

**ESCOLHA DE POPULAÇÕES SEGREGANTES
DE FEIJOEIRO UTILIZANDO PARÂMETROS
GENÉTICOS, FENOTÍPICOS E
MARCADORES RAPD**

HÉLIA ALVES DE MENDONÇA

2001

HÉLIA ALVES DE MENDONÇA

**ESCOLHA DE POPULAÇÕES SEGREGANTES DE FEIJOEIRO
UTILIZANDO PARÂMETROS GENÉTICOS, FENOTÍPICOS
E MARCADORES RAPD**

Tese apresentada à Universidade Federal de Lavras, como parte das exigências do Programa de Pós-Graduação em Agronomia, área de concentração em Genética e Melhoramento de Plantas, para obtenção do título de “Doutor”.

Orientador

Prof. João Bosco dos Santos

LAVRAS
MINAS GERAIS - BRASIL
2001

**Ficha Catalográfica Preparada pela Divisão de Processos Técnicos da
Biblioteca Central da UFLA**

Mendonça, Hélia Alves de

Escolha de populações segregantes de feijoeiro utilizando parâmetros genéticos, fenotípicos e marcadores RAPD / Hélia Alves de Mendonça. -- Lavras : UFLA, 2001.

100 p. : il.

Orientador: João Bosco dos Santos.

Tese (Doutorado) – UFLA.

Bibliografia.

1. Genética quantitativa. 2. Herdabilidade. 3. Estimativa de $m + a + d$. 4. Dialelo circulante. 5. Marcador molecular. 6. Metodologia de Jinks e Pooni (1976). 7. *Phaseolus vulgaris*. I. Universidade Federal de Lavras. II. Título.

CDD-635.6523

HÉLIA ALVES DE MENDONÇA

**ESCOLHA DE POPULAÇÕES SEGREGANTES DE FEIJOEIRO
UTILIZANDO PARÂMETROS GENÉTICOS, FENOTÍPICOS
E MARCADORES RAPD**

Tese apresentada à Universidade Federal de Lavras, como parte das exigências do Programa de Pós-Graduação em Agronomia, área de concentração em Genética e Melhoramento de Plantas, para obtenção do título de "Doutor".

APROVADA em 05 de fevereiro de 2001

Dr. Magno Antonio Patto Ramalho	UFLA/DBI
Dra. Ângela de Fátima Barbosa Abreu	Embrapa/Arroz e Feijão
Dr. Moacil Alves de Souza	UFV
Dr. Pedro Crescêncio Souza Carneiro	UFV


Prof. João Bosco do Santos
UFLA
(Orientador)

LAVRAS
MINAS GERAIS - BRASIL

*Que Deus me dê Serenidade para
aceitar as coisas que não posso mudar,
Coragem para mudar o que for possível
e Sabedoria para reconhecer a diferença.*

À minha filha Laís, a qual foi fonte de inspiração e motivação
Ao meu esposo Valério

DEDICO

À DEUS, pela vida

OFEREÇO

AGRADECIMENTOS

À Deus, por ter me permitido vencer mais esta etapa.

À Universidade Federal de Lavras, pela oportunidade concedida.

Ao Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq), pela concessão da bolsa de estudos.

Ao professor e orientador Dr. João Bosco dos Santos, pela orientação, incentivo, apoio, paciência, confiança, amizade e pelos ensinamentos transmitidos durante o curso. Sua dedicação e eficiência na orientação deste trabalho foram, sem dúvida, de fundamental importância.

Ao professor e co-orientador Dr. Magno Antonio Patto Ramalho, pela orientação, incentivo, colaboração e ensinamentos transmitidos durante a realização deste curso e pela amizade, que durante esses anos de convivência se transformou em um grande e especial amigo. Que sua dedicação ao ensino e pesquisa científica perdure para sempre em minha mente e que sirva de exemplo de vida profissional para todos que trabalham com ensino e pesquisa.

À Dra. Ângela de Fátima Barbosa Abreu, por suas valiosas sugestões que engrandeceram este trabalho, e especialmente, pela amizade e disponibilidade dentro e fora da Universidade.

Aos professores Dr. Moacil Alves de Souza e Dr. Pedro Crescêncio Souza Carneiro pela participação na banca e importantes contribuições apresentadas.

Aos professores da UFLA pelos ensinamentos e amizade, em especial Daniel Furtado Ferreira, César Augusto Brasil Pereira Pinto, Lisete Chamma Davide, Antônio Nazareno Guimarães Mendes e Eustáquio Souza Dias.

Aos funcionários do Departamento de Biologia pela amizade e imensa colaboração.

Aos funcionários da Biblioteca Central da UFLA pela presteza e atenção dispensada.

Ao amigo Pedro Hélio, que muito contribuiu para que este trabalho fosse realizado, e principalmente pela amizade fora da Universidade.

Aos colegas e amigos Jair, Maria Gabriela, Aramália, José Eustáquio, Fausto, Marcos Ventura e Carlos Ledo pelo companheirismo.

Aos amigos do Núcleo de Estudos em Genética (GEN), pelo apoio e convivência.

À todos que contribuíram, de alguma maneira, para o êxito desse trabalho.

Um agradecimento muito especial à minha filha Laís e ao meu esposo Valério, pela compreensão, carinho e estímulo.

SUMÁRIO

	Página
RESUMO	i
ABSTRACT	iii
1 INTRODUÇÃO	1
2 REFERENCIAL TEÓRICO	4
2.1 Sistemática, domesticação e raças de feijão.....	4
2.2 Biologia floral	8
2.3 Cultivar Carioca	10
2.4 Métodos utilizados na escolha de genitores para um programa de melhoramento por hibridação	14
2.5 Dialelos circulantes	26
2.6 Estimativas de parâmetros genéticos e fenotípicos	28
2.7 Predição do potencial de genitores com base em distâncias genéticas estimadas a partir de marcadores moleculares	32
3 MATERIAL E MÉTODOS	36
3.1 Local	36
3.2 Material utilizado	36
3.3 Avaliação das populações segregantes nas gerações F_2 e F_3	38
3.4 Análise dos dados	39
3.5 Estimativas dos componentes de média	40
3.6 Estimativas dos parâmetros genéticos e fenotípicos.....	41
3.7 Predição do potencial das populações segregantes para a obtenção de linhagens superiores	41
3.8 Avaliação de famílias $F_{3,4}$	43

3.9 Correlações classificatórias	45
4 RESULTADOS	46
4.1 Predição do potencial das populações segregantes nas gerações F ₂ e F ₃	46
4.2 Avaliação das famílias F _{3,4} das populações selecionadas.....	65
4.3 Correlações de Spearman entre as distâncias genéticas obtidas por marcadores RAPD e estimativas de CEC, d, Z, σ_G^2 e h_a^2	70
5 DISCUSSÃO	73
6 CONCLUSÕES	87
7 REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS	88

RESUMO

MENDONÇA, Hélia Alves de Mendonça. Escolha de populações segregantes de feijoeiro utilizando parâmetros genéticos, fenotípicos e marcadores RAPD. Lavras: UFLA, 2001. 100p. (Tese- Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas)

A eficiência de qualquer programa de melhoramento é dependente da escolha criteriosa dos genitores a serem utilizados nas hibridações e/ou da identificação precoce das populações segregantes com maior potencial para a obtenção de linhagens superiores. Entre os procedimentos que auxiliam o melhorista na identificação das populações mais promissoras, os dialelos e as estimativas de $m+a$ têm sido os mais utilizados. A estimativa de $m+a$ corresponde à média de todas as possíveis linhagens na geração F_{∞} ; porém, essa estimativa somente será útil se associada a uma medida da variância esperada entre as mesmas. A dificuldade está em estimar esta variância em gerações mais precoces. Uma alternativa seria fazer inferência sobre a frequência de locos em heterozigose (d) e, portanto, da variabilidade liberada em gerações avançadas. Outra alternativa é a estimativa da distância genética obtida por meio de marcadores moleculares, uma vez que maior distância molecular implica em maior diversidade e, por conseguinte, maior variabilidade é esperada nas populações segregantes. Nesse contexto, esse trabalho objetivou verificar se os parâmetros do dialelo, estimativa de d (efeito dos locos em heterozigose) e a distância genética obtida por meio de marcadores RAPD podem inferir sobre a variabilidade existente nas populações segregantes e também avaliar a eficiência da metodologia baseada nas propriedades da distribuição normal padronizada, dos parâmetros do dialelo e estimativas de $m+a$ e d , na predição do potencial produtivo de populações segregantes do feijoeiro. Para isso foram obtidas 30 combinações híbridas entre os genitores ESAL 693, Carioca 300V, CI-21, H-4-7, CI-128, Carioca MG, Ouro Negro, PF 9029975, Pérola, IAC Carioca Aruã, Aporé e A-285 Rudá. Estes genitores foram inter cruzados em esquema de dialelo circulante, em que o número de combinações híbridas de cada genitor foi igual a 5. As sessenta populações segregantes F_2 e F_3 foram avaliadas juntamente com os doze genitores no delineamento de blocos casualizados, com 3 repetições em parcelas de 2 linhas de 4m, sendo analisada a produtividade de grãos. Com os dados médios de produção, em g/parcela, foram estimadas as

* Comitê Orientador: João Bosco dos Santos - UFLA (Orientador), Magno Antonio Patto Ramalho - UFLA

capacidade geral e específica de combinação e as estimativas de $m+a$ e d . Em cada parcela foram amostradas 10 plantas competitivas para a avaliação da produção em g/planta e para estimar os parâmetros fenotípicos e genéticos. Com essas estimativas e utilizando as propriedades da distribuição normal padronizada, que permite estimar a probabilidade de cada população originar linhagens que superem um determinado padrão, fez-se a predição do potencial de cada população segregante. As distâncias genéticas foram obtidas por meio de marcadores moleculares RAPD. Para verificar a eficiência das estimativas empregadas, foi conduzido um experimento adicional, no qual foram avaliadas 270 famílias $F_{3,4}$, os 12 genitores e 7 testemunhas no delineamento látice simples 17×17 , em parcelas de 1 linha de 1m. Estas famílias foram obtidas de 10 populações F_3 , sendo 5 com menores e 5 com maiores estimativas de d . De cada população selecionada foram tomadas 27 famílias. Em cada cruzamento estimaram-se os parâmetros fenotípicos e genéticos e a porcentagem de famílias que superaram a cultivar considerada como padrão (Pérola). Constatou-se que no feijoeiro existe efeito de dominância no sentido de aumentar a produção de grãos e, por isso, as estimativas de CEC e d foram úteis para identificar as populações mais segregantes. No entanto, as estimativas de distâncias genéticas obtidas por meio de marcadores RAPD não foram boas indicadoras da variabilidade potencial das populações, para o caráter produção de grãos. Não houve concordância entre a porcentagem observada de linhagens superiores à Pérola na geração $F_{3,4}$ e a probabilidade estimada pela metodologia baseada na distribuição normal, indicando que esta metodologia não foi eficiente para predição do potencial de populações segregantes do feijoeiro. Já as estimativas de $m+a$, d e os parâmetros do dialelo mostraram-se úteis para identificar as populações segregantes mais promissoras para extração de linhagens superiores. Ficou evidenciada a necessidade de associar duas ou mais estimativas para identificar a população segregante que irá produzir linhagens superiores em produção de grãos.

ABSTRACT

MENDONÇA, Hélia Alves de Mendonça. Choice of segregat common bean populations using genetic and phenotypic parameters and RAPD markers. Lavras: UFLA, 2001. 100p. (Doctoral Thesis in Genetics and Plant Breeding)*

The efficiency of a breeding program depends on the choice of parents or the early selection of the segregating populations with higher potential for generating superior lines. Among the procedures for identification the most promising populations, the diallel and the $m+a$ estimates have been the most used. The $m+a$ estimate is related to the average of all possible lines in the F_{∞} generation, although it is useful when associated with a parameter that estimate the variability among those lines. As it is difficult to estimate that variability in early generations, an alternative is to estimate the amount of d which is dependent of the frequency of heterozygous loci (d), and it is related to the amount of genetic variability liberated in later generations. Another alternative is to estimate the genetic distance between the parents based on molecular markers, which should be related to the genetic variability of the segregating populations. Considering those alternatives the objectives were to verify the efficiency of the diallel parameters, the d estimate, and the genetic distance based on RAPD markers to predict the variability of segregating populations, and also, to verify the efficiency of the diallel parameters, the $m+a$ and d , and the procedure based the normal distribution to predict the potential of the segregating populations for selecting higher grain yield lines. Thirty segregating populations were obtained from intercrossing the parents ESAL 693, Carioca 300V, CI-21, H-4-7, CI-28, Carioca MG, Ouro Negro, PF 9029975, Pérola, IAC Carioca Aruã, Aporé and A-285 Rudá, according to the circle diallel procedure, when each parents were crossed with five others. The populations at F_2 and F_3 generations and the 12 parents were evaluated based on grain yield in a experiment using a randomized complete block design with three replications of plots with 2 row of 4m-long. General and specific combining abilities (GCA and SCA), and $m+a$ and d were estimated from plot mean yield. Using a sample of 10 competitive plants in each plot, the grain yield per plant was obtained for estimating genetic and phenotypic parameters within populations. Those estimates were used, and considering the normal distribution proprieties to

* Guidance Committee: João Bosco dos Santos - UFLA (Major Professor);
Magno Antonio Patto Ramalho - UFLA

predict the potential of the segregating populations for selecting lines with higher grain yield, using the yield of the cultivar Pérola as a pattern. The genetic distances were estimated based on RAPD markers. The efficiency of all related alternatives was checked through the evaluation of 270 $F_{3,4}$ families, the 12 parents and 7 checks using the simple square lattice design 17×17 , using a 1m-long plot. Equal number of families were obtained from 5 F_3 segregating populations with the highest d estimates, and from 5 with the lowest d estimates. Considering the mean grain yield of the families of each population there were estimated genetic and phenotypic parameters, and the percentage of families that outyield the pattern Pérola cultivar. Dominance genetic effect was responsible for improving the grain yield. Then SCA and d were useful for identifying the populations with higher segregations. However, the genetic distances based on RAPD markers were not good predictors of grain yield potential variability of the populations. No association was verified between the percentage of families of each populations ($F_{3,4}$) that outyield the Pérola cultivar and the predictions estimated according to the normal distribution procedure. The $m+a$ and d estimates and the diallel parameters were useful to identify segregating populations more promising for selecting higher grain yield lines. However, the association of more than one procedure helps more efficiently the selection of the most promising populations for generating higher yield lines.

1 INTRODUÇÃO

O nível de produtividade atual obtido pela maioria das espécies cultivadas é bem superior àquele observado nos materiais primitivos. Isso foi resultado principalmente do melhoramento genético. O maior desafio, contudo, é continuar tendo ganho, pois as diferenças a serem detectadas são cada vez menores, exigindo do melhorista conhecimento científico crescente para continuar tendo sucesso.

No melhoramento de plantas autógamias, a principal alternativa para continuar tendo sucesso é o emprego do método de hibridação, que visa combinar, em um indivíduo, fenótipos desejáveis que estão em dois ou mais indivíduos diferentes. Assim, há necessidade de identificar aquela população mais promissora para a extração de linhagens. Entre os procedimentos que auxiliam os melhoristas nessa escolha, têm sido utilizados os cruzamentos dialélicos, a estimativa de $m+a$ e a metodologia proposta por Jinks e Pooni (1976).

Os cruzamentos dialélicos têm sido os mais utilizados em várias espécies, incluindo o feijoeiro (Otubo, 1994; Oliveira, 1995; Abreu, 1997; Machado, 1999). Eles fornecem informações sobre o potencial dos genitores e o tipo de controle genético predominante. Contudo, apresenta como grande limitação o trabalho despendido na realização das hibridações, especialmente quando se está trabalhando com espécies em que os cruzamentos artificiais são difíceis e com pequeno número de sementes híbridas por polinização, como é o caso do feijoeiro.

A estimativa de $m+a$ foi proposta por Vencovsky (1987) para plantas alógamas e permite identificar populações mais adequadas para a extração de

linhagens utilizando o contraste entre duas gerações consecutivas. Esta estimativa corresponde à média de todas as possíveis linhagens que podem ser derivadas de um cruzamento, na geração F_{∞} . Esse procedimento foi também utilizado algumas vezes em plantas autógamas (Oliveira, 1995; Abreu, 1997; Santos, 2000).

Deve-se enfatizar que apenas a média das linhagens na geração F_{∞} não possibilita avaliar o potencial das populações, pois é necessário que a estimativa de $m+a$ esteja associada à maior variância entre as linhagens. Esta maior variância pode ser decisiva na escolha da melhor população para a extração de linhagens, uma vez que, se diferentes populações derem origem a linhagens com médias semelhantes, será escolhida aquela que apresentar maior amplitude de variação. Assim, um parâmetro complementar corresponde à obtenção de informações sobre o efeito de locos em heterozigose (d). Isto porque, considerando todos os locos com o mesmo efeito, maior estimativa de d implica em maior frequência de locos em heterozigose e maior variância será esperada entre as linhagens. Entretanto, a variabilidade potencial prevista pela estimativa de d não inclui os locos sem efeito de dominância (Ramalho, Santos e Zimmermann, 1993).

A metodologia proposta por Jinks e Pooni (1976) estima a probabilidade de obter linhagens superiores a um padrão na geração F_{∞} , considerando a média e a variância de uma geração precoce. Essa metodologia foi empregada algumas vezes em soja (Triller, 1994), feijão (Otubo et al., 1996; Abreu, 1997) e Arroz (Santos, 2000). No entanto, a estimativa da variância em gerações precoces é dificultada, pois os dados devem ser obtidos a partir de plantas individuais, gerando problemas de baixa precisão experimental e dificuldade na obtenção dos dados.

Os procedimentos mencionados dependem de avaliações experimentais de populações segregantes, demandando a realização de cruzamentos e tempo para as posteriores avaliações. Uma alternativa que dispensa cruzamentos e avaliações das populações segregantes é a estimativa da distância genética entre genótipos, obtida por meio de marcadores moleculares. Assim, quanto maior a distância molecular, maior será a divergência entre os genitores e provavelmente maior será a variabilidade da população. Alguns trabalhos já foram realizados visando verificar esse fato (Manjarrez-Sandoval et al., 1997b; Helms, Orf e McClean, 1997; Bonato, 2000).

Diante do exposto, este trabalho teve como objetivos: verificar se os parâmetros do dialelo, o componente de média d e a distância genética, obtida por meio de marcadores RAPD, podem inferir sobre a variabilidade existente nas populações segregantes; avaliar a eficiência da metodologia proposta por Jinks e Pooni (1976), dos parâmetros do dialelo e dos componentes de média $m+a$ e d na predição do potencial produtivo de populações segregantes.

2 REFERENCIAL TEÓRICO

2.1 Sistemática, Domesticação e Raças de feijão

O gênero *Phaseolus* possui cerca de 55 espécies, das quais cinco são cultivadas: *P. vulgaris* L., *P. lunatus* L., *P. coccineus* L., *P. acutifolius* A. Gray var. *latifolius* Freeman e *P. polyanthus* Greenman (Debouck, 1993). Entre elas, o feijão-comum, *Phaseolus vulgaris*, é o mais importante, por ser a espécie cultivada mais antiga e também a mais utilizada em quase todos os continentes (Santos e Gavilanes, 1998).

Apesar do feijão (*Phaseolus vulgaris* L.) ser considerado uma espécie não cêntrica, ou seja, de origem múltipla e com centros de domesticação independentes (Harlan, 1971 e 1975), é consenso que essa espécie e as demais do gênero originaram-se nas Américas. Isto porque evidências morfológicas mostram que o feijão silvestre, ancestral do feijão comum, tem uma ampla distribuição nas Américas, desde o oeste do México até o nordeste da Argentina, sendo que ao longo desta faixa observam-se diferenças morfológicas que possivelmente refletem a adaptação do feijoeiro silvestre às condições contrastantes do ambiente em que se encontra (Debouck e Tohme, 1989).

Baseado em método fitogeográfico, Vavilov (1949/50), citado por Vieira, Borém e Ramalho (1999), mostrou, nas primeiras décadas do século XX, que o centro de diversidade genética das espécies de feijão *P. vulgaris*, *P. coccineus*, *P. lunatus* e *P. acutifolius* localiza-se no México e América Central, pois foi nessa área que ele encontrou a maior variação de formas dessas espécies. Identificou ainda um centro secundário de diversidade genética na área montanhosa que compreende o Peru.

Atualmente, aceita-se que o feijão-comum teve dois centros principais de domesticação e um terceiro de menor expressão (Gepts e Debouck, 1991). O primeiro localiza-se na região central das Américas, principalmente no México, e é onde se originou a maioria das cultivares de grãos pequenos. O segundo localiza-se no sul dos Andes, principalmente no norte da Argentina e no sul do Peru, onde se originaram as cultivares de sementes grandes. A terceira área de domesticação, provavelmente intermediária entre as duas principais, situa-se na Colômbia.

Por meio de análise eletroforética, Gepts (1988) determinou os tipos de faseolina – a principal fração protéica das sementes de feijão - que ocorrem nas formas silvestres e cultivadas. Descobriu que, no México e América Central, as formas silvestres exibem os tipos ‘S’ e ‘M’ de faseolina, enquanto na Colômbia apresentam os tipos ‘B’, ‘C’ e ‘H’ e, nos Sul dos Andes, somente o tipo ‘T’. Verificou, ainda, que há correspondência na distribuição geográfica dos tipos de faseolina entre os feijões silvestres e cultivados. Os feijões com o tipo ‘S’ predominam no México e América Central, ao passo que os com o tipo ‘T’ predominam no sul dos Andes. O tipo ‘B’ somente foi encontrado em feijões silvestres e cultivados na Colômbia. Por outro lado, os tipos ‘C’, ‘H’ e ‘A’ foram encontrados apenas em formas cultivadas nos Andes.

Há correlação entre o tipo de faseolina e o tamanho da semente. Cultivares com os tipos ‘T’, ‘C’, ‘H’ e ‘A’ têm sementes maiores que as cultivares com os tipos ‘S’ e ‘B’ de faseolina. De acordo com Gepts et al. (1986) e Gepts e Bliss (1986) no México e América Central, a domesticação deu origem às cultivares de sementes pequenas e com faseolina do tipo ‘S’; na Colômbia, às cultivares com sementes pequenas e faseolina do tipo ‘B’; e, no sul dos Andes, às cultivares com sementes grandes e faseolina do tipo ‘T’ (e possivelmente ‘A’, ‘C’ e ‘H’).

