfavoráveis), com o objetivo de identificar cultivares com adaptação geral ou específica ao cultivo em diferentes épocas de semeadura e com estabilidade de produção na região da depressão central do Rio Grande do Sul, principalmente para fins de melhoramento. As combinações de safras e anos totalizaram cinco ambientes, cuja análise conjunta revelou significância da interação genótipo x ambiente. Identificaram cinco cultivares com rendimento de grãos acima da média geral, alta adaptação e estabilidade de produção, uma com adaptabilidade ao cultivo de safra, e duas com alta adaptabilidade no período de safrinha.

Ressalte-se que todas essas pesquisas que obtiveram sucesso na identificação de genótipos de feijão desejáveis quanto à adaptabilidade e à estabilidade consideraram período de teste de no máximo três anos. Em geral, esse tipo de estudo tem tido maior amplitude espacial que temporal. Piana et al. (1999) fizeram um estudo que compreendeu um período de seis anos e não identificaram genótipos estáveis. Esses autores analisaram a adaptabilidade e estabilidade de rendimento de onze genótipos de feijão em 72 ambientes do Estado do Rio Grande do Sul, constituídos por combinações de 23 locais e seis anos agrícolas (1988/89 a 1993/94). Este estudo revelou que os onze genótipos avaliados (oito deles comuns ao conjunto de genótipos considerado por Jobim, Westphalen e Federizzi, 1999b) não são estáveis, de acordo com três métodos de análise, regressão linear, de Eberhart e Russell (1966), ecovalência, de Wricke (1962) e variância da estabilidade, de Shukla (1972). Esses autores sugerem a regionalização como estratégia alternativa para reduzir o efeito da interação genótipo x ambiente.

2.6 Zoneamento de riscos climáticos para a semeadura do feijão no Rio Grande do Sul

O rendimento da cultura do feijão no Brasil e, particularmente, no Rio Grande do Sul pode ser aumentado pela adoção crescente de tecnologias de

produção. Para tal são necessários: o entendimento das variáveis de ambiente que limitam o potencial de rendimento; a delimitação de zonas de riscos climáticos; e o uso de técnicas culturais e insumos de produção que possibilitem o máximo aproveitamento da estação de crescimento disponível (CEPEF, 2007). Conforme já mencionado, no Rio Grande do Sul o feijão é cultivado em duas épocas, safra e safrinha, sendo o rendimento e a área semeada predominantemente mais elevados no cultivo de safra, que compreende cerca de 70% da produção anual.

A identificação dos períodos favoráveis de semeadura para o cultivo de feijão no Estado é realizada com base em cálculos de balanço hídrico diário, considerando a interação entre local (clima) x ciclo das cultivares x períodos de semeadura x tipo de solo (capacidade de água disponível). As semeaduras em regiões com limitações por temperatura, tanto na safra como na safrinha, e regiões de altitude, como planalto superior ou serra do nordeste, são delimitadas por cartas de temperatura (CEPEF, 2007).

O cálculo do balanço hídrico diário é baseado nas informações de um conjunto de 251 estações pluviométricas do Rio Grande do Sul, com séries históricas de dados diários entre 15 e 20 anos, considerando simulações de semeaduras centradas nos dias 5, 15 e 25 de cada mês. Os ciclos de maturação das cultivares de feijão considerados nessas simulações são de 90 e 100 dias.

Quanto à capacidade de água disponível, esses cálculos consideram três tipos de solo: Tipo 1 - Areais quartzosas e solos Aluviais arenosos; Tipo 2 - Latossolos Vermelho-amarelo e Vermelho-escuro (com menos de 35% de argila); e Tipo 3 - Podzólicos vermelho-amarelo e vermelho-escuro (terra roxa estruturada), Latossolos roxo e vermelho-escuro (com mais de 35% de argila), Cambissolos eutróficos e solos Aluviais de textura média e argilosa.

O índice de satisfação das necessidades de água (ISNA) do subperíodo 3 de desenvolvimento do feijão (floração ao enchimento do grão) é utilizado como principal índice de zoneamento. Os valores do ISNA são calculados para uma frequência mínima de 80% e são espacializados considerando três categorias: favorável ($ISNA > 0,60$), intermediário ($0,50 < ISNA < 0,60$) e desfavorável ($ISNA < 0,50$). Os períodos de semeadura são determinados pela faixa de valores favoráveis do ISNA, desde que não coincidentes com áreas onde não é indicado o cultivo do feijão no Estado pelo zoneamento agroclimático vigente.

A recomendação dos períodos de semeadura favoráveis para cada município do Estado pode ser encontrada na publicação da CEPEF (2007). As datas de semeadura recomendadas referem-se aos períodos em que é menor a chance de prejuízos causados por deficiência hídrica durante a fase mais crítica do desenvolvimento da cultura (floração ao enchimento do grão). Para o uso adequado da recomendação da data de semeadura por município é necessário o conhecimento do ciclo da cultivar (90 ou 100 dias) e do tipo de solo (1, 2 ou 3) do local de cultivo.

Material e métodos

3.1 Origem e descrição dos dados

3.1.1 Ensaio Estadual de Feijão

Os dados utilizados nesta pesquisa provêm de um período de oito anos do Ensaio Estadual de Feijão (EEF). Correspondem aos anos agrícolas de 1987/88 a 1994/95, quando esse experimento foi conduzido em 24 locais do Rio Grande do Sul. Os locais de condução do experimento e os genótipos variaram entre os anos. As combinações de anos e locais constituíram 89 ambientes (Tab. 3.1).

Em todos os ambientes foi adotado o delineamento blocos casualizados, com quatro repetições. A parcela compreendeu quatro linhas de 4m de comprimento, com espaçamento de 0,5m entre linhas e com população ideal de 12 plantas por metro linear. A área útil da parcela foi constituída dos 3m centrais das duas linhas internas, compreendendo 3m². A semeadura foi procedida na época da safra, entre o início de setembro e o final de novembro, em todos os anos. A condução do ensaio seguiu as recomendações técnicas para o cultivo do feijão (IPAGRO, 1986).

Os conjuntos de locais e genótipos que compuseram o EEF no período de 1987/88 a 1994/95 serão caracterizados nas seções a seguir.

3.1.2 Locais

O Ensaio Estadual de Feijão era coordenado pela Comissão Estadual de Pesquisa de Feijão (CEPEF) e sua execução contava com a colaboração de várias instituições (Tab. 3.2). A escolha dos locais de condução do experimento era procedida de acordo com os seguintes critérios: posição geográfica, importância na produção de feijão no Estado e disponibilidade de órgão executor.

Os locais eram escolhidos de modo a constituírem uma amostra representativa das condições ambientais da região produtora de feijão do Estado, particularmente no que se refere a solo e clima.

A região produtora de feijão do Estado é apresentada na Fig. 3.1. A produção de feijão está normalmente associada às áreas de pequena propriedade aparecendo diluída em vários municípios. Os que apresentam maior produção são: Vicente Dutra (5.046t), Canguçu (3.480t), Planalto (3.223t) e Caiçara (3.141t). Quanto à distribuição regional, a produção se concentra nas regiões do Médio Alto Uruguai (24.234t), Norte (10.594t), Vale do Rio Pardo (10.339t), Central (9.655t) e Sul (8.111t). Essas regiões respondem por 57,4% da produção de feijão do Estado (SEPLAG, 2008).

Tabela 3.1 Data da semeadura em cada ambiente (combinação de local e ano) de execução do Ensaio Estadual de Feijão nos anos agrícolas de 1987/88 a 1994/95.

Local	Ano agrícola								Total
	1987/88	1988/89	1989/90	1990/91	1991/92	1992/93	1993/94	1994/95	
1 - Iraí	18/09	22/09	28/09	26/09	03/10		11/10	23/09	7
2 - Frederico Westphalen	21/09	29/09	27/09	11/09	02/10				5
3 - Canguçu	19/10	22/10	30/10	26/10	22/10	07/10	22/10	07/11	8
4 - Erechim	21/10	21/10	20/10		22/10	20/10			5
5 - Maquiné	25/09	19/09	21/09	06/09	10/09	21/10	08/10		7
6 - Sobradinho	06/10			18/10	01/10				3
7 - Pelotas	22/10	16/10	19/10			01/10	08/10		5
8 - Capão do Leão		23/10	...				23/11	30/11	4
9 - Cruz Alta		30/09		28/09	02/10			...	4
10 - Santa Maria		28/09	29/09		12/09	30/10			4
11 - Santa Rosa		22/09							1
12 - Encruzilhada do Sul		07/10	05/10	26/09	01/10	02/10	08/10	28/10	7
13 - Estrela		16/09	19/09	25/09		01/10			4
14 - Coronel Bicaco		29/09							1
15 - Arroio do Tigre				29/09					1
16 - Júlio de Castilhos				28/09	21/10				2
17 - Sarandi				18/10	03/10	07/10	16/10		4
18 - Nonoai					16/10				1
19 - Caiçara					03/10		08/10	21/09	3
20 - Veranópolis					11/10	06/10	14/10	...	4
21 - Passo Fundo					05/10	01/10	07/10	...	4
22 - Santo Augusto					27/09	15/10	26/10		3
23 - Rio Grande						02/10			1
24 - Augusto Pestana								...	1
Total	7	13	10	11	16	12	11	9	89

Nota: Sinal convencional: ... (três pontos): dado não disponível.

Tabela 3.2 Instituições executoras e responsáveis pelo EEF, por município, no período de 1987/88 a 1994/95.

Município	Executor	Responsável
Iraí	Embrapa Clima Temperado / EMATER RS	Embrapa Clima Temperado
Frederico Westphalen	Colégio Agrícola de Frederico Westphalen	Embrapa Clima Temperado
Canguçu	Embrapa Clima Temperado	Embrapa Clima Temperado
Erechim	COTREL - Cooperativa Triticola Erechim Ltda.	Embrapa Clima Temperado
Maquiné	FEPAGRO - Fundação Estadual de Pesquisa Agropecuária	FEPAGRO
Sobradinho	Embrapa Clima Temperado / EMATER RS	Embrapa Clima Temperado
Pelotas	Embrapa Clima Temperado	Embrapa Clima Temperado
Capão do Leão	Embrapa Clima Temperado	Embrapa Clima Temperado
Cruz Alta	Embrapa Trigo	Embrapa Trigo
Santa Maria	UFSM - Universidade Federal de Santa Maria	UFSM
Santa Rosa	COTRIROSA - Cooperativa Triticola de Santa Rosa Ltda.	Embrapa Clima Temperado
Encruzilhada do Sul	Embrapa Clima Temperado / COTRENSUL - Cooperativa Triticola de Encruzilhada do Sul Ltda.	Embrapa Clima Temperado
Estrela	Embrapa Clima Temperado / Prefeitura Municipal	Embrapa Clima Temperado
Coronel Bicaco	EMATER RS	Embrapa Clima Temperado
Arroio do Tigre	Embrapa Clima Temperado	Embrapa Clima Temperado
Júlio de Castilhos	UFSM	UFSM
Sarandi	Embrapa Clima Temperado / CETAP - Centro de Tecnologias Alternativas Populares	Embrapa Clima Temperado
Nonoai	EMATER RS	Embrapa Clima Temperado
Caiçara	EMATER RS	Embrapa Clima Temperado
Veranópolis	FEPAGRO	FEPAGRO
Passo Fundo	Embrapa Trigo	Embrapa Trigo
Santo Augusto	FEPAGRO	FEPAGRO
Rio Grande	FEPAGRO	FEPAGRO
Augusto Pestana	FEPAGRO	FEPAGRO

A Fig. 3.2 apresenta um mapa das mesorregiões geográficas do Rio Grande do Sul com a localização dos 24 municípios onde foi conduzido o EEF, no período de 1987/88 a 1994/95, e a Tab. 3.3 descreve as características geográficas, edáficas e climáticas desses municípios.

As classes de solo predominantes nesses municípios são Neossolo, Chernossolo, Latossolo, Plintossolo, Planossolo, Luvisolo e Gleissolo, segundo o Sistema Brasileiro de Classificação do Solo (EMBRAPA, 2006). Observe-se que esta é uma classificação geral do solo desses municípios, podendo não corresponder ao tipo de solo específico do local de condução do experimento.

De acordo com a classificação de Köppen-Geiger, o clima do Rio Grande do Sul pertence à zona temperada (C), tipo fundamental úmido (Cf), com dois subtipos:

subtropical (Cfa) e temperado (Cfb). A maior parte da área de execução do EEF enquadra-se no subtipo Cfa, onde a temperatura média do mês mais quente é superior a 22,0°C, mas três municípios (12,5% do total) se localizam na região Cfb, com temperatura média do mês mais quente inferior a 22,0°C. A temperatura média anual do Estado oscila entre 14,0°C e 20,0°C, variando entre 18,0°C e 26,5°C no mês mais quente (janeiro) e 9,5°C e 15,8°C no mês mais frio (julho). Os totais anuais médios de precipitação pluvial situam-se entre 1.100mm e 2.500mm (MOTA, 1951).

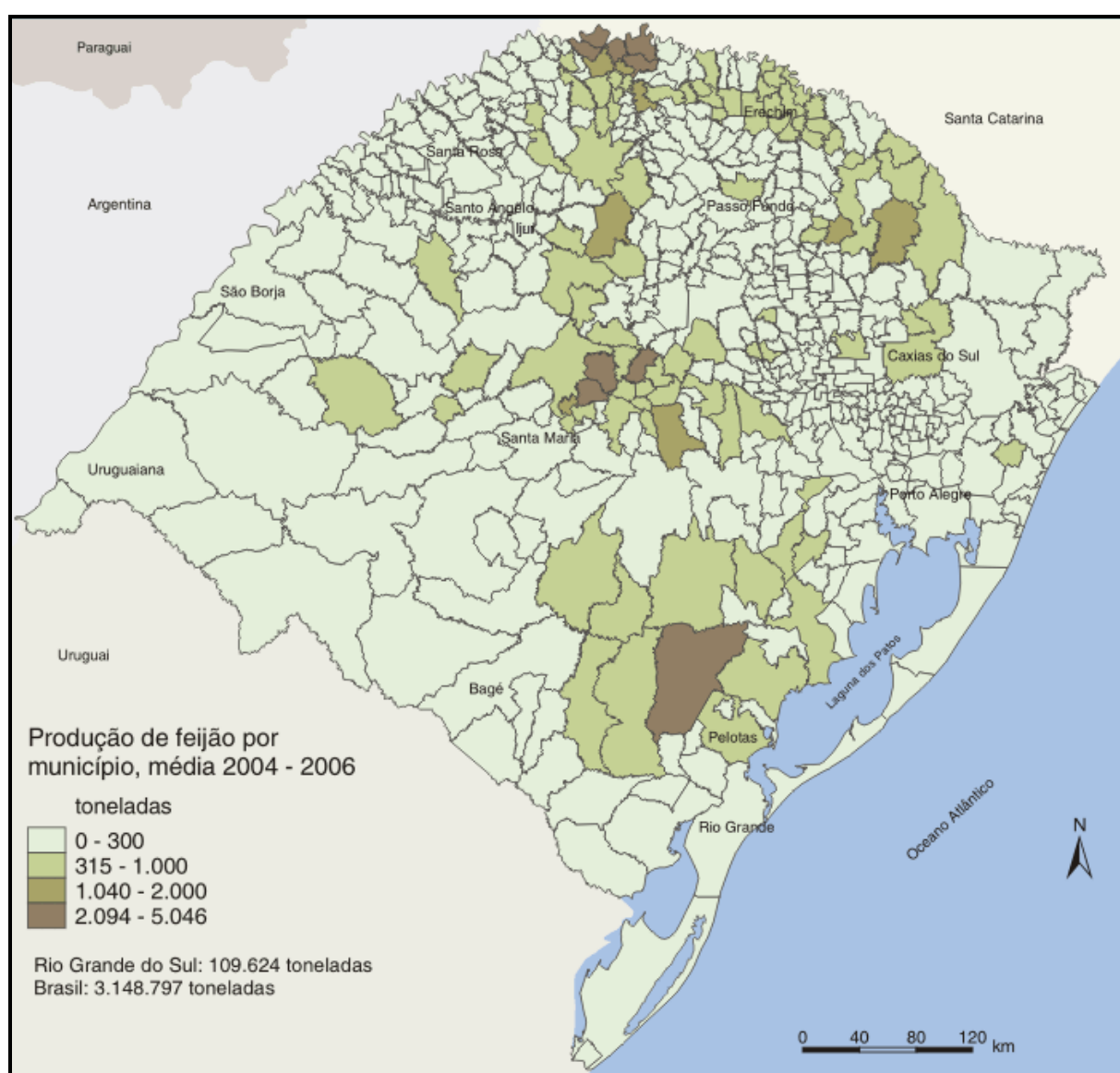


Figura 3.1 Localização dos municípios que constituem a região produtora de feijão no Estado do Rio Grande do Sul.

Fonte: SEPLAG, 2008.



Figura 3.2 Localização dos municípios onde foi conduzido o EEF nos anos agrícolas de 1987/88 a 1994/95.

3.1.3 Genótipos

Os genótipos que constituíram o EEF no período considerado provinham predominantemente de programas de melhoramento de quatro instituições: Embrapa (CPATB e, após 1992, CPACT), FEPAGRO, IAPAR e FT Pesquisa e Sementes Ltda. Cultivares em recomendação participavam do Ensaio como testemunhas. A permanência dos genótipos no EEF, julgada pelas respectivas instituições, era baseada nos seus desempenhos relativos.

Tabela 3.3 Características geográficas, edáficas e climáticas dos 24 municípios onde foi conduzido o EEF nos anos agrícolas de 1987/88 a 1994/95.

Município	Latitude ⁽¹⁾	Longitude ⁽¹⁾	Altitude ⁽¹⁾	Solo ⁽²⁾	Clima ⁽³⁾
Iraí	27° 11' 38"	53° 15' 03"	235m	Neossolo + Chernossolo	Cfa
Frederico Westphalen	27° 21' 32"	53° 23' 38"	566m	Neossolo + Chernossolo	Cfa
Canguçu	31° 23' 42"	52° 40' 33"	386m	Chernossolo + Neossolo	Cfb
Erechim	27° 38' 02"	52° 16' 26"	783m	Neossolo + Chernossolo	Cfa
Maquiné	29° 40' 30"	50° 12' 25"	12m	Neossolo + Chernossolo	Cfa
Sobradinho	29° 25' 15"	53° 01' 44"	450m	Plintossolo	Cfa
Pelotas - EEC ⁽⁴⁾	31° 37' 13"	52° 31' 26"	168m	Argissolo	Cfa
Capão do Leão	31° 45' 46"	52° 29' 02"	21m	Planossolo	Cfa
Cruz Alta	28° 38' 20"	53° 36' 21"	452m	Latossolo Vermelho	Cfa
Santa Maria	29° 41' 02"	53° 48' 25"	151m	Luvissolo	Cfa
Santa Rosa	27° 52' 15"	54° 28' 51"	277m	Neossolo + Chernossolo	Cfa
Encruzilhada do Sul	30° 32' 38"	52° 31' 19"	432m	Neossolo	Cfb
Estrela	29° 30' 07"	51° 57' 57"	43m	Neossolo + Chernossolo	Cfa
Coronel Bicaco	27° 42' 57"	53° 42' 03"	468m	Latossolo	Cfa
Arroio do Tigre	29° 19' 58"	53° 05' 34"	409m	Plintossolo	Cfa
Júlio de Castilhos	29° 13' 37"	53° 40' 55"	513m	Luvissolo	Cfa
Sarandi	27° 56' 38"	52° 55' 22"	503m	Latossolo	Cfa
Nonoai	27° 21' 43"	52° 46' 15"	584m	Neossolo + Chernossolo	Cfa
Caiçara	27° 16' 26"	53° 25' 55"	583m	Neossolo + Chernossolo	Cfa
Veranópolis	28° 56' 09"	51° 32' 56"	705m	Latossolo Bruno	Cfb
Passo Fundo	28° 15' 46"	52° 24' 25"	678m	Latossolo Vermelho	Cfa
Santo Augusto	27° 51' 13"	53° 46' 37"	528m	Latossolo	Cfa
Rio Grande	32° 02' 06"	52° 05' 56"	1m	Gleissolo + Neossolo	Cfa
Augusto Pestana	28° 31' 01"	53° 59' 31"	385m	Latossolo	Cfa

⁽¹⁾ Fonte: WIKIPÉDIA, 2009.

⁽²⁾ Fonte: PORTO; CORTAZZI, 1985, EMBRAPA, 2006.

⁽³⁾ Fonte: MOTA, 1951.

⁽⁴⁾ Estação Experimental Cascata / Embrapa Clima Temperado.

Os genótipos considerados nesta pesquisa foram em número de 30, 30, 30, 26, 24, 24, 24 e 28, respectivamente, nos anos agrícolas de 1987/88, 1988/89, 1989/90, 1990/91, 1991/92, 1992/93, 1993/94, 1994/95 (Tab. 3.4). O conjunto completo, do período dos oito anos, compreendeu 88 genótipos.

Sob o enfoque da regionalização, esses genótipos supostamente representam a população de genótipos de feijão cultivados no Rio Grande do Sul. Por essa razão, é importante que apresentem ampla variação genética que reflita, também, variações de rendimento de grãos e de outras características morfofisiológicas.

Tabela 3.4 Genótipos que compuseram o EEF no período de 1987/88 a 1994/95 e respectivos obtentores/mantenedores (O/M).

O/M ⁽¹⁾	Genótipo	Ano ⁽²⁾								O/M ⁽¹⁾	Genótipo	Ano ⁽²⁾							
		1	2	3	4	5	6	7	8			1	2	3	4	5	6	7	8
EEP	EEP-527	x	-	-	-	-	-	-	-	FTS	FT 85-47	-	-	x	-	-	-	-	-
IAPAR	RAI-72	x	-	-	-	-	-	-	-	?	Preto 132	-	-	x	-	-	-	-	-
EMB	CNF 3975	x	x	x	-	-	-	-	-	FTS	FT 85-10	-	-	x	x	-	-	-	-
CIAT	BAT 429	x	x	-	-	-	-	-	-	FTS	FT 85-206	-	-	x	x	x	x	x	x
CIAT	A-227	x	-	-	-	-	-	-	-	FTS	FT 85-113	-	-	x	x	-	-	-	-
EMB	CNF 3993	x	-	-	-	-	-	-	-	CIAT	W-2255	-	-	-	x	-	-	-	-
FTS	FT 120	x	x	x	x	x	x	x	x	FTS	FT 84-75	-	-	-	x	-	-	-	-
FTS	FT 84-158	x	x	-	-	-	-	-	-	EMB	A9-20AM	-	-	-	x	-	-	-	-
FEP	Irai	x	x	x	x	x	x	x	x	FEP	MP 89-103	-	-	-	-	x	x	x	x
FTS	FT 84-398	x	x	-	-	-	-	-	-	EMB	LA 720130	-	-	-	-	x	-	-	-
IP	Guateian 6662	x	x	x	x	x	x	x	x	EMB	86-1210	-	-	-	-	x	-	-	-
IP	Turrialba 4	x	x	-	-	-	-	-	-	EMB	C87-2198	-	-	-	-	x	-	-	-
IAC	Carioca	x	x	x	x	x	x	x	x	FEP	MP 89-71	-	-	-	-	x	-	-	-
CIAT	A-236	x	x	-	-	-	-	-	-	FTS	FT 86-260	-	-	-	-	x	-	-	-
IAPAR	Rio Negro	x	x	-	-	-	-	-	-	IAPAR	IAPAR 31	-	-	-	-	x	x	x	x
FEP	Maquiné	x	x	-	-	-	-	-	-	EMB	86-533	-	-	-	-	x	x	x	x
IP	Tahyu	x	x	x	x	x	-	-	-	EPA	Barriga Verde	-	-	-	-	x	-	-	-
EMB	Pampa	x	x	x	x	x	x	x	-	IAPAR	IAPAR 44	-	-	-	-	x	x	x	x
EMB	Macanudo	x	x	x	x	x	x	x	x	CIAT	NAG 143	-	-	-	-	-	x	-	-
EMB	CNF 0158	x	-	-	-	-	-	-	-	FEP	MP 89-242	-	-	-	-	-	x	-	-
EMC	Capixaba Precoce	x	x	x	x	x	x	-	-	IAPAR	IAPAR 87	-	-	-	-	-	x	-	-
EMB	LM 30074	x	x	x	x	-	-	-	-	FEP	MP 89-87	-	-	-	-	-	x	-	-
EPA	EMPASC 201	x	x	x	x	x	x	x	-	FTS	FT 88-510	-	-	-	-	-	x	-	-
EMB	LM 20785	x	-	-	-	-	-	-	-	EMB	AN 730	-	-	-	-	-	x	-	-
FTS	FT Tarumã	x	x	-	-	-	-	-	-	EMB	86-216	-	-	-	-	-	x	x	-
EMB	CNF 5483	x	x	-	-	-	-	-	-	FTS	FT 86-14	-	-	-	-	-	-	x	-
EMB	LM 30063	x	x	x	-	-	-	-	-	IAPAR	IAPAR 296	-	-	-	-	-	-	x	-
FTS	FT 84-86	x	x	-	-	-	-	-	-	EMB	AN 911 104	-	-	-	-	-	-	x	x
IPE	Rio Tibagi	x	x	x	x	x	x	x	x	FEP	M 89-145	-	-	-	-	-	-	x	-
FTS	FT 83-25	x	-	-	-	-	-	-	-	FEP	M 89-148	-	-	-	-	-	-	x	-
EMB	Minuano	-	x	x	x	x	x	x	x	FTS	FT 90-10654	-	-	-	-	-	-	x	x
EMB	Macotaço	-	x	x	x	x	x	x	x	FTS	FT Nobre	-	-	-	-	-	-	x	x
EMB	CNF 5491	-	x	x	x	x	x	x	-	FEP	MP 89-143	-	-	-	-	-	-	-	x
EMB	CF 810-307	-	x	x	-	-	-	-	-	FEP	M 91-012	-	-	-	-	-	-	-	x
HON	Honduras 35	-	x	x	x	-	-	-	-	FEP	MP 90-205	-	-	-	-	-	-	-	x
CIAT	EMP 89	-	x	-	-	-	-	-	-	IAPAR	LP 90-94	-	-	-	-	-	-	-	x
IPA	L 25026	-	x	-	-	-	-	-	-	EMB	FPG CF 101	-	-	-	-	-	-	-	x
EMB	LM 21132	-	-	x	x	-	-	-	-	EMB	FPG CF 037	-	-	-	-	-	-	-	x
EMB	LM 21135	-	-	x	x	-	-	-	-	EMB	FPG CF 058	-	-	-	-	-	-	-	x
CIAT	82 BVAN 39	-	-	x	-	-	-	-	-	IAPAR	LP 91-1	-	-	-	-	-	-	-	x
EMB	LM 10364	-	-	x	-	-	-	-	-	EMB	CB 734681	-	-	-	-	-	-	-	x
FTS	FT 85-163	-	-	x	x	-	-	-	-	EMB	FE 821732	-	-	-	-	-	-	-	x
FTS	FT 85-22	-	-	x	x	-	-	-	-	FTS	FT 901672	-	-	-	-	-	-	-	x
FTS	FT 85-309	-	-	x	x	-	-	-	-	IAPAR	LP 90-19	-	-	-	-	-	-	-	x

Nota: Sinais convencionais: x (xis): presença; - (traço): ausência; ?: dúvida sobre a veracidade da informação.

⁽¹⁾ O/M: EEP=EE Patos de Minas; EMB=Embrapa; FTS=FT Pesquisa e Sementes; IAPAR= Instituto Agrônomo do Paraná; CIAT=CIAT/México; FEP=FEPAGRO; IP=IPEAS/Região Sul; IAC= Instituto Agrônomo de Campinas; EMC=EMCAPA/ES; EPA=EPAGRI; IPE=IPEAME/PR; HON=Honduras; IPA=Instituto Agrônomo de Pernambuco.

⁽²⁾ Ano: 1 - 1987/88; 2 - 1988/89; 3 - 1989/90; 4 - 1990/91; 5 - 1991/92; 6 - 1992/93; 7 - 1993/94; 8 - 1994/95.

Observe-se que o conjunto completo desses genótipos não foi utilizado em todas as análises do processo de regionalização. Em algumas delas foram utilizados subconjuntos do conjunto completo, os quais serão descritos na seção 3.2.2.

