

**SELEÇÃO RECORRENTE EM FEIJÃO DO
TIPO CARIOCA PARA PORTE ERETO**

WELCIMAR GONÇALVES DA CUNHA

2005

WELCIMAR GONÇALVES DA CUNHA

**SELEÇÃO RECORRENTE EM FEIJÃO DO TIPO
CARIOCA PARA PORTE ERETO**

Dissertação 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 a obtenção do título de “Mestre”.

Orientador

Prof. Dr. Magno Antonio Patto Ramalho

LAVRAS
MINAS GERAIS - BRASIL
2005

Ficha Catalográfica Preparada pela Divisão de Processos Técnicos da

Biblioteca Central da UFLA

Cunha, Welcimar Gonçalves da

Seleção recorrente em feijão do tipo carioca para porte ereto / Welcimar
Gonçalves da Cunha. -- Lavras : UFLA, 2005.

130 p. : il.

Orientador: Magno Antonio Patto Ramalho.

Dissertação (Mestrado) – UFLA.

Bibliografia.

1. *Phaseolus vulgaris*. 2. Genética quantitativa. 3. Jinks e Pooni. 4.
Cruzamento dialélico. 5. Seleção recorrente. 6. Porte. 7. Grão. I. Universidade
Federal de Lavras. II. Título.

CDD-635.65223

- 631.23

WELCIMAR GONÇALVES DA CUNHA

**SELEÇÃO RECORRENTE EM FEIJÃO DO TIPO
CARIOCA PARA PORTE ERETO**

Dissertação 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 a obtenção do título de “Mestre”.

APROVADA em 18 de fevereiro de 2005.

Dr. Francisco José Lima Aragão Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia.

Dr. José Eustáquio de Souza Carneiro Universidade Federal de Viçosa - UFV.

Dr. Magno Antonio Patto Ramalho

UFLA/DBI

(Orientador)

LAVRAS

MINAS GERAIS – BRASIL

Aos meus pais, Acimar Gonçalves da Cunha e Vera Lúcia Barbosa da Cunha,
que, na simplicidade e no amor, investiram todas as suas forças para o bem
maior de seus filhos.

DEDICO

AGRADECIMENTOS

Neste momento, externo os meus sinceros agradecimentos a todos os que contribuíram para a realização deste trabalho.

Assim, sou grato ao nosso bom Deus, autor de toda vida e alimento do meu viver.

Aos meus pais, Acimar Gonçalves da Cunha e Vera Lúcia Barbosa da Cunha, pelo amor, carinho, incentivo e confiança.

Aos meus irmãos, Acimar Gonçalves da Cunha Junior e Gleicimar Gonçalves Cunha, espelhos do meu viver.

Ao professor Magno Antonio Patto Ramalho externo um agradecimento especial pela sua dedicada orientação, disponibilidade e conselhos dados ao longo deste curso.

A Dra. Ângela de Fátima Barbosa Abreu, pela co-orientação e por, muitas vezes, exercer o papel de mãe.

Aos membros da banca, por dedicarem o seu tempo visando à melhoria deste trabalho.

Aos professores do curso de Genética e Melhoramento de Plantas, em especial aos professores César Augusto Brasil Pinto e João Bosco dos Santos.

A todos os amigos que estiveram comigo nesta caminhada.

A todos os colegas e amigos do curso de Genética e Melhoramento de Plantas, especialmente os amigos Odair e Reginaldo.

Ao amigo Dr. Everaldo Anastácio Pereira, meu primeiro mestre no melhoramento de plantas.

A todos os funcionários do Departamento de Biologia, em especial a nossa secretária do coração Elaine, a Irondina, Rosângela, Zélia e Rafaela.

À Igreja Católica, pela orientação e motivação.

SUMÁRIO

	Página
RESUMO.....	i
ABSTRACT.....	iii
CAPÍTULO 1	01
1 INTRODUÇÃO GERAL.....	02
2 REFERENCIAL TEÓRICO.....	04
2.1 Métodos utilizados na escolha de populações segregantes.....	04
2.2 Interação genótipos x ambientes.....	08
2.3 Controle genético dos caracteres associados à arquitetura da planta.....	10
2.4 Controle genético dos caracteres associados à qualidade comercial dos grãos.....	14
2.4.1 Controle genético da cor do tegumento da semente.....	15
2.4.2 Controle genético do formato e tamanho da semente.....	17
2.5 Seleção recorrente.....	19
2.5.1 Seleção recorrente na cultura do feijoeiro.....	22
REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS.....	25
CAPÍTULO 2 ESTRATÉGIAS PARA A OBTENÇÃO DA POPULAÇÃO BASE EM PROGRAMAS DE SELEÇÃO RECORRENTE	33
RESUMO.....	34
ABSTRACT.....	35
1 INTRODUÇÃO	36
2 MATERIAL E MÉTODOS.....	38
2.1 Obtenção das populações.....	38
2.2 Avaliação das populações F ₂ (S ₀).....	39
2.3 Análise genético-estatística.....	39

3 RESULTADOS E DISCUSSÃO.....	43
4 CONCLUSÕES.....	55
REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS.....	56
CAPÍTULO 3 DOIS CICLOS DE SELEÇÃO RECORRENTE VISANDO À OBTENÇÃO DE PLANTAS DE FEIJÃO DE PORTE ERETO E GRÃOS TIPO CARIOCA.....	59
RESUMO.....	60
ABSTRACT.....	62
1 INTRODUÇÃO.....	64
2 MATERIAL E MÉTODOS.....	66
2.1 Obtenção das famílias $S_{0:1}$ do primeiro ciclo de seleção.....	66
2.2 Avaliação das famílias segregantes do primeiro ciclo de seleção.....	66
2.3 Análise genético-estatística das famílias segregantes do primeiro ciclo de seleção.....	68
2.4 Obtenção da população base do segundo ciclo de seleção.....	73
2.5 Avaliação das famílias segregantes do segundo ciclo de seleção.....	74
2.6 Análise genético-estatística das famílias segregantes do segundo ciclo de seleção.....	75
2.7 Ganho com a seleção recorrente	75
3 RESULTADOS E DISCUSSÃO.....	78
3.1 Avaliação das famílias segregantes do primeiro ciclo de seleção recorrente (C_0).....	78
3.2 Avaliação das famílias segregantes do segundo ciclo de seleção recorrente (C_1).....	86
3.3 Estimativa do ganho com a seleção.....	88
4 CONCLUSÕES.....	96
REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS.....	97
ANEXOS.....	101

RESUMO

CUNHA, Welcimar Gonçalves da. **Seleção recorrente em feijão do tipo carioca para porte ereto**. 2005. 130 p. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Universidade Federal de Lavras, Lavras, MG.*

Com o objetivo de conduzir um programa de seleção recorrente visando à obtenção de linhagens com elevada produtividade de grãos, porte ereto e grãos tipo carioca, foram realizados trabalhos com ênfase na obtenção da população base, avaliação das famílias segregantes e estimativas do progresso genético. Para isso, inicialmente, procedeu-se ao cruzamento dialélico de dez linhagens de feijão de porte ereto. As populações resultantes deste cruzamento foram avaliadas quanto à capacidade de combinação e de gerarem linhagens superiores a um determinado padrão na geração F_{∞} . Das 42 populações avaliadas, foram escolhidas, para a formação da população base (S_0) do primeiro ciclo (C_0), as 11 populações que se apresentaram mais promissoras segundo as metodologias utilizadas. A condução do primeiro ciclo de seleção recorrente envolveu 190 famílias $S_{0:1}$, que foram avaliadas quanto à produtividade de grãos e porte da planta. As sementes provenientes das 134 famílias selecionadas na etapa anterior foram semeadas para a avaliação das famílias $S_{0:2}$. Foram escolhidas, para a continuidade do C_0 , as 60 famílias $S_{0:2}$ que apresentaram o melhor desempenho quanto à produtividade e porte das plantas e, dentre estas, 10 famílias foram selecionadas para o processo de recombinação e formação da população base do segundo ciclo de seleção (C_1). As 60 famílias selecionadas para a continuação do C_0 foram novamente avaliadas na geração $S_{0:3}$. Nesta geração e nas demais gerações do C_0 , além da produtividade e do porte, foi considerado, no processo de avaliação, o tipo de grão. Dessa forma, as famílias com desempenho superior quanto aos três caracteres avaliados em cada geração foram conduzidas pelo método do *bulk* dentro de famílias até a geração $S_{0:5}$. Nesta geração, um total de 14 famílias foi avaliado em conjunto com duas testemunhas. O dialelo envolvendo as 10 famílias $S_{0:2}$ selecionadas no C_0 para o processo de recombinação e formação da população base do C_1 originou um total de 41 populações S_0 . As 390 famílias $S_{0:1}$ e as 186 famílias $S_{0:2}$ do C_1 foram avaliadas quanto à produtividade, porte e tipo de grão. De modo análogo ao C_0 , as 10 melhores famílias $S_{0:2}$ do C_1 foram recombinadas para formar a população base do terceiro ciclo (C_2). O progresso genético por ciclo para cada um dos caracteres avaliados foi obtido comparando-se o desempenho médio das 10

* Comitê de orientação: Magno Antonio Patto Ramalho- UFLA (Orientador); Ângela de Fátima Barbosa Abreu- Embrapa Arroz e Feijão/UFLA.

famílias $S_{0,2}$ do C_0 e C_1 que participaram do processo de recombinação com a média das testemunhas. Foi estimado também o ganho genético para os três caracteres em conjunto, comparando-se o desempenho médio, nas diferentes gerações, das 5 melhores famílias $S_{0,5}$ com as testemunhas avaliadas na mesma geração. Verificou-se que as metodologias aplicadas à escolha da população base do C_0 contribuíram para a decisão acertada das populações mais promissoras para a condução do programa de seleção recorrente, possibilitando a obtenção de ganhos mais expressivos com a seleção. O progresso genético obtido com a seleção recorrente foi expressivo para a produtividade e tipo de grão, quando considerou-se o desempenho médio das 10 famílias $S_{0,2}$ que participaram do processo de recombinação. Para o porte da planta, o progresso genético obtido foi negativo, porém, as notas atribuídas as famílias permitem classificá-las como plantas de porte ereto. Quando considerados os três caracteres em conjunto, o ganho com a seleção recorrente foi de 3,1%, o que comprova a eficiência da seleção recorrente. Por fim, as estimativas dos parâmetros genéticos e fenotípicos obtidas nas diferentes gerações associadas ao desempenho médio das famílias possibilitam antever o sucesso da seleção recorrente em futuros ciclos.

ABSTRACT

CUNHA, Welcimar Gonçalves da. **Recurrent selection in carioca-type beans for upright plants**. 2005. 130 p. Dissertation – (Master's degree in Genetics and Plant Breeding) – Federal University of Lavras, Lavras, Minas Gerais, Brazil.*

The objectives of this work were to obtain common bean lines with high grain yield, upright plant habit and a carioca-type grain. Thus, a recurrent selection program was carried out with emphasis in obtaining a base population, to evaluate the segregating families and to estimate the genetic progress. First, the upright lines were intercrossed according to a diallel scheme. Then, the resulting populations were evaluated in relation to the parent's combining ability and of generating superior lines that follow a specified pattern in the F_{∞} generation. Eleven out of initial forty two populations were chosen, by use of specific methodologies, for the base population (S_0) of the first cycle (C_0). One hundred and ninety $S_{0.1}$ families from the C_0 were evaluated for grain yield and plant architecture. From these 190 families, 134 were selected to constitute the $S_{0.2}$ families, which were then evaluated. Later, 60 $S_{0.2}$ families were chosen to continue the C_0 , from which the 10 most promising ones were taken for the recombination process that originated the base population for the second selection cycle (C_1). The 60 $S_{0.2}$ families were reevaluated in the $S_{0.3}$ generation. In the latter generation as well as in the following C_0 generations, not only grain yield and plant architecture but also the grain type were evaluated. Therefore, the families with superior performance for all three traits, as carried out by the bulk within family method, up until the $S_{0.5}$ generation. From this last generation 14 families and 2 checks were tested. The diallel involving the 10 $S_{0.2}$ families selected in C_0 for the recombination process and the formation of the C_1 generated 41 S_0 populations. Three hundred and ninety $S_{0.1}$ families as well as the 186 $S_{0.2}$ families were evaluated for grain yield, plant architecture and grain type. Following the same procedure for C_0 , the best 10 $S_{0.2}$ families of C_1 were recombined to generate the base population of the third cycle (C_2). The genetic progress achieved per cycle for each trait was determined by comparing the mean performance of the 10 $S_{0.2}$ families selected in C_0 and C_1 that took part in the recombination process with that of the check. Furthermore, the genetic gain was estimated considering the traits altogether, where the average performances for the best five $S_{0.5}$ families of different generations were compared with those of the checks evaluated within the same given generation. It was found that the

* Guidance Committee: Magno Antonio Patto Ramalho- UFLA (Advisor); Ângela de Fátima Barbosa Abreu- Embrapa Arroz e Feijão/UFLA.

methods applied when picking the C_0 base population greatly contributed for choosing the most promising populations for carrying out the recurrent selection program, thus achieving more significant results through selection. The genetic progress obtained by the recurrent selection for grain yield and grain type was significant considering the average performance of the 10 $S_{0,2}$ families involved in the process of recombination. For the plant architecture, the genetic progress was negative, nevertheless, the scores attributed to the families allow them to be classified as upright plants. When considering the three traits simultaneously, the gain due to recurrent selection was 3.1%, which proves the efficiency of the selection process. Finally, the genetic and phenotypic parameter estimates for the different generations associated to the family mean performances makes it possible to forecast the continuous success in future cycles of recurrent selection.

CAPÍTULO 1

1 INTRODUÇÃO GERAL

O melhoramento genético do feijoeiro, aliado à incorporação de tecnologias e ao investimento no setor produtivo, contribuiu para que a produtividade de grãos aumentasse em torno de 45% nos últimos 15 anos (CONAB, 2005). Contudo, a pressão para se obter linhagens mais produtivas, associada às necessidades de melhoria no manejo e às exigências por parte do consumidor em relação ao tipo de grão, é crescente.

Em varias regiões do país existe uma preferência por parte dos agricultores e consumidores pelos grãos tipo carioca, ou seja, grãos de tamanho médio e de cor creme com estrias marrons. Dessa forma, a procura por novas linhagens com grãos tipo carioca dentro do padrão comercial e que possam substituir com vantagens as cultivares já recomendadas, tem sido o objetivo principal da maioria dos programas de melhoramento no Brasil. A maior dificuldade encontrada por parte dos melhoristas no desenvolvimento de linhagens com grãos de alta qualidade comercial é o número de genes envolvidos na expressão do tipo de grão. Somente para a cor existem, pelo menos, 12 genes controlando a expressão do caráter (Bassett et al., 2000; Beninger et al., 2000).

Aliada ao tipo de grão está a necessidade de se obter plantas mais eretas que, além de facilitar o manejo e diminuir as perdas da colheita, contribuem para a menor incidência de alguns patógenos. Os estudos do controle genético do porte da planta têm demonstrado que há vários caracteres morfológicos envolvidos na expressão fenotípica da arquitetura do feijoeiro, tais como, hábito de crescimento, comprimento da haste principal, número e comprimento dos entrenós, altura da planta, número e ângulo de ramificações, distribuição das vagens, diâmetro do hipocótilo e *stay green* (Teixeira et al., 1999). A

complexibilidade e o número de genes envolvidos no controle genético de cada um destes caracteres, aliados à influência do ambiente, dificultam ainda mais o trabalho do melhorista no desenvolvimento de cultivares cariocas com elevada capacidade produtiva, porte ereto e com grãos de boa qualidade comercial.

Segundo alguns autores, um fator que tem dificultado o desenvolvimento de plantas eretas com grãos de padrão carioca é a associação entre o hábito de crescimento e o tamanho dos grãos (Laing et al., 1984; White et al., 1992). Eles observaram que plantas com o porte mais ereto, em sua grande maioria, possuem grãos pequenos. Entretanto, verificou-se que, apesar da forte associação entre a arquitetura da planta e o peso da semente, os genes que controlam estes caracteres não estão ligados, possibilitando, assim, o desenvolvimento de plantas de porte ereto que produzam grãos de maior tamanho (Brothers & Kelly, 1993; Collicchio et al., 1997).

Depreende-se que o sucesso no desenvolvimento de plantas eretas com grãos tipo carioca comercialmente aceitos e alta capacidade produtiva só será atingido com ciclos sucessivos de seleção, ou seja, seleção recorrente. Proposta inicialmente para plantas alógamas, a seleção recorrente vem ganhando espaço nos programas de melhoramento de plantas autógamas. Na literatura, encontram-se vários relatos mostrando a sua eficiência na cultura do feijoeiro para diversas características quantitativas, inclusive visando à obtenção de plantas de porte ereto com grãos de maior tamanho (Kelly & Adans, 1987).

Dessa forma, o objetivo do presente trabalho foi conduzir um programa de seleção recorrente visando à obtenção de plantas com elevada capacidade produtiva, porte ereto e grãos tipo carioca, dando ênfase à obtenção da população base, avaliação das famílias segregantes e estimativas do progresso genético.

2 REFERENCIAL TEÓRICO

2.1 Métodos utilizados na escolha de populações segregantes

Para uma característica quantitativa, como é o caso da produtividade, a população de interesse, além de apresentar um valor fenotípico médio elevado, deve possuir alta variabilidade, associada ao caráter de interesse, a fim de que se possa realizar a seleção de linhagens com desempenho superior aos pais e, conseqüentemente, atingir o sucesso com a seleção. Dessa forma, a escolha dos genitores e ou das populações segregantes mais promissoras é um passo fundamental para a eficiência e sucesso de qualquer programa de melhoramento.

Associados à experiência e à vivência do melhorista com a cultura, existe uma série de procedimentos que podem ser aplicados para auxiliá-lo na escolha acertada dos genitores e ou populações com as quais irá trabalhar. Tais procedimentos podem ser classificados em duas categorias: métodos que utilizam o desempenho *per se* dos genitores e métodos que utilizam o comportamento das progênies (Baenziger & Peterson, 1991).

Neste trabalho, será dada ênfase aos métodos que utilizam o desempenho das populações segregantes. Dentre estes, destaca-se o uso das estimativas de $m + a$ e d , o método de Jinks & Pooni (1976) e os cruzamentos dialélicos. A estimativa de $m + a$ mede o desempenho esperado das linhagens na geração F_{∞} e a estimativa de d a contribuição dos heterozigotos para a média da população, sendo esta estimativa uma indicação da freqüência dos locos em heterozigose (Abreu et al., 2002).

A metodologia de Jinks & Pooni (1976) apresenta a vantagem de permitir predizer, ainda em gerações precoces, o potencial de uma população gerar linhagens que superem um determinado padrão, utilizando estimativas de média e variância. Desse modo, possibilita o descarte de populações inferiores

ou de menor potencial ainda nas gerações iniciais do programa de melhoramento.

O princípio desta metodologia baseia-se no fato de que, na ausência de seleção, a distribuição fenotípica das linhagens na geração F_{∞} , resultante do cruzamento de dois genitores homozigóticos, segue a distribuição normal quando se consideram características quantitativas controladas por seis ou mais genes. Assim, utilizando as propriedades da distribuição normal, é possível estimar a probabilidade de se obter linhagens com valor médio que supere um determinado padrão estimando-se a variável z , que corresponde à área à direita de um determinado valor de x na abscissa da distribuição normal, pela seguinte expressão:

$$z = (x - m) / s$$

em que:

x : média da linhagem padrão (\bar{L});

m : média das linhagens na geração F_{∞} ;

s : desvio padrão fenotípico entre as linhagens.

Considerando a ausência de dominância, a média da geração F_m é igual à média das linhagens na geração F_{∞} e a variância fenotípica entre as linhagens na geração F_{∞} ($\sigma_{L_{F_{\infty}}}^2$) é:

$$\sigma_{L_{F_{\infty}}}^2 = 2\sigma_A^2 + \sigma_E^2$$

em que:

σ_A^2 : variância genética aditiva

σ_E^2 : variância ambiental entre as linhagens

Na ausência de dominância, a variância aditiva pode ser estimada em qualquer geração, pela seguinte expressão:

$$\sigma_A^2 = \frac{\sigma_{F_m}^2 - \sigma_E^2}{1 + I_m}$$

em que:

$\sigma_{F_m}^2$: variância fenotípica na geração F_m ;

I_m : coeficiente de endogamia da geração $F_m = 1 - \left(\frac{1}{2}\right)^{m-2}$.

Dessa forma, avaliando-se, por exemplo, a geração F_2 , pode-se prever a probabilidade de se obter linhagens que superem um determinado padrão, pela expressão:

$$z = \frac{\bar{L} - \bar{F}_m}{\sqrt{\sigma_{L_{F_m}}^2}} = \frac{\bar{L} - \bar{F}_2}{\sqrt{2\sigma_A^2 + \sigma_E^2}} = \frac{\bar{L} - \bar{F}_2}{\sqrt{2\sigma_{F_2}^2 - \sigma_E^2}}$$

Apesar da restrição de se considerar a ausência de dominância e da necessidade de se obter informações de plantas individuais, a metodologia de Jinks & Pooni (1976) tem sido aplicada com sucesso na cultura do feijão (Otubo et al., 1996; Abreu et al., 2002; Carneiro et al., 2002; Oliveira, 2003).

Contudo, a metodologia mais amplamente utilizada para a escolha de genitores e ou populações segregantes é a dos cruzamentos dialélicos. Em princípio, eles correspondem ao conjunto de todos os híbridos possíveis dos n genitores dois a dois. Por se tratar de uma metodologia trabalhosa, não só pela obtenção das sementes híbridas, mas, sobretudo, da avaliação das $n(n-1)/2$ combinações híbridas, sem os recíprocos, outras alternativas têm sido propostas e utilizadas. Uma delas são os dialelos parciais: nesse caso, os n genitores potenciais são divididos em dois grupos com p e q genitores, os quais são

cruzados entre si. Outra opção são os dialelos circulantes em que apenas parte das combinações é obtida (Mendonça, 2001; Oliveira, 2003).

Independente do tipo de dialelo existe várias metodologias propostas para a sua análise. Entre elas, destaca-se a proposta por Griffing (1956), Gardner & Eberhart (1966) e Haymam (1954). Detalhes sobre estas e outras metodologias são encontrados na literatura (Vencovsky & Barriga, 1992; Ramalho et al., 1993; Cruz & Regazzi, 2001).

Dentre tais metodologias, a de Griffing (1956), pela qual são estimadas as capacidades gerais e específicas de combinação dos parentais, é a mais amplamente utilizada. No emprego dessa metodologia utiliza-se a média dos híbridos e, quando presentes, a dos genitores. Para tanto, há quatro alternativas possíveis de análise. O método II, em que são avaliadas as $n(n+1)/2$ combinações correspondentes aos parentais e seus cruzamentos, excluindo-se os recíprocos e o método IV, que envolve apenas os $n(n-1)/2$ híbridos sem os recíprocos são os mais utilizados.

O método II tem sido frequentemente aplicado à cultura do feijoeiro (Rodrigues et al., 1999, Mendonça, 2001). Neste método, o modelo estatístico utilizado é:

$$Y_{ij} = \mu + g_i + g_j + s_{ij} + \bar{e}_{ij}$$

em que:

Y_{ij} : valor médio da combinação híbrida ($i \neq j$) ou do genitor ($i = j$);

μ : 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 ;
- \bar{e}_{ij} : erro experimental médio associado à estimativa dos cruzamentos.

Como visto, estes métodos auxiliam o melhorista no processo de seleção e avaliação, reduzindo o trabalho que este teria em avaliar famílias provenientes de populações pouco promissoras e, por outro lado, permite que um maior número de famílias provenientes de populações mais promissoras seja avaliado. Este fato permite o aumento da probabilidade de se encontrar uma linhagem superior ao final do programa de melhoramento.

2.2 Interação genótipos x ambientes

A expressão fenotípica de um determinado caráter, quando avaliado em um ambiente qualquer, é resultado da ação do efeito do genótipo e do ambiente ao qual está submetido. Contudo, se este caráter for avaliado em mais de um ambiente, a manifestação fenotípica será influenciada por um novo componente resultante da interação entre os efeitos genotípicos e ambientais. Esta interação é decorrente da variação do desempenho dos genótipos nos vários ambientes, isto é, reflete a sensibilidade dos genótipos às mudanças do ambiente.

Assim, sempre que dois ou mais genótipos forem avaliados em mais de um ambiente, as estimativas dos componentes da interação devem ser obtidas para que se possa optar pela melhor estratégia de seleção e recomendação de cultivares e ainda fornecer subsídios que possibilitem adotar procedimentos para sua minimização e ou seu aproveitamento em prol do agricultor.

A existência da interação genótipos x ambientes exige que as cultivares e ou linhagens sejam amplamente avaliadas. Com os dados das avaliações, para

que se possa optar pela melhor estratégia de seleção e recomendação de cultivares, não basta apenas inferir sobre a ocorrência da interação. Faz-se necessário propor alternativas para utilizá-la em benefício do agricultor ou para atenuar o seu efeito. Para isso, uma série de metodologias foi descrita, a fim de que se possa realizar o zoneamento ecológico ou a identificação de cultivares mais estáveis (Cruz & Carneiro, 2003).