Em razão de o feijão-comum ser cultivado em uma grande diversidade de ambientes e em muitos países de todo o mundo, ele é uma das espécies com maior variabilidade de caracteres agronômicos, como hábito de crescimento, dias para maturação, tamanho, cor, forma e brilho dos grãos, adaptação às condições de clima e solo e resistência a pragas e doenças. Por essa razão, uma classificação de grande utilidade, principalmente para orientar os cruzamentos entre as diferentes cultivares, é a que considera um conjunto de caracteres morfológicos, adaptativos, evolucionários e até mesmo marcadores moleculares (Singh, 1991). Dessa maneira, os feijões dos principais centros de domesticação foram agrupados em seis raças ou doze grupos gênicos por Singh, Gepts e Debouck (1991) (Tabela 1). Esses autores usam o termo raça para designar um conjunto de cultivares nativas relacionadas dentro dos centros de domesticação mesoamericano e andino, e assim, membros de cada raça compartilham certas características morfológicas, fisiológicas, agronômicas, bioquímicas ou moleculares comuns, diferindo de outras raças nas frequências alélicas. Cada raça é constituída de um a quatro grupos gênicos, sendo que a raça Mesoamérica inclui os grupos gênicos 1, 2, 3 e 4, que reúnem a maioria das cultivares de grãos pequenos utilizadas no Brasil, sendo a cultivar Carioca pertencente ao grupo 3.

A maioria dos programas de melhoramento realiza cruzamentos entre linhas e cultivares provenientes do mesmo grupo gênico, isto é, do grupo que possui as cultivares com as características agronômicas e culinárias mais aceitas comercialmente. A consequência desse procedimento é a exploração de menos de 5% da variabilidade existente na espécie, além de dificilmente se conseguirem ganhos genéticos significativos, principalmente na produção de grãos (Singh et al., 1990; Singh, 1992; Singh, 1991). Por essa razão é que tem sido preconizada a utilização dos diferentes grupos gênicos nos programas de melhoramento, considerando, evidentemente, as principais características de cada um, a fim de

viabilizar maiores ganhos em produtividade, associados aos outros caracteres de interesse em cada região. Porém, de acordo com Abreu (1997), quando se utilizam genitores de diferentes raças e um ou mais não são adaptados às condições de cultivo, a probabilidade de se obterem linhagens superiores no final do programa é menor do que quando os genitores são adaptados e da mesma raça.

TABELA 1. Principais características das raças de feijoeiro.

Centro de Domesticação	Raça	Conjuntos gênicos	Faseolina	Hábito de crescimento ^{1/}	Características da semente
Meso-América	Mesoamérica	1, 2, 3, 4	S, Sb, B	I, II, III e IV	pequena, oval, cilíndrica
	Durango	5	S, Sb	III	média, romboédrica
	Jalisco	6	S	IV	média, redonda, cilíndrica oval
Sul dos Andes	Nova Granada	7, 8, 9	T	I, II, III	média e grande, cilíndrica
	Chile	10	C, H	III	média, redonda, oval
	Peru	11, 12	T, C, H	IV	média e grande, redonda

^{1/} I – Hábito de crescimento determinado; II – hábito de crescimento indeterminado com guias curtas; III – hábito de crescimento indeterminado com guias longas; IV – hábito de crescimento indeterminado, prostrado ou trepador

Fonte: Adaptado de Singh, Gepts e Debouck (1991).

2.2 Biologia Floral

Existem diversos relatos, na literatura, descrevendo a biologia floral do feijoeiro (Ramalho, Santos e Zimmermann, 1993; Santos e Gavilanes, 1998; Peternelli, Borém, 1999). De acordo com estes relatos, o feijoeiro comum é uma planta de dias curtos e baixas altitudes. As temperaturas ótimas para produtividade máxima situam-se entre 29,5/21,0°C (dia/noite).

As flores do feijoeiro agrupam-se em ráculos, que brotam nas axilas das folhas, a partir de gemas floríferas e, mais raramente, de gemas mistas. Cada flor apresenta uma bráctea e duas bractéolas, estas últimas na base do pedúnculo floral. As flores são papilionadas. O cálice é gamossépalo, tubuloso (campanulado) na base e subdividido em três ou cinco dentes no ápice. É de coloração verde, coberto por bractéolas grandes, persistentes.

A corola é pentâmera e apresenta uma quilha, resultante da fusão de duas pétalas inferiores e encerra os estames e o pistilo. No gênero *Phaseolus*, o ápice da quilha é enrolado em espiral, enquanto nos gêneros próximos, como *Vigna* e *Dolichos*, é curvo, mas não enrolado. Existem ainda, na corola, duas pétalas laterais à quilha, as asas (alas), e uma pétala bem maior que envolve as outras, o estandarte, em posição superior. A coloração das pétalas, no feijão-comum, varia de branco a arroxado e está relacionada principalmente com diferenças genéticas entre as cultivares, embora dependa também da idade da flor e das condições ambientais.

Os estames, que no seu conjunto formam o androceu, no início de seu crescimento aparecem em duas fileiras de cinco. Posteriormente, nove deles soldam-se pelas bases e o décimo fica livre, de modo que na flor adulta exista um tubo estaminal de nove estames unidos pelas bases e um livre. Este último fica em posição posterior, oposto ao estandarte.

O gineceu é súpero, desenvolve-se, a princípio, como uma protuberância em forma de meia-lua, que logo se fecha. Na sua porção dorsal existe um feixe vascular, bem desenvolvido, e na sua porção ventral, dois feixes de menor tamanho. O carpelo pode ser comparado com uma folha que apresenta uma nervura mediana, dorsal, bem desenvolvida e duas nervuras menores, ventrais, que seriam os bordos, através dos quais ocorrerá a união da folha para constituir um só corpo. Apresenta, internamente, os óvulos, conectados, alternadamente, a cada um dos dois feixes ventrais. Os óvulos estão aderidos à placenta pelo funículo, através do qual passa um feixe vascular, derivado de um dos feixes vasculares ventrais. No ápice do ovário, alongado e comprimido, desenvolve-se o estilete, curvo e comprimido, com pêlos; na extremidade do estilete apresenta-se o estigma, de forma arredondada.

A morfologia floral do *Phaseolus vulgaris* L. favorece o mecanismo de autopolinização. As anteras estão situadas no mesmo nível do estigma e envolvidas completamente pela quilha. Quando ocorre a deiscência das anteras (antese), os grãos de pólen caem diretamente sobre o estigma. É importante salientar que a deiscência das anteras e a polinização ocorrem no momento ou pouco antes da abertura da flor (cleistogamia). Desse modo, quando a flor abre já está polinizada, o que torna a autofecundação seu sistema quase obrigatório de reprodução. Weinstein (1926) verificou que, em casa de vegetação, a polinização ocorre quase na ocasião da antese, dando-se a fertilização oito a nove horas depois. Todavia, ocorre uma taxa de fecundação cruzada natural que atinge, às vezes, proporções que dificultam os trabalhos de melhoramento e a manutenção da pureza das cultivares.

A taxa de fecundação cruzada varia, além da distância entre as plantas, de lugar para lugar, sofrendo influência das condições do meio, que, por sua vez, afetam a população e a atividade dos insetos. Essa taxa depende também das

cultivares semeadas, ou seja, do tipo de suas flores e da maior ou menor coincidência dos seus períodos de floração (Vieira, Borém e Ramalho, 1999). Estudos realizados no Brasil por Junqueira Netto e Lasmar Filho (1971), Pacova e Rocha (1975), Pereira Filho e Cavariani (1984) e Marques Júnior e Ramalho (1995) têm demonstrado que a taxa de polinização cruzada natural é baixa, ficando entre zero e 1,4%. Em determinadas condições ambientais, entretanto, certas cultivares podem apresentar taxas mais elevadas de cruzamento natural, como as obtida por Pompeu (1963), de até 6,0%, e Costa e Antunes (1975), de até 10,6%.

No exterior, os estudos sobre a alogamia na cultura do feijão acusaram resultados semelhantes aos do Brasil, com fecundações cruzadas naturais geralmente inferiores a 4%. Todavia, podem ocorrer altas taxas de fecundação cruzada, como as mencionadas por Brunner e Beaver (1988) de até 17,6% e Wells, Isom e Waines (1988), de até 85%. Ibarra-Perez, Ehdaie e Waines (1997) apresentam ampla revisão da taxa de alogamia em feijoeiro comum em vários países, como Brasil e Chile (de 0 a 1,4%), México (de 1,2 a 3,7%) e Porto Rico (de 0,2 a 39%), e comentam que essa grande variação decorre da diferença de material e técnica utilizada pelos pesquisadores na estimativa da taxa de fecundação cruzada.

2.3 Cultivar Carioca

A cultivar de feijão, denominada Carioca foi recebida da CATI – Coordenadoria de Assistência Técnica Integral - pela Seção de Leguminosa do Instituto Agrônomo de Campinas (IAC), no início de 1966, oriunda de Palmital – SP (Almeida, Leitão e Miyasaka, 1971). A cor dos grãos e o desenho ondulado do feijão, parecido com as calçadas das praias de Copacabana, no Rio de Janeiro,

deram o seu nome de batismo (A revolução ..., 2000). Não se conhece a origem dessa cultivar, mas de acordo com Voysest (1983), há vários materiais mexicanos muito parecidos com a cultivar Carioca e que não são plantados no Brasil. Portanto, existe uma vaga especulação que essa cultivar tenha vindo do México. No entanto, a literatura menciona que a cultivar Carioca surgiu a partir de mutações genéticas ou de cruzamentos naturais (A revolução ..., 2000).

A cultivar Carioca foi descrita por Almeida, Leitão Filho e Miyasaka (1971) como “ uma planta de crescimento indeterminado, de ciclo vegetativo ao redor de 90 dias e muito pouco ou não pigmentada de antocianina. Apresenta também folíolos de coloração verde-esmeralda na face superior e verde oliva na face inferior, ligeiramente pubescentes, com maior incidência de pêlos ao longo das nervuras primárias e secundárias. O limbo foliar mede aproximadamente 10,5 cm de comprimento por 7,2 cm de largura (média do folíolo central). Apresenta poucas flores, dispostas em inflorescências axilares, sendo que cada flor apresenta, na base do cálice, duas bractéolas pequenas, de forma oval-lanceolada, com 0,6 cm a 0,7 cm de comprimento e de coloração verde-oliva. O cálice tem coloração verde-clara, com cerca de 0,5 cm de comprimento, sendo ligeiramente piloso na sua parte externa. A flor mede aproximadamente 1,6 cm a 1,7 cm de comprimento (média tomada da base do cálice ao ápice do estandarte). O estandarte na flor jovem é de coloração branca, com ligeiras nuances de amarelo na porção basal. Após a fecundação, sua coloração tende a uniformizar-se numa tonalidade amarelo-descolorado. As asas na flor jovem têm cor branca, e após a fecundação tomam uma coloração amarelo-descolorado. A quilha é de cor ligeiramente esverdeada na base, com nuances de amarelo no ápice. Essa coloração é constante em todos os estádios da flor. As vagens são de coloração amarelo-palha na maturação, ocorrendo esporadicamente manchas rosadas de intensidades variadas, sendo este um caráter raro. As linhas das

suturas dorsal e ventral são de coloração verde-amarela. As vagens são septadas parcialmente entre as sementes, medindo 10,59cm de comprimento e 0,88cm de largura (média de 50 vagens). O número médio de sementes por vagem é de 5,78. As sementes são foscas, castanho-claras, apresentando estrias de coloração havana, característica da cultivar. O hilo é branco, apresentando ao redor halo de coloração creme e o comprimento das sementes é, em média, de 0,96cm de largura e 0,5cm de espessura e forma oblonga”.

Plantada em campo de observação, juntamente com outros materiais, no mesmo ano em que foi recebida pelo IAC, mostrou alta capacidade produtiva. Por essa razão, foram realizados estudos mais detalhados, sendo a cultivar colocada nos ensaios de competição e nos campos de caracterização de cultivares, embora as sementes, pela sua coloração, não tivessem a preferência dos consumidores paulistas (Almeida, Leitão e Miyasaka, 1971). Foram realizados vários testes culinários e agrônômicos, demonstrando que o fato da cultivar Carioca apresentar sementes com tegumento de coloração bicolor, ou seja, fundo creme com listras havana, não comprometeu a facilidade de cozimento e nem outras características culinárias. Com relação às observações de campo, a cultivar Carioca mostrou-se 20% mais produtiva do que as cultivares mais utilizadas no estado de São Paulo, e também mais resistente à antracnose, ferrugem, bacteriose e vírus (Almeida, Leitão e Miyasaka, 1971). Apesar da ótima produtividade e outras características de boa qualidade, o novo material, na opinião de muitos técnicos, não seria bem aceito por produtores e consumidores, pois estes não estavam acostumados a utilizar feijões do tipo bicolor ou mesmo rajados. Esse temor atingiu até alguns membros da Comissão Técnica Permanente de Leguminosas da Secretaria de Agricultura do Estado de São Paulo, os quais julgavam temeroso incluir o novo material para multiplicação no Plano Estadual de Sementes. Foi necessário, assim, uma série

de reuniões com apresentação dos resultados experimentais, aliás, de forma incontestável, para que a Comissão aceitasse a introdução da nova cultivar para multiplicação pelo Departamento de Sementes e Mudas da CATI (Almeida, 2000).

A primeira notícia oficial sobre a nova cultivar e suas boas características foi divulgada em 1968, no Terceiro Encontro de Técnicos em Agricultura. Em meados de 1970, antes da publicação oficial na revista científica *Bragantia* por Almeida, Leitão e Miyasaka, os resultados foram divulgados por um artigo de autoria de Almeida, publicado no Suplemento Agrícola do jornal 'O Estado de São Paulo', atingindo, portanto, alcance nacional (Almeida, 2000).

Nos anos seguintes, a cultivar Carioca foi incluída nos ensaios nacionais de competição de variedades, conseguindo sempre se sobressair em produtividade, sendo indicada para plantio em outros estados brasileiros, principalmente Paraná e Minas Gerais. Também naquela ocasião, o novo material começou a ser incluído em todos os programas de melhoramento existentes no País, em vista de suas ótimas características.

A partir da divulgação e da multiplicação das sementes em 1969, a aceitação da nova cultivar pelos agricultores, e também pelos consumidores, foi tão grande que, por volta de 1976, já era a cultivar mais plantada e comercializada no Estado de São Paulo. Atualmente, a cultivar Carioca ou suas derivadas, as quais despontaram nos programas de pesquisa em melhoramento genético, são as cultivares mais difundidas e plantadas nos principais Estados produtores de feijão do Brasil. Segundo o A revolução ... (2000), a cultivar Carioca é semeada em cerca de 80% das lavouras nacionais.

Em 1977, a cultivar Carioca foi colocada para competir nos ensaios internacionais coordenados pelo Centro Internacional de Agricultura Tropical – CIAT, configurando entre as mais produtivas por diversos anos, e considerada

por aquele Centro como testemunha internacional nos ensaios de avaliação nos anos de 1980 a 1983. A cultivar Carioca passou, então, a ser incluída nos programas de melhoramento do CIAT, e foi levada para outros países.

De acordo com Ramalho e Abreu (1998), a cultivar Carioca tem participado dos experimentos de avaliação de cultivares em Minas Gerais, nas regiões Sul e Alto Paranaíba, nos últimos 27 anos, sendo que são poucos os materiais melhorados atuais que superam o seu desempenho, principalmente na ausência de patógenos.

2.4 Métodos utilizados na escolha de genitores para um programa de melhoramento por hibridação

Existem várias opções de métodos de melhoramento de plantas autógamas (Fehr, 1987; Ramalho, Santos e Zimmermann, 1993; Borém, 1997), que se enquadram em duas categorias. A primeira visa utilizar a variabilidade disponível no germoplasma, pela introdução de novas espécies ou novas cultivares de uma espécie já estabelecida e o procedimento denominado de seleção de linhas puras, que utiliza a variabilidade disponível no germoplasma em uso pelos agricultores. A segunda alternativa, muito mais frequente que a anterior, amplia a variabilidade por meio da hibridação entre genitores contrastantes para os caracteres de interesse para a seleção. O objetivo da hibridação é combinar, em um mesmo indivíduo, dois ou mais fenótipos desejáveis que estão em indivíduos diferentes.

Na condução de um programa de melhoramento utilizando a hibridação, há pelo menos três questionamentos a serem feitos. O primeiro é quais genitores deverão ser cruzados. O segundo é como será obtida a população segregante e o terceiro é como conduzir as populações segregantes. A escolha dos genitores

pode ser considerada a etapa mais crítica, pois qualquer erro nessa etapa irá comprometer todo o processo, acarretando em perdas de recursos e, sobretudo, de tempo. Assim, para se ter sucesso na escolha dos genitores para um programa de melhoramento, os objetivos devem ser bem claros, pois a decisão depende dos caracteres a serem melhorados, do tipo de controle genético dos caracteres e da fonte de germoplasma disponível (Fehr, 1987).

Se o caráter a ser melhorado for de herança qualitativa, isto é, controlado por poucos genes e pouco influenciado pelo ambiente, a escolha dos genitores é mais fácil. Nesse caso, normalmente é realizada a hibridação de um genitor portador do alelo de interesse com outro que apresente boas características agronômicas. Em se tratando de caracteres quantitativos, ou seja, controlados por muitos genes e muito influenciados pelo ambiente, como é o caso da produtividade de grãos, a escolha de genitores não é tão simples. Estes devem ser tais que possibilitem a obtenção de populações segregantes com média alta, associada à grande variabilidade para o caráter a ser selecionado. Com este propósito, várias metodologias têm sido propostas e utilizadas.

De acordo com Baenziger e Peterson (1991), os métodos de escolha de genitores, visando o melhoramento de caráter quantitativo, são classificados em duas categorias: a primeira delas envolve os procedimentos que utilizam apenas as informações dos genitores, e a segunda utiliza informações sobre o comportamento das progênies oriundas do cruzamento.

Entre os métodos de escolha dos genitores utilizando o seu próprio desempenho, o mais empregado é a própria média do caráter em questão. O sucesso na sua utilização depende da ocorrência de predominância de ação gênica aditiva no controle do caráter. Esse método, apesar de importante e ser o mais utilizado, tem como desvantagem a impossibilidade de antever a variabilidade genética gerada no cruzamento, pois o fato de dois genitores apresentarem média

alta não implica em que o híbrido entre eles irá gerar uma população segregante com variabilidade suficiente para se obter sucesso com a seleção. Isso só irá ocorrer se os genitores superiores apresentarem constituição genética diferente, que resultará em uma população com muitos locos heterozigóticos (Ramalho, Santos e Zimmermann, 1993).

A avaliação do potencial de um cruzamento pelo coeficiente de parentesco tem sido realizada em algumas ocasiões (Toledo, 1992; Picard et al., 1992; Gizlice, Carter e Burton, 1993; Reis, 1998). O coeficiente de parentesco ou coeficiente de Malécot (Malécot, 1948) é dado pela probabilidade de um alelo tomado ao acaso, de um indivíduo, ser idêntico por ascendência a outro alelo do mesmo loco, tomado ao acaso, de outro indivíduo. Geralmente é expresso por f , sendo que primeiramente foi definido por Wright (1922) como sendo a correlação entre alelos que se unem. Utilizando esse coeficiente, pode-se estimar a divergência genética entre diferentes cultivares. O valor do coeficiente de Malécot (f) igual a zero ($f = 0$) indica nenhum parentesco e máxima divergência. Parentesco igual a um ($f = 1$) indica parentesco total e divergência nula.

O método de coeficiente de parentesco enfatiza a variação entre genitores, mas não necessariamente inclui a estimativa da média deles. Esse método baseia-se na genealogia dos materiais a serem utilizados como genitores e também que os genótipos com menor grau de parentesco possuam maior divergência genética. Assim, é esperado que se os genitores não forem aparentados, a população segregante oriunda de seu cruzamento apresente uma grande variabilidade genética. Se essa variabilidade for associada à média elevada, ter-se-á grande chance de sucesso na seleção, conforme comentado. Contudo, nem sempre é possível empregar essa metodologia, pois a genealogia do germoplasma utilizado no programa de melhoramento é muitas vezes desconhecida. É possível também, os indivíduos serem aparentados e divergentes ou não aparentados e pouco

divergentes para a característica de interesse. Deste modo, este método pode não ser muito eficiente para a escolha de genitores. Reis (1998) menciona que o uso do coeficiente de parentesco deve ser feito com ressalva, considerando-o apenas como critério auxiliar na seleção de genitores, a qual deve ser baseada também nos caracteres agrônômicos relevantes à adaptação das plantas aos diferentes ambientes de cultivo.

Considerando ainda apenas os genitores, a utilização de técnicas multivariadas permite ao melhorista avaliá-los por meio de um conjunto de características, levando em consideração a contribuição e a importância relativa das mesmas para o total da variância existente entre as populações. Entre essas técnicas, tem-se a análise multivariada, as variáveis canônicas, os componentes principais e a análise de agrupamento baseada em medidas de similaridade ou dissimilaridade (Johnson e Wichern, 1988). As medidas de dissimilaridade que têm sido mais utilizadas na escolha de genitores são a distância euclidiana e a estatística D^2 de Mahalanobis (Sarawat, Stoddard e Marshall, 1994; Ferreira et al., 1995, Abreu, 1997; Machado, Santos e Nunes, 2000). Além de utilizar as avaliações fenotípicas dos genitores, uma alternativa para determinar a divergência genética é por meio do uso de marcadores moleculares, como os de DNA. Entre eles, o RAPD (Random Amplified Polymorphic DNA) destaca-se pela sua simplicidade.

A técnica de RAPD consiste na amplificação de fragmentos de DNA aleatórios, representando uma amostra do genoma (Ferreira e Grattapaglia, 1996). Tal amplificação é feita por meio de primers de seqüência aleatória. Por exemplo, com um primer pode-se obter um fragmento amplificado em uma cultivar, representado por 1, e a ausência em outra, representado por 0. Cada loco para o fragmento, 0 ou 1, pode ser considerado um caráter que irá informar sobre a divergência genética. Utilizando-se vários primers, pode-se obter grande número

de fragmentos polimórficos (caráter) na população. A distância genética (d_{ij}) é estimada entre cada par de genótipos, utilizando-se todos os fragmentos obtidos, que produzem as combinações 11, 01, 10 e 00. Existem vários métodos para estimar a distância, sendo bastante utilizado o complemento do coeficiente de similaridade de Dice (Rohlf, 1992), em que:

$$d_{ij} = 1 - \frac{2(\text{n}^\circ \text{ combinações } 11)}{2(\text{n}^\circ \text{ combinações } 11) + \text{n}^\circ \text{ combinações } 01 + \text{n}^\circ \text{ combinações } 10}$$
. Assim, a partir de n cultivares, pode-se estimar $n(n-1)/2$ distâncias.

O simples fato de dois genitores serem divergentes não implica em superioridade de seus híbridos, pois a média de uma população segregante depende da frequência dos locos fixados com alelos favoráveis e da frequência de locos em heterozigose. Quando em um ou em ambos os genitores a frequência de locos favoráveis fixados é baixa, dificilmente maior frequência de locos segregando, advindos de maior divergência, irá compensar a baixa frequência de locos favoráveis fixados.

Entre os métodos de escolha dos genitores em função do desempenho de suas progênes, os cruzamentos dialélicos têm sido os mais empregados em várias espécies, inclusive no feijoeiro (Ramalho, Santos e Pereira Filho, 1988; Nienhuis e Singh, 1988; Takeda, Santos e Ramalho, 1991; Otubo et al., 1996, Abreu, 1997, Machado, 1999). Este método auxilia na escolha dos genitores, orienta na condução das populações segregantes e na seleção (Vencovsky e Barriga, 1992; Ramalho, Santos e Zimmermann, 1993; Cruz e Regazzi, 1994).