3.1.4 Caracterização dos dados

A variável considerada nesta pesquisa foi rendimento de grãos, originalmente registrada em gramas por parcela e posteriormente convertida para kg.ha^{-1} . Foram consideradas quatro repetições por tratamento para todos os ambientes, exceto para os ambientes “Pelotas - 1988/89” e “Santa Rosa - 1988/89”, em que o número de repetições foi reduzido para três devido à perda de um bloco. Em consequência de perda de parcelas, também resultaram diminuídos os números de repetições para alguns genótipos em alguns ambientes: uma parcela de cada um dos genótipos CNF 3975, Iraí, Turrialba 4, Tahyu e FT 84-86, no ambiente “Coronel Bicaco - 1988/89”, e Macanudo e IAPAR 31 no ambiente “Rio Grande - 1992/93”. Os genótipos que perderam três parcelas foram excluídos dos ambientes; são eles: MP 89-71, no ambiente “Erechim - 1991/92”; 86-533, nos ambientes “Júlio de Castilhos - 1991/92” e “Passo Fundo - 1991/92”; FT 84-86, nos ambientes “Canguçu - 1993/94” e “Capão do Leão - 1993/94”; e LP 90-19, nos ambientes “Canguçu 1994/95” e “Capão do Leão - 1994/95”.

3.2 Análises estatísticas

As análises estatísticas compreenderam:

- análises individuais dos ambientes;
- análises conjuntas anuais para cada um dos oito anos;
- análises conjuntas de subconjuntos dos oito anos;
- análises de agrupamento para regionalização de ambientes.

Todas essas análises foram procedidas para os valores da variável resposta rendimento de grãos registrados por parcela.

3.2.1 Análises individuais dos ambientes

Inicialmente, foram efetuadas as análises individuais para cada ambiente (combinação de ano e local) para estimar a variância do erro experimental e testar a homogeneidade dessa variância entre ambientes.

Essas análises foram baseadas no seguinte modelo estatístico:

Modelo 1 – Equação que expressa o rendimento observado na parcela com o genótipo i no bloco k :

$$y_{ik} = \mu + b_k + g_i + e_{ik}, \quad i=1,2,\dots,g; k=1,2,\dots,b,$$

onde:

y_{ik} : rendimento na parcela;

μ : rendimento médio esperado;

b_k : efeito aleatório do bloco k ;

g_i : efeito aleatório do genótipo i ;

e_{ik} : erro experimental aleatório na parcela.

Para os termos aleatórios foram admitidas as pressuposições usuais de homogeneidade de variância, distribuição normal e independência das observações e dos efeitos em uma mesma observação. Os componentes de variância referentes ao modelo são: variância de bloco (σ_B^2), variância de genótipo (σ_G^2) e variância de erro experimental (σ^2).

3.2.2 Análises conjuntas

Foram procedidas as análises conjuntas anuais e análises conjuntas de subconjuntos dos oito anos. As análises conjuntas anuais consideraram o conjunto completo dos genótipos presentes em cada ano, que não variou entre locais. A estrutura dos dados do conjunto dos oito anos revelou acentuado desbalanceamento. Por essa razão, além da análise conjunta dos oito anos, foram procedidas as análises de dois subconjuntos de quatro dos oito anos: conjunto dos anos 1 a 4 (1987/88 a 1990/91) e conjunto dos anos 5 a 8 (1991/92 a 1994/95). Em

cada uma dessas três análises, foram excluídos alguns locais e genótipos, segundo critério descrito a seguir.

3.2.2.1 Critérios para a seleção dos subconjuntos de locais e genótipos nas análises conjuntas de anos

A escolha dos locais e genótipos para cada uma das análises conjuntas de anos foi procedida pelo exame prévio e tentativo de combinações de genótipos e locais até lograr redução do desbalanceamento da estrutura de dados suficiente para a estimação razoável das interações de local, genótipo e ano. Procurou-se alcançar esse intento com números de locais e de genótipos razoáveis para a representação dos ambientes da região e da população de genótipos. Os subconjuntos de locais e de genótipos considerados nas três análises conjuntas são descritos nas Tab. 3.5 e 3.6.

Tabela 3.5 Frequências dos locais que compuseram cada uma das três análises conjuntas, nos respectivos intervalos de anos considerados.

Local	Conjunto de anos ⁽¹⁾		
	1-4	5-8	1-8
Iraí	4	3	7
Frederico Westphalen	4	-	5
Canguçu	4	4	8
Erechim	3	2	5
Maquiné	4	3	7
Sobradinho	2	-	-
Pelotas	3	2	5
Capão do Leão	2	2	4
Cruz Alta	2	2	4
Santa Maria	2	2	4
Encruzilhada do Sul	3	4	7
Estrela	3	-	4
Sarandi	-	3	4
Caiçara	-	3	-
Veranópolis	-	4	4
Passo Fundo	-	4	4
Santo Augusto	-	3	-

Nota: Sinal convencional: - (traço): ausência.

⁽¹⁾ Ano: 1 - 1987/88; 2 - 1988/89; 3 - 1989/90; 4 - 1990/91; 5 - 1991/92; 6 - 1992/93; 7 - 1993/94; 8 - 1994/95.

Para a composição de cada um dos dois subconjuntos de quatro anos, foram adotados dois critérios: (1) presença do local no EEF em, no mínimo, dois dos quatro anos e (2) permanência do genótipo por, no mínimo, três dos quatro anos em todos os locais selecionados. Com base nesses critérios, para o subconjunto 1-4 foram considerados 17 genótipos e 12 locais, que combinados com os quatro anos totalizaram 36 ambientes; e para o subconjunto 5-8 foram considerados 16 genótipos e 14 locais, perfazendo 41 ambientes nos quatro anos.

Tabela 3.6 Freqüências dos genótipos que compuseram cada uma das três análises conjuntas, nos respectivos intervalos de anos considerados.

Genótipo	Conjunto de anos ⁽¹⁾			Genótipo	Conjunto de anos ⁽¹⁾		
	1-4	5-8	1-8		1-4	5-8	1-8
CNF 3975	3	-	-	LM 30063	3	-	-
FT 120	4	4	8	Rio Tibagi	4	4	8
Iraí	4	4	8	Minuano	3	4	7
Guateian 6662	4	4	8	Macotaço	3	4	7
Carioca	4	4	8	CNF 5491	3	3	-
Tahyu	4	-	-	Honduras 35	3	-	-
Pampa	4	3	7	FT 206	-	4	-
Macanudo	4	4	8	MP 89-103	-	4	-
Capixaba Precoce	4	-	-	IAPAR 31	-	4	-
LM 30074	4	-	-	86-533	-	4	-
EMPASC 201	4	3	7	IAPAR 44	-	4	-

Nota: Sinal convencional: - (traço): ausência.

⁽¹⁾ Ano: 1 - 1987/88; 2 - 1988/89; 3 - 1989/90; 4 - 1990/91; 5 - 1991/92; 6 - 1992/93; 7 - 1993/94; 8 - 1994/95.

Para a análise conjunta dos oito anos foram considerados outros subconjuntos de locais e genótipos, com base nos critérios: (1) presença do local em, no mínimo, quatro anos e (2) permanência do genótipo por, no mínimo, sete anos em todos os locais selecionados. Essa restrição resultou na seleção de dez genótipos e 14 locais, totalizando 72 ambientes nos oito anos. Pode-se verificar que apenas nove locais e dez genótipos são comuns às três análises.

O conjunto de genótipos considerado na análise dos oito anos, apesar de relativamente pequeno, foi considerado representativo da população de genótipos cultivados no Rio Grande do Sul, sobretudo por apresentar variabilidade para o caráter hábito de crescimento, que implica variabilidade para outras características

relevantes, como arquitetura de planta e ciclo. A Tab. 3.7 mostra a origem e a caracterização dos dez genótipos considerados na análise conjunta dos oito anos.

Tabela 3.7. Caracterização dos dez genótipos de feijão considerados na análise conjunta dos locais no período dos oito anos.

Cultivar	Origem ⁽¹⁾	Ano de recomend.	Arquitetura de planta ⁽²⁾	Cor do grão	Reação a doenças ⁽³⁾		
					Antr.	CBC	Fer.
Rio Tibagi	Introdução do IICA / Costa Rica: S-89-N *	1976	tipo II	preto	S	S	S
Carioca	Seleção em material de produtor – IAC / SP	1976	tipo III	bege com estria marrom	S	S	I
Guateian 6662	Introdução do IICA / Costa Rica	1979	tipo II	preto	S	S	R
Iraí	Seleção em material de produtor – Sec. Agr. / RS	1981	tipo I	creme com estria vermelha	R	S	I
EMPASC 201	Introdução do ICA / Colômbia: Línea 38 *	1986	tipo II	preto	R	S	R
FT 120	FT Pesquisa e Semente	1989	tipo II	preto	S	S	I
Pampa	Pesquisa – Embrapa	1989	tipo II	preto	S	S	I
Macanudo	Pesquisa – Embrapa	1989	tipo III	preto	R	S	I
Minuano	Pesquisa – Embrapa	1991	tipo III	preto	R	S	I
Macotaço	Pesquisa – Embrapa	1994	tipo III	preto	R	I	R

(1) * Denominação com que chegou ao Brasil.

(2) Tipo I: hábito de crescimento determinado, porte ereto e arbustivo, com ramificação fechada; tipo II: hábito de crescimento indeterminado, porte ereto e arbustivo, caule pouco ramificado; tipo III: hábito de crescimento indeterminado, prostrado ou semi-prostrado, com ramificação bem desenvolvida e aberta (CIAT, 1976).

(3) Doenças: Antr.=antracnose, testada sob condição controlada; CBC=crestamento bacteriano comum e Fer.= ferrugem, testadas sob condição de campo. Reação: R = alta frequência de reação de resistência aos patótipos testados, I = frequência intermediária, S = alta frequência de reação de suscetibilidade aos patótipos testados.

3.2.2.2 Teste de homogeneidade da variância

Preliminarmente a cada uma das análises conjuntas, foi procedido o teste de homogeneidade da variância do erro experimental entre ambientes. Nesses testes foram considerados os conjuntos completos de genótipos e de locais presentes nos respectivos conjuntos de anos. Foi adotado o teste de Bartlett (1937), que é baseado na estatística qui-quadrado com a seguinte expressão:

$$\chi^2 = \frac{1}{C} \left[f \ln s_p^2 - \sum_{j=1}^a (f_j \ln s_j^2) \right],$$

onde:

C: fator de correção, expresso por:

$$C = 1 + \frac{1}{3(a-1)} \left(\sum_{j=1}^a \frac{1}{f_j} - \frac{1}{f} \right);$$

a : número de ambientes;

ln: logaritmo neperiano;

s_j^2 : quadrado médio do erro correspondente ao ambiente j;

s_p^2 : quadrado médio do erro ponderado para o conjunto dos a ambientes;

f_j : número de graus de liberdade associado ao quadrado médio do erro do ambiente j;

f : total dos graus de liberdade associados aos quadrados médios do erro individuais.

3.2.2.3 Modelos estatísticos

As análises conjuntas anuais e de cada um dos conjuntos dos anos 1-4, 5-8 e 1-8 foram procedidas com base nos modelos estatísticos descritos a seguir.

a) Análises conjuntas anuais:

Modelo 2 – Equação do rendimento observado na parcela com o genótipo i no bloco k do local j:

$$y_{ijk} = \mu + l_j + b_{k(j)} + g_i + gl_{ij} + e_{ijk}, \quad i=1,2,\dots,g; j=1,2,\dots,h; k=1,2,\dots,b,$$

onde:

y_{ijk} : rendimento observado;

μ : rendimento médio esperado;

l_j : efeito aleatório do local j;

$b_{k(j)}$: efeito aleatório do bloco k no local j;

g_i : efeito aleatório do genótipo i;

gl_{ij} : efeito aleatório da interação do genótipo i com o local j;

e_{ijk} : erro experimental aleatório na parcela.

b) Análises conjuntas de ambientes em subconjuntos de anos:

Modelo 3 – Equação do rendimento observado na parcela com o genótipo i no bloco k do local j e ano s :

$$y_{ijks} = \mu + a_s + l_j + la_{js} + b_{k(js)} + g_i + ga_{is} + gl_{ij} + gla_{ijs} + e_{ijks},$$

$i=1,2,\dots,g; j=1,2,\dots,h; k=1,2,\dots,b; s=1,2,\dots,a;$

onde:

y_{ijks} : rendimento observado;

μ : rendimento médio esperado;

a_s : efeito aleatório do ano s ;

l_j : efeito aleatório do local j ;

la_{js} : efeito aleatório da interação do local j com o ano s ;

$b_{k(js)}$: efeito aleatório do bloco k na combinação do local j com o ano s ;

g_i : efeito aleatório do genótipo i ;

ga_{is} : efeito aleatório da interação do genótipo i com o ano s ;

gl_{ij} : efeito aleatório da interação do genótipo i com o local j ;

gla_{ijs} : efeito aleatório da interação do genótipo i com o local j e o ano s ;

e_{ijks} : erro experimental aleatório na parcela.

Foram admitidas as seguintes pressuposições para os termos aleatórios dos modelos estatísticos 2 e 3: distribuição normal e independência das observações e dos efeitos em uma mesma observação. Os componentes de variância são os seguintes:

- Modelo 2: variância de local (σ_L^2), variância de bloco dentro de local ($\sigma_{B(L)}^2$), variância de genótipo (σ_G^2), variância da interação genótipo x local (σ_{GL}^2) e variâncias dos erros experimentais (σ_j^2);

- Modelo 3: variância de ano (σ_A^2), variância de local (σ_L^2), variância da interação local x ano (σ_{LA}^2), variância de bloco dentro de ambiente ($\sigma_{B(LA)}^2$), variância de genótipo (σ_G^2), variância da interação genótipo x ano (σ_{GA}^2), variância da

interação genótipo x local (σ_{GL}^2), variância da interação genótipo x local x ano (σ_{GLA}^2) e variâncias dos erros experimentais (σ_{js}^2).

3.2.2.4 Procedimento para as inferências estatísticas

Tanto nas análises individuais como nas análises conjuntas de anos foram consideradas as formulações referentes ao modelo linear misto e utilizados os procedimentos de análise estatística próprios para esse modelo, baseados no método de máxima verossimilhança restrita e no método de quadrados mínimos generalizado.

Uma descrição resumida dos procedimentos de inferência para modelos lineares mistos é apresentada por Littell et al. (2006). Descrição mais detalhada pode ser encontrada em Searle, Casella e McCulloch (1992).

Em geral, a equação de um *modelo linear misto* pode ser expressa na forma matricial:

$$\mathbf{y} = \mathbf{Xb} + \mathbf{Zu} + \mathbf{e},$$

onde: $\mathbf{y}$ é um vetor $n \times 1$ de valores da variável resposta registrados nas n unidades de observação, $\mathbf{X}$ é uma matriz conhecida $n \times p$ de posto igual ou inferior a p , $\mathbf{b}$ é um vetor $p \times 1$ de efeitos fixos desconhecidos (parâmetros), $\mathbf{Z}$ é uma matriz $m \times q$, também conhecida, $\mathbf{u}$ é um vetor $q \times 1$ de efeitos aleatórios e $\mathbf{e}$ é um vetor aleatório $n \times 1$ (SEARLE; CASELLA; MCCULLOCH, 1992, por exemplo). $\mathbf{Xb}$ compreende a parte da equação do modelo que expressa os efeitos fixos e $\mathbf{Zu}$ a parte que expressa os efeitos aleatórios, excluídos os erros, que são expressos por $\mathbf{e}$. Os elementos das matrizes $\mathbf{X}$ e $\mathbf{Z}$ são valores de variáveis indicadoras que expressam a estrutura do experimento, ou valores observados de co-variáveis; no presente caso, apenas valores de variáveis indicadoras.

As médias e variâncias dos vetores aleatórios $\mathbf{u}$ e $\mathbf{e}$ têm as seguintes expressões:

$$E(\mathbf{u}) = \mathbf{0}, \quad E(\mathbf{e}) = \mathbf{0} \quad e$$

$$\text{Var} \begin{bmatrix} \mathbf{u} \\ \mathbf{e} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} \mathbf{G} & \mathbf{0} \\ \mathbf{0} & \mathbf{R} \end{bmatrix}.$$

Então, a média e a variância do vetor dos valores observados da variável resposta são:

$$E(\mathbf{y}) = \mathbf{Xb} \text{ e}$$

$$\text{Var}(\mathbf{y}) = \mathbf{ZGZ}^T + \mathbf{R}$$

Esse modelo linear misto geral permite flexibilidade para a modelagem da matriz de co-variância das observações $\mathbf{V}$, pelas especificações apropriadas das matrizes $\mathbf{G}$ e $\mathbf{R}$. Essa facilidade é especialmente interessante por possibilitar a modelagem da matriz de covariância dos erros $\mathbf{R}$ de modo a levar em conta a heterogeneidade da variância dos erros experimentais entre ambientes. Os métodos de máxima verossimilhança e de quadrados mínimos generalizado são baseados em princípios sólidos como especificados pelo modelo linear misto geral e são não exatos somente porque os parâmetros da matriz $\mathbf{V}$ devem ser estimados (LITTELL et al., 2006).

São de interesse inferências sobre os parâmetros, ou seja, estimação dos elementos do vetor de efeitos fixos $\mathbf{b}$, predição dos elementos do vetor de efeitos aleatórios $\mathbf{u}$ e estimação e testes de significâncias dos componentes de variância referentes a estes efeitos aleatórios. A abordagem reconhecida como mais apropriada é baseada na verossimilhança: *máxima verossimilhança* e *máxima verossimilhança restrita* (ou *residual*). Segundo Littell et al. (2006), nessa abordagem efeitos fixos são tratados como fixos e efeitos aleatórios, como aleatórios, o que não ocorre com outros procedimentos, como o método de análise de variação (método dos momentos). O procedimento para essa abordagem compreende dois estágios:

- 1) estimação das matrizes $\mathbf{G}$ e $\mathbf{R}$;
- 2) estimação do vetor de parâmetros $\mathbf{b}$ e predição do vetor de efeitos $\mathbf{u}$, e testes de hipóteses sobre os componentes de variância.

Littell et al. (2006) referem duas vantagens dos métodos de máxima verossimilhança em relação aos métodos alternativos: (1) na escolha do quadrado médio do numerador para um teste de efeitos fixos, não há necessidade de referir o envolvimento dos efeitos aleatórios, escolhe-se apenas a hipótese que se deseja testar, com base na consideração dos efeitos fixos somente; (2) a estimabilidade é julgada com base em efeitos fixos apenas, sem considerar os efeitos aleatórios.

A estimação pelo método de máxima verossimilhança restrita consiste em maximizar uma transformação linear $\mathbf{K}^T \mathbf{y}$ do vetor das observações $\mathbf{y}$, com as linhas

$\mathbf{k}_1^T, \mathbf{k}_2^T, \dots, \mathbf{k}_{n-p}^T$ da matriz da transformação $\mathbf{K} = [\mathbf{k}_1, \mathbf{k}_2, \dots, \mathbf{k}_{n-p}]$ escolhidas de modo que as combinações lineares $\mathbf{k}_1^T \mathbf{y}, \mathbf{k}_2^T \mathbf{y}, \dots, \mathbf{k}_{n-p}^T \mathbf{y}$ não contenham efeitos fixos. Essas $n-p$ (p : posto de $\mathbf{X}$) combinações lineares correspondem aos resíduos obtidos após ajustamento dos efeitos fixos. Isso resulta em escolher os vetores de coeficientes $\mathbf{k}_1^T, \mathbf{k}_2^T, \dots, \mathbf{k}_{n-p}^T$ de modo que:

$$\mathbf{k}_v^T \mathbf{y} = \mathbf{k}_v^T \mathbf{X} \mathbf{b} + \mathbf{k}_v^T \mathbf{Z} \mathbf{u}, \quad v=1, 2, \dots, n-p$$

não contenham elementos de $\mathbf{b}$. Essa condição requer que $\mathbf{k}_v^T \mathbf{X} \mathbf{b} = 0$ para qualquer que sejam os valores dos efeitos fixos $\mathbf{b}$, o que implica:

$$\mathbf{k}_v^T \mathbf{X} = \mathbf{0}, \quad v=1, 2, \dots, n-p, \text{ e, portanto, } \mathbf{K}^T \mathbf{X} = \mathbf{0}.$$

Sob a pressuposição de que os componentes dos vetores aleatórios $\mathbf{u}$ e $\mathbf{e}$ têm distribuição normal, então:

$$\mathbf{y} \sim N(\mathbf{X} \mathbf{b}, \mathbf{V})$$

e, portanto,

$$\mathbf{K}^T \mathbf{y} \sim N(\mathbf{0}, \mathbf{K}^T \mathbf{V} \mathbf{K}).$$

Então, a função de verossimilhança de $\mathbf{K}^T \mathbf{y}$ tem a expressão:

$$L_R(\mathbf{K}^T \mathbf{y}; \mathbf{V}) = \frac{1}{(2\pi)^{\frac{1}{2}(n-p)} |\mathbf{K}^T \mathbf{V} \mathbf{K}|^{\frac{1}{2}}} e^{-\frac{1}{2} \mathbf{y}^T \mathbf{K} (\mathbf{K}^T \mathbf{V} \mathbf{K})^{-1} \mathbf{K}^T \mathbf{y}}$$

A maximização desta função em relação aos elementos de $\mathbf{V}$ (componentes de variância) é equivalente à maximização de seu logaritmo neperiano:

$$l_R(\mathbf{K}^T \mathbf{y}; \mathbf{V}) = \ln L_R(\mathbf{K}^T \mathbf{y}; \mathbf{V}) = -\frac{1}{2}(n-p) \ln(2\pi) - \frac{1}{2} \ln |\mathbf{K}^T \mathbf{V} \mathbf{K}| - \frac{1}{2} \mathbf{y}^T \mathbf{K} (\mathbf{K}^T \mathbf{V} \mathbf{K})^{-1} \mathbf{K}^T \mathbf{y},$$

ou minimização da função:

$$-2 l_R(\mathbf{K}^T \mathbf{y}; \mathbf{V}) = (n-p) \ln(2\pi) + \ln |\mathbf{K}^T \mathbf{V} \mathbf{K}| + \mathbf{y}^T \mathbf{K} (\mathbf{K}^T \mathbf{V} \mathbf{K})^{-1} \mathbf{K}^T \mathbf{y},$$

que pode ser posta na forma:

$$-2 l_R(\mathbf{K}^T \mathbf{y}; \mathbf{V}) = \ln |\mathbf{V}| + \ln |\mathbf{X}^T \mathbf{V}^{-1} \mathbf{X}| + (n-p) \ln \mathbf{r}^T \mathbf{V}^{-1} \mathbf{r} + (n-p) \{1 + \ln[2\pi/(n-p)]\},$$

onde:

$$\mathbf{r} = \mathbf{y} - \mathbf{X}(\mathbf{X}^T \mathbf{V}^{-1} \mathbf{X})^{-1} \mathbf{X}^T \mathbf{V}^{-1} \mathbf{y}$$

Esse problema de minimização é resolvido por processo numérico iterativo. A solução produz as estimativas $\hat{\mathbf{G}}$ e $\hat{\mathbf{R}}$ das matrizes $\mathbf{G}$ e $\mathbf{R}$, respectivamente, que provêm a estimativa da matriz de co-variância das observações:

$$\hat{\mathbf{V}} = \mathbf{Z}\hat{\mathbf{G}}\mathbf{Z}^T + \hat{\mathbf{R}}.$$

Então, estimativa do vetor de parâmetros $\mathbf{b}$ e predição do vetor de efeitos aleatórios $\mathbf{u}$ podem ser obtidas pelo método de quadrados mínimos generalizado, com o uso dessa estimativa $\hat{\mathbf{V}}$ da matriz de co-variância $\mathbf{V}$. Esse procedimento conduz às equações normais mistas:

$$\begin{bmatrix} \mathbf{X}^T\hat{\mathbf{R}}^{-1}\mathbf{X} & \mathbf{X}^T\hat{\mathbf{R}}^{-1}\mathbf{Z} \\ \mathbf{Z}^T\hat{\mathbf{R}}^{-1}\mathbf{X} & \mathbf{Z}^T\hat{\mathbf{R}}^{-1}\mathbf{Z} + \hat{\mathbf{G}}^{-1} \end{bmatrix} \begin{bmatrix} \hat{\mathbf{b}} \\ \hat{\mathbf{u}} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} \mathbf{X}^T\hat{\mathbf{R}}^{-1}\mathbf{y} \\ \mathbf{Z}^T\hat{\mathbf{R}}^{-1}\mathbf{y} \end{bmatrix}$$

A solução desse sistema de equações é:

$$\hat{\mathbf{b}} = (\mathbf{X}^T\hat{\mathbf{V}}^{-1}\mathbf{X})^{-1}\mathbf{X}^T\hat{\mathbf{V}}^{-1}\mathbf{y}$$

$$\hat{\mathbf{u}} = \hat{\mathbf{G}}\mathbf{Z}^T\hat{\mathbf{V}}^{-1}(\mathbf{y} - \mathbf{X}\hat{\mathbf{b}})$$

Se as matrizes $\mathbf{G}$ e $\mathbf{R}$ fossem conhecidas, $\hat{\mathbf{b}}$ seria o *melhor estimador linear não tendencioso* (*best linear unbiased estimator* - BLUE) de $\mathbf{b}$ e $\hat{\mathbf{u}}$ o *melhor preditor linear não tendencioso* (*best linear unbiased predictor* - BLUP) de $\mathbf{u}$. Entretanto, nas situações usuais, como a presente, as matrizes $\mathbf{G}$ e $\mathbf{R}$ são desconhecidas. Então, inferências, particularmente testes de hipóteses, baseadas no modelo linear misto geral são aproximadas.

Inferências usualmente importantes sobre componentes de variância são testes de significâncias, ou seja, testes de nulidade. Esses testes podem ser procedidos por estatísticas baseadas na verossimilhança, como a estatística Z de Wald. Essa estatística é a razão entre a estimativa do componente de variância e seu erro padrão assintótico:

$$Z = \frac{\text{variância estimada}}{\text{erro padrão da estimativa}}.$$

A estatística Z tem distribuição normal padrão assintótica.

Inferências baseadas na estatística de Wald são válidas para amostras grandes, mas podem ser não confiáveis para amostras pequenas.

Um procedimento alternativo é o uso da estatística da razão de verossimilhança. Esta estatística compara dois modelos, um dos quais é uma forma reduzida do outro modelo. O teste da razão de verossimilhança requer duas análises para cada componente de variância a ser testado: uma análise com o modelo completo, que contém todos os efeitos, e uma análise com o modelo reduzido, que exclui o termo correspondente ao componente de variância a ser testado. Em cada uma dessas análises é determinado o logaritmo neperiano do resíduo de verossimilhança; mais precisamente, "-2 vezes o logaritmo neperiano do resíduo de verossimilhança". Denotando os valores de "-2 ln do resíduo de verossimilhança" determinados para o modelo completo e o modelo reduzido por a e b , respectivamente, a diferença $b-a$ é a estatística da *razão de verossimilhança*. Essa estatística tem distribuição χ^2 aproximada com 1 grau de liberdade. De modo mais geral, para o teste de uma hipótese de nulidade simultânea de mais de um componente de variância, o número de graus de liberdade da estatística da razão de verossimilhança é a diferença entre os números de efeitos aleatórios do modelo completo e do modelo reduzido pela exclusão dos efeitos aleatórios correspondentes a esses componentes de variância.

Littell et al. (2006) advertem que, para testes de componentes de variância, a aproximação normal é muito pobre, a menos que o tamanho da amostra seja consideravelmente elevado, como acima de cem, ou, preferivelmente, acima de mil. Por esta razão, o uso da estatística Wald para testar componentes de variância tem sido fortemente desencorajado.

Na presente pesquisa, optou-se, preferencialmente, pelo uso do teste da razão de verossimilhança. Entretanto, verificou-se que as análises para o processamento desse teste demandavam elevado tempo de processamento. Por essa razão, decidiu-se proceder inicialmente ao teste de Wald e, posteriormente, ao teste da razão de verossimilhança para confirmação dos resultados.