Contudo, no contexto da condução de um programa de seleção de progênies, o principal é verificar se a interação é simples ou complexa. Na primeira, a ocorrência da interação não altera a classificação das progênies nos diferentes ambientes. Na segunda, pelo contrário, a classificação é alterada e, assim, a decisão da escolha das melhores progênies fica prejudicada.

A decomposição do componente da interação (σ_{GE}^2) em partes simples e complexa pode ser obtida pela seguinte expressão (Robertson, 1959):

$$\sigma_{GE}^2 = \underbrace{\frac{1}{2}(\sigma_{G1} - \sigma_{G2})^2}_{\text{Parte simples}} - \underbrace{(1 - r_{12})\sigma_{G1}\sigma_{G2}}_{\text{Parte complexa}}$$

em que:

σ_{G1} e σ_{G2} : desvio padrão dos genótipos para o caráter considerado, nos ambientes 1 e 2, respectivamente;

r_{12} : coeficiente de correlação genética entre os desempenhos dos materiais genéticos nos dois ambientes.

A primeira parte do componente da interação, parte simples, corresponde à diferença entre as variâncias genéticas estimadas em cada ambiente. A segunda, parte complexa, corresponde à falta de correlação genética entre o desempenho médio das cultivares nos ambientes 1 e 2.

Baseando-se em estudos de simulação, Cruz & Castoldi (1991) sugeriram uma nova decomposição do quadrado médio da interação, que visa

identificar a predominância da interação da parte simples da interação, quando $r_{12} > 0,78$ e a predominância da parte complexa, quando $r_{12} < 0,12$:

$$\sigma_{GE}^2 = \underbrace{\frac{1}{2}(\sigma_{G1} - \sigma_{G2})^2 + k\sigma_{G1}\sigma_{G2}}_{\text{Parte simples}} + \underbrace{\sqrt{(1-r_{12})^3\sigma_{G1}^2\sigma_{G2}^2}}_{\text{Parte complexa}}$$

em que:

$$k = 1 - r - \sqrt{(1-r)^3}$$

Os autores verificaram, pelo uso desta expressão, que a importância relativa das partes simples e complexa é função exclusiva dos coeficientes de correlação quando esses se situam nos limites de 0 a 0,12 e de 0,78 a 1. Somente em níveis intermediários a diferença de variabilidade genotípica constitui fator decisivo na determinação da maior importância da parte simples em relação à complexa, ou vice-versa.

No caso do feijoeiro, cultivado praticamente em todos os estados brasileiros, nas mais variadas condições edafoclimáticas e em diferentes épocas e sistemas de cultivo, a ocorrência da interação genótipos x ambientes tem sido expressiva e em grande parte complexa. Este fato pode ser constatado em vários experimentos conduzidos com esta leguminosa. (Raposo, 1999; Pirola, 2000; Santos, 2001).

2.3 Controle genético dos caracteres associados à arquitetura da planta

O melhoramento genético do feijoeiro, associado à incorporação de tecnologias de ponta e ao investimento na profissionalização do setor produtivo, conduziu a cultura do feijoeiro a um novo *status* no mercado mundial. A atividade, antes de subsistência e realizada apenas em micro e pequenas propriedades, passou a ser também uma atividade lucrativa, atingindo expressivas áreas de produção. Este novo cenário agrícola exige que novas

tecnologias surjam em um espaço de tempo cada vez mais reduzido e que estas tornem a atividade ainda mais rentável.

Visando atender às novas exigências do setor produtivo, os programas de melhoramento do feijoeiro têm buscado, nos últimos anos, o desenvolvimento de novas cultivares que associem a capacidade produtiva com o porte ereto da planta. O porte ereto da planta propicia ao agricultor uma maior facilidade de manejo da cultura e aumento do lucro por meio da atenuação dos danos causados por patógenos do solo, principalmente o mofo branco, causado pelo fungo *Sclerotinia sclerotiorum*, uma vez que plantas prostradas criam um ambiente favorável ao desenvolvimento da doença e pela redução nas perdas da colheita devido ao menor contato das vagens com o solo e possibilidade de colheita mecânica.

A arquitetura do feijoeiro depende da expressão de alguns caracteres morfológicos, como o hábito de crescimento, comprimento da haste principal, número e comprimento dos entrenós, altura da planta, número e ângulo de ramificações, distribuição das vagens, diâmetro do hipocótilo e *stay green*. Estes atributos em conjunto contribuem para que a planta venha a ter um porte mais ereto ou mais prostrado.

O entendimento do controle genético destes caracteres é premissa básica para o desenvolvimento de um programa que almeje a obtenção de uma cultivar de porte ereto. Dessa forma, diversos autores desenvolveram pesquisas a fim de esclarecer a base genética dos caracteres envolvidos na determinação da arquitetura da planta de feijoeiro. Os resultados, são muitas vezes, discordantes, no entanto, tem-se observado a predominância da ação gênica aditiva em relação à de dominância para a maioria dos caracteres (Nienhuis & Singh, 1986; Santos & Vencovsky, 1986; Kornegay et al., 1992; Teixeira et al., 1999).

Quanto ao hábito de crescimento, o feijoeiro apresenta dois tipos básicos: determinado e indeterminado. Nas plantas de hábito de crescimento

determinado, o florescimento ocorre de cima para baixo e o crescimento cessa após o aparecimento das primeiras flores. Nas plantas de hábito indeterminado, o florescimento inicia-se na parte inferior da planta e essa continua a crescer após o florescimento.

O controle genético do hábito de crescimento é realizado por um único gene, denominado *fin*, com dominância do alelo que condiciona o hábito indeterminado (Norton, 1915; Leakey, 1988; Singh, 1991; Kornegay et al., 1992; Guner & Myers, 2001). Entretanto, avaliando a geração F₁ resultante do cruzamento de linhagens de hábito de crescimento determinado e indeterminado, Singh (1996) obteve resultados contraditórios, isto é, o alelo dominante seria o responsável pelo hábito de crescimento determinado.

A formação da guia, característica acentuada em plantas que possuem o hábito de crescimento indeterminado, estaria sob o controle de um gene denominado *tor*, com dominância do alelo que condiciona essa formação (Leakey, 1988). Guner & Myers (2001), com o objetivo de estudar o controle genético de um mutante de hábito de crescimento indeterminado que possui ramos laterais quase que ausentes, resultando em plantas de porte ereto com haste simples, identificaram um único gene, denominado *top* (*Topiary*), em que o alelo recessivo é responsável pela expressão do caráter.

Estudando o controle genético do comprimento da haste principal e do número e comprimento de entrenós da haste principal, Nienhuis & Singh (1986) e Santos & Vencovsky (1986) mostraram que há predominância do efeito aditivo. Singh (1991) verificou que o comprimento da haste deve ser controlado por um gene com a ação de genes modificadores. Os estudos de Norton (1915) mostraram que haveria um gene determinando o tamanho do entrenó. Este gene foi denominado *l*, do inglês, *length*. Contudo, o autor apontou a necessidade de maiores estudos para o completo entendimento do caráter.

Trabalhando com genótipos que possuíam entrenós relativamente curtos, Lamprecht (1947) reconheceu dois genes, cujos alelos recessivos estariam envolvidos na determinação do fenótipo anão. Os genes foram nomeados de *cry* e *la*, nomes dados aos genes que controlam o nanismo em ervilha (*Pisum sativum*). Mais tarde, Lamprecht (1961b) descreveu um novo gene, designado *ico* (*internoda contracta*), em que o alelo recessivo atuaria promovendo a redução do tamanho do entrenó. Segundo Leakey (1988) a possibilidade do gene *ico* ser sinônimo dos genes *cry* e *la* revela a necessidade de novos estudos para confirmar os trabalhos de Lamprecht.

A fim de obter maiores informações a respeito do controle genético dos caracteres associados à arquitetura da planta, Teixeira et al. (1999) avaliaram diferentes gerações de populações segregantes resultantes do cruzamento de indivíduos de hábito de crescimento II e III. Dados de plantas individuais de cada geração foram coletados para a avaliação do grau de ramificação, comprimento do 4º ao 7º entrenó, diâmetro do 5º entrenó e altura de inserção da primeira vagem. Uma escala de notas também foi atribuída ao porte das plantas coletadas. Foi constatado que, entre os caracteres morfológicos associados ao porte, o comprimento dos entrenós foi o que explicou a maior parte da variação na arquitetura, com predominância do efeito aditivo no controle do caráter.

Quanto ao número de ramificações, este é influenciado por efeitos gênicos aditivos e não aditivos, sendo predominante o efeito gênico aditivo (Davis & Frazier, 1966; Nienhuis & Singh, 1986).

Aguiar et al. (2000) avaliaram plantas individuais e famílias resultantes do cruzamento de duas cultivares contrastantes quanto ao caráter *stay green*, ou seja, senescência tardia do caule e das folhas em relação às vagens. Constatou-se que houve predominância dos efeitos dominantes e que o controle do caráter deve ser oligogênico. Foi verificado também que o ambiente exerce influência na expressão do caráter. Contudo, a seleção divergente da maior e menor

expressão do caráter *stay green*, realizada nas gerações precoces, mostrou ganhos expressivos em gerações avançadas. Outro ponto importante é que as estimativas das correlações genéticas e fenotípicas entre o caráter *stay green* e a produtividade de grãos foram de pequena magnitude, permitindo inferir que os dois caracteres devem ser independentes.

Outras duas importantes características de interesse e que comumente são relacionadas com a arquitetura da planta são produção e tamanho da semente. Em geral, cultivares de crescimento determinado são menos produtivas que as cultivares de hábito indeterminado (Coyne, 1980; White et al., 1992).

Quanto ao tamanho da semente, tem sido constatado que as cultivares de porte ereto normalmente possuem grãos pequenos (Kelly & Adams, 1987). Esse fato restringe a possibilidade de se associar plantas de porte mais ereto com grãos dentro do padrão comercial. Contudo, Kornegay et al. (1992) e Brothers & Kelly (1993) não encontram associação entre o porte e o peso da semente, sugerindo a ausência de ligação entre essas características.

Fato semelhante foi constatado por Collichio et al. (1997). Os autores inferiram que os genes envolvidos no controle genético do porte da planta não são ligados e ou pleiotrópicos aos envolvidos no controle genético do tamanho dos grãos. Dessa forma, não haveria restrição em se obter plantas eretas com qualquer tamanho de grãos.

2.4 Controle genético dos caracteres associados à qualidade comercial dos grãos

Uma das principais características envolvidas em qualquer programa de melhoramento do feijoeiro é a qualidade dos grãos. Esta, por sua vez, pode ser julgada segundo a qualidade comercial, culinária e nutritiva.

Por qualidade comercial entende-se o tipo de grão, ou seja, cor, brilho forma e tamanho e é definida de acordo com as exigências do consumidor.

Dessa forma, a fim de atender às preferências do setor de consumo, o melhorista deve buscar associar às demais características de interesse a qualidade comercial das sementes.

2.4.1 Controle genético da cor do tegumento da semente

O controle genético da cor do tegumento do feijão tem sido objeto de estudo de inúmeros pesquisadores desde o início do século passado. Apesar dos avanços obtidos, muitos aspectos relacionados à herança deste caráter ainda permanecem obscuros, devido à sua complexibilidade. Além de estarem envolvidos muitos genes, a presença de interações epistáticas, de efeitos pleiotrópicos, alelismo múltiplo e de ligação gênica tem dificultado o entendimento do controle genético da cor do tegumento do feijão.

Outro ponto a ser ressaltado e que dificultava o entendimento do controle genético do caráter era a falta da padronização da nomenclatura dos genes e alelos e dos padrões de cores utilizados por cada autor. Dessa forma, o pesquisador norte-americano Mark J. Bassett vem desenvolvendo inúmeros trabalhos visando à uniformização da simbologia gênica e dos padrões de cores expressos, bem como decifrar o controle genético da cor do tegumento do feijão.

A cor do tegumento do feijão é controlada primariamente pela interação complexa de oito genes (*p*, *c*, *d*, *j*, *g*, *b*, *v* e *rk*) que teriam a função de regular os passos da biossíntese de flavonóides e antocianinas (Prakken, 1970 e 1972). Estes genes podem ser agrupados, segundo seu modo de ação, em três classes: genes fundamentais ou básicos, complementares ou de coloração e modificadores.

O gene fundamental ou básico (*p*) é responsável pela formação de substâncias indispensáveis à produção de pigmentos de cores nas sementes. No entanto, somente a presença deste gene não é suficiente para a produção de cor, sendo necessária a presença dos genes complementares. O loco *p* possui três

alelos e a ordem de dominância é $P > p^{\text{gri}} > p$, sendo o alelo p^{gri} parcialmente dominante ao alelo p e completamente recessivo ao alelo P . Assim, na presença dos genes complementares, o genótipo $P_$ produz tegumento colorido, sendo a cor dependente dos genes complementares e os genótipos $p^{\text{gri}}p^{\text{gri}}$ e $p^{\text{gri}}p$ determinam coloração branco-acinzentado, sendo que o último apresenta uma coloração mais clara. As plantas com o genótipo pp produzem flores e tegumentos brancos e não desenvolvem as cores vermelhas, rosa ou malva em nenhum de seus tecidos vegetativos (Bassett, 1994).

Os alelos dominantes dos genes complementares ou de coloração c e j são necessários para a expressão dos genes modificadores g , b , v e rk . A interação destes genes produz uma ampla variação de cores no tegumento da semente (Beninger et al., 2000). Um outro gene de coloração, responsável pela produção de pigmentos vermelhos, é o gene r . Este gene está intimamente ligado ao loco c e, por isso, a nomenclatura utilizada atualmente é $[C r]$ (Bassett, 1991).

Uma quarta classe de genes envolvidos no controle genético da cor do tegumento da semente de feijão inclui os genes responsáveis pelos padrões de coloração parcial. Nesta classe há, pelo menos, quatro genes independentes (t , z , bip e j) envolvidos na expressão dos diferentes padrões de coloração parcial do tegumento. O loco t possui três alelos, sendo que o alelo dominante T determina a total coloração do tegumento e o alelo recessivo t apresenta um efeito pleiotrópico determinando a coloração parcial do tegumento e a coloração branca das flores. O terceiro alelo, t^{cf} , permite a expressão da coloração parcial do tegumento, contudo, sem mudar a coloração da flor para branca. Assim, os demais genes de coloração parcial, na presença dos genótipos tt e $t^{\text{cf}}t^{\text{cf}}$, determinam os diferentes padrões de coloração parcial do tegumento da semente (Basset et al., 1999b; Bassett et al., 2000).

A hipótese inicial a respeito da presença ou ausência do anel colorido em volta do hilo é que este caráter seria controlado por dois genes, j e d , em que

o gene *d* somente seria expresso na presença do genótipo *jj* (Prakken, 1970; Bassett, 1996). Dessa forma, o anel ao redor do hilo seria branco quando o genótipo fosse *jjdd* e colorido quando o genótipo fosse *J_* e *jjD_*. Contudo, Bassett et al. (1999a) provaram que o gene *d* é, na verdade, sinônimo do gene *z*.

No caso do grão tipo carioca, o mais amplamente comercializado no Brasil, a cor do tegumento é bege com estrias marrons. Contudo, há uma ampla variação no que se refere à tonalidade da cor do tegumento assim como das estrias. Embora não se disponha de informações específicas a respeito do controle genético da cor do grão tipo carioca, pode-se inferir que um grande número de genes deve estar envolvido no controle deste caráter.

2.4.2 Controle genético do formato e tamanho da semente

A Figura 1 apresenta doze tipos de diferentes formas de sementes de feijão que foram descritas por Chopinet et al. (1950) e Lamprecht (1934, 1952) e agrupadas por Leakey (1988). Como se observa, uma grande variabilidade de formas pode ser encontrada, no entanto, a base genética que explica tal variabilidade ainda permanece obscura. Somente os dois últimos formatos (*fastigiata* e *truncata*) possuem uma descrição do controle genético.

O homozigoto recessivo *fastfast* determina o formato *fastigiata* (linha K da Figura 1), em que ocorre uma superfície plana inclinada em apenas uma das pontas (Lamprecht, 1934). Já o homozigoto recessivo *mivmiv* determina o caráter *truncata* (linha L da Figura 1), em que as duas extremidades da semente apresentam superfícies planas inclinadas (Lamprecht, 1952).

Alguns determinantes do formato da semente, como comprimento, largura e espessura, possuem uma herança tipicamente quantitativa (Nienhuis & Singh, 1988; Park et al., 2000). Segundo Bassett (1982), um único gene, denominado *ds* (*dwarf seed*), determina a redução do tamanho da semente e da vagem quando em homozigose recessiva (*dsds*). Posteriormente, este gene foi

mapeado e verificou-se que se tratava do mesmo gene (*te*) descrito por Lamprecht (1961a) (Awuma & Bassett, 1988).

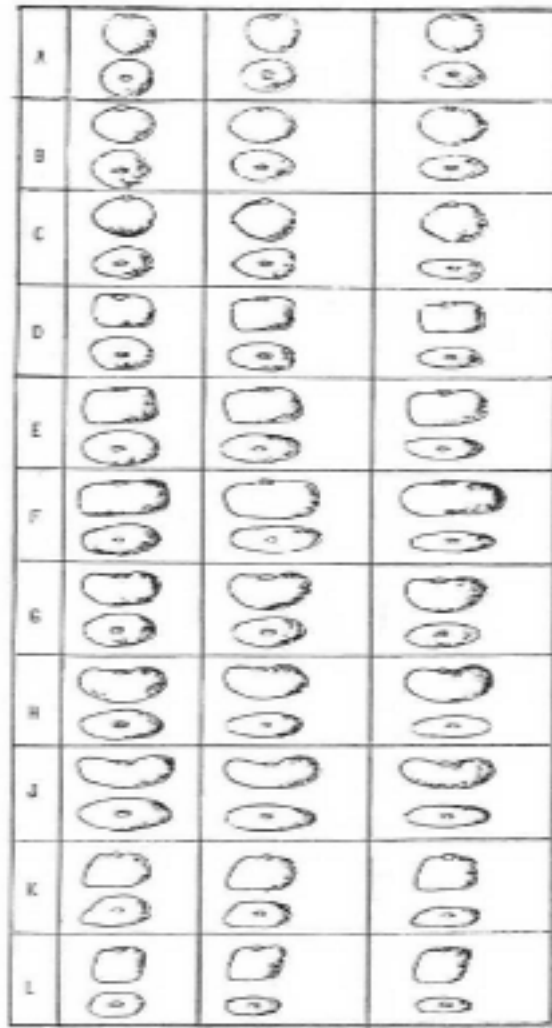


FIGURA 1 Formatos de sementes de feijão descritos por Chopinet et al. (1950) e Lamprecht (1934, 1952) e agrupados por Leakey (1988).

Com o objetivo de identificar QTLs (*quantitative trait loci*) para o peso e o comprimento da semente, Park et al. (2000) avaliaram a população

segregante resultante do cruzamento de duas linhagens contrastantes quanto ao formato, peso e comprimento da semente. Para o peso da semente foram encontrados oito QTLs que explicaram 63% da variação entre o peso de sementes. Para o comprimento da semente, foram encontrados sete QTLs, tendo as marcas associadas a quatro dos QTLs sido capazes de explicar 48% da variação entre o comprimento médio.

2.5 Seleção recorrente

Em uma população, com n locos segregando, a probabilidade de se encontrar uma planta com todos os alelos favoráveis na geração F_m é dada pela seguinte expressão:

$$P = \left[\frac{2^{m-1} - 1}{2^m} \right]^n$$

Dessa forma, considerando um caráter controlado por 10 genes, a probabilidade de se encontrar um único indivíduo na geração F_6 que contenha todos os alelos favoráveis será igual a $\frac{1}{1406}$, ou seja, seria necessária a avaliação de, pelo menos, 1406 progênies para se obter o genótipo desejado.

Como a maioria dos caracteres de importância econômica é de natureza quantitativa, ou seja, controlada por vários genes e, normalmente, o melhorista considera mais de um caráter no processo de seleção, a probabilidade de se obter uma única linhagem que acumule todos os alelos favoráveis em um único ciclo seletivo torna-se muito pequena. Dessa forma, o modo de reunir o maior número de alelos favoráveis em uma linhagem é por meio de sucessivos ciclos de seleção e recombinação das melhores famílias, ou seja, seleção recorrente (Ramalho et al., 2001). A seleção recorrente é assim definida como qualquer sistema designado para aumentar gradativamente a frequência dos alelos

desejáveis para uma característica quantitativa, por meio de repetidos ciclos de seleção e posterior recombinação (Hallauer, 1992).

A seleção recorrente tem sido utilizada em diversas espécies e para as mais variadas características agronômicas e sua eficiência tem sido comprovada em diversos trabalhos. Proposta inicialmente para plantas alógamas (Hull, 1945), devido à facilidade de se realizar os cruzamentos, a seleção recorrente vem ganhando espaço nos programas de melhoramento de diversas espécies autógamas, principalmente nas últimas três décadas (Wilcox, 1998; Wiersma et al., 2001; Rangel et al., 2002; Holland et al., 2002).

A seleção recorrente envolve, basicamente, três etapas: obtenção da população base, avaliação e recombinação das progênes selecionadas para formar a próxima geração (Figura 2). Trata-se de um processo dinâmico e contínuo, que visa alterar a média populacional de um ou mais caracteres, na direção do seu aprimoramento ou de sua maior adequação aos interesses da exploração agrícola sem, contudo, exaurir a variabilidade genética da população, como evidenciado na Figura 3 (Hallauer, 1992).

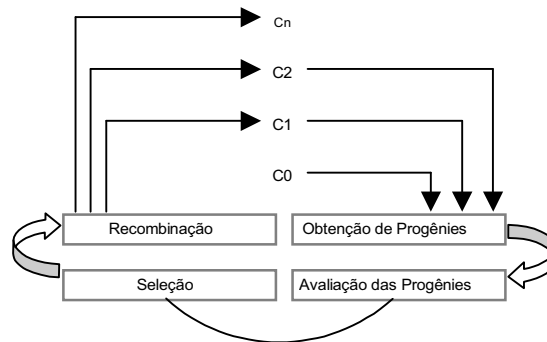


FIGURA 2. Representação esquemática da seleção recorrente.

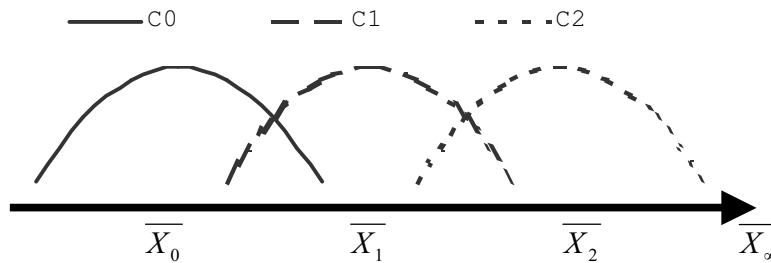


FIGURA 3. Progresso genético e a manutenção da variabilidade genética após três ciclos de seleção recorrente (C_0 , C_1 e C_2). \bar{X}_0 , \bar{X}_1 e \bar{X}_2 correspondem às médias de cada ciclo (Hallauer, 1992).

Segundo Geraldi (1997), as principais vantagens atribuídas ao emprego da seleção recorrente no melhoramento genético de plantas autógamas são:

- a) obtenção de maior variabilidade genética por meio do intercruzamento de múltiplos genitores;
- b) maior oportunidade de recombinação devido aos sucessivos cruzamentos;
- c) maior eficiência no acúmulo de alelos favoráveis devido ao processo repetitivo de seleção;
- d) maior facilidade para incorporar germoplasma exótico na população.

O método ainda permite a introdução de linhagens obtidas em outros programas de melhoramento, a fim de realizarem-se novas recombinações. Este fato torna o processo dinâmico e permite a capitalização do progresso genético obtido nos diversos programas de melhoramento (Ramalho et al., 2003).

Outros argumentos que revelam que a seleção recorrente é uma excelente estratégia a ser utilizada pelos melhoristas de plantas autógamas na obtenção de genótipos superiores, principalmente quando o caráter de interesse for controlado por vários genes podem ser encontrados em Fouilloux & Bannerot (1988), Ramalho et al. (1993) e Geraldi (1997).

2.5.1 Seleção recorrente na cultura do feijoeiro

O melhoramento genético do feijoeiro, ao longo dos anos, vem desenvolvendo novas cultivares que se adaptem a diferentes regiões e sistemas de cultivo, com elevada produtividade de grãos, resistentes e ou tolerantes a doenças, pragas e a condições adversas de meio ambiente, com boa qualidade comercial, culinária e nutritiva dos grãos, dentre outras características. Dessa forma, por meio da dedicação, persistência e percepção de problemas futuros por parte dos melhoristas, o Brasil é, atualmente, o maior produtor mundial desta leguminosa que possui um papel social de extrema importância neste país.