Cruzamentos dialélicos, ou simplesmente dialelos, podem ser conceituados como sendo os intercruzamentos de p genitores, dois a dois. Vários métodos foram propostos para a análise dos cruzamentos dialélicos (Jinks e Hayman, 1953; Griffing, 1956; Gardner e Eberhart, 1966). O método de Jinks e Hayman (1953) tem sido utilizado principalmente visando fornecer informações sobre o controle genético em várias espécies. A metodologia de Gardner e

Eberhart (1966) tem como principal vantagem o estudo da heterose. Já o procedimento de Griffing (1956) possibilita estimar as capacidades geral e específica de combinação dos genitores envolvidos nos cruzamentos. A significância da capacidade geral de combinação (CGC) dos genitores indica que é possível identificar genitores com potencial superior em combinações híbridas. Já a significância da capacidade específica de combinação (CEC) indica que há heterogeneidade nos cruzamentos, não explicada pela capacidade geral de combinação. Assim, é possível identificar pares que apresentem capacidade específica de combinação diferentes estatisticamente de outros.

Apesar dos cruzamentos dialélicos serem ferramenta muito útil aos melhoristas na escolha dos genitores em um programa de melhoramento por hibridação, apresenta como principal limitação o trabalho envolvido na realização das hibridações. Isso ocorre especialmente quando estão envolvidos muitos genitores, tornando-se necessário obter muitos cruzamentos, alguns dos quais desinteressantes para o melhorista. Este problema pode ser contornado com o uso de dialelos circulantes. Além disso, os esquemas dialélicos não informam sobre a variabilidade dentro de cruzamentos quando predomina o efeito aditivo dos genes.

Visando avaliar procedimentos para a escolha de genitores em feijão, Machado (1999) utilizou a distância de Mahalanobis (D^2), dialelo completo e marcadores moleculares RAPD. Para a obtenção da distância de Mahalanobis, utilizou avaliações morfo-agronômicas em doze cultivares (Aporé, H-4-7, PF 9029975, CI-128, Carioca MG, CI-21, Carioca 300V, Ouro Negro, IAC Carioca Aruã, A-285 Rudá, ESAL 693 e Pérola). As distâncias de Mahalanobis classificaram as cultivares em dois grupos distintos. As cultivares ESAL 693 e Ouro Negro foram as mais divergentes, indicando que populações com maior variabilidade são aquelas em que um dos genitores seja o ESAL 693 ou Ouro

Negro. As combinações mais divergentes foram: PF 9029975 e ESAL 693, A-285 Rudá e ESAL 693, Carioca MG e ESAL 693, e IAC Carioca Aruã e ESAL 693. Essa estimativa foi útil somente quando o objetivo foi a obtenção de populações segregantes em vários caracteres agronômicos.

Para as estimativas de capacidade geral (CGC) e específica de combinação (CEC), Machado (1999), utilizou dialelo completo entre os dozes genitores. Os resultados obtidos indicaram que houve predominância de efeitos não aditivos, sendo que os efeitos aditivos também foram significativos. Entre os genitores com valores positivos de CGC, as populações Aporé x CI-128, CI-128 x Pérola, PF 9029975 x Ouro Negro e CI-128 x Ouro Negro também exibiram valores positivos de CEC e elevadas produções de grãos, sendo estas as mais promissoras para a seleção de linhagens. O genitor ESAL 693 apresentou maior valor negativo de CGC, indicando baixo potencial produtivo. Também foi verificado que houve correlação significativa entre capacidade específica de combinação e heterose.

A eficiência dos marcadores moleculares RAPD na escolha de genitores foi avaliada por Machado (1999), estimando-se a divergência genética dos doze genitores pelo complemento do coeficiente de similaridade de Dice e o agrupamento destas distâncias pelos métodos de Tocher e UPGMA. Os marcadores moleculares separaram os genitores em cinco grupos distintos e forneceram resultados similares aos obtidos pela distância de Mahalanobis, especialmente quanto aos genitores mais divergentes. De acordo com a autora, essa associação sugere que quaisquer dos dois procedimentos de estimativas de distância são úteis para identificar a divergência quando o interesse é o melhoramento de vários caracteres agronômicos. Porém, eles não foram eficientes quando o interesse foi apenas a produtividade de grãos, pois não houve correlação com a capacidade específica de combinação.

Outra alternativa que pode ser empregada na escolha de populações segregantes é a estimativa de $m+a$. Esta metodologia foi proposta para a cultura do milho por Vencovsky (1987) e possui a vantagem de poder ser aplicada com qualquer número de genitores e/ou populações segregantes. O $m+a$ corresponde à média esperada das n linhagens possíveis de uma população segregante, na geração F_{∞} . Para o emprego dessa metodologia, basta avaliar as populações segregantes em duas gerações simultaneamente, podendo ser F_1 e F_2 ou F_2 e F_3 . Quanto mais precoces forem as gerações avaliadas, mais cedo poderão ser descartadas as combinações inferiores. O fundamento do método está no fato de que a média da geração F_1 , proveniente de um cruzamento simples, é $m+a+d$, da geração F_2 é $m+a+\frac{1}{2}d$, da geração F_3 é $m+a+\frac{1}{4}d$ e da geração F_{∞} , quando a homozigose completa for atingida, a média das linhagens será igual a $m+a$, pois nos locos que estão segregando, os efeitos dos homozigotos se anulam; assim, a média das n linhagens possíveis irá depender apenas dos locos que estão fixados nos parentais.

Segundo Ramalho, Santos e Zimmermann (1993), m é o ponto médio de dois genótipos homozigóticos completamente contrastantes; a representa a soma algébrica dos locos fixados com alelos favoráveis ou desfavoráveis nos dois genitores e d representa a soma algébrica dos efeitos dos locos em heterozigose. Assim, $m+a$ pode ser estimado pela expressão $2F_2 - F_1$ ou $2F_3 - F_2$.

Em um cruzamento em que a frequência alélica dos locos que não estão fixados é 0,5, e estes são oriundos de genitores contrastantes, essa estimativa avalia o potencial da população segregante em relação aos locos em que estão fixados, ou seja, que estão em homozigose, e corresponde à média dos genitores envolvidos nos cruzamentos ($m+a$). Assim, uma população com maior estimativa de $m+a$ possui, em relação à outra, maior ocorrência de locos com os alelos favoráveis em homozigose.

A estimativa de $m+a$ tem sido utilizada com frequência na avaliação do potencial de populações de milho visando a extração de linhagens (Vencovsky, 1987; Vianna et al., 1982; Lima, 1999). Contudo, em plantas autógamas tem sido pouco empregada, sendo que os únicos relatos de seu emprego foram os de Singh e Urrea (1995), Oliveira et al. (1996), Abreu (1997) e Santos (2000).

Com o objetivo de comparar metodologias de escolha de genitores em um programa de melhoramento, Oliveira et al. (1996) realizaram um cruzamento dialélico entre seis cultivares de feijão pertencentes às raças Mesoamérica, Durango e Nova Granada. Os autores constataram que houve coerência nos resultados obtidos pela análise dialélica e pela estimativa de $m+a$ das populações. Contudo, salientam que os locos que estão segregando, isto é, aqueles em que uma cultivar complementa a outra, e que, portanto, possibilitam os avanços com a seleção, não podem ser detectados pela estimativa de $m+a$. Assim, recomendam a associação dessa estimativa com a variância genética dentro da população. Isso porque populações com maior estimativa de $m+a$, conforme mencionado, possuem maior frequência de locos fixados com alelos favoráveis. Já a maior estimativa de variância genética permite inferir sobre a população que apresenta maior frequência de locos segregantes.

No trabalho de Oliveira et al. (1996), foi estimada a variância genética de cada população na geração F_2 . Os autores constataram que no cruzamento com maior estimativa de $m+a$, envolvendo duas cultivares da raça Durango, a estimativa da variância genética foi nula. Assim, a seleção nessa população, em termos de produtividade de grãos, seria de baixa eficiência, pois, na melhor das hipóteses, seriam selecionadas linhagens com o mesmo desempenho dos genitores. Nos cruzamentos envolvendo cultivares de raças diferentes, as estimativas de variância genética foram, geralmente, expressivas confirmando a observação que materiais mais divergentes geram maior variabilidade.

A estimativa da variância fenotípica, em geral, é obtida a partir de dados de plantas individuais. Contudo, esse fato traz alguns problemas, como a baixa precisão da estimativa e a dificuldade na obtenção dos dados. Uma alternativa seria obter a estimativa dos locos em heterozigose (d). Isto porque, partindo-se do pressuposto que todos os locos tenham a mesma contribuição para o fenótipo, maior estimativa de d implica em maior frequência de locos em heterozigose e, desse modo, maior variância será esperada entre as linhagens, haja visto que o número de linhagens diferentes em F_{∞} é fornecido por 2^n , em que n é o número de locos segregantes. Se essa pressuposição for correta, a estimativa de d irá refletir a variância liberada na geração F_{∞} , e ela pode ser obtida envolvendo as gerações F_1 e F_2 ou F_2 e F_3 , com pouco trabalho e boa precisão. No entanto, a comparação das estimativas da variância com o d fica prejudicada, pois as variâncias não são diretamente comparáveis, pois normalmente na literatura encontra-se estimativas de herdabilidade. Assim, utilizam-se as estimativas da herdabilidade, que possibilitam essas comparações.

Visando verificar esse fato, Lima (1999), trabalhando com milho, estimou a variância genética entre famílias $S_{0,1}$, que corresponde à variância entre plantas S_0 . Obteve correlação positiva, porém baixa ($r = 0,21$), entre a estimativa de d e herdabilidade em quatro populações de milho, indicando que a estimativa de d não forneceu a mesma informação da herdabilidade e, portanto, ela não foi uma boa medida da variabilidade existente na população. Esse resultado é diferente do obtido por Abreu (1997) trabalhando com quatro populações de feijão, que obteve correlação positiva e alta ($r = 0,97$) entre a estimativa de d e herdabilidade observada entre as famílias $F_{5,7}$, indicando que, ocorrendo dominância, a estimativa de d poderá substituir a estimativa da variância genética com vantagem, pois o parâmetro d é um componente de média e, portanto, estimável com maior precisão do que a variância.

Como mencionado, o objetivo dos melhoristas é identificar as populações segregantes superiores o mais precocemente possível, as quais associem média alta e suficiente variabilidade genética que possibilitem a seleção de linhagens com elevado desempenho e, conseqüentemente, o sucesso com a seleção. A metodologia de Jinks e Pooni (1976) é uma das poucas alternativas que associa média e variância. Desse modo, possibilita o descarte de populações segregantes pouco promissoras logo no início do programa, com sensível economia de tempo e de recursos. Essa metodologia se baseia no fato de que, para características quantitativas controladas por no mínimo seis genes de efeitos aditivos, a distribuição fenotípica das linhagens na F_{∞} segue a distribuição normal. Usando as propriedades dessa distribuição, é possível estimar a probabilidade de ocorrência de linhagens com fenótipo que supere um determinado padrão. Para a sua aplicação, considerando só efeitos aditivos, a média da geração na F_2 é igual à média da população de linhagens na geração F_{∞} e a variância genética dessa geração contém $2\sigma_{G_{F_2}}^2 = \sigma_{G_L}^2$. Essa pressuposição é válida na ausência de seleção no avanço das gerações.

Em soja, esse método foi aplicado por Triller (1994) utilizando a geração F_3 de seis cruzamentos entre quatro genótipos. As estimativas dos potenciais genéticos foram comparadas às proporções de linhagens F_7 e F_8 . As informações disponíveis apontam que a predição do potencial genético de cruzamentos para a extração de linhas puras transgressivas usando a média e a variância dos genitores e da geração F_3 é de alta eficiência, principalmente para características poligênicas com herdabilidade média a alta. Para características como produtividade de grãos, de herdabilidade geralmente baixa, essa metodologia também é eficiente. A principal restrição nesse caso é a possível ocorrência de interação genótipos x gerações (ambientes), que pode mudar a classificação das linhagens oriundas de cada população.

No feijoeiro, a estimativa dessa probabilidade foi obtida por Otubo et al. (1996) para o índice de velocidade de germinação, utilizando a geração F_2 . Os autores concluíram que essa metodologia é uma boa alternativa na escolha de genitores, complementando as informações fornecidas pelos cruzamentos dialélicos.

Também em feijão, Abreu (1997) utilizou quatro populações de feijoeiro, escolhidas em função da divergência entre os genitores e da possibilidade de obter tipo de grão aceitável para o consumo. Foram avaliadas as gerações F_1 e F_2 , juntamente com os genitores, obtendo-se as estimativas de $m+a$ e d . Utilizando o procedimento de Jinks e Pooni (1976), estimou a probabilidade de cada uma dessas populações originarem linhagens que superassem um padrão (utilizou como padrão a cultivar Carioca), fazendo, dessa forma, a predição do potencial de cada população. Visando verificar a eficiência das estimativas empregadas, foi conduzido um experimento adicional, no qual avaliaram-se 62 famílias $F_{5,7}$ de cada uma das populações nas mesmas condições. Constatou-se que a estimativa de $m+a$ foi coerente com a média das famílias na geração avançada ($F_{5,7}$). Com os resultados obtidos, confirmou-se que as estimativas de $m+a$ e d possibilitam obter informações de que os melhoristas precisam para decidir quais populações segregantes são mais promissoras. Também constatou-se que a metodologia de Jinks e Pooni (1976) foi eficiente na predição precoce do potencial genético de populações segregantes, principalmente se associada à estimativa de $m+a$.

Em arroz, Santos (2000) também utilizou a metodologia de Jinks e Pooni (1976) e mostrou ser esta metodologia uma alternativa viável na escolha das populações mais promissoras, permitindo ao melhorista concentrar maiores esforços na avaliação das populações superiores.

2.5 Dialelos Circulantes

Já foi mencionado que os dialelos correspondem ao intercruzamento de p genitores, dois a dois. Existem várias opções de dialelos, como os cruzamentos dialélicos completos, dialelos parciais e dialelos circulantes. O estudo da capacidade combinatória de um grupo maior de genitores requer a obtenção e a avaliação de várias combinações híbridas, o que pode inviabilizar os estudos. Este problema pode ser contornado com o uso de dialelos circulantes, que utilizam um número reduzido de cruzamentos. Uma desvantagem dessa redução é que os estimadores das funções estimáveis ficam sujeitos a uma elevação de suas variâncias como consequência da elevação da variância residual (Veiga, 1998). Estes delineamentos consistem em uma amostragem dos cruzamentos possíveis entre os genitores em estudo e são altamente eficientes sob o ponto de vista prático, permitindo estimar a capacidade de combinação de linhagens em cruzamento e detectar combinações híbridas promissoras (Gonçalves, 1987).

Os cruzamentos dialélicos circulantes foram propostos por Kempthorne e Curnow (1961). Nesse esquema de cruzamento, os p genitores estão presentes em um número s de combinações híbridas, que deve estar entre 2 e $p-1$ genitores, sendo os genitores também avaliados. Se porventura não houver possibilidade de incluir os genitores, o número s de combinações híbridas deve estar entre 3 e $p-1$. O esquema de cruzamentos em dialelo circulante é mais vantajoso que os outros em relação ao número de genitores que podem ser avaliados. Nesse esquema, pode-se avaliar maior número de genitores, e menor número de cruzamentos são necessários em comparação com outros esquemas de cruzamentos dialélicos.

O algoritmo para determinar o número e identificar as combinações híbridas foi proposto por Kempthorne e Curnow (1961) e está descrito em Cruz e Regazzi (1994). Segundo estes autores, com p genitores e s cruzamentos por

genitor ($2 \leq s \leq p-1$), o número total de combinações é $p \cdot s$; porém, como os recíprocos não necessitam ser incluídos, o número total de combinações híbridas passa a ser $ps/2$.

Para identificar quais cruzamentos devem ser realizados (y_{ij}), é necessário salientar que $i=1,2,\dots,p$, $j=k+1, k+i+1, \dots, k+i-1+s$; valores de j acima de p devem ser reduzidos por múltiplos de p de tal forma que $i \leq j \leq p$. O valor k é obtido pela expressão $k = (p+1-s)/2$, com a restrição evidente de que k deve ser um número inteiro. Depreende-se, então, que s não pode assumir qualquer valor, para determinado valor de p . Ou seja, se p for um número par, o s deve ser ímpar. O contrário também é verdadeiro. Outra observação refere-se ao limite máximo do valor de s , que, se for igual a $p-1$, o dialelo circulante corresponderá ao completo.

Exemplificando, se forem utilizados 100 genitores, s pode assumir qualquer valor ímpar entre 3 e 99. Considerando-se o menor valor, o número total de combinações híbridas será de 150, bem inferior aos 4950 necessários nos cruzamentos dialélicos completos.

Em milho, Gonçalves (1987) utilizou um esquema de dialelo circulante para avaliar 25 linhagens endógamas, cruzadas aos pares, de modo que cada uma pudesse aparecer em três cruzamentos de forma circulante. As conclusões obtidas indicam que o modelo reduzido foi eficiente na avaliação do potencial genético de linhagens endógamas. Oliveira Júnior (1995) comparou a eficiência do dialelo circulante desbalanceado com outros dialelos também desbalanceados e concluiu que o primeiro foi mais eficiente, por ter fornecido informações da CGC para sete genitores com sete hibridações; para os demais, seis hibridações foram necessárias para estimar a CGC de apenas quatro genitores.

Visando avaliar a eficiência dos dialelos circulantes na escolha de genitores, por meio de simulação de dados, Veiga (1998) demonstrou que os dialelos circulantes são tão eficientes quanto os completos, tanto na classificação

dos genitores quanto à CGC e à CEC como na magnitude das estimativas desses parâmetros. O autor também demonstrou que, embora o número de cruzamentos (s) de cada genitor afete as estimativas de CGC e de CEC, mesmo com um valor mínimo de s é possível obter boa concordância com as estimativas obtidas nos dialelos completos. O autor salienta que em condições de baixa herdabilidade, pode ser vantajoso aumentar o número de cruzamentos de cada genitor, embora a melhoria na eficiência ocorra com aumentos de s até, no máximo, a metade do número de genitores envolvidos, com o que já se consegue uma alta eficiência dos dialelos circulantes em todos os casos.

2.6 Estimativas de parâmetros genéticos e fenotípicos

As estimativas dos parâmetros genéticos e fenotípicos auxiliam os melhoristas na tomada de decisões a respeito do método de melhoramento a ser empregado, como melhorar sua eficiência, e várias dessas estimativas auxiliam na escolha de genitores. Essas estimativas podem ser obtidas utilizando componentes de médias e/ou variâncias. O emprego da variância é preferido, uma vez que o uso de médias pode conduzir a conclusões errôneas, já que, neste caso, o que se obtém no final é uma soma algébrica de cada um dos locos individualmente; e se os alelos dominantes estiverem atuando em sentidos opostos nos vários locos, o efeito final é pequeno ou nulo. Isto não acontece quando se usa a variância, dado que os efeitos individuais de cada loco são elevados ao quadrado, não havendo possibilidade deles se anularem. A variância permite ainda que sejam estimados a herdabilidade e o ganho esperado com a seleção. É por isso que muitas vezes ela tem sido preferida (Ramalho, Santos e Zimmermann, 1993).

Quando se utiliza variância, estima-se principalmente a variância genética total, embora em alguns casos possa ser obtida a variância genética aditiva (σ_A^2) e de dominância (σ_D^2). É necessário enfatizar que há um número restrito de relatos de estimativas dos componentes genéticos da variância quando a frequência alélica é diferente de 0,5. Neste caso, além da variância genética aditiva (σ_A^2) e de dominância (σ_D^2), a variância genética total contém também a covariância genética entre os efeitos médios (aditivos) dos alelos e os efeitos de dominância dos homozigotos (D_1), a variância genética dos efeitos de dominância dos homozigotos (D_2) e a depressão por endogamia elevada ao quadrado (H) (Souza Junior, 1989).

Na obtenção das estimativas de parâmetros genéticos são utilizados diferentes procedimentos, tais como o emprego de linhas puras (Ramalho, et al., 1979; Ramalho, Pinto e Santo Cecília, 1982; Pereira Filho, Ramalho e Ferreira, 1987), de famílias de populações segregantes da hibridação de dois ou mais genitores (Abreu, 1989; Takeda, 1990; Collicchio, 1995) e os cruzamentos dialélicos analisados por diferentes procedimentos (Otubo, 1994; Abreu, 1997).

Em praticamente todos os trabalhos, ênfase foi dada às estimativas da herdabilidade. Isso porque ela indica o potencial do material para a seleção e, conseqüentemente, permite ao melhorista avaliar suas chances de sucesso com a seleção na população em apreço. A herdabilidade corresponde à proporção da variação genética em relação à variância fenotípica total (Falconer, 1987), que pode ser, no sentido amplo, quando envolve no numerador da expressão, toda a variância genética, isto é, a aditiva e não aditiva, e no sentido restrito, que contém no numerador da expressão apenas a variância genética aditiva. Vale ressaltar que ao avaliar linhas puras ou famílias com alto nível de endogamia, a variância genética entre as famílias é toda aditiva. Assim, quando se avaliam linhas puras, a herdabilidade estimada é equivalente àquela no sentido restrito. A herdabilidade

também pode variar em função da unidade seletiva a ser utilizada, isto é, indivíduos ou famílias (Teixeira, 1997).

Para a obtenção das estimativas de herdabilidade, podem ser utilizados alguns procedimentos, tais como os citados por Borém (1997): a) com base nos componentes de variância; b) pela regressão entre médias das famílias em gerações subsequentes; c) herdabilidade realizada (h_{rv}^2), considerando o desempenho de indivíduos e/ou famílias em gerações subsequentes e utilizando a

expressão: $h_{rv}^2 = \frac{GS_j/m_j}{ds_i/m_i} \times 100$, sendo GS_j : ganho com a seleção na geração dos

descendentes (geração j) que foram identificados na geração anterior (geração i), isto é, a média dos indivíduos selecionados na geração j menos a média geral na geração j; ds_i : diferencial de seleção, dada pela média dos indivíduos selecionados na geração i menos a média geral na geração i; m_i e m_j : médias das famílias nas gerações i e j, respectivamente (Ramalho, Santos e Zimmermann, 1993); d) indiretamente, por meio da variação de ambiente, utilizando a seguinte

expressão: $h_a^2 = \frac{\sigma_{F_2}^2 - (\sigma_{P_1}^2 + \sigma_{P_2}^2 + \sigma_{F_1}^2) / 3}{\sigma_{F_2}^2}$; e) por meio de retrocruzamentos.

Nas Tabelas 2 e 3 estão apresentadas algumas estimativas de herdabilidades relacionadas na literatura. Como se constata, há ampla variação para as estimativas obtidas e esta variação era esperada em função das condições ambientais em que as estimativas foram obtidas, da variabilidade genética presente nos materiais utilizados e também do método utilizado para a obtenção da estimativa. Observa-se que a amplitude de variação das estimativas de herdabilidade obtidas em trabalhos na Universidade Federal de Lavras foi semelhante às relatadas em outras condições, sendo que, nessa Universidade, a herdabilidade no sentido amplo variou de 0 a 82% (Tabela 3), enquanto em outras condições, a variação foi de 5 a 71% (Tabela 2).