3.2.3 Regionalização

Vários métodos têm sido propostos para medir similaridade de uma coleção de entidades e classificá-las em grupos a partir dessas medidas. Quando essas entidades são locais de uma região heterogênea, em geral, cada local é

representado por um vetor de valores estimados ou valores preditos da interação genótipo x local e o conjunto destes vetores constitui uma matriz de valores estimados ou preditos. Nesta pesquisa foi adotado o método de conglomeração usado em taxonomia numérica para resolver problemas de similaridade e classificação de entidades que foi proposto por Sokal e Michener (1958) e foi utilizado, pela primeira vez, no contexto da estratificação ambiental por About-El-Fittouh, Rawlings e Miller (1969a). Esse método foi utilizado para verificar se há, entre os locais do EEF, padrões de interação genótipo x local similares, ou seja, se esses locais podem ser considerados como membros de sub-regiões da região de cultivo. Esse método pareceu o mais apropriado para aplicação no presente contexto pelo fato de considerar como medida de similaridade a distância euclidiana, que é estreitamente relacionada à soma de quadrados da interação genótipo x local e oferece maior facilidade de interpretação (CORDEIRO; SILVA, 1980).

3.2.3.1 Medida de similaridade

Para medir a similaridade entre locais dentro de anos ou conjuntos de anos, cada local foi representado por um vetor de valores preditos da interação genótipo x local. Esses valores foram obtidos nas análises conjuntas anuais e nas análises de conjuntos de anos. O conjunto de vetores resultante de cada análise conjunta constituiu a matriz de valores preditos do efeito da interação genótipo x local. Uma linha típica desta matriz tem a forma:

$$\vec{l}_j = [\hat{g}l_{1j}, \hat{g}l_{2j}, \dots, \hat{g}l_{gj}]^T, i=1,2,\dots,g.$$

Como medida de similaridade de quaisquer dois locais j e j' , adotou-se a distância euclidiana, que é definida como a distância média entre os locais em um espaço de g dimensões, tendo como expressão:

$$d_{jj'} = \left\{ \left[\sum_{i=1}^g (\hat{g}l_{ij} - \hat{g}l_{ij'})^2 \right] \frac{1}{g} \right\}^{1/2},$$

onde:

$d_{jj'}$: distância média entre os locais j e j' ;

$\hat{g}_{ij}$: valor predito da interação entre o genótipo i e o local j ;

$\hat{g}_{ij'}$: valor predito da interação entre o genótipo i e o local j' ;

g : número de genótipos comuns aos locais j e j' .

Essas distâncias foram calculadas para todos os pares de locais, para cada uma das matrizes de interação genótipo x local.

Pode-se verificar que $\frac{g}{2} d_{jj'}^2$ é a soma de quadrados da interação genótipo x local dentro de uma região formada pelos locais j e j' .

3.2.3.2 Análise de agrupamento

Para efetuar o agrupamento dos locais em cada ano e em cada conjunto de anos, utilizou-se o método da média aritmética não ponderada sugerido originalmente por Sokal e Michener (1958) e descrito por Sneath e Sokal (1973), que tem sido usado freqüentemente para a classificação de material biológico. Esse método efetua a aglomeração seqüencial, hierárquica e sem superposição. Ele opera sobre a matriz de similaridades e agrupa em seu primeiro estágio as duas entidades de menor distância, que são consideradas as mais similares. Nos estágios subseqüentes, a distância entre duas entidades (locais ou grupos de locais) foi determinada pela estratégia combinatória de Lance e Williams (SNEATH; SOKAL, 1973), utilizando como medida de distância:

$$d_{(j,j')j''} = \frac{n_j}{n_{j,j'}} d_{j,j''} + \frac{n_{j'}}{n_{j,j'}} d_{j',j''},$$

onde:

$d_{(j,j')j''}$: distância entre o grupo formado pelos locais j e j' e o local (ou grupo) j'' ;

$d_{j,j''}$: distância entre o local j e o local (ou grupo) j'' ;

$d_{j',j''}$: distância entre o local j' e local (ou grupo) j'' ;

n_j : número de locais no grupo j (se $n_j=1$, então grupo=local);

$n_{j'}$: número de locais no grupo j' (se $n_{j'}=1$, então grupo=local);

$n_{j,j'}$: número de locais no grupo formado pelos locais j e j' .

O processo continua até que todos os locais estejam em um único grupo. Os resultados das análises são apresentados em dendrogramas, utilizando como escala a distância euclidiana. O dendrograma permite identificar os grupos formados pelo agrupamento de locais em cada estágio do processo. As regiões são formadas pelos locais agrupados em um mesmo ramo determinado por uma seção transversal no dendrograma que representa o ponto de parada do processo de agrupamento.

3.2.3.3 Determinação do ponto de parada do processo de agrupamento

O ponto de parada do processo de agrupamento é o estágio em que o processo deve ser interrompido e que resulta na formação das regiões (grupos). O critério adotado para a determinação do ponto de parada foi a não significância do componente da interação genótipo x local dentro de regiões. Assim, para determinar esse ponto, procedeu-se à análise conjunta em cada estágio do processo de agrupamento, incluindo no modelo o fator Região, considerado de efeito fixo, e suas interações com os demais fatores. Em cada análise conjunta foi efetuado o teste da razão de verossimilhança para verificar a significância desse componente de variância.

Essas análises foram processadas no sentido do último para o primeiro estágio do agrupamento, tendo início naquele em que os locais formavam apenas duas regiões e prosseguindo até o estágio em que a interação genótipo x local dentro de região revelava-se não significativa.

Essas análises se basearam nas seguintes extensões dos modelos estatísticos 2 e 3:

a) Análises conjuntas anuais:

Modelo 4 – Equação do rendimento observado para o genótipo i no bloco k do local j da região m :

$$y_{ikj(m)} = \mu + \rho_m + l_{j(m)} + b_{k(j)} + g_i + gp_{im} + gl_{ij(m)} + e_{ikj(m)},$$

$i=1,2,\dots,g; j=1,2,\dots,h; k=1,2,\dots,b; m=1,2,\dots,r;$

onde:

$y_{ikj(m)}$: rendimento observado;

μ : rendimento médio esperado;

ρ_m : efeito fixo da região m;

$l_{j(m)}$: efeito aleatório do local j na região m;

$b_{k(j)}$: efeito aleatório do bloco k no local j;

g_i : efeito aleatório do genótipo i;

gp_{im} : efeito aleatório da interação do genótipo i com a região m;

$gl_{ij(m)}$: efeito aleatório da interação do genótipo i com local j na região m;

$e_{ikj(m)}$: erro experimental aleatório na parcela.

b) Análises conjuntas de ambientes em conjuntos de anos:

Modelo 5 – Equação do rendimento observado para o genótipo i no bloco k da combinação do local j na região m com o ano s:

$$y_{ikj(m)s} = \mu + a_s + \rho_m + ap_{sm} + l_{j(m)} + b_{k(js)} + al_{sj(m)} + g_i + ga_{is} + gp_{im} + gl_{ij(m)} + gap_{ism} + gal_{isj(m)} + e_{ikj(m)s},$$

$i=1,2,\dots,g; j=1,2,\dots,h; k=1,2,\dots,b; s=1,2,\dots,a; m=1,2,\dots,r;$

onde:

$y_{ikj(m)s}$: rendimento observado;

μ : rendimento médio esperado;

a_s : efeito aleatório do ano s;

ρ_m : efeito fixo da região m;

ap_{sm} : efeito aleatório da interação do ano s com a região m;

$l_{j(m)}$: efeito aleatório do local j na região m;

$b_{k(js)}$: efeito aleatório do bloco k da combinação do local j com o ano s;

$al_{sj(m)}$: efeito aleatório da interação do ano s com o local j na região m;

g_i : efeito aleatório do genótipo i;

ga_{is} : efeito aleatório da interação do genótipo i com o ano s;

gp_{im} : efeito aleatório da interação do genótipo i com a região m;

$gl_{ij(m)}$: efeito aleatório da interação do genótipo i com o local j na região m;

gap_{ism} : efeito aleatório da interação do genótipo i com o ano s e a região m;

$gal_{isj(m)}$: efeito aleatório da interação do genótipo i com o ano s e o local j na região m;

$e_{ikj(m)s}$: erro experimental aleatório na parcela.

Para os termos aleatórios dos modelos foram admitidas as pressuposições de distribuição normal e independência das observações e dos efeitos em uma mesma observação.

Os componentes de variância referentes a cada modelo são os seguintes:

– Modelo 4: variância de local dentro de região ($\sigma_{L(R)}^2$), variância de bloco dentro de local ($\sigma_{B(L)}^2$), variância de genótipo (σ_G^2), variância da interação genótipo x região (σ_{GR}^2), variância da interação genótipo x local dentro de região ($\sigma_{GL(R)}^2$) e variâncias dos erros experimentais (σ_j^2).

– Modelo 5: variância de ano (σ_A^2), variância da interação ano x região (σ_{AR}^2), variância de local dentro de região ($\sigma_{L(R)}^2$), variância de bloco dentro de ambiente ($\sigma_{B(LA)}^2$), variância da interação ano x local dentro de região ($\sigma_{AL(R)}^2$), variância de genótipo (σ_G^2), variância da interação genótipo x ano (σ_{GA}^2), variância da interação genótipo x região (σ_{GR}^2), variância da interação genótipo x local dentro de região ($\sigma_{GL(R)}^2$), variância da interação genótipo x ano x região (σ_{GAR}^2), variância da interação genótipo x ano x local dentro de região ($\sigma_{GAL(R)}^2$) e variância do erro (σ_{js}^2).

3.3 Recursos computacionais

Para o processamento das análises individuais dos ambientes e das análises conjuntas de anos foi utilizado o procedimento MIXED do "Statistical Analysis System" (SAS INSTITUTE, 2008). O PROC MIXED provê uma ampla gama de facilidades que possibilitam o ajuste de uma extensa classe de modelos lineares

com efeitos fixos e aleatórios, incluindo opções que propiciam flexibilidade para a escolha de estruturas de co-variância apropriadas.

A parte essencial da saída do PROC MIXED são as estimativas dos componentes de variância, que aparecem sob o rótulo “Covariance Parameter Estimates”. Sempre que a estrutura dos dados é completa e balanceada, essas estimativas são iguais às aquelas obtidas pela análise da variação com base nos quadrados médios esperados. O método de máxima verossimilhança restrita (REML), utilizado pelo MIXED para estimar componentes de variância, é o mais apropriado para a estrutura de dados incompleta ou não balanceada. Entretanto, ele requer iteração numérica e eventualmente pode resultar em não convergência. Havendo esta dificuldade de convergência, pode-se utilizar um recurso do MIXED, a instrução PARMs, que possibilita a atribuição de valores iniciais para as estimativas desses parâmetros, os quais são utilizados como ponto de partida no processo de estimação iterativo. Outro recurso provido pelo MIXED é a instrução REPEATED, que possibilita a consideração da heterogeneidade da variância do erro experimental nas análises conjuntas. Essas duas instruções foram utilizadas em todas as análises processadas.

Em grande parte das análises conjuntas, não foi obtida convergência para a estimação dos parâmetros de co-variância na primeira tentativa de processamento. Nesses casos, optou-se pela utilização do recurso que permite a atribuição de valores iniciais para os parâmetros. Então, foram utilizadas como valores iniciais para as estimativas dos componentes de variância dos erros experimentais por ambiente as correspondentes estimativas obtidas nas análises individuais dos ambientes, e como valores iniciais para os demais componentes de variância, as estimativas obtidas nas correspondentes análises conjuntas ignorando a heterogeneidade de variância do erro.

O PROC MIXED disponibiliza o procedimento para o teste Wald e provê os resíduos requeridos para o teste da razão de verossimilhança. Esses dois testes de significância de componentes de variância foram procedidos em todas as análises, como mencionado anteriormente.

Para obter os erros padrões, as estatísticas Z e os valores p para os componentes de variância, utilizou-se a opção COVTEST nas instruções da análise. Essa opção proveu os testes de nulidade para todos os componentes de variância dos modelos considerados.

As análises de agrupamento foram efetuadas com o auxílio do programa "Numerical Taxonomy and Multivariate Analysis System" - NTSYS (ROHLF, 2000) que apresenta os resultados na forma de dendrograma. O método de conglomeração descrito por Sneath e Sokal (1973) está implementado no NTSYS com a opção UPGMA ("Unweighted pair-group method, arithmetic average").

Para a determinação do ponto de parada, as análises também foram processadas pelo procedimento MIXED do SAS, com a adoção do método REML para a estimação dos componentes de variância. Como, muito freqüentemente, o processo iterativo de estimação não convergia, os valores iniciais atribuídos aos parâmetros eram alterados tentativamente e a análise era repetida. Para alguns estágios, a análise teve que ser repetida várias vezes, até a obtenção da convergência. Por essa razão, a determinação dos pontos de parada para o processo de agrupamento foi a etapa mais trabalhosa e demorada da pesquisa.

As análises foram processadas em computador com a seguinte configuração: processador Intel® Celeron, com 2,13GHz de velocidade e 960MB de RAM. Note-se que a metodologia utilizada nesta pesquisa é condicionada à disponibilidade de recursos de computação com capacidade de processamento elevada. O uso de computador com capacidade limitada implicou demanda de elevado tempo de processamento das análises, sobretudo daquelas que envolveram modelos estatísticos com maior número de combinações de genótipos, locais e anos.

Os programas SAS formulados para o processamento das análises individuais e conjuntas de ambientes e das análises para obtenção das medidas de similaridade e determinação de pontos de parada do processo de agrupamento estão disponíveis no Apêndice A.

Resultados e discussão

4.1 Análises de variância

4.1.1 Análises individuais dos ambientes

Os resultados das análises de variância do rendimento de grãos separadas para cada ambiente são apresentados na Tab. 4.1. Essas análises foram efetuadas com o propósito de obter a estimativa da variância do erro experimental para cada ambiente e consideraram todos os dados disponíveis. Esses resultados mostraram razão próxima de 48 entre os extremos superior e inferior dessas estimativas. A grande variação das estimativas de variância dos erros individuais dos 89 ambientes evidenciou a heterogeneidade da variância do erro experimental do conjunto dos ambientes. Os resultados na Tab. 4.1 revelam que o rendimento médio dos genótipos também variou acentuadamente entre os ambientes, com extremos de 325kg.ha⁻¹ (Canguçu - 1988/89) e 3.031 kg.ha⁻¹ (Veranópolis - 1992/93).

Os coeficientes de variação (CV) dos ambientes oscilaram no intervalo de 10,24% (Caiçara - 1991/92) a 47,83% (Santa Rosa - 1988/89). De acordo com os requisitos mínimos para determinação do valor de cultivo e uso (VCU) do feijão, estabelecidos pelo Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento (MAPA), ambientes com CV acima de 25% devem ser desconsiderados. Pode-se observar que em 29% do total dos 89 ambientes cujos dados foram considerados nesta pesquisa o CV situou-se acima de 25%. Alguns autores utilizam esse critério para selecionar dados de experimentos para estudos de regionalização, adaptabilidade e estabilidade (ELIAS et al., 2005; OLIVEIRA et al., 2005; 2006), com o argumento de que CV acima de 25% é indicativo de precisão experimental muito baixa. Entretanto, a inspeção da Tab. 4.1 revela que os ambientes com valores de CV mais elevados não são necessariamente aqueles que apresentam as maiores estimativas de variância do erro experimental. Observe-se, ademais, que CV elevado pode resultar de condições ambientais desfavoráveis ocorrentes na região de cultivo. Portanto, a

Tabela 4.1 Resultados das análises individuais do rendimento de grãos por ambiente de cultivo.

Ano ⁽¹⁾	Local ⁽²⁾	GL do Erro	Variância do Erro	Média geral	CV (%)	Ano ⁽¹⁾	Local ⁽²⁾	GL do Erro	Variância do Erro	Média geral	CV (%)
1	1	87	178.390	1.867	22,62	5	5	69	105.885	2.371	13,72
1	2	87	85.979	1.075	27,29	5	6	69	60.144	832	29,49
1	3	87	41.070	1.454	13,94	5	9	69	92.537	1.831	16,62
1	4	87	159.058	2.320	17,19	5	10	69	234.225	2.451	19,75
1	5	87	161.413	2.490	16,14	5	12	69	123.888	1.812	19,42
1	6	87	49.075	1.139	19,44	5	16	69	126.594	2.495	14,26
1	7	87	137.853	1.676	22,16	5	17	69	277.585	2.134	24,69
2	1	87	164.176	1.723	23,51	5	18	69	140.208	2.012	18,61
2	2	87	117.450	998	34,33	5	19	69	94.066	2.996	10,24
2	3	87	9.870	325	30,59	5	20	69	181.978	2.198	19,41
2	4	87	87.571	2.330	12,70	5	21	69	166.828	2.456	16,63
2	5	87	145.378	2.093	18,22	5	22	69	77.614	1.369	20,35
2	7	58	118.691	1.631	21,12	6	3	69	167.405	2.543	16,09
2	8	87	38.883	1.125	17,53	6	4	69	283.645	2.080	25,61
2	9	87	39.626	1.062	18,75	6	5	69	89.387	1.657	18,05
2	10	87	208.468	2.396	19,05	6	7	69	112.982	2.650	12,69
2	11	58	113.051	703	47,83	6	10	69	392.831	2.177	28,79
2	12	87	17.256	801	16,40	6	12	69	272.469	2.004	26,05
2	13	87	69.968	1.009	26,21	6	13	69	243.561	2.267	21,77
2	14	82	202.911	2.080	21,66	6	17	69	190.607	1.843	23,69
3	1	87	114.738	1.663	20,36	6	20	69	218.460	3.031	15,42
3	2	87	29.575	708	24,29	6	21	69	76.675	1.766	15,68
3	3	87	23.447	766	19,98	6	22	69	46.894	812	26,68
3	4	87	109.051	2.419	13,65	6	23	67	182.033	1.913	22,30
3	5	87	111.909	2.418	13,84	7	1	69	68.447	878	29,79
3	7	87	169.030	1.636	25,13	7	3	66	475.201	2.749	25,08
3	8	87	134.659	1.052	34,88	7	5	69	208.227	2.260	20,19
3	10	87	92.892	1.799	16,94	7	7	69	219.641	1.456	32,20
3	12	87	84.052	1.697	17,09	7	8	66	225.192	2.181	21,76
3	13	87	41.146	725	27,99	7	12	69	138.057	2.147	17,30
4	1	75	73.480	1.533	17,68	7	17	69	142.164	1.745	21,60
4	2	75	95.637	1.593	19,41	7	19	69	66.765	1.826	14,15
4	3	75	94.856	2.496	12,34	7	20	69	193.599	2.703	16,28
4	5	75	220.794	1.829	25,69	7	21	69	51.962	1.464	15,57
4	6	75	90.547	1.715	17,55	7	22	69	110.459	1.771	18,77
4	9	75	23.044	480	31,66	8	1	81	61.417	911	27,22
4	12	75	147.014	1.329	28,86	8	3	78	84.031	1.482	19,56
4	13	75	169.194	867	47,42	8	8	78	115.911	1.255	27,13
4	15	75	130.941	1.499	24,14	8	9	81	49.904	1.303	17,15
4	16	75	78.033	1.068	26,15	8	12	81	53.301	746	30,95
4	17	75	68.157	1.229	21,24	8	19	81	236.830	2.262	21,51
5	1	69	398.362	1.916	32,94	8	20	81	341.941	2.840	20,59
5	2	69	65.104	1.113	22,92	8	21	81	67.501	1.940	13,39
5	3	69	188.132	1.669	25,99	8	24	81	82.443	1.883	15,25
5	4	66	360.084	2.799	21,44						

⁽¹⁾ Ano: 1, 1987/88; 2, 1988/89; 3, 1989/90; 4, 1990/91; 5, 1991/92; 6, 1992/93; 7, 1993/94; 8, 1994/95.

⁽²⁾ Local: 1, Iraí; 2, Frederico Westphalen; 3, Canguçu; 4, Erechim; 5, Maquiné; 6, Sobradinho; 7, Pelotas; 8, Capão do Leão; 9, Cruz Alta; 10, Santa Maria; 11, Santa Rosa; 12, Encruzilhada do Sul; 13, Estrela; 14, Coronel Bicaco; 15, Arroio do Tigre; 16, Júlio de Castilhos; 17, Sarandi; 18, Nonoai; 19, Caiçara; 20, Veranópolis; 21, Passo Fundo; 22, Santo Augusto; 23, Rio Grande; 24, Augusto Pestana.

desconsideração de dados de ambientes exclusivamente com base no CV pode implicar tendenciosidade. Por essa razão, não havendo registros que permitissem avaliar criteriosamente a origem dos valores do CV, nesta pesquisa foram considerados todos os ambientes cujos resultados eram disponíveis, segundo critério indicado na Seção 3.2.2.1.

Nas Tab. 4.2 e 4.3 são apresentados os rendimentos médios por ano e por local, respectivamente. Pode-se observar que os extremos do rendimento médio anual foram 1.406kg.ha^{-1} e 2.062kg.ha^{-1} . Essa variação pode ser explicada, em parte, pelas alterações dos conjuntos de genótipos e de locais que ocorreram entre os oito anos, ou seja, pelos efeitos de genótipos e de ambientes. Também pode ser um indicativo de efeito do fator ano, ou seja, das variações não previsíveis do ambiente como quantidade e distribuição de chuvas, mudanças de temperatura e eventuais ocorrências de pragas e doenças. Os rendimentos médios de locais também variaram consideravelmente dentro dos anos. Como em cada ano o conjunto de genótipos é comum para todos os locais, essa alta variação entre locais dentro do ano indica mais claramente influência do ambiente sobre o desempenho dos genótipos.

Tabela 4.2 Média e valores extremos do rendimento de grãos (em kg.ha^{-1}) para o conjunto dos locais em cada ano.

Ano	Número de locais	Rendimento		
		Média	Extremo inferior	Extremo superior
1987/88	7	1.717	1.075	2.490
1988/89	13	1.406	325	2.396
1989/90	10	1.488	708	2.419
1990/91	11	1.422	480	2.496
1991/92	16	2.028	832	2.996
1992/93	12	2.062	812	3.031
1993/94	11	1.925	878	2.749
1994/95	9	1.625	746	2.840

O rendimento médio do conjunto de genótipos em um determinado ano pode indicar se este ano foi favorável ou não para a cultura, em relação ao conjunto dos anos. Assim, os anos 1988/89, 1989/90 e 1990/91, cujos rendimentos médios se

situaram mais abaixo da média dos oito anos (1.728kg.ha^{-1}), foram os mais desfavoráveis ao cultivo do feijão no período considerado; enquanto os anos 1991/92, 1992/93 e 1993/94, que apresentaram rendimentos médios mais acima da média dos anos, mostraram-se mais favoráveis.

A indicação dos locais mais favoráveis para a cultura com base em seus rendimentos médios é mais temerária, pelo elevado confundimento dos efeitos de local e ano. Contudo, para os locais presentes em, no mínimo, dois anos favoráveis e dois desfavoráveis, pode-se observar algumas tendências: Erechim, Santa Maria e Maquiné apresentaram, em geral, rendimentos altos e Frederico Westphalen, rendimentos baixos.

Tabela 4.3 Média e valores extremos do rendimento de grãos (em kg.ha^{-1}) para o conjunto dos anos em cada local.

Local	Número de anos	Rendimento		
		Média	Extremo inferior	Extremo superior
Veranópolis	4	2.693	2.198	3.031
Erechim	5	2.390	2.080	2.799
Caçara	3	2.361	1.826	2.996
Santa Maria	4	2.206	1.799	2.451
Maquiné	7	2.160	1.657	2.490
Coronel Bicaco	1	2.080	2.080	2.080
Nonoai	1	2.012	2.012	2.012
Rio Grande	1	1.913	1.913	1.913
Passo Fundo	4	1.907	1.464	2.456
Augusto Pestana	1	1.883	1.883	1.883
Pelotas	5	1.810	1.456	2.650
Júlio de Castilhos	2	1.782	1.068	2.495
Sarandi	4	1.738	1.229	2.134
Canguçu	8	1.686	325	2.749
Encruzilhada do Sul	7	1.505	746	2.147
Iraí	7	1.499	878	1.916
Arroio do Tigre	1	1.499	1.499	1.499
Capão do Leão	4	1.403	1.052	2.181
Santo Augusto	3	1.317	812	1.771
Sobradinho	3	1.229	832	1.715
Estrela	4	1.217	725	2.267
Cruz Alta	4	1.169	480	1.831
Frederico Westphalen	5	1.097	708	1.593
Santa Rosa	1	703	703	703

4.1.2 Teste de homogeneidade da variância

A Tab. 4.4 apresenta os resultados do teste da homogeneidade da variância do erro experimental para cada ano e para os conjuntos dos anos. O valor da estatística χ^2 foi altamente significativo ($p < 0,0001$) para todas as situações testadas, indicando que a variância do erro varia consideravelmente entre locais dentro de anos e entre ambientes dentro do conjunto dos anos.

Como a homogeneidade da variância do erro é uma pressuposição crítica dos procedimentos de inferência baseados na análise da variação, optou-se por proceder às análises conjuntas utilizando os métodos de máxima verossimilhança e quadrados mínimos generalizado.

Tabela 4.4 Resultados dos testes de homogeneidade de variância do erro (teste de Bartlett) dos locais de cada ano, e dos ambientes de cada um dos dois subconjuntos de quatro anos e do conjunto dos oito anos.

Ano(s)	Graus de liberdade	χ^2	Prob. > χ^2
1987/88	6	82,83	< 0,0001
1988/89	12	344,20	< 0,0001
1989/90	9	147,92	< 0,0001
1990/91	10	112,85	< 0,0001
1991/92	15	173,13	< 0,0001
1992/93	9	126,67	< 0,0001
1993/94	11	143,49	< 0,0001
1994/95	8	167,80	< 0,0001
1-4 - 1987/88 a 1990/91	40	694,28	< 0,0001
5-8 - 1991/92 a 1994/95	47	672,77	< 0,0001
1-8 - 1987/88 a 1994/95	88	1.531,92	< 0,0001

4.1.3 Análises conjuntas

Era esperado que essas análises demandassem elevado tempo de processamento, dada a capacidade limitada do computador disponível. De fato, os resultados confirmaram essa expectativa. O tempo tomado para a conclusão das

análises conjuntas para os dois subconjuntos de quatro anos e para o conjunto dos oito anos variou de 80 a 330 horas.

Os resultados das análises conjuntas anuais estão na Tab. 4.5, que mostra que os componentes de variância referentes a genótipo (σ_G^2), local (σ_L^2) e interação genótipo x local (σ_{GL}^2) foram significativos para todos os anos, exceto o componente local no ano de 1987/88. Em todos os anos, a estimativa da variância de local foi predominante (em magnitude) sobre as estimativas das variâncias de genótipo e interação genótipo x local. Entretanto, seu valor de p foi inferior a 0,01 em apenas dois anos, enquanto o valor de p da interação genótipo x local foi inferior a 0,0001 em sete dos oito anos, evidenciando a alta significância deste componente. A significância da variância da interação genótipo x local indica que o comportamento relativo dos genótipos se altera entre locais dentro de mesmo ano.

Estes resultados podem sugerir que a estratificação de locais dentro de anos logre a formação de subconjuntos de locais onde os genótipos tenham desempenhos relativos estáveis. Todavia, resultados de análises anuais não devem ser interpretados isoladamente, pois não levam em conta a interação genótipo x local x ano. De fato, estimativas do componente de variância σ_{GL}^2 a partir de dados de um único ano podem ser tendenciosas e, portanto, devem ser apreciadas com cautela. As informações providas pelas análises dos conjuntos de anos também devem ser consideradas e são essenciais para justificar a estratificação ambiental.

Nas Tab. 4.6, 4.7 e 4.8 são apresentados os resultados das análises conjuntas de quatro anos, 1-4 e 5-8, e dos oito anos, respectivamente. Ressalte-se que, para lograr uma estrutura de dados suficientemente completa para a predição dos efeitos das interações de genótipos e locais, essas análises desconsideraram locais e genótipos com baixa frequência nos anos. Isso implicou que os conjuntos de genótipos e locais diferiram entre as análises. Apenas nove locais e 10 genótipos são comuns às três análises conjuntas.

