



Bragantia

ISSN: 0006-8705

editor@iac.sp.gov.br

Instituto Agronômico de Campinas

Brasil

NOVAES ROSSE, LEONARDO; VENCOVSKY, ROLAND

Modelo de regressão não-linear aplicado ao estudo da estabilidade fenotípica de genótipos de feijão
no Estado do Paraná

Bragantia, vol. 59, núm. 1, 2000, pp. 99-107

Instituto Agronômico de Campinas
Campinas, Brasil

Disponível em: <http://www.redalyc.org/articulo.oa?id=90813497016>

- ▶ Como citar este artigo
- ▶ Número completo
- ▶ Mais artigos
- ▶ Home da revista no Redalyc

redalyc.org

Sistema de Informação Científica

Rede de Revistas Científicas da América Latina, Caribe , Espanha e Portugal
Projeto acadêmico sem fins lucrativos desenvolvido no âmbito da iniciativa Acesso Aberto

METODOLOGIA E TÉCNICAS EXPERIMENTAIS

MODELO DE REGRESSÃO NÃO-LINEAR APLICADO AO ESTUDO DA ESTABILIDADE FENOTÍPICA DE GENÓTIPOS DE FEIJÃO NO ESTADO DO PARANÁ⁽¹⁾

LEONARDO NOVAES ROSSE⁽²⁾; ROLAND VENCOVSKY⁽³⁾

RESUMO

O presente trabalho teve por objetivo estudar a estabilidade fenotípica da produtividade de grãos de feijão (*Phaseolus vulgaris* L.) com dados obtidos no Ensaio Regional Final do Estado do Paraná, durante o ano/safra 1996/97, através de modelo não-linear, (nos parâmetros propostos por Toler), assim expresso: $Y_{ij} = \alpha_i + [Z_j\beta_{1i} + (1 - Z_j)\beta_{2i}] \mu_j + \varepsilon_{ij}$. Esse autor propôs testes das hipóteses $H(\beta_{1i} = \beta_{2i})$ e $H(\beta_{1i} = \beta_{2i} = \beta_i = 1)$, as quais permitem enquadrar os genótipos em cinco grupos, conforme o padrão de resposta, a saber: A, B, C, D e E. Os parâmetros do modelo são estimados conjuntamente através de quadrados mínimos iterativos (não-lineares), empregando-se neste estudo o método de Gauss-Newton modificado. Concluiu-se que o modelo foi útil para classificar os materiais genéticos segundo suas produtividades e seus padrões de resposta, o que contribuiu para um maior discernimento de seus comportamentos. As médias dos genótipos dos grupos A e E mostraram-se influenciadas pela associação negativa entre β_{1i} e β_{2i} . A maioria dos genótipos com padrão de resposta duplamente favorável (grupo A, padrão convexo) apresentou produtividades baixas. Os genótipos com produtividades mais elevadas enquadram-se preferencialmente no grupo E (padrão côncavo, duplamente desfavorável). Os genótipos dos grupos com padrão unisegmentado (B, C e D) tiveram produtividades variáveis. Ficou evidenciada a dificuldade em encontrar genótipos associando altas produtividades com padrão de resposta convexo.

Palavras-chave: Estabilidade fenotípica, padrão de resposta, feijão.

ABSTRACT

NON-LINEAR MODEL REGRESSION FOR PHENOTYPIC STABILITY ANALYSIS OF BEAN GENOTYPES IN THE STATE OF PARANÁ

A phenotypic stability analysis of common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) grain yield (kg.ha^{-1}) was carried out using data of the Regional Trial of the State of Paraná during the year/harvest 1996/97. A non-linear model using the parameters proposed by Toler, $Y_{ij} = \alpha_i + [Z_j\beta_{1i} + (1 - Z_j)\beta_{2i}] \mu_j + \varepsilon_{ij}$, was adopted. The author proposed tests of the hypotheses $H(\beta_{1i} = \beta_{2i})$ and $H(\beta_{1i} = \beta_{2i} = \beta_i = 1)$ according to the principles of regression analysis, that allow the genotypes to be placed in five groups (A, B, C, D, and E) based on their response pattern. The parameters of the model are simultaneously estimated using iterative (non-linear) least squares through the modified Gauss-Newton method. The model was useful in classifying the genetic materials according to their yield and response patterns, contributing to a greater understanding of their yield behavior. The mean of the A and E groups was influenced by a negative association between β_{1i} and β_{2i} . The majority of genotypes with a double favorable response pattern (A group, convex pattern) had lower yields. Genotypes with higher yields were placed mostly

⁽¹⁾ Recebido para a publicação em 28 de junho e aceito em 22 de novembro de 1999.

⁽²⁾ Aluno de Pós-graduação do Departamento de Genética da Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz" (ESALQ), Caixa Postal 83, 13400-970 Piracicaba (SP). E-mail:lnrosse@bio.ufpr.br

⁽³⁾ Professor Titular do Departamento de Genética da ESALQ, Piracicaba (SP).

in the E group (concave pattern, double unfavorable). Those from groups with a single-segment pattern (B, C, and D) showed variable yields. The difficulty in finding genotypes with both high yields and convex response pattern was evident.

Key words: Phenotypic stability, response patterns, bean.