TABELA 2. Estimativas de herdabilidade no sentido amplo (h_a^2) e restrito (h_r^2) da produção de grãos em feijão.

Local	Método utilizado	h_a^2 (%)	h_r^2 (%)	Fonte
Colômbia	Progênes F_5	17 a 56	-	Camacho, Cardona e Orozco, 1964
Estados Unidos	Regressão F_2, F_3	11	-	Coyne, 1968
Índia	Linhagens	60	-	Aggarwal e Singh, 1973
Nova Zelândia	Dialelo	-	1	Chung e Stevenson, 1976
Costa Rica	$P_1, P_2, F_1, F_2, RC_{11}, RC_{21}$	-	25 a 30	Paniagua e Pinchinat, 1976
Inglaterra	Progênes F_4, RC_{11}, RC_{21}	34	-	Davis e Evans, 1977
Itália	-	-	37	Polignano, 1983
Estados Unidos	$P_1, P_2, F_1, F_2, RC_{11}, RC_{21}$	23	-	Zimmermann, et al., 1984 ¹
Estados Unidos		21	-	Zimmermann, et al., 1984 ²
Brasil (Patos de Minas -MG)	Dialelo	71	52	Santos, Vencovsky e Ramalho, 1985
Brasil (Viçosa-MG)	$P_1, P_2, F_1, F_2, RC_{11}, RC_{21}$	-	60	Santos, et al., 1986
Colômbia	Dialelo	-	21	Nienhuis e Singh, 1988
Colômbia	Regressão F_2, F_3	29	-	Singh et al., 1990
Estados Unidos	Linhagens	90	-	Scully, Wallace e Viands, 1991
Colômbia	Regressão F_2, F_3	5 a 23	-	Kornegay, White e Cruz, 1992
Espanha	Linhagens	12	-	Escribano, De Ron e Amurrio, 1994
Brasil (Viçosa-MG)	F_3, RC_{1a} e RC_{2a} ³	-	35	Peternelli, et al., 1994 ¹
Brasil (Viçosa-MG)	F_3, RC_{1a} e RC_{2a} ³	-	52	Peternelli, et al., 1994 ²
Itália	Progênes S_2	62 a 65	-	Ranalli, 1996


¹ - em monocultivo; ² - em consórcio; ³ - retrocruzamentos autofecundados
 Fonte : Adaptado de Ramalho, Santos e Zimmermann (1993).

TABELA 3. Estimativas de herdabilidade no sentido amplo (h_a^2) e restrito (h_r^2) da produção de grãos na cultura do feijão, obtidas na Universidade Federal de Lavras-MG.

Método utilizado	h_a^2 (%)	h_r^2 (%)	Fonte
Linhagens	4 a 46	-	Ramalho, et al., 1979
Linhagens	28 a 45	-	Ramalho, Andrade e Teixeira, 1979
Dialelo	46	24	Santos, Vencovsky e Ramalho, 1985
Dialelo (F_7 e F_8)	-	23	Takeda, Santos e Ramalho, 1991
Covariância F_i/F_j	3 a 23	-	Souza, 1993
Progênies S_1 e S_2	37	-	Gonçalves, 1995
Regressão S_1/S_2	26	-	Gonçalves, 1995
Regressão F_i/F_j	0 a 12	-	Collicchio, 1995
Progênies F_5	66	-	Collicchio, 1995
Dialelo F_3 e F_4	31	-	Melo, 1996
Progênies S_1	19 a 45	-	Souza, 1997
Progênies $F_{5,7}$	18 a 52	-	Abreu, 1997
Progênies $S_{0,2}$	5,3	-	Ferreira, 1998
Progênies $S_{0,1}$	82	-	Ferreira, 1998
Progênies $F_{2,4}$	28,8 a 62	-	Ferreira, 1998
Progênies $F_{5,7}$	44,6	-	Ferreira, 1998
Progênies $F_{5,8}$	50,3	-	Ferreira, 1998

2.7 Predição do potencial de genitores com base em distâncias genéticas estimadas a partir de marcadores moleculares

As estimativas de diversidade genética obtidas pela análise das informações fornecidas por marcadores moleculares são as mais freqüentes na literatura atual. Elas têm sido obtidas por diferentes tipos de marcadores moleculares e analisadas por grande quantidade de metodologias. A utilização direta destas estimativas de diversidade em programas de melhoramento de feijão



ainda não foi relatada. Contudo, diversos estudos foram realizados em outras culturas para verificar se é possível realizar predições, principalmente a respeito da variância e da heterose. Liu, Pei e Pu (1999) observaram que a heterose e o desempenho de híbridos de trigo não apresentavam correlações com a distância genética baseada em marcadores RAPD. Contudo, os agrupamentos resultantes das distâncias genéticas separaram as linhagens genitoras em grupos de acordo com o seu desempenho com relação aos componentes da produção de grãos.

As distâncias genéticas entre dez linhagens endogâmicas das subespécies *indica* e *japonica* de *Oryza sativa* L. foram calculadas utilizando marcadores PCR e microsatélites conjuntamente (Xiao et al., 1996). Estas distâncias foram comparadas com o desempenho e a heterose de 43 das 45 combinações híbridas possíveis entre as dez linhagens. As correlações observadas entre a distância genética com o desempenho dos híbridos e com a heterose foram altas e positivas para parte dos caracteres estudados. As estimativas de correlações encontradas variaram de 0,084 a 0,785. Quando as populações foram subdivididas em três conjuntos de acordo com a subespécie dos genitores, as correlações com o desempenho e a heterose da produção de grãos foram significativas para as populações formadas pelo cruzamento entre genitores da mesma subespécie, mas não para as populações oriundas de cruzamentos entre subespécies. Segundo os autores, estes resultados indicam que a distância genética obtida pela análise dos dois marcadores moleculares pode ser útil apenas para populações formadas pelo cruzamento entre duas linhagens de uma mesma subespécie.

Em feijão, Duarte, Santos e Melo (1999) observaram que a heterose e a CEC de populações F_4 não foram correlacionadas com a distância genética baseada em marcadores RAPD. Segundo os autores, a correlação é uma estimativa que depende de variabilidade nos dois parâmetros envolvidos, o que não foi verificado para heterose e CEC, provavelmente devido à análise ter sido

realizada em F₄.

Embora a obtenção de vigor híbrido não seja um dos objetivos dos atuais programas de melhoramento de plantas autógamas, alguns trabalhos buscam identificar se a heterose pode ser predita pelas distâncias genéticas baseadas em marcadores moleculares. Em soja, Manjarrez-Sandoval et al. (1997a) encontraram correlações significativas entre a distância genética estimada a partir de marcadores moleculares RFLP e a heterose dos caracteres peso de 100 sementes ($r = 0,86^{**}$) e altura das plantas em população F₂ ($r = 0,82^{**}$). A existência de correlação entre a heterose para a produção de grãos e a distância genética foi dependente do local e do ano em que as avaliações foram realizadas. Os autores concluíram que o valor preditivo da distância genética foi insuficiente para que possa ser utilizado em programas de melhoramento.

Comparando métodos quantitativos e métodos baseados em marcadores RAPD, para a predição do comportamento de populações em soja, Barroso (2000) verificou que, em populações formadas por genitores adaptados e não adaptados, a capacidade geral de combinação estimada em F₂ e a média dos genitores foram as melhores metodologias de predição do potencial das populações. O autor também verificou que a distância genética obtida pela análise de marcadores RAPD pode ser utilizada para predizer o potencial das populações endogâmicas e para selecionar a melhor linhagem genitora não adaptada de soja com relação a alguns caracteres, incluindo produção de grãos, e que, para alguns caracteres, entre os quais se inclui a produção de grãos, a confiabilidade realizada pelas medidas de diversidade genética baseadas em marcadores RAPD foi semelhante às obtidas pelas melhores metodologias de predição testadas.

Outros trabalhos foram realizados para verificar se a distância genética baseada em marcadores moleculares pode predizer o comportamento da variância

genética. Em soja, Manjarrez-Sandoval et al. (1997b) observaram uma relação quadrática entre a distância genética baseada em marcadores RFLP e a variância genética da produção de grãos em populações endogâmicas. Os autores concluíram que a distância genética pode ser utilizada pelos programas de melhoramento, mas com cautela. No entanto, Helms, Orf e McClean (1997), também em soja, não detectaram associações entre a distância genética estimada por marcadores RAPD e a variância genética de quatro caracteres em seis populações $F_{3,4}$. O mesmo foi obtido por Bonato (2000) avaliando a diversidade genética entre cultivares brasileiras de soja por meio de marcadores AFLP. O autor não encontrou correlações significativas entre variância genética e a distância para os caracteres avaliados, entre eles produção de grãos. No entanto, avaliou a eficiência de predição, considerada como a probabilidade de identificar os três cruzamentos com maior variância genética, por meio da seleção dos três cruzamentos com maiores distâncias genéticas, e verificou que essa eficiência de predição variou de 33% a 100%. Para a produção de grãos, a eficiência de predição foi de 66,6 a 83,3%. Assim, o autor verificou que a distância genética medida por AFLP pode ser uma ferramenta útil na predição de variabilidade genética da soja e, conseqüentemente, na escolha de genitores para programas de melhoramento genético.

De acordo com Gumber et al. (1999), a ausência ou baixas correlações entre as estimativas de diversidade genética e variância genética podem ser atribuídas a algumas razões: a variância genética estimada tem baixa repetibilidade devido ao seu alto erro padrão; a estimativa de diversidade genética possui grande resíduo e/ou viés em relação à real diversidade genética; e a correlação entre a real variância genética e a real diversidade genética é baixa.

3 MATERIAL E MÉTODOS

3.1 Local

O trabalho foi realizado no campo experimental do Departamento de Biologia da Universidade Federal de Lavras - MG, que está a 910 metros de altitude, 21^o45' S de latitude e 45^o00' W de longitude.

3.2 Material utilizado

Foram utilizadas 12 cultivares/linhagens de feijão, diferindo em alguns caracteres que estão relacionados na Tabela 4. Estes genitores foram inter cruzados em esquema de dialelo circulante, em que o número de combinações híbridas de cada genitor foi igual a 5. Assim, foram obtidas 30 combinações híbridas (Tabela 5). As populações segregantes de cada híbrido foram conduzidas até as gerações F₂ e F₃. Utilizou-se parte das sementes F₂ para a obtenção da geração F₃, sendo o restante guardado em câmara fria (12°C) para posterior utilização no trabalho.

TABELA 4. Origem, genealogia, hábito de crescimento, cor do tegumento e peso de 100 sementes das doze cultivares/linhagens de feijão.

Cultivares	Origem	Genealogia ¹	Hábito de crescimento ²	Cor do tegumento	Peso de 100 sem. (g)
1 - ESAL 693	UFLA	(Carioca TU/Linha 3272)	I	Bege c/ estrias marrons	30
2 - Carioca 300V	UFLA	Seleção no Carioca	III	Bege c/ estrias marrons	24
3 - CI-21	UFLA	Seleção recorrente	III	Bege c/ estrias marrons	22
4 - H-4-7	UFLA	(EMGOPA 201 Ouro/ Carioca)	III	Bege c/ estrias marrons	22
5 - CI-128	UFLA	Seleção Recorrente	III	Bege c/ estrias marrons	29
6 - Carioca MG	UFLA	(Carioca 80/Rio Tibagi)	II	Bege c/ estrias marrons	22
7 - Ouro Negro	CIAT	Int. de Honduras (Hond. 35)	III	Preto	26
8 - PF 9029975	CNPAF	Seleção no ESAL 582 (Carioca 80/Rio Tibagi)	II	Bege c/ estrias marrons	21
9 - Pérola	CNPAF	Seleção no Aporé	II/III	Bege c/ estrias marrons	26
10- IAC Carioca Aruã	IAC	(Cornell 49-242/AB 136)	II/III	Bege c/ estrias marrons	23
11 - Aporé	CNPAF	(Carioca/México 168)// (Carioca/Bat 76)	III	Bege c/ estrias marrons	24
12 - A-285 Rudá	CIAT	(Carioca/Rio Tibagi)	II	Bege c/ estrias marrons	24

¹ - / : Cruzamento simples; // : cruzamento duplo; ² - I - Hábito de crescimento determinado; II - hábito de crescimento indeterminado com guias curtas; III - hábito de crescimento indeterminado com guias longas.

TABELA 5. Combinações híbridas provenientes dos doze genitores intercruzados em esquema de dialelo circulante.

Populações	Cruzamento	Populações	Cruzamento
1	ESAL 693 x CI-128	16	H-4-7 x PF 9029975
2	ESAL 693 x Carioca MG	17	H-4-7 x Pérola
3	ESAL 693 x Ouro Negro	18	H-4-7 x IAC Carioca Aruã
4	ESAL 693 x PF 9029975	19	H-4-7 x Aporé
5	ESAL 693 x Pérola	20	H-4-7 x A-285 Rudá
6	Carioca 300V x Carioca MG	21	CI-128 x Pérola
7	Carioca 300V x Ouro Negro	22	CI-128 x IAC Carioca Aruã
8	Carioca 300V x PF 9029975	23	CI-128 x Aporé
9	Carioca 300V x Pérola	24	CI-128 x A-285 Rudá
10	Carioca 300V x IAC Carioca Aruã	25	Carioca MG x IAC Carioca Aruã
11	CI-21 x Ouro Negro	26	Carioca MG x Aporé
12	CI-21 x PF 9029975	27	Carioca MG x A-285 Rudá
13	CI-21 x Pérola	28	Ouro Negro x Aporé
14	CI-21 x IAC Carioca Aruã	29	Ouro Negro x A-285 Rudá
15	CI-21 x Aporé	30	PF 9029975 x A-285 Rudá

3.3 Avaliação das populações segregantes nas gerações F₂ e F₃

As sessenta populações segregantes F₂ e F₃ foram avaliadas, juntamente com os doze genitores no delineamento de blocos casualizados, com 3 repetições em parcelas de duas linhas de 4 m espaçadas de 0,5 m, colocando-se 15 sementes por metro de sulco.

O experimento foi conduzido na época de inverno de 1999. Foi empregada adubação equivalente a 400 kg/ha da fórmula 4-14-8 de N, P₂O₅ e

K₂O na semeadura e 20 dias após a emergência, foram aplicados 150 kg/ha de sulfato de amônio em cobertura. A cultura foi submetida à irrigação por aspersão quando necessário. Os demais tratamentos culturais foram os normais para a cultura do feijão.

Em todas as parcelas foram amostradas dez plantas competitivas para a avaliação da produção de grãos por planta. Avaliou-se também a produção de grãos por parcela.

3.4 Análise dos dados

Inicialmente, a produtividade de grãos, em g/parcela, foi submetida à análise de variância, utilizando o seguinte modelo estatístico, considerando como fixo o efeito de tratamentos:

$$Y_{ij} = m + t_i + b_j + e_{ij}$$

em que:

Y_{ij} : valor observado no tratamento i dentro da repetição j ;

m : média geral

t_i : efeito do tratamento i , sendo $i = 1, 2, \dots, 72$;

b_j : efeito do bloco j , sendo $j = 1, 2$ e 3 ;

e_{ij} : erro experimental associado à observação Y_{ij} , tendo $e \sim N(0, \sigma^2)$.

A análise de variância foi realizada utilizando o programa MSTAT-C (1991).

Utilizando as médias de produção, em g/parcela, das combinações híbridas em cada geração, foi realizada a análise dialélica de acordo com o seguinte modelo:

$$Y_{ij} = m + g_i + g_j + s_{ij} + e_{ij}$$

em que:

Y_{ij} : valor médio da população ij ($i, j = 1, 2, \dots, p, i < j$);

m : média geral;

g_i, g_j : efeitos da capacidade geral de combinação do i-ésimo e j-ésimo genitor, respectivamente;

s_{ij} : efeito da capacidade específica de combinação do cruzamento entre os genitores de ordem i e j;

e_{ij} : erro associado à estimativa da média dos cruzamentos.

As análises dialélicas, bem como as estimativas de g_i, g_j e s_{ij} , foram realizadas utilizando o programa GENES (Cruz, 1997).

3.5 Estimativas dos componentes de média

As estimativas dos componentes de média, $m+a$ e d , foram obtidas utilizando o método dos quadrados mínimos, considerando as seguintes equações:

$$(\bar{P}_1 + \bar{P}_2) / 2 = m + a_i;$$

$$\bar{F}_2 = m + a_i + \frac{1}{2}d_i;$$

$$\bar{F}_3 = m + a_i + \frac{1}{4}d_i$$

em que:

$m+a_i$: é a média de todas as possíveis linhagens que podem ser derivadas de um cruzamento, na geração F_∞ ;

d_i : é o desvio dos heterozigotos em relação à média;

\bar{P}_1 e \bar{P}_2 : são as médias dos genitores 1 e 2, da população i;

\bar{F}_2 e \bar{F}_3 : são as médias da população i, nas gerações F_2 e F_3 .

3.6 Estimativas dos parâmetros genéticos e fenotípicos

Das dez plantas amostradas por parcela, obteve-se a produtividade de grãos em g/planta. Estimou-se a variância fenotípica (σ_F^2) de cada parcela e, posteriormente, a variância fenotípica média das parcelas que receberam os mesmos tratamentos nas diferentes repetições. A variância genética (σ_G^2) de uma dada população i , para a geração F_2 ou F_3 , foi estimada pela expressão:

$$\sigma_{G_i}^2 = \sigma_{F_2}^2 - \sigma_{E_i}^2 \text{ ou } \sigma_{G_i}^2 = \sigma_{F_3}^2 - \sigma_{E_i}^2$$

em que:

$\sigma_{F_2}^2$: é a variância fenotípica média da geração F_2 da população i ;

$\sigma_{F_3}^2$: é a variância fenotípica média da geração F_3 da população i ;

$\sigma_{E_i}^2$: é a variância ambiental média da população i , estimada a partir das variâncias fenotípicas dos genitores, ou seja, $\sigma_{E_i}^2 = (\sigma_{P_1}^2 + \sigma_{P_2}^2) / 2$.

A herdabilidade no sentido amplo foi estimada para cada população nas gerações F_2 e F_3 , utilizando-se a seguinte expressão: $h_i^2 = \frac{\sigma_{G_i}^2}{\sigma_F^2} \times 100$

3.7 Predição do potencial das populações segregantes para a obtenção de linhagens superiores

O potencial das populações para a obtenção de linhagens superiores foi avaliado utilizando o procedimento de Jinks e Pooni (1976). Este método estima a probabilidade da população em apreço originar linhagens que superem um determinado padrão. Essa probabilidade corresponde à área à direita de um determinado valor de x na abcissa da distribuição normal. Essa área foi estimada

utilizando as propriedades da distribuição normal padronizada, estimando a variável Z pela expressão:

$$Z = (x-m)/s,$$

em que,

x: é a média da linhagem considerada como padrão (\bar{L}) que no presente caso foi a cultivar Pérola;

m: média de qualquer população segregante (i); neste trabalho, as populações utilizadas estavam nas gerações F_2 e F_3 , logo $m = \bar{F}_n$,
($n = 2$ ou 3);

s: desvio padrão fenotípico entre as linhagens ($s = \sqrt{\sigma_{F_L}^2}$).

Logo,

$$Z = \frac{(\bar{L} - \bar{F}_n)}{\sqrt{\sigma_{F_L}^2}}$$

Para estimar a $\sigma_{F_L}^2$, deve-se lembrar que a variância genética entre as linhagens ($\sigma_{G_L}^2$) corresponde a duas vezes a variância genética aditiva (σ_A^2) presente na geração F_2 . Considerando um modelo sem dominância, a variância fenotípica de F_2 ($\sigma_{F_2}^2$) contém $\sigma_A^2 + \sigma_E^2$. Assim, $2\sigma_A^2 = 2\sigma_{F_2}^2 - 2\sigma_E^2$. Considerando que a variância ambiental entre as linhagens seja semelhante à variância ambiental da geração F_2 , tem-se que $\sqrt{\sigma_{F_L}^2} = \sqrt{2\sigma_A^2 + \sigma_E^2} = \sqrt{2\sigma_{F_2}^2 - \sigma_E^2}$. No caso

da geração F_3 , a variância fenotípica ($\sigma_{F_3}^2$) contém $1,5\sigma_A^2 + \sigma_E^2$. Assim,
 $\sigma_A^2 = \frac{\sigma_{F_3}^2 - \sigma_E^2}{1,5}$. Novamente considerando que a variância ambiental entre as

linhagens seja semelhante à variância ambiental da geração F_3 , tem-se que
 $\sqrt{\sigma_{F_L}^2} = \sqrt{2\sigma_A^2 + \sigma_E^2} = \sqrt{1,33\sigma_{F_3}^2 - 0,33\sigma_E^2}$.

3.8 Avaliação de Famílias F_{3:4}

Foram utilizadas 10 populações F₃, sendo cinco com menores e cinco com maiores estimativas de *d*. De cada população foram tomadas 27 famílias F_{3:4}. As famílias das dez populações, os doze genitores e sete testemunhas foram avaliados no delineamento experimental látice simples 17 x 17, em parcelas de uma linha de 1 m espaçadas de 0,5 m, colocando-se 15 sementes por metro de sulco. O experimento foi conduzido na época da seca de 2000. Foi empregada adubação equivalente a 400 kg/ha da fórmula 4-14-8 de N, P₂O₅ e K₂O na semeadura e 150 kg/ha de sulfato de amônio em cobertura, 20 dias após a emergência. A cultura foi submetida à irrigação por aspersão quando necessário. Os demais tratos culturais foram os normais para a cultura do feijão

Foi avaliada a produtividade de grãos, em g/parcela, a qual foi submetida à análise de variância considerando o seguinte modelo estatístico:

$$Y_{ijk} = m + t_i + r_j + b_{k(j)} + e_{(ijk)}$$

em que:

Y_{ij} : valor observado na parcela que recebeu a família *i*, no bloco *k*, dentro da repetição *j*;

m : média geral do experimento;

t_i : efeito aleatório da família *i*, sendo $i = 1, 2, \dots, 289$;

r_j : efeito aleatório da repetição *j*, sendo $j = 1, 2$;

$b_{k(j)}$: efeito aleatório do bloco *k* dentro da repetição *j*, sendo $k = 1, 2, \dots, 17$;

$e_{(ijk)}$: erro experimental associado à observação Y_{ijk} , sendo $e_{(ijk)} \sim N(0, \sigma^2)$.

A análise de variância foi realizada utilizando o programa MSTAT-C (1991).