A análise do conjunto de anos 1-4 considerou 17 genótipos em 36 ambientes, correspondentes às combinações de 12 locais com os anos agrícolas de 1987/88 a 1990/91. Observa-se que a interação tripla genótipo x local x ano é significativa, mas as interações duplas genótipo x ano e genótipo x local são não significativas, embora esta última esteja próxima da significância ($p=0,0793$). Resultados semelhantes foram observados para a análise do conjunto de anos 5-8, que

compreendeu 16 genótipos em 41 ambientes, correspondentes às combinações de 14 locais com os anos agrícolas de 1991/92 a 1994/95.

Tabela 4.5 Resultados das análises conjuntas anuais.

Ano	Componente de variância ⁽¹⁾	Estimativa	Teste de Wald	
			Z	Prob. > Z
1987/88	σ_G^2	19.327	2,96	0,0015
	σ_L^2	284.152	1,64	0,0505
	σ_{GL}^2	11.594	2,50	0,0062
1988/89	σ_G^2	26.457	3,41	0,0003
	σ_L^2	444.410	2,39	0,0084
	σ_{GL}^2	17.149	5,69	< 0,0001
1989/90	σ_G^2	12.844	2,85	0,0022
	σ_L^2	415.996	2,08	0,0190
	σ_{GL}^2	21.533	4,14	< 0,0001
1990/91	σ_G^2	17.192	2,95	0,0016
	σ_L^2	274.064	2,17	0,0149
	σ_{GL}^2	13.379	3,80	< 0,0001
1991/92	σ_G^2	25.869	2,79	0,0026
	σ_L^2	338.629	2,67	0,0038
	σ_{GL}^2	49.677	6,76	< 0,0001
1992/93	σ_G^2	21.794	2,50	0,0063
	σ_L^2	307.224	2,29	0,0112
	σ_{GL}^2	19.315	5,44	< 0,0001
1993/94	σ_G^2	26.008	2,83	0,0023
	σ_L^2	295.802	2,14	0,0160
	σ_{GL}^2	21.475	3,95	< 0,0001
1994/95	σ_G^2	10.335	2,28	0,0114
	σ_L^2	436.892	1,95	0,0257
	σ_{GL}^2	30.927	5,24	< 0,0001

⁽¹⁾ σ_G^2 : variância de genótipo, σ_L^2 : variância de local, σ_{GL}^2 : variância da interação genótipo x local.

Tabela 4.6 Análise da variância conjunta de 36 ambientes dos anos agrícolas de 1987/88 a 1990/91.

Componente de variância ⁽¹⁾	Estimativa	Teste de Wald	
		Z	Prob. > Z
σ_A^2	0	-	-
σ_L^2	227.890	1,78	0,0376
σ_G^2	26.469	2,65	0,0040
σ_{LA}^2	182.070	3,25	0,0006
σ_{GA}^2	131	0,11	0,4562
σ_{GL}^2	3.883	1,41	0,0793
σ_{GLA}^2	19.556	5,40	< 0,0001

⁽¹⁾ σ_A^2 : variância de ano, σ_L^2 : variância de local, σ_G^2 : variância de genótipo, σ_{GL}^2 : variância da interação genótipo x local, σ_{LA}^2 : variância da interação local x ano, σ_{GA}^2 : variância da interação genótipo x ano, σ_{GLA}^2 : variância da interação genótipo x local.

Tabela 4.7 Análise da variância conjunta de 41 ambientes dos anos agrícolas de 1991/92 a 1994/95.

Componente de variância ⁽¹⁾	Estimativa	Teste de Wald	
		Z	Prob. > Z
σ_A^2	50.320	0,79	0,2156
σ_L^2	114.474	1,51	0,0659
σ_G^2	25.895	2,52	0,0058
σ_{LA}^2	211.293	3,34	0,0004
σ_{GA}^2	0	-	-
σ_{GL}^2	3.693	1,12	0,1323
σ_{GLA}^2	33.229	6,23	< 0,0001

⁽¹⁾ σ_A^2 : variância de ano, σ_L^2 : variância de local, σ_G^2 : variância de genótipo, σ_{GL}^2 : variância da interação genótipo x local, σ_{LA}^2 : variância da interação local x ano, σ_{GA}^2 : variância da interação genótipo x ano, σ_{GLA}^2 : variância da interação genótipo x local.

A apreciação das magnitudes das estimativas dos componentes de variância possibilita a avaliação da importância relativa dos componentes de variância de genótipo e das interações genótipo x ano, genótipo x local e genótipo x local x ano.

Em ambas as análises dos subconjuntos de quatro anos, verifica-se que o componente de variância da interação tripla σ_{GLA}^2 foi o de maior magnitude e significância. Já os componentes das interações duplas genótipo x local (σ_{GL}^2) e genótipo x ano (σ_{GA}^2) foram ambos não significativos, este último não diferindo de zero no subconjunto de anos 5-8 e diferindo muito pouco no subconjunto de anos 1-4. A não significância dos componentes de variância das interações de genótipo com local e genótipo com ano sugere que, na média dos anos, os genótipos apresentaram desempenhos relativos semelhantes entre os locais e, na média dos locais, desempenhos relativos semelhantes entre os anos. Esse fato indica que os genótipos têm adaptação homogênea para variações ambientais entre anos e entre locais. Por outro lado, a significância do componente de interação genótipo x local x ano indica que a interação genótipo x local varia entre anos, ou seja, que o desempenho relativo dos genótipos homogêneo entre os locais varia entre os anos. De acordo com Cordeiro (1978), a presença destas interações está freqüentemente associada a uma ou mais características do ambiente para as quais as diferenças entre locais variam ao longo dos anos, como, por exemplo, manifestação de doenças, incidência de insetos, precipitação pluvial e temperatura. As flutuações ambientais relacionadas a essas características não ocorrem necessariamente de modo consistente ao longo dos anos ou em determinadas regiões geográficas.

Os resultados da análise conjunta dos oito anos, que considerou dez genótipos em 72 ambientes, são apresentados na Tab. 4.8. Observa-se que a interação tripla genótipo x local x ano é altamente significativa e a interação dupla genótipo x local é significativa, embora muito próxima do nível mínimo de significância ($p=0,0470$). Resultados semelhantes foram encontrados por Park (1987) e Jobim, Westphalen e Federizzi (1999b). Ao analisar os componentes da interação cultivar x ambiente utilizando dados de rendimento de seis cultivares de feijão cultivadas em sete locais de Ontário (Canadá) durante seis anos, Park (1987) observou que a interação cultivar x ano não foi significativa, mas as interações cultivar x local e cultivar x local x ano foram altamente significativas. Jobim, Westphalen e Federizzi (1999b) analisaram a interação genótipo x ambiente para um conjunto de 22 genótipos em cinco locais por dois anos e também encontraram elevada significância para a interação tripla genótipo x local x ano. Já as interações duplas genótipo x local e genótipo x ano foram ambas não significativas.

Tabela 4.8 Análise da variância conjunta de 72 ambientes dos anos agrícolas de 1987/88 a 1994/95.

Componente de variância ⁽¹⁾	Estimativa	Teste de Wald	
		Z	Prob. > Z
σ_A^2	33.100	1,00	0,1585
σ_L^2	140.796	1,80	0,0356
σ_G^2	29.071	2,03	0,0209
σ_{LA}^2	224.576	4,85	< 0,0001
σ_{GA}^2	0	-	-
σ_{GL}^2	4.386	1,68	0,0470
σ_{GLA}^2	25.667	6,35	< 0,0001

⁽¹⁾ σ_A^2 : variância de ano, σ_L^2 : variância de local, σ_G^2 : variância de genótipo, σ_{GL}^2 : variância da interação genótipo x local, σ_{LA}^2 : variância da interação local x ano, σ_{GA}^2 : variância da interação genótipo x ano, σ_{GLA}^2 : variância da interação genótipo x local.

Em síntese: as análises conjuntas anuais revelam elevada significância da interação genótipo x local em todos os oito anos; em ambas as análises dos subconjuntos de quatro anos (1-4 e 5-8) a interação genótipo x local mostra-se não significativa; e na análise conjunta dos oito anos (1-8) essa interação situa-se no limiar da significância. Os resultados dessas análises individuais de anos e dos dois subconjuntos de quatro anos mostram que o comportamento relativo dos genótipos varia entre os locais de experimentação do Estado do Rio Grande do Sul, mas essa variação não é consistente entre os anos. Portanto, eles não evidenciam conveniência de caracterização de sub-regiões onde o comportamento relativo dos genótipos seja homogêneo. Por outro lado, quando se considera um período maior de oito anos, a significância da interação genótipo x local sugere alguma consistência do comportamento relativo dos genótipos entre locais ao longo dos anos. Ainda assim, deve-se considerar as implicações da significância da interação tripla no conjunto dos oito anos, já referidas anteriormente.

Apesar da dificuldade de emitir conclusões seguras a partir dessas análises conjuntas, a indicação de desempenho heterogêneo dos genótipos entre os locais e a possibilidade deste desempenho ter alguma consistência ao longo dos anos justifica a tentativa de classificação desses locais. Além disso, a região sob

consideração é vasta e tem características ecológicas e tecnológicas diversificadas, que justificam a conveniência de uma tentativa de regionalização que possa contribuir para acelerar o processo de ganho genético nessa área geográfica. Isto parece desejável, mesmo sob a suspeita de que parte considerável da interação de genótipo com ambiente não seja consistente entre anos.

4.2 Regionalização

4.2.1 Agrupamento de locais

As análises conjuntas dos locais separadas para cada ano (Tab. 4.5) revelaram que o componente da interação genótipo x local foi significativo para todos os anos. Esse fato sugeriu que a divisão da região em sub-regiões poderia lograr uma redução desse componente de variância em cada ano. Na análise do conjunto dos oito anos (Tab. 4.8) o componente da interação genótipo x local também resultou significativo, o que justificou o agrupamento dos locais no conjunto desses oito anos. Todavia, a não significância desse componente de variância revelada nas análises dos dois subconjuntos de quatro anos, 1-4 e 5-8 (Tab. 4.6 e 4.7), indicou que o desempenho relativo dos genótipos, na média dos anos, foi homogêneo entre os locais. Portanto, os locais de cada um desses dois subconjuntos de anos constituem grupos únicos, sendo dispensadas as análises para o agrupamento de locais nesses subconjuntos de anos.

O método de Sneath e Sokal (1973) foi procedido para o agrupamento dos locais de cada ano e do conjunto dos oito anos, considerando como ponto de parada o último estágio em que o componente de variância $\sigma^2_{GL(R)}$ é não significativo. A Tab. 4.9 apresenta as estimativas e os resultados dos testes de nulidade desse componente nos dois estágios críticos (penúltimo e último) do processo de agrupamento, em cada ano e no conjunto dos oito anos. Observe-se que nas análises anuais foi adotado procedimento que reestimou os erros experimentais, enquanto nas análises do conjunto dos anos, por envolverem maior número de ambientes, foram fixadas as estimativas dos erros experimentais determinadas nas análises individuais dos ambientes.

Na Tab. 4.9 pode-se verificar, em todos os anos, a não significância do componente de variância $\sigma_{GL(R)}^2$ no estágio correspondente ao ponto de parada, com a ressalva de que nos anos 1993/94 e 1994/95 esses valores estão próximos da significância, e a significância desse componente no estágio seguinte. Cabe esclarecer que o estágio ulterior ao ponto de parada do ano 1987/88 não consta nesta tabela porque corresponde à formação de um único grupo, ou seja, equivale à análise conjunta cujos resultados são apresentados na Tab. 4.5.

4.2.1.1 Análises de agrupamento anuais

Os resultados dos agrupamentos procedidos separadamente para cada um dos oito anos são apresentados em dendrogramas e em mapas do Rio Grande do Sul (ver Apêndice B). Esses dendrogramas possibilitam a identificação dos locais que mais se assemelham. Os pontos de parada são representados nos dendrogramas por retas verticais em cor vermelha.

O ano em que o EEF foi conduzido em menor número de locais foi 1987/88. Foi neste ano, também, que o processo de agrupamento de locais resultou no menor número de sub-regiões. A região constituída por sete locais foi dividida em apenas duas sub-regiões, as quais apresentaram as seguintes composições: Sub-região I: Frederico Westphalen, Maquiné, Canguçu, Iraí e Erechim; e Sub-região II: Sobradinho e Pelotas. Ressalte-se que desses municípios da Sub-região I apenas Frederico Westphalen, Iraí e Erechim têm proximidade geográfica entre si. Esses municípios apresentam os mesmos tipos de solo e clima, mas diferem em relação à altitude. A análise de agrupamento revelou que, apesar de Iraí e Frederico Westphalen serem municípios vizinhos, eles não são os mais próximos em relação ao comportamento dos genótipos. A menor distância está entre Iraí e Erechim.

O ano 1988/89 compreendeu treze locais e o processo de agrupamento dividiu a região em sete sub-regiões: Sub-região I, compreendendo cinco locais: Frederico Westphalen, Cruz Alta, Santa Maria, Santa Rosa, Estrela e Coronel Bicaco; Sub-região II, reunindo dois locais: Maquiné e Pelotas; e todas as demais consistindo de local isolado: Sub-região III: Iraí, Sub-região IV: Canguçu, Sub-região

Tabela 4.9 Estimativa e teste de nulidade da variância da interação genótipo x local dentro de grupo ($\sigma_{GL(R)}^2$) nos dois últimos estágios da análise de agrupamento, para cada ano e para o conjunto dos oito anos.

Ano	Estágio do processo ⁽¹⁾	Número de grupos	Estimativa de $\sigma_{GL(R)}^2$	Teste da razão de verossimilhança			
				Modelo	-2 ln resíduo de verossimilhança	χ^2	Prob. > χ^2
1987/88	5 *	2	4.657	Completo Sem interação	12.304,3 12.305,8	1,5	0,2207
1988/89	6 *	7	3.260	Completo Sem interação	21.415,3 21.415,3	0,0	1,0000
	7	6	8.499	Completo Sem interação	21.479,3 21.483,7	4,4	0,0359
1989/90	3 *	7	2.238	Completo Sem interação	17.248,3 17.249,5	1,2	0,2733
	4	6	2.857	Completo Sem interação	17.219,3 17.261,4	42,1	< 0,0001
1990/91	6 *	5	2.800	Completo Sem interação	16.536,3 16.538,8	2,5	0,1139
	7	4	6.191	Completo Sem interação	16.560,2 16.569,3	9,1	0,0026
1991/92	8 *	8	7.055	Completo Sem interação	22.811,8 22.814,0	2,2	0,1380
	9	7	11.521	Completo Sem interação	22.830,1 22.835,5	5,4	0,0201
1992/93	7 *	5	7.713	Completo Sem interação	17.343,3 17.345,6	2,3	0,1294
	8	4	11.608	Completo Sem interação	17.354,2 17.360,0	5,8	0,0160
1993/94	6 *	5	10.040	Completo Sem interação	15.642,2 15.645,1	2,9	0,0886
	7	4	13.637	Completo Sem interação	15.657,4 15.663,1	5,7	0,0170
1994/95	4 *	5	6.391	Completo Sem interação	14.591,5 14.595,3	3,8	0,0513
	5	4	8.424	Completo Sem interação	14.609,4 14.615,7	6,3	0,0121
1987/88 a 1994/95	8 *	6	4.796	Completo Sem interação	42.376,0 42.378,5	2,5	0,1139
	9	5	5.820	Completo Sem interação	42.391,2 42.396,4	5,2	0,0226

⁽¹⁾ * Estágio correspondente ao ponto de parada do processo de agrupamento.

V: Capão do Leão, Sub-região VI: Encruzilhada do Sul e Sub-região VII: Erechim. Também neste ano as sub-regiões formadas não parecem ter relação com as posições geográficas dos locais. Os dois locais mais similares foram Santa Maria e Estrela, que se assemelham muito quanto a solo e clima, mas diferem em altitude. Verifica-se que todos os cinco locais agrupados na mesma sub-região em 1987/88 passam a compor sub-regiões distintas em 1988/89.

Em todos os demais anos o processo de agrupamento resultou semelhante ao do ano 1988/89. A não significância do componente de variância referente à interação genótipo x local só foi alcançada com a divisão da região em diversas sub-regiões, muitas das quais consistindo de locais isolados.

Dez locais compuseram o EEF no ano 1989/90, para o qual o processo de agrupamento constituiu seis sub-regiões. A Sub-região I agregou quatro locais: Frederico Westphalen, Canguçu, Pelotas e Encruzilhada do Sul; a Sub-região II, dois locais: Iraí e Maquiné; e as demais correspondendo a um único local: Sub-região III: Erechim, Sub-região IV: Capão do Leão, Sub-região V: Santa Maria; Sub-região VI: Estrela. Neste ano verifica-se a proximidade geográfica de três locais que compõem a Sub-região I, localizados na Mesorregião Sudeste. Contudo, esses locais são heterogêneos em relação a solo e altitude. Quanto ao comportamento relativo dos genótipos, os locais mais semelhantes são Frederico Westphalen e Encruzilhada do Sul, geograficamente distantes. Comparando esses resultados com aqueles dos anos precedentes, verifica-se que somente o agrupamento de Frederico Westphalen e Canguçu já havia ocorrido antes, em 1987/88. Todas as demais sub-regiões diferem das formações anteriores.

No ano agrícola 1990/91 foram considerados onze locais, que também resultaram agrupados em seis sub-regiões. Neste ano, os genótipos mantiveram comportamento relativo estável entre locais dentro das seguintes sub-regiões: Sub-região I: Iraí, Frederico Westphalen, Estrela e Arroio do Tigre; Sub-região II: Encruzilhada do Sul e Júlio de Castilhos; Sub-região III: Maquiné e Sobradinho. As demais sub-regiões consistiram de um único local: Sub-região IV: Cruz Alta; Sub-região V: Canguçu; e Sub-região VI: Sarandi. Relativamente aos anos anteriores, os agrupamentos Frederico Westphalen e Iraí e Frederico Westphalen e Estrela já haviam ocorrido, em 1987/88 e em 1988/89, respectivamente. Entretanto, Iraí e Estrela, nos anos 1988/89 e 1989/90, compuseram sub-regiões distintas. Apesar de Estrela estar geograficamente distante de Frederico Westphalen e Iraí, esses três

municípios apresentam condições edafoclimáticas muito semelhantes, diferindo apenas na altitude.

O ano agrícola em que o EEF compreendeu o maior número de locais foi 1991/92. Os dezesseis locais considerados nesse ano foram agrupados em oito sub-regiões, sendo seis delas constituídas por um único local. As composições dessas sub-regiões foram as seguintes: Sub-região I, agregando o maior número de locais: Iraí, Frederico Westphalen, Erechim, Sobradinho, Encruzilhada do Sul, Sarandi e Nonoai; Sub-região II: Santa Maria, Veranópolis e Passo Fundo; Sub-região III: Canguçu; Sub-região IV: Maquiné; Sub-região V: Cruz Alta; Sub-região VI: Júlio de Castilhos; Sub-região VII: Santo Augusto; e Sub-região VIII: Caiçara. Cinco dos sete locais que compõem a Sub-região I ocupam posições bastante próximas na Mesorregião Noroeste do Estado. A análise de agrupamento revelou que os locais mais próximos são Sobradinho e Encruzilhada do Sul, que se assemelham na altitude, mas diferem quanto ao tipo de solo. Verifica-se que apenas o subconjunto constituído por Iraí, Frederico Westphalen e Erechim já havia ocorrido em anos anteriores.

Os doze locais considerados no ano 1992/93 formaram cinco sub-regiões, as quais são compostas pelos seguintes locais: Sub-região I: Erechim, Santa Maria, Sarandi e Santo Augusto; Sub-região II: Pelotas, Encruzilhada do Sul e Passo Fundo; Sub-região III: Canguçu e Rio Grande; Sub-região IV: Estrela e Veranópolis; e Sub-região V: Maquiné. No ano 1993/94 o agrupamento de onze locais também resultou em cinco sub-regiões: Sub-região I, compreendendo Canguçu, Maquiné, Pelotas, Capão do Leão e Encruzilhada do Sul; Sub-região II, Sarandi e Veranópolis; Sub-região III, Caiçara e Santo Augusto; Sub-região IV: Iraí; e Sub-região V: Passo Fundo. Neste ano, verifica-se que todos os locais que compõem a Sub-região I, exceto Maquiné, se localizam na Mesorregião Sudeste e têm proximidade geográfica.

Nove locais foram considerados no último ano agrícola, 1994/95. O agrupamento desses locais originou cinco sub-regiões que apresentaram as seguintes composições: Sub-região I: Capão do Leão, Encruzilhada do Sul e Augusto Pestana; Sub-região II: Caiçara e Veranópolis; Sub-região III: Iraí e Cruz Alta; Sub-região IV: Canguçu; Sub-região V: Passo Fundo. Nos últimos três anos apenas o subconjunto Capão do Leão e Encruzilhada do Sul ocorreu duas vezes. Em relação aos anos anteriores, constata-se que dois agrupamentos já haviam ocorrido: Canguçu e Maquiné, em 1987/88, e Erechim e Sarandi, em 1991/92.

4.2.1.2 Análise de agrupamento conjunta dos oito anos

A análise de agrupamento mais importante é aquela que reuniu os locais no período dos oito anos, de 1987/88 a 1994/95. Nesta análise foram considerados apenas os locais que permaneceram no EEF por, no mínimo, quatro anos. Assim, do conjunto total de locais foram considerados 14. A análise foi procedida a partir dos dados de 72 ambientes, que consistiram de oito anos do experimento em Canguçu; sete, em Iraí, Maquiné e Encruzilhada do Sul; cinco, em Frederico Westphalen, Erechim e Pelotas; e quatro em Capão do Leão, Cruz Alta, Santa Maria, Estrela, Sarandi, Veranópolis e Passo Fundo. A repetição de anos para os locais possibilita a representatividade das características do ambiente que se manifestam de forma diferenciada de um ano para outro, como a ocorrência de doenças e pragas, a distribuição de chuvas e as mudanças de temperatura.

O resultado do processo de agrupamento é representado no dendrograma da Fig. 4.1 e as sub-regiões constituídas pelo agrupamento dos locais são apresentadas no mapa do Rio Grande do Sul da Fig. 4.2.

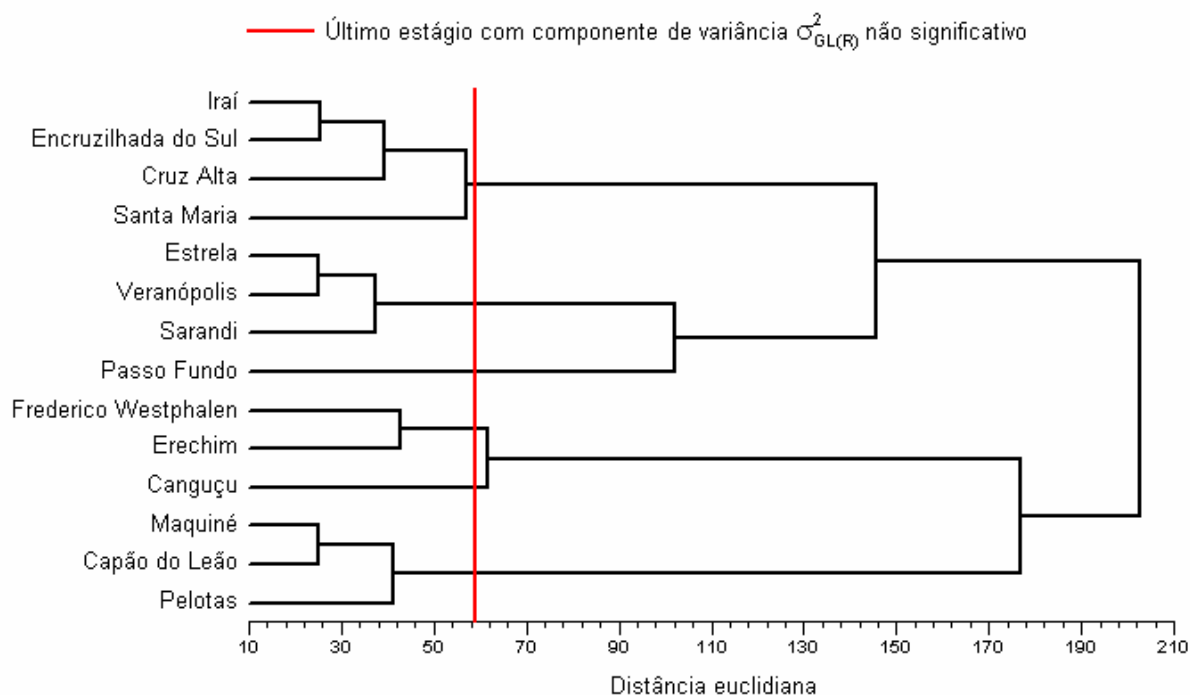


Figura 4.1. Dendrograma do agrupamento de 14 locais no período de 1987/88 a 1994/95.

Sub-região I	Sub-região II	Sub-região III	Sub-região IV	Sub-região V	Sub-região VI
1-Iraí	13-Estrela	5-Maquiné	2-Frederico Westphalen	21-Passo Fundo	3-Canguçu
9-Cruz Alta	17-Sarandi	7-Pelotas	4-Erechim		
10-Santa Maria	20-Veranópolis	8-Capão do Leão			
12-Encruzilhada do Sul					

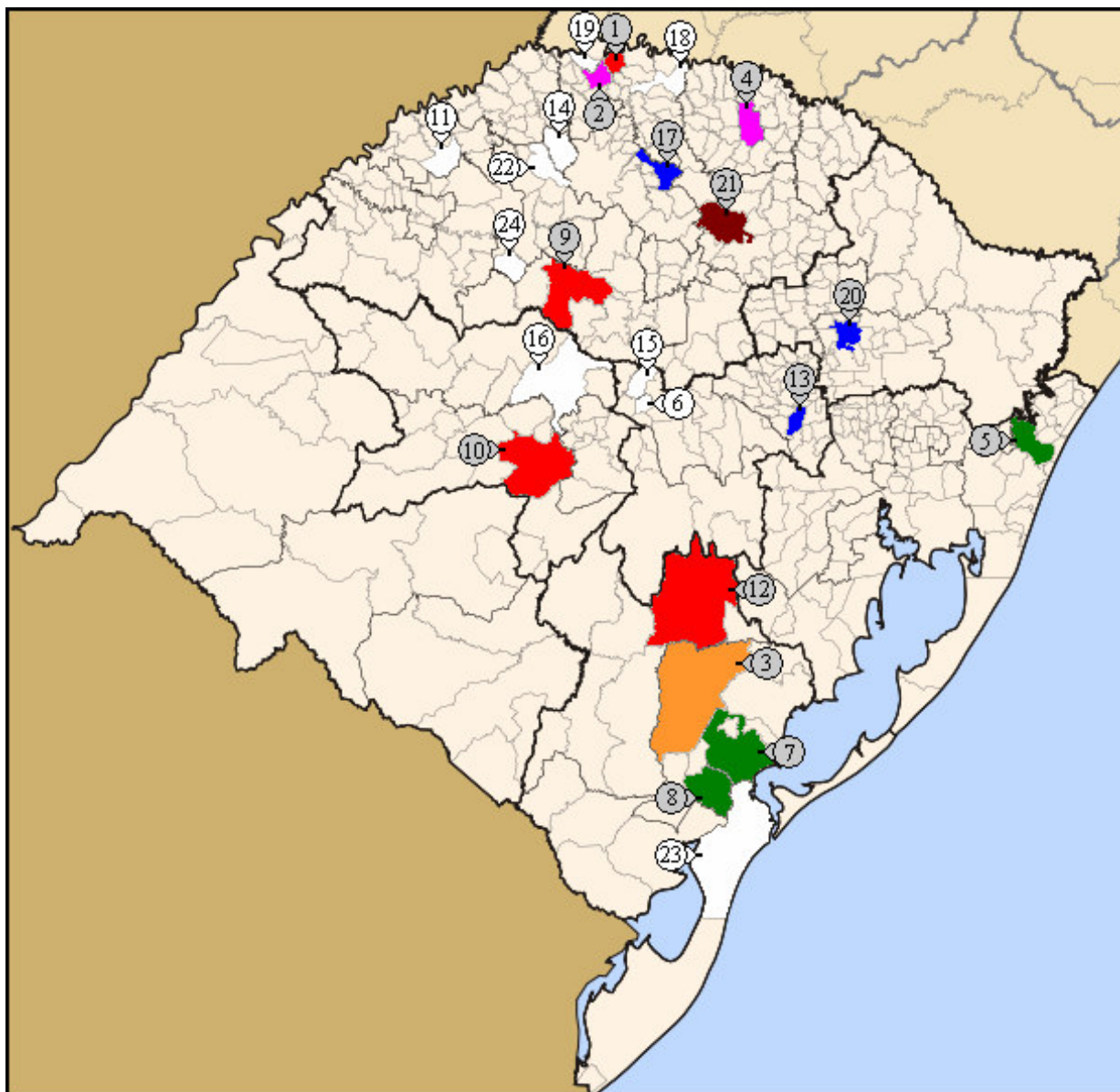


Figura 4.2. Sub-regiões resultantes do agrupamento de locais no período de 1987/88 a 1994/95.