1. INTRODUÇÃO

Em muitas espécies os programas de melhoramento genético compreendem, no mínimo, três etapas: escolha dos genitores que irão gerar a população base, seleção dos indivíduos superiores na referida população e a sua avaliação em determinado número de ambientes. Nesta última etapa a consistência na classificação dos genótipos, nos vários ambientes, é um dos principais desafios enfrentados pelos melhoristas, e a sua ausência provoca o fenômeno conhecido como "interação de genótipos por ambientes" (GxA). Para conhecê-la, muitas alternativas foram e têm sido propostas, sendo as mais empregadas as análises de estabilidade fenotípica que fazem uso dos modelos de regressão linear, nos parâmetros (FINLAY e WILKINSON, 1963; EBERHART e RUSSELL, 1966; VERMA et al., 1978; SILVA e BARRETO, 1985; CRUZ et al., 1989; STORCK, 1989). Embora bastante difundidos, esses modelos são passíveis de críticas por incorrerem em alguns inconvenientes de cunho estatístico (EBERHART e RUSSELL, 1966; FREEMAN e PERKINS, 1971; LIN et al., 1986).

Dentre os vários métodos de estabilidade, o apresentado por TOLER (1990), que faz uso de modelo de regressão não-linear nos parâmetros, surge como uma das alternativas para contornar os problemas relacionados à estimativa do índice ambiental. Esse método permite, ainda, realizar testes de hipóteses a respeito dos parâmetros, sem violar os princípios necessários para a sua validade. Além disso, propõe um procedimento que leva à classificação dos genótipos em diferentes grupos, de acordo com o seu padrão de resposta, representando estatisticamente um aprimoramento das análises de estabilidade, em relação aos métodos que empregam a regressão linear (TOLER, 1990).

No Brasil o cultivo do feijoeiro se dá praticamente em todos os Estados, ficando exposto às mais diversas condições ambientais. Além disso, devido ao seu ciclo curto, pode ser cultivado em mais de uma época de semeadura, em cultivo exclusivo ou consorciado a outras culturas, havendo também variações no que diz respeito ao nível de tecnologia aplicado entre os agricultores. Tais características contribuem para a ocorrência das interações significativas genótipos x ambientes, justificando, então, um estudo mais detalhado de seus desempenhos nesses ambientes.

Sendo assim, o presente trabalho teve o propósito de estudar a interação genótipos x ambientes, na cultura do feijão, e avaliar a estabilidade fenotípica, empregando o modelo proposto por TOLER (1990).

2. MATERIAL E MÉTODOS

O modelo de regressão bissegmentado não-linear, nos parâmetros, apresentado por TOLER (1990) e TOLER e BURROWS (1998), para o estudo da estabilidade fenotípica, com p genótipos em q ambientes, é dado pela expressão:

$$Y_{ij} = \alpha_i + [Z_j \beta_{1i} + (1 - Z_j) \beta_{2i}] \mu_j + \varepsilon_{ij} \quad (1)$$

em que:

$$i = 1, 2, \dots, p;$$

$$j = 1, 2, \dots, q;$$

Y_{ij} : é a resposta média do genótipo i no ambiente j;

α_i : é o parâmetro que reflete o valor da resposta do genótipo i no intercepto com $\mu_j = 0$;

β_{1i} e β_{2i} : são os parâmetros que refletem a sensibilidade de resposta do genótipo i nos ambientes de qualidade inferior e superior, respectivamente;

μ_j : é o parâmetro que reflete o efeito do ambiente j;

ε_{ij} : é o erro experimental médio;

$$Z_j = 1, \text{ se } \mu_j \leq 0 \text{ e,}$$

$$Z_j = 0, \text{ se } \mu_j > 0.$$

No modelo, o ambiente j é caracterizado por $\hat{\mu}_j$ e a resposta do genótipo i passa a ser caracterizada pelos parâmetros $\hat{\alpha}_i$, $\hat{\beta}_{1i}$ e $\hat{\beta}_{2i}$. As estimativas $\hat{\beta}_{1i}$, $\hat{\beta}_{2i}$ e $\hat{\mu}_j$ estão sujeitas à restrição $\sum_i^p \hat{\beta}_{1i} = \sum_i^p \hat{\beta}_{2i} = p$, bem como $\sum_j \hat{\mu}_j = 0$, assegurando que a performance média dos genótipos ($\hat{\alpha}_i$) ocorra com $\hat{\mu} = 0$ na escala de efeitos ambientais $\hat{\mu}_j$, e que a sua resposta à sensibilidade média seja igual à unidade.

Os parâmetros do modelo α_i , β_{1i} , β_{2i} e μ_j são estimados conjuntamente por processo iterativo de quadrados mínimos (não-lineares), empregando-se o método de Gauss-Newton modificado (GALLANT, 1987). Nesse processo, os valores iniciais para se começar a iteração são dados pela estimativa do índice ambiental (I_j), como concebido por EBERHART e RUSSELL (1966). O processo termina quando as estimativas sucessivas das somas dos quadrados dos desvios (SQD) são minimizadas, o que implica a sua convergência em

valores de magnitude mínima, não mais se modificando dentro de um padrão lógico de precisão.