A partir das esperanças dos quadrados médios foram obtidas as estimativas da variância genética entre as médias das famílias de cada cruzamento (Vencovsky e Barriga, 1992), bem como os limites inferior e superior dos intervalos de confiança, ao nível de probabilidade $1-\alpha = 0,95$ (Ramalho, Ferreira e Oliveira, 2000).

$$LI = \frac{GL\sigma_G^2}{\chi_{\alpha/2}^2} \quad LS = \frac{GL\sigma_G^2}{\chi_{1-\alpha/2}^2}$$

em que:

σ_G^2 : é a variância genética entre famílias;

GL: é o número de graus de liberdade associado ao componente da variância genética, obtido segundo Satterthwaite (1946);

$$GL = \frac{\left(QM_{fam/pop_1} - QM_{erroefetivo} \right)^2}{\frac{QM_{fam/pop_1}^2}{GL_{fam/pop_1}} + \frac{QM_{erroefetivo}^2}{GL_{erroefetivo}}}$$

$\chi_{\alpha/2}^2$ e $\chi_{1-\alpha/2}^2$: são os valores na distribuição teórica de χ^2 (Qui-quadrado) para GL graus de liberdade.

Também foi estimada a herdabilidade no sentido amplo (h^2), utilizando a metodologia apresentada por Vencovsky e Barriga (1992), bem como os limites inferior e superior dos intervalos de confiança ao nível de probabilidade $1-\alpha = 0,95$ (Knapp, Stroup e Ross, 1985):

$$LI = \left\{ 1 - \left[\left(\frac{QM_{fam/pop_i}}{QM_{errofetivo}} \right) F_{1-\alpha/2; GL_{errofetivo}, GL_{fam/pop_i}} \right]^{-1} \right\}$$

em que:

$F_{1-\alpha/2; GL_{errofetivo}, GL_{fam/pop_i}}$: valor da distribuição de F para os graus de liberdade do erro e tratamento (entre famílias da população i), tal que a probabilidade de exceder este valor é de $1-\alpha/2$.

$$LS = \left\{ 1 - \left[\left(\frac{QM_{fam/pop_i}}{QM_{errofetivo}} \right) F_{\alpha/2; GL_{errofetivo}, GL_{fam/pop_i}} \right]^{-1} \right\}$$

em que:

$F_{\alpha/2; GL_{errofetivo}, GL_{fam/pop_i}}$: valor da distribuição de F para os graus de liberdade do erro e tratamento (entre famílias da população i), tal que a probabilidade de exceder este valor é de $\alpha/2$.

3.9 Correlações classificatórias

Foram estimadas correlações de classificação (Steel e Torrie, 1980) entre CEC, d , σ_G^2 , h_s^2 , Z , probabilidade de extração de linhagens superiores à Pérola e distância genética obtida por marcadores RAPD das populações segregantes nas gerações F_2 , F_3 e das famílias $F_{3,4}$ das populações selecionadas. As distâncias genéticas foram obtidas por Machado (1999).

4 RESULTADOS

4.1 Predição do potencial das populações segregantes nas gerações F₂ e F₃

Os resultados referentes à análise de variância da produção de grãos em g/parcela das populações segregantes nas gerações F₂ e F₃ estão apresentados na Tabela 6. Consta-se inicialmente que a precisão experimental, avaliada pelo coeficiente de variação (C.V. = 11,80%), evidencia uma boa precisão na avaliação dessas populações. Observa-se que houve diferença significativa ($P \leq 0,01$) para todas as fontes de variação, exceto para o contraste populações vs genitores. Estes resultados indicam que, em termos de produtividade, ocorreram diferenças entre os genitores, entre as populações na geração F₂ e entre as populações na geração F₃. A significância do contraste geração F₂ vs geração F₃ indica que as médias das populações nas gerações F₂ e F₃ diferiram em relação à produtividade. No entanto, não se verificou diferença significativa para a produção de grãos, comparando a média das populações segregantes (F₂ e F₃) com a média dos genitores.

TABELA 6. Resumo da análise de variância da produção de grãos (g/parcela) das populações nas gerações F₂ e F₃ e seus respectivos genitores. Lavras, inverno de 1999.

F.V.	G.L.	Q.M.
Blocos	2	96972,40
Tratamentos	71	92833,95**
Entre genitores	11	112842,03**
Entre populações da geração F ₂	29	80221,39**
Entre populações da geração F ₃	29	90781,78**
Geração F ₂ vs geração F ₃	1	375380,00**
Populações vs genitores	1	6053,93
Erro	142	33305,72
C.V. (%)		11,80
Média dos genitores		1517,03
Média da geração F ₂		1576,03
Média da geração F ₃		1484,70

** Significativo ao nível de 1% de probabilidade, pelo teste de F.

A produtividade média de grãos dos genitores variou de 1189,67g/parcela, obtida pelo genitor H-4-7 a 1795,67g/parcela obtida pelo genitor Aporé (Tabela 7). Observa-se que ocorreu somente duas classes de produtividade, sendo que os menos produtivos foram os genitores H-4-7, ESAL 693 e IAC Carioca Aruã, e os mais produtivos foram Aporé, Carioca 300V, Carioca MG, Pérola, A-285 Rudá, CI-128, PF 9029975, Ouro Negro e CI-21.

A produtividade média de grãos das populações, na geração F₂, variou de 1150,00g/parcela, obtida pela população H-4-7 x PF 9029975, a

1867,33g/parcela na população CI-21 x Pérola. Na geração F₃, variou de 1140,33g/parcela na população Ouro Negro x A-285 Rudá a 1837,33g/parcela na população Carioca MG x A-285 Rudá (Tabela 7). Considerando a produção média de grãos de todas as populações, verifica-se que esta foi maior na geração F₂ do que na geração F₃, o que é esperado quando existe efeito de dominância no sentido de aumentar a produção. Quando se compara a produtividade das populações nas duas gerações, nota-se que, das 16 mais produtivas na geração F₂, 9 também foram as mais produtivas na geração F₃, e das 14 menos produtivas da geração F₂, 10 também foram as menos produtivas na geração F₃.

TABELA 7. Produtividade média de grãos (g/parcela) dos genitores (diagonal), das populações segregantes nas gerações F₂ (acima da diagonal) e F₃ (abaixo da diagonal). Lavras, inverno de 1999.

	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12
1	1244,00 ^a											
2	1684,67 ^a											
3	1464,67 ^a											
4	1189,67 ^b											
5	1344,67 ^b			1588,67 ^a								
6	1418,33 ^b	1436,00 ^b		1677,33 ^a								
7	1508,67 ^a	1680,67 ^a	1409,00 ^b	1530,67 ^a								
8	1234,67 ^b	1486,33 ^b	1180,33 ^b	1241,00 ^b				1573,67 ^a				
9	1416,67 ^b	1301,00 ^b	1752,67 ^a	1389,00 ^b	1633,00 ^b			1616,67 ^a				
10		1421,67 ^b	1467,00 ^b	1557,00 ^b	1422,33 ^b	1430,33 ^b			1245,67 ^b			
11		1631,67 ^a	1401,00 ^b	1725,33 ^a	1739,67 ^a	1567,00 ^a				1795,67 ^a		
12			1594,67 ^a	1591,33 ^a	1837,33 ^a	1140,33 ^b	1582,33 ^a					1593,00 ^a

ESAL 693, ² Carioca 300V, ³ CI-21, ⁴ H-4-7, ⁵ CI-128, ⁶ Carioca MG, ⁷ Ouro Negro, ⁸ PF 9029975, ⁹ Pérola, ¹⁰ IAC Carioca Arua, ¹¹ Apore, ¹² A-285 Ruda; Médias seguidas de mesma letra não diferem entre si pelo teste de Scott-Knott, a 1% de probabilidade.

Pela análise do dialelo constata-se que os efeitos da capacidade geral de combinação (CGC) e da capacidade específica de combinação (CEC) das populações nas gerações F_2 e F_3 foram significativos ($P \leq 0,01$), exceto a CEC na geração F_2 , que foi significativa a 6% de probabilidade pelo teste F (Tabela 8). Comparando o tipo de ação gênica predominante nas gerações, observa-se que, na geração F_2 , a soma de quadrados da CGC e da CEC apresentaram magnitudes semelhantes, indicando que na geração F_2 os efeitos aditivos e não aditivos contribuíram igualmente para a produção de grãos. Na geração F_3 , a soma de quadrados da CEC foi aproximadamente duas vezes superior à da CGC, indicando predominância de efeitos gênicos não aditivos.

As estimativas da CGC e CEC das populações nas gerações F_2 e F_3 para a produtividade de grãos estão apresentadas nas Tabela 9 e 10. Verifica-se que os genitores CI-21 e A-285 Rudá apresentaram maiores estimativas de CGC geração F_2 , e na geração F_3 foi o genitor Aporé. O genitor com menor estimativa de CGC foi PF 9029775, tanto na geração F_2 como na geração F_3 . Os cruzamentos que apresentaram menores e maiores estimativas de CEC na geração F_2 foram, respectivamente, Ouro Negro x A-285 Rudá e H-4-7 x A-285 Rudá; na geração F_3 , os cruzamentos que apresentaram menores e maiores estimativas de CEC foram, respectivamente, Ouro Negro x A-285 Rudá e Carioca 300V x Ouro Negro. De maneira geral, houve concordância das estimativas de CGC e CEC obtidas nas gerações F_2 e F_3 , apesar da inversão de sinal de algumas estimativas de CGC e CEC.

TABELA 8. Resumo da análise de variância dialélica da produção de grãos (g/parcela) das populações nas gerações F₂ e F₃. Lavras, inverno de 1999.

F.V.	G.L.	Q.M. da geração F ₂	Q.M. da geração F ₃
Populações	29	80222,0703**	90790,3438**
CGC	11	120324,4219**	86825,4063**
CEC	18	55713,5938*	93213,6953**
Erro	142	33305,7188	33305,7188

** e * Significativo ao nível de 1% e 6%, respectivamente, pelo teste de F.

TABELA 9. Capacidade geral de combinação (diagonal) e capacidade específica de combinação (acima da diagonal) relativas à produção de grãos (g/parcela) das populações na geração F₂. Lavras, inverno de 1999.

	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12
1	66,96				-180,06	39,24	125,25	60,41	-44,84			
2		79,65				-192,45	39,89	136,05	-3,86	20,37		
3			152,63				129,57	-96,93	91,83	-149,61	25,14	
4				-154,33				-60,96	-8,54	37,36	-153,56	185,70
5					-76,61				-34,60	3,30	174,38	36,98
6						-15,57				88,60	22,35	42,27
7							-93,91				-68,32	-226,40
8								-210,74				-38,56
9									46,84			
10										-44,06		
11											96,52	
12												152,60

¹ ESAL 693, ² Carioca 300V, ³ CI-21, ⁴ H-4-7, ⁵ CI-128, ⁶ Carioca MG, ⁷ Ouro Negro, ⁸ PF 9029975, ⁹ Pérola, ¹⁰ IAC Carioca Aruã, ¹¹ Aporé, ¹² A-285 Rudá.

TABELA 10. Capacidade geral de combinação (diagonal) e capacidade específica de combinação (acima da diagonal) relativas à produção de grãos (g/parcela) das populações na geração F₃. Lavras, inverno de 1999.

	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12
1	-89,58				-81,96	-43,46	168,03	-29,15	-13,46			
2		4,16				-119,53	246,30	128,78	-222,87	-32,68		
3			14,64				-35,85	-187,70	218,32	2,84	2,39	
4				-66,94				-45,46	-63,77	174,42	-146,71	81,51
5					31,52				81,77	-58,71	79,20	-20,28
6						66,69				-85,88	58,33	190,54
7							-54,47				6,82	-385,30
8								-131,29				133,52
9									35,03			
10										-35,16		
11											129,67	
12												95,42

52

¹ ESAL 693, ² Carioca 300V, ³ CI-21, ⁴ H-4-7, ⁵ CI-128, ⁶ Carioca MG, ⁷ Ouro Negro, ⁸ PF 9029975, ⁹ Pérola, ¹⁰ IAC Carioca Aruã, ¹¹ Aporé, ¹² A-285 Rudá.

As estimativas de $m+a$ e d estão apresentadas na Tabela 11. Observa-se que as estimativas de $m+a$ variaram de 1298,17 a 1747,25 para os cruzamentos H-4-7 x IAC Carioca Aruã e Carioca MG x Aporé, respectivamente. As estimativas de d variaram de -466 para a população Carioca 300V x Carioca MG, a 737 para a população H-4-7 x A-285 Rudá. Vale ressaltar que a população que apresentou maior estimativa de d , H-4-7 x A-285 Rudá, apresentou maior CEC na geração F_2 , e o cruzamento que apresentou menor estimativa de d , Carioca 300V x Carioca MG, apresentou uma das menores estimativas de CEC tanto na geração F_2 como na geração F_3 . Esses resultados evidenciam a presença de dominância na manifestação do caráter produção de grãos para algumas populações, o que pode ser comprovado pela superioridade das médias da geração F_2 em relação às médias dos genitores e da geração F_3 (Tabela 7) e também pela heterose, que foi de 365,32 g/parcela. Verifica-se também que, de modo geral, as populações com menores estimativas de d apresentaram baixas produtividades, e as populações com maiores estimativas de d apresentaram altas produtividades.

TABELA 11. Estimativas de m+a (acima da diagonal) e d (abaixo da diagonal) das populações, relativas à produção de grãos, utilizando as gerações F₂ e F₃. Lavras, inverno de 1999.

	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12
1	-				1397,75 ^a	1409,25	1380,25	1337,00	1390,25			
2		-				1638,17	1633,33	1589,75	1526,33	1423,25		
3			-				1424,00	1422,75	1557,33	1362,75	1594,42	
4				-				1373,67	1389,25	1298,17	1483,67	1397,92
5	-61 ^b				-				1628,17	1412,08	1690,42	1574,67
6	413	-466				-				1427,08	1747,25	1682,33
7	573	-12	532				-				1656,92	1447,00
8	168	-97	-197	-464				-				1600,42
9	429	96	652	113	-182				-			
10		333	359	394	83	287				-		
11			439	-256	155	-115	-307				-	
12				737	196	240	-308	-209				-

¹ ESAL 693, ² Carioca 300V, ³ CI-21, ⁴ H-4-7, ⁵ CI-128, ⁶ Carioca MG, ⁷ Ouro Negro, ⁸ PF 9029975, ⁹ Pérola, ¹⁰ IAC Carioca Aruã, ¹¹ Aporé, ¹² A-285 Rudá; ^a erro padrão das estimativas de m+a: 96,1833; ^b erro padrão das estimativas de d: 298,2201.

As estimativas de variância genética dentro das populações nas gerações F_2 e F_3 , considerando as avaliações de plantas individuais, estão apresentadas na Tabela 12. Observa-se que 13 populações F_2 e 15 populações F_3 apresentaram variância genética nula. No entanto, nem todas as populações que apresentaram variância nula na geração F_2 apresentaram variância genética nula na geração F_3 . Por exemplo, as populações Carioca MG x Aporé, Carioca MG x A-285 Rudá e Ouro Negro x A-285 Rudá apresentaram estimativas de variância genética nulas na geração F_2 e estimativas positivas na geração F_3 , e as populações Carioca 300V x Ouro Negro, Carioca 300V x PF 9029975, Carioca 300V x Pérola, Carioca 300V x IAC Carioca Aruã, CI-21 x PF 9029975 e H-4-7 x PF 9029975 apresentaram estimativas de variância genética nulas na geração F_3 e positivas na geração F_2 . Estes resultados evidenciam que as estimativas de variância genética da população ao nível de indivíduos normalmente estão associadas a erros de grandes magnitudes. Porém, das 13 populações que apresentaram estimativas de variância genética nulas na geração F_2 , 9 também apresentaram estimativas nulas na geração F_3 .

TABELA 12. Estimativas de variância genética, relativas à produção de grãos (g/planta) das populações nas gerações F₂ (acima da diagonal) e F₃ (abaixo da diagonal). Lavras, inverno de 1999.

	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12
1	-				165,71	-29,61	141,60	66,30	-49,83			
2		-				-13,76	18,60	75,82	14,28	132,90		
3			-				67,83	53,25	-36,58	67,59	15,10	
4				-				2,65	-154,52	134,63	-37,16	-35,35
5	3,30				-				-69,08	44,04	-44,08	52,36
6	-46,07	-31,93				-				31,49	-10,34	-1,82
7	263,34	-43,53	6,50				-				4,32	-32,69
8	56,88	-2,43	-17,40	-8,21				-				-42,32
9	-119,95	-149,92	-83,93	-166,49	-46,25				-			
10		-2,82	39,99	42,74	106,93	22,20				-		
11			102,68	-36,49	-2,53	77,90	3,99				-	
12				82,50	10,01	4,53	12,04	-37,30				-

¹ ESAL 693, ² Carioca 300V, ³ CI-21, ⁴ H-4-7, ⁵ CI-128, ⁶ Carioca MG, ⁷ Ouro Negro, ⁸ PF 9029975, ⁹ Pérola, ¹⁰ IAC Carioca Aruã, ¹¹ Aporé, ¹² A-285 Rudá.

As estimativas de herdabilidade no sentido amplo ao nível de indivíduo (Tabela 13) variaram de 0 a 59,33% na geração F₂, e de 0 a 67,33% na geração F₃. Observa-se que, na geração F₂, algumas populações que apresentaram maiores médias de produção de grãos apresentaram herdabilidade nula. O mesmo pode ser observado na geração F₃. Verifica-se, também, que populações que apresentaram menores médias de produção de grãos apresentaram altas estimativas de herdabilidade, tanto na geração F₂ como na geração F₃. Nota-se, também, que algumas estimativas de herdabilidade foram nulas na geração F₂ e positivas na F₃ e vice-versa. Assim, essa estimativa isolada não é indicativo de sucesso no programa de melhoramento, uma vez que pode estar associada a produtividades médias inferiores, e como é dependente das estimativas de variância genética ao nível de indivíduos, pode estar associada a erros de grandes magnitudes.

As estimativas das correlações de Spearman entre d e CEC da geração F₂ e F₃ foram, $r = 0,66^{**}$ e $r = 0,37^*$ e a correlação entre CEC e h_a^2 nas duas gerações, foram ambas $r = 0,10$. Esses resultados indicam que as estimativas de d e CEC forneceram informações semelhantes sobre a variabilidade das populações, no entanto, não forneceram as mesmas informações da h_a^2 .

TABELA 13. Estimativas de herdabilidade no sentido amplo ao nível de indivíduos (%), relativas à produção de grãos (g/planta), das populações nas gerações F₂ (acima da diagonal) e F₃ (abaixo da diagonal). Lavras, inverno de 1999.

	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12
1	-				55,22	0	52,57	36,32	0			
2		-				0	13,20	40,50	5,95	59,33		
3			-				42,73	40,14	0	53,10	9,91	
4				-				1,99	0	54,88	0	0
5	2,4				-				0	41,49	0	30,05
6	0	0				-				30,18	0	0
7	67,33	0	6,68				-				3,14	0
8	32,85	0	0	0				-				0
9	0	0	0	0	0				-			
10		0	40,11	27,86	63,26	23,36				-		
11			42,79	0	0	34,12	2,47				-	
12				32,61	7,59	3,30	9,45	0				-

¹ ESAL 693, ² Carioca 300V, ³ CI-21, ⁴ H-4-7, ⁵ CI-128, ⁶ Carioca MG, ⁷ Ouro Negro, ⁸ PF 9029975, ⁹ Pérola, ¹⁰ IAC Carioca Aruã, ¹¹ Aporé, ¹² A-285 Rudá.

O potencial de cada população segregante F_2 e F_3 , para a seleção de linhagens superiores, foi estimado a partir de dados de produtividade de grãos por planta, utilizando a metodologia de Jinks e Pooni (1976).

Em relação às médias de produção de grãos por planta (Tabela 14), verifica-se que houve variação entre as populações, sendo que, para a população H-4-7 x IAC Carioca Aruã, a média foi de 18,172 g/planta, e para a população Carioca MG x A-285 Rudá, foi de 32,843 g/planta na geração F_2 . Na geração F_3 , a população que apresentou menor média foi a Ouro Negro x A-285 Rudá (15,086 g/planta), e a de maior média foi a CI-21 x Aporé (33,356 g/planta). Observa-se que entre as 11 populações mais produtivas na geração F_2 , 6 foram as mais produtivas na geração F_3 , e entre as 19 menos produtivas na geração F_2 , 9 foram as menos produtivas na geração F_3 . Comparando a produtividade em g/parcela (Tabela 7) com a produtividade em g/planta (Tabela 14), nota-se que, na geração F_2 , entre as 16 populações mais produtivas em g/parcela, 9 foram as mais produtivas em g/planta; na geração F_3 , entre as 13 populações mais produtivas em g/parcela, 10 foram as mais produtivas em g/planta. Portanto, houve uma boa concordância entre as plantas amostradas dentro das populações e a média geral das populações.

TABELA 14. Produtividade média de grãos (g/planta) dos genitores (diagonal), das populações nas gerações F₂ (acima da diagonal) e F₃ (abaixo da diagonal). Lavras, inverno de 1999.

	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12																			
1	26,100 ^a				28,772 ^a	29,119 ^a	28,000 ^a	23,947 ^b	24,517 ^b																						
2	23,591 ^a					19,767 ^b	22,310 ^b	26,012 ^a	26,893 ^a	24,839 ^b																					
3							23,516 ^a	28,593 ^a	23,980 ^b	27,054 ^a	23,154 ^b	30,929 ^a																			
4								23,976 ^a		24,664 ^b	19,927 ^b	18,172 ^b	24,454 ^b	29,314 ^a																	
5	24,704 ^a									22,209 ^a		25,249 ^b	27,317 ^a	25,275 ^b	24,588 ^b																
6	21,527 ^b											27,357 ^a	21,482 ^b	22,591 ^b	32,843 ^a																
7	31,926 ^a												28,014 ^a	22,299 ^b	22,610 ^b																
8	24,505 ^a														22,685 ^a	22,279 ^b															
9	26,153 ^a															31,365 ^a															
10																	14,909 ^b														
11																		18,701 ^b													
																			25,346 ^a												
																				23,919 ^a											
																					33,356 ^a										
																						24,178 ^a									
																							31,528 ^a								
																								25,656 ^a							
																									24,700 ^a						
																										27,762 ^a					
																											21,371 ^b				
																												21,884 ^b			
																													27,395 ^a		
																														15,086 ^b	
																														21,248 ^b	
																															28,572 ^a

¹ ESAL 693, ² Carioca 300V, ³ CI-21, ⁴ H-4-7, ⁵ CI-128, ⁶ Carioca MG, ⁷ Ouro Negro, ⁸ PF 9029975, ⁹ Pérola, ¹⁰ IAC Carioca Arua, ¹¹ Aporé, ¹² A-285 Rudá; Médias seguidas de mesma letra não diferem entre si, a 7% de probabilidade para

As estimativas de Z com suas respectivas porcentagens, que indicam a probabilidade de extrair linhagens superiores em uma determinada população, nas gerações F_2 e F_3 , estão apresentados nas Tabelas 15 e 16. Verifica-se que, na geração F_2 , as populações mais promissoras foram Carioca MG x A-285 Rudá, CI-21 x Aporé e ESAL 693 x CI-128. Nota-se que destas três populações, tanto na geração F_2 quanto na geração F_3 , as populações Carioca MG x A-285 Rudá e CI-21 x Aporé estão entre as mais produtivas, e a população ESAL 693 x CI-128 foi uma das menos produtivas (Tabela 7). Na geração F_3 , as populações mais promissoras para extração de linhagens superiores foram CI-21 x Aporé, ESAL 693 x Ouro Negro e CI-128 x Aporé. Com relação à produtividade dessas populações, tanto na geração F_2 quanto na geração F_3 , elas apresentaram produtividade alta (Tabela 7). Comparando os resultados obtidos nas gerações F_2 e F_3 , verifica-se que entre as seis populações mais promissoras para extração de linhagens na geração F_2 , três ocorreram na geração F_3 .