O agrupamento desses 14 locais resultou na formação de seis sub-regiões (Fig. 4.1), as quais apresentam as seguintes composições: Sub-região I: Iraí, Encruzilhada do Sul, Cruz Alta e Santa Maria; Sub-região II: Estrela, Veranópolis e Sarandi; Sub-região III: Maquiné, Capão do Leão e Pelotas; Região IV: Frederico Westphalen e Erechim; Sub-região V: Passo Fundo; Sub-região VI: Canguçu.

Conforme pode ser observado na Fig. 4.2, os locais que constituem essas sub-regiões, na maioria dos casos, não apresentam proximidade geográfica. Contudo, algumas sub-regiões guardam semelhança em relação a características edafoclimáticas de seus componentes (Tab. 4.10). Os dois locais que compõem a Sub-região IV são semelhantes quanto a características de solo e clima e apresentam relativa proximidade geográfica. As Sub-regiões I e II, por outro lado, se destacam pela heterogeneidade de seus componentes. Dois dos três locais que compõem a Sub-região III se assemelham em relação à altitude e ao clima.

Tabela 4.10 Características geográficas, edáficas e climáticas dos 14 locais que compuseram as seis sub-regiões no período de 1987/88 a 1994/95.

Grupos	Locais	Altitude ⁽¹⁾	Solo ⁽²⁾	Clima ⁽³⁾
Sub-região I	Iraí	235 m	Neossolo + Chernossolo	Cfa
	Cruz Alta	452 m	Latossolo Vermelho	Cfa
	Santa Maria	151 m	Luvisolo	Cfa
	Encruzilhada do Sul	432 m	Neossolo	Cfb
Sub-região II	Estrela	43 m	Neossolo + Chernossolo	Cfa
	Sarandi	503 m	Latossolo	Cfa
	Veranópolis	705 m	Latossolo Bruno	Cfb
Sub-região III	Maquiné	12 m	Neossolo + Chernossolo	Cfa
	Capão do Leão	21 m	Planossolo	Cfa
	Pelotas - EEC ⁽⁴⁾	168 m	Argissolo	Cfa
Sub-região IV	Frederico Westphalen	566 m	Neossolo + Chernossolo	Cfa
	Erechim	783 m	Neossolo + Chernossolo	Cfa
Sub-região V	Passo Fundo	678 m	Latossolo Vermelho	Cfa
Sub-região VI	Canguçu	386 m	Chernossolo + Neossolo	Cfb

⁽¹⁾ Fonte: WIKIPÉDIA, 2009.

⁽²⁾ Fonte: PORTO; CORTAZZI, 1985, EMBRAPA, 2006.

⁽³⁾ Fonte: MOTA, 1951.

⁽⁴⁾ Estação Experimental Cascata / Embrapa Clima Temperado.

A hipótese que sustenta uma proposta de regionalização é a preponderância do efeito do fator local sobre o efeito do fator ano no desempenho dos genótipos (SILVA, 1982). A interação tripla local x genótipo x ano, revelada altamente significativa nas análises dos dois subconjuntos de quatro anos e do conjunto dos oito anos (Tab. 4.6, 4.7 e 4.8.) evidencia que o efeito de características permanentes do

ambiente, identificadas com o espaço, como tipo de solo, comprimento do dia, aspectos gerais de clima e também características tecnológicas, determinadas pelo homem, não prevalece sobre o efeito de características não previsíveis, identificadas com o tempo, que compreendem as variações ocasionais de clima e ocorrências eventuais de pragas e doenças. Nessa situação, cada combinação de local e ano pode distinguir um ambiente com características particulares, implicando que os genótipos alterem sua classificação relativa de um ambiente para outro. Mas também é possível que diferentes combinações de ano e local caracterizem ambientes que se assemelham e entre os quais os genótipos mantenham comportamento relativo estável. O que pode ser difícil é a identificação das características específicas que concorrem para a formação desses ambientes, principalmente quando as características imprevisíveis do ambiente não são registradas ou não estão disponíveis para análise, como no caso presente.

Contudo, ainda que não seja possível uma identificação clara de sub-regiões para o conjunto dos oito anos, a possibilidade de regionalização não deve ser descartada. A coerência entre essa formação de sub-regiões e aquelas resultantes das análises anuais constituiria evidência da conveniência da recomendação de uma subdivisão da região. A verificação da consistência dos agrupamentos constituídos individual e coletivamente para os oito anos é procedida a seguir, primeiramente pela comparação entre as sub-regiões formadas para cada ano e, posteriormente, pela confrontação das sub-regiões formadas para o conjunto dos oito anos com aquelas oriundas das análises anuais.

4.2.1.3 Análise da consistência dos agrupamentos

Na apreciação das sub-regiões formadas nas análises anuais deve-se considerar que os conjuntos de locais e de genótipos variaram de um ano para o outro. Alguma inconsistência dos agrupamentos pode decorrer desse fato. É provável que as diferenças dos conjuntos de genótipos tenham menor importância para a explicação dessa inconsistência do que as dos conjuntos de locais, dado que o número de genótipos considerado nessas análises (que variou de 24 a 30) foi mais elevado do que o de locais (de 7 a 16) em todos os anos. Ademais, para os objetivos

desta pesquisa, o fator local é de maior relevância que o fator genótipo, visto que as inferências de interesse recaem sobre os agrupamentos de locais.

Para facilitar a síntese dos resultados das análises anuais são desconsiderados os locais presentes em menos de quatro anos. Assim, do conjunto de 24 locais presentes nas análises anuais, apenas 14 foram considerados nessa apreciação. Esse subconjunto de locais é o mesmo considerado na análise conjunta dos oito anos, o que também facilita a confrontação dos resultados dessas análises com os daquela.

Inspecionando-se as sub-regiões formadas em cada ano, verificou-se que nenhuma daquelas constituídas pelo agrupamento de dois ou mais locais se repetiu por dois anos. O agrupamento mais numeroso a se repetir por dois anos (1987/88 e 1991/92) foi composto por três locais: Iraí, Frederico Westphalen e Erechim. Entretanto, nos outros dois anos em que esses três locais estiveram presentes (1988/89 e 1989/90), cada um constituiu uma sub-região distinta. Outros agrupamentos se repetiram por dois anos; entretanto, os locais desses grupos apareceram também separados em igual ou maior número de anos: Capão do Leão e Encruzilhada do Sul estão agrupados em 1993/94 e 1994/95 e separados em 1988/89 e 1989/90; Frederico Westphalen e Canguçu, agrupados em 1987/88 e 1989/90 e separados em 1988/89, 1989/90 e 1990/91; e Canguçu e Maquiné, agrupados em 1987/88 e 1993/94 e separados em 1988/89, 1989/90, 1990/91 e 1991/92. Como em todos esses casos a frequência com que os locais ocorreram agrupados não é superior à frequência com que ocorreram separados, esses agrupamentos não podem ser considerados consistentes.

Apenas três subconjuntos de locais apareceram agrupados com maior frequência do que separados: Pelotas e Encruzilhada do Sul estavam agrupados em 1989/90, 1992/93 e 1993/94 e separados em 1988/89; Iraí e Frederico Westphalen, agrupados em 1987/88, 1990/91 e 1991/92 e separados em 1988/89 e 1989/90; e Frederico Westphalen e Estrela, agrupados 1988/89 e 1991/92 e separados em 1989/90. Há um único caso em que os locais só ocorreram agrupados: Erechim e Sarandi, em 1992/93 e 1993/94.

A ocorrência de alguns grupos pode ser explicada pela semelhança das características edafoclimáticas dos locais que os constituem. Todavia, a explicação para a separação de locais desses mesmos grupos em outros anos ou para a agregação de locais heterogêneos não é tão simples e, possivelmente, esteja ligada

ao fato de que o desempenho dos genótipos também tenha sido afetado significativamente por características do ambiente que variam entre os anos. Conforme referido anteriormente, esse fato é evidenciado pela alta significância da interação genótipo x local x ano, revelada nas análises conjuntas de quatro e de oito anos (Tab. 4.6, 4.7 e 4.8). Essas análises também mostraram a alta significância da interação local x ano – a mais elevada das interações duplas. Essa interação expressa que o comportamento relativo dos locais, na média dos genótipos, varia consideravelmente entre os anos, ou seja, o melhor local num ano pode não ser o melhor em outro. Isso ocorre porque as variações não previsíveis do ambiente podem favorecer um local num determinado ano e desfavorecê-lo em outro. Por essa razão, a análise de agrupamento considerando o conjunto dos oito anos, deve ser mais conclusiva do que as análises anuais.

A utilidade prática da regionalização constituída pela análise conjunta dos oito anos depende de sua consistência com os agrupamentos formados pelas análises anuais. Essa consistência se manifesta na reiteração das sub-regiões formadas para os oito anos (e de seus subconjuntos de locais) nas análises anuais. A avaliação dessa consistência pode ser facilitada pela Tab. 4.11, que apresenta as freqüências dos subconjuntos dos locais de cada uma das seis sub-regiões constituídas para o conjunto de oito anos nos agrupamentos anuais.

Verificou-se na Tab. 4.11 que as sub-regiões I, II e III não ocorreram em qualquer dos agrupamentos anuais. Das quatro sub-regiões formadas pelo agrupamento de locais, apenas a Sub-região IV, composta por Frederico Westphalen e Erechim, teve ocorrência nesses agrupamentos. Todavia, o número de anos em que esses locais estavam agrupados é menor do que o número de anos em que estavam separados.

A inspeção das freqüências dos subconjuntos de locais que constituíram as sub-regiões também revela pouca ou nenhuma consistência desses agrupamentos. A única exceção é o subconjunto formado por Veranópolis e Sarandi. Esses locais estiveram agrupados em dois anos e separados em um ano. Passo Fundo e Canguçu são os locais que isoladamente compuseram as Sub-regiões V e VI, respectivamente. Entretanto, nas análises anuais não há evidência de tendência ao isolamento para qualquer dos dois locais. As freqüências de anos em que eles ocorreram isolados e agrupados com outros locais são as mesmas: dois anos para Passo Fundo e quatro anos para Canguçu.

Tabela 4.11 Freqüências, nos agrupamentos anuais, das seis sub-regiões constituídas para o conjunto dos oito anos e das combinações de locais que compuseram essas sub-regiões.

Sub-Região	Combinação de locais	Freqüência nas análises anuais		
		Total	Agrupados	Separados
I	Iraí - Encruzilhada do Sul - Cruz Alta - Santa Maria	2	-	2
	Iraí - Encruzilhada do Sul - Cruz Alta	4	-	4
	Iraí - Encruzilhada do Sul - Santa Maria	3	-	3
	Iraí - Cruz Alta - Santa Maria	2	-	2
	Encruzilhada do Sul - Cruz Alta - Santa Maria	2	-	2
	Iraí - Encruzilhada do Sul	6	1	5
	Iraí - Cruz Alta	4	1	3
	Iraí - Santa Maria	3	-	3
	Encruzilhada do Sul - Cruz Alta	4	-	4
	Encruzilhada do Sul - Santa Maria	4	-	4
	Cruz Alta - Santa Maria	2	1	1
	Iraí	7	5	2
	Encruzilhada do Sul	7	6	1
	Cruz Alta	4	2	2
	Santa Maria	4	3	1
II	Estrela - Veranópolis - Sarandi	1	-	1
	Estrela - Veranópolis	1	1	-
	Estrela - Sarandi	2	-	2
	Veranópolis - Sarandi	3	2	1
	Estrela	4	3	1
	Veranópolis	4	4	-
	Sarandi	4	3	1
III	Maquiné - Capão do Leão - Pelotas	2	-	2
	Maquiné - Capão do Leão	3	1	2
	Maquiné - Pelotas	5	2	3
	Capão do Leão - Pelotas	3	1	2
	Maquiné	7	5	2
	Capão do Leão	4	2	2
	Pelotas	5	5	-
IV	Frederico Westphalen - Erechim	5	2	3
	Frederico Westphalen	5	5	-
	Erechim	5	3	2
V	Passo Fundo	4	2	2
VI	Canguçu	8	4	4

Nota: Sinal convencional: - (traço): dado numérico igual a zero não resultante de arredondamento.

Essa análise revela ausência de coerência da regionalização constituída para o conjunto de oito anos com os agrupamentos formados para cada ano. Essa falta de coerência estende-se, também, para os dois subconjuntos de quatro anos, para cada um dos quais corresponde a formação de um único grupo de locais.

As dificuldades para a síntese e a interpretação dos resultados das análises individuais e conjuntas dos oito anos eram esperadas e decorrem, principalmente, da heterogeneidade dos agrupamentos constituídos e da ausência de relação dos agrupamentos de locais com suas disposições geográficas. É importante destacar que essas dificuldades ocorreriam para qualquer método de agrupamento que fosse adotado. Como esses métodos têm bases diferentes, eles poderiam conduzir a diferentes formações de grupos, que no caso presente significa diferentes agrupamentos nos anos individuais e no conjunto de oito anos. Contudo, é de esperar que o resultado geral – falta de evidência para uma proposição de regionalização – não seria alterado com o uso de qualquer método alternativo. Isso porque a heterogeneidade desses agrupamentos individuais e de subconjuntos de anos é consequência da elevada interação genótipo x local x ano e sua predominância sobre a interação genótipo x local. Por outro lado, a inexistência de relação das sub-regiões constituídas com as disposições geográficas dos locais decorre de o comportamento relativo dos genótipos entre locais não depender de suas distâncias geográficas.

Esses fatos evidenciam a impossibilidade de proposição de uma regionalização da indicação de genótipos de feijão para o Estado do Rio Grande do Sul com base no conjunto de dados utilizados na presente pesquisa. Também não suporta evidência de comportamento homogêneo dos genótipos na região de cultivo de feijão desse Estado, ou seja, de que a produtividade máxima do feijão nessa região seja alcançada pela indicação uniforme de genótipos para todo o Estado. Pelo contrário, os resultados de cada uma dessas análises (excetuados os referentes aos dois subconjuntos de quatro anos) evidenciam heterogeneidade de comportamento.

4.3 Considerações finais

Durante a execução dessa pesquisa foram detectadas falhas de técnicas experimentais na condução do EEF nos anos de 1987/88 a 1994/95, particularmente falta de uniformidade dessas técnicas entre os locais num mesmo ano e entre os anos num mesmo local. Essa falta de uniformidade é manifestada pelas elevadas variações da data de semeadura e do estande por parcela. Essas falhas de técnicas experimentais podem ter impacto considerável para a validade de inferências baseadas no conjunto de dados gerado por esse experimento nesse período.

Cruz e Carneiro (2003) alertam que em experimentos comparativos de rendimento de cultivares deve haver a preocupação de manter as técnicas experimentais o mais uniformes possível para garantir que a superioridade manifestada por uma cultivar em relação à outra reflita sua superioridade genética. Quando esse cuidado não é tomado, inferências sobre genótipos podem ficar comprometidas.

Particularmente, a data de semeadura tem importância fundamental sobre o desenvolvimento e a produtividade das plantas. Apesar desta data ser escolhida e especificada no plano do experimento, a execução da semeadura na data planejada depende de condições climáticas favoráveis. Assim, alterações da data de semeadura são freqüentes. Todavia, se a semeadura é adiada por período muito longo, essa alteração pode ocasionar desuniformidade entre os ambientes de implicações relevantes.

Pode-se observar que a data de semeadura teve uma variação considerável nesses oito anos de execução do EEF (Tab. 3.1). As datas mais extremas foram 06/09 e 30/11. O período de semeadura dentro de um mesmo ano variou de 29 dias (entre 12 locais em 1992/93) a 68 dias (entre 9 locais em 1994/95). A variação do período de semeadura entre anos em um mesmo local também foi elevada, oscilando entre 2 dias, em Erechim, e 48 dias, em Santa Maria.

Note-se que, no Rio Grande do Sul, o período de semeadura da safra é amplo, compreendendo os meses de agosto a dezembro, mas se concentra nos meses de setembro e outubro; enquanto a safrinha é semeada de janeiro a fevereiro (CEPEF, 2007). Entre essas duas épocas existem diferenças climáticas sensíveis referentes à temperatura do ar e do solo e à disponibilidade hídrica, conforme exposto na Seção 2.6. Pesquisas com feijão têm evidenciado que a interação

genótipo x época de semeadura é expressiva para a cultura (HORNER; FREY, 1957; CARBONELL; POMPEU, 1997, 2000; RAMALHO; ABREU; SANTOS, 1998). Carbonell e Pompeu (1997) sugerem que a estratificação ambiental dentro de cada época de cultivo permite identificar ambientes específicos para a seleção e avaliação de genótipos que são resistentes ou tolerantes a características do ambiente que afetam essa interação (doenças, temperatura, chuvas etc.).

Piana, Silva e Antunes (2007) trouxeram à luz o risco de tendenciosidade e imprecisão de inferências derivadas dos dados considerados na presente pesquisa decorrente da elevada variação do estande final de parcela. Embora o estande ideal fosse de 72 plantas, observaram uma variação de três a 118 plantas por parcela no conjunto dos 33 ambientes que consideraram. Mesmo quando é adotado um método eficiente de controle do estande inicial de parcela, pode-se esperar alguma variação do estande final como consequência do erro experimental. No caso do feijão, a variação moderada do estande, em geral, não chega a ser preocupante devido ao efeito compensatório que a espécie manifesta nos seus componentes de rendimento (ADAMS, 1967; NIENHUIS; SINGH, 1985; RIBEIRO et al., 2004a). Todavia, a variação acentuada do estande final suscita maior atenção porque pode afetar significativamente o rendimento de grãos e, nesse caso, é conveniente a adoção de alguma metodologia de ajuste do rendimento que leve em conta esta variação. Observe-se que na presente pesquisa não foi adotado qualquer procedimento de ajuste do rendimento.

Outro fato ressaltado por Piana, Silva e Antunes (2007) é o percentual relativamente alto (21%) de parcelas com estande final acima do ideal, o que pode sugerir a desuniformidade do estande inicial de parcela. Segundo esses autores, o estande acima do ideal pode ter duas explicações: (1) o método de ajuste do número de sementes para alcançar a uniformidade do estande inicial é ineficiente; e (2) o método de ajuste é eficiente, mas foi empregado de forma incorreta ou desuniforme nos diversos ambientes. Eles argumentam que qualquer dessas situações configura falha de técnicas experimentais que pode comprometer a validade de inferências sobre os genótipos. A falta de registro do estande inicial da parcela no EEF não permitiu verificar a significância da variação do estande inicial entre genótipos, nem identificar as causas da variação do estande final. Essa ausência de informação impossibilitou a decisão sobre a necessidade de proceder

ao ajustamento do rendimento de grãos, bem como a escolha do método mais adequado para este ajuste.

Essas falhas constatadas no EEF conduzem a uma reflexão sobre os seguintes fatos relevantes que, de modo geral, não têm recebido a devida consideração: a) presença de sérios problemas de técnicas experimentais na pesquisa agrícola, particularmente em experimentos de ampla abrangência, que usualmente são desconhecidos ou ignorados; b) impossibilidade de conclusões confiáveis baseadas em dados de experimentos com essas falhas graves de técnicas experimentais; c) perigos de inferências enganosas extraídas de tais experimentos.

Outro fato posto em evidência por esta pesquisa é a fragilidade de inferências baseadas em um conjunto de anos muito reduzido. A consideração de dados de oito anos do EEF na presente pesquisa permitiu a detecção de incoerência dos agrupamentos dos locais para os subconjuntos de um, quatro e oito anos. Pesquisas reportadas na literatura consideram conjuntos únicos de muito menor número de anos; usualmente não mais do que três anos (CORDEIRO; SILVA, 1980; SILVEIRA, 1980; SILVA, 1982; OLIVEIRA, 2006; DALLA CORTE, MODA-CIRINO; DESTRO, 2002; BURATTO et al., 2007). Apenas Park (1987) e Elias, Hemp e Canton (1999) consideram conjuntos maiores de anos em suas pesquisas: seis e cinco anos, respectivamente. É possível que a consideração de dados de apenas um subconjunto de poucos anos do EEF (por exemplo, três anos, como usualmente é o caso), tivesse conduzido a uma proposição de regionalização falsa.

Por fim, cabe ressaltar que as informações que se pode obter de estudos como esse estão sujeitas às restrições decorrentes da estrutura do experimento. No presente caso, a circunstância especialmente condicionante é a elevada variação do conjunto de locais entre os anos e sua distribuição na região de cultivo de feijão do RS. Para pesquisas de regionalização é recomendável a utilização de dados de experimento conduzido em locais mais uniformemente distribuídos sobre a região de cultivo.

Conclusões

O desempenho relativo dos genótipos de feijão na região de cultivo do Estado do Rio Grande do Sul varia entre locais, anos e locais e anos.

O padrão de heterogeneidade do desempenho relativo dos genótipos de feijão entre os locais dessa região não é consistente entre anos, o que impossibilita a caracterização de uma regionalização de longo prazo para recomendação de cultivares.

Inferências de longo prazo baseadas em conjunto de dados de um intervalo de anos muito pequeno, como o usual intervalo de dois anos, podem ser tendenciosas, pois o comportamento relativo de genótipos entre locais varia com o subconjunto de anos sob consideração.

As alterações dos genótipos e dos locais de condução do EEF podem afetar inferências baseadas nos dados gerados por esse experimento no período de 1987/88 a 1994/95.

Essas inferências também podem ter sido influenciadas por falhas de técnicas experimentais, particularmente as acentuadas variações da data de semeadura e do estande por parcela.

Metodologias de máxima verossimilhança e de quadrados mínimos generalizados possibilitam inferências sobre os componentes de variância da interação genótipo x ambiente por procedimentos que levam em conta a heterogeneidade de variância do erro experimental e estrutura de dados incompleta, que são usuais em experimentos regionais.

Referências

- ABDALLA, O.S.; CROSSA, J.; CORNELIUS, P.L. Results and biological interpretation of shifted multiplicative model clustering of durum wheat cultivars and test site. **Crop Science**, v.37, p.88-97, 1997.
- ABOU-EL-FITTOUH, H; RAWLINGS, J.O.; MILLER, P.A. Classification of environments to control genotypes by environment interaction to cotton. **Crop Science**, v.9, p.135-140, 1969.
- ADAMS, M.W. Basis of yield component compensation in crop plants with special reference to the field bean, *Phaseolus vulgaris* L. **Crop Science**, v.7, n.5, p.505-510, 1967.
- ALFARO, R.; MURILLO, G. Adaptabilidad y estabilidad de cultivares de frijol (*Phaseolus vulgaris* L.) en Centro América. **Agronomía Costarricense**, v.12, n.2, p.245-250, 1988. Nota Técnica.
- ALLARD, R.W.; BRADSHAW, A.D. Implications of genotype x environmental interactions in applied plant breeding. **Crop Science**, v.4, p.503-508, 1964.
- ANNICCHIARICO, P.; BELLAH, F.; CHIARI, T. Defining subregions and estimating benefits for a specific-adaptation strategy by breeding programs. **Crop Science**, v.45, p.1741-1749, 2005.
- ANNICCHIARICO, P. Cultivar adaptation and recommendation from alfalfa trials in Northern Italy. **Journal of Genetics and Plant Breeding**, v. 46, p.269-278, 1992.
- AYEH, E. Evidence for yield stability in selected landraces of bean (*Phaseolus vulgaris* L.) **Experimental Agriculture**, v.24, p.367-373, 1988.
- BEAVER, J.S; PANIAGUA, C.V.; COYNE, D.P.; FREYTAG, G.S. Yield stability of dry beans genotypes in the Dominican Republic. **Crop Science**, v.25, p.923-926, 1985.
- BARTLETT, M.S. Some examples of statistics methods of research in agriculture and applied biology. **Journal of Royal Statistics Society**, v.4, p.137-183. 1937.
- BROWN, K.D.; SORRELLS, M.E.; COFFMAN, W.R. A method for classification and evaluation of testing environments. **Crop Science**, v.23, p.889-893, 1983.

BURATTO, J.S.; MODA-CIRINO, V.; FONSECA JÚNIOR, N. da S.F.; PRETE, C.E.C.; FARIA, R.T. de. Adaptabilidade e estabilidade produtiva em genótipos precoces de feijão no estado do Paraná. **Semina: Ciências Agrárias**, Londrina, v.28, n.3, p.373-380, 2007.

BYTH, D.E.; EISEMANN, R.L.; DE LACY, H.I. Two-way pattern analysis of a large data set to evaluate genotype adaptation. **Heredity**, v.37, p.215-230, 1976.

CAMACHO, L. Estabilidad y adaptabilidad de líneas homocigotas de frijol *Phaseolus vulgaris* L. y su implicación en la selección por rendimiento. **Agronomía Tropical**, v.18, p.221-225, 1968

CAMPBELL L.G.; LAFAVER, H.N. Cultivar x environment interaction in soft red winter yield tests. **Crop Science**, v.17, p.607-608, 1977.

CARBONELL, S.A.M.; AZEVEDO FILHO, J.A. de; DIAS, L.A. dos S.; GONÇALVES, C.; ANTONIO, C.B. Adaptabilidade e estabilidade de produção de cultivares e linhagens de feijoeiro no estado de São Paulo. **Bragantia**, v.60, n.2, p.69-77, 2001.

CARBONELL, S.A.M.; POMPEU, A.S. Estratificação de ambientes em experimentos de feijoeiro no Estado de São Paulo. **Bragantia**, v.56, n.1, p.207-218, 1997.

CARBONELL, S.A.M.; POMPEU, A.S. Estabilidade fenotípica de linhagens de feijoeiro em três épocas de plantio no estado de São Paulo. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.35, n.2, p.321-329, 2000.

CARNEIRO, P.C.S. **Novas metodologias de análise da adaptabilidade e estabilidade de comportamento**. Tese (Doutorado) - Universidade Federal de Viçosa, Viçosa. 1998. 168p.

CEPEF – COMISSÃO ESTADUAL DE PESQUISA DO FEIJÃO. **Indicações técnicas para a cultura do feijão no Rio Grande do Sul**. Pelotas: Embrapa Clima Temperado, 2007. 110p.

COCHRAN, W.G. The combination of estimate from different experiment. **Biometrics**, v.10, p.101-129, 1954.

COIMBRA, J.L.M; CARVALHO, F.I.F. de; HEMP, S.; SILVA, A.S. Adaptabilidade e estabilidade fenotípica em genótipos de feijão de cor (*Phaseolus vulgaris* L.) em três ambientes distintos. **Ciência Rural**, v.29, n.3, p.441-448, 1999.

CONAB – COMPANHIA NACIONAL DE ABASTECIMENTO / Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento. **Safras Grão**. Safras 2008/09. Disponível em: <<http://www.conab.gov.br/conabweb/index.php?PAG=131>>. Acesso em: 2 fev. 2009.

CORDEIRO, C.M.T. **Estudo do zoneamento da região Centro-Sul do Brasil para a cultura do milho**. Brasília: UnB, 1978. 103p. Dissertação (Mestrado)

CORDEIRO, C.M.T.; SILVA, J.G.C. da. Estudo do zoneamento da região Centro-Sul do Brasil para a cultura do milho. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.15, n.2, p.191-205, 1980.

CRUZ, C.D.; CARNEIRO, P.C.S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. V.2, Viçosa: UFV, 2003. 585p.

CRUZ, C.D.; TORRES, R.A.A.; VENCovsky, R. An alternative approach to the stability analysis proposed by Silva and Barreto. **Revista Brasileira de Genética**, v.12, n.2, p.567-580, 1989.

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

CRUZ; C.D.; REGAZZI; A.J. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. Viçosa: UFV, 2001. 390p.

DALLA CORTE, A.; MODA-CIRINO, V.; DESTRO, D. Adaptability and phenotypic stability in early common bean cultivars and lines. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v.2, n.4, p.525-534, 2002.