Apesar do enorme sucesso obtido pelos programas de melhoramento do feijoeiro nos últimos anos, a pressão para se obter linhagens mais produtivas, associada às necessidades de melhoria no manejo e às exigências por parte do consumidor em relação ao tipo de grão é constante. Este fato faz com que os melhoristas de feijão tenham que manusear em conjunto um grande número de caracteres que estão associados à arquitetura da planta e ao tipo de grão. Estes caracteres, como já mencionado, são controlados por um grande número de genes. Dessa forma, como já enfatizado, é impossível obter linhagens que atendam a essas exigências em um único ciclo seletivo. Por isso, faz-se necessária a condução de ciclos contínuos de seleção, isto é, utilizar a seleção recorrente.

Na cultura do feijoeiro, a seleção recorrente tem sido empregada visando à melhoria de diversos caracteres. Sullivan & Bliss (1983) verificaram aumento de 21,9% a 24,6% na porcentagem de proteína da semente de feijão após dois ciclos de seleção. Visando à obtenção de cultivares resistentes ao mofo branco, Lyons et al. (1987) realizaram três ciclos de seleção recorrente. Os resultados mostraram aumento na resistência, tendo o ganho genético obtido do ciclo inicial (C0) ao terceiro ciclo (C2) sido de 50% quando se utilizou o tamanho da lesão

na haste principal para se avaliar a resposta à doença e de 31% utilizando uma escala de notas.

Com o objetivo de selecionar linhagens resistentes a doenças causadas por patógenos do solo (*Pythium* spp, *Rhizoctonia solani*, *Macrophomina phaseolina* e *Fusarium* spp.), Garcia et al. (2003) realizaram dois experimentos de campo em que avaliaram a taxa de sobrevivência e a produtividade das melhores linhagens provenientes do terceiro, quarto, quinto e sexto ciclo de seleção recorrente massal iniciado em 1998, na região de Mixteca, México. Mesmo não sendo o foco principal deste programa de seleção recorrente à obtenção de genótipos resistentes a doenças do solo, observou-se um aumento progressivo na produção e na porcentagem de sobreviventes à medida que se avançaram os ciclos seletivos. As sete linhagens selecionadas no sexto ciclo de seleção apresentaram produtividade média superior a 1400 kg/ha e taxa de sobrevivência superior a 89%, enquanto que as sete linhagens parentais apresentaram produtividade média inferior a 200 kg/ha e porcentagem de sobrevivência inferior a 80%, das quais quatro tiveram taxa de sobrevivência inferior a 20%.

Barron et al. (1999) estudaram a capacidade da seleção recorrente para gerar cultivares de feijão com alta capacidade de fixação de nitrogênio (N₂). Após três ciclos de seleção, os autores observaram que famílias do terceiro ciclo (C2) foram, em média, 11% mais produtivas que as do primeiro ciclo (C0) e que a quantidade de nitrogênio fixada por planta foi 13% superior. Os autores concluíram que o aumento da produção deveu-se, principalmente, ao aumento da mobilização de nitrogênio para as sementes.

Visando à obtenção de genótipos que combinem o porte característico das cultivares de hábito de crescimento II com o tamanho, formato e cor de sementes dos genótipos comerciais de *Pinto beans* (hábito de crescimento III), três ciclos de seleção recorrente foram realizados (Kelly & Adams, 1987). O

aumento do peso de cem sementes foi gradativo mas, somente no terceiro ciclo seletivo os genótipos com as características de interesse foram obtidos.

Beaver & Kelly (1994) sugeriram o uso da seleção recorrente, na cultura do feijoeiro, com a avaliação de gerações avançadas para melhorar populações derivadas de diferentes *pool* gênicos. Singh et al. (1999), utilizando a avaliação de famílias $S_{0,1}$, compararam o ganho de produção obtido após três ciclos de seleção recorrente em dois tipos de população: interracial e entre *pool* gênicos. Para cada população, foram avaliadas, na mesma safra, as dez famílias $S_{0,1}$ (semente $S_{0,2}$) mais produtivas provenientes dos três ciclos de seleção. Verificaram que o ganho médio de produção por ciclo seletivo foi em torno de 15% em ambas as populações, quando se considerou a média das 10 famílias $S_{0,1}$ mais produtivas.

Ranalli (1996) avaliou o aumento da produção em feijoeiro após três ciclos de seleção. O ganho com a seleção foi estimado avaliando-se, na mesma safra, 45 famílias $S_{0,2}$ (sementes $S_{0,3}$) retiradas aleatoriamente de cada ciclo de seleção. O ganho estimado para a produção de grãos por planta foi de 55%, do primeiro (C0) para o segundo ciclo (C1) e de 25%, do segundo para o terceiro ciclo (C2).

Mais recentemente, Ramalho et al. (2003) estimaram o progresso genético no feijoeiro obtido após quatro ciclos de seleção. As cinco melhores linhagens obtidas de cada ciclo foram avaliadas conjuntamente para se estimar a eficiência da seleção recorrente quanto ao aumento da produtividade e melhoria da qualidade do grão. O ganho estimado por ciclo foi de 7,4% para a produção de grãos e de 10,5% para a qualidade de grãos.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

ABREU, A. F. B.; RAMALHO, M. A. P.; SANTOS, J. B. Prediction of seed yield potential of common bean populations. **Genetics and Molecular Biology**, Ribeirão Preto, v. 25, n. 3, p. 323-327, Sept. 2002.

AGUIAR, A. M.; RAMALHO, M. A. P.; JUNIOR, O. G. M. Controle genético do stay green no feijoeiro (*Phaseolus vulgaris* L.). **Revista Ceres**, Viçosa, v. 47, n. 270, p. 155-167, mar./abr. 2000.

AWUMA, K.; BASSET, M. J. Addition of genes for dwarf seed (*ds*) and spindly branch (*sb*) to the linkage map of common bean. **Journal American Society Horticultural Science**, Alexandria, v. 113, n. 3, p. 464-467, May 1988.

BAENZIGER, P. S.; PETERSON, C.; J. Genetic variation: its origin and use for breeding self-pollinates species. In: STALKER, H. T.; MURPHY, J. P. (Ed.). **Plant Breeding in the 1990's**. Raleigh: North Carolina State University, 1991. p. 69-100.

BARRON, J. E.; PASINI, R. J.; DAVIS, D. W.; STUTHMAN, D. D.; GRAHAM, P. H. Response to selection for seed yield and nitrogen (N₂) fixation in common bean (*Phaseolus vulgaris* L.). **Field Crops Research**, Amsterdam, v. 62, n. 2/3, p. 119-128, June 1999.

BASSETT, M. J. A dwarfing gene that reduces seed weight and pod length in common bean. **Journal American Society Horticultural Science**, Alexandria, v. 107, n. 6, p. 1058-1061, Nov. 1982.

BASSETT, M. J. The griseoalbus (gray-white) seedcoat color is controlled by an allele (*p^{gri}*) at the *P* locus in common bean. **Hortscience**, Alexandria, v. 29, n. 10, p. 1178-1179, Oct. 1994.

BASSETT, M. J. The margo (*mar*) seedcoat color gene is a synonym for the joker (*j*) locus in common bean. **Journal American Society Horticultural Science**, Alexandria, v. 121, n. 6, p. 1028-1031, Nov. 1996.

BASSETT, M. J. A revised linkage map of common bean. **Hortscience**, Alexandria, v. 26, n. 7, p. 834-836, July 1991.

BASSETT, M. J.; BRADY, L.; MCCLEAN, P. E. A new allele, t^{ef} , at the *T* locus for partly colored seedcoats in common bean. **Journal American Society Horticultural Science**, Alexandria, v. 124, n. 6, p. 663-665, Nov. 1999a.

BASSETT, M. J.; SHEARON, C.; MCCLEAN, P. Allelism found between two common bean genes, hilum ring color (*D*) and partly colored seedcoat pattern (*Z*), formerly assumed to be independent. **Journal American Society Horticultural Science**, Alexandria, v. 124, n. 6, p. 649-653, Nov. 1999b.

BASSETT, M. J.; MCCLEAN, P. **A brief review of the geneticis of partly colored seed coats in common bean.** 2000.

BEAVER, J. S.; KELLY, J. D. Comparison of selection methods for dry bean populations derived from crosses between gene pools. **Crop Science**, Madison, v. 34, n. 1, p. 34-37, Jan./Feb. 1994.

BENINGER, C. W.; HOSFIELD, G. L.; BASSETT, M. J.; OWENS, S. Chemical and Morphological Expression of the *B* and *Asp* seedcoat genes in *Phaseolus vulgaris*. **Journal American Society Horticultural Science**, Alexandria, v. 125, n. 1, p. 52-58, Jan. 2000.

BROTHERS, M. E.; KELLY, J. D. Interrelationship of plant architecture and yield components in the pinto bean ideotype. **Crop Science**, Madison, v. 33, n. 6, p. 1234-1238, Nov./Dec. 1993.

CARNEIRO, J. E. S.; RAMALHO, M. A. P.; ABREU, A. F. B.; GONÇALVES, F. M. A. Breeding potential of single, double and multiple crosses in common bean. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, Londrina, v. 2, n. 4, p. 515-524, Oct./Dec. 2002.

CHOPINET, R.; TREBUCHET, G.; DROUZY, J. Essai de classification te d'identification des principales variétés de haricots cultivées en France. **Revue d' Horticole**, Paris, n. spéciale, 1950.

COLLICCHIO, E.; RAMALHO, M. A. P.; ABREU, A. F. B. Associação entre o porte da planta do feijoeiro e o tamanho dos grãos. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 32, n. 3, p. 297-304, mar. 1997.

CONAB. Disponível em: 2005 <http://www.conab.gov.br>>. Acesso em: 2005.

COYNE, D. P. Modification of plant architecture and crop yield by breeding. **Hortscience**, Alexandria, v. 15, n. 3, p. 244-247, June 1980.

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

CRUZ, C. D.; CASTOLDI, F. Decomposição da interação genótipos x ambientes em partes simples e complexa. **Revista Ceres**, Viçosa, v. 38, n. 219, p. 422-430, set./out. 1991.

CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. 2. ed. rev. UFV: Viçosa, 2001. 390 p.

DAVIS, D. W.; FRAZIER, W. A. Inheritance of some growth habit components in certain types of bush lines of *Phaseolus vulgaris* L. **Proceedings of the American Society Horticultural Science**, Mount, v. 88, p. 384-392, June 1966.

FOUILLOUX, G.; BANNEROT, H. Selection methods in the common bean (*Phaseolus vulgaris* L.). In: GEPTS, P. (Ed.). **Genetics resources of Phaseolus bean**. Dordrecht: Kluwer Academic Publishers, 1988. p. 503-541.

GARCIA, R. E.; ROBINSON, R. A.; AGUILAR, J. A. P.; SANDOVAL, S. S.; GUZMAN, R. P. Recurrent selection for quantitative resistance to soil borne diseases in beans in the Mixteca region, Mexico. **Euphytica**, Wageningen, v. 130, n. 2, p. 241-247, 2003.

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.

GERALDI, I. O. Selección recurrente en el mejoramiento de plantas. In: GUIMARÃES, E. P. (Ed.). **Selección recurrente en arroz**. CIAT: Cali, 1997. p. 3-11.

GRIFFING, B. Concept of general and specific combining ability in relation to diallel crossing systems. **Australian Journal of Biological Science**, East Melbourne, v. 9, n. 3, p. 463-493, 1956.

GUNER, N.; MYERS, J. R. Characterization of topiary (*top*) an architectural mutant of common bean. **Journal of the American Society for Horticultural Science**, Alexandria, v. 126, n. 2, p. 105-109, Mar. 2001.

- HALLAUER, A. R. Recurrent selection in maize. **Advanced in Agronomy**, New York, p. 115-179, 1992.
- HAYMAN, B. I. The theory and analysis of diallel crosses. **Genetics**, Balatimore, v. 39, n. 6, p. 789-809, 1954.
- HOLLAND, J. B.; BJORNSTAD, A.; FREY, K. J.; GULLORD, M.; WESENBERG, D. M. Recurrent selection for broad adaptation affects stability of oat. **Euphytica**, Wageningen, v. 126, n. 2, p. 265-274, 2002.
- HULL, F. H. Recurrent selection and specific combining ability in corn. **Journal of the American Society for Agronomy**, Madison, v. 37, n. 2, p. 134-145, Feb. 1945.
- JINKS, J. L.; POONI, H. S. Predicting the properties of recombinant inbred lines derived by single seed descent. **Heredity**, Edinburgh, v. 36, n. 2, p. 253-266, Apr. 1976.
- KELLY, J. D.; ADAMS, M. W. Phenotypic recurrent selection in ideotype breeding of pinto beans. **Euphytica**, Wageningen, v. 36, n. 1, p. 69-80, 1987.
- KORNEGAY, J.; WHITE, J. W.; 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, 1992.
- LAING, D. R.; JONES, P. G.; DAVIS, J. H. Common bean (*Phaseolus vulgaris* L.). In: GOLDSWORTHY, P. R.; FISHER, N. M.; (Ed.). **The Physiology of tropical field crops**. John Wiley and Sons, New York, 1984. p. 305-351.
- LAMPRECHT, H. Zur Genetik von *Phaseolus vulgaris*. VII. Zwei weitere gene für die sameneigenschaft, *Cor* und *Fast*. **Hereditas**, Hereditas, v. 19, p. 163-176, 1934.
- LAMPRECHT, H. The inheritance of the slender-type of *Phaseolus vulgaris* and some other results. **Agri Hortique Genetica**, Landskrona, v. 5, n. 2, p. 72-84, 1947.
- LAMPRECHT, H. Ein gen für truncata-samen bei *Phaseolus vulgaris*, 1952.
- LAMPRECHT, H. Weitere koppelungsgruppen von *Phaseolus vulgaris* mit einer übersicht über die koppelungsgruppen. **Agri Hortique Genetica**, Landskrona, v. 19, n. 2, p. 319-332, 1961a.

LAMPRECHT, H. Die Vererbung eines Phaseolus-typs mit drei kotyledonen. sowie uber die wirkung von drei neuen genen. **Agri Hortique Genetica**, Landskrona, v. 19, n. 2, p. 333-343, 1961b.

LEAKEY, C. L. A. Genotypic and phenotypic markers in common bean. In: GEPTS, P. (Ed). **Genetic resources of *Phaseolus* beans: their maintenance, domestication, evolution, and utilization**. Dordrecht: Kluwer Academic Publishers, 1988. p. 245-327.

LYONS, M. E.; DICKSON, M. H.; HUNTER, J. E. Recurrent selection for resistance to white mold in *Phaseolus* species. **Journal of the American Society for Horticultural Science**, Alexandria, v. 112, n. 1, p. 149-152, Jan. 1987.

MENDONÇA, H. A. **Escolha de populações segregantes de feijoeiro utilizando parâmetros genéticos, fenotípicos e marcadores RAPD**. 2001. 100 p. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Universidade Federal de Lavras, Lavras, MG.

NIENHUS, J.; SINGH, S. P. Combining ability analyses and relationships among yield, yield components and architectural traits in dry bean. **Crop Science**, Madison, v. 26, n. 1, p. 21-27, Jan./Feb. 1986.

NIENHUS, J.; SINGH, S. P. Genetics of seed yield and its components in common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) of Middle American origin. II Genetic variance, heritability, and expected response from selection. **Plant Breeding**, Berlin, v. 101, n. 2, p. 155-163, Sept. 1988.

NORTON, J. B. Inheritance of habit in the common beans. **American Naturalist**, Chicago, v. 49, p. 547-561, 1915.

OLIVEIRA, M. S. **Predição do potencial genético de populações segregantes de feijão comum oriundas de híbridos simples e duplos**. 2003. 75 p. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento) – Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, MG.

OTUBO, S. T.; RAMALHO, M. A. P.; ABREU, A. F. B.; SANTOS, J. B. Genetic control of low temperature tolerance in germination of the common bean (*Phaseolus vulgaris* L.). **Euphytica**, Wageningen, v. 89, n. 3, p. 313-317, 1996.

PARK, S. O.; COYNE, D. P.; SANTANA, E. A.; STEADMAN, J. R.; ARIYARATHNE, H. M.; NIENHUIS, J. Mapping of QTL for seed and shape traits in common bean. **Journal of the American Society for Horticultural Science**, Alexandria, v. 125, n. 4, p. 466-475, July 2000.

PIROLA, L. H. **Seleção natural e a interação famílias x locais na cultura do feijoeiro**. 200. 52 p. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Universidade Federal de Lavras, Lavras, MG.

PRAKEN, R. Inheritance of colours in *Phaseolus vulgaris* L. II. A critical review. **Mededelingen van de Landbouwhogeschool te Wageningen**, Wageningen, v. 23, p. 1-38, 1970.

PRAKEN, R. Inheritance of colours in *Phaseolus vulgaris* L. III. On genes for red seedcoat colour and general synthesis. **Mededelingen van de Landbouwhogeschool te Wageningen**, Wageningen, v. 29, p. 1-82, 1970.

RAMALHO, M. A. P.; ABREU, A. F. B.; SANTOS, J. B. Genetic progress in common bean after four cycles of recurrent selection. **Annual report of the bean improvement cooperative**, New York, v. 46, p. 47-48, 2003.

RAMALHO, M. A. P.; ABREU, A. F. B.; SANTOS, J. B. Melhoramento de espécies autógamas. In: NASS, L. L.; VALOIS, A. C. C.; MELO, J. S.; VALADARIS-INGLIS, M. C. V. (Ed.) **Recursos genéticos e melhoramento de plantas**. Fundação MT: Rondonópolis, 2001. p. 201-230.

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

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.

RANGEL, P. H. N.; MORAIS, O. P.; PFEILSTICKER, F. J. Grain yield gains in three recurrent selection cycles in the CNA-IRAT 4 irrigated rice population. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, Londrina, v. 2, n. 3, p. 369-374, July/Sept. 2002.

RAPOSO, F. V. **Comparação de métodos de condução de populações segregantes de feijoeiro**. 1999. 72 p. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Universidade Federal de Lavras, Lavras, MG.

ROBERTSON, A. **Experimental design on the measurement of heritabilities and genetic correlations. biometrical genetics.** New York: Pergamon Press, 1959. 186 p.

RODRIGUES, R.; LEAL, N. R.; PEREIRA, M. G.; SÁNCHEZ, A. L. Combining ability of *Phaseolus vulgaris* L. for resistance to common bacterial blight. **Genetics and Molecular Biology**, Ribeirão Preto, v. 22, n. 4, p. 571-575, Dec. 1999.

SANTOS, J. B.; VENCOVSKY, R. Controle genético de alguns componentes do porte da planta em feijoeiro. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 21, n. 9, p. 957-963, set. 1986.

SANTOS, V. S. **Implicações da seleção precoce para tipo de grão no melhoramento genético do feijoeiro comum.** 2001. 57 p. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Universidade Federal de Lavras, Lavras, MG.

SINGH, S. P. Bean genetics. In: SCHOONHOVEN, A. V.; VOYSEST, O. (Ed.). **Common beans: research for crop improvement.** CIAT: Cali, 1991. p. 55-118.

SINGH, S. P.; MUNOS, C. G.; TERÁN, H. Determinacy of growth habit in common bean, *Phaseolus vulgaris* L. **Annual Report of the Bean Improvement Cooperative**, New York, v. 39, p. 211-212, 1996.

SINGH, S. P.; TERÁN, H.; MUNOZ, C. G.; TAKEGAMI, J. C. Two cycles of recurrent selection for seed yield in common bean. **Crop Science**, Madison, v. 39, n. 2, p. 391-397, Mar./Apr. 1999.

SULLIVAN, J. G.; BLISS, F. A. Recurrent mass selection for increase seed yield and seed protein percentage in the common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) using a selection index. **Journal of the American Society for Horticultural Science**, Alexandria, v. 108, n. 1, p. 42-46, Jan. 1983.

TEIXEIRA, F. F.; RAMALHO, M. A. P.; ABREU, A. F. B. Genetic control of plant architecture in the common bean (*Phaseolus vulgaris* L.). **Genetics and Molecular Biology**, Ribeirão Preto, v. 22, n. 4, p. 577-582, Dec. 1999.

VENCOVSKY, R.; BARRIGA, P. **Genética biométrica no fitomelhoramento.** Ribeirão Preto: Sociedade Brasileira de Genética, 1992. 496 p.

WHITE, J. W.; SINGH, S. P.; PINO, C.; RIOS, B. M. J.; BUDDENHAGEN, I.
Effects of seed size and photoperiod response on crop growth and yield of
common bean. **Field Crops Research**, Amsterdam, v. 28, n. 4, p. 295-307, Feb.
1992.

WIERSMA, J. J.; BUSCH, R. H.; FULCHER, G. G.; HARELAND, G. A.
Recurrent selection for kernel weight in spring wheat. **Crop Science**, Madison,
v. 41, n. 4, p. 999-1005, July/Aug. 2001.

WILCOX, J. R. Increasing seed protein in soybean with eight cycles of recurrent
selection. **Crop Science**, Madison, v. 38, n. 6, p. 1536-1540, Nov./Dec. 1998.

CAPÍTULO 2

ESTRATÉGIAS PARA A OBTENÇÃO DA POPULAÇÃO BASE EM PROGRAMAS DE SELEÇÃO RECORRENTE

RESUMO

CUNHA, Welcimar Gonçalves da. **Estratégias para a obtenção da população base em programas de seleção recorrente**. 2005. 130 p. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Universidade Federal de Lavras, Lavras, MG.*

O sucesso de qualquer programa de seleção recorrente é dependente da criteriosa escolha da população base. Esta deve associar média alta e ampla variabilidade genética para os caracteres de interesse. Existe uma série de metodologias que visam auxiliar o melhorista no processo de escolha das populações com as quais irá trabalhar, contudo, nos programas de seleção recorrente estas metodologias praticamente não têm sido utilizadas. Dessa forma, o presente estudo tem por objetivo aplicar as metodologias de análise dos cruzamentos dialélicos e de Jinks & Pooni (1976) visando à escolha das populações mais promissoras para a condução de um programa de seleção recorrente que visa à obtenção de linhagens produtivas, de porte ereto e grãos do tipo carioca de boa qualidade comercial. Para tanto, 42 populações F_2 (S_0) resultantes de um cruzamento dialélico foram avaliadas quanto à produtividade de grãos juntamente com os dez genitores. O experimento foi realizado em Lavras, MG e o delineamento utilizado foi o blocos casualizados com duas repetições e parcelas de 2 linhas de 4m. Os dados de produção de grãos por parcela foram submetidos à análise de variância e, utilizando-se das médias de produtividade de cada população, obtiveram-se as estimativas da capacidade geral e específica de combinação. Para a obtenção das estimativas dos parâmetros genéticos e fenotípicos foram obtidos dados da produção de 10 plantas tomadas aleatoriamente em cada parcela. Estimou-se também o potencial das populações gerarem linhagens que superassem um determinado padrão na geração F_∞ . De acordo com as metodologias utilizadas e considerando os caracteres de interesse, um total de onze populações foi escolhido para a formação da população base do primeiro ciclo de seleção recorrente. Verificou-se que as metodologias utilizadas contribuíram para a escolha das populações mais promissoras para a condução do programa de seleção recorrente.

* Comitê de orientação: Magno Antonio Patto Ramalho- UFLA (Orientador); Ângela de Fátima Barbosa Abreu– Embrapa Arroz e Feijão/UFLA.

ABSTRACT

CUNHA, Welcimar Gonçalves. **Strategies for obtaining the base population in recurrent selection.** 2005. 130 p. Dissertation – (Master's degree in Genetics and Plant Breeding) – Federal University of Lavras, Lavras, Minas Gerais, Brazil.*

The success of any recurrent selection program depends on the strict choice of the base population. Such population should associate both, high average and a wide genetic variability to the requested traits. Despite having various methodologies aimed at helping the breeder whenever choosing the population to be worked upon, these have almost not been applied in the recurrent selection programs. The present study has made use of diallel crossings analysis and those of Jinks and Pooni (1976) with the aim of choosing the most promising populations in order to carry out a recurrent selection program that will make it possible to obtain lines with high grain yield, upright plants, and carioca-type grains with a good commercial quality. For such, 42 F_2 (S_0) populations derived from a diallel cross along with the ten genitors were evaluated for grain yield. The experiment was carried out in Lavras, MG, Brazil, in a randomized complete block design with two replications and plots of 2 lines of 4m long. The grain yield data collected from each plot were submitted to analysis of variance and by using the average productivity of each population, the general and specific combining abilities were estimated. Genetic and phenotypic parameters were estimated for grain yield from ten plants randomly taken from each plot. It was also estimated the populations potential in generating lines that could overcome a specific standard in the F_∞ generation. According to the applied methodologies as well as considering the required traits, eleven populations were picked for making up the first cycle base population of the recurrent selection. It was observed that the use of such methodologies contributed in the choice of the most promising populations for carrying out the recurrent selection program.

* Guidance Committee: Magno Antonio Patto Ramalho- UFLA (Advisor); Ângela de Fátima Barbosa Abreu – Embrapa Arroz e Feijão/UFLA.