A população menos promissora para a extração de linhagens, na geração F_2 , foi PF 9029975 x A-285 Rudá. Essa população apresentou produtividade baixa na geração F_2 ; porém, na geração F_3 , foi uma das mais produtivas. Na geração F_3 , as populações Carioca 300V x Pérola e H-4-7 x Pérola foram as menos promissoras para a extração de linhagens. Estas populações apresentaram baixa produtividade na geração F_3 , porém, na geração F_2 , a população Carioca 300V x Pérola apresentou alta produtividade. Comparando as duas gerações, verifica-se que entre as seis populações menos promissoras para a extração de linhagens na geração F_2 , três também ocorreram na geração F_3 .

TABELA 15. Estimativas de Z (acima da diagonal) e suas respectivas probabilidades (abaixo da diagonal) das populações na geração F₂. Lavras, inverno de 1999.

	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12
1	-				0,1202	0,2424	0,1660	0,4702	0,5971			
2		-				1,0954	0,7170	0,3310	0,2804	0,3435		
3			-				0,3367	0,5414	0,3913	0,6120	0,0337	
4				-				0,5753	-	0,6769	0,6474	0,2053
5	45,22				-				0,7992	0,3303	0,8485	0,4502
6	40,42	13,67				-				0,8481	0,7703	-0,1301
7	43,41	23,67	36,82				-				0,7617	1,1394
8	31,91	37,03	29,41	28,25				-				2,0774
9	27,52	38,96	34,78	-	21,21				-			
10		36,56	27,03	24,92	37,06	19,82				-		
11			48,66	25,87	19,81	22,06	22,31				-	
12				41,87	32,63	55,18	12,73	1,89				-

63

¹ ESAL 693, ² Carioca 300V, ³ CI-21, ⁴ H-4-7, ⁵ CI-128, ⁶ Carioca MG, ⁷ Ouro Negro, ⁸ PF 9029975, ⁹ Pérola, ¹⁰ IAC Carioca Aruã, ¹¹ Aporé, ¹² A-285 Rudá.

TABELA 16. Estimativas de Z (acima da diagonal) e suas respectivas probabilidades (abaixo da diagonal) da populações na geração F₃. Lavras, inverno de 1999.

	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12
1	-				0,5574	1,0477	-0,0256	0,4908	0,5879			
2		-				0,8360	0,3693	0,9874	2,3030	1,2064		
3			-				1,2008	1,6122	0,6389	0,6953	-0,1194	
4				-				1,0433	2,0637	0,4605	0,5961	0,5917
5	28,86				-				0,5681	0,4264	-0,0137	0,8046
6	14,74	20,16				-				1,2386	0,3551	0,3325
7	51,02	35,60	11,49				-				0,5586	1,4024
8	31,18	16,17	5,35	14,84				-				1,3367
9	27,83	1,06	26,14	1,95	28,50				-			
10		11,38	24,34	32,26	33,49	10,77				-		
11			54,75	27,56	50,55	36,13	28,82				-	
12				27,70	21,05	36,98	8,04	9,07				-


¹ ESAL 693, ² Carioca 300V, ³ CI-21, ⁴ H-4-7, ⁵ CI-128, ⁶ Carioca MG, ⁷ Ouro Negro, ⁸ PF 9029975, ⁹ Pérola, ¹⁰ IAC Carioca Aruã, ¹¹ Aporé, ¹² A-285 Rudá.

4.2 Avaliação das famílias $F_{3,4}$ das populações selecionadas

Com base nas estimativas de d , foram selecionadas cinco populações que apresentaram as maiores estimativas (H-4-7 x A-285 Rudá, CI-21 x Pérola, ESAL 693 x Ouro Negro, CI-21 x Aporé e H-4-7 x IAC Carioca Aruã) e cinco populações que apresentaram as menores estimativas (Carioca 300V x Carioca MG, H-4-7 x PF 9029975, Ouro Negro x Aporé, H-4-7 x Aporé e ESAL 693 x CI-128).

A análise de variância das 270 famílias $F_{3,4}$ das populações selecionadas está apresentada na Tabela 17. Observa-se inicialmente que a precisão experimental, avaliada pelo coeficiente de variação (C.V. = 24,56%), foi relativamente baixa, porém está dentro dos valores obtidos para a cultura do feijoeiro. Verifica-se que, exceto as famílias das populações ESAL 693 x CI-128 e H-4-7 x IAC Carioca Aruã, as demais famílias de cada população exibiram diferenças significativas na produção de grãos ($P \leq 0,01$ ou $P \leq 0,05$).

As estimativas de variância genética e herdabilidade no sentido amplo, baseadas na produção de grãos das famílias de cada população, juntamente com os limites inferiores e superiores dessas estimativas, encontram-se na Tabela 18. A correlação de Spearman entre as estimativas de d e as h_a^2 das famílias das populações selecionadas foi não significativa ($r = 0,45$), indicando que a estimativa de d não forneceu a mesma informação da herdabilidade. No entanto, verifica-se que as famílias das populações selecionadas com menores estimativas de d apresentaram h_a^2 inferiores às das famílias das população com maiores estimativas de d , exceto as famílias da população Ouro Negro x Aporé, as quais apresentaram alto valor de h_a^2 e vice-versa, isto é, as famílias das populações selecionadas com maiores estimativas de d apresentaram h_a^2 superiores às das famílias das populações com menores estimativas de d , exceto



as famílias da população H-4-7 x IAC Carioca Aruã, as quais apresentaram h_a^2 nula. Em relação às estimativas de variância genética, o mesmo foi observado. Nota-se que as famílias das populações com menores estimativas de d também apresentaram menor variância, à exceção das famílias da população Ouro Negro x Aporé, e as famílias das populações com maior estimativa de d apresentaram maior variância, exceto as famílias da população H-4-7 x IAC Carioca Aruã.

As correlações entre as estimativas de CEC das populações nas gerações F_2 e F_3 e h_a^2 das famílias das populações selecionadas foram não significativas ($r = 0,49$ e $r = 0,44$, respectivamente), indicando que as duas metodologias não forneceram a mesma informação sobre a variabilidade das populações.

TABELA 17. Resumo da análise de variância para a produção de grãos (g/parcela) das famílias originadas das populações selecionadas. Lavras, seca de 2000.

F.V.	G.L.	Q.M.
Repetição	1	3381,322
Tratamentos	288	4407,016**
Entre fam. pop. H-4-7 x PF 9029975	26	3074,512*
Entre fam. pop. Carioca 300V x Carioca MG	26	3071,390*
Entre fam. pop. Ouro Negro x Aporé	26	4785,784**
Entre fam. pop. H-4-7 x Aporé	26	3144,638*
Entre fam. pop. ESAL 693 x CI-128	26	2860,512
Entre fam. pop. H-4-7 x IAC Carioca Aruã	26	1764,142
Entre fam. pop. H-4-7 x A-285 Rudá	26	3755,374**
Entre fam. pop. CI-21 x Aporé	26	3458,382*
Entre fam. pop. CI-21 x Pérola	26	4819,282**
Entre fam. pop. ESAL 693 x Ouro Negro	26	4298,462**
Entre populações	9	29260,970**
Entre genitores	11	6584,410**
Entre testemunhas	6	4586,666*
Populações vs Genitores	1	3608,533
Populações vs Testemunhas	1	2407,161
Bloco dentro de repetições (ajustado)	32	2958,557
Erro Efetivo	256	1948,825
C.V. (%)		24,56
Média		179,73
Eficiência do látex (%)		102,27

* e ** significativo ao nível de 5% e 1% de probabilidade, respectivamente, pelo teste de F.

TABELA 18. Variância genética (σ_G^2) e herdabilidade no sentido amplo (h_a^2) da produtividade de grãos (g/parcela) das famílias F_{3,4} originadas das populações selecionadas e seus respectivos intervalos de confiança. Lavras, seca de 2000.

Famílias	σ_G^2	L.I. ¹	L.S. ²	h_a^2 (%)	L.I. ¹	L.S. ²
H-4-7 x PF 9029975	562,8435	180,624	7824,5158	36,61	-21,36	62,02
Carioca 300V x Carioca MG	562,2825	180,4424	7816,7169	36,59	-21,40	62,01
Ouro Negro x Aporé	1418,4795	671,2048	4728,2650	59,28	22,03	75,60
H-4-7 x Aporé	597,9065	214,6882	4982,5542	38,03	-18,65	62,87
ESAL 693 x CI-128	455,8435	146,2850	6337,0273	31,87	-30,44	59,18
H-4-7 x IAC Carioca Aruã	0	-	-	0	-	-
H-4-7 x A-285 Rudá	903,2745	375,0621	4370,6831	48,11	-0,64	68,91
CI-21 x Aporé	754,7785	294,1460	4546,8584	43,65	-7,89	66,24
CI-21 x Pérola	1435,2285	679,1302	4784,0950	59,56	22,58	75,77
ESAL 693 x Ouro Negro	1174,8185	536,1408	4311,2606	54,66	13,20	72,84

¹ - Limite inferior; ² - Limite superior

Comparando a probabilidade observada das populações selecionadas com a probabilidade estimada nas gerações F_2 e F_3 de obter linhagens superiores à cultivar Pérola, verifica-se que não houve coerência nos resultados obtidos (Tabela 19). As correlações de Spearman entre essas probabilidades foram $r = -0,28$, indicando que o método de Jinks e Pooni (1976) não foi eficiente para prever o potencial das populações para a extração de linhagens superiores. No entanto, observa-se que as populações que apresentaram altas probabilidades (observadas) de extração de linhagens também apresentaram altas produtividades (Tabela 19).

TABELA 19. Produtividade média (g/parcela), porcentagem estimada de famílias superiores à cultivar Pérola (PEFSP) nas gerações F_2 e F_3 , porcentagem observada de famílias ($F_{3,4}$) superiores à cultivar Pérola (POFSP) das populações selecionadas. Lavras, seca de 2000.

Famílias	Média das famílias	PEFSP (%)	PEFSP (%)	POFSP (%)
		F_2	F_3	$F_{3,4}$
H-4-7 x PF 9029975	163,78	28,25	14,84	3,70
Carioca 300V x Carioca MG	213,19	13,67	20,16	40,74
Ouro Negro x Aporé	175,74	22,31	28,82	18,52
H-4-7 x Aporé	172,37	25,87	27,56	3,70
ESAL 693 x CI-128	140,22	45,22	28,86	0,00
H-4-7 x IAC Carioca Aruã	172,07	24,92	32,26	3,70
H-4-7 x A-285 Rudá	182,78	41,87	27,70	22,22
CI-21 x Aporé	185,96	48,66	54,75	11,11
CI-21 x Pérola	219,44	34,78	26,14	40,74
ESAL 693 x Ouro Negro	165,33	43,41	51,02	14,81

4.3 Correlações de Spearman entre as distâncias genéticas obtidas por marcador RAPD e estimativas de CEC, d , Z , σ_G^2 e h_a^2

As estimativas das distâncias moleculares obtidas por meio de RADP (Machado, 1999) estão apresentadas na Tabela 20. Observa-se que as menores distâncias foram obtidas entre os cruzamentos Carioca 300V x Carioca MG e Carioca MG x A-285 Rudá, e as maiores distâncias entre os cruzamentos ESAL 693 x Carioca MG e ESAL 693 x Pérola. Vale ressaltar que as menores distâncias estão associadas aos genitores geneticamente mais semelhantes e as maiores aos mais divergentes; assim, espera-se que quanto maior a distância molecular entre dois genitores, maior a variabilidade deste cruzamento.

As correlações entre as estimativas de distâncias moleculares e CEC foram praticamente nulas ($r = 0,006$ e $r = -0,04$, para as populações, nas gerações F_2 e F_3), indicando que não houve concórdância entre essas duas estimativas. Comparando as estimativas de CEC e as distâncias moleculares, verifica-se que as seis populações que apresentaram as maiores estimativas de CEC, tanto na geração F_2 como na geração F_3 , apresentaram distâncias moleculares intermediárias, sendo que somente uma população apresentou maior distância molecular.

Ao comparar as distâncias moleculares e as estimativas de d , a correlação foi não significativa ($r = 0,23$), apesar dessas duas estimativas fornecerem informações sobre a variabilidade existente nas populações. A correlação entre distância molecular e variância genética só foi significativa na geração F_2 , a 6% de probabilidade ($r = 0,36$); na geração F_3 , a correlação foi de $r = 0,26$. O mesmo foi observado em relação às correlações entre as distâncias moleculares e h_a^2 das populações nas gerações F_2 e F_3 . Os valores estimados foram $r = 0,36$ para a geração F_2 e $r = 0,27$ para a geração F_3 . Comparando as

seis populações que apresentaram as maiores estimativas de d , σ_G^2 e h_a^2 , nas gerações F_2 e F_3 , com as estimativas de distâncias moleculares dessas populações, constata-se que, para todas as estimativas, duas populações apresentaram distâncias moleculares maiores e as populações restantes apresentaram distâncias moleculares intermediárias.

A correlação entre as distâncias moleculares e Z foram, respectivamente, $r = -0,18$ e $r = -0,23$, para as populações nas gerações F_2 e F_3 . Esse resultado indica que a distância molecular não fornece as mesmas informações sobre o potencial da população para extração de linhagens superiores. Das seis populações na geração F_2 com menores estimativas de Z , as distâncias moleculares variaram de pequenas a grandes, sendo que três populações apresentaram distâncias moleculares grandes; porém, na geração F_3 , das seis populações com menores estimativas de Z , somente uma população apresentou distância molecular grande, as demais variaram de pequenas a intermediárias.

Comparando as distâncias moleculares com as estimativas de h_a^2 e σ_G^2 das famílias $F_{3,4}$ e também com a porcentagem observada de famílias superiores à Pérola das populações selecionadas, também foram verificadas baixas estimativas das correlações, sendo que só foi encontrada correlação significativa entre distância molecular e a porcentagem observada de famílias superiores à Pérola ($r = -0,63$, $P \leq 0,05$). Os valores estimados entre distâncias moleculares e h_a^2 e σ_G^2 , foram iguais ($r = -0,11$).

TABELA 20. Estimativas das distâncias genéticas obtidas por meio de marcadores RAPD¹³.

	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12
1					0,51	0,59	0,48	0,53	0,57			
2					0,07		0,30	0,21	0,11	0,22		
3							0,27	0,22	0,19	0,27	0,24	
4								0,20	0,17	0,28	0,21	0,19
5									0,15	0,30	0,22	0,18
6										0,27	0,12	0,07
7											0,36	0,28
8												0,19

¹ ESAL 693, ² Carioca 300V, ³ CI-21, ⁴ H-4-7, ⁵ CI-128, ⁶ Carioca MG, ⁷ Ouro Negro, ⁸ PF 9029975, ⁹ Pérola, ¹⁰ IAC Carioca Arruã, ¹¹ Aporé, ¹² A-285 Ruda.
¹³ Fonte : Machado (1999).

5 DISCUSSÃO

No melhoramento do feijoeiro, a escolha de genitores ou das populações segregantes mais promissoras é uma etapa fundamental, pois garantirá o sucesso da seleção no final do programa (Ramalho, Santos e Zimmermann, 1993). Em razão de se dispor de um grande número de linhagens/cultivares possíveis de serem genitores, esforços devem ser dedicados no processo de escolha porque, em geral, o melhorista não tem condições de utilizar todas elas. Além disso, algumas certamente são geneticamente pouco contrastantes, reduzindo a chance de obter linhas recombinantes superiores. Diante desse fato, é importante utilizar um método mais eficiente de escolha dos genitores ou das populações segregantes, isto é, aquele que identifique a população que possua produtividade média de grãos alta e o máximo de variabilidade.

Entre as várias estimativas de parâmetros genéticos das populações segregantes, um ponto importante a ser considerado é a precisão com que essas estimativas são obtidas. Para a obtenção de estimativas fidedignas, é necessário que as informações sejam obtidas em experimentos com boa precisão. Como estimativa da precisão experimental, normalmente utiliza-se o coeficiente de variação. Nesse trabalho o coeficiente de variação foi variável, possivelmente em função do tamanho das parcelas e número de repetições. O coeficiente de variação obtido no primeiro experimento (C.V. = 11,80%), no qual foram avaliadas as populações segregantes nas gerações F_2 e F_3 , é abaixo dos relatados em experimentos da cultura; portanto, as estimativas e inferências realizadas nesse experimento são mais precisas. Apenas é necessário mencionar que nesse experimento foram obtidas algumas estimativas provenientes de avaliações em plantas individuais, as quais são geralmente associadas a elevados erros, como é

o caso das estimativas das variâncias dentro das populações e a herdabilidade. No segundo experimento, no qual foram avaliadas famílias, utilizaram-se parcelas menores e menor número de repetições, o coeficiente de variação pode ser considerado de médio a alto (C.V. = 24,56%). Contudo, esse valor é comparável ao que tem sido relatado na cultura do feijão (Abreu et al., 1994; Marques Júnior, 1997). Por isso, as estimativas obtidas estão associadas a maior erro experimental e, portanto, são menos precisas ou menos informativas.

É necessário enfatizar que nesse trabalho, as gerações F_2 e F_3 das populações segregantes foram avaliadas no mesmo experimento, evitando possíveis influências da interação genótipos x ambientes. A fonte de variação geração F_2 vs geração F_3 foi significativa (Tabela 6), indicando, pelo menos em princípio, a presença de heterose para a produção de grãos. Isso pode ser comprovado, pela superioridade da média de produção da maioria das populações na geração F_2 , em relação à média de produção das populações na geração F_3 (Tabela 7), e também pela superioridade da média geral da geração F_2 em relação à média geral da geração F_3 . Tal inferência é reforçada pelo fato da CEC ter sido significativa nas gerações F_2 e F_3 (Tabela 8). A presença de dominância no controle do caráter produtividade de grãos do feijoeiro já foi relatada em algumas ocasiões (Gutiérrez e Singh, 1985; Nienhuis e Singh, 1986; Abreu, 1997). Tanto a heterose como a CEC dependem de divergência entre os genitores e da presença de interação alélica de dominância (Falconer, 1987). Assim, pode-se concluir que houve manifestação de dominância no controle do caráter produção de grãos, o que pode ser confirmado pela estimativa da heterose média (356,32 g/parcela, que representa 22,6% da média).

Ao contrário do contraste F_2 vs F_3 (Tabela 6), o contraste populações vs genitores foi não significativo, embora fosse esperado maior diferença nesse último. Isso porque, a média das populações na geração F_2 contém $m + a + \frac{1}{2}d$ e

das populações na geração F_3 contém $m + a + \frac{1}{4}d$. Assim, a média das duas gerações contém $m + a + \frac{1}{2}d$. Como a média dos genitores corresponde a $m+a$, o valor esperado do contraste considerado é $\frac{1}{2}d$.

O fato de algumas populações da geração F_2 terem apresentado produtividades inferiores às produtividades da geração F_3 deve-se, provavelmente, a problemas de amostragem das populações segregantes na geração F_3 . Segundo Ramalho, Abreu e Santos (2001), um aspecto a ser considerado durante as gerações de autofecundações refere-se ao número de plantas a ser utilizado em cada geração para que se tenha probabilidade de sucesso com a seleção. Se for considerado um caráter controlado por 11 genes e um gene em cada cromossomo do feijoeiro ($2n = 22$), na geração F_2 , a proporção de indivíduos contendo pelo menos 1 alelo favorável para cada um desses genes será de $\frac{1}{4}$. Como são 11 genes, tem-se $(\frac{1}{4})^{11} = 0,042$, isto é, teoricamente, 1 indivíduo em 24. Considerando 95% de probabilidade, esse número é elevado para 69 indivíduos. Com o decorrer das autofecundações, a frequência de homozigotos aumenta e de heterozigotos diminui. Em função desse fato, o número de plantas necessário para manter todos os alelos em homozigose diminui, ao passo que o número necessário de plantas com alelos favoráveis em homozigose ou heterozigose aumenta. Assim, na geração F_3 , a proporção de indivíduos com pelo menos 1 alelo favorável é de $\frac{1}{8}$ por loco, isto é, 1 indivíduo em 525 (com 95% de probabilidade). Na F_∞ esse número se iguala, pois não mais ocorrerão heterozigotos e a frequência de indivíduos com alelos favoráveis em cada loco será de $\frac{1}{2}$, e nos 11 genes será de 1 em 6134 (considerando a probabilidade de 95%). Depreende-se, então, que o número de indivíduos utilizados na geração F_3 (360 plantas) foi proporcionalmente menor em relação ao utilizado na geração F_2 e, por isso, menos eficiente para amostrar toda a variação existente nas populações segregantes.

Como observado, tanto a CGC como a CEC das populações nas gerações F₂ e F₃ foram significativas (Tabela 8). Constata-se que, na geração F₂, a soma de quadrados da CGC e CEC apresentaram magnitudes semelhantes e, na geração F₃, a soma de quadrados de CEC foi aproximadamente duas vezes superior à da CGC. Assim, pode-se inferir que há efeitos aditivos e não aditivos no controle do caráter produção de grãos. Valores de CEC e heterose não explicados somente pela presença de dominância, também podem ocorrer, como em algumas populações F₃, devido, provavelmente, à epistasia. Resultados semelhantes de CEC de altas magnitudes foram observados, em soja, até na geração F₈ (Pulcinelli, 1997). Portanto, os resultados obtidos nesse trabalho sugerem que o esquema de cruzamento utilizando dialelo circulante deve ser eficiente na escolha de genitores mais promissores, pois altas estimativas de CGC deverão gerar populações com maiores médias. Além disso, há possibilidade de escolher cruzamentos promissores para liberar variabilidade, isto é, aqueles com altos valores positivos de CEC e provenientes de genitores com as maiores magnitudes de CGC (Veiga, Nunes e Santos, 1998). A disponibilidade de tais cruzamentos implica que os mesmos devem liberar variabilidade suficiente para a seleção, pois maior valor de CEC pressupõe maior número de linhagens após a completa homozigose e, conseqüentemente, maior a variância entre as linhagens, considerando que todos os locos tenham a mesma contribuição para o fenótipo. Entretanto, a variabilidade potencial a ser liberada pelas populações segregantes, indicada pela CEC, não inclui aquela devida aos locos com efeitos aditivos, conduzindo, portanto, a uma subestimativa da mesma, já que tais efeitos são importantes. Vale ressaltar que, as combinações com maior CEC são indicativas de maior variância entre as linhagens, porém não assegura a identificação de linhagens com o melhor desempenho. Considerando que a estimativa da CEC é obtida pela expressão $s_{ij} = Y_{ij} - m - g_i - g_j$, a população ideal é aquela que possui

g_i , g_j e s_{ij} altos. Entretanto, essa situação é muito difícil de ocorrer. Assim, a opção de escolha é por populações que tenham média alta, devida, pelo menos, à CGC alta de um dos genitores e CEC também alta (Machado, 1999).