DUARTE, J.B. **Estudo da adaptabilidade e estabilidade fenotípica em linhagens e cultivares de feijão mulatinho (*Phaseolus vulgaris* L.)**. Goiânia: UFG, 1988. 155p. Dissertação (Mestrado)

DUARTE, J.B.; ZIMMERMANN, M.J. de O. Adaptabilidade de rendimento de genótipos de feijoeiro comum. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.29, n.1, p.125-130, 1994.

DUARTE, J.B.; ZIMMERMANN, M.J. de O. Selection of location for common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) germoplasm evaluation. **Revista Brasileira de Genética**, v.14, p.765-770, 1991.

EBDON, J.S.; GAUCH Jr., H.G. Additive main effect and multiplicative interaction analysis of national turfgrass performance trials. I. Interpretation of genotype x environment interaction. **Crop Science**, v.42, p.489-496, 2002a.

EBDON, J.S.; GAUCH Jr., H.G. Additive main effect and multiplicative interaction analysis of national turfgrass performance trials. II. Cultivar Recommendations. **Crop Science**, v.42, p.497-506, 2002b.

EBERHART, S.A.; RUSSEL, W.A. Stability parameters for comparing varieties. **Crop Science**, v.6, p.36-40, 1966.

ELIAS, H.T.; HEMP, S.; CANTON, T. Análise da interação genótipo x ambiente na avaliação de cultivares de feijão em Santa Catarina. **Pesquisa Agropecuária Gaúcha**, Porto Alegre, v.5, n.2, p.271-275, 1999.

ELIAS, H.T.; HEMP, S.; SCAPIM, C.A., RODOVALHO, M. de A.; ROYER, M.R.; MORA, F.; BARRETO, R.R. Análise de estabilidade de genótipos de feijoeiro no Estado de Santa Catarina. **Acta Scientiarum Agronomy**, Maringá, v.27, n.4, p.623-628, 2005.

EMBRAPA. **Sistema Brasileiro de Classificação de Solos**. 2. ed. Rio de Janeiro: Embrapa Solos, 2006. 306 p.

FAN, L.J.; HU, B.M.; SHI, C.H.; WU, J.G. A method of choosing locations based on genotype x environment interaction for regional trials of rice. **Plant Breeding**, v.120, p.139-142, 2001.

FARIA, L.C. de; DEL PELOSO, M.J; MELO, L.C.; COSTA, J.G.C.; RAVA, C.A.; LEMES, G. de C.; DIAZ, J.L.C; ABREU, A. de F.B; ZIMMERMANN, F.J.P. **Adaptabilidade e estabilidade da cultivar BRS Horizonte em diferentes regiões brasileiras**. Embrapa Arroz e Feijão: Goiânia, 2005. (Comunicado Técnico 105)

FERREIRA, D.F.; DEMÉTRIO, C.G.B., MANLY, B.F.J.; MACHADO, A. de A.; VENCOVSKY, R. Biometrical methods for evaluating phenotypic stability in plant breeding. **Cerne**, v.12, n.4, p.373-388, 2006.

FINLAY, K.W.; WILKINSON, G.N. The analysis of adaptation in a plant-breeding programme. **Australian Journal of Agricultural Research**, v.14, p.742-754, 1963.

FOX, P.N.; CROSSA, J.; ROMAGOSA, I. Multi-environment testing and genotype x environment interaction. In: KEMPTON, R.A.; FOX, P.N. **Statistical methods for plant variety evaluation**. London: Chapman and Hall, 1997. p.117-138.

FREEMANG.H; PERKINS, J.M. Environmental and genotype-environmental components of variability. VIII. Relations between genotypes grown in different environments and measures of these environments. **Heredity**, v.27, p.15-23, 1971.

GAMA, E.E.G.; HALLAUER, A.R. Stability of hybrids produced from selected and unselected lines of maize. **Crop Science**, v.20, p.623-626, 1980.

GARBUGLIO, D.D., GERAGE, A.C.; ARAÚJO, P.M. DE; FONSECA JUNIOR, N. DA S.; SHIOGA, P.S. Análise de fatores e regressão bissegmentada em estudos de estratificação ambiental e adaptabilidade em milho. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.42, n.2, p.183-191, 2007.

GAUCH, H.G. **Statistical analysis of regional yield trials: AMMI analysis of factorial designs**. Amsterdam: Elsevier, 1992. 278p.

GAUCH, H.G. Statistical analysis of yield trials by AMMI and GGE. **Crop Science**, v.46, p.1488-1500, 2006.

GENG, S.; HU, B.; BASSET, D.M. Quantification and classification of location al effects on cotton cultivar testing programs. **Agronomy Journal**, v.82, p.514-518, 1990.

GOLLOB, H.F. A statistical model which combines features of factor analytic and analysis of variance techniques. **Psychometrika**, v.33, n.1, p.73-115, 1968.

HAMBLIN, J.; FISHER H.M.; RIDING, H.I. The choice of locality for plant breeding when selecting for high yield and general adaptation. **Euphytica**, v.29, p.161-168, 1980.

HERNANDES; C.M.; CROSSA, J.; CASTILLO, A. The area under a function: an index for selecting desirable genotypes. **Theoretical and Applied Genetics**, v.87, n.4, 409-415, 1993.

HORNER, T.W.; FREY, K.J. Methods for determining natural areas for oat varietal recommendations. **Agronomy Journal**, v.49, p.313-315, 1957.

HUENH, M. Nonparametric measures of phenotypic stability. Part 1: Theory. **Euphytica**, v.47, p.189-194. 1990.

IPAGRO – INSTITUTO DE PESQUISAS AGRONÔMICAS. **Recomendações para a cultura do feijão**. Porto Alegre: Secretaria da Agricultura, 1986. 46p.

JOBIM, C.I.P.; WESTPHALEN, S.L.; FEDERIZZI, L.C. Análise da interação genótipo x ambiente para o rendimento de grãos em feijão. **Pesquisa Agropecuária Gaúcha**, v.5, n.2, p.161-171, 1999a.

JOBIM, C.I.P.; WESTPHALEN, S.L.; FEDERIZZI, L.C. Utilização de variáveis ambientais e índice de doença na análise da interação genótipo x ambiente em feijão. **Pesquisa Agropecuária Gaúcha**, v.5, n.2, p.173-182, 1999b.

LAING, D.R. Adaptability and stability of performance in common beans (*Phaseolus vulgaris* L.) Cali: CIAT, 1978. 19p.

LAWRENCE, P.K.; DE LACY, I.H. Classification of locations in regional cotton variety trials where trial entries change over years. **Field Crop Research**, v.34, p.195-207, 1993.

LIANG; G.H.L.; HEYNE, E.G.; WALTER, T.L. Estimates of variety x environmental interactions in yield tests of three small grains and their significance on the breeding programs. **Crop Science**, v.6, p.135-139, 1966.

LIN, C.S. Grouping genotypes by a cluster method directly related to genotype-environment interaction mean square **Theoretical and Applied Genetics**, v.62, p.277-280, 1982.

LIN, C.S.; BINNS, M.R. A method of analyzing cultivar x location x year experiments: new stability parameter. **Theoretical and Applied Genetics**, v.76, p.425-430, 1988.

LIN, C.S.; BUTLER, G. A data-based approach for selecting locations for regional trials. **Canadian Journal of Plant Science**, v.68, p.651-659, 1988.

LIN, C.S.; MORRISON, M.J. Selection of test locations for regional trials of barley. **Theoretical and Applied Genetics**, v.83, p.968-972, 1992.

LITTELL, R.C.; MILLIKEN, G.A.; STROUP, W.W.; WOLFINGER, R.D.; SCHABENBERGER, O.; OLIVER, P.D. **SAS System for Mixed Models**. 2nd. Ed. Cary, NC: SAS Institute Inc., 2006. 831p.

MA, B.L.; YAN, W.; DWYER, L.M.; FRÉGEAU-REID, J.; VOLDENG, H.D.; DION, Y.; NASS, H. Graphic analysis of genotype, environment, nitrogen fertilizer, and their interactions on spring wheat yield. **Agronomy Journal**, v.96, p.169-180, 2004.

MARIOTTI, J.A.; OYARZABAL, E.S.; OSA, J.M.; BULACIO, A.N.R.; ALMADA, G.H. Análisis de estabilidad y adaptabilidad de genótipos de caña de azúcar. I. Interacciones dentro de una localidad experimental. **Revista Agronómica del Noroeste Argentino**, v.13, n.1-4, p.405-412, 1976.

MEKBIB, F. Simultaneous selection for high yield and stability in common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) genotypes. **Journal of Agricultural Science**, v.138, n.3, p.249-253, 2002.

MELO, R.W. de; FONTANA, D.C.; BERLATO, M.A. Indicadores de produção de soja no Rio Grande do Sul comparados ao zoneamento agrícola. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.39, n.12, p.1167-1175, 2004.

MENDONÇA, O.; CARPENTIERI-PÍPOLO, V.; GARBUGLIO, D.D.; FONSECA JUNIOR, N. da S. Análise de fatores e estratificação ambiental na avaliação da adaptabilidade e estabilidade em soja. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.42, n.11, p.1567-1575, 2007.

MORAIS, O.P. **Adaptabilidade, estabilidade de comportamento e correlações fenotípicas, genotípicas e de ambiente em variedades e linhagens de arroz (*Oriza sativa* L.)**. Viçosa: Universidade Federal de Viçosa, 1980. 70p. Dissertação (Mestrado).

MOTA, F.S. Estudos do clima do Estado do Rio Grande do Sul segundo o sistema de W. Koeppen. **Revista Brasileira de Geografia**, p.107-116, 1951.

MOTA, F.S.; BEIRSDORF, M.I.C.; COSTA, M.J.C.; MOTTA, W.A.; WESTPHALEN, S.L. **Zoneamento agroclimático do Rio Grande do Sul e Santa Catarina**. Pelotas: IPEAS e Secretaria da Agricultura, 1974, 121p.

MUNGOMERY, V.E.; SHORTER, R.; BYTH, D.E. Genotype x environment interactions and environmental adaptation. I. Pattern analysis - Application to soya bean populations. **Australian Journal of Agricultural Research**, v.25, p.59-72, 1974.

MURAKAMI, D.M.; CRUZ, C.D. Proposal of methodologies for environment stratification and analysis of genotype adaptability. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v.4, p.7-11, 2004.

NIENHUIS, J., SINGH, S.P. Effects of location and plant density on yield and architectural traits in dry beans. **Crop Science**, v.25, n.4, p.579-584, 1985.

OLIVEIRA, A.C. **Comparação de alguns métodos de determinação da estabilidade em plantas cultivadas**. Brasília: UNB, 1976.64p. Dissertação (Mestrado)

OLIVEIRA, G.V, CARNEIRO, P.C. de S.;CARNEIRO, J.E. de S.; CRUZ, C.D. Adaptabilidade e estabilidade de linhagens de feijão comum em Minas Gerais. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.41, n.2, p.257-265, 2006.

OLIVEIRA, G.V. de; CARNEIRO, P.C. de S., DIAS, L.A. dos S.; CARNEIRO, J.E. de S.; CRUZ, C.D. Factor analysis in the environment stratification for the evaluation of common bean cultivars. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v.5, p.166-173, 2005.

PACOVA, B.E.V; CANDAL NETO, J.F; GUIDONI, A.L.; SANTOS, A.F.; VARGAS, A.A.T.; DESSAUNE FILHO, N. Adaptação e estabilidade fenotípica de cultivares de feijão preto no Espírito Santo. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.22, n.5, p.491-500, 1987.

PARK, S.J. Cultivar by environment interactions, yeild stability and grouping of test locations for field bean cultivar trials in Ontario. **Canadian Journal of Plant Science**, v.7, p.653-659, 1987;

PASCALE, A.J.; MOTA, F.S. Aspectos bioclimáticos da cultura do trigo no Rio Grande do Sul. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.1, p.123-140, 1966.

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

PETERSON, C.J. Similarities among test sites based on cultivar performance in the hard red winter wheat region. **Crop Science**, v.32, p.907-912, 1992.

PIANA, C.F. de B.; ANTUNES, I.F.; SILVA, J.G.C. da; SILVEIRA, E.P. Adaptabilidade e estabilidade do rendimento de grãos de genótipos de feijão (*Phaseolus vulgaris* L.). **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.34, n.4, p.553-564, 1999.

PIANA, C.F. de B.; SILVA, J.G.C. da; 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.

PORTO, R.P.; CORTAZZI, A.M. **Carta de Solos do Rio Grande do Sul**. Porto Alegre: Secretaria da Agricultura, 1985. (Mapa)

PORTES, T. de A. **Ecofisiologia**. In: Cultura do feijoeiro: fatores que afetam a produtividade. ZIMMERMANN, M.J. de O.; ROCHA, M.; YAMADA, T. (Eds.) Piracicaba: Associação Brasileira para Pesquisa da Potassa e do Fósforo, 1988. p.125-156.

PLAISTED, R.L.; PETERSON, L.C. A technique for evaluating the ability for selection to yield consistently in different locations or seasons. **American Journal Potato Research**, v.36, n.6, p.381-385,1959.

RAMALHO, M.A.P.; ABREU, A.F.B. ; RIGHETTO, G.H. Interação de cultivares de feijão por época de semeadura em diferentes localidades do Estado de Minas Gerais. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.28, n.10, p.1183-1189, 1993.

RAMALHO, M.A.P.; ABREU, A.F.B.; SANTOS, P.S.J. Desempenho de progênies precoces de feijoeiro (*Phaseolus vulgaris* L.) em diferentes locais e épocas de plantio. **Revista Ceres**, v.40, p.272- 280, 1993.

RAMALHO, M.A.P.; ABREU, A.F.B.; SANTOS, P.S.J. Interação genótipos x épocas de semeadura, anos e locais na avaliação de cultivares de feijão nas regiões Sul e Alto Paranaíba em Minas Gerais. **Ciência e Agrotecnologia**, v.22, p.176-181, 1998.

RAMALHO, M.A.P.; SANTOS, P.S.J.; ZIMMERMANN, M.J. de O. **Genética quantitativa em plantas autógamas: aplicações ao melhoramento do feijoeiro**. Goiânia: Editora da UFG, 1993. 271p.

RIBEIRO, N.D.; CARGNELUTTI FILHO, A.; JOST, E.; POERSCH, N.L.; TRENTIN, M. Alterações em caracteres agromorfológicos em função da densidade de plantas em cultivares de feijão. **Revista Brasileira de Agrociência**, v.10, n.2, p.167-173, 2004a.

RIBEIRO, N.D.; JOST, E.; POSSEBON, S.B.; CARGNELUTTI FILHO, A. Adaptabilidade e estabilidade de cultivares registradas de feijão em diferentes épocas de semeadura para a depressão central do Rio Grande do Sul. **Ciência Rural**, v.34, n.5, 1395-1400, 2004b.

ROHLF, F.J. **NTSYS-pc: Numerical Taxonomy and Multivariate Analysis System**, Version 2.1. Exeter Software, New York, 2000.

ROSITO, C. **Interação genótipo por locais em trigo no Rio Grande do Sul**. Piracicaba: ESALQ/USP, 1974. 80p. Dissertação (Mestrado)

SAEED; M.; FRANCIS; C.A. Association of weather variables with genotype x environment interactions in grain sorghum. **Crop Science**, v.24, p.13-16. 1984.

SANTOS, J.B. **Estabilidade fenotípica de cultivares de feijão (*Phaseolus vulgaris* L.) nas condições do sul de Minas Gerais**. Piracicaba: ESALQ/USP, 1980. 110p. Dissertação (Mestrado)

SATTERTHWAITE F.C. An approximate distribution of estimates of variance components. **Biometrics**, p.110-114, 1946.

SEARLE, S. R.; CASELLA, G.; MCCULLOCH, C. E. **Variance Components**. New York: John Wiley, 1992. 531p.

SEIF, E.; EVANS, J.C.; BALAAM, L.N. A multivariate procedure for classifying environments according to their interaction with genotypes. **Australian Journal of Agricultural Research**, v.30, p.1021-1026, 1979.

SEPLAG – SECRETARIA DO PLANEJAMENTO E GESTÃO / Governo do Estado do Rio Grande do Sul. **Atlas Socioeconômico Rio Grande do Sul**. Disponível em: <<http://www.scp.rs.gov.br/atlas/atlas.asp?menu=45>>. Acesso em: 20 dez. 2008.

SHUKLA, G.K. Some statistical aspects of partitioning genotype-environmental components of variability. **Heredity**, v.29, p.237-245, 1972.

SILVA, C.C. Estabelecimento da cultura. In: ARAÚJO, R.S.; RAVA, C.A.; STONE, L.F.; ZIMMERMANN, M.J.O. **Cultura do feijoeiro comum no Brasil**. Piracicaba: Potafós, 1996. p.417-428.

SILVA, E.C. da. Classificações ambientais para controlar a interação genótipo x ambiente com aplicação à cultura do trigo no Rio Grande do Sul. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.17, n.5, p.757-766, 1982.

SILVA, J.G.C. da. Análise da adaptabilidade através de regressão linear segmentada: 1. Fundamentos. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.30, n.4, p.435-448, 1995.

SILVA, J.G.C. da. Análise da adaptabilidade por regressão segmentada com estimação da junção dos segmentos **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.33, n.7, p.1013-1029, 1998.

SILVA, J.G.C. da. Problems and solutions in the statistical analysis of wide-range experiments: heterogeneity of variance. **Biometric Bulletin**, v.14, n.3, p.15, 1997.

SILVA, J.G.C. da.; BARRETO, J.N. An application of segmented linear regression to the study of genotype x environment interaction. **Biometrics**, v.41, n.4, p.1093, 1985.

SILVEIRA, E.P. **Interação genótipo por locais em arroz de sequeiro (*Oryza sativa* L.) no Estado de São Paulo**. Piracicaba: ESALQ/USP, 1980. 97p. Dissertação (Mestrado) Genética e Melhoramento de Plantas.

SNEATH, P.H.A; SOKAL, R.R. **Principles of numerical taxonomy**. San Francisco: W.H. Freeman e Company, 1973, 573p.

SOKAL, R.R.; MICHENER, C.D. A statistical method for evaluating systematic relationships. **The University of Kansas science bulletin**, v.38, p.1409-1438, 1958.

TAI, G.C.C. Genotype stability analysis and its application to potato regional trials. **Crop Science**, v.11, p.184-190, 1971.

THOMPSON, W.A. The problem of negative estimates of variance components. **Annals of Mathematical Statistics**, v.33, p.273-289, 1962.

TOLER, J.E.; BURROWS, P.M. Genotype performance over environmental arrays: a non-linear grouping protocol. **Journal of Applied Statistics**, [S.l.], v.25, n.1, p.131-143, 1998.

UNANDER, D.W.; DÍAS-DONAIRE, R.; BEAVER, J.S.; CERNA-GARCÍA, J.; RUEDA, D. Yield stability of dry bean genotypes in Honduras. **Journal of Agriculture**, v.73, n.4, p.339-347, 1989.

VENCOVSKI, R.; TORRES, R.A.A. Estabilidade geográfica e temporal de alguns cultivares de milho. In: Congresso Nacional de Milho e Sorgo, 16, Belo Horizonte, 1986. **Anais**. Sete Lagoas: EMBRAPA/CNPMS, p.294-300, 1988.

VENKOVSKY, R.; BARRIGA, P. **Genética Biométrica no Fitomelhoramento**. Ribeirão Preto: Sociedade Brasileira de Genética, 1992. 486p.

VERMA, M.M.; CHAHAL, G.S.; MURTY, B.R. Limitations of conventional regression analysis. A proposed modification. **Theoretical and Applied Genetics**, v.53, p.89-91, 1978.

WIKIPÉDIA – A enciclopédia livre. **Rio Grande do Sul**. Mesorregiões, microrregiões e municípios. Disponível em: <http://pt.wikipedia.org/wiki/Rio_grande_do_sul>. Acesso em: 2 fev. 2009.

WRICKE, O. Über eine methode zur erfassung der ökologischem streubreite in feldversuchen. **Z. Pflanzenzucht**, v.47, n.1, p.92-96, 1962.

YAN, W.; HUNT, L.A.; SHENG, Q.; SZLAVNICS, Z. Cultivar evaluation and mega-environment Investigation based on the GGE biplot. **Crop Science**, v.40, p.597-605, 2000.

YAN, W.; TINKER, N.A. An integrated biplot analysis system for displaying, interpreting, and exploring genotype x environment interaction. **Crop Science**, v.45, p.1004-1016, 2005.

YATES, F.; COCHRAN, W.G. The analysis of groups of experiments. **Journal of Agricultural Science**, v.28, p.556-580, 1938.

Apêndices

Apêndice A

Programas para o processamento das análises estatísticas no SAS

1 Análises de variância

1.1 Análises individuais dos ambientes, considerando todos os fatores como aleatórios, pela instrução “random”, para obtenção dos estimativas dos erros experimentais.

```
proc sort data=feijao; by ano local;
proc mixed data=feijao; by ano local;
class bloco genotipo;
model = ;
random bloco genotipo;
run;
```

1.2 Análises conjuntas anuais, para obtenção dos valores preditos dos efeitos da interação genótipo x local e testes de significâncias dos componentes de variância.

1.2.1 Análises conjuntas anuais, considerando todos os fatores como aleatórios e a heterogeneidade da variância do erro experimental, pela instrução “repeated/group=local”, sem atribuição de valores iniciais para os parâmetros.

```
proc sort data=feijao; by ano;
proc mixed data=feijao; by ano;
class local bloco genotipo;
model = ;
random local bloco(local) genotipo local*genotipo;
repeated / group=local;
run;
```

1.2.2 Análises conjuntas anuais, considerando todos os fatores como aleatórios e ignorando a heterogeneidade da variância do erro, para obtenção dos valores iniciais para os efeitos de fatores.

```
proc sort data=feijao; by ano;
proc mixed data=feijão; by ano;
class local bloco genotipo;
model = ;
random local bloco(local) genotipo local*genotipo;
run;
```

1.2.3 Análises conjuntas anuais, considerando todos os fatores como aleatórios, a heterogeneidade da variância do erro experimental, com atribuição de valores iniciais para os parâmetros, pela instrução “parms”, e a opção “covtest” para a execução do teste Wald.

Exemplo: Ano 1 - Análise conjunta dos sete locais no ano 1, com valores iniciais para os quatro efeitos de fatores e os sete erros experimentais dos locais, nesta ordem.

```
proc mixed data=ano1 covtest;
class local bloco genotipo;
model = ;
random local bloco(local) genotipo local*genotipo;
parms (xxxx) (xxxx) (xxxx) (xxxx) (xxxx) (xxxx) (xxxx) (xxxx)
(xxxx) (xxxx) (xxxx);
repeated / group=local;
run;
```

1.3 Análises de subconjuntos dos oito anos, para obtenção dos valores preditos dos efeitos da interação genótipo x local e testes de significâncias dos componentes de variância.

1.3.1 Análises de subconjuntos dos oito anos, considerando todos os fatores como aleatórios e ignorando a heterogeneidade da variância do erro, para obtenção dos valores iniciais para os efeitos de fatores.

```
proc mixed data= subconj1;
class genotipo bloco local ano ambiente;
model rend = ;
random ano local ano*local bloco(ano local) genotipo
genotipo*ano genotipo*local genotipo*ano*local;
repeated / group=ambiente;
run;
```

1.3.2. Análises de subconjuntos dos oito anos, considerando todos os fatores como aleatórios, a heterogeneidade da variância do erro experimental, com atribuição de valores iniciais para os parâmetros e a opção “covtest” para a execução do teste de Wald.

Exemplo: Conjunto dos anos 1-8 - Análise conjunta dos 72 ambientes dos oito anos, com valores iniciais para os oito efeitos de fatores e os 72 erros experimentais, nesta ordem).

[illegible]

2. Regionalização

2.1 Medida de similaridade

2.1.1 Análises para obtenção da matriz de distâncias entre pares de locais, a partir dos valores preditos da interação genótipo x local determinados no passo anterior.

Exemplo – Ano 1

2.1.1.1 Construção da matriz de valores preditos dos efeitos da interação genótipo x local, a partir do conjunto dos valores preditos do ano 1, alocando genótipos nas linhas e locais nas colunas.

```
data l1; set ano1; if local=1; gxl_1=gxl; keep genotipo
gxl_1; proc sort; by genotipo;
data l2; set ano1; if local=2; gxl_2=gxl; keep genotipo
gxl_2; proc sort; by genotipo;
data l3; set ano1; if local=3; gxl_3=gxl; keep genotipo
gxl_3; proc sort; by genotipo;
data l4; set ano1; if local=4; gxl_4=gxl; keep genotipo
gxl_4; proc sort; by genotipo;
data l5; set ano1; if local=5; gxl_5=gxl; keep genotipo
gxl_5; proc sort; by genotipo;
data l6; set ano1; if local=6; gxl_6=gxl; keep genotipo
gxl_6; proc sort; by genotipo;
data l7; set ano1; if local=7; gxl_7=gxl; keep genotipo
gxl_7; proc sort; by genotipo;
data ano_1; merge l1 l2 l3 l4 l5 l6 l7; by genotipo;
proc print;
run;
```

2.1.1.2 Cálculo do quadrado da diferença dos vetores de valores preditos de cada par de locais.

```
data um; set ano_1;
gl1_2=(gxl_1-gxl_2)**2;
gl1_3=(gxl_1-gxl_3)**2;
gl1_4=(gxl_1-gxl_4)**2;
gl1_5=(gxl_1-gxl_5)**2;
gl1_6=(gxl_1-gxl_6)**2;
gl1_7=(gxl_1-gxl_7)**2;
gl2_3=(gxl_2-gxl_3)**2;
gl2_4=(gxl_2-gxl_4)**2;
gl2_5=(gxl_2-gxl_5)**2;
gl2_6=(gxl_2-gxl_6)**2;
gl2_7=(gxl_2-gxl_7)**2;
gl3_4=(gxl_3-gxl_4)**2;
gl3_5=(gxl_3-gxl_5)**2;
gl3_6=(gxl_3-gxl_6)**2;
gl3_7=(gxl_3-gxl_7)**2;
gl4_5=(gxl_4-gxl_5)**2;
```

```

gl4_6=(gx1_4-gx1_6)**2;
gl4_7=(gx1_4-gx1_7)**2;
gl5_6=(gx1_5-gx1_6)**2;
gl5_7=(gx1_5-gx1_7)**2;
gl6_7=(gx1_6-gx1_7)**2;
proc print;
run;

```

2.1.1.3 Cálculo da soma dos quadrados das diferenças de valores preditos de cada par de locais.

```

proc means sum;
  var gl1_2 gl1_3 gl1_4 gl1_5 gl1_6 gl1_7 gl2_3 gl2_4 gl2_5
  gl2_6 gl2_7 gl3_4 gl3_5 gl3_6 gl3_7 gl4_5 gl4_6 gl4_7
  gl5_6 gl5_7 gl6_7;
  output out=saida sum=gl1_2 gl1_3 gl1_4 gl1_5 gl1_6 gl1_7
  gl2_3 gl2_4 gl2_5 gl2_6 gl2_7 gl3_4 gl3_5 gl3_6 gl3_7
  gl4_5 gl4_6 gl4_7 gl5_6 gl5_7 gl6_7;
run;

```

2.1.1.4 Obtenção das distâncias euclidianas para cada par de locais: cálculo da raiz quadrada da soma dos quadrados das diferenças dividida pelo número de genótipos comuns para cada par de locais.

```

data dois; set saida;
  d_12=sqrt(gl1_2/30);
  d_13=sqrt(gl1_3/30);
  d_14=sqrt(gl1_4/30);
  d_15=sqrt(gl1_5/30);
  d_16=sqrt(gl1_6/30);
  d_17=sqrt(gl1_7/30);
  d_23=sqrt(gl2_3/30);
  d_24=sqrt(gl2_4/30);
  d_25=sqrt(gl2_5/30);
  d_26=sqrt(gl2_6/30);
  d_27=sqrt(gl2_7/30);
  d_34=sqrt(gl3_4/30);
  d_35=sqrt(gl3_5/30);
  d_36=sqrt(gl3_6/30);
  d_37=sqrt(gl3_7/30);
  d_45=sqrt(gl4_5/30);
  d_46=sqrt(gl4_6/30);
  d_47=sqrt(gl4_7/30);
  d_56=sqrt(gl5_6/30);
  d_57=sqrt(gl5_7/30);
  d_67=sqrt(gl6_7/30);
  keep d_12 d_13 d_14 d_15 d_16 d_17 d_23 d_24 d_25 d_26
  d_27 d_34 d_35 d_36 d_37 d_45 d_46 d_47 d_56 d_57 d_67;
proc print;
run;