1 INTRODUÇÃO

O sucesso de qualquer programa de seleção recorrente é dependente da criteriosa escolha da população base. Esta deve associar média alta e ampla variabilidade para os caracteres a serem selecionados.

Existe uma série de metodologias que visam auxiliar o melhorista no processo de escolha das populações com as quais irá trabalhar. Algumas destas metodologias têm sido empregadas com sucesso nos programas de melhoramento de plantas autógamas, principalmente as que utilizam a avaliação das progênes oriundas de um determinado cruzamento. Dentre estas, a análise dialélica tem sido a mais amplamente empregada.

Dentre outras informações, as metodologias de análise dialélica possibilitam inferir a respeito da capacidade geral e específica de combinação dos genitores e, assim, identificar as populações segregantes com maior probabilidade de gerarem linhagens superiores. A restrição dos cruzamentos dialélicos é a limitação na obtenção de informações a respeito da variabilidade genética potencial das populações na geração F_{∞} . Por isso, outras metodologias que permitem inferir sobre a variabilidade genética da população têm sido recomendadas. Dentre elas, destaca-se a de Jinks & Pooni (1976), que tem sido utilizada com frequência na cultura do feijão.

Infelizmente, nos programas de seleção recorrente, tais metodologias praticamente não têm sido aproveitadas. Os melhoristas escolhem os genitores na esperança de obterem a maior variabilidade possível, muitas vezes, baseando-se apenas na sua origem e expressões fenotípicas.

Do exposto, foi realizado o presente trabalho, com o objetivo de escolher, dentre as populações resultantes de um cruzamento dialélico envolvendo genitores de porte ereto, aquelas mais promissoras para a condução

de um programa de seleção recorrente que visa à obtenção de linhagens produtivas, de porte ereto e que produzam grãos tipo carioca de boa qualidade comercial.

2 MATERIAL E MÉTODOS

2.1 Obtenção das populações

Dez linhagens de feijão de porte ereto, sendo nove pertencentes ao grupo Carioca (Carioca MG, LP 9876, CNFC 9454, CNFC 9455, CNFC 9458, CNFC 9466, CNFC 9471, CNFC 9484, IAPAR 81) e uma ao grupo Preto (IPR Uirapuru), foram cruzadas, em casa de vegetação, no esquema dialélico completo, sem os recíprocos. Detalhes sobre estas linhagens estão apresentados na Tabela 1. Das 45 combinações possíveis, foram obtidos 42 híbridos.

As sementes dos 42 híbridos da geração F_1 foram semeadas no campo experimental do Departamento de Biologia da Universidade Federal de Lavras (UFLA), situada a 918 m de altitude, 21°14' S de latitude e 45°00' W de longitude, visando à obtenção das sementes das populações F_2 (S_0).

TABELA 1 Descrição dos dez genitores utilizados no dialelo.

Linhagem	Origem	Tipo de grão	Peso de cem sementes (g)	Porte
Carioca MG	UFLA	Carioca	20,88	Ereto
LP 9876	IAPAR	Carioca	22,08	Ereto
CNFC 9454	EMBRAPA	Carioca	25,00	Ereto
CNFC 9455	EMBRAPA	Carioca	26,08	Ereto
CNFC 9458	EMBRAPA	Carioca	25,36	Ereto
CNFC 9466	EMBRAPA	Carioca	20,78	Ereto
CNFC 9471	EMBRAPA	Carioca	25,78	Ereto
CNFC 9484	EMBRAPA	Carioca	23,04	Ereto
IAPAR 81	IAPAR	Carioca	24,83	Ereto
IPR Uirapuru	IAPAR	Preto	-	Ereto

2.2 Avaliação das populações F₂ (S₀)

As 42 populações F₂, juntamente com os 10 genitores, foram avaliadas na safra da seca de 2002, no campo experimental do Departamento de Biologia da Universidade Federal de Lavras.

Utilizou-se o delineamento de blocos casualizados com duas repetições. As parcelas foram constituídas por duas linhas de quatro metros de comprimento, espaçadas em 50 cm, sendo a densidade de plantio de 15 sementes por metro.

A adubação de plantio foi equivalente a 400 kg/ha do formulado 4-14-8 e, aos 25 dias após a emergência das plantas, foram aplicados, em cobertura, 150 kg/ha de sulfato de amônio. A cultura foi submetida à irrigação por aspersão, quando necessário. O controle das plantas daninhas foi realizado por meio de herbicidas de pré e pós-emergência.

O caráter avaliado foi a produção de grãos por parcela. Para a obtenção das estimativas de variância foram obtidos dados individuais da produção de 10 plantas competitivas, tomadas aleatoriamente em cada parcela.

2.3 Análise genético-estatística

Os dados obtidos quanto à produção de grãos por parcela foram submetidos à análise de variância, utilizando-se o programa MSTAT-C (1991). A análise foi realizada considerando-se como fixo os efeitos de tratamentos e a média, conforme o seguinte modelo estatístico:

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

em que:

- Y_{ij} : valor observado na parcela que recebeu o tratamento i dentro do bloco j ;
- m : média geral do experimento;
- t_i : efeito do tratamento i , sendo $i = 1, 2, 3, \dots, 51$ e 52 ;
- r_j : efeito da repetição j , sendo $j = 1$ e 2 ;
- e_{ij} : erro experimental associado à observação Y_{ij} , assumindo que os erros são independentes e normalmente distribuídos, com média zero e variância σ_e^2 .

Utilizando-se as médias de produtividade de grãos (g/parcela) das 42 populações F_2 e dos 10 genitores avaliados, obtiveram-se as estimativas da capacidade de combinação segundo o método 2 de Griffing (1956), que considera o seguinte modelo estatístico:

$$Y_{ij} = \mu + g_i + g_j + s_{ij} + \bar{e}_{ij}$$

em que:

- Y_{ij} : valor médio da combinação híbrida ($i \neq j$) ou do genitor ($i = j$);
- μ : 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 ;
- \bar{e}_{ij} : erro experimental médio associado à estimativa dos cruzamentos.

A análise dialélica foi realizada pelo método dos quadrados mínimos, utilizando-se o *Procedure for Interactive Matrix Language* (PROC IML) do SAS® (SAS, 2000).

A heterose foi estimada pela seguinte expressão:

$$h_{ij} = \frac{2\bar{F}_{2_{ij}} - \bar{P}_i - \bar{P}_j}{\bar{P}_i + \bar{P}_j} \times 100$$

em que:

h_{ij} : heterose média da população F_2 , oriunda do cruzamento entre os pais i e j ;

$\bar{F}_{2_{ij}}$: média da produtividade de grãos da população F_2 , oriunda do cruzamento entre os pais i e j ;

\bar{P}_i e \bar{P}_j : média da produtividade de grãos do pai i e j , respectivamente.

As estimativas dos parâmetros genéticos e fenotípicos foram obtidas por meio dos dados de produção tomados de plantas individuais em cada população. Inicialmente, estimou-se a variância fenotípica de cada população ($\sigma_{F_{ij}}^2$) pela média das variâncias das parcelas que receberam os mesmos tratamentos nas diferentes repetições. Para cada população foram estimadas também a variância genética ($\sigma_{G_{ij}}^2$) e a herdabilidade no sentido amplo ($h_{a_{ij}}^2$), utilizando-se as seguintes expressões:

$$\sigma_{G_{ij}}^2 = \sigma_{F_{ij}}^2 - \sigma_E^2$$

$$h_{a_{ij}}^2 = \frac{\sigma_{G_{ij}}^2}{\sigma_{F_{ij}}^2} \times 100$$

em que:

σ_E^2 : variância ambiental do experimento, estimada a partir da média das variâncias fenotípicas dos genitores (linhagens) envolvidos nos cruzamentos.

O potencial das populações F_2 gerarem linhagens que superem um determinado padrão foi determinado segundo a metodologia de Jinks e Pooni (1976), conforme a seguinte expressão:

$$Z = \frac{\bar{L} - \bar{F}_{2ij}}{\sqrt{2\sigma_{F_{2ij}}^2 - \sigma_E^2}}$$

em que:

\bar{L} : média da produtividade de grãos da linhagem padrão IPR Uirapuru obtida no experimento de avaliação das populações F_2 ;

\bar{F}_{2ij} : média da produtividade de grãos da população F_2 , oriunda do cruzamento entre os pais i e j ;

$\sigma_{F_{2ij}}^2$: variância fenotípica da produtividade de grãos da população F_2 , oriunda do cruzamento entre os pais i e j e estimada pela média das variâncias das parcelas que receberam os mesmos tratamentos nas diferentes repetições;

σ_E^2 : variância ambiental estimada a partir da média das variâncias fenotípicas dos genitores (linhagens) envolvidos nos cruzamentos.

As correlações classificatórias de Spearman entre a probabilidade de extração de linhagens superiores à cultivar IPR Uirapuru (Z) e a produção média e entre Z e a variância genética (σ_{Gi}) foram estimadas utilizando-se o programa SAS[®] (SAS, 2000).

3 RESULTADOS E DISCUSSÃO

A precisão experimental é de suma importância para a realização do presente trabalho. Sabe-se que quanto menor o erro experimental, mais confiável serão as decisões tomadas pelo melhorista quanto à escolha das populações que irão dar continuidade ao programa de seleção. O coeficiente de variação (CV) é um indicativo desta precisão. Observa-se, na Tabela 2, que a estimativa do CV foi de 18%. Este valor é inferior à média das estimativas dos coeficientes de variação relatados para experimentos com a cultura do feijão na região (Marques Júnior & Ramalho, 1997).

O teste F, realizado para a fonte de variação tratamentos, foi significativo com probabilidade de significância $P \leq 0,18$ (Tabela 2). A decomposição de sua soma de quadrados revelou a existência de diferenças significativas entre as médias das linhagens parentais com $P \leq 0,10$. Evidencia-se, assim, a existência de variabilidade entre os genitores que, em trabalhos dessa natureza, é de fundamental importância. Contudo, é oportuno salientar que essa diferença não foi mais expressiva porque algumas das linhagens (CNFC 9454, CNFC 9455, CNFC 9458, CNFC 9466, CNFC 9471 e CNFC 9484) são de origem comum e, provavelmente, aparentadas.

As diferenças entre as médias das populações avaliadas também não foram expressivas ($P \leq 0,26$). O mesmo ocorreu com o contraste pais vs. populações F_2 ($P \leq 0,38$). A não significância do contraste pais vs. populações F_2 é um indicativo da ausência de heterose média. Dessa forma, para o caráter em questão e para as populações estudadas, pode-se dizer que não foi constatada a presença de heterose na média das populações. Contrariamente, a existência da heterose para a produtividade de grãos tem sido relatada em alguns outros trabalhos realizados com a cultura do feijão (Gutiérrez & Singh, 1985; Nienhuis

& Singh, 1986; Mendonça, 2001; Abreu et al., 2002; Machado et al., 2002). Como a heterose é dependente da divergência e dos efeitos de dominância, pode-se supor que, neste caso, o pequeno valor atribuído à estimativa da heterose média pode ser decorrente do alto grau de parentesco dos genitores, como já comentado. Vale ressaltar, ainda, que na geração F₂ os locos em heterozigose estão reduzidos à metade quando comparados aos da geração F₁. Pelo exposto, a ausência de heterose pode ser também explicada pelo fato de se estar considerando a avaliação de populações F₂, nas quais o efeito de dominância está reduzido a metade.

A análise dialélica apresentada na Tabela 3 evidencia que ocorreu diferença significativa ($P \leq 0,05$) entre os genitores para a capacidade geral de combinação (CGC). Como era esperado, a fonte de variação atribuída à capacidade específica de combinação (CEC) foi não significativa ($P \leq 0,34$). Depreende-se, pela análise de variância, a existência de variabilidade genética aditiva significativa entre os materiais avaliados, ou seja, pelo menos uma das dez linhagens difere das demais no que se refere à concentração de alelos favoráveis. Já a não significância da CEC revela que os cruzamentos apresentaram um comportamento de acordo com o esperado, considerando-se apenas a CGC de seus parentais (Cruz & Regazzi, 2001).

Apesar de não significativa, a CEC explicou aproximadamente 70% da soma de quadrados atribuída à fonte de variação tratamentos. Em princípio, esse valor indicaria que, no controle genético do caráter, estaria envolvida interação alélica com algum grau de dominância e ou presença de espistasia (Lankey & Edwards, 1999). Contudo, a sua não significância possibilita inferir que, neste caso, para os locos em que os pais diferem, há predominância dos efeitos aditivos. A predominância da interação alélica aditiva no controle genético da produtividade de grãos do feijoeiro tem sido freqüentemente relatada na literatura (Nienhuis & Singh, 1988; Ramalho et al., 1988; Abreu, 1989; Takeda,

1991; Abreu et al., 2002). No entanto, Machado et al. (2002), ao avaliarem o dialelo resultante do cruzamento de 12 genitores, verificaram a predominância dos efeitos de dominância no rendimento de grãos.

Pelo exposto, os resultados obtidos possibilitam inferir que, no caso estudado, os efeitos aditivos são mais importantes que os efeitos de dominância. Neste caso, as estimativas da CGC e a produtividade média são bons indicadores do potencial das populações segregantes para gerarem linhagens com o desempenho superior ao dos pais.

As estimativas da CGC proporcionam ao melhorista obter informações sobre a concentração de alelos favoráveis. Quanto maior a estimativa da CGC maior será a frequência de alelos favoráveis. Depreende-se que as populações originadas de cruzamentos entre pais que apresentam alta CGC possuem maior frequência de alelos favoráveis e, assim, aumenta a probabilidade de se encontrar linhagens que superem os genitores. Dessa forma, na escolha das populações, buscou-se por cruzamentos que apresentassem média elevada e em que pelo menos um dos genitores possuísse valor positivo de CGC.

As estimativas da produtividade média das populações e da CGC estão apresentadas nas Tabelas 4 e 5. Nota-se que as populações que apresentaram as maiores médias são oriundas de cruzamentos em que pelo menos um dos pais apresentou CGC positiva. Das dez populações mais produtivas, cinco (7x10, 4x8, 3x8, 3x10 e 7x8) foram decorrentes do cruzamento em que ambos os pais apresentaram CGC positiva, quatro (4x5, 4x9, 8x9 e 5x7) eram oriundas de hibridações em que pelo menos um dos pais apresentou CGC positiva e apenas uma (2x5) não proveio de genitores que apresentaram alta CGC. Caracteriza-se, assim, que, na predominância de efeitos aditivos, o cruzamento entre indivíduos que possuam alta CGC, ou seja, alta concentração de alelos favoráveis, proporciona o desenvolvimento de populações híbridas com média elevada.

Contudo, além de apresentar um valor fenotípico médio elevado, a população de interesse deve possuir alta variabilidade associada ao caráter de interesse. Dessa forma, as estimativas da variância genética e ou da herdabilidade de cada população devem ser consideradas no processo seletivo (Tabelas 7 e 8). Neste caso, os cruzamentos entre os genitores 4 (CNFC 9455) e 7 (CNFC 9471) e entre 8 (CNF 9484) e 9 (IAPAR 81) chamam a atenção por apresentarem elevadas estimativas de variância e de produtividade média. Por outro lado, o cruzamento entre as cultivares CNFC 9471 e CNFC 9484 (7 x 8) originou uma população segregante com média alta, porém, com estimativas de variância negativa. Nota-se que, na grande maioria, as estimativas da variância genética e da heterose foram negativas, o que reforça o que já foi dito a respeito do alto grau de parentesco entre os genitores.

Contudo, sabe-se que estimativas obtidas a partir de dados de plantas individuais, além de trabalhosas, estão geralmente associadas a erros de grande magnitude. Este fato pode conduzir o melhorista a tomar decisões erradas no momento de escolha das populações segregantes com as quais irá trabalhar. Assim, populações que seriam promissoras para o desenvolvimento de linhagens superiores poderão ser descartadas enquanto que populações pouco promissoras poderão vir a ser escolhidas.

Uma alternativa para reduzir os problemas associados às estimativas de variância por meio de plantas individuais seria o emprego das estimativas de componentes de médias, como a CEC e a heterose (Tabelas 5 e 6). Essas, normalmente, requerem menos trabalho para a sua obtenção e estão associadas a menores erros. A CEC, como já mencionado, depende da divergência genética e dos efeitos de dominância. Dessa forma, é esperado que quanto maior a CEC, maior é a frequência de locos em heterozigose no híbrido considerado. Subentende-se, assim, que os cruzamentos que apresentarem altas estimativas de CEC serão capazes de liberar maior variabilidade, o que é essencial para o

processo de seleção (Abreu et al., 2002). Apesar de não significativo o efeito da CEC média, vale mencionar que, no presente trabalho, as dez populações mais produtivas apresentaram estimativas de CEC positivas e de alta magnitude, variando de 23,38 a 290,46 (Tabela 5). Os cruzamentos entre os genitores 2 x 5, 7 x 10, 8 x 9 e 4 x 9 apresentaram as maiores estimativas, caracterizando uma boa complementação entre estes genitores. Assim, é esperado que desses cruzamentos seja liberada maior variação, após algumas gerações de autofecundação. Estes resultados reforçam a necessidade da divergência genética para a CEC, uma vez que os genitores envolvidos nestes cruzamentos, teoricamente, apresentam um menor grau de parentesco por pertencerem a diferentes programas de melhoramento.

Entretanto, a variabilidade potencial a ser liberada pelas populações segregantes, indicada pela CEC ou heterose, não inclui a variabilidade a ser liberada devido aos locos com efeitos apenas aditivos, conduzindo a uma subestimativa da mesma. Como a presença de efeitos aditivos se faz presente, foi dada maior atenção às estimativas da variância genética e herdabilidade na escolha das populações, uma vez que estas consideram tanto a variância de dominância como a variância aditiva.

Outra alternativa para a escolha de populações segregantes e que tem sido utilizada com sucesso na cultura do feijão é a aplicação da metodologia de Jinks & Pooni (1976) (Otubo et al., 1996; Abreu, 2002; Carneiro, 2002; Oliveira, 2003). As estimativas obtidas com o uso desta metodologia confirmaram alguns dos resultados já apresentados. O cruzamento entre as linhagens LP 9876 e CNFC 9458 (2 x 5) gerou a população segregante mais promissora, segundo a metodologia de Jinks & Pooni (1976) (Tabela 9). Este cruzamento também apresentou a maior estimativa de CEC e a segunda maior média de produção. O cruzamento entre os genitores CNF 9484 e IAPAR 81 (8 x 9) e CNFC 9455 e CNFC 9471 (4 x 7) também foram consideradas como

cruzamentos promissores, segundo o método de Jinks & Pooni (1976). Como já descrito, estas populações apresentam estimativas elevadas de variância e média. Estes resultados confirmam a vantagem aferida ao método de se identificar populações que possuem média e variância alta.

Tais resultados podem ser corroborados pelas correlações de Spearman estimadas entre as estimativas de Z e a média geral ($r = -0,36^*$) e entre as estimativas de Z e a variância genética ($r = 0,50^{**}$). Aparentemente, as estimativas de correlações são baixas, mas, considerando-se tratarem-se de correlações entre postos e que qualquer mudança de posto diminui o valor desta correlação, pode-se dizer que, de modo geral, as populações mais promissoras foram as mais produtivas e com maior variância associada ao caráter.

Por se tratar de um programa de seleção recorrente, em que a manutenção da variabilidade genética é de extrema importância, optou-se também por se realizar a escolha das populações de tal forma que se mantivessem representados, em proporções semelhantes, todos os pais envolvidos no dialelo. Dessa forma, as populações selecionadas foram escolhidas segundo o valor médio da produção, da capacidade de gerar variabilidade e, ainda, segundo a manutenção dos alelos provindos de seus genitores.

As populações selecionadas e suas estimativas de produtividade média, variância genética, herdabilidade e de seu potencial em gerar linhagens superiores, segundo o método de Jinks & Pooni (1976), estão apresentadas na Tabela 10. Vale ressaltar que, na escolha das populações, foram observadas além da produtividade, as outras características de interesse, ou seja, o porte e o tipo de grão. Assim, populações que se mostraram promissoras segundo as estimativas já consideradas, porém, com características indesejáveis de porte e tipo de grão, foram descartadas.

Como será visto no próximo, das quatorze famílias que detiveram o comportamento superior quanto à produtividade, ao porte e ao tipo de grão, oito foram resultantes do cruzamento entre os genitores CNFC 9484 e IAPAR 81 (8 x 9). Como visto, este cruzamento associou elevadas estimativas de média e variância e, dentre as populações escolhidas para a continuidade do programa de seleção recorrente, foi a que apresentou, segundo a metodologia de Jinks & Pooni (1976), a segunda maior probabilidade de gerar linhagens com o desempenho superior ao da cultivar IPR Uirapuru.

TABELA 2 Resumo da análise de variância da produtividade de grãos (g/parcela) referente ao experimento de avaliação do cruzamento dialélico envolvendo dez linhagens de feijão e as respectivas populações F₂. Lavras, safra da seca de 2002.

FV	GL	QM	P
Blocos	1	287971,369	
Tratamentos	51	41613,544	0,181
Pais	9	56401,991	0,101
Populações F ₂	41	38770,637	0,263
Pais vs. Populações F ₂	1	25076,676	0,382
Erro	51	32195,518	
CV(%)		18,00	
Média das populações		997,052	
Média dos pais		965,229	
Média das populações F ₂		1004,629	

50

TABELA 3 Resumo da análise de variância da produtividade de grãos (g/parcela), segundo o método 2, proposto por Griffing (1956), para o dialelo envolvendo dez linhagens de feijão e as respectivas populações F₂. Lavras, safra da seca de 2002.

FV	GL	QM	P
Tratamentos	51	41613,544	0,181
CGC	9	66799,468	0,049
CEC	42	36216,560	0,342
Erro	51	32195,518	

TABELA 8 Estimativas da herdabilidade (%) da produtividade de grãos (g/parcela) referente às populações F₂, oriundas do cruzamento dialélico de dez linhagens. Lavras, safra da seca 2002.

Pais	2	3	4	5	6	7	8	9	10
1 – Carioca MG	19,041	0,000	0,000	0,000	29,712	7,460	17,528	0,000	0,000
2 - LP 9876		-	0,000	4,280	0,954	0,000	9,488	-	0,000
3 – CNFC 9454			0,000	0,000	0,000	23,542	0,000	0,000	46,720
4 – CNFC 9455				7,549	36,671	61,378	0,000	0,000	9,427
5 – CNFC 9458					0,000	34,156	46,685	0,000	15,067
6 – CNFC 9466						0,000	-	0,000	0,000
7 – CNFC 9471							0,000	4,176	24,532
8 – CNFC 9484								48,273	0,000
9 – IAPAR 81									62,234
10 - IPR Uirapuru									

53

TABELA 9 Probabilidade, estimada pelo método de Jinks & Pooni (1976), das populações F₂, resultantes do cruzamento dialélico, originarem linhagens superiores à média da linhagem padrão IPR Uirapuru na geração F_∞.

Pais	2	3	4	5	6	7	8	9	10
1 – Carioca MG	21,740	*	*	*	33,586	19,968	28,588	*	*
2 - LP 9876		-	*	53,777	23,466	*	16,612	-	*
3 – CNFC 9454			*	*	*	30,219	*	*	50,100
4 – CNFC 9455				27,608	32,571	41,091	*	*	30,045
5 – CNFC 9458					*	39,322	40,152	*	20,813
6 – CNFC 9466						*	-	*	*
7 – CNFC 9471							*	22,221	37,369
8 – CNFC 9484								44,498	*
9 – IAPAR 81									47,073
10 - IPR Uirapuru									

*A probabilidade não pode ser estimada segundo a metodologia utilizada, pois a variância genética destas populações foi nula.

TABELA 10 Médias da produtividade de grãos (g/parcela) e as estimativas da variância genética, da herdabilidade (%) e da probabilidade (%) de obtenção de linhagens que superem o padrão IPR Uirapuru, referentes às populações selecionadas para o desenvolvimento do programa de seleção recorrente.

Populações	Produção	Variância genética	Herdabilidade	Probabilidade
1 x 3	1019,355	0,000	0,000	*
1 x 6	918,120	18,555	29,712	33,586
2 x 5	1277,92	1,963	4,280	53,777
2 x 6	92,125	0,423	0,954	23,466
3 x 8	1186,445	0,000	0,000	*
4 x 7	1030,765	69,759	61,378	41,091
4 x 9	1145,25	0,000	0,000	*
4 x 10	1093,725	4,569	9,427	30,045
5 x 10	1052,31	7,787	15,067	20,813
7 x 10	1330,035	14,269	24,532	37,369
8 x 9	1140,745	40,964	48,273	44,498

*A probabilidade não pode ser estimada segundo a metodologia utilizada, pois a variância genética destas populações foi nula.

4 CONCLUSÕES

O emprego da metodologia de análise dos cruzamentos dialélicos, associada à de Jinks & Pooni (1976), contribuiu para a escolha das populações mais promissoras para a condução do programa de seleção recorrente.