Nos programas de melhoramento em andamento, normalmente são inter cruzadas as linhagens superiores selecionadas em programas anteriores e também as melhores cultivares em uso pelos produtores (Fehr, 1987). Entretanto, um problema dessa prática consiste no aumento do grau de parentesco entre os materiais superiores utilizados como genitores. A consequência do uso desses genitores é o fato de muitos destes cruzamentos gerarem populações segregantes com reduzida variabilidade.

No presente estudo, os genitores são representados por linhagens selecionadas e cultivares em uso pelos agricultores. Esse genitores, exceto o 'Ouro Negro', que possui sementes pretas, são do grupo Carioca. Portanto, é provável que o grau de parentesco entre os mesmos seja elevado. No entanto, como verificado, a produção de grãos ainda exhibe considerável variabilidade, devida à predominância de efeitos gênicos aditivos, assim como os de efeitos gênicos não aditivos. Depreende-se, assim, que na escolha das populações segregantes, além dos dialelos, outros métodos que consideram ambas as variâncias, e sobretudo a porção não aditiva da variância genética, poderão ser empregados para esse caráter na busca de maiores ganhos.

Normalmente, utiliza-se a variância fenotípica presente nas populações segregantes de gerações precoces como um indicativo da variabilidade potencial entre as linhagens na geração F_{∞} . A estimativa da variância fenotípica, em geral, é obtida a partir de dados de plantas individuais. Contudo, essa estimativa, como já salientado, é trabalhosa e normalmente associada a erros de grandes magnitudes. Uma alternativa consiste em obter a estimativa de d (locos em heterozigose), que pode indicar a variabilidade entre as linhagens. Partindo-se do

pressuposto que todos os locos tenham a mesma contribuição para o fenótipo, maior estimativa de d implica em maior frequência dos locos em heterozigose e, desse modo, maior variância será esperada entre as linhagens no final do processo de seleção. A única restrição é a necessidade de avaliar duas gerações simultaneamente, podendo ser F_1 e F_2 ou F_2 e F_3 . Além de identificar o potencial de variação das populações segregantes, outra estimativa importante é aquela que prevê a produtividade das linhagens na geração F_∞ . Neste caso, o componente de média populacional $m+a$ fornece essa informação.

Com esse objetivo foram estimados os componentes de média $m+a$ e d relativos à produção de grãos. Como mencionado, a estimativa de $m+a$ corresponde à média de todas as possíveis linhagens geradas em um dado cruzamento na geração F_∞ . Essa estimativa é muito útil, contudo ela não possibilita inferir sobre a variabilidade esperada entre as linhagens. Assim, duas populações podem dar origem a linhagens com a mesma média; no entanto, a amplitude de variação no desempenho dessas linhagens pode ser bem diferente. Evidentemente, será preferida a população que permita obter linhagens que apresentem entre si maior amplitude de variação. O d refere-se à contribuição dos locos em heterozigose e pode ser considerado como indicador da variabilidade entre as linhagens.

As estimativas de d encontradas neste trabalho ressaltam a presença de dominância na manifestação do caráter produção de grãos, confirmando os resultados obtidos pela análise de variância das populações nas gerações F_2 e F_3 (Tabela 6) e pelas análises dos dialelos nas mesmas gerações (Tabela 8); também indicam a presença de variação nas populações e, principalmente, que elas têm magnitudes diferentes. Por essa razão, utilizou-se a estimativa de d para escolha das dez populações contrastantes, sendo cinco com maiores e cinco com menores

estimativas de d , para avaliar a variabilidade liberada pelas mesmas, a partir do desempenho de suas famílias.

De acordo com Abreu (1997), na presença de dominância, a estimativa de d poderá substituir a estimativa de variância genética, pois este parâmetro é um componente de média e, portanto, estimável com melhor precisão do que a variância e sem a necessidade de obter dados de plantas individuais. No entanto, a comparação das estimativas de variância com d fica prejudicada, pois, na literatura, normalmente é relatado as estimativas de herdabilidade. Assim, utilizam-se as estimativas de herdabilidade para possibilitar as comparações. Contudo, a estimativa de correlação de Spearman entre as estimativas de d e h^2 das famílias $F_{3,4}$ das populações selecionadas, foi baixa, indicando que a estimativa de d não forneceu a mesma informação da herdabilidade. Esse resultado é concordante com o obtido por Lima (1999), que trabalhando com quatro populações de milho, também obteve correlação baixa ($r = 0,21$) entre as estimativas de d e h^2 . Porém, difere do resultado obtido por Abreu (1997), que trabalhando com quatro populações de feijão, obteve correlação alta e positiva ($r = 0,97$) entre essas duas estimativas.

Considerando que o d mede a contribuição dos locos em heterozigose e, portanto, apenas os locos com dominância que estão segregando, uma das causas da não associação entre d e h^2 nesse trabalho pode ser atribuída a amostragem deficiente das populações. Na estimativa das h^2 das famílias das populações selecionadas, foram avaliadas somente 27 famílias de cada população. Esse número provavelmente não representou toda a variabilidade existente na população. Assim, a estimativa da variabilidade liberada pelas populações possui falhas, embora ela deva fornecer informações úteis do potencial das populações segregantes. Vale ressaltar que a estimativa de correlação de Spearman considera a posição dos tratamentos; assim, qualquer mudança na posição de um tratamento

em relação ao parâmetro que está sendo avaliado irá refletir na estimativa da correlação. No entanto, para o melhorista, quando este está avaliando várias populações, o interesse é o extremo, isto é, aquela ou aquelas populações mais promissoras para o caráter em questão. Considerando somente os valores extremos, verifica-se que d e h_a^2 foram parcialmente concordantes.

A observação, tanto na geração F_2 quanto na geração F_3 de populações com h_a^2 alta e baixa produção de grãos e populações com h_a^2 nula e produtividade alta, indica que a h_a^2 isolada não é um indicativo de sucesso no programa de melhoramento, uma vez que pode estar associada a produtividades médias inferiores, como as encontradas nesse trabalho. Como já ressaltado, o interesse do melhorista é em populações que associem média elevada e suficiente variabilidade. Daí a importância de utilizar conjuntamente os parâmetros $m+a$ e d e/ou h_a^2 , como exemplo a população CI-128 x A-285 Rudá, que possui altas estimativas de $m+a$, d e h_a^2 (Tabelas 11 e 13).

O método proposto por Jinks e Pooni (1976), permite a escolha da população segregante mais promissora para a seleção de linhagens com alta produtividade de grãos. Na sua utilização, considerou-se como padrão a cultivar Pérola, por ter alta produtividade e ser muito utilizada pelos produtores. Vale ressaltar que as estimativas de probabilidades foram obtidas utilizando a média (g/planta) da geração F_2 e da geração F_3 . A média da geração F_2 para representar a média da F_∞ foi utilizada em algumas oportunidades (Otubo et al.; 1996; Abreu, 1997) e a média da geração F_3 foi utilizada por Triller (1994) e Santos (2000). É oportuno salientar que, para a aplicação desta metodologia, considera-se que a média da geração F_n representa a média das linhagens na geração F_∞ . Para que isso seja válido, é necessário que haja predominância da ação gênica aditiva.

Embora no presente estudo tenha ocorrido dominância para a produção de grãos, a predominância, no feijoeiro, é da ação gênica aditiva (Takeda, 1990; Vizgarra, 1991; Otubo, 1994; Abreu, 1997). Portanto, a inferência utilizando a geração F_2 ou F_3 pode ser válida, porque mesmo inflacionando a estimativa de probabilidade, pois a variância genética contém a variância aditiva e de dominância, provavelmente este fato não interferirá na escolha das melhores populações.

De modo geral, as populações mais promissoras para extração de linhagens superiores foram as mais produtivas, e as menos promissoras, as menos produtivas. Essas observações podem ser corroboradas pelas correlações de Spearman estimadas entre as estimativas de Z e a média geral da população ou média por planta. As correlações entre as estimativas de Z e a produção média de grãos por parcela e por planta na geração F_2 foram $r = -0,44^*$ e $r = -0,68^*$, respectivamente. Na geração F_3 , as estimativas das correlações foram $r = -0,59^{**}$ e $r = -0,93^{**}$. É importante esclarecer que menores valores de Z correspondem às maiores probabilidades de seleção de linhagens superiores ao padrão Pérola. Esses resultados confirmam que a média populacional é um bom referencial para selecionar as populações segregantes superiores, com a vantagem de ser uma medida de fácil obtenção. Como mencionado, em cruzamentos biparentais, que é o caso desse trabalho, a média de uma população segregante corresponde à estimativa de $m+a$, sendo esta estimativa mais precisa que a média da população.

O procedimento ideal de escolha de genitores é aquele eficiente e também de fácil aplicação. Em relação à facilidade de aplicação, destacam-se os que avaliam a diversidade genética dos genitores, em especial os baseados em marcadores moleculares, que dispensam as avaliações experimentais prévias. Os

marcadores de DNA do tipo RAPD são os mais simples, pois podem ser facilmente obtidos.

No presente estudo, a ausência ou baixas correlações entre as estimativas de distâncias moleculares e estimativas que fornecem informações sobre a variabilidade das populações para a produção de grãos indicam que, *a priori*, a distância molecular não fornece as mesmas informações que essas estimativas. Entretanto, deve-se ressaltar que as estimativas das distâncias moleculares obtidas por marcadores RAPD, baseiam-se em um conjunto de fragmentos de DNA, representativos, porém aleatórios do genoma (Skroch, Santos e Nienhuis, 1992). Desta forma, não se sabe quais são as associações de ligação existentes entre marcadores e genes que controlam características agronômicas. Espera-se que muitos genes que controlam a produção de grãos encontrem-se espalhados pelo genoma. No entanto, esses genes representam uma porcentagem ínfima do genoma, certamente bem menos de 0,01%. Assim, é provável que os marcadores aleatórios não amostram eficientemente os genes relacionados à produção de grãos. Aliás, no presente estudo, os 137 marcadores identificados representam cerca de 0,07% dos pares de bases de DNA do genoma do feijão (Machado, 1999). Por essa razão, provavelmente muitos marcadores obtidos por Machado (1999) não estão ligados aos genes de produção, resultando, em ausência ou baixas correlações.

Segundo Gumber et al. (1999), a ausência ou baixas correlações entre as estimativas de diversidade genética e variância podem ser atribuídas ao fato de que as estimativas de variância genética têm baixa repetibilidade, devido ao seu alto erro padrão; e também que as estimativas de diversidade genética possuem grande resíduo e/ou viés em relação à real diversidade genética. No presente estudo, o erro médio associado às estimativas de distância molecular foi pequeno (0,0485). Bonato (2000) verificou que, em soja, a distância molecular

baseada em marcador aleatório AFLP pode ser útil na identificação de cruzamentos que resultem em populações com maior variância. O autor avaliou a eficiência de predição, considerada como a probabilidade de identificar os três cruzamentos com maior variância genética, por meio da seleção dos três cruzamentos com maiores distâncias genética, e verificou que essa eficiência variou de 33% a 100%. Para a produção de grãos, a eficiência de predição variou de 66,6% a 83,3%.

Vale ressaltar que, considerando somente as dez populações selecionadas, houve coerência entre produção, estimativas de CEC e d . No entanto, as estimativas de variância genética, herdabilidade e distâncias moleculares não foram coerentes com as estimativas citadas. As populações que apresentaram maiores estimativas de d apresentaram CEC positivas, tanto da geração F_2 quanto na geração F_3 (Tabelas 9 e 10). A produtividade dessas populações foi alta nas gerações F_2 e F_3 , exceto a população H-4-7 x IAC Carioca Aruã, que apresentou produtividade baixa na geração F_2 (Tabela 7). Essas populações também apresentaram altas probabilidades de selecionar linhagens superiores na geração F_∞ , exceto a população H-4-7 x IAC Carioca Aruã, que na geração F_2 apresentou probabilidade intermediária (24,92%), e as populações H-4-7 x A-285 Rudá e CI-21 x Pérola também apresentaram probabilidades intermediárias (27,70% e 26,14%, respectivamente) que na geração F_3 (Tabelas 15 e 16). No entanto, as estimativas de variância genética e h^2 dessas populações variaram de nulas a altas (Tabelas 12 e 13). Há de se considerar, contudo, que essas estimativas de Z , σ_G^2 e h^2 foram obtidas ao nível de plantas e certamente estão associadas a erros de grandes magnitudes. Na avaliação das famílias dessas populações, verifica-se que as estimativas de variância genética e h^2 estiveram entre nula a alta (Tabela 18), e a

probabilidade observada de obter linhagens superiores à Pérola foi de baixa à alta (Tabela 19).

As populações que apresentaram menores estimativas de d apresentaram CEC negativas nas gerações F_2 e F_3 , exceto o cruzamento Ouro Negro x Aporé, que na geração F_3 apresentou CEC positiva (Tabelas 9 e 10). A produtividade de todas essas populações foi baixa nas gerações F_2 e F_3 , exceto a população Ouro Negro x Aporé, que na geração F_3 foi alta (Tabela 7). A probabilidade de extração de linhagens dessas populações variou de intermediária a alta na geração F_2 , e foi intermediária na geração F_3 (Tabelas 15 e 16). As estimativas de variância genética e h^2 variaram de nula a alta na geração F_2 e de nula a intermediária na geração F_3 (Tabelas 12 e 13). Na avaliação das famílias dessas populações, verifica-se que as estimativas de variância genética e h^2 estiveram entre intermediária e alta (Tabela 18), e a probabilidade observada de obter linhagens superiores à Pérola variou de pequena a grande.

Merece ser mencionado que o método de Jinks e Pooni (1976), ao estimar a probabilidade de obter linhagens que superem um determinado padrão, não considera somente a variabilidade liberada nas gerações avançadas, mas principalmente o desempenho médio das populações. Assumindo, pelo menos em princípio, que a variabilidade gerada nos cruzamentos, independe da população segregante ser promissora ou não, observa-se que as famílias das populações H-4-7 x PF 9029975 e Carioca 300V x Carioca MG, as quais apresentaram variância genética semelhantes, apresentaram porcentagens observadas de extração de linhagens muito diferentes (Tabelas 18 e 19). O mesmo pode ser observado para outras populações, as quais apresentaram altas estimativas de variância genética e baixas porcentagens observadas de extrair linhagens na geração F_{∞} . Assim, quanto maior a produtividade da população,

menor será a estimativa de Z e maior será a probabilidade de extração de linhagens superiores a um padrão.

Entre as alternativas de escolhas de populações segregantes promissoras para a extração de linhagens, nota-se que as populações com as maiores estimativas de $m+a$ e d , ou pelo menos com a maior estimativa de $m+a$, identificaram as populações segregantes mais promissoras (Tabelas 11 e 19). Comparando a probabilidade observada de extração de linhagens superiores à Pérola (Tabela 19) com as CGC e CEC das populações na geração F_2 (Tabela 9), pode-se concluir que a CGC média da população é equivalente ao seu $m+a$ e a CEC é equivalente à estimativa de d , como esperado com base na constituição genéticas desses parâmetros. Portanto, o melhorista pode realizar a escolha da população ideal por meio das estimativas de $m+a$ e d , que são as mais fáceis de serem obtidas.

A distância molecular indica sobre a divergência da população, incluindo todas as causas de variação genética. Assim, quanto maior a distância molecular, maior será a divergência entre os genitores que geraram aquela população. Normalmente, a divergência genética está associada à má adaptação dos genitores (Abreu, 1997). Portanto, genitores não adaptados implicam em baixa produtividade. Esse fato foi observado nesse trabalho. Observa-se que famílias menos produtivas apresentaram maiores distâncias moleculares, e as mais produtivas, menores distâncias moleculares ($r = -0,69^*$) (Tabela 19 e 20). Essa associação foi melhor detectada entre a distância molecular e a probabilidade observada de extração de linhagens superiores à cultivar Pérola ($r = -0,63^*$). Vale ressaltar que as maiores distâncias moleculares foram obtidas quando estava envolvido o genitor ESAL 693 (Tabela 20). Este genitor apresentou baixa produtividade (Tabela 7) principalmente porque é o único que apresenta hábito de crescimento tipo I. Ele é proveniente do cruzamento

(Carioca x Tu) x L-3272. O Carioca x Tu, na verdade, é uma linhagem selecionada daquele cruzamento, com hábito de crescimento tipo I, semente de tamanho médio e portadora do alelo Co.5 de resistência ao *Colletotrichum lindemuthianum*. Tu é uma linhagem mexicana e fonte do alelo de resistência Co.5, enquanto L-3272 é uma linhagem mutante da cultivar Milionário. Portanto, é de se esperar que o genitor ESAL 693 possua menor proporção de alelos da cultivar Carioca, em comparação com os demais genitores utilizados e que também possuem tipo de grão semelhante ao tipo Carioca. Por isso ele foi o mais divergente.

6 CONCLUSÕES

- No feijoeiro existe efeito de dominância no sentido de aumentar a produção de grãos, por isso, as estimativas de CEC e d foram úteis para identificar as populações mais segregantes, embora não levem em consideração a variância genética aditiva.. Já as estimativas de distâncias genéticas obtidas por meio de marcadores RAPD não foram boas indicadoras da variabilidade potencial das populações, para o caráter produção de grãos;

- Não houve concordância entre a porcentagem observada de linhagens superiores à cultivar Pérola na geração $F_{3,4}$ e porcentagem estimada pela metodologia proposta por Jinks e Pooni (1976), indicando que esta metodologia não foi eficiente na predição do potencial de populações segregantes do feijoeiro;

- Os parâmetros do dialelo, as estimativas de $m+a$ e d mostraram-se úteis para identificar as populações segregantes mais promissoras para extração de linhagens superiores;

- Ficou evidenciada a necessidade de associar duas ou mais estimativas para identificar a população segregante que irá produzir as linhagens superiores em produção de grãos.

7 REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- ABREU, A. de F.B. **Avaliação de progênies de feijoeiro do cruzamento 'Carioca 80' x 'Rio Tibagi' em diferentes densidades de plantio.** Lavras:ESAL, 1989. 63p. (Dissertação - Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas).
- ABREU, A. de F.B. **Predição do potencial genético de populações segregantes do feijoeiro utilizando genitores inter-raciais.** Lavras:UFLA, 1997. 80p. (Tese - Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas).
- ABREU, A. de F. B.; RAMALHO, M.A.P.; SANTOS, J. B dos; MARTINS, L.A. **Progresso do melhoramento genético do feijoeiro nas décadas de setenta e oitenta nas regiões Sul e Alto Paranaíba em Minas Gerais. Pesquisa Agropecuária Brasileira, Brasília, v.29, n.1, p.105-112, jan. 1994.**
- AGGARWAL, V.D.; SINGH, T.P. **Genetic variability and interrelation in agronomic traits in kidney-bean *Phaseolus vulgaris* L. Indian Journal of Agricultural Science, New Delhi, v.43, n.9, p.845-848, Sept. 1973.**
- ALMEIDA, L. D'A. de. **O feijão Carioca: reflexos de sua adoção.** Campinas: IAC, 2000. n.p.
- ALMEIDA, L.D'A. de; LEITÃO FILHO, H.F.; MIYASAKA, S. **Características do feijão Carioca, um novo cultivar. Bragantia, Campinas, v.30, p. XXXIII-XXXVIII, abr. 1971.**
- A REVOLUÇÃO DO CARIOQUINHA. Informação Apta. São Paulo, v.1, n.1, p.3-5, maio/jun. 2000**
- BAENZIGER, P.S.; PETERSON, C.J. **Genetic variation: its origin and use for breeding self-pollinated species. In: STALKER, H.T.; MURPHY, J.P. (Eds.). Plant Breeding in the 1990's. Raleigh: North Carolina State University, 1991. p.69-100.**

- BARROSO, P.A.V. **Comparações entre métodos quantitativos e métodos baseados em marcadores RAPD para a predição do comportamento de populações de soja.** Piracicaba:ESALQ, 2000. 162p. (Tese - Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas).
- BONATO, A.L.V. **Avaliação da diversidade genética entre cultivares brasileiras de soja, através de marcadores AFLP.** Piracicaba:ESALQ, 2000. 89p. (Tese - Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas).
- BORÉM, A. **Melhoramento de Plantas.** Viçosa:UFV, 1997. 547p.
- BRUNNER, B.R.; BEAVER, J.S. Estimation of outcrossing of dry beans in Puerto Rico. **Annual Report Beans Improvement Cooperative, Cali**, v.31, p.42-43, Jan. 1988.
- CAMACHO, L.H.; CARDONA, C.; OROZCO, S.H. Genotypic and phenotypic correlation of components of yield in kidney beans. **Annual Report Bean Improvement Cooperative, Cali**, v.7, p.8-9, Jan. 1964.
- CHUNG, S.H.; STEVESON, E. Diallel analysis of the genetic variation in some quantitative traits in dry beans. **New Zealand Journal of Agricultural Research**, Washington, v.16, n.3, p.223-231, May 1973.
- COLLICCHIO, E. **Associação entre o porte da planta do feijoeiro e o tamanho dos grãos.** Lavras:UFLA, 1995. 98p. (Dissertação - Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas).
- COSTA, J.G.C.; ANTUNES, J.F. Determinação da porcentagem de cruzamentos naturais em feijoeiro (*Phaseolus vulgaris*) no município de Pelotas, RS. In: REUNIÃO ANUAL DA SBPC, 27, 1975, Belo Horizonte, Resumos ..., Belo Horizonte:SBPC, 1975. p.252.
- COYNE, D.P. Correlation, heritability and selection of yield components in field beans, (*Phaseolus vulgaris* L.). **Proceedings of the American Society for Horticultural Science**, Maryland, v.93, n.5, p.388-396, may 1968.
- CRUZ, C.D. **Programa GENES: aplicativo computacional em genética e estatística.** Viçosa:UFV, 1997. 390p.

- CRUZ, C.D.; REGAZZI, A.J. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. Viçosa: UFV, 1994. 390p.
- DAVIS, J.H.C.; EVANS, A.M. Selection indices using plant type characteristics in navy beans (*Phaseolus vulgaris* L.). **The Journal of Agricultural Sciences**, Cambridge, v.89, n.2, p.341-348, Aug./Dec. 1977.
- DEBOUCK, D.G.; TOHME, J. Implications for bean breeders of studies on the origin of common beans, *Phaseolus vulgaris* L. In: **Current Topics in Breeding of Common Bean**. Cali: CIAT, 1989. p.3-47 (CIAT Working document, 47).
- DUARTE, J.M.; SANTOS, J.B. dos; MELO, L.C. Genetic divergence among common bean cultivars from different races based on RAPD markers. **Genetics and Molecular Biology**, Ribeirão Preto, v.22, n.3, p.419-426, sept. 1999.
- ESCRIBANO, M.R.; DE RON, A.M.; AMURRIO, J.M. Diversity in agronomical traits in common bean populations from Northwestern Spain. **Euphytica**, Wageningen, v.76, n.1-2, p.1-6, Feb./Mar. 1994.
- FALCONER, D.S. **Introdução à Genética Quantitativa**. Viçosa: UFV, 1987. 279p.
- FEHR, W.R. **Principles of cultivar development**. New York: MacMillan, 1987. 536p.
- FERREIRA, D.F.; OLIVEIRA, A.C. de; SANTOS, M.X. dos; RAMALHO, M.A.P. Métodos de avaliação da divergência genética em milho e suas relações com os cruzamentos dialélicos. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v.30, n.9, p.1189-1194, set. 1995.
- FERREIRA, M.E.; GRATTAPAGLIA, D. **Introdução ao uso de marcadores moleculares RAPD e RFLP em análise genética**. Brasília: Embrapa/Cenargem, 1996. 220p.
- FERREIRA, W.D. **Implicação do número de famílias no processo seletivo na cultura do feijoeiro**. Lavras:UFLA, 1998. 66p. (Dissertação - Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas).