TOLER (1990) propôs testes das hipóteses $H(\beta_{1i} = \beta_{2i})$ e $H(\beta_{1i} = \beta_{2i} = \beta_i = 1)$ para enquadrar os genótipos em cinco grupos, a saber: A, B, C, D e E. Assim, quando a hipótese $H(\beta_{1i} = \beta_{2i})$ é aceita, esse modelo se resume ao modelo unisegmentado, proposto por DIGBY (1979), que permitirá enquadrar os genótipos nos grupos B, C ou D. Caso contrário, indicará a existência de dois coeficientes de regressão distintos, e os genótipos se enquadrarão nos grupos bissegmentados A ou E, conforme a significância desses parâmetros. Os critérios são os seguintes:

Grupo	Critério
A	rejeita-se $H(\beta_{1i} = \beta_{2i})$, sendo $\beta_{1i} < 1 < \beta_{2i}$;
B	não se rejeita $H(\beta_{1i} = \beta_{2i})$, rejeita-se $H(\beta_{1i} = 1)$, mas β_i comum é maior que 1;
C	não se rejeita $H(\beta_{1i} = \beta_{2i})$, aceita-se $H(\beta_i = 1)$;
D	não se rejeita $H(\beta_{1i} = \beta_{2i})$, rejeita-se $H(\beta_i = 1)$, mas β_i comum é menor que 1;
E	rejeita-se $H(\beta_{1i} = \beta_{2i})$, sendo $\beta_{1i} > 1 > \beta_{2i}$

O significado prático de cada grupo é:

- A: resposta convexa e duplamente desejável;
- B: resposta linear simples e desejável em ambientes de alta qualidade;
- C: resposta linear simples não desviando da resposta média dos ambientes;
- D: resposta linear simples e desejável em ambientes de baixa qualidade;
- E: resposta côncava e duplamente indesejável.

Uma resposta convexa (ou padrão de resposta duplamente desejável) é caracterizada quando o genótipo apresenta baixa responsividade nos ambientes desfavoráveis ($\mu_j < 0$) e passa a responder satisfatoriamente quando essas condições tornam-se favoráveis ($\mu_j > 0$). Por outro lado, uma resposta côncava (ou padrão de resposta duplamente indesejável) caracteriza-se quando o genótipo apresenta alta res-

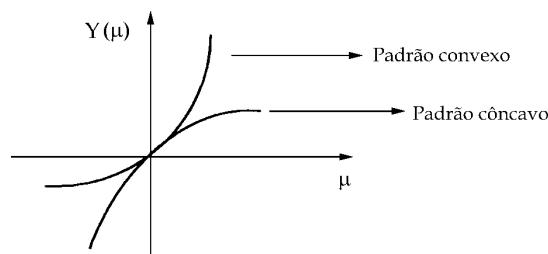


Figura 1. Padrões de resposta $Y(\mu)$ convexo e côncavo dos genótipos, às variações na qualidade ambiental μ .

ponsividade, abaixo da média dos ambientes e torna-se pouco responsável acima dessas condições médias (figura 1).

O estimador $\hat{\alpha}_i$ para os grupos B, C e D, o qual reflete a média do genótipo i , é dado por $\hat{\alpha}_i = \bar{Y}_i$, ao passo que, para os grupos extremos A ou E, em que $\beta_{1i} \neq \beta_{2i}$, $\hat{\alpha}_i$ não pode ser formulado como uma simples função linear das observações Y_{ij} , sendo enunciado pela seguinte expressão:

$$\hat{\alpha}_i = \bar{Y}_i + (\hat{\beta}_{2i} - \hat{\beta}_{1i}) \left[\frac{1}{q} \sum_{j=1}^q Z_j \hat{\mu}_j \right] \quad (2)$$

Verifica-se, através dessa expressão, que o estimador $\hat{\alpha}_i$ também depende do contraste entre as respostas da sensibilidade nos ambientes abaixo (β_{1i}) e acima (β_{2i}) da média ambiental, bem como da magnitude do componente $\left[\frac{1}{q} \sum_{j=1}^q Z_j \hat{\mu}_j \right]$. Pela expressão 2, nota-se que $\hat{\alpha}_i$ não é influenciado pelo contraste $\beta_{2i} - \beta_{1i}$, quando $Z_j = 0$ (ambiente superior), mas passa a depender desse contraste, se $\beta_{1i} \neq \beta_{2i}$, nos ambientes de qualidade inferior, quando $Z_j = 1$. Dessa forma, $\hat{\alpha}_i$ ficará diferente de \bar{Y}_i para mais ou para menos, conforme os valores de β_{2i} e β_{1i} . Se $\beta_{2i} > \beta_{1i}$, $\hat{\alpha}_i$ terá um valor menor que \bar{Y}_i (padrão de resposta convexo – grupo A), ao passo que, na condição de $\beta_{2i} < \beta_{1i}$, $\hat{\alpha}_i$ assumirá um valor maior que \bar{Y}_i (padrão de resposta côncavo – grupo E).

Na obtenção das estimativas dos parâmetros desse modelo ($\alpha_i, \beta_{1i}, \beta_{2i}$ e μ_j) empregou-se o software elaborado por FERREIRA e ZAMBALDE (1997). Para verificar a significância das hipóteses, utilizou-se o teste "t" de Student.

Procurando quantificar o grau de associação entre os parâmetros que refletem o padrão de resposta dos genótipos, procedeu-se ao cálculo do coeficiente de correlação ordinal de Spearman entre β_{1i} e β_{2i} , independentemente de sua significância.