```

2.2 Determinação do ponto de parada do processo de agrupamento

2.2.1 Análises anuais

Exemplo: Ano 1 – Estágio 5

2.2.1.1 Definição dos dois grupos (regiões) resultantes do estágio 5 do processo de agrupamento dos locais.

```
data estagio5; set ano1;
*grupos: (2,5,3,1,4) (6,7);
grupo=1; if local=6 or local=7 then grupo=2;
run;
```

2.2.1.2 Análise conjunta do ano 1, incluindo o fator fixo Grupo, considerando a heterogeneidade da variância do erro experimental e atribuindo valores iniciais para os 12 parâmetros (referentes aos cinco efeitos de fatores e aos sete erros experimentais, nesta ordem).

```
proc mixed data=estagio5;
class genotipo bloco local grupo;
model rend = grupo;
random local(grupo) bloco(local) genotipo genotipo*grupo
genotipo*local(grupo);
parms xxxx)(xxxx)(xxxx)(xxxx)(xxxx)(xxxx)(xxxx)(xxxx)
(xxxx)(xxxx)(xxxx)(xxxx);
repeated / group=local;
run;
```

2.2.1.3 Análise análoga à anterior, excluindo o termo da interação “genotipo*local(grupo)”, com o propósito de proceder ao teste da razão de verossimilhança.

```
proc mixed data=estagio5;
class genotipo bloco local grupo;
model rend = grupo;
random local(grupo) bloco(local) genotipo genotipo*grupo;
parms (xxxx) (xxxx) (xxxx) (xxxx) (xxxx) (xxxx) (xxxx) (xxxx)
(xxxx) (xxxx) (xxxx);
repeated / group=local;
run;
```

2.2.2 Análises de subconjuntos dos oito anos

Exemplo: Conjunto dos anos 1-8 – Estágio 8

2.2.2.1 Definição dos seis grupos resultantes do estágio 8 do processo de agrupamento dos locais.

```
data estagio8; set ano1_8;
*grupos: (5,8,7) (1,12,9,10) (2,4) (3) (13,20,17) (21);
grupo=1; if local=1 or local=12 or local=9 or local=10
then grupo=2; if local=2 or local=4 then grupo=3; if
local=3 then grupo=4; if local=13 or local=20 or local=17
then grupo=5; if local=21 then grupo=6;
run;
```

2.2.2.2 Análise conjunta dos 72 ambientes do conjunto dos oito anos, incluindo o fator Grupo, considerando a heterogeneidade da variância do erro experimental, atribuindo valores iniciais para os 83 parâmetros (referentes aos 11 efeitos de fatores e aos 72 erros experimentais, nesta ordem) e fixando os valores iniciais para os erros pela opção “hold= 12,13,14,...,83”.

```
proc mixed data=estagio8;
class genotipo bloco ano local grupo ambiente;
model rend = grupo;
random ano local(grupo) ano*grupo ano*local(grupo)
bloco(ano local) genotipo genotipo*ano genotipo*grupo
genotipo*local(grupo) genotipo*ano*grupo
genotipo*ano*local(grupo);
parms (xxxx) (xxxx) (xxxx) (xxxx) (xxxx) (xxxx) (xxxx) (xxxx)
(xxxx) (xxxx) (xxxx) (xxxx) (xxxx) (xxxx) (xxxx) (xxxx)
(xxxx) (xxxx) (xxxx) (xxxx) (xxxx) (xxxx) (xxxx) (xxxx)
(xxxx) (xxxx) (xxxx) (xxxx) (xxxx) (xxxx) (xxxx) (xxxx)
(xxxx) (xxxx) (xxxx) (xxxx) (xxxx) (xxxx) (xxxx) (xxxx)
(xxxx) (xxxx) (xxxx) (xxxx) (xxxx) (xxxx) (xxxx) (xxxx)
(xxxx) (xxxx) (xxxx) (xxxx) (xxxx) (xxxx) (xxxx) (xxxx)
(xxxx) (xxxx) (xxxx) (xxxx) (xxxx) (xxxx) (xxxx) (xxxx)
(xxxx) (xxxx) (xxxx) (xxxx) (xxxx) (xxxx) (xxxx) (xxxx)
(xxxx) (xxxx) (xxxx) / hold= 12,13,14,15,16,17,18,19,20,21,
22,23,24,25,26,27,28,29,30,31,32,33,34,35,36,37,38,39,40,
41,42,43,44,45,46,47,48,49,50,51,52,53,54,55,56,57,58,59,
60,61,62,63,64,65,66,67,68,69,70,71,72,73,74,75,76,77,78,
79,80,81,82,83;
repeated / group=ambiente;
run;
```


2.2.2.3 Análise análoga à anterior, excluindo o termo da interação “genotipo*local(grupo)”, para proceder ao teste da razão de verossimilhança.

```
proc mixed data=estagio8;
class genotipo bloco ano local grupo ambiente;
model rend = grupo;
random ano local(grupo) ano*grupo ano*local(grupo)
bloco(ano local) genotipo genotipo*ano genotipo*grupo
genotipo*ano*grupo genotipo*ano*local(grupo);
parms (xxxx) (xxxx) (xxxx) (xxxx) (xxxx) (xxxx) (xxxx) (xxxx)
(xxxx) (xxxx) (xxxx) (xxxx) (xxxx) (xxxx) (xxxx) (xxxx)
(xxxx) (xxxx) (xxxx) (xxxx) (xxxx) (xxxx) (xxxx) (xxxx)
(xxxx) (xxxx) (xxxx) (xxxx) (xxxx) (xxxx) (xxxx) (xxxx)
(xxxx) (xxxx) (xxxx) (xxxx) (xxxx) (xxxx) (xxxx) (xxxx)
(xxxx) (xxxx) (xxxx) (xxxx) (xxxx) (xxxx) (xxxx) (xxxx)
(xxxx) (xxxx) (xxxx) (xxxx) (xxxx) (xxxx) (xxxx) (xxxx)
(xxxx) (xxxx) (xxxx) (xxxx) (xxxx) (xxxx) (xxxx) (xxxx)
(xxxx) (xxxx) (xxxx) (xxxx) (xxxx) (xxxx) (xxxx) (xxxx)
(xxxx) (xxxx) / hold= 11,12,13,14,15,16,17,18,19,20,
21,22,23,24,25,26,27,28,29,30,31,32,33,34,35,36,37,38,39,
40,41,42,43,44,45,46,47,48,49,50,51,52,53,54,55,56,57,58,
59,60,61,62,63,64,65,66,67,68,69,70,71,72,73,74,75,76,77,
78,79,80,81,82,82;
repeated / group=ambiente;
run;
```

Apêndice B

Dendrogramas e mapas das análises de agrupamento anuais

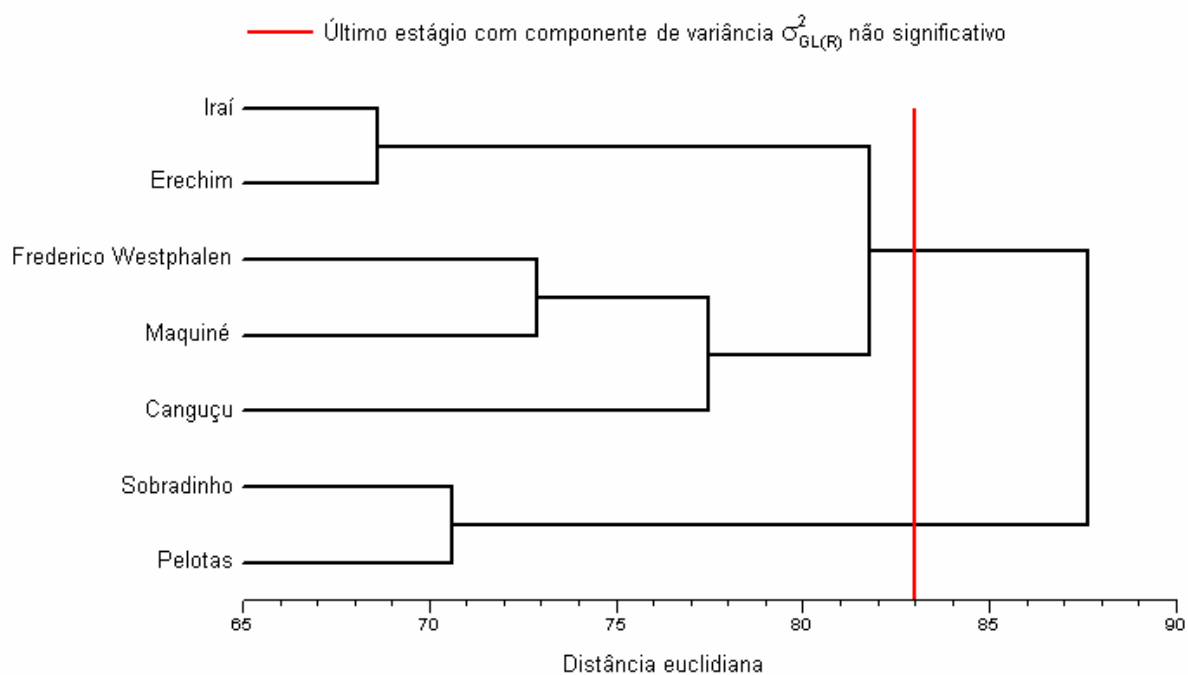


Figura B.1. Dendrograma do agrupamento de sete locais no ano agrícola 1987/88.

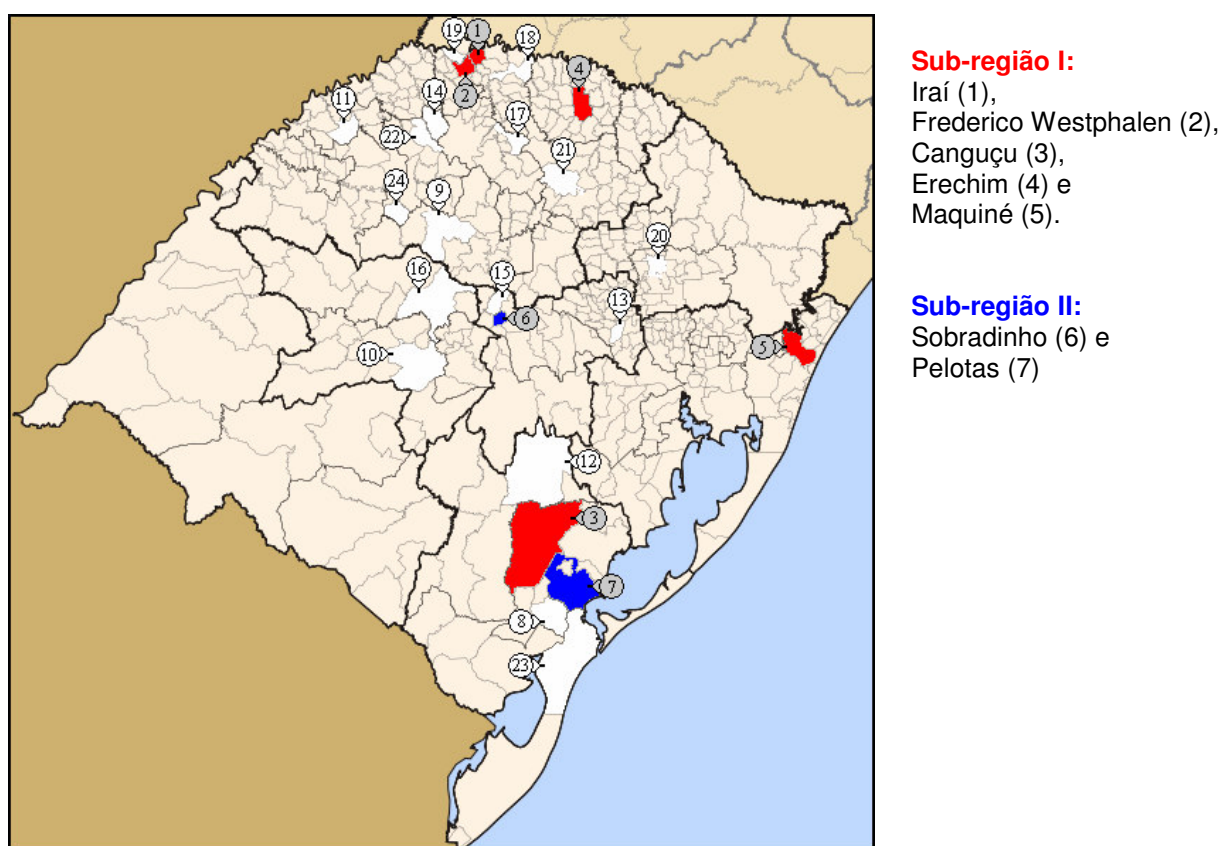


Figura B.2. Localização das duas sub-regiões do ano agrícola 1987/88 no mapa do Rio Grande do Sul.

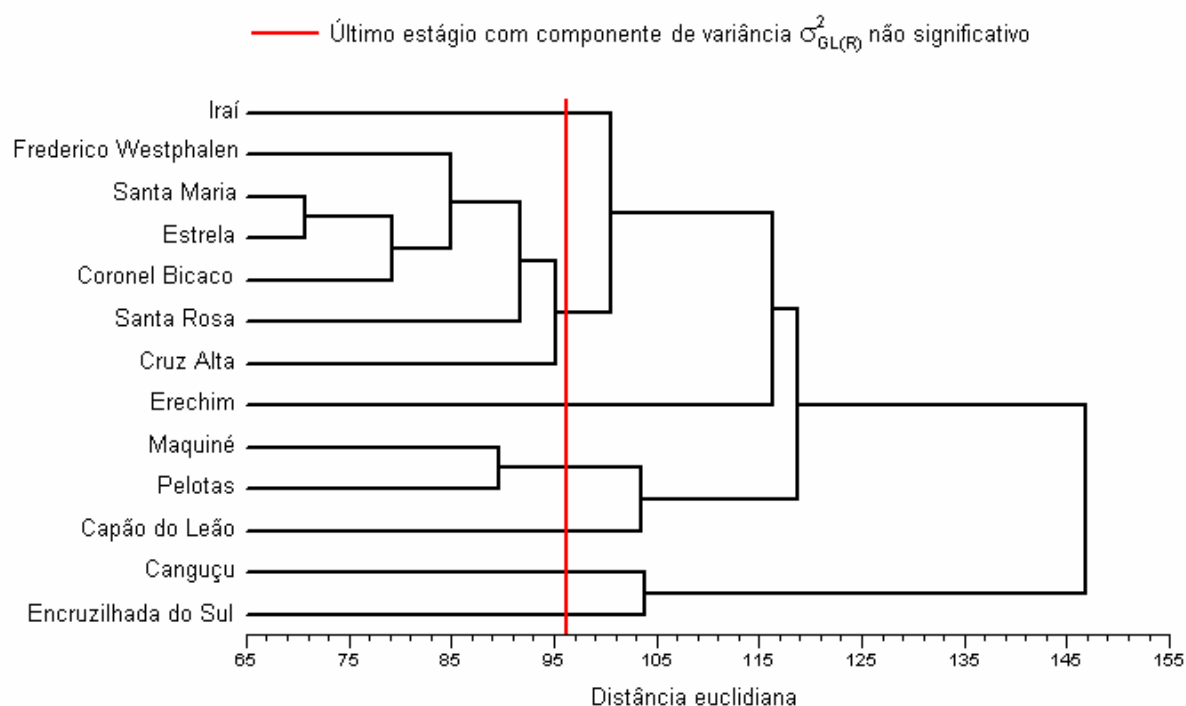


Figura B.3. Dendrograma do agrupamento de 13 locais no ano agrícola 1988/89.

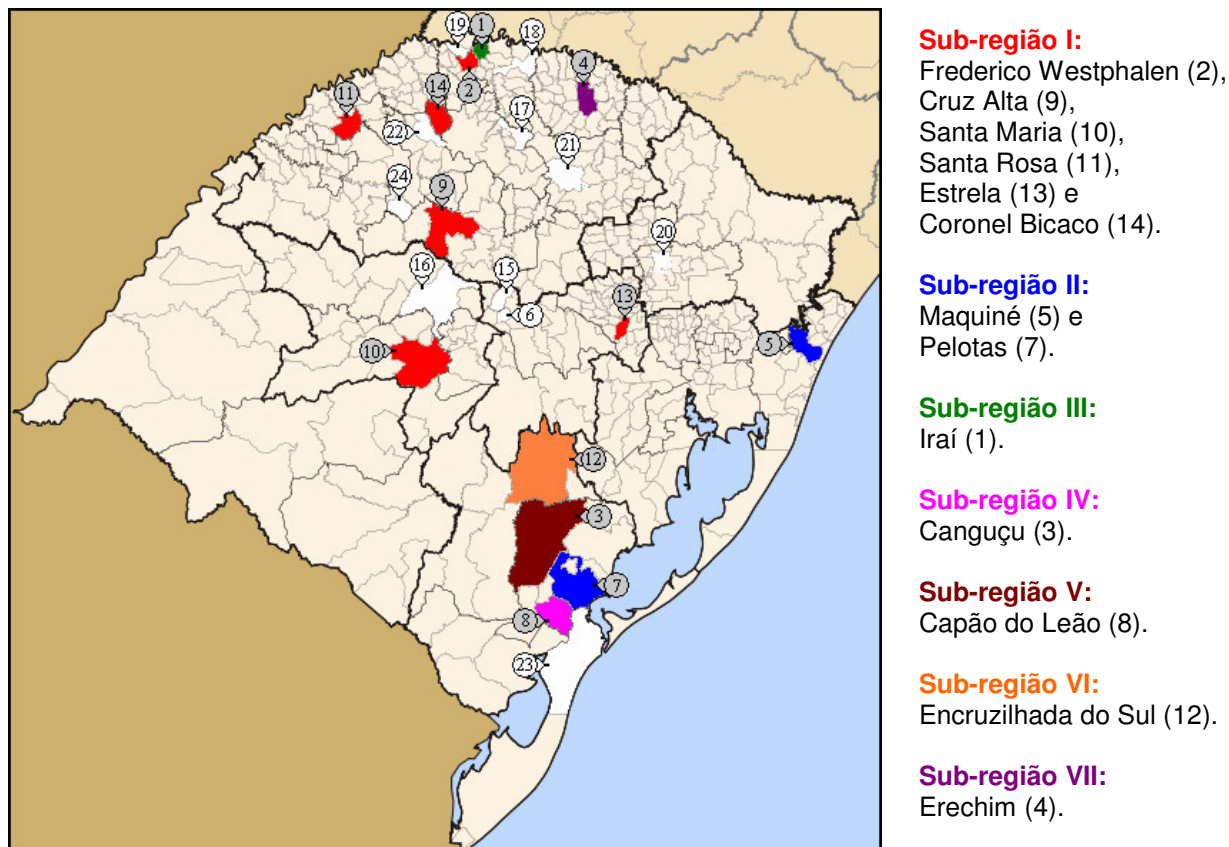


Figura B.4. Localização das sete sub-regiões do ano agrícola 1988/89 no mapa do Rio Grande do Sul.

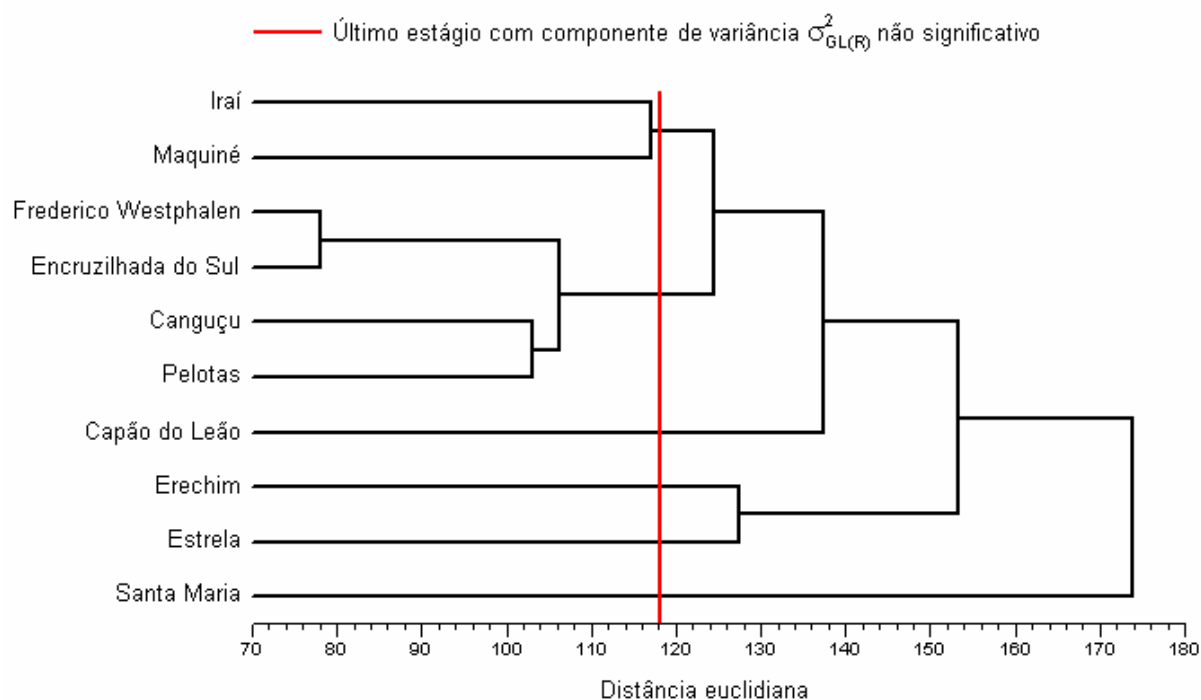


Figura B.5. Dendrograma do agrupamento de dez locais no ano agrícola 1989/90.

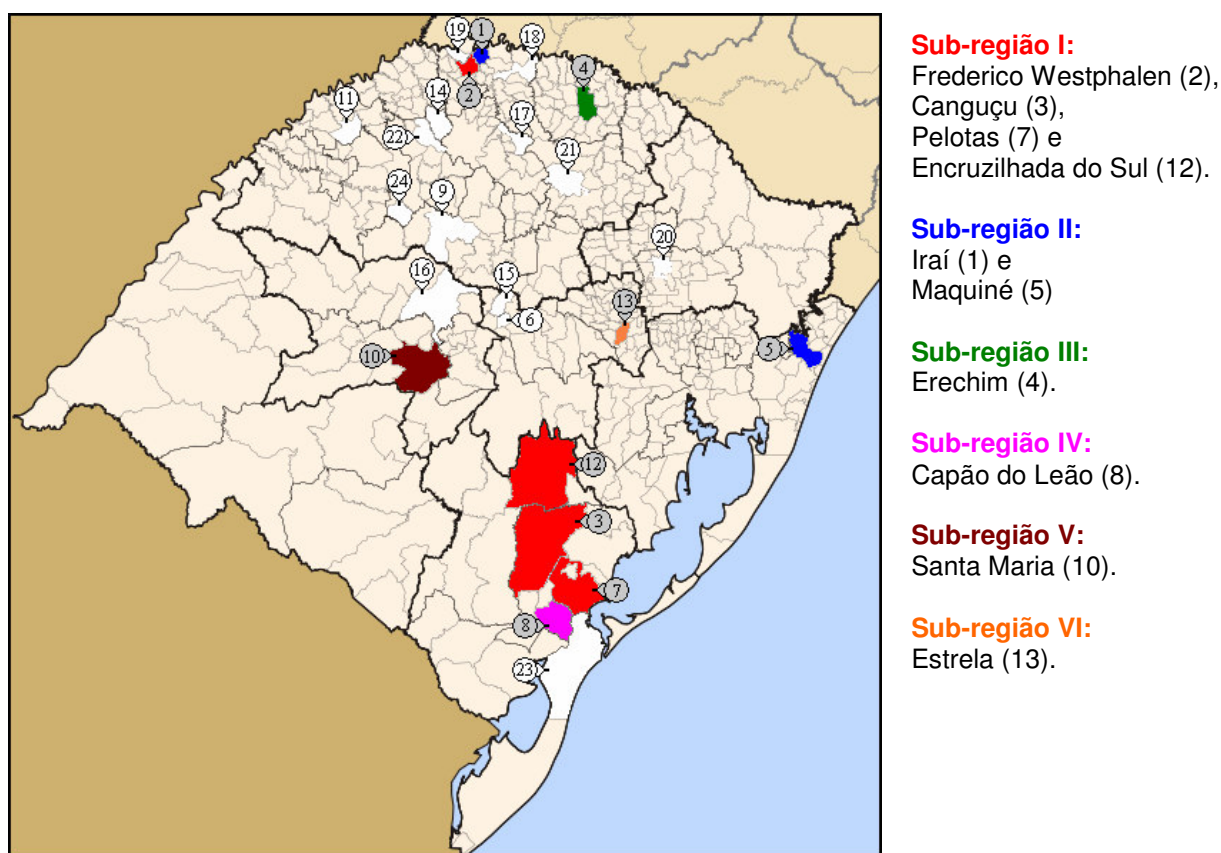


Figura B.6. Localização das seis sub-regiões do ano agrícola 1989/90 no mapa do Rio Grande do Sul.

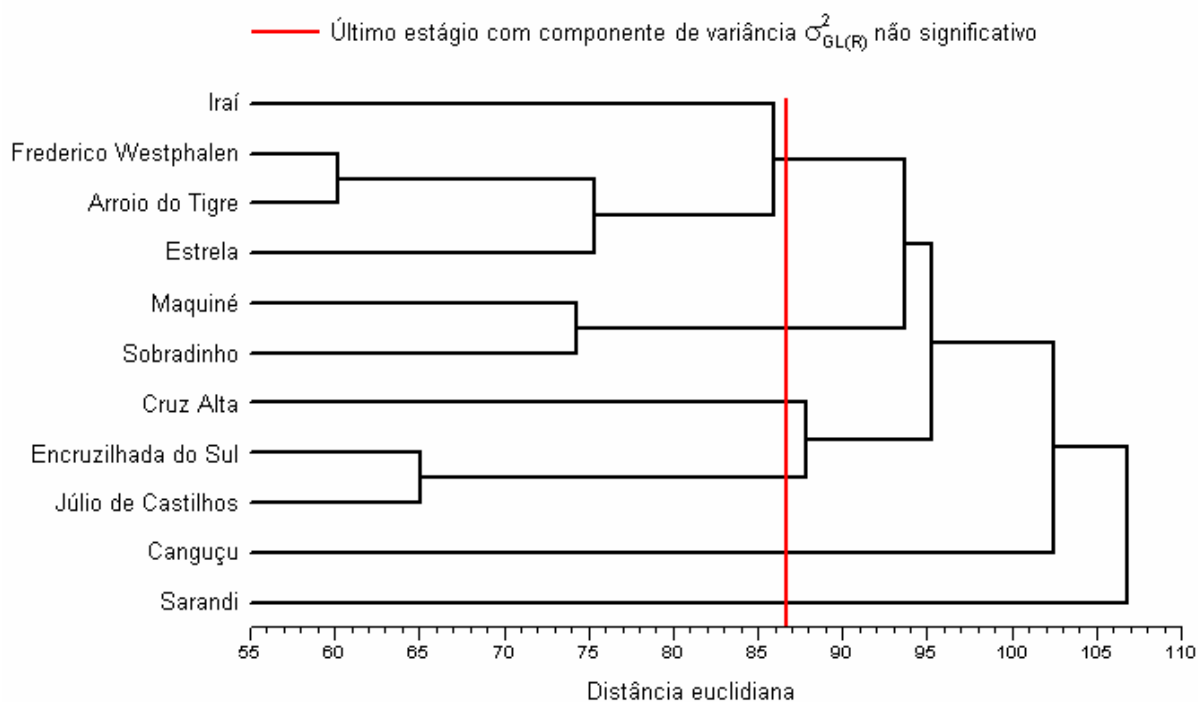


Figura B.7. Dendrograma do agrupamento de 11 locais no ano agrícola 1990/91.