As populações segregantes que se destacaram para a condução do programa de seleção recorrente foram: Carioca MG x CNFC 9454, Carioca MG x CNFC 9466, LP 9876 x CNFC 9458, LP 9876 x CNFC 9466, CNFC 9454 x CNFC 9484, CNFC 9455 x CNFC 9471, CNFC 9455 x IAPAR 81, CNFC 9455 x IPR Uirapuru, CNFC 9458 x IPR Uirapuru, CNFC 9471 x IPR 81 e CNFC 9484 x IAPAR 81.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- ABREU A. F. B. **Avaliação de progênies de feijoeiro do cruzamento “Carioca 80” x “Rio Tibagi” em diferentes densidades de plantio.** 1989. 63 p. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Universidade Federal de Lavras, Lavras, MG.
- ABREU, A. F. B.; RAMALHO, M. A. P.; SANTOS, J. B. Prediction of seed yield potential of common bean populations. **Genetics and Molecular Biology**, Ribeirão Preto, v. 25, n. 3, p. 323-327, Sept. 2002.
- CARNEIRO, J. E. S.; RAMALHO, M. A. P.; ABREU, A. F. B.; GONÇALVES, F. M. A. Breeding potential of single, double and multiple crosses in common bean. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, Londrina, v. 2, n. 4, p. 515-524, Oct./Dec. 2002.
- CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético.** 2. ed. rev. Viçosa: UFV, 2001. 390 p.
- GRIFFING, B. Concept of general and specific combining ability in relation to diallell crossing systems. **Australian Journal of Biological Science**, East Melbourne, v. 9, n. 3, p. 463-493, 1956.
- 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, 1985.
- JINKS, J. L.; POONI, H. S. Predicting the properties of recombinant inbred lines derived by single seed descent. **Heredity**, Edinburgh, v. 36, n. 2, p. 253-266, Apr. 1976.
- LANKEY, K. R.; EDWARDS, J. W. Quantitative Genetics of Heterosis. In: COORS, J. G.; PANDEY, S. **Genetics and exploitation of heterosis in crops.** Madison: American Society of Agronomy, 1999. p. 31-48.
- MACHADO, C. F.; SANTOS, J. B. , NUNES, G. H. S. Choice of common bean parents based on combining ability estimates. **Genetics and Molecular Biology**, Ribeirão Preto, v. 25, n. 2, p. 179-183, June 2002.

MARQUES JÚNIOR, O. G.; RAMALHO, M. A. P. Eficiência de experimentos com a cultura do feijão. **Ciência e Agrotecnologia**, Lavras, v. 21, 1997. Suplemento.

MENDONÇA, H. A. **Escolha de populações segregantes de feijoeiro utilizando parâmetros genéticos, fenotípicos e marcadores RAPD**. 2001. 100 p. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Universidade Federal de Lavras, Lavras, MG.

MSTAT-C. **A software program for the design, management and analysis of agronomic research experiments**. [S. 1]: Michigan State University, 1991. p. ir.

NIENHUS, J.; SINGH, S. P. Combining ability analyses and relationships among yield, yield components and architectural traits in dry bean. **Crop Science**, Madison, v. 26, n. 1, p. 21-27, Jan./Feb. 1986.

NIENHUS, 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, Sept. 1988.

OLIVEIRA, M. S. **Predição do potencial genético de populações segregantes de feijão comum oriundas de híbridos simples e duplos**. 2003. 75 p. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento) – Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, MG.

OTUBO, S. T.; RAMALHO, M. A. P.; ABREU, A. F. B.; SANTOS, J. B. Genetic control of low temperature tolerance in germination of the common bean (*Phaseolus vulgaris* L.). **Euphytica**, Wageningen, v. 89, n. 3, p. 313-317, 1996.

RAMALHO, M. A. P.; SANTOS, J. B.; PEREIRA FILHO, I. A. Choice of parents for dry bean (*Phaseolus vulgaris* L.) breeding. I. Interaction of mean components by generation and by location. **Revista Brasileira de Genética, Ribeirão Preto**, v. 11, n. 2, p. 391-400, June 1988.

SAS INSTITUTE. **SAS: user's guide statistical version 8. 0**. ed. Cary, NC, 2000.

TAKEDA, C.; SANTOS, J. B.; RAMALHO, M. A. P. Choice of parental lines for common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) breeding. II. Reaction of cultivars and

of their segregant populations to variations in different environments. **Revista Brasileira de Genética**, Ribeirão Preto, v. 14, n. 2, p. 455-465, June 1991.

CAPÍTULO 3

DOIS CICLOS DE SELEÇÃO RECORRENTE VISANDO À OBTENÇÃO DE PLANTAS DE FEIJÃO DE PORTE ERETO E GRÃOS TIPO CARIOCA

RESUMO

CUNHA, Welcimar Gonçalves da. **Dois ciclos de seleção recorrente visando à obtenção de linhagens de porte ereto e grãos tipo carioca**. 2005. 130 p. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Universidade Federal de Lavras, Lavras, MG.*

Os programas de melhoramento do feijão existentes no Brasil têm trabalhado arduamente na busca de cultivares mais produtivas e que possuam o porte ereto e grãos tipo carioca. Todavia, o grande número de genes envolvidos no controle genético destes caracteres tem dificultado o desenvolvimento da linhagem almejada. A solução seria o emprego de ciclos sucessivos de seleção, isto é, a seleção recorrente. Dessa forma, foram realizados dois ciclos de seleção recorrente visando à obtenção de linhagens que associassem os três caracteres de interesse. Para isso, foram tomadas plantas individuais de 11 populações (S_0) previamente selecionadas e as sementes oriundas de cada planta foram semeadas para a avaliação das famílias $S_{0.1}$. A condução do primeiro ciclo de seleção recorrente envolveu 190 famílias $S_{0.1}$, que foram avaliadas quanto à produtividade de grãos e porte da planta. As sementes provenientes das 134 famílias selecionadas na etapa anterior foram semeadas para a avaliação das famílias $S_{0.2}$. Foram escolhidas, para a continuidade do C_0 , as 60 famílias $S_{0.2}$ que apresentaram o melhor desempenho quanto à produtividade e porte das plantas e, dentre estas, 10 famílias foram selecionadas para o processo de recombinação e formação da população base do segundo ciclo de seleção (C_1). As 60 famílias selecionadas para a continuação do C_0 foram novamente avaliadas na geração $S_{0.3}$. Nesta geração e nas demais gerações do C_0 , além da produtividade e do porte, foi considerado, no processo de avaliação, o tipo de grão. Dessa forma, as famílias com desempenho superior quanto aos três caracteres avaliados em cada geração foram conduzidas pelo método do *bulk* dentro de famílias até a geração $S_{0.5}$. Nesta geração, um total de 14 famílias foi avaliado em conjunto com duas testemunhas. O dialelo envolvendo as 10 famílias $S_{0.2}$ selecionadas no C_0 para o processo de recombinação e formação da população base do C_1 originou um total de 41 populações S_0 . As 390 famílias $S_{0.1}$ e as 186 famílias $S_{0.2}$ do C_1 foram avaliadas quanto à produtividade, porte e tipo de grão. De modo análogo ao C_0 , as 10 melhores famílias $S_{0.2}$ do C_1 foram recombinadas para formar a população base do terceiro ciclo C_2 . O progresso genético por ciclo para cada um dos caracteres avaliados foi obtido comparando-

* Comitê de orientação: Magno Antonio Patto Ramalho- UFLA (Orientador); Ângela de Fátima Barbosa Abreu- Embrapa Arroz e Feijão/UFLA.

se o desempenho médio das 10 famílias $S_{0.2}$ do C_0 e C_1 que participaram do processo de recombinação com a média das testemunhas. Foi estimado também o ganho genético para os três caracteres em conjunto, comparando-se o desempenho médio, nas diferentes gerações, das 5 melhores famílias $S_{0.5}$ com as testemunhas avaliadas na mesma geração. Verificou-se que a seleção recorrente foi eficiente na obtenção de linhagens que associassem alta produtividade, porte ereto e grãos tipo carioca de boa qualidade comercial. O progresso genético obtido com a seleção recorrente foi expressivo para a produtividade e tipo de grão, quando considerou-se o desempenho médio das 10 famílias $S_{0.2}$ que participaram do processo de recombinação. Para o porte da planta, o progresso genético obtido foi negativo, porém, as notas aferidas às famílias permitem classificá-las como plantas de porte ereto. Quando considerados os três caracteres em conjunto o ganho com a seleção recorrente foi de 3,1% o que comprova a eficiência da seleção recorrente. Por fim, as estimativas dos parâmetros genéticos e fenotípicos obtidas nas diferentes gerações associadas ao desempenho médio das famílias possibilitam antever o sucesso da seleção recorrente em futuros ciclos.

ABSTRACT

CUNHA, Welcimar Gonçalves da. **Two cycles of recurrent selection aimed at obtaining of lines with upright plants and carioca-type grains.** 2005. 130 p. Dissertation – (Master in Genetics and Plant Breeding) – Federal University of Lavras, Lavras, Minas Gerais, Brazil.*

The current common bean breeding programs in Brazil have put a lot of efforts in the search for high grain yield cultivars with an upright plant and carioca-type grains. Nevertheless, the large number of genes involved in the genetic control of these traits has impaired the development of the desired line. To solve this problem successive selection cycles could be performed, that is, a recurrent selection program. Thus, two cycles of recurrent selection were carried out to obtain lines that meet the required traits. Individual plants were taken from 11 previously selected S_0 populations and the seeds from each plant were sowed in order to evaluate the $S_{0.1}$ families. From these 190 families, 134 were selected to constitute the $S_{0.2}$ families, which were then evaluated. Later, 60 $S_{0.2}$ families were chosen to continue the C_0 , from which the 10 most promising ones were taken for the recombination process that originated the base population for the second selection cycle (C_1). The 60 $S_{0.2}$ families were reevaluated in the $S_{0.3}$ generation. In the latter generation as well as in the following C_0 generations, not only grain yield and plant architecture but also the grain type were evaluated. Therefore, the families with superior performance for all three traits, as carried out by the bulk within family method, up until the $S_{0.5}$ generation. From this last generation 14 families and 2 checks were tested. The diallel involving the 10 $S_{0.2}$ families selected in C_0 for the recombination process and the formation of the C_1 generated 41 S_0 populations. Three hundred and ninety $S_{0.1}$ families as well as the 186 $S_{0.2}$ families were evaluated for grain yield, plant architecture and grain type. Following the same procedure for C_0 , the best 10 $S_{0.2}$ families of C_1 were recombined to generate the base population of the third cycle (C_2). The genetic progress achieved per cycle for each trait was determined by comparing the mean performance of the 10 $S_{0.2}$ families selected in C_0 and C_1 that took part in the recombination process with that of the check. Furthermore, the genetic gain was estimated considering the traits altogether, where the average performances for the best five $S_{0.5}$ families of different generations were compared with those of the checks evaluated within the same given generation. It was found that the recurrent selection was efficient in producing lines associating high grain yield,

* Guidance Committee: Magno Antonio Patto Ramalho- UFLA (Advisor); Ângela de Fátima Barbosa Abreu- Embrapa Arroz e Feijão/UFLA.

upright plant and carioca-type grains of good commercial quality. The genetic progress obtained by the recurrent selection for grain yield and grain type was significant considering the average performance of the 10 $S_{0.2}$ families involved in the process of recombination. For the plant architecture, the genetic progress was negative, nevertheless, the scores attributed to the families allow them to be classified as upright plants. When considering the three traits simultaneously, the gain due to recurrent selection was 3.1%, which proves the efficiency of the selection process. Finally, the genetic and phenotypic parameter estimates for the different generations associated to the family mean performances makes it possible to forecast the continuous success in future cycles of recurrent selection.

1 INTRODUÇÃO

O melhoramento genético do feijoeiro, aliado à incorporação de tecnologias e ao investimento no setor produtivo, contribuiu para que a produtividade de grãos aumentasse em torno de 45% nos últimos 15 anos (CONAB, 2005). Contudo, a pressão para se obter linhagens mais produtivas, associada às necessidades de melhoria no manejo e às exigências por parte do consumidor em relação ao tipo de grão, é crescente.

Em varias regiões do país existe uma preferência por parte dos agricultores e consumidores pelos grãos tipo carioca, ou seja, grãos de tamanho médio e de cor creme com estrias marrons. Dessa forma, a procura por novas linhagens com grãos tipo carioca dentro do padrão comercial e que possam substituir com vantagens as cultivares já recomendadas, tem sido o objetivo principal da maioria dos programas de melhoramento no Brasil. A maior dificuldade encontrada por parte dos melhoristas no desenvolvimento de linhagens com grãos de alta qualidade comercial é o número de genes envolvidos na expressão do tipo de grão. Somente para a cor existem, pelo menos, 12 genes controlando a expressão do caráter (Bassett et al., 2000; Beninger et al., 2000).

Aliada ao tipo de grão está a necessidade de se obter plantas mais eretas que, além de facilitar o manejo e diminuir as perdas da colheita, contribuem para a menor incidência de alguns patógenos. Os estudos do controle genético do porte da planta têm demonstrado que há vários caracteres morfológicos envolvidos na expressão fenotípica da arquitetura do feijoeiro, tais como, hábito de crescimento, comprimento da haste principal, número e comprimento dos entrenós, altura da planta, número e ângulo de ramificações, distribuição das vagens, diâmetro do hipocótilo e *stay green* (Teixeira et al., 1999). A

complexibilidade e o número de genes envolvidos no controle genético de cada um destes caracteres, aliados à influência do ambiente, dificultam ainda mais o trabalho do melhorista no desenvolvimento de cultivares cariocas com elevada capacidade produtiva, porte ereto e com grãos de boa qualidade comercial.

Segundo alguns autores, um fator que tem dificultado o desenvolvimento de plantas eretas com grãos de padrão carioca é a associação entre o hábito de crescimento e o tamanho dos grãos (Laing et al., 1984; White et al., 1992). Eles observaram que plantas com o porte mais ereto, em sua grande maioria, possuem grãos pequenos. Entretanto, verificou-se que, apesar da forte associação entre a arquitetura da planta e o peso da semente, os genes que controlam estes caracteres não estão ligados, possibilitando, assim, o desenvolvimento de plantas de porte ereto que produzam grãos de maior tamanho (Brothers & Kelly, 1993; Collicchio et al., 1997).

Depreende-se que o sucesso no desenvolvimento de plantas eretas com grãos tipo carioca comercialmente aceitos e alta capacidade produtiva só será atingido com ciclos sucessivos de seleção, ou seja, seleção recorrente. Proposta inicialmente para plantas alógamas, a seleção recorrente vem ganhando espaço nos programas de melhoramento de plantas autógamas. Na literatura, encontram-se vários relatos mostrando a sua eficiência na cultura do feijoeiro para diversas características quantitativas, inclusive visando à obtenção de plantas de porte ereto com grãos de maior tamanho (Kelly & Adans, 1987).

Assim, os objetivos deste trabalho foram conduzir dois ciclos de seleção recorrente, visando à obtenção de linhagens de produtividade elevada, porte ereto e grãos tipo carioca dentro do padrão comercial e estimar o progresso genético obtido.

2 MATERIAL E MÉTODOS

2.1 Obtenção das famílias $S_{0:1}$ do primeiro ciclo de seleção

Após o processo de obtenção e escolha da população base (S_0), descrito no capítulo 2, foram retiradas, de cada uma destas populações, cerca de 20 plantas. As plantas obtidas foram debulhadas separadamente e aquelas que possuíam o número de sementes suficiente para realizar o processo de avaliação foram identificadas. As sementes obtidas de cada uma destas plantas identificadas constituíram uma família $S_{0:1}$. Dessa forma, para dar início ao processo de avaliação das famílias segregantes do primeiro ciclo (C_0), foi obtido um total de 190 famílias $S_{0:1}$.

2.2 Avaliação das famílias segregantes do primeiro ciclo de seleção

Os experimentos de avaliação das famílias segregantes foram realizados no campo experimental do Departamento de Biologia da Universidade Federal de Lavras (UFLA), situada a 918 m de altitude, 21°14' S de latitude e 45°00' W de longitude.

O numero de famílias e testemunhas avaliadas, a safra e o ano agrícola de avaliação, o delineamento e número de repetições, o tamanho das parcelas e os caracteres avaliados em cada geração encontram-se apresentados na Tabela 11.

As testemunhas avaliadas nas gerações $S_{0:1}$ e $S_{0:2}$ foram os dez parentais utilizados na obtenção da população base. Na geração $S_{0:3}$, as testemunhas foram os parentais CNFC 9455, CNFC 9458, CNFC 9466 e CNFC 9471. Por fim, nas gerações $S_{0:4}$ e $S_{0:5}$, as testemunhas foram os genitores CNFC 9455 e CNFC 9471. A descrição dos genitores encontra-se na Tabela 1 do capítulo 2.

TABELA 11 Detalhes experimentais da avaliação das famílias do primeiro ciclo de seleção recorrente.

	S _{0:1}	S _{0:2}	S _{0:3}	S _{0:4}	S _{0:5}
Nº de famílias	190	134	60	34	14
Nº de testemunhas	10	10	4	2	2
Ano agrícola	2002	2002/03	2003	2003	2004
Safra	Inverno	Águas	Seca	Inverno	Seca
Delineamento	DBC	Látice 12x12	Látice 8 x 8	Látice 6 x 6	Látice 4 x 4
Nº de repetições	2	3	3	3	3
Parcela	1 linha de 1m	2 linhas de 2m	2 linhas de 2m	2 linhas de 2m	2 linhas de 2m
Caracteres avaliados	Produção Porte	Produção Porte	Produção Porte Grão	Produção Porte Grão	Produção Porte Grão

Os tratos culturais foram os mesmos em todas as gerações de avaliação. Na adubação de plantio, aplicaram-se 400 kg/ha do formulado 4-14-8 e, na de cobertura, realizada 25 dias após a emergência das plantas, 150 kg/ha de sulfato de amônio. A cultura foi submetida à irrigação por aspersão quando necessário e o controle das plantas daninhas foi realizado por meio de herbicidas de pré e pós-emergência.

Em todas as gerações, as famílias foram avaliadas quanto à capacidade produtiva (g/2m²) e quanto ao porte das plantas. A avaliação do porte foi realizada de acordo com a escala de notas utilizada por Collichio (1995), em que: a nota 1 refere-se a planta de hábito II, ereta, com uma haste e com inserção alta das primeiras vagens; a nota 2 à planta de hábito II, ereta e com algumas ramificações; a nota 3 à planta de hábito II ou III, ereta, com muitas ramificações e tendência a prostrar-se; a nota 4 à planta de hábito III, semi-ereta e medianamente prostrada e a nota 5 à planta de hábito III, com entre-nós longos e muito prostrada.

A partir da geração S_{0:3}, avaliou-se também o tipo de grão, segundo a escala de notas descrita por Ramalho et al. (1998), em que: a nota 1 refere-se ao tipo de grão tipicamente carioca, ou seja, cor creme com estrias marrom-claras,

fundo claro, halo branco, peso médio de 100 sementes de 22 a 24g e grãos não achatados, as notas 2, 3 e 4 são dadas aos grãos cariocas que possuem, respectivamente, deficiência em uma, duas ou três características mencionadas para o padrão e a nota 5 é dada a grãos de cor creme com estrias marrom-escuras, fundo escuro, halo colorido, peso médio de 100 sementes menor que 22g e grãos achatados.

As famílias com o desempenho superior quanto aos caracteres avaliados em cada geração foram avançadas pelo método do *bulk* dentro de famílias.

2.3 Análise genético-estatística das famílias segregantes do primeiro ciclo de seleção

Os dados obtidos quanto à produção de grãos ($g/2m^2$), porte da planta e tipo de grão de cada geração foram submetidos à análise de variância (ANAVA), utilizando-se o programa MSTAT-C (1991). A análise dos dados referentes às gerações $S_{0:1}$, $S_{0:2}$, $S_{0:3}$ e $S_{0:4}$ foi realizada considerando-se todos os efeitos aleatórios, exceto a média. Na geração $S_{0:5}$, o efeito de tratamentos foi considerado como fixo porque, nas gerações anteriores, foi efetuada uma intensa seleção. O modelo estatístico utilizado para a avaliação da produtividade de grãos e porte na geração $S_{0:1}$ e para a análise dos dados do tipo de grão nas gerações $S_{0:3}$, $S_{0:4}$ e $S_{0:5}$ foi o seguinte:

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

em que:

Y_{ij} : valor observado na parcela que recebeu o tratamento i dentro do bloco j ;

m : média geral do experimento;

- t_i : efeito do tratamento i , sendo $i = 1, 2, 3, \dots, n-1$ e n , sendo n o número de tratamentos avaliados em cada geração (Tabela 11);
- b_j : efeito da repetição j , sendo $j = 1$ e 2 na geração $S_{0:1}$ e $j = 1, 2$ e 3 nas gerações $S_{0:3}$, $S_{0:4}$ e $S_{0:5}$;
- e_{ij} : erro experimental associado à observação Y_{ij} , assumindo que os erros são independentes e normalmente distribuídos, com média zero e variância σ_e^2 .

Para a avaliação da produtividade de grãos e porte nas gerações $S_{0:2}$, $S_{0:3}$, $S_{0:4}$ e $S_{0:5}$ utilizou-se o seguinte modelo estatístico,

$$Y_{ijl} = m + t_i + b_j + p_{l(j)} + e_{ijl}$$

em que:

- Y_{ijl} : valor observado na parcela que recebeu o tratamento i , no bloco l , dentro da repetição j ;
- m : média geral do experimento;
- t_i : efeito do tratamento i , sendo $i = 1, 2, 3, \dots, n-1$ e n , sendo n o número de tratamentos avaliados em cada geração (Tabela 11);
- b_j : efeito da repetição j , sendo $j = 1, 2$ e 3 ;
- $p_{l(j)}$: efeito do bloco l dentro da repetição j ;
- e_{ijl} : erro experimental associado à observação Y_{ijl} , assumindo que os erros são independentes e normalmente distribuídos, com média zero e variância σ_e^2 .

O modelo da ANAVA utilizado nas gerações $S_{0:1}$, $S_{0:2}$, $S_{0:3}$ e $S_{0:4}$ de avaliação dos caracteres produtividade, porte e tipo de grãos e as respectivas esperanças dos quadrados médios estão apresentadas na Tabela 12.

TABELA 12 Esquema da análise de variância utilizada nos experimentos de avaliação das gerações $S_{0:1}$, $S_{0:2}$, $S_{0:3}$ e $S_{0:4}$, com as respectivas esperanças dos quadrados médios – E(QM).

FV	QM	E(QM)
Tratamentos		
Famílias (F)	Q_1	$\sigma_e^2 + r\sigma_{G_F}^2$
Testemunhas (T)		
F vs. T		
Erro	Q_2	σ_e^2

σ_e^2 : variância ambiental; $\sigma_{G_F}^2$: variância genética entre famílias e r : número de repetições.

A partir das esperanças dos quadrados médios estimou-se a herdabilidade no sentido amplo (h^2) das famílias avaliadas nas gerações $S_{0:1}$, $S_{0:2}$, $S_{0:3}$ e $S_{0:4}$ para os caracteres em questão, pelo seguinte estimador:

$$h^2 = \frac{Q_1 - Q_2}{Q_1} \times 100$$

em que:

Q_1 : quadrado médio de famílias;

Q_2 : quadrado médio do erro.

Para determinar o intervalo de confiança da herdabilidade, foram obtidos os limites inferiores (LI) e superiores (LS) das estimativas de h^2 , utilizando-se as expressões apresentadas por Knapp et al. (1985), com $\alpha = 0,05$:

$$LI = \left\{ \left[\left(\frac{Q_1}{Q_2} \right) \times F_{1-\frac{\alpha}{2}; g^l_2, g^l_1} \right]^{-1} \right\}$$

$$LS = \left\{ \left[\left(\frac{Q_1}{Q_2} \right) \times F_{\frac{\alpha}{2}; g^l_2, g^l_1} \right]^{-1} \right\}$$

em que:

F : valor tabelado a $1-\alpha/2$ e $\alpha/2$. É obtido invertendo-se os graus de liberdade e tomando-se o recíproco do valor tabelado;

Q_1 e Q_2 : quadrado médio de famílias e quadrado médio do erro

g^l_1 e g^l_2 : graus de liberdade de Q_1 e Q_2 .

Utilizando-se as médias ajustadas dos tratamentos comuns à geração de referência, procedeu-se a análise conjunta das gerações $S_{0:2}$ e $S_{0:3}$, $S_{0:2}$, $S_{0:3}$ e $S_{0:4}$ e $S_{0:2}$, $S_{0:3}$, $S_{0:4}$ e $S_{0:5}$ para a produtividade de grãos e porte das plantas, segundo o seguinte modelo:

$$Y_{ijk} = m + t_i + b_{j(k)} + a_k + (ta)_{ik} + \bar{e}_{ijk}$$

em que:

Y_{ijk} : valor observado na parcela que recebeu o tratamento i , na repetição j , na safra (geração) k ;

m : média geral do experimento;

t_i : efeito do tratamento i , sendo $i = 1, 2, 3, \dots, n-1$ e n , sendo n igual ao número de tratamentos da população de referência;

$b_{j(k)}$: efeito da repetição j dentro da safra (geração) k , sendo $j = 1, 2$ e 3 ;

- a_k : efeito da safra (geração) k , sendo $k = 1$ e 2 na ANAVA conjunta da $S_{0:2}$ e $S_{0:3}$, $k = 1, 2$ e 3 na ANAVA conjunta da $S_{0:2}$, $S_{0:3}$ e $S_{0:4}$ e $k = 1, 2, 3$ e 4 na ANAVA conjunta da $S_{0:2}$, $S_{0:3}$, $S_{0:4}$ e $S_{0:5}$;
- $(ta)_{ik}$: efeito da interação entre o tratamento i e a safra (geração) k ;
- \bar{e}_{ijk} : erro efetivo médio associado à observação Y_{ijk} .