Utilizaram-se neste estudo, dados do caráter de produtividade de grãos de feijão, corrigidas para 13% de umidade nos grãos, obtidos do Ensaio Regional Final de Competição de Cultivares e Linhagens de Feijão do grupo Carioca no ano/safra 1996/97 do Estado do Paraná, cedidos pelo Instituto Agronômico do Paraná (IAPAR).

No ensaio foi empregado o delineamento em blocos completos, ao acaso, com quatro repetições, em parcelas compostas por quatro linhas de 5,0 m de comprimento, espaçadas de 0,5 m entre elas, totalizando, em média, 14 plantas.m⁻¹ linear. Os tratos culturais foram efetuados seguindo-se as

recomendações para essa cultura no referido Estado. Avaliaram-se 20 cultivares e linhagens, os quais passaremos a chamar apenas de genótipos, em 14 locais, conforme apresentado no quadro 1.

Quadro 1. Relação dos genótipos e dos locais de avaliação que compuseram o Ensaio Regional Final de Competição de Cultivares e Linhagens de Feijão no Estado do Paraná, no ano/safra 1996/97

Genótipos	Ensaio final 1996/97	Locais	Ensaio final 1996/97
1	Carioca*	1	Arapoti/S
2	IAPAR 14*	2	Arapoti/A
3	IAPAR 31*	3	Campo Mourão/A
4	Aporé*	4	Carambeí/S
5	LP 91-22	5	Lapa/S
6	LP 91-23	6	Londrina/A
7	LP 91 (22+23)	7	Maringá/A
8	LP 93	8	Pato Branco/S
9	LP [SPI] 93-17	9	Pato Branco/A
10	LP 93-23	10	Ponta Grossa/S
11	LP 93-56	11	Ponta Grossa – FT/S
12	LP 93-81	12	São João do Ivaí/A
13	LP 94-1	13	Wenceslau Braz/A
14	LP 94-29	14	Wenceslau Braz/S
15	Carioca E. M.		
16	IAC AKYTÁ		
17	IAC PYATÁ		
18	IAC Aruã		
19	Pérola		
20	FT-Bonito		

*: Testemunhas; LP: Linhagens promissoras; FT: Francisco Terasawa; A: Avaliação feita na safra das águas; S: Avaliação feita na safra das secas.

Quadro 2. Quadrados médios da análise conjunta e variância da produtividade média de grãos (kg.ha^{-1}) de genótipos de feijão, no ano/safra 1996/97

Genótipos (G)	QM			Produtividade média	CV
	Locais (L)	G x L	Erro médio		
2101230,10** (19)	29584231,70** (13)	353859,80** (247)	79345,70 (791)	2080,6	13,5

Valores entre parênteses indicam o número de graus de liberdade que estão associados a essas fontes de variação.
**: significativo ao nível de 1% de probabilidade pelo teste F.

Uma vez realizada a análise conjunta e detectada significância da interação genótipos x locais, efetuou-se a análise de estabilidade. Observando-se a significância dos testes das hipóteses para os padrões de resposta, procedeu-se ao enquadramento dos genótipos nos grupos, classificando-os segundo os seus níveis de produtividade, em cinco categorias (com intervalos sucessivos, correspondentes a 20% da média geral), o que permitiu caracterizá-los com base nessas duas propriedades, simultaneamente.

3. RESULTADOS E DISCUSSÃO

A análise conjunta de variância da produtividade média de grãos é apresentada no quadro 2. Nota-se que todas as fontes de variação mostraram-se altamente significativas ($P < 0,01$). Tais significâncias indicam que os locais foram bastante contrastantes entre si, e que os genótipos não constituiram um conjunto geneticamente homogêneo, refletindo em produtividades diferentes. A significância da interação entre genótipos e locais foi um dos indicativos da necessidade de se proceder ao estudo da estabilidade fenotípica, uma vez que mostrou diferença no padrão de resposta dos genótipos às variações edafoclimáticas dos locais, sugerindo a existência de genótipos ou grupos de genótipos de adaptação específica para determinados locais, e outros, com adaptação geral a todos eles. O coeficiente de variação (CV) foi baixo (em torno de 13%), refletindo em boa precisão experimental e encontrando-se (tal valor) dentro dos limites aceitáveis, na literatura, para essa espécie (DUARTE, 1988; ABREU et al., 1992).

Verifica-se no quadro 3 que houve o enquadramento dos genótipos nos cinco grupos propostos. Segundo TOLER (1990), três requisitos são necessários para favorecer esse enquadramento, a saber: a existência de alta diversidade ambiental, a qual propicia condições para que os materiais genéticos possam manifestar todo o seu potencial genético produtivo; alta precisão experimental, dada pelos baixos valores

do CV%; e a real diversidade presente entre os padrões de resposta dos materiais testados. Percebe-se que todas essas condições foram contempladas. A magnitude da estimativa da qualidade ambiental (μ_j) entre os locais de maior e menor produtividade foi alta, com cerca de 2.117 kg.ha^{-1} , tendo sido, inclusive, maior que a média geral do ensaio. Esse resultado indica a existência de condições variáveis, de um local ao outro, para se testar os genótipos. A precisão experimental, como visto anteriormente, foi alta, aumentando a confiabilidade nos resultados obtidos. Observa-se também a ocorrência de padrões de resposta (β_{1i} e β_{2i}) bastante contrastantes para os genótipos. Infere-se, com base nesses resultados e aliado ao elevado número de genótipos e de locais avaliados, que foi possível detectar essa diversidade em seus enquadramentos.