- GARDNER, C.O.; EBERHART, S.A. Analysis and interpretation of the variety cross diallel and related populations. **Biometrics**, Raleigh, v.22, n.3, p.439-452, Sept. 1966.
- GEPTS, P. Phaseolin as an evolutionary marker. In: GEPTS, P. (Ed.) **Genetic resources of *Phaseolus* beans**. Dordrecht: Kluwer Academic Publishers, 1988. p.215-241.
- GEPTS, P.; BLISS, F.A. Phaseolin variability among wild and cultivated common beans (*Phaseolus vulgaris*) from Colombia. **Economic Botanic**, New York, v.40, n.4, p.469-478, Oct./Dec. 1986.
- GEPTS, P.; DEBOUCK, D. Origin, domestication and evolution of the common bean (*Phaseolus vulgaris* L.). In: VAN SCHOONHOVEN, A.; VOYSEST, O. (Eds.). **O common bean: research for crop improvement**. Cali: CIAT, v.1, 1991. p.7-53.
- GEPTS, P.; KMIĘCIK, F.; PEREIRA, P. ; BLISS, F.A. Phaseolin-protein variability in wild forms and landraces of the common bean (*Phaseolus vulgaris*): evidence for multiple centers of domestication. **Economic Botany**, New York, v.40, n.4, p.451-468, Oct./Dec. 1986.
- GIZLICE, A.; CARTER, T.E.; BURTON, J.W. Genetic diversity in North American soybeans. I. Multivariate analysis of founding stock and relation to coefficient of parentage. **Crop Science**, Madison, v.33, n.3, p.614-619, May/June. 1993.
- GONÇALVES, P.R. **Obtenção de linhagens de feijoeiro (*Phaseolus vulgaris* L.) com grão tipo Carioca resistente a antracnose e mancha angular**. Lavras: UFLA, 1995. 65p. (Dissertação - Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas).
- GONÇALVES, P.S. **Esquema circulante de cruzamentos para avaliação de linhagens de milho (*Zea mays* L.) ao nível interpopulacional**. Piracicaba: ESALQ, 1987. 140p. (Tese - Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas).
- GRIFFING, J.B. Concept of general and specific combining ability in relation to diallel crossing systems. **Australian Journal of Biological Science**, Melbourne, v.9, p.463-493, 1956.

- GUMBER, R.K.; SCHILL, B.; LINK, W.; KITTLITZ, E.V.; MELCHINGER, A.E. Mean, genetic variance and usefulness of selfing progenies from inter- and inter pool crosses in faba beans (*Vicia faba* L.) and their prediction from parental parameters. **Theoretical and Applied Genetics**, Berlin, v.98, n.3-4, p.569-580, Aug./Sept. 1999.
- GUTIÉRREZ, J.A.; SINGH, S.P. Heterosis and inbreeding depression in dry bush beans, *Phaseolus vulgaris* L. **Canadian Journal Plant Science**, Ottawa, v.65, n.2, p.243-249, Apr. 1985.
- HARLAN, J.R. Agricultural origins: centers and noncenters. **Science**, Washington, v.174, n.4008, p.468-474, Oct. 1971.
- HARLAN, J.R. Geographic patterns of variation in some cultivated plants. **Journal of Heredity**, Baltimore, v.66, n.3, p.184-191, May/June. 1975.
- HELMS, T.; ORF, J. McCLEAN, P. Genetic variance, coefficient of parentage and genetic distance of six soybean populations. **Theoretical and Applied Genetics**, Berlin, v.94, n.1, p.20-26, Jan. 1997.
- IBARRA-PEREZ, F.I.; EHDAIE, B.; WAINES, J.G. Estimation of outcrossing rate in common bean. **Crop Science**, Madison, v.37, n.1, p.60-65, Jan./Feb. 1997.
- JINKS, J.L.; HAYMAN, B.I. The analysis of diallel crosses. **Maize Genetics Corporations News Letter**, Ithaca, v.27, p.48-54, 1953.
- JINKS, J.L.; POONI, H.S. Prediction the properties of recombinant inbred lines derived by single seed descent. **Heredity**, Edinburgh, v.36, n.2, p.253-266, 1976.
- JOHNSON, R.A.; WICHERN, D.W. **Applied multivariate statistical analysis**. New Jersey: Prentice-Hall, 1988. 607p.
- JUNQUEIRA NETTO, A.; LASMAR FILHO, J. Taxa de alogamia do feijoeiro comum (*Phaseolus vulgaris* L.) em Lavras, Minas Gerais. **Agros**, Lavras, v.1, n.1, p.19-21, jan. 1971.
- KEMPTHORNE, O.; CURNOW, R.N. The partial diallel cross. **Biometrics**, North Carolina, v.17, n.2, p.229-250, Jun. 1961.

- KNAPP, S.J.; STROUP, W.W.; ROSS, W.M. Exact confidence intervals for heritability on a progeny mean bases. **Crop Science**, Madison, v.25, n.1, p.192-194, Jan./Feb. 1985.
- KORNEGAY, J.; WHITE, J.W.; DE-LA-CRUZ, O.O.; Growth habit and gene pool effects on inheritance of yield in common bean. **Euphytica**, Wageningen, v.62, n.3, p.171-180, Dec. 1992.
- LIMA, M.W. de P. **Alternativas de escolha de populações de milho para extração de linhagens**. UFLA: Lavras, 1999. 49p. (Dissertação – Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas).
- LIU, Z.Q.; PEI, Y.; PI, Z.J. Relationship between hybrid performance and genetic diversity based on RAPD markers in wheat, *Triticum aestivum* L. **Plant Breeding**, Berlin, v.118, n.2, p.119-123, May 1999.
- MACHADO, C. de F. **Procedimentos para a escolha de genitores de feijão**. Lavras:UFLA, 1999. 118p. (Dissertação - Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas).
- MACHADO, C. de F.; SANTOS, J.B dos; NUNES, G.H de S. Escolha de genitores de feijoeiro por meio da divergência avaliada a partir de caracteres morfo-agronômicos. **Bragantia**, Campinas, v.59, n.1, p.11-20, 2000.
- MALÉCOT, G. **Lês mathématiques de l'héredité**. Paris: Masson, 1948. 63p.
- MANJARREZ-SANDOVAL, P.; CARTER Jr., T.E.; WEBB, D.M.; BURTON, J.W. Heterosis in soybean and its prediction by genetic similarity measures. **Crop Science**, Madison, v.37, n.5, p.1443-1452, Sept./Oct. 1997a.
- MANJARREZ-SANDOVAL, P.; CARTER Jr., T.E.; WEBB, D.M.; BURTON, J.W. RFLP genetic similarity and coefficient of parentage as genetic variance predictors for soybean yield. **Crop Science**, Madison, v.37, n.3, p.698-703, May/June. 1997b.
- MARQUES JÚNIOR, O.G. **Eficiência de experimentos com a cultura do feijão**. Lavras:UFLA, 1997. 80p. (Tese - Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas).

- MARQUES JÚNIOR, O.G.; RAMALHO, M.A.P. Determinação da taxa de fecundação cruzada do feijoeiro (*Phaseolus vulgaris* L.) nas diferentes épocas de semeadura em Lavras. *Ciência e Prática*, Lavras, v.19, n.3, p.339-341, jul./set. 1995.
- MELO, L.C. Escolha de genitores visando a obtenção de cultivares de feijoeiro tolerantes à baixas temperaturas na fase adulta. Lavras: UFLA, 1996. 86p. (Dissertação - Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas).
- MSTAT-C. A software program for the design, management and analysis of agronomic research experiments. [s.l]: Michigan State University, 1991. p. irr.
- NIENHUIS, J.; SINGH, S. P. Genetics of seed yield and its components in common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) of Middle-American origins. I. General combining ability. *Plant Breeding*, Berlin, v.101, n.2, p.143-154, Jun. 1988.
- OLIVEIRA JÚNIOR, A. Metodologias de análise de dialelos circulantes e de meia-tabela desbalanceados e correlações inter e intrapopulacionais: exemplo com a cultura do feijão (*Phaseolus vulgaris* L.). Viçosa:UFV, 1995, 136p. (Tese – Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas).
- OLIVEIRA, L.B. Alternativas na escolha dos parentais em um programa de melhoramento do feijoeiro. Lavras:UFLA, 1995. 67p. (Dissertação - Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas).
- OLIVEIRA, L.B.; RAMALHO, M.A.P.; ABREU, A. de F.B.; FERREIRA, D.F. Alternative procedures for parent choice in a breeding program for the common bean (*Phaseolus vulgaris* L.). *Brazilian Journal of Genetics*, Ribeirão Preto, v.19, n.4, p.611-615, dec. 1996.
- OTUBO, S.T. Controle genético da tolerância do feijoeiro (*Phaseolus vulgaris* L.) a baixas temperaturas na fase de germinação. Lavras:UFLA, 1994. 50p. (Dissertação - Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas).

- OTUBO, S.T.; RAMALHO, M.A.P.; ABREU, A. de F.B.; SANTOS, J. B. dos. Genetic control of low temperature tolerance in germination of the common bean (*Phaseolus vulgaris* L.). *Euphytica*, Wageningen, v.89, n.3, p.313-317, Mar. 1996.
- PACOVA, B.E.V; ROCHA, A.C. de M. Hibridação natural no feijoeiro (*Phaseolus vulgaris* L.) em Linhares, Espírito Santo. *Revista Ceres*, Viçosa, v.22, n.120, p.157-158, mar./abr. 1975.
- PANIAGUA, C.V.; PINCHINAT, A.M. Critérios de selección para mejorar el rendimiento de grano em frijol (*Phaseolus vulgaris* L.). *Turrialba*, San José, v.26, n.2, p.126-131, abr./jun. 1976.
- PEREIRA FILHO, I.A.; RAMALHO, M.A.P.; FERREIRA, S. Avaliação de progênies de feijão e estimativas de parâmetros genéticos na região do Alto São Francisco em Minas Gerais. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, Brasília, v.22, n.9-10, p.987-993, set./out. 1987.
- PEREIRA FILHO, T.A.; CAVARANI, C. Taxa de hibridação natural do feijoeiro comum em Patos de Minas, Minas Gerais. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, Brasília, v.19, n.9, p.1181-1183, jul. 1984.
- PETERNELLI, L.A.; BORÉM, A. Hibridação em feijão. In: BORÉM, A. (Ed.) **Hibridação artificial de Plantas**, Viçosa: UFV, 1999. p.269-294.
- PETERNELLI, L.A.; CARDOSO, A.A.; CRUZ, C.D.; VIEIRA, C.; FURTADO, M.R. Herdabilidade e correlações do rendimento do feijão e seus componentes primários no monocultivo e no consórcio com o milho. *Revista Ceres*, Viçosa, v.41, n.235, p.306-316, maio/jun. 1994.
- PICARD, B.; BRANCARD, G.; OURY, F.X.; BERARD, P.; ROUSSET, M. A study of genetic diversity in wheat. II. Application to the prediction of heterosis. *Agronomie*, Paris, v.9, n.12, p.683-690, 1992.
- POLIGNANO, G.B. Heritable variation of some agronomic traits in *Phaseolus vulgaris* L. *Genética Agrária*, Roma, v.87, n.1-2, p.69-82, 1983.
- POMPEU, A.S. Polinização cruzada natural no feijoeiro. *Bragantia*, Campinas v.22, n.1, p.53-57, jan. 1963.

- PULCINELLI, C.E. **Avaliação de cruzamentos dialélicos de soja em geração avançadas de endogamia.** Piracicaba:ESALQ, 1997. 165p. (Tese - Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas).
- RAMALHO, M.A.P.; ABREU, A. de F.B. Cultivares. In: VIEIRA, C.; PAULA Jr., T.J. de; BORÉM, A. (Eds.). **Feijão: aspectos gerais e culturais no estado de Minas.** Viçosa:UFV, 1998. p.435-449.
- RAMALHO, M.A.P.; ABREU, A. de F.B.; SANTOS, J.B. dos. Melhoramento de plantas autógamas. In: NASS, L.L.; MELO, D.I.S. (Eds.) **Melhoramento de plantas e microorganismos.** Piracicaba:ESALQ/USP. 2001 (No prelo).
- RAMALHO, M.A.P.; ANDRADE, L.A.B.; TEIXEIRA, N.C.S. Correlações genéticas e fenotípicas entre caracteres do feijão (*Phaseolus vulgaris* L.) **Ciência e Prática**, Lavras, v.3, n.1, p.63-70, jan./jun. 1979.
- RAMALHO, M.A.P.; FERREIRA, D.F.; OLIVEIRA, A.C. de. **Experimentação em Genética e Melhoramento de Plantas.** Lavras:UFLA, 2000. 326p.
- RAMALHO, M.A.P.; PINTO, C.A.B.P.; SANTA CECÍLIA, F.C. Avaliação de amostras de cultivares de feijão roxo e seleção de progênes. **Ciência e Prática**, Lavras, v.6, n.1, p.35-43, jan./jun., 1982
- RAMALHO, M.A.P.; SANTOS, J.B. dos; PEREIRA FILHO, I.A. Choice of parents for dry bean (*Phaseolus vulgaris* L.) breeding. I. Interactions of mean components by generation and by location. **Revista Brasileira de Genética**, Ribeirão Preto, v.11, n.2, p.391-400, jun. 1988.
- RAMALHO, M.A.P.; SANTOS, J.B. dos; SANTA CECÍLIA, F.C.; ANDRADE, M.A. Seleção de progênes no feijão 'Pintado' e estimativas dos parâmetros genéticos e fenotípicos. **Ciência e Prática**, Lavras, v.3, n.1, p-51-57, jan./jun., 1979.
- RAMALHO, M.A.P.; SANTOS, J.B. dos; ZIMMERMANN, M.J.O. **Genética quantitativa em plantas autógamas: aplicações no melhoramento do feijoeiro.** Goiânia: UFG, 1993. 271p.
- RANALLI, P. Phenotypic recurrent selection in common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) based on performance of S₂ progenies. **Euphytica**, Wageningen, v.87, n.2, p.127-132, 1996.

- REIS, W.P. **Divergência genética entre cultivares de trigo recomendados no Brasil**. Piracicaba:ESALQ, 1998. 77p. (Tese - Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas).
- ROHLF, F.J. **Numerical taxonomy and multivariate analysis system**. New York, version 1.70, 1992. 470p.
- SANTOS, J. B. dos; GAVILANES, M. L. Botânica. In: VIEIRA, C.; PAULA JR, T. J. de; BORÉM, A. (Eds.). **Feijão: aspectos gerais e culturais no Estado de Minas**. Viçosa:UFV, 1998. p.55-81.
- SANTOS, J.B. dos; VENCOVSKY, R.; RAMALHO, M.A.P. Controle genético da produção de grãos e seus componentes primários em feijoeiro. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v.20, n.10, p.1203-1211, jul. 1985.
- SANTOS, P.C.; dos; CARDOSO, A.A.; VIEIRA, C.; SILVA, J.C.; Herdabilidade e correlações do rendimento com seus componentes em dois cruzamentos de feijão. **Revista Ceres**, Viçosa, v.33, n.189, p.404-417, maio/jun. 1986.
- SANTOS, P.G. **Escolha de populações segregantes para o programa de seleção de arroz em terras altas**. Lavras:UFLA, 2000. 106p. (Tese - Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas).
- SARAWAT, P.; STODDARD, F.L.; MARSHALL, D.R. Genetic distance and its association with heterosis in peas. **Euphytica**, Wageningen, v.73, n.3, p.255-264, 1994.
- SATTERTWHAITE, F.E. An approximate distribution of estimates of variance components. **Biometrics**, Raleigh, v.2, n.6, p.110-114, Dec. 1946.
- SCOTT, A.J.; KNOTT, M.A. Cluster analysis method for grouping means in the analysis of variance. **Biometrics**, North Caroline, v.30, n.3, p.507-512, Sept. 1974.
- SCULLY, B.T.; WALLACE, D.H.; VIANDS, D.R. Heritability and correlation of biomass, growth rates, harvest index, and phenology to the yield of common beans. **Journal of the American Society for Horticultural Science**, Alexandria, v.116, n.1, p.127-130, Jan. 1991.

- SING, S.P. Bean Genetics. In: SCHOONHOVEN, A. van; VOYSEST, O. (Eds.). **Common beans: research for crop improvement**. Cali:CIAT, 1991. p.199-286.
- SINGH, S.P. Common bean improvement in the tropics. **Plant Breeding Review**, New York, v.10, p.199-269, 1992.
- SINGH, S.P.; GEPTS, P.; DEBOUCK, D.G. Races of common bean (*Phaseolus vulgaris*, Fabaceae). **Economic Botany**, New York, v.45, n.3, p.379-396, Jul. 1991.
- SINGH, S.P.; LEPIZ, R.; GUTIERREZ, S.A.; URREA, C.; MOLINA, A.; TERAN, H. Yield testing of early of generation population of common bean. **Crop Science**, Madison, v.30, n.4 p.874-878, Jul./Aug. 1990.
- SINGH, S.P; URREA, C.A. Inter- and intraracial hybridization and selection for seed yield early generations of common beans, *Phaseolus vulgaris* L. **Euphytica**, Wageningen v.81, n.2, p.131-137, Jun. 1995.
- SKROCH, P.W.; SANTOS, J.B. dos; NIENHUIS, J. Genetic relationships among *Phaseolus vulgaris* genotypes based on RAPD marker data. **Annual Report of the Bean Improvement Cooperative**, Cali, v.35, p.23-24, 1992.
- SOUZA, E.A. **Alternativas experimentais na avaliação de progênies em programas de melhoramento genético vegetal**. Piracicaba: ESALQ, 1997. 122p. (Tese - Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas).
- SOUZA, E.A. **Controle genético de alguns caracteres do feijoeiro**. Lavras: ESAL, 1993. 105p. (Dissertação - Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas).
- SOUZA JUNIOR, C.L. de. **Componentes da variância genética e suas implicações no melhoramento vegetal**. Piracicaba:FEALQ, 1989. 134p.
- STEEL, R.G.D; TORRIE, J.H. **Principles and procedures of statistics: a biometrical approach**. 2. ed., New York: McGraw-Hill, 1980. 633p.
- TAKEDA, C. **Avaliação de progênies de feijoeiro do cruzamento "ESAL 501 x A 354" em diferentes ambientes**. Lavras:ESAL, 1990. 82p. (Dissertação - Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas).

- TAKEDA, C.; SANTOS, J.B. dos; RAMALHO, M.A.P. Progeny test for the "ESAL-501"x "A 354" common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) hybrid at different locations. *Revista Brasileira de Genética*, Ribeirão Preto, v.14, n.3, p.771-779, jan./mar. 1991.
- TEIXEIRA, F.F. Controle genético do porte do feijoeiro. Lavras:UFLA, 1997. 86p. (Dissertação - Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas).
- TOLEDO, J.F.F. Mid parental and coefficient of parentage as predictor for screening among single crosses for their inbreeding potential. *Revista Brasileira de Genética*, Ribeirão Preto, v.15, n.2, p.429-437, jun. 1992.
- TRILLER, C. Previsão do potencial de cruzamentos em soja pela geração F₃. Londrina: UEL/EMBRAPA/IAPAR, 1994. 133p. (Dissertação - Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas).
- VEIGA, D.R. Eficiência dos dialelos circulantes na escolha de genitores, avaliada com simulação de dados. Lavras: UFLA, 1998. 95p. (Tese - Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas).
- VEIGA, R.D.; NUNES, G.H.S.; SANTOS, J.B dos. Associação de parâmetros do dialelo com a variabilidade de populações segregantes avaliada por simulação. In: ENCONTRO MINEIRO DE GENETICISTAS, 5. 1998, Viçosa. *Anais ...*, Viçosa: Sociedade Brasileira de Genética, Regional Minas Gerais, 1998. p.56.
- VENCOVSKY, R. Herança quantitativa. In: PATERNIANI, E.; VIEGAS, G. (Eds.). *Melhoramento e produção de milho no Brasil*. 2. ed., Campinas: Fundação Cargill, 1987. p.137-209.
- VENCOVSKY, R.; BARRIGA, P. *Genética biométrica no fitomelhoramento*. Ribeirão Preto: Sociedade Brasileira de Genética, 1992. 486p.
- VIANNA, R.T.; GAMMA, E.E.G.; NASPOLIN, V.F.; MORO, J.R.; VENCOVSKY, R. Inbreeding depression of several introduced populations of maize (*Zea mays* L.). *Maydica*, Bergamo, v.27, n.1, p.151-157, Jan. 1982.
- VIEIRA, C.; BORÉM, A.; RAMALHO, M.A.P. Melhoramento do feijoeiro. In: BORÉM, A. (Ed.) *Melhoramento de Espécies Cultivadas*. Viçosa: UFV. 1999. p.273-349.

- VIZGARRA, O.N. Capacidade de combinação de algumas cultivares de feijão (*Phaseolus vulgaris* L.) com diferentes mecanismos de resistência ao vírus do mosaico dourado. Lavras: ESAL, 1991. 78p. (Dissertação - Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas).
- VOYSEST, O. Variedades de frijol em America Latina y su origen. Cali:CIAT, 1983. 87p.
- WEINSTEIN, A.I. Cytological studies on *Phaseolus vulgaris*. American Journal of Botany, New York, v.13, p.248-263, 1926.
- WELLS, W.C.; ISOM, W.H; WAINES, J.G. Outcrossing rates of six common bean lines. Crop Science, Madison, v.28, n.1, p.177-178, Jan./Feb. 1988.
- WRIGHT, S. Coefficients of inbreeding and relationship. The American Naturalist, Pennsylvania, v.56, p.330-338, 1922.
- XIAO, J.; LI, J.; YUAN, L.; McCOUCH, S.R.; TANKSLEY, S.D. Genetic diversity and its relationship to hybrid performance and heteroses in rice as revealed by PCR -based markers. Theoretical and applied Genetics, Berlin, v.92, n.6, p.637-643, May 1996.
- ZIMMERMANN, M.J. de O.; ROSIELLE, A.A.; WAINES, J.G. FOSTER, K.W. Heritability and correlation study of grain yield components, and harvest index of common bean in sole crop and intercrop. Field Crops Research, Netherlands, v.9, n.1, p.109-118, Jan. 1984.