Considerando que o quadrado médio da interação famílias x safras representa a média das interações entre as gerações duas a duas, a decomposição da interação famílias x safras, em parte simples e complexa, foi realizada conforme descrito por Ramalho et al. (2000):

$$QM_{F \times S} = \frac{1}{2} \left(\sqrt{QM_{F_k}} - \sqrt{QM_{F_{k'}}} \right)^2 + \sqrt{QM_{F_k} \times QM_{F_{k'}}} (1 - r_{kk'})$$

em que:

QM_{F_k} e $QM_{F_{k'}}$: quadrado médio de família na safra k e na safra k' ;

$r_{kk'}$: correlação entre o desempenho médio das famílias nas duas safras.

É estimada por: $r_{ij} = \frac{COV_{kk'}}{\sqrt{\frac{QM_{F_k}}{r}} \times \sqrt{\frac{QM_{F_{k'}}}{r}}}$, sendo: $COV_{kk'}$ a

covariância entre o desempenho médio das famílias nas safras k e k' e r o número de repetições.

A estimativa da herdabilidade das análises conjuntas $S_{0:2}$ e $S_{0:3}$, $S_{0:2}$, $S_{0:3}$ e $S_{0:4}$ foi obtida pela seguinte expressão:

$$h^2 = \frac{\hat{\sigma}_G^2}{\hat{\sigma}_F^2} \times 100$$

em que:

σ_G^2 : variância genética das famílias na análise conjunta. Foi obtida a partir da estimativa da covariância entre o desempenho médio das famílias nas gerações envolvidas. Quando estiveram envolvidas mais de duas gerações, utilizou-se a média das covariâncias duas a duas;

σ_F^2 : variância fenotípica média, que foi obtida dividindo-se o quadrado médio de famílias da análise conjunta pelo número de repetições multiplicado pelo número de safras.

2.4 Obtenção da população base do segundo ciclo de seleção

Dez famílias $S_{0,2}$ do primeiro ciclo de seleção foram escolhidas para o processo de recombinação e formação da população base do segundo ciclo (S_0). Estas famílias foram selecionadas segundo a sua capacidade produtiva e porte das plantas. Com o intuito de manter a variabilidade genética, além da capacidade produtiva e do porte, as famílias foram escolhidas de tal forma que os genitores utilizados na formação da população base do primeiro ciclo estivessem representados em proporções iguais nas dez famílias selecionadas.

As famílias selecionadas foram cruzadas no esquema dialélico completo, sem os recíprocos. Das quarenta e cinco combinações possíveis, foram obtidos 41 híbridos. As sementes dos 41 híbridos foram semeadas no campo experimental do Departamento de Biologia da Universidade Federal de Lavras (UFLA), visando à obtenção das sementes das populações S_0 .

2.5 Avaliação das famílias segregantes do segundo ciclo de seleção

Plantas individuais de cada uma das 41 populações S_0 foram colhidas aleatoriamente e 390 plantas foram selecionadas segundo o tipo de grão. As sementes obtidas das 390 plantas foram separadas para dar início ao processo de avaliação das famílias segregantes do segundo ciclo. Dessa forma, cada planta originou uma família segregante, totalizando 390 famílias $S_{0.1}$.

Os experimentos de avaliação das famílias segregantes foram realizados no campo experimental do Departamento de Biologia da Universidade Federal de Lavras (UFLA). Os tratos culturais foram os mesmos descritos para o primeiro ciclo.

As testemunhas avaliadas nas gerações $S_{0.1}$ e $S_{0.2}$ foram os parentais utilizados na obtenção da população base do primeiro ciclo de seleção, exceto a cultivar IPR Uirapuru, que foi substituída pela cultivar Talismã.

O número de famílias e testemunhas avaliadas, a safra e o ano agrícola de avaliação, o delineamento e número de repetições, o tamanho das parcelas e os caracteres avaliados em cada geração encontram-se apresentados na Tabela 13.

TABELA 13 Detalhes experimentais da avaliação das famílias do segundo ciclo de seleção recorrente.

	$S_{0.1}$	$S_{0.2}$
Nº de famílias	390	186
Nº de testemunhas	10	10
Ano agrícola	2004	2004
Safra	Seca	Inverno
Delineamento	Látice 20 x 20	Látice 14 x 14
Nº de repetições	2	2
Parcela	1 linha de 2m	2 linhas de 2m
Caracteres avaliados	Produção Porte Grão	Produção Porte Grão

As famílias foram avaliadas quanto à capacidade produtiva ($g/2m^2$), porte e tipo de grão e as que tiveram o desempenho superior quanto aos caracteres avaliados em cada geração foram avançadas pelo método do *bulk* dentro de famílias.

2.6 Análise genético-estatística das famílias segregantes do segundo ciclo de seleção

Conforme apresentado para as gerações de avaliação do primeiro ciclo de seleção, procedeu-se as análises de variância individuais dos três caracteres em questão e, posteriormente, a análise conjunta das famílias comuns às gerações $S_{0.1}$ e $S_{0.2}$ para a produtividade de grãos e porte das plantas. Como no primeiro ciclo, procedeu-se a decomposição dos componentes da interação e estimou-se as herdabilidades das análises individuais e conjuntas.

2.7 Ganho com a seleção recorrente

Foram utilizadas duas alternativas para se estimar o ganho com a seleção recorrente:

a primeira foi utilizada para obter o ganho, considerando cada um dos caracteres separadamente. O estimador utilizado foi o seguinte:

$$GS_o = \frac{\bar{F} - \bar{T}}{\bar{T}} \times 100$$

em que:

GS_o : ganho percentual por ciclo para o caráter o ;

\bar{F} : desempenho médio das dez famílias $S_{0.2}$ selecionadas para o processo de recombinação;

\bar{T} : desempenho médio das nove testemunhas comuns aos dois ciclos de seleção obtidas no mesmo experimento de avaliação das famílias $S_{0.2}$ de cada ciclo.

A segunda foi utilizada para obter o ganho genético, considerando os três caracteres simultaneamente. Como a unidade da produtividade era $g/2m^2$ e a do porte e tipo de grão notas que variavam de 1 a 5, foi necessária a padronização dos dados para torná-los diretamente comparáveis (Steal et al., 1997). Para isso foi estimada a variável Z , pelo seguinte estimador:

$$Z = \frac{x - m}{s}$$

em que:

x : média do caráter considerado, da família i . Para a produtividade e porte, é o desempenho médio da família nas gerações $S_{0.2}$, $S_{0.3}$, $S_{0.4}$ e $S_{0.5}$ e, para o tipo de grão, apenas o desempenho da geração $S_{0.5}$;

m : média de todas as famílias e testemunhas da geração $S_{0.5}$. Para a produtividade e porte, é o desempenho médio das famílias nas gerações $S_{0.2}$, $S_{0.3}$, $S_{0.4}$ e $S_{0.5}$ e, para o tipo de grão, apenas o desempenho da geração $S_{0.5}$;

s : o desvio padrão do desempenho médio das referidas famílias.

Ao valor de Z foi somada a constante 3, para tornar todos os valores positivos. O ganho genético foi obtido apenas para o primeiro ciclo seletivo, considerando-se as cinco melhores famílias da geração $S_{0.5}$. Para isso, utilizou-se o seguinte estimador:

$$GS = \frac{\bar{Z}_i - \bar{Z}_j}{\bar{Z}_j} \times 100$$

em que:

\bar{Z}_i : média dos somatórios da variável padronizada Z , obtida para cada um dos caracteres avaliados das cinco melhores famílias;

\bar{Z}_j : média dos somatórios da variável de padronização Z , obtida para cada um dos caracteres avaliados das testemunhas CNFC 9455 e CNFC 9471.

3 RESULTADOS E DISCUSSÃO

3.1 Avaliação das famílias segregantes do primeiro ciclo de seleção recorrente (C_0)

Os resumos das análises de variância da produtividade e das notas aferidas ao porte da planta, referentes aos experimentos de avaliação das gerações $S_{0:1}$, $S_{0:2}$, $S_{0:3}$, $S_{0:4}$ e $S_{0:5}$ do primeiro ciclo de seleção recorrente (C_0), estão apresentados nas Tabelas 1A e 2A, respectivamente. Constatou-se, para ambos os caracteres, que o delineamento utilizado, látice quadrado, foi mais eficiente que o de blocos casualizados, em quase todas as gerações de avaliação. Evidencia-se, assim, que o seu emprego é vantajoso, uma vez que não acarreta custos adicionais, apenas restrição na casualização (Cochran & Cox, 1957).

Observou-se que os valores do coeficiente de variação (CV) estiveram sempre abaixo de 23,5% para ambos os caracteres avaliados, exceto na geração $S_{0:1}$ (Tabela 14). Tais estimativas estão dentro dos limites que são observados em trabalhos realizados com a cultura na região do Sul de Minas para estes caracteres (Marques Junior et al., 1997). Vale mencionar que a avaliação do porte é realizada visualmente e que a subjetividade da avaliação, associada à dificuldade de se ter a padronização das notas atribuídas à parcela, pode contribuir para maiores estimativas do CV. Contudo, Teixeira et al. (1999) observaram que a avaliação de famílias é mais precisa que a avaliação de plantas individuais e que, apesar da acentuada influência do ambiente na expressão do caráter e da dificuldade de se avaliar famílias segregantes, há possibilidade de sucesso com a seleção.

Em qualquer programa de melhoramento, a existência de variabilidade para o caráter de interesse é de extrema importância para que se possa realizar o

processo de seleção dos melhores indivíduos, sobretudo quando associada a uma boa precisão experimental. O teste F, realizado para a fonte de variação tratamentos, permite inferir sobre a existência de variabilidade entre os tratamentos. No presente estudo, em quase todas as gerações, foi detectada diferença significativa entre as médias dos tratamentos, tanto para a produção de grãos como para o porte da planta (Tabelas 1A e 2A).

A decomposição da soma de quadrados dos tratamentos da produtividade de grãos e do porte da planta revelou a existência de variabilidade entre as famílias avaliadas (Tabelas 1A e 2A). Já a fonte de variação testemunhas, a qual envolvia os genitores, foi não significativa. Esse resultado mostra que os genitores apresentaram desempenho semelhante. Vale salientar que o contraste famílias vs. testemunhas foi não significativo em quase todas as gerações de avaliação. Esse fato indica que o desempenho médio das famílias foi semelhante à média das testemunhas. Como houve variabilidade entre as famílias, é esperado que se possam selecionar indivíduos com desempenho superior as testemunhas.

A interação genótipos x ambientes é um dos principais entraves do trabalho do melhorista de feijão. A possibilidade de se realizar o plantio da cultura em três safras distintas ao longo do ano exige que o trabalho de melhoramento seja realizado de forma a produzir cultivares mais estáveis às variações ambientais. Para tanto, faz-se necessário conduzir os ensaios de avaliação nas diferentes safras, estudar a interação, verificar a sua natureza (simples ou complexa) e, a partir dos resultados obtidos, determinar a melhor estratégia de ação.

No presente trabalho, o estudo da interação entre genótipos e safras foi realizado por meio da análise conjunta das famílias comuns das gerações $S_{0:2}$, $S_{0:3}$, $S_{0:4}$ e $S_{0:5}$ do primeiro ciclo de seleção recorrente para os caracteres produtividade e porte da planta (Tabelas 4A, 5A, 6A, 7A, 8A e 9A).

Para a produtividade de grãos, de modo geral, constatou-se que os quadrados médios da interação famílias x safras (gerações) foram não significativos. Este resultado sugere que as famílias e testemunhas avaliadas tiveram um comportamento coincidente nas diferentes safras, condição esta favorável à seleção.

A ausência da interação para a produtividade de grãos é contraditória à grande maioria dos trabalhos realizados com o feijoeiro que, além de detectarem a presença de interação significativa, verificaram que há a predominância da parte complexa (Abreu, 1989; Takeda, 1990; Carneiro, 2002; Oliveira, 2003). Além disso, os resultados obtidos em outros estudos realizados com esta leguminosa têm mostrado que a interação genótipos x safras é mais expressiva que a interação genótipos x locais (Ramalho et al., 1993; Ramalho et al., 1998). Neste caso, sugere-se a avaliação das famílias em um maior número de safras em detrimento do número de locais.

As análises conjuntas das gerações, considerando as notas do porte da planta, revelaram a presença de interação significativa de tratamentos x safras e famílias x safras quando consideraram-se os indivíduos selecionados até a geração $S_{0.4}$ (Tabelas 7A e 8A). Estes resultados indicam que, para esse caráter, o comportamento das famílias não foi coincidente nas diferentes gerações (safras). Resultados semelhantes foram relatados por Collicchio et al. (1997).

Vale ressaltar, ainda, que a discriminação das melhores e piores famílias quanto ao porte é mais precisa que das intermediárias. Como a interação é o resultado da média das interações duas a duas, pode-se dizer que, provavelmente, a maior parte da interação seja proveniente destas famílias com notas intermediárias.

A decomposição do quadrado médio da interação famílias x safras indicou a predominância da parte complexa (Tabelas 7A e 8A). Visualiza-se que a parte complexa corresponde a 88% da variação total da interação, tanto na

análise conjunta das gerações $S_{0:2}$ e $S_{0:3}$ como da $S_{0:2}$, $S_{0:3}$ e $S_{0:4}$. Este resultado indica que, para se alcançar maiores ganhos, a seleção das melhores famílias deve ser realizada com base na avaliação de, pelo menos, três safras, como sugerido por Collicchio et al. (1997) e Teixeira et al. (1999).

Contudo, quando a análise conjunta foi realizada utilizando-se apenas os indivíduos comuns à geração $S_{0:5}$, a interação entre famílias x safras foi não significativa (Tabela 9A). Este resultado confirma o que foi comentado anteriormente a respeito da maior facilidade de identificação dos genótipos extremos e, conseqüentemente, da maior precisão e consistência das notas aferidas a estas famílias. Nota-se, na Tabela 10^A, que as notas médias do porte dadas às 14 famílias avaliadas na geração $S_{0:5}$ foram, em sua grande maioria, inferiores a 2 e que, nas demais gerações, estas famílias tiveram um comportamento semelhante.

Pelo exposto, verifica-se que, embora tenha ocorrido interação entre famílias x safras para o porte da planta, o que sugere a necessidade de se realizar a seleção tomando-se a média das avaliações nas três safras, o resultado obtido com a análise conjunta das gerações $S_{0:2}$, $S_{0:3}$, $S_{0:4}$ e $S_{0:5}$ indica que esta interação deva ser causada principalmente pela oscilação das notas atribuídas às famílias de caráter intermediário. Dessa forma, a seleção branda realizada nas gerações iniciais propicia uma melhor discriminação das famílias mais promissoras em gerações mais avançadas, pois, nessa condição, elas poderiam ser avaliadas utilizando-se parcelas maiores e experimentos com maior número de repetições.

Os gráficos de distribuição de frequência das médias das famílias para a produção de grãos e do porte da planta confirmaram a presença de variabilidade entre as famílias avaliadas no primeiro ciclo de seleção recorrente (Figuras 1A, 2A, 3A e 4A). Considerando, por exemplo, a geração $S_{0:1}$, verifica-se que a amplitude de variação foi de 684 g/parcela. Este valor é 1,37 vez superior ao desempenho médio das famílias. Com relação às notas de porte, nessa mesma

geração, a amplitude foi de 2,25 unidades, isto é, 1,04 vez acima da média das famílias. Chama a atenção o fato de que em todas as gerações foram obtidas famílias com desempenho médio superior às médias das testemunhas, para ambos os caracteres. Como exemplo, na geração $S_{0,5}$, cerca de 64% das famílias avaliadas quanto à produtividade se encontram em classes superiores ou na mesma classe em que estaria a média das testemunhas. Quanto ao porte da planta, aproximadamente 29% das famílias avaliadas estariam na mesma classe que a média das testemunhas.

Como o objetivo deste trabalho é obter linhagens de porte ereto que possuam boa produtividade e grãos dentro do padrão comercial, não basta apenas identificar famílias que sejam superiores às testemunhas em uma determinada característica isoladamente. Dessa forma, a seleção foi realizada seguindo o critério de se selecionar as melhores linhagens de porte ereto que possuíssem boa produtividade e grãos de qualidade superior às testemunhas. Para tanto, a partir da geração $S_{0,3}$, além da produtividade e do porte da planta, foram atribuídas notas ao tipo de grão das famílias e testemunhas avaliadas.

Assim como para a produtividade e para o porte da planta, as médias das notas atribuídas ao tipo de grão dos tratamentos diferiram significativamente em todas as gerações (Tabela 3A). A decomposição da soma de quadrados de tratamentos revelou a existência de variabilidade entre as famílias. Porém, como era esperado, com o avançar das gerações de seleção, houve redução na variabilidade para o caráter em questão e afunilamento em direção às menores notas. Evidencia-se, assim, que este caráter possui maior probabilidade de sucesso com a seleção. Os gráficos de distribuição de frequência das notas do tipo de grão permitem uma melhor visualização deste fato (Figura 5A). Como se observa, a amplitude de variação reduziu de 2 (geração $S_{0,3}$) para 0,9 (geração $S_{0,5}$) e a frequência de famílias com notas de menor magnitude aumentou. Verifica-se, também, que a frequência de famílias que apresentaram notas de

grão que estão incluídas em classes inferiores ou na mesma classe que a média das testemunhas na geração $S_{0,5}$ é de, aproximadamente, 78%.

A existência de variabilidade genética entre as famílias para os caracteres avaliados pode ser comprovada pelas estimativas da herdabilidade (h^2) (Tabelas 14 e 15). Para o caráter produtividade, as estimativas da herdabilidade variaram de 18,7% a 53,5% e, para o porte da planta, de 9,0% a 58,3%. É oportuno enfatizar que, para as gerações $S_{0,1}$ e $S_{0,4}$, o limite inferior da herdabilidade foi negativo, indicando que, nessas gerações, a herdabilidade pode ter sido nula. Esse fato pode ser explicado considerando que, nessas duas gerações a precisão experimental foi menor.

Na literatura há diversos relatos de estimativas de herdabilidade do caráter produtividade. Uma compilação dos valores obtidos em experimentos realizados até o ano de 2003 com a cultura do feijão utilizando a avaliação de famílias foi apresentada por Teixeira (2004). Os valores apresentados variam de 10,6 a 74,0. Como se observa, as estimativas obtidas no presente trabalho estão dentro do intervalo de variação das encontradas nos demais trabalhos. Contudo, é importante enfatizar que a comparação de estimativas da herdabilidade, utilizando famílias, nem sempre é válida, devido às diferenças do número de famílias testadas, tamanho de parcelas, gerações de avaliação e épocas de semeadura.

Devido à melhor precisão experimental e à menor influência do ambiente na determinação do caráter, as estimativas da herdabilidade das notas do tipo de grão foram mais elevadas que as obtidas para as demais características avaliadas (Tabela 15). Corrobora, ainda, o fato de que os valores obtidos para o limite superior e inferior das herdabilidades das notas do tipo de grão conferem maior confiabilidade às suas estimativas do que as da produtividade e do porte da planta.

Vale ressaltar que a seleção para o tipo de grão no primeiro ciclo foi iniciada somente na geração $S_{0:3}$, após um intenso processo de seleção das melhores famílias quanto à produtividade e porte da planta. Todavia, as estimativas da herdabilidade foram altas, revelando que o processo seletivo realizado anteriormente não esgotou a variabilidade genética da população para o tipo de grão. Este resultado é importante, pois indica a independência dos genes que estão envolvidos com a produtividade de grãos e o porte da planta com os genes que determinam o tipo de grão. Resultados semelhantes em relação à ausência de ligação entre os genes que controlam a produtividade e o tipo de grãos foram obtidos por Santos (2001) e Carneiro (2002).

Embora a interação famílias x safras tenha sido não significativa para a produtividade de grãos, verifica-se que as estimativas de herdabilidade da análise conjunta foram inferiores às estimativas das análises individuais (Tabela 14). Embora os valores sejam diferentes em magnitude, de modo geral, as estimativas da análise conjunta estão dentro do intervalo de confiança das individuais. É preciso enfatizar que, nas análises individuais, a variância genética foi quase sempre superior às das análises conjuntas, em parte devido à redução do número de famílias das gerações que antecederam a geração base da análise conjunta.

A estimativa da herdabilidade do porte da planta da análise conjunta das gerações $S_{0:2}$ e $S_{0:3}$ foi inferior à obtida na análise individual da geração $S_{0:3}$ (Tabela 14). Este resultado é decorrente da exclusão do componente da variância da interação ($\sigma_{F \times S}^2$) da estimativa da variância genética (σ_G^2) (Cruz & Regazzi, 2001). Verifica-se, neste caso, que o componente da interação foi quase 6,5 vezes maior que o componente da variância genética (Tabela 7A).

As médias da produtividade e das notas do porte das dez famílias selecionadas na geração $S_{0:2}$ para serem inter cruzadas e formarem a população base do segundo ciclo de seleção recorrente estão apresentadas na Tabela 16. As

famílias foram escolhidas, considerando-se simultaneamente os caracteres produtividade e porte. Com o intuito de manter a variabilidade genética, optou-se também por realizar a escolha de tal forma que se mantivessem representados, em proporções iguais, todos os genitores utilizados no dialelo que deu origem à população base do primeiro ciclo.

Por fim, a Tabela 10A apresenta as médias obtidas pelas famílias e testemunhas dos três caracteres avaliados na geração $S_{0.5}$. Observa-se que, das 14 famílias avaliadas, 8 são oriundas do cruzamento entre os genitores CNFC 9484 e IAPAR 81 (8 x 9). Este cruzamento, como apresentado no capítulo anterior, foi o que apresentou a segunda maior probabilidade, dentre as populações escolhidas para o desenvolvimento do programa de seleção recorrente, de gerar linhagens com desempenho superior ao da linhagem IPR Uirapuru (Tabela 10). Vale salientar que a população que apresentou a maior probabilidade possuía baixa estimativa de variância genética (1,96), enquanto que a população resultante do cruzamento entre os parentais CNFC 9484 e IAPAR 81 detinha a segunda maior estimativa (40,96). Este resultado indica que esta metodologia pode ser aplicada com sucesso na cultura do feijão.

Ressalta-se ainda que, das 14 famílias avaliadas na geração $S_{0.5}$, apenas duas foram escolhidas na geração $S_{0.2}$ para o processo de recombinação. Como as famílias a serem recombinadas não foram escolhidas apenas pelo desempenho médio dos caracteres avaliados, este resultado já era esperado. Porém, vale mencionar que a seleção iniciada na geração $S_{0.3}$ para o tipo de grão pode também ter contribuído para a não coincidência das famílias escolhidas para a recombinação e as avaliadas na geração $S_{0.5}$. Por fim, a presença da interação famílias x safras para o caráter porte também deve ter contribuído para este fato, que deve ser de ocorrência freqüente nos programas de seleção recorrente em plantas autógamas. A estratégia a ser utilizada para atenuar o seu efeito seria a inclusão das famílias (linhagens) obtidas ao final de cada ciclo e com

desempenho comprovadamente superior em futuros ciclos de recombinação. Esse procedimento deverá ser utilizado na continuação deste programa de seleção recorrente.

3.2 Avaliação das famílias segregantes do segundo ciclo de seleção recorrente (C₁)

Como no primeiro ciclo de seleção recorrente, observaram-se, para todos os caracteres avaliados, diferenças significativas entre os tratamentos (Tabelas 11A, 12A e 13A). A decomposição da soma de quadrados de tratamentos também detectou a existência de variabilidade entre as famílias avaliadas. Este resultado é importante, pois, um dos princípios básicos da seleção recorrente é a manutenção da variabilidade genética ao longo dos ciclos de seleção (Hallauer, 1999). A fonte de variação testemunhas foi não significativa para a produtividade de grãos e significativa para o porte e tipo de grãos. Vale mencionar que houve a substituição da testemunha IPR Uirapuru, que tem os grãos de cor preta, pela cultivar Talismã, de grãos tipo carioca e que foi recentemente recomendada para o cultivo no estado de Minas Gerais (Abreu et al., 2004). Esta cultivar possui o porte menos ereto que as demais testemunhas e, por este motivo, a variabilidade entre as testemunhas para o porte pode ter aumentado em relação ao primeiro ciclo.