Observando o quadro 3, verifica-se que 55% dos genótipos apresentaram médias acima da média geral do ensaio ($2.080,6 \text{ kg.ha}^{-1}$). Desse conjunto, fizeram parte apenas as testemunhas Aporé (4) e IAPAR 31

(3), bem como a grande maioria das linhagens promissoras, sendo as de melhores desempenhos 'LP 94-29' (14) e 'LP 93-23' (10), entre as mais produtivas. De modo geral, destaca-se 'Aporé' (4) que apresentou a maior produtividade média observada e padrão de resposta duplamente desejável (grupo A); no entanto, mostrou um ajuste apenas razoável do modelo aos dados ($R^2 = 72,4\%$). Isso, em termos de previsibilidade, é um indicativo de que o seu comportamento nos vários locais oscila razoavelmente. Segundo TOLER (1990), esse material (Aporé) apresenta comportamento que satisfaz o conceito de genótipo ideal, embora, em termos de estabilidade, tal conceito possa ser questionado. De fato, mostra-se exigente em níveis de qualidade ambiental superior (acima da média geral dos ambientes) para expressar todo o seu potencial genético de produtividade. Para alcançar esse potencial, é necessário o uso de tecnologia nos ambientes pois, sob condições adversas ($\mu_j < 0$), mostra baixa responsividade ($\beta_{1(4)} = 0,64$). Pode-se notar, então, que, para os agricultores que não fazem uso

Quadro 3. Médias observadas e estimativas dos parâmetros de estabilidade, segundo o método de Toler, para a produtividade de grãos (kg.ha^{-1}), obtidas na avaliação de genótipos de feijão, do Ensaio Regional Final de Competição de Cultivares e Linhagens do Estado do Paraná, em diferentes locais, no ano/safra 1996/97

Genótipos	\hat{Y}_i	$\hat{\alpha}_i$	$\hat{\beta}_{1i}$	$\hat{\beta}_{2i}$	$\hat{\beta}_i$ comum	Grupo	R^2	Locais	Estimativa de $\hat{\mu}_i$
4	2.416,8	2264,9	0,64	1,29	-	A	72,4	1	778,98
19	2.300,0	2300,0	0,77	0,87	0,83	D	68,6	2	382,98
14	2266,2	2386,9	1,31	0,80	-	E	90,4	3	-749,73
10	2240,6	2399,4	1,58	0,90	-	E	87,2	4	884,55
3	2231,2	2090,3	0,69	1,30	-	A	79,6	5	-1232,37
7	2185,8	2389,9	1,38	0,51	-	E	96,9	6	162,66
9	2178,2	2178,2	0,88	0,98	0,93	C	87,1	7	137,15
5	2177,9	2177,0	1,21	0,93	1,09	C	91,3	8	299,16
12	2168,3	2309,6	1,32	0,72	-	E	91,5	9	-65,80
8	2131,8	2131,8	1,10	1,05	1,08	C	92,1	10	-434,96
6	2098,1	2098,1	1,12	0,92	1,03	C	93,2	11	-698,66
15	2062,3	2168,5	1,03	0,57	-	E	96,1	12	-100,72
13	2035,5	2139,4	1,18	0,73	-	E	93,2	13	52,05
20	2012,8	2208,4	1,46	0,63	-	E	81,9	14	584,71
16	1947,1	1667,0	0,35	1,54	-	A	61,0		
2	1942,2	1942,2	0,95	1,36	1,13	B	92,0		
17	1938,2	1824,1	0,54	1,03	-	A	60,4		
11	1920,3	1920,3	1,07	1,25	1,13	B	90,6		
1	1877,6	1718,1	0,67	1,35	-	A	76,4		
18	1524,3	1397,9	0,71	1,25	-	A	85,5		

de recursos tecnológicos para incrementar satisfatoriamente a produtividade de seus campos, esse genótipo não seria o mais adequado, e a definição dada pelo autor não é apropriada nessa situação.

Por outro lado, os genótipos do grupo E, são mais exigentes nos ambientes desfavoráveis e menos nos ambientes favoráveis (abaixo e acima da média geral dos ambientes respectivamente) como ocorreu, por exemplo, com a linhagem LP 93-23 (10) que apresentou $\beta_{1(10)} = 1,58$ e a quarta maior produtividade, além de ter exibido R^2 relativamente alto (87,2%), mostrando, desse modo, comportamento previsível diante dos vários locais. Comparando os dois genótipos [Aporé (4) e LP 93-23 (10)] e considerando o mesmo critério acima adotado, é conveniente observar o tipo de padrão de resposta que os genótipos apresentam, as suas produtividades e para quais tipos de agricultores podem melhor se adequar. Nessa situação, os do grupo E seriam os mais aconselháveis para os pequenos agricultores, e vice-versa para os do grupo A. TOLER (1990) considerou os materiais do tipo A como ideais, em termos de padrão de resposta, devido ao potencial que apresentam para incrementar suas produtividades e por não demonstrarem sinais de estar atingindo um platô de produtividade dentro da gama

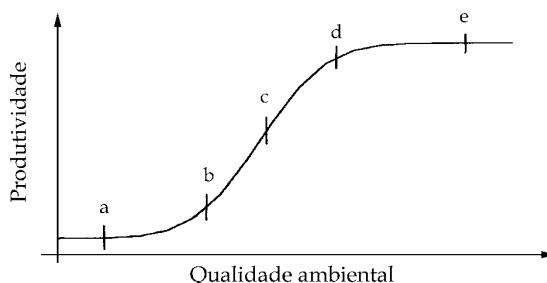


Figura 2. Curva de Gompertz relacionando produtividade de grãos com qualidade ambiental.