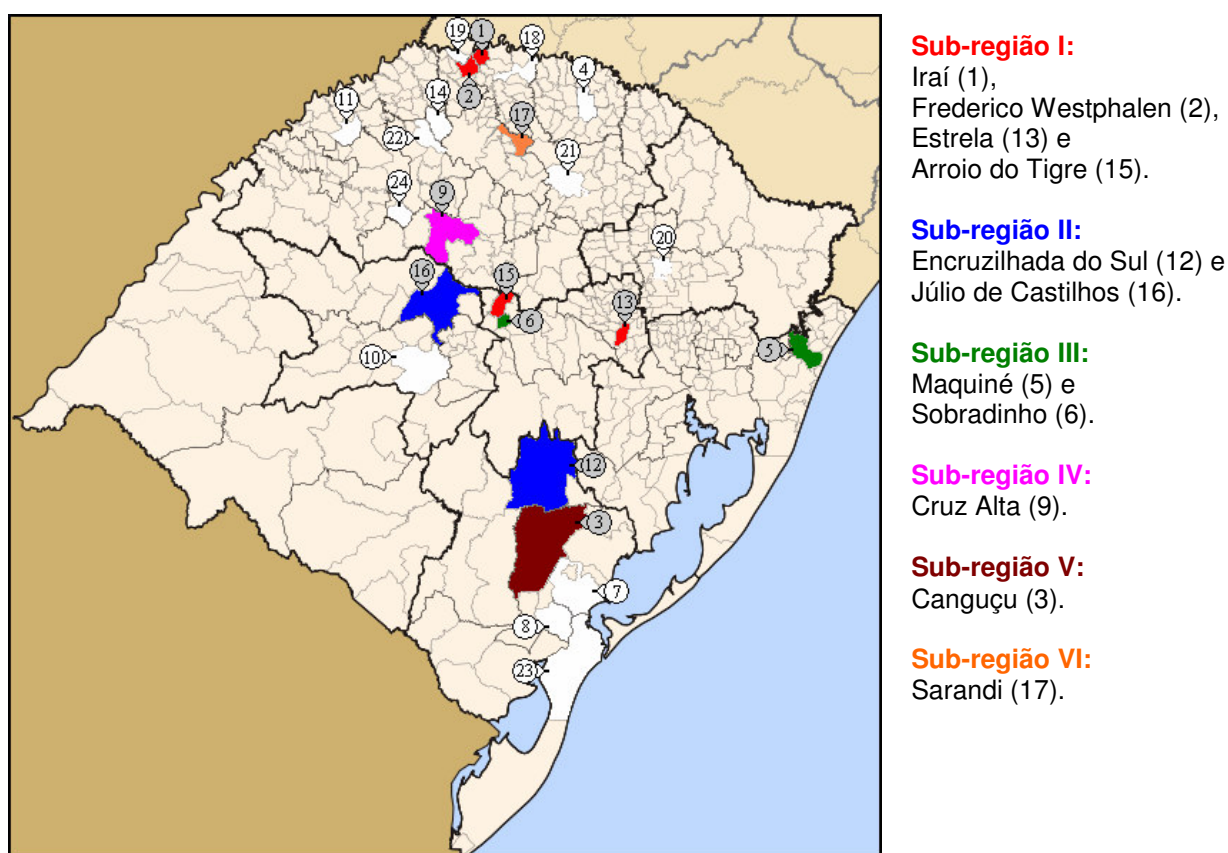


Figura B.8 Localização das seis sub-regiões do ano agrícola 1990/91 no mapa do Rio Grande do Sul.

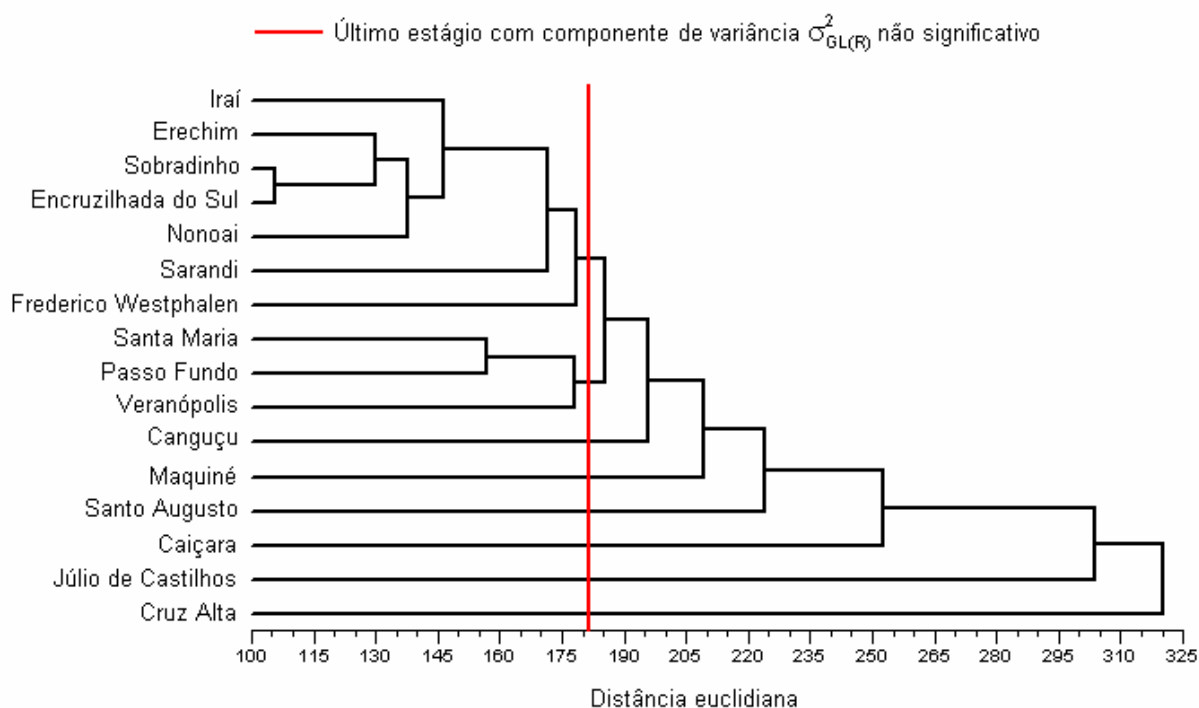


Figura B.9. Dendrograma do agrupamento de 16 locais no ano agrícola 1991/92.

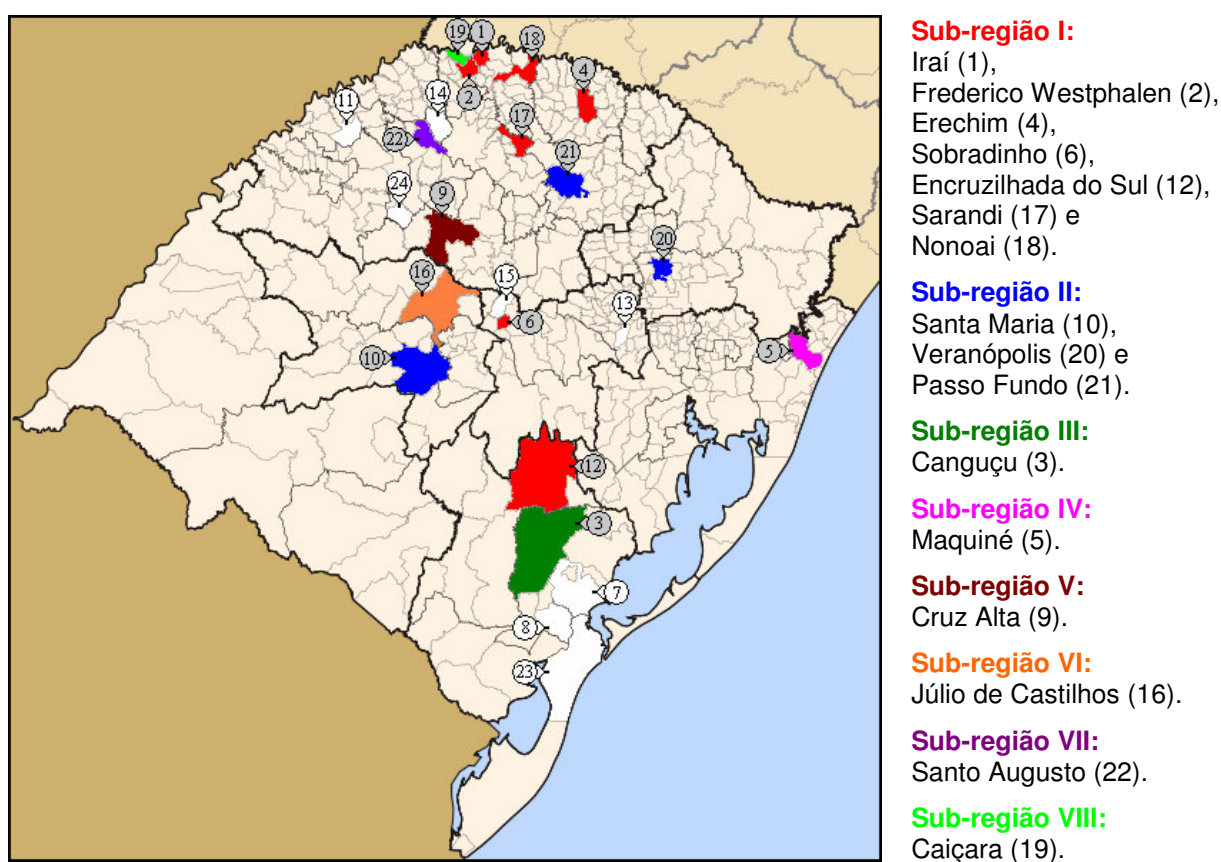


Figura B.10. Localização das oito sub-regiões do ano agrícola 1991/92 no mapa do Rio Grande do Sul.

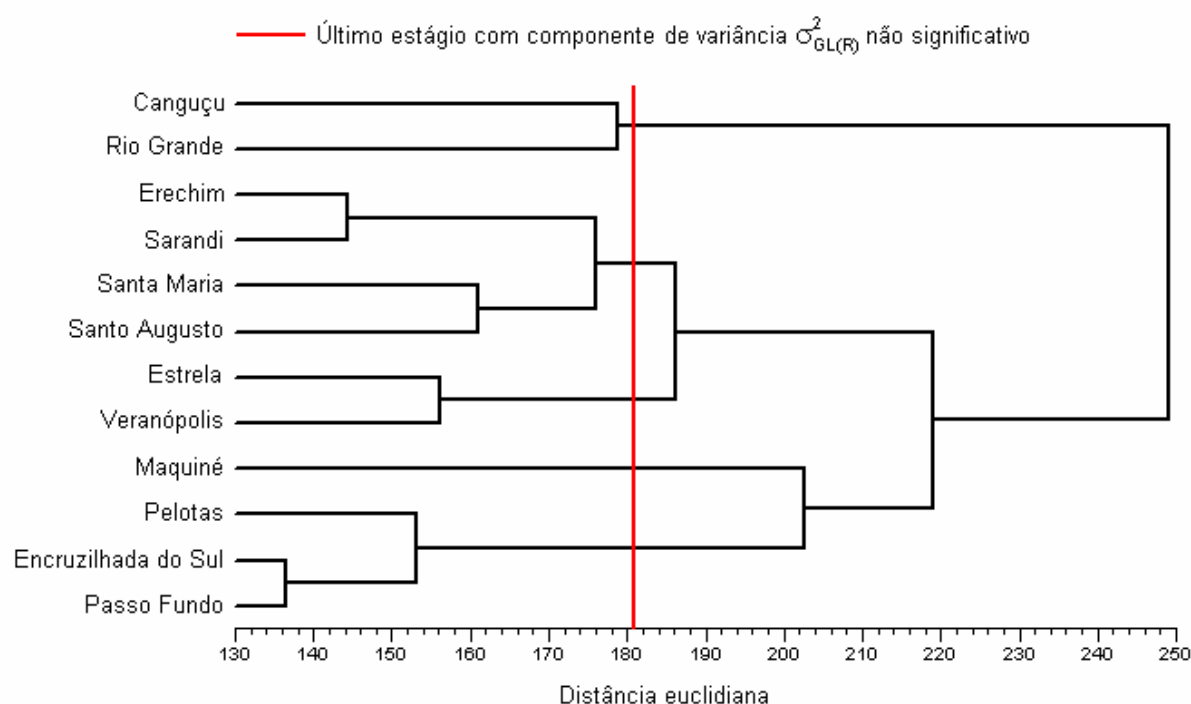


Figura B.11. Dendrograma do agrupamento de 12 locais no ano agrícola 1992/93.

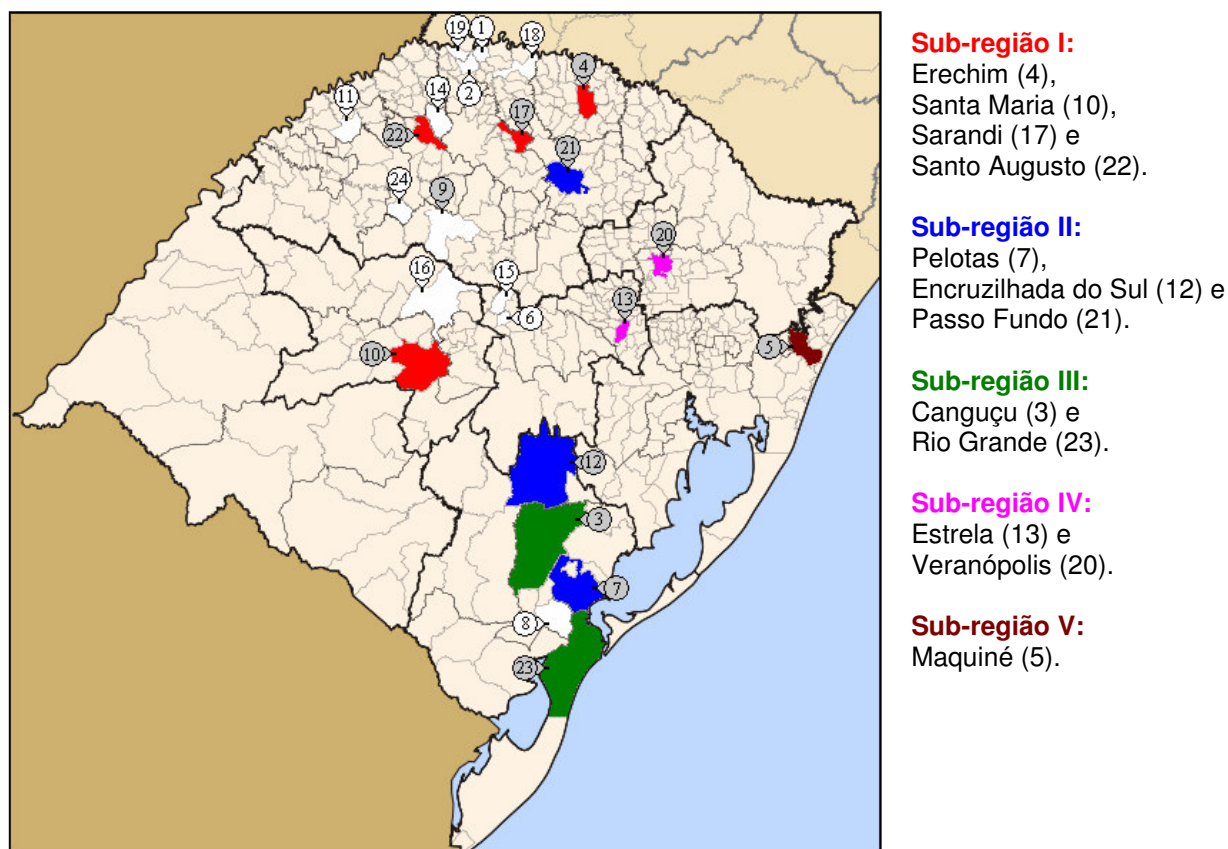


Figura B.12. Localização das cinco sub-regiões do ano agrícola 1992/93 no mapa do Rio Grande do Sul.

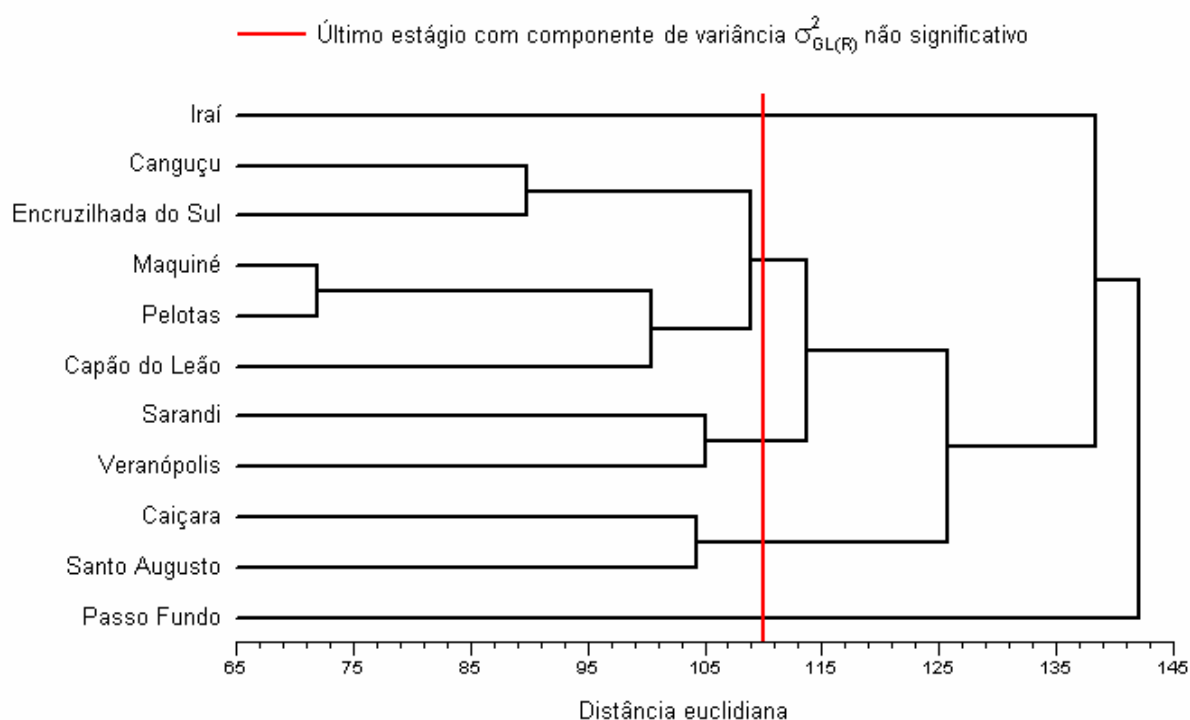


Figura B.13. Dendrograma do agrupamento de 11 locais no ano agrícola 1993/94.

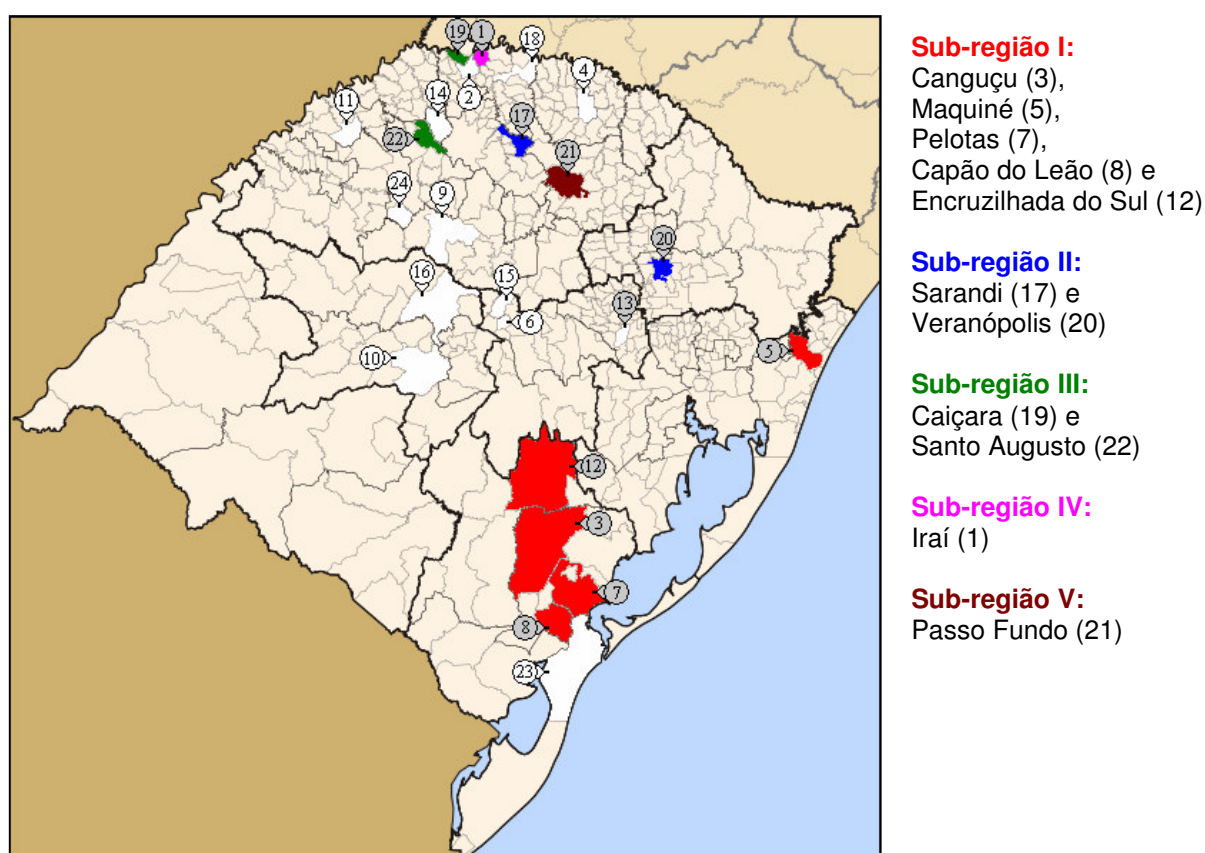


Figura B.14. Localização das cinco sub-regiões do ano agrícola 1993/94 no mapa do Rio Grande do Sul.

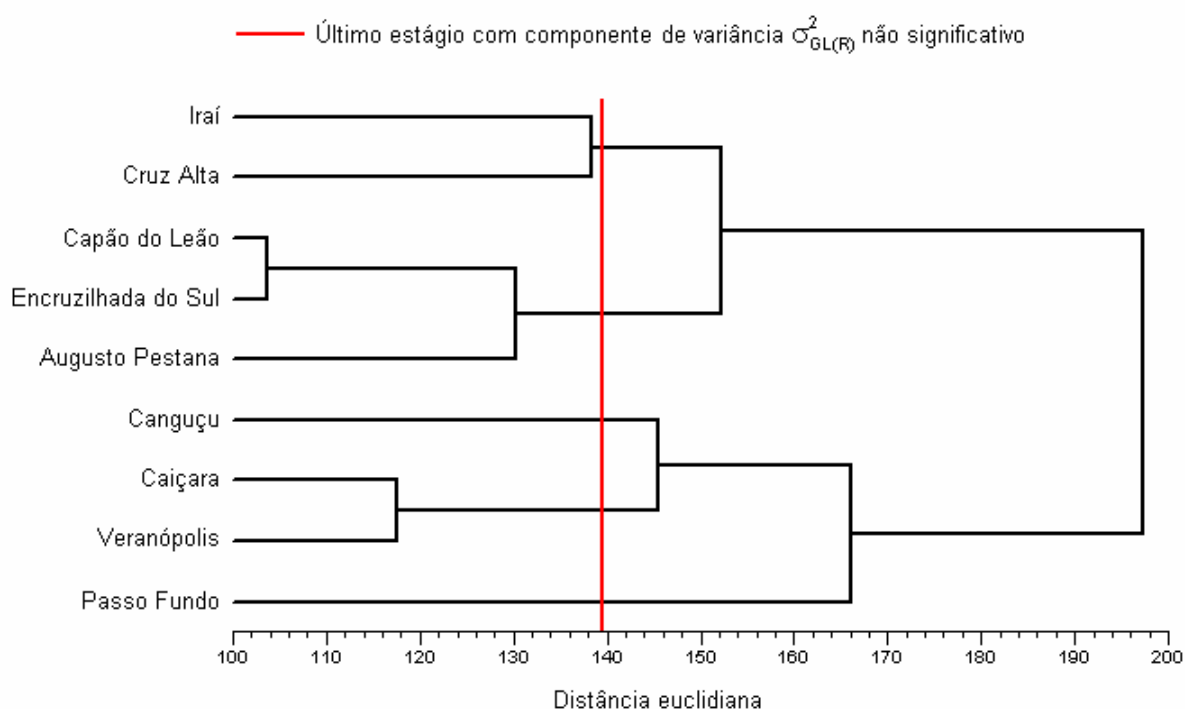


Figura B.15. Dendrograma do agrupamento de nove locais no ano agrícola 1994/95.

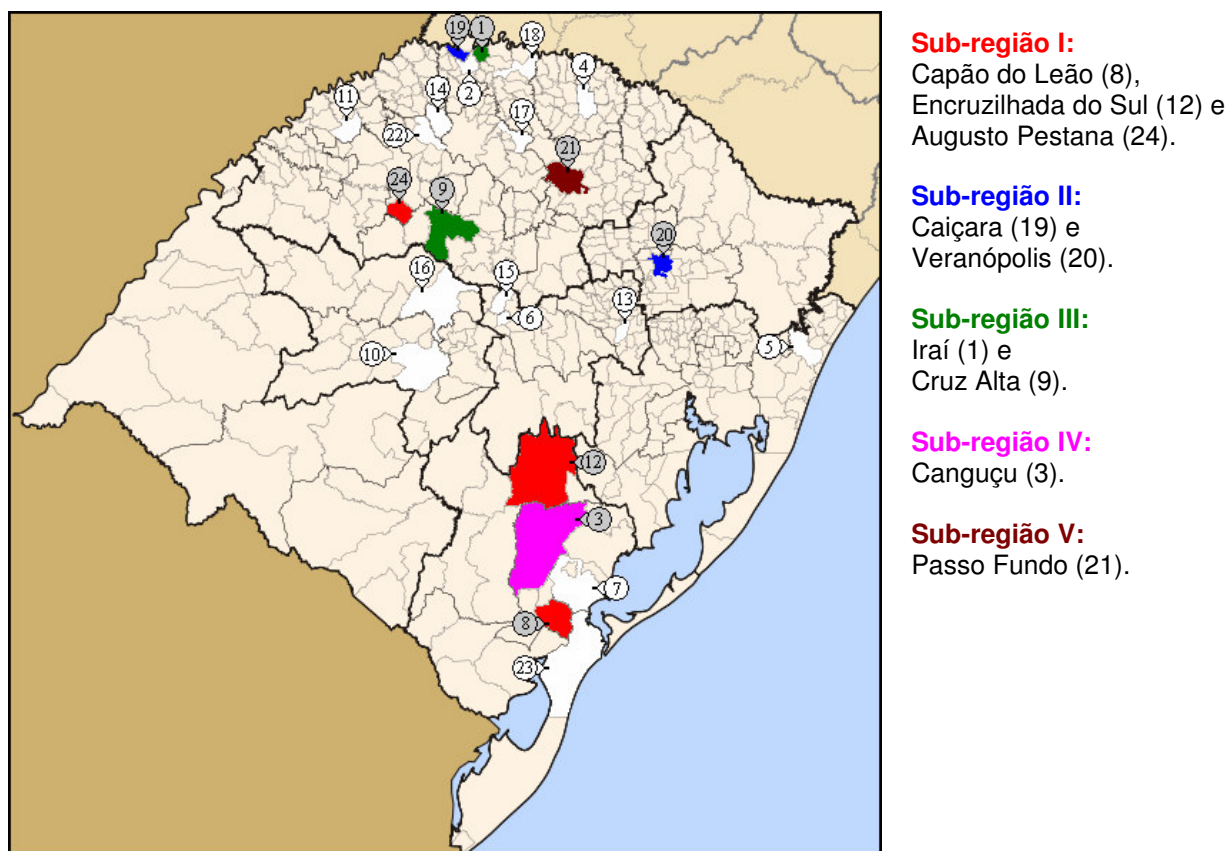


Figura B.16 Localização das cinco sub-regiões do ano agrícola 1994/95 no mapa do Rio Grande do Sul.