Diferentemente do que ocorreu no primeiro ciclo de seleção, o contraste famílias vs. testemunhas foi significativo nas duas gerações, S_{0:1} e S_{0:2}. Como se observa (Tabelas 17 e 18), as médias das famílias foram superiores às das testemunhas, tanto para a produtividade como para o porte da planta e inferiores para o tipo de grão. Este resultado indica que as famílias foram, em média, mais produtivas e apresentaram melhor qualidade de grãos, porém, possuem porte menos ereto. A princípio, este fato confirma a correlação negativa entre porte e

produtividade apresentada em alguns trabalhos realizados com a cultura do feijão (Coyne, 1980; Checa & Blair, 2003).

A análise conjunta das famílias comuns as duas gerações de seleção revelou a existência de interação famílias x safras significativa para a produção de grãos (Tabela 14A). Já para o porte da planta, não foi detectada interação significativa (Tabela 15A). Este resultado é o contrário do que foi obtido no primeiro ciclo e denota que a interação é um fenômeno particular a cada população não sendo possível, a priori, antever o seu resultado.

A decomposição do quadrado médio da interação famílias x safras da produtividade acusou a predominância da parte complexa (Tabela 14A). Registra-se que a parte complexa correspondeu a 99,5% da variação total e a parte simples a apenas 0,5%. Caracteriza-se que, nesta situação, para a obtenção de linhagens mais estáveis, a seleção quanto à produtividade deve ser realizada tomando-se a média das avaliações das diferentes safras.

As análises das distribuições de frequências confirmaram a existência de variabilidade para os caracteres avaliados (Figuras 6A, 7A e 8A). Visualiza-se também a melhoria da produtividade e da qualidade dos grãos em detrimento do porte. Na geração $S_{0,2}$, por exemplo, aproximadamente 90% e 81% das famílias ficaram na mesma classe ou em classes que apresentaram desempenho superior à média das testemunhas quanto à produtividade e tipo de grão, respectivamente. Porém, nenhuma família teve desempenho melhor que a média das notas atribuídas às testemunhas quanto ao porte. Entretanto, este fato não implica na impossibilidade de seleção de linhagens que associem o porte ereto com a alta produtividade e boa qualidade de grãos, uma vez que, 19,4% das famílias testadas na geração $S_{0,2}$ tiveram notas inferiores a 2,5, ou seja, 36 famílias das 186 avaliadas foram caracterizadas por possuírem o porte dentro dos padrões de plantas eretas.

A estimativa da herdabilidade da produtividade de grãos da análise conjunta foi de pequena magnitude e inferior à observada na análise individual da geração $S_{0.2}$, por exemplo (Tabela 17). A principal razão para a ocorrência deste fato é a existência da interação famílias x safras, já comentada para este caráter. Por outro lado, a estimativa da herdabilidade das notas dadas ao porte das famílias foi elevada (Tabela 17). A herdabilidade para o tipo de grão, verificada na análise individual, foi semelhante aos valores obtidos no primeiro ciclo, confirmando a maior facilidade de se realizar o processo de seleção para este caráter (Tabela 18).

Como no primeiro ciclo de seleção, a escolha das melhores famílias a serem recombinadas para a formação da população base do próximo ciclo de seleção foi realizada considerando-se a produtividade, porte e tipo de grão. É oportuno enfatizar que foram incluídas na recombinação as 5 melhores famílias $S_{0.5}$ do ciclo anterior. Este procedimento torna o processo de seleção recorrente em plantas autógamas mais flexível e dinâmico.

3.3 Estimativa do ganho com a seleção

A literatura apresenta algumas alternativas para a avaliação do ganho com a seleção recorrente na cultura do feijão. Uma delas baseia-se na comparação das médias das melhores famílias obtidas ainda nas primeiras gerações segregantes do programa de seleção. Esta estratégia propicia a estimativa precoce do ganho com a seleção e foi utilizada por Singh et al. (1999) e Ranali (1996). Outra alternativa é a avaliação das linhagens de melhor desempenho obtidas no final de cada ciclo, como realizado por Ramalho et al. (2003). No presente trabalho foram utilizadas as duas alternativas para se estimar o ganho com a seleção.

Um segundo ponto abordado sobre o ganho com a seleção refere-se à população de referência utilizada para realizar a sua estimativa. Em alguns trabalhos tem sido utilizada uma amostra da população base de cada ciclo (Ranali, 1996; Singh et al., 1999). Esse procedimento tem o inconveniente de que a amostra utilizada na avaliação pode não representar bem a população de referência. Considerando que o objetivo final da seleção recorrente é obter linhagens que superem as cultivares recomendadas, uma opção, que seria mais viável, é a comparação das famílias com as testemunhas utilizadas no experimento. Testemunhas, estas que tenham sido recomendadas para o cultivo. Essa estratégia é a que foi empregada neste trabalho.

As Tabelas 16 e 19 apresentam o ganho obtido para os caracteres produtividade, porte e tipo de grão, considerando-se as dez famílias selecionadas na geração $S_{0:2}$ para a recombinação. Observa-se que o ganho obtido em relação às testemunhas para a produtividade de grãos foi de 12,2% ou 310 kg/há, no primeiro ciclo e de 18,3% ou 545 kg/há, no segundo. Estes valores correspondem à estimativa de ganho médio por ciclo de 15,3%. Resultado semelhante foi obtido por Singh et al. (1999).

O ganho obtido com a melhoria da qualidade dos grãos foi de 18,5%, considerando apenas o segundo ciclo, pois, não foram atribuídas notas ao tipo de grão no primeiro ciclo de seleção (Tabela 19). Como se observa, os parentais (testemunhas) possuem, na grande maioria, grãos não comerciáveis, ou seja, notas acima de 3,0. Por outro lado, todas as famílias selecionadas apresentam grãos dentro dos padrões comerciais. Percebe-se ainda que o ganho obtido em relação ao porte da planta foi negativo. As notas dadas ao porte das famílias do primeiro e segundo ciclo foram, respectivamente, 4,2% e 35,7% superiores às atribuídas às testemunhas.

Como o objetivo deste programa é selecionar linhagens que associem alta produtividade, porte ereto e tipo de grãos comercialmente aceitos, o real

interesse é verificar o ganho obtido após a seleção das melhores famílias avaliadas na geração $S_{0.5}$, considerando os três caracteres em conjunto. Dessa forma, a identificação das famílias com o desempenho superior foi realizada pelo somatório da variável padronizada Z (Steel et al., 1997), calculada para cada caráter. Vale lembrar que o padrão de notas atribuído ao porte e ao tipo de grão foi invertido para o cálculo de Z , isto é, a nota 5 passou a corresponder ao valor 1 da escala anterior e vice-versa.

Na Tabela 20 estão apresentadas as médias obtidas e os valores de Z para as quatorze famílias e as duas testemunhas avaliadas na geração $S_{0.5}$. Visualiza-se que, para tornar os valores de Z positivos, foi somada a este parâmetro uma constante de valor 3 em todos os casos. Assim, o somatório representa um índice de seleção em que as três variáveis têm peso igual. Verifica-se que, na média das 14 famílias, o somatório de Z apresentou o valor igual a 8,9, ao passo que a média das testemunhas teve o valor igual a 9,6. Já as 5 melhores famílias apresentaram média 3,1% acima das testemunhas. Infere-se, assim, que já no primeiro ciclo seletivo foi possível obter linhagens com o desempenho superior ao das testemunhas.

TABELA 14 Estimativas do coeficiente de variação (CV), das médias das famílias (\bar{F}) e testemunhas \bar{T} , herdabilidade (h^2), limite inferior da herdabilidade (LI) e limite superior da herdabilidade (LS) da produtividade de grãos ($g/2m^2$) e das notas aferidas ao porte das plantas, obtidas das análises individuais de cada geração (safra) e das análises conjuntas das gerações do primeiro ciclo de seleção recorrente.

Gerações	CV (%)	Produtividade					Porte					
		\bar{F}	\bar{T}	h^2 (%)	LI	LS	CV (%)	\bar{F}	\bar{T}	h^2 (%)	LI	LS
S _{0:1}	28,4	497,9	372,0	18,7	-7,9	38,6	26,6	2,2	1,9	9,0	-20,7	31,4
S _{0:2}	19,7	523,3	528,3	36,0	13,2	52,2	21,2	2,5	2,4	52,6	35,4	64,4
S _{0:3}	22,8	362,4	382,8	53,5	25,7	70,1	16,2	2,1	1,9	58,3	33,4	73,2
S _{0:4}	22,4	565,7	602,5	19,5	-53,2	55,6	23,4	2,1	1,9	36,0	-21,8	64,7
S _{0:5}	21,8	296,2	310,9	-	-	-	22,3	1,7	1,0	-	-	-
S _{0:2} - S _{0:3}	21,0	463,7	458,8	40,7	-	-	21,7	2,2	2,1	13,2	-	-
S _{0:2} - S _{0:3} - S _{0:4}	19,9	514,9	488,1	0,0	-	-	22,1	2,2	1,9	52,4	-	-
S _{0:2} - S _{0:3} - S _{0:4} - S _{0:5}	22,1	455,9	443,8	-	-	-	23,7	2,1	1,7	-	-	-

91

TABELA 15 Estimativas do coeficiente de variação (CV), das médias das famílias (\bar{F}) e testemunhas \bar{T} , herdabilidade (h^2), limite inferior da herdabilidade (LI) e limite superior da herdabilidade (LS) das notas aferidas ao tipo de grão, obtidas das análises individuais das gerações (safras) do primeiro ciclo de seleção recorrente.

Gerações	CV (%)	\bar{F}	\bar{T}	h^2 (%)	LI	LS
S _{0:3}	16,0	3,0	3,0	57,7	33,1	72,3
S _{0:4}	9,7	2,5	2,7	82,8	67,9	90,2
S _{0:5}	15,9	2,2	2,3	-	-	-

TABELA 16 Média das dez famílias selecionadas na geração $S_{0:2}$ do primeiro ciclo de seleção recorrente (C_0) para a recombinação e formação da população base do segundo ciclo (C_1) e as médias das nove testemunhas comuns à geração $S_{0:2}$ do segundo ciclo de seleção recorrente. Estimativa do ganho com a seleção em relação à média das testemunhas.

Genótipos	Cruzamentos	Produção (g/2m ²)	Porte
A	1 x 3 – 113	591	2,6
B	1 x 6 – 175	584	3,0
C	2 x 5 – 55	509	2,3
D	2 x 6 – 155	593	2,8
E	3 x 8 – 133	500	2,0
F	4 x 7 – 33	493	2,3
G	4 x 9 – 80	576	3,0
H	5 x 10 – 44	622	1,2
I	7 x 10 – 2	666	1,8
J	8 x 9 – 94	575	3,6
1 – Carioca MG	-	450	2,5
2 – LP 9876	-	491	2,2
3 – CNFC 9454	-	431	2,2
4 – CNFC 9455	-	477	1,8
5 – CNFC 9458	-	538	2,4
6 – CNFC 9466	-	629	2,9
7 – CNFC 9471	-	495	2,0
8 – CNFC 9484	-	524	2,3
9 – IAPAR 81	-	546	3,1
Média das famílias selecionadas		571	2,5
Média das testemunhas		509	2,4
Ganho (%)		12,18	-4,17

TABELA 17 Estimativas do coeficiente de variação (CV), das médias das famílias (\bar{F}) e testemunhas \bar{T} , herdabilidade (h^2), limite inferior da herdabilidade (LI) e limite superior da herdabilidade (LS) da produtividade de grãos ($g/2m^2$) e das notas aferidas ao porte das plantas, obtidas das análises individuais de cada geração (safra) e das análises conjuntas das gerações do segundo ciclo de seleção recorrente.

Gerações	CV (%)	Produtividade					Porte					
		\bar{F}	\bar{T}	h^2 (%)	LI	LS	CV (%)	\bar{F}	\bar{T}	h^2 (%)	LI	LS
S _{0:1}	20,9	512,9	402,9	58,2	48,8	65,9	17,9	3,0	2,3	16,9	-1,7	32,2
S _{0:2}	19,6	699,3	595,3	25,3	-0,3	44,5	13,9	2,7	1,5	63,5	51,0	72,9
S _{0:1} – S _{0:2}	20,3	635,9	499,1	2,5	-	-	15,9	2,8	1,9	51,7	-	-

TABELA 18 Estimativas do coeficiente de variação (CV), das médias das famílias (\bar{F}) e testemunhas \bar{T} , herdabilidade (h^2), limite inferior da herdabilidade (LI) e limite superior da herdabilidade (LS) das notas atribuídas ao tipo de grão, obtidas das análises individuais das gerações (safras) do segundo ciclo de seleção recorrente.

Gerações	CV (%)	\bar{F}	\bar{T}	h^2 (%)	LI	LS
S _{0:1}	22,2	2,7	3,3	56,8	47,4	64,6
S _{0:2}	14,0	2,9	3,2	52,5	36,8	64,3

TABELA 19 Média das dez famílias selecionadas na geração $S_{0,2}$ do segundo ciclo de seleção recorrente (C_1), para a recombinação e formação da população base do terceiro ciclo (C_2) e as médias das nove testemunhas comuns à geração $S_{0,2}$ do primeiro ciclo de seleção recorrente. Estimativa do ganho com a seleção em relação à média das testemunhas.

Genótipos	Cruzamentos	Produção	Porte	Grão
K	A x H – 332	644	1,8	2,3
L	B x E – 242	788	2,1	2,6
M	D x F – 147	588	2,0	2,8
N	D x F – 149	791	1,7	2,8
O	E x F – 167	689	1,9	2,6
P	E x F – 171	894	2,1	1,9
Q	F x G – 21	645	1,8	2,0
R	F x G – 23	751	2,1	2,9
S	G x I – 29	644	2,1	2,8
T	H x I – 312	615	1,7	2,9
1 – Carioca MG	-	529	1,6	4,1
2 – LP 9876	-	549	1,4	3,3
3 – CNFC 9454	-	612	1,1	3,0
4 – CNFC 9455	-	731	1,0	3,1
5 – CNFC 9458	-	607	1,8	2,5
6 – CNFC 9466	-	628	1,6	3,1
7 – CNFC 9471	-	508	1,1	4,0
8 – CNFC 9484	-	566	1,3	3,0
9 – IAPAR 81	-	630	1,6	2,9
Média das famílias selecionadas		705	1,9	2,6
Média das testemunhas		596	1,4	3,2
Ganho (%)		18,29	-35,71	18,75

TABELA 20 Médias da produtividade de grãos ($\text{g}/2\text{m}^2$) e das notas do porte referentes à análise conjunta das gerações $S_{0:2}$, $S_{0:3}$, $S_{0:4}$ e $S_{0:5}$ e das notas atribuídas ao tipo de grão da geração $S_{0:5}$ do primeiro ciclo de seleção recorrente (C_0). Valores da variável de padronização Z e a estimativa do ganho com a seleção em relação à média das testemunhas, considerando a média das 5 famílias selecionadas.

Genótipos	Produtividade	Z	Porte	Z	Grão	Z	$\sum Z$
1 x 3 – 120	441	2,6	3,9	2,8	4,2	4,4	9,7
2 x 6 – 162	419	1,9	4,1	3,5	3,8	3,2	8,6
3 x 8 – 133	445	2,7	4,1	3,4	4,2	4,4	10,4
4 x 9 – 81	423	2,0	4,0	2,9	3,8	3,2	8,1
4 x 9 – 82	471	3,5	4,1	3,4	3,8	3,2	10,2
5 x 10 – 42	516	5,0	3,9	2,9	3,5	2,0	9,9
8 x 9 – 100	469	3,5	3,8	2,2	3,7	2,6	8,3
8 x 9 – 101	419	1,9	4,2	3,8	4,0	3,8	9,4
8 x 9 – 107	466	3,4	3,7	1,9	4,0	3,8	9,0
8 x 9 – 108	429	2,2	3,6	1,7	3,8	3,2	7,1
8 x 9 – 111	433	2,3	4,0	3,2	4,0	3,8	9,3
8 x 9 – 93	470	3,5	4,3	4,2	3,3	1,4	9,1
8 x 9 – 94	474	3,6	3,3	0,7	3,7	2,6	6,9
8 x 9 – 99	507	4,7	3,9	2,7	3,3	1,4	8,8
CNFC 9455	416	1,8	4,3	4,3	4,0	3,8	9,8
CNFC 9471	472	3,6	4,4	4,4	3,3	1,4	9,4
Média das famílias	455,9	3,1	3,9	2,8	3,8	3,1	8,9
Média das 5 famílias selecionadas	458,4	3,1	4,0	3,3	3,9	3,6	9,9
Média das testemunhas	444,0	2,7	4,4	4,4	3,7	2,6	9,6
Ganho (%)	3,24	14,81	-9,09	-25,00	5,41	38,46	3,13

4 CONCLUSÕES

A seleção recorrente foi eficiente no desenvolvimento de linhagens de feijão que associem alta capacidade produtiva de grãos, porte ereto e grãos tipo carioca comercialmente aceitos.

O progresso genético obtido com a seleção recorrente para a produtividade e para o tipo de grão foi expressivo e de grande magnitude quando considerada as 10 famílias $S_{0.2}$ selecionadas para a recombinação. Para o porte da planta, o progresso genético foi negativo, porém, as notas atribuídas às famílias selecionadas possuem média inferior a dois, o que possibilita inferir que elas possuem porte ereto.

O progresso genético estimado, considerando-se os três caracteres simultaneamente, foi de 3,1%.

As estimativas dos parâmetros genéticos e fenotípicos, obtidas nas diferentes gerações, associadas ao desempenho médio das famílias, possibilitam antever o sucesso da seleção recorrente em futuros ciclos.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- ABREU, A. F. B. **Avaliação de progênies de feijoeiro do cruzamento “Carioca 80” x “Rio Tibagi” em diferentes densidades de plantio.** 1989. 63 p. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Universidade Federal de Lavras, Lavras, MG.
- ABREU, A. F. F.; RAMLHO, M. A. P.; CARNEIRO, J. E. S.; GONÇALVES, F. M. A.; SANTOS, J. B.; PELOSO, M. J. D.; FARIA, L. C.; CARNEIRO, G.E.S.; FILHO, I. A. P. BRSMG Talimã: common bean cultivar with carioca grain type. **Annual report of the bean improvement cooperative**, New York, v. 47, p. 319-320, 2004.
- BASSETT, M. J.; MCCLEAN, P. **A brief review of the genetics of partly colored seed coats in common bean.** 2000.
- BENINGER, C. W.; HOSFIELD, G. L.; BASSETT, M. J.; OWENS, S. Chemical and Morphological Expression of the *B* and *Asp* seedcoat genes in *Phaseolus vulgaris*. **Journal American Society Horticultural Science**, Alexandria, v. 125, n. 1, p. 52-58, Jan. 2000.
- BROTHERS, M. E.; KELLY, J. D. Interrelationship of plant architecture and yield components in the pinto bean ideotype. **Crop Science**, Madison, v. 33, n. 6, p. 1234-1238, Nov./Dec. 1993.
- CARNEIRO, G. E. S.; FILHO, I. A. P. ‘BRSMG Talismã’: Common bean cultivar with carioca grain type. **Annual report of the bean improvement cooperative**, New York, v. 47, p. 319-320, 2004.
- CARNEIRO, J. E. S. **Alternativas para obtenção e escolha de populações segregantes no feijoeiro.** 2002. 134 p. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Universidade Federal de Lavras, Lavras, MG.
- CHECA, O.; BLAIR, M. W. Trait correlation in climbing beans. **Annual report of the bean improvement cooperative**, New York, v. 46, p. 15-16, 2003.
- COCHRAN, W. G.; COX, G. M. **Experimental designs.** 2. ed. New York: John Wiley, 1957. 612 p.

COLLICCHIO, E.; RAMALHO, M. A. P.; ABREU, A. F. B. Associação entre o porte da planta do feijoeiro e o tamanho dos grãos. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 32, n. 3, p. 297-304, mar. 1997.

CONAB. Disponível em: 2005 <http://www.conab.gov.br>>. Acesso em: 2005.

COYNE, D. P. Modification of plant architecture and crop yield by breeding. **Hortscience**, Alexandria, v. 15, n. 3, p. 244-247, June 1980.

CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. 2. ed. rev. Viçosa: UFV, 2001. 390 p.

HALLAUER, A. R. Heterosis: What have we learned? What have we done? What are we headed? In: COOORS, J. G.; PANDEY, S. **Genetics and exploitation of heterosis in crops**. Madison: American Society of Agronomy, 1999. p. 225-254.

KELLY, J. D.; ADAMS, M. W. Phenotypic recurrent selection in ideotype breeding of pinto beans. **Euphytica**, Wageningen, v. 36, n. 1, p. 69-80, 1987.

KNAPP, S. J.; STROUP, W. W.; ROSS, W. M. Exact confidence intervals for heritability on a progeny mean basis. **Crop Science**, Madison, vv. 25, n. 1, p. 192-194, Jan./Feb. 1985.

LAING, D. R.; JONES, P. G.; DAVIS, J. H. Common bean (*Phaseolus vulgaris* L.). In: GOLDSWORTHY, P. R.; FISHER, N. M.; (Ed.). **The Physiology of tropical field crops**. John Wiley and Sons, New York, 1984. p. 305-351.

MARQUES JÚNIOR, O. G.; RAMALHO, M. A. P. Eficiência de experimentos com a cultura do feijão. **Ciência e Agrotecnologia**, Lavras, v. 21, 1997. Suplemento.

MSTAT-C. **A software program for the design, management and analysis of agronomic research experiments**. [S. 1]: Michigan State University, 1991. p. ir.

OLIVEIRA, M. S. **Predição do potencial genético de populações segregantes de feijão comum oriundas de híbridos simples e duplos**. 2003. 75 p. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento) – Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, MG.

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

RAMALHO, M. A. P.; ABREU, A. F. B.; SANTOS, J. B. Genetic progress in common bean after four cycles of recurrent selection. **Annual report of the bean improvement cooperative**, New York, v. 46, p. 47-48, 2003.

RAMALHO, M. A. P.; ABREU, A. F. B.; SANTOS, P. S. J. Interações genótipos x épocas de semeadura, anos e locais na avaliação de cultivares de feijão nas regiões Sul e Alto Paranaíba em Minas Gerais. **Ciência e Agrotecnologia**, Lavras, v. 22, n. 2, p. 176-181, abr./jun. 1998a.

RAMALHO, M. A. P.; PIROLA, L. H.; ABREU, A. F. B. Alternativas na seleção de plantas de feijoeiro com porte ereto e grão tipo carioca. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 33, n. 12, p. 1989-1994, dez. 1998b.

RAMALHO, M. A. P.; FERREIRA, D. F.; OLIVEIRA, A. C. **Experimentação em genética e melhoramento de plantas**. Lavras: UFLA, 2000. 326 p.

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.

SANTOS, V. S. **Implicações da seleção precoce para tipo de grão no melhoramento genético do feijoeiro comum**. 2001. 57 p. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Universidade Federal de Lavras, Lavras, MG.

SINGH, S. P.; TERÁN, H.; MUNOZ, C. G.; TAKEGAMI, J. C. Two cycles of recurrent selection for seed yield in common bean. **Crop Science**, Madison, v. 39, n. 2, p. 391-397, Mar./Apr. 1999.

STEEL, R. G. D.; TORRIE, J. H.; DICKEY, D. A. **Principles and Procedures of Statistics a Biometrical Approach**. 3. ed. 1997. 666 p.

TAKEDA, C. **Avaliação de Progênies de feijoeiro do cruzamento “ESAL 501” x “A 354” em diferentes ambientes**. 1990. 82 p. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Universidade Federal de Lavras, Lavras, MG.

TEIXEIRA, F. F. **Uso de marcadores microsatélites no mapeamento e identificação de QTL para caracteres de importância agrônômica de feijão.** 2004. 162 p. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Universidade Federal de Lavras, Lavras, MG.

TEIXEIRA, F. F.; RAMALHO, M. A. P.; ABREU, A. F. B. Genetic control of plant architecture in the common bean (*Phaseolus vulgaris* L.). **Genetics and Molecular Biology**, Ribeirão Preto, v. 22, n. 4, p. 577-582, Dec. 1999.

WHITE, J. W.; SINGH, S. P.; PINO, C.; RIOS, B. M. J.; BUDDENHAGEN, I. Effects of seed size and photoperiod response on crop growth and yield of common bean. **Field Crops Research**, Amsterdam, v. 28, n. 4, p. 295-307, Feb. 1992.