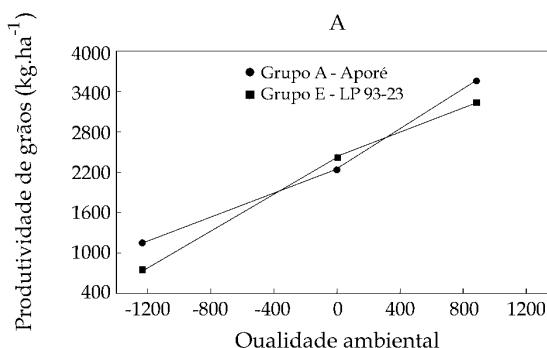
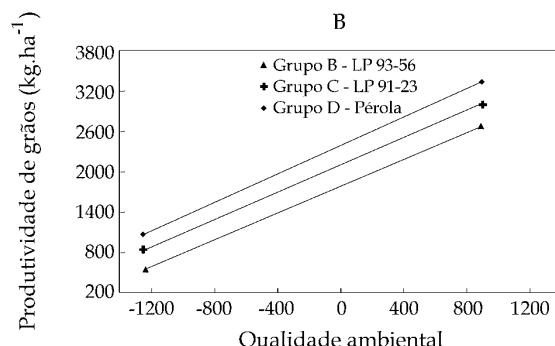


Figura 3. Comportamento dos genótipos de feijão enquadrados nos grupos bissegmentados (A) e unisegmentados (B), no ano agrícola 1996/97.

de ambientes investigados. Esse platô, ao contrário, deve ser elevado e situa em ambientes de qualidade ainda mais favorável do que o detectado em nossa pesquisa. Os do tipo E, por sua vez, mesmo que sejam os mais adequados para os produtores que utilizam pouca tecnologia em suas lavouras, mostram estar próximos de um platô em ambientes não muito superiores aos considerados na análise.

Uma visão bastante elucidativa com relação ao discutido acima, ocorre quando se supõe que os genótipos, de modo geral, comportam-se conforme a curva proposta por Gompertz (STORCK, 1989), cuja característica é a de representar adequadamente o incremento da produtividade com a melhoria ambiental. Assim, visualiza-se na figura 2 que os genótipos do grupo A apresentam tendência a se localizarem na fase inicial dessa curva de crescimento (segmento a-c), incrementando suas produtividades com a melhoria da qualidade ambiental. Os do grupo E, por sua vez, situam-se em uma parte mais avançada dessa curva (segmento c-e), mostrando certa estabilização em suas produtividades. Por outro lado, os dos grupos unisegmentados encontram-se na parte intermediária dessa curva (segmento b-d).

Observando-se a figura 3, que mostra o comportamento de cinco genótipos de feijão representando os distintos grupos, nota-se que 'LP 93-23', como dito anteriormente partiu, nos ambientes inferiores, de um patamar de produtividade baixo (em torno de 400 kg.ha⁻¹) alcançando níveis elevados, inclusive acima da média geral do ensaio, aumentando, assim, a produtividade; porém, em níveis menos acentuado. Por sua vez, 'Aporé' saiu de um patamar de produtividade elevado (em torno de 1.400 kg.ha⁻¹) nos ambientes desfavoráveis e atingiu, no final, a maior produtividade. 'LP 91-23' (6), enquadrado no grupo C, que se caracteriza por acompanhar a resposta



média do ambiente, partiu de uma produtividade baixa, alcançando, no final, níveis satisfatórios, além de ter mostrado um bom ajuste do modelo ao conjunto de dados, significando alta previsibilidade. O genótipo Pérola (19), que se mostrou pouco responsável à melhoria do ambiente (grupo D), parte de níveis de produtividade razoáveis nos ambientes inferiores, chegando, no final, a ser o segundo mais produtivo, embora o seu valor de R^2 tenha sido um dos menores. 'LP 93-56' (11) foi responsável aos ambientes superiores, enquadrando-se no grupo B e lançado no mercado com a denominação de 'IAPAR 81', no ano de 1997. Seu incremento em produtividade foi alto, com a melhoria da qualidade ambiental; no entanto, no cômputo final, foi um dos menos produtivos, apesar de ter apresentado um R^2 elevado (90,6%).

Outros destaques (Quadro 3) foram os genótipos LP 94-29 (14) e o LP 93-81 (12), ambos com produtividades acima da média geral do ensaio e previsibilidades altas, enquadrados no grupo E. No extremo oposto, encontram-se os genótipos IAC PYATÃ (17), Carioca (1) e IAC-Aruã (18), todos do grupo A, com baixa produtividade e estimativas de previsibilidade não muito elevadas (menores que as do grupo E). Produtividades próximas da média geral do ensaio foram alcançadas pelos genótipos LP 93 (8) e Carioca E.M. (15), enquadrados respectivamente nos grupos C e E, ambos com alta previsibilidade (acima de 90%), indicando que, além de ter havido um bom ajuste do modelo aos dados, é possível prever os seus desempenhos frente às oscilações ambientais.

Ainda através do quadro 3 observa-se que os valores de $\hat{\alpha}_{ii}$, os quais refletem as médias estimadas dos genótipos, foram superiores às médias observadas (\hat{Y}_i), para aqueles enquadrados no grupo E, e inferiores para os do grupo A, chegando, neste caso, a menos 280 kg.ha⁻¹ para o 'IAC AKYTÃ' (16).

Pelo cálculo da correlação Spearman, constatou-se a existência de associação negativa e altamente significativa (-0,74) entre β_{1i} e β_{2i} , ficando, dessa forma, as médias dos genótipos dos grupos A e E afetadas por essa associação.

Através do quadro 4, elaborado em função das médias observadas, apresentadas no quadro 3, verifica-se que 35% dos genótipos mostraram comportamento unisegmentado. Esse resultado é diferente do encontrado por TOLER (1990), em cujo trabalho cerca de 87% dos materiais genéticos localizaram-se nos grupos B, C e D. Deve-se atribuir, em princípio, essa não-concordância dos resultados ao efeito do ambiente, visto que nas zonas temperadas onde os experimentos utilizados por Toler foram conduzidos

as condições climáticas são mais definidas e apresentam menos oscilações em relação às zonas tropicais. Isso pode ter favorecido a detecção de comportamento unisegmentado dos materiais genéticos pesquisados.

O feijão, por ser uma espécie com ciclo anual e desenvolvimento precoce, é mais sensível às oscilações ambientais; assim, sua produtividade sofre mudanças mais acentuadas quando o ambiente é alterado, o que pode ter, em parte, favorecido a ocorrência de muitos genótipos nos grupos bissegmentados. RIBEIRO (1998), utilizando o mesmo modelo na cultura do milho, simulando diferentes tipos de ambientes no Estado de Minas Gerais, encontrou resultado semelhante ao relatado por TOLER (1990), em que apenas 10% de todos os genótipos enquadraram-se nos grupos extremos A e E.

Uma segunda causa é creditada ao próprio conjunto de materiais genéticos avaliados. TOLER (1990) considerou em seu estudo cinco espécies diferentes (milho, cevada, soja, trigo e algodão), todas elas com elevado grau de melhoramento genético. Nessa linha de raciocínio pode-se inferir, com ressalvas, que as espécies mais melhoradas tendem a apresentar um comportamento que pode ser melhor representado por um único segmento de reta, em virtude de os níveis de produtividades nos vários ambientes serem bastante semelhantes e, aquelas com menor grau de melhoramento, por dois segmentos de reta, em razão de exibirem picos de produtividades bem diferente, de um ambiente para outro.

Observa-se novamente no quadro 4 que, de maneira geral, ocorreu uma associação entre as altas produtividades e o comportamento duplamente desfavorável e de baixas produtividades com padrão de resposta duplamente favorável. De fato, entre os 20% mais produtivos, apenas um genótipo se enquadrou no grupo convexo. A maior quantidade de genótipos

Quadro 4. Número de genótipos classificados de acordo com os níveis de produtividade e os grupos onde foram enquadrados.

Produtividade	Grupos				
	A	B	C	D	E
20% mais produtivos	1	0	0	1	2
20% seguintes	1	0	2	0	1
20% intermediários	0	0	2	0	2
20% seguintes	1	1	0	0	2
20% menos produtivos	3	1	0	0	0
Porcentagem de genótipos (%)	30	10	20	5	35

desse grupo (A) foi verificada nos 20% menos produtivos. Observa-se também que, desses últimos, nenhum se alocou no grupo E.

TOLER (1990) observou a mesma tendência quando considerou todos os materiais avaliados: encontrou apenas cerca de 3% deles enquadrados no grupo A, entre os primeiros 20% mais produtivos, e nenhum no grupo E nessa mesma faixa de produtividade. Por esses resultados, fica evidenciada a dificuldade em se associar, num dado material genético, padrão de resposta duplamente desejável (grupo A) à alta produtividade e alta previsibilidade.

A baixa freqüência de genótipos do grupo A com alta produtividade é uma das dificuldades enfrentadas pelos melhoristas de plantas. O ideal seria que ocorresse uma associação positiva entre os níveis de produtividade e padrão favorável de resposta, pois, assim, haveria a possibilidade de selecionar os mais responsivos em ambientes de melhor qualidade e, que também, fossem pouco afetados quando essa qualidade piorasse. Os resultados sugerem que a seleção prévia, visando maior produtividade de grãos e melhores características agronômicas, tende a reduzir a oportunidade de selecionar o padrão de resposta favorável. Dois ingredientes seriam então necessários para poder selecionar com eficiência, no sentido de captar bons materiais com padrão de resposta adequado: iniciar essa seleção em estágios não muito avançados dos programas de melhoramento e trabalhar com população maior de genótipos, para dar oportunidade de ocorrerem materiais produtivos e agronomicamente bons e que tenham, simultaneamente, padrão favorável de resposta. As últimas afirmativas são válidas sobretudo, se for levado em conta que a freqüência de ocorrência dessa associação (maior produtividade e enquadramento no grupo A) foi baixa, tanto no presente trabalho como nos de TOLER (1990) e de RIBEIRO (1998).

De maneira geral esse modelo mostrou-se bastante útil para classificar os genótipos, ao associar padrões de resposta aos níveis de produtividade, permitindo que houvesse maior discernimento de seus comportamentos. Isso corrobora o referido por RIBEIRO (1998), que salienta a necessidade de se vincular o padrão de resposta ao ambiente à adaptabilidade média dos materiais genéticos.

4. CONCLUSÕES

1. A metodologia utilizada mostrou-se bastante útil para classificar os genótipos segundo suas produtividades e seus padrões de resposta, o que contribuiu

para um maior discernimento dos seus comportamentos.

2. A associação negativa entre β_{11} e β_{21} torna não-recomendável o emprego da estimativa da produtividade no ambiente médio ($\hat{\alpha}_1$), como critério para seleção de genótipos.

3. Os genótipos do grupo A (padrão convexo) mostraram estar associados a médias não muito elevadas, ao contrário do que foi constatado para os do grupo E (padrão côncavo), os quais apresentaram alta produtividade. Os dos grupos unisegmentados (B, C e D), por sua vez, exibiram níveis variáveis de produtividades.

4. Ficou clara a dificuldade de encontrar, num dado genótipo, padrão de resposta duplamente desejável com alta produtividade e alta previsibilidade.

5. Para aumentar a oportunidade de obter genótipos com alta produtividade e padrão de resposta favorável, num programa de melhoramento, é conveniente iniciar as avaliações mais precocemente visando a estabilidade dos materiais, situação em que o número de genótipos sob seleção ainda é grande.

AGRADECIMENTOS

Ao Instituto Agronômico do Paraná (IAPAR), pela concessão dos dados para a realização deste trabalho, em especial na pessoa do pesquisador N.S. Fonseca Júnior, e ao Professor M.A.P. Ramalho, pelas sugestões.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- ABREU, A.F.B.; RAMALHO, M.A.P.; SANTOS, J.B. Desempenho e estabilidade fenotípica de cultivares de feijão em algumas localidades do estado de Minas Gerais, no período de 1989/1991. *Ciência e Prática*, Lavras, v.16, n.1, p.18-24, 1992.
- 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*, Ribeirão Preto, v.12, n.3, p.567-580, 1989.
- DIGBY, P.G.N. Modified joint regression analysis for incomplete variety x environment data. *Journal of Agricultural Science*, Cambridge, v.93, p.81-86, 1979.
- DUARTE, J.B. *Estudo da adaptabilidade e estabilidade fenotípica em linhagens e cultivares de feijão mulatinho (Phaseolus vulgaris L.)*. Goiânia, 1988. 155p. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas) – UFG.
- EBERHART, S.A.; RUSSELL, W.A. Stability parameters for comparing varieties. *Crop Science*, Madison, v.6, n.1, p.36-40, 1966.

- FERREIRA, D.F.; ZAMBALDE, A.L. Simplificação das análises de algumas técnicas especiais da experimentação agropecuária no Mapgen e softwares correlatos. In: CONGRESSO DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE INFORMÁTICA APLICADA À AGROPECUÁRIA E AGROINDÚSTRIA, 1., Belo Horizonte, 1997. *Anais...* Belo Horizonte: SBI, 1997. p.285-291.
- FINLAY, K.W.; WILKINSON, G.N. The analysis of adaptation in a plant breeding programme. *Australian Journal of Agricultural Research*, Melbourne, v.4, p.742-754, 1963.
- FREEMAN, G.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*, London, v.27, n.1, p.15-23, 1971.
- GALLANT, A.R. *Nonlinear statistical models*. New York: John Wiley, 1987. 610p.
- LIN, C.S.; BINNS, M.R.; LEFKOVICHT, L.P. Stability analysis: where do we stand? *Crop Science*, Madison, v.26, n.5, p.894-900, 1986.
- RIBEIRO, P.H.E. *Adaptabilidade e estabilidade de cultivares de milho em diferentes épocas de semeadura, níveis de adubação e locais do Estado de Minas Gerais*. Lavras, 1998. 125p.
- Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) – UFLA.
- SILVA, J.G.C.; BARRETO, J.N. Aplicação da regressão linear segmentada em estudos da interação genótipo por ambiente. In: SIMPÓSIO DE ESTATÍSTICA APLICADA À EXPERIMENTAÇÃO AGRONÔMICA, 1., Piracicaba, 1985. *Anais...* Campinas: Fundação Cargill, 1985. p.49-50.
- STORCK, L. *Modelos de regressão bi-segmentado descontínuo com erros de medidas aplicadas na análise de estabilidade de cultivares*. Piracicaba, 1989. 217p. Tese (Doutorado em Estatística e Experimentação Agronômica) – ESALQ/USP.
- TOLER, J.E. *Patterns of genotypic performance over environmental arrays*. Clemson, 1990. 154p. Thesis (PhD.) – Clemson University.
- TOLER, J.E.; BURROWS, P.M. Genotypic performance over environmental arrays: A non-linear grouping protocol. *Journal of Applied Statistics*, Abingdon, v.25, n.1, p.131-143, 1998.
- VERMA, M.M.; CHAHAL, G.S.; MURTY, B.R. Limitation of conventional regression analysis: a proposed modification. *Theoretical and Applied Genetics*, Berlin, v.53, n.2, p.89-91, 1978.