ANEXOS

ANEXO A	Página
TABELA 1A Resumo das análises de variância da produtividade de grãos ($g/2m^2$) das famílias avaliadas nas gerações $S_{0:1}$, $S_{0:2}$, $S_{0:3}$, $S_{0:4}$ e $S_{0:5}$ do primeiro ciclo de seleção recorrente (C_0).....	106
TABELA 2A Resumo das análises de variância das notas aferidas ao porte das plantas das famílias avaliadas nas gerações $S_{0:1}$, $S_{0:2}$, $S_{0:3}$, $S_{0:4}$ e $S_{0:5}$ do primeiro ciclo de seleção recorrente (C_0).....	108
TABELA 3A Resumo das análises de variância das notas aferidas ao tipo de grão das famílias avaliadas nas gerações $S_{0:3}$, $S_{0:4}$ e $S_{0:5}$ do primeiro ciclo de seleção recorrente (C_0).....	110
TABELA 4A Resumo da análise de variância conjunta da produtividade de grãos ($g/2m^2$) das famílias avaliadas nas gerações $S_{0:2}$ e $S_{0:3}$ do primeiro ciclo de seleção recorrente (C_0) e as respectivas estimativas dos parâmetros genéticos e fenotípicos.....	111
TABELA 5A Resumo da análise de variância conjunta da produtividade de grãos ($g/2m^2$) das famílias avaliadas nas gerações $S_{0:2}$, $S_{0:3}$ e $S_{0:4}$ do primeiro ciclo de seleção	

	recorrente (C_0) e as respectivas estimativas dos parâmetros genéticos e fenotípicos.....	112
TABELA 6A	Resumo da análise de variância conjunta da produtividade de grãos ($g/2m^2$) das famílias avaliadas nas gerações $S_{0:2}$, $S_{0:3}$, $S_{0:4}$ e $S_{0:5}$ do primeiro ciclo de seleção recorrente (C_0) e as respectivas estimativas dos parâmetros genéticos e fenotípicos.....	113
TABELA 7A	Resumo da análise de variância conjunta das notas aferidas ao porte das famílias avaliadas nas gerações $S_{0:2}$ e $S_{0:3}$ do primeiro ciclo de seleção recorrente (C_0) e as respectivas estimativas dos parâmetros genéticos e fenotípicos.....	114
TABELA 8A	Resumo da análise de variância conjunta das notas aferidas ao porte das famílias avaliadas nas gerações $S_{0:2}$, $S_{0:3}$ e $S_{0:4}$ do primeiro ciclo de seleção recorrente (C_0) e as respectivas estimativas dos parâmetros genéticos e fenotípicos.....	115
TABELA 9A	Resumo da análise de variância conjunta das notas aferidas ao porte das famílias avaliadas nas gerações $S_{0:2}$, $S_{0:3}$, $S_{0:4}$ e $S_{0:5}$ do primeiro ciclo de seleção recorrente (C_0) e as respectivas estimativas dos parâmetros genéticos e fenotípicos.....	116
TABELA 10A	Médias da produtividade de grãos ($g/2m^2$) e das notas	

atribuídas ao porte e ao tipo de grão das quatorze famílias e das duas testemunhas avaliadas na geração $S_{0.5}$ do primeiro ciclo de seleção recorrente (C_0).....	117
TABELA 11A Resumo das análises de variância da produtividade de grãos ($g/2m^2$) das famílias avaliadas nas gerações $S_{0.1}$ e $S_{0.2}$ do segundo ciclo de seleção recorrente (C_1).....	118
TABELA 12A Resumo das análises de variância das notas aferidas ao porte das plantas das famílias avaliadas nas gerações $S_{0.1}$ e $S_{0.2}$ do segundo ciclo de seleção recorrente (C_1).....	119
TABELA 13A Resumo das análises de variância das notas aferidas ao tipo de grão das famílias avaliadas nas gerações $S_{0.1}$ e $S_{0.2}$ do segundo ciclo de seleção recorrente (C_1).....	120
TABELA 14A Resumo da análise de variância conjunta da produtividade de grãos ($g/2m^2$) das famílias avaliadas nas gerações $S_{0.1}$ e $S_{0.2}$ do segundo ciclo de seleção recorrente (C_0) e as respectivas estimativas dos parâmetros genéticos e fenotípicos.....	121
TABELA 15A Resumo da análise de variância conjunta das notas aferidas ao porte das plantas das famílias avaliadas nas gerações $S_{0.1}$ e $S_{0.2}$ do segundo ciclo de seleção recorrente (C_1) e as respectivas estimativas dos parâmetros genéticos e fenotípicos.....	122

FIGURA 1A	Distribuição de freqüência da produtividade de grãos (g/parcela) das famílias avaliadas nas geração $S_{0:1}$ (A), $S_{0:2}$ (B) e $S_{0:3}$ (C) do primeiro ciclo de seleção recorrente (C_0).....	123
FIGURA 2A	Distribuição de freqüência da produtividade de grãos (g/parcela) das famílias avaliadas nas gerações $S_{0:4}$ (A) e $S_{0:5}$ (B) do primeiro ciclo de seleção recorrente (C_0).....	124
FIGURA 3A	Distribuição de freqüência das notas do porte das famílias avaliadas nas gerações $S_{0:1}$ (A), $S_{0:2}$ (B) e $S_{0:3}$ (C) do primeiro ciclo de seleção recorrente (C_0).....	125
FIGURA 4A	Distribuição de freqüência das notas do porte das famílias avaliadas nas gerações $S_{0:4}$ (A) e $S_{0:5}$ (B) do primeiro ciclo de seleção recorrente (C_0).....	126
FIGURA 5A	Distribuição de freqüência das notas do tipo de grão das famílias avaliadas nas gerações $S_{0:3}$ (A), $S_{0:4}$ (B) e $S_{0:5}$ (C) do primeiro ciclo de seleção recorrente (C_0).....	127
FIGURA 6A	Distribuição de freqüência da produtividade de grãos (g/parcela) das famílias avaliadas nas geração $S_{0:1}$ (A) e $S_{0:2}$ (B) do segundo ciclo de seleção recorrente (C_1).....	128
FIGURA 7A	Distribuição de freqüência das notas do porte das famílias avaliadas nas gerações $S_{0:1}$ (A) e $S_{0:2}$ (B) do segundo ciclo de seleção recorrente (C_1).....	129

FIGURA 8A Distribuição de freqüência das notas do tipo de grão das famílias avaliadas nas gerações $S_{0:1}$ (A) e $S_{0:2}$ (B) do segundo ciclo de seleção recorrente (C_1)..... 130

TABELA 1A Resumo das análises de variância da produtividade de grãos ($\text{g}/2\text{m}^2$) das famílias avaliadas nas gerações $S_{0:1}$, $S_{0:2}$, $S_{0:3}$, $S_{0:4}$ e $S_{0:5}$ do primeiro ciclo de seleção recorrente (C_0).

FV	$S_{0:1}$			$S_{0:2}$			$S_{0:3}$		
	GL	QM	P	GL	QM	P	GL	QM	P
Repetições	1	52166,560		2	79684,780		2	44612,896	
Tratamentos	199	25299,810	0,031	143	16704,025	0,001	63	14144,153	0,001
Famílias (F)	189	23879,351	0,075	133	16561,838	0,001	59	14770,415	0,000
Testemunhas (T)	9	24469,333	0,261	9	20583,960	0,047	3	4981,482	0,539
F vs. T	1	301240,935	0,000	1	695,452	0,798	1	4682,713	0,411
Erro	199	19422,359		253	10599,286		105	6862,954	
Eficiência do látice		-			101,56			133,44	
CV (%)		28,35			19,66			22,78	
h^2 (%)		18,66			36,00			53,54	
		(-7,9 ; 38,6) ¹			(13,2 ; 52,2)			(25,7 ; 70,1)	
Média dos tratamentos		491,620			523,657			363,708	
Média das famílias		497,916			523,310			362,433	
Média das testemunhas		372,000			528,307			382,835	

“...Continua...”

“TABELA 1A, Cont.”

FV	S _{0,4}			S _{0,5}		
	GL	QM	P	GL	QM	P
Repetições	2	24025,898		2	5850,813	
Tratamentos	35	21011,670	0,187	15	9671,431	0,040
Famílias (F)	33	20041,963	0,234	13	10496,843	0,031
Testemunhas (T)	1	66378,257	0,047	1	7483,531	0,197
F vs. T	1	7645,406	0,494	1	1128,969	0,610
Erro	55	16130,177		21	4222,251	
Eficiência do látice		127,76			107,73	
CV (%)		22,37			21,80	
h ² (%)		19,52			-	
		(-53,2 ; 55,6)				
Média dos tratamentos		567,759			298,063	
Média das famílias		565,719			296,230	
Média das testemunhas		602,451			310,895	

¹ Valores entre parênteses referem-se ao intervalo de confiança, considerando $P \leq 0,05$.

TABELA 2A Resumo das análises de variância das notas aferidas ao porte das plantas das famílias avaliadas nas gerações S_{0:1}, S_{0:2}, S_{0:3}, S_{0:4} e S_{0:5} do primeiro ciclo de seleção recorrente (C₀).

FV	S _{0:1}			S _{0:2}			S _{0:3}		
	GL	QM	P	GL	QM	P	GL	QM	P
Repetições	1	4,951		2	1,018		2	0,025	
Tratamentos	199	0,351	0,273	143	0,593	0,000	63	0,252	0,000
Famílias (F)	189	0,354	0,258	133	0,596	0,000	59	0,264	0,000
Testemunhas (T)	9	0,174	0,845	9	0,603	0,028	3	0,022	0,895
F vs. T	1	1,465	0,034	1	0,121	0,514	1	0,199	0,181
Erro	199	0,322		253	0,284		105	0,110	
Eficiência do látice		-			123,55			100,62	
CV (%)		26,55			21,24			16,23	
h ² (%)		9,04			52,61			58,33	
		(-20,7 ; 31,4) ¹			(35,4 ; 64,4)			(33,4 ; 73,2)	
Média dos tratamentos		2,139			2,508			2,044	
Média das famílias		2,153			2,513			2,053	
Média das testemunhas		1,875			2,445			1,920	

v“...Continua...”

“TABELA 2A, Cont.”

FV	S _{0,4}			S _{0,5}		
	GL	QM	P	GL	QM	P
Repetições	2	0,465		2	0,224	
Tratamentos	35	0,360	0,069	15	0,419	0,003
Famílias (F)	33	0,361	0,070	13	0,284	0,037
Testemunhas (T)	1	0,380	0,205	1	0,000	1,000
F vs. T	1	0,320	0,245	1	2,588	0,000
Erro	55	0,231		30	0,130	
Eficiência do látice		105,53			<100	
CV (%)		23,39			22,29	
h ² (%)		36,01			-	
		(-21,8 ; 64,7)				
Média dos tratamentos		2,056			1,615	
Média das famílias		2,059			1,702	
Média das testemunhas		1,926			1,000	

¹ Valores entre parênteses referem-se ao intervalo de confiança, considerando $P \leq 0,05$.

TABELA 3A Resumo das análises de variância das notas aferidas ao tipo de grão das famílias avaliadas nas gerações S_{0:3}, S_{0:4} e S_{0:5} do primeiro ciclo de seleção recorrente (C₀).

FV	S _{0:3}			S _{0:4}			S _{0:5}		
	GL	QM	P	GL	QM	P	GL	QM	P
Repetições	2	25,199		2	0,821		2	0,047	
Tratamentos	63	0,563	0,000	35	0,338	0,000	15	0,241	0,060
Famílias (F)	59	0,534	0,000	33	0,349	0,000	13	0,220	0,097
Testemunhas (T)	3	1,299	0,001	1	0,106	0,188	1	0,667	0,028
F vs. T	1	0,069	0,582	1	0,207	0,068	1	0,090	0,402
Erro	126	0,226		70	0,060		30	0,125	
CV (%)		16,00			9,74			15,91	
h ² (%)		57,68			82,81			-	
		(33,1 ; 72,3) ¹			(67,9 ; 90,2)				
Média dos tratamentos		2,969			2,519			2,219	
Média das famílias		2,964			2,509			2,202	
Média das testemunhas		3,042			2,700			2,333	

¹ Valores entre parênteses referem-se ao intervalo de confiança, considerando $P \leq 0,05$.

TABELA 4A Resumo da análise de variância conjunta da produtividade de grãos ($g/2m^2$) das famílias avaliadas nas gerações $S_{0,2}$ e $S_{0,3}$ do primeiro ciclo de seleção recorrente (C_0) e as respectivas estimativas dos parâmetros genéticos e fenotípicos.

FV	GL	$S_{0,2} - S_{0,3}$	
		QM	P
Safras (S)	1	3813180,792	
Tratamentos (Trat)	63	13093,903	0,039
Famílias (F)	59	13233,329	0,038
Testemunhas (T)	3	14537,513	0,206
F vs. T	1	536,913	0,812
S x Trat	63	7779,663	0,833
S x F	59	7847,883	0,814
S x T	3	4235,475	0,721
S x F vs. T	1	14387,269	0,219
Erro médio	358	9503,435	
CV (%)		21,04	
$h^2_{\text{Famílias}} (\%)$		40,70	
$\sigma^2_{F \text{ Famílias}}$		2205,555	
$\sigma^2_{G \text{ Famílias}}$		897,574	
$\sigma^2_{ST \text{ Famílias}}$		0,000	
Média dos tratamentos		463,359	
Média das famílias		463,664	
Média das testemunhas		458,779	

TABELA 5A Resumo da análise de variância conjunta da produtividade de grãos ($g/2m^2$) das famílias avaliadas nas gerações $S_{0:2}$, $S_{0:3}$ e $S_{0:4}$ do primeiro ciclo de seleção recorrente (C_0) e as respectivas estimativas dos parâmetros genéticos e fenotípicos.

FV	$S_{0:2} - S_{0:3} - S_{0:4}$		
	GL	QM	P
Safras (S)	2	1005881,020	
Tratamentos (Trat)	35	11433,265	0,323
Famílias (F)	33	10422,580	0,466
Testemunhas (T)	1	44077,774	0,040
F vs. T	1	12141,355	0,280
S x Trat	70	11404,096	0,288
S x F	66	10960,838	0,369
S x T	2	14875,002	0,240
S x F vs. T	2	22560,704	0,115
Erro médio	413	10385,931	
CV (%)		19,85	
$h^2_{\text{Famílias}} (\%)$		0,00	
$\sigma^2_{F \text{ Famílias}}$		1158,064	
$\sigma^2_{G \text{ Famílias}}$		0,00	
$\sigma^2_{ST \text{ Famílias}}$		191,636	
Média dos tratamentos		513,374	
Média das famílias		514,858	
Média das testemunhas		488,134	

TABELA 6A Resumo da análise de variância conjunta da produtividade de grãos ($g/2m^2$) das famílias avaliadas nas gerações $S_{0:2}$, $S_{0:3}$, $S_{0:4}$ e $S_{0:5}$ do primeiro ciclo de seleção recorrente (C_0) e as respectivas estimativas dos parâmetros genéticos e fenotípicos.

FV	GL	$S_{0:2} - S_{0:3} - S_{0:4} - S_{0:5}$	
		QM	P
Safras (S)	3	727868,438	
Tratamentos (Trat)	15	11589,684	0,310
Famílias (F)	13	11660,958	0,310
Testemunhas (T)	1	19200,480	0,168
F vs. T	1	3052,335	0,583
S x Trat	45	10940,434	0,334
S x F	39	9528,383	0,569
S x T	3	20703,610	0,106
S x F vs. T	3	19533,928	0,123
Erro médio	434	10087,688	
CV (%)		22,10	
$\sigma^2_{F \text{ Famílias}}$		971,746	
$\sigma^2_{G \text{ Famílias}}$		177,715	
$\sigma^2_{ST \text{ Famílias}}$		0,000	
Média dos tratamentos		454,373	
Média das famílias		455,880	
Média das testemunhas		443,824	

TABELA 7A Resumo da análise de variância conjunta das notas aferidas ao porte das famílias avaliadas nas gerações $S_{0,2}$ e $S_{0,3}$ do primeiro ciclo de seleção recorrente (C_0) e as respectivas estimativas dos parâmetros genéticos e fenotípicos.

FV	$S_{0,2} - S_{0,3}$		
	GL	QM	P
Safras (S)	1	12,234	
Tratamentos (Trat)	63	0,507	0,000
Famílias (F)	59	0,515	0,000
Testemunhas (T)	3	0,361	0,201
F vs. T	1	0,452	0,165
S x Trat	63	0,439	0,000
S x F	59	0,447	0,000
S x T	3	0,425	0,143
S x F vs. T	1	0,002	0,925
Erro médio	358	0,233	
CV (%)		21,71	
$h^2_{\text{Famílias}} (\%)$		13,20	
$\sigma^2_{F \text{ Famílias}}$		0,086	
$\sigma^2_{G \text{ Famílias}}$		0,011	
$\sigma^2_{ST \text{ Famílias}}$		0,071	
QM SxF simples		0,052	
QM SxF complexa		0,396	
Média dos tratamentos		2,223	
Média das famílias		2,232	
Média das testemunhas		2,090	

TABELA 8A Resumo da análise de variância conjunta das notas aferidas ao porte das famílias avaliadas nas gerações $S_{0:2}$, $S_{0:3}$ e $S_{0:4}$ do primeiro ciclo de seleção recorrente (C_0) e as respectivas estimativas dos parâmetros genéticos e fenotípicos.

FV	$S_{0:2} - S_{0:3} - S_{0:4}$		
	GL	QM	P
Safras (S)	2	6,727	
Tratamentos (Trat)	35	0,750	0,000
Famílias (F)	33	0,742	0,000
Testemunhas (T)	1	0,011	0,830
F vs. T	1	1,759	0,006
S x Trat	70	0,352	0,008
S x F	66	0,353	0,009
S x T	2	0,234	0,367
S x F vs. T	2	0,435	0,156
Erro médio	413	0,233	
CV (%)		22,14	
$h^2_{\text{Famílias}} (\%)$		52,39	
$\sigma^2_{F \text{ Famílias}}$		0,082	
$\sigma^2_{G \text{ Famílias}}$		0,043	
$\sigma^2_{ST \text{ Famílias}}$		0,040	
QM SxF simples		0,044	
QM SxF complexa		0,309	
Média dos tratamentos		2,179	
Média das famílias		2,197	
Média das testemunhas		1,875	

TABELA 9A Resumo da análise de variância conjunta das notas aferidas ao porte das famílias avaliadas nas gerações $S_{0:2}$, $S_{0:3}$, $S_{0:4}$ e $S_{0:5}$ do primeiro ciclo de seleção recorrente (C_0) e as respectivas estimativas dos parâmetros genéticos e fenotípicos.

FV	$S_{0:2} - S_{0:3} - S_{0:4} - S_{0:5}$		
	GL	QM	P
Safras (S)	3	7,222	
Tratamentos (Trat)	15	0,940	0,000
Famílias (F)	13	0,796	0,000
Testemunhas (T)	1	0,008	0,850
F vs. T	1	3,738	0,000
S x Trat	45	0,281	0,141
S x F	39	0,255	0,278
S x T	3	0,157	0,556
S x F vs. T	3	0,744	0,021
Erro médio	443	0,226	
CV (%)		23,70	
σ^2		0,066	
$\sigma^2_{F \text{ Famílias}}$		0,045	
$\sigma^2_{G \text{ Famílias}}$		0,010	
$\sigma^2_{ST \text{ Famílias}}$		0,029	
QM SxF simples		0,226	
QM SxF complexa		2,025	
Média dos tratamentos		2,078	
Média das famílias		1,656	

TABELA 10A Médias da produtividade de grãos ($g/2m^2$) e das notas atribuídas ao porte e ao tipo de grão das quatorze famílias e das duas testemunhas avaliadas na geração $S_{0,5}$ do primeiro ciclo de seleção recorrente (C_0).

Genótipos	Produtividade	Porte	Grão
1 x 3 – 120	229	2,0	1,8
2 x 6 – 162	267	1,3	2,2
3 x 8 – 133	410	1,3	1,8
4 x 9 – 81	255	1,8	2,2
4 x 9 – 82	237	2,0	2,2
5 x 10 – 42	367	1,7	2,5
8 x 9 – 100	351	1,8	2,3
8 x 9 – 101	333	1,3	2,0
8 x 9 – 107	216	1,8	2,0
8 x 9 – 108	272	2,0	2,2
8 x 9 – 111	283	1,7	2,0
8 x 9 – 93	255	1,2	2,7
8 x 9 – 94	344	2,2	2,3
8 x 9 – 99	330	1,7	2,7
CNFC 9455	346	1,0	2,0
CNFC 9471	276	1,0	2,7
Média das famílias	296	1,7	2,2
Média das testemunhas	311	1,0	2,3

TABELA 11A Resumo das análises de variância da produtividade de grãos (g/2m²) das famílias avaliadas nas gerações S_{0:1} e S_{0:2} do segundo ciclo de seleção recorrente (C₁).

FV	S _{0:1}			S _{0:2}		
	GL	QM	P	GL	QM	P
Repetições	1	134265,620		1	1093614,860	
Tratamentos	399	27506,004	0,000	195	24924,394	0,023
Famílias (F)	389	27232,703	0,000	185	24771,884	0,027
Testemunhas (T)	9	16134,902	0,179	9	8014,174	0,916
F vs. T	1	236160,278	0,000	1	205330,646	0,001
Erro	361	11394,743		169	18494,510	
Eficiência do látice		103,47			112,36	
CV (%)		20,92			19,60	
h ² (%)		58,16			25,34	
		(48,8 ; 65,9) ¹			(-0,3 ; 44,5)	
Média dos tratamentos		510,155			694,003	
Média das famílias		512,906			699,309	
Média das testemunhas		402,856			595,297	

¹ Valores entre parênteses referem-se ao intervalo de confiança, considerando $P \leq 0,05$.

TABELA 12A Resumo das análises de variância das notas aferidas ao porte das plantas das famílias avaliadas nas gerações S_{0.1} e S_{0.2} do segundo ciclo de seleção recorrente (C₁).

FV	S _{0.1}			S _{0.2}		
	GL	QM	P	GL	QM	P
Repetições	1	1,320		1	0,125	
Tratamentos	399	0,396	0,002	195	0,530	0,000
Famílias (F)	389	0,355	0,037	185	0,381	0,000
Testemunhas (T)	9	0,873	0,002	9	0,454	0,001
F vs. T	1	12,001	0,000	1	28,871	0,000
Erro	361	0,295		169	0,139	
Eficiência do látice		105,48			105,99	
CV (%)		17,94			13,85	
h ² (%)		16,90			63,52	
		(-1,7 ; 32,2) ¹			(51,0 ; 72,9)	
Média dos tratamentos		3,026			2,686	
Média das famílias		3,045			2,749	
Média das testemunhas		2,260			1,516	

¹ Valores entre parênteses referem-se ao intervalo de confiança, considerando $P \leq 0,05$.

TABELA 13A Resumo das análises de variância das notas aferidas ao tipo de grão das famílias avaliadas nas gerações S_{0:1} e S_{0:2} do segundo ciclo de seleção recorrente (C₁).

FV	S _{0:1}			S _{0:2}		
	GL	QM	P	GL	QM	P
Repetições	1	4,133		1	3,880	
Tratamentos	399	0,830	0,000	195	0,373	0,000
Famílias (F)	389	0,811	0,000	185	0,360	0,000
Testemunhas (T)	9	0,874	0,009	9	0,550	0,001
F vs. T	1	7,555	0,000	1	1,099	0,012
Erro	399	0,350		195	0,171	
CV (%)		22,16			13,97	
h ² (%)		56,84 (47,4 ; 64,6) ¹			52,50 (36,8 ; 64,3)	
Média dos tratamentos		2,668			2,959	
Média das famílias		2,653			2,947	
Média das testemunhas		3,275			3,188	

¹ Valores entre parênteses referem-se ao intervalo de confiança, considerando $P \leq 0,05$.

TABELA 14A Resumo da análise de variância conjunta da produtividade de grãos (g/2m²) das famílias avaliadas nas gerações S_{0:1} e S_{0:2} do segundo ciclo de seleção recorrente (C₀) e as respectivas estimativas dos parâmetros genéticos e fenotípicos.

FV	GL	S _{0:1} – S _{0:2}	
		QM	P
Safras (S)	1	3321164,67	
Tratamentos (Trat)	195	25848,176	0,000
Famílias (F)	185	22845,808	0,000
Testemunhas (T)	9	11481,271	0,579
F vs. T	1	710588,386	0,000
S x Trat	195	21926,940	0,000
S x F	185	22275,049	0,000
S x T	9	11481,271	0,579
S x F vs. T	1	51537,900	0,053
Erro médio	530	13658,631	
CV (%)		20,27	
h ² _{Famílias} (%)		2,50	
$\sigma^2_{F \text{ Famílias}}$		5711,452	
$\sigma^2_{G \text{ Famílias}}$		142,690	
$\sigma^2_{ST \text{ Famílias}}$		4308,209	
QM _{SxF simples}		108,649	
QM _{SxF complexa}		22166,400	
Média dos tratamentos		628,917	
Média das famílias		635,897	
Média das testemunhas		499,077	

TABELA 15A Resumo da análise de variância conjunta das notas aferidas ao porte das plantas das famílias avaliadas nas gerações $S_{0:1}$ e $S_{0:2}$ do segundo ciclo de seleção recorrente (C_1) e as respectivas estimativas dos parâmetros genéticos e fenotípicos.

FV	$S_{0:1} - S_{0:2}$		
	GL	QM	P
Safras (S)	1	7,310	
Tratamentos (Trat)	195	0,636	0,000
Famílias (F)	185	0,444	0,000
Testemunhas (T)	9	0,891	0,000
F vs. T	1	33,742	0,000
S x Trat	195	0,240	0,559
S x F	185	0,215	0,856
S x T	9	0,436	0,069
S x F vs. T	1	3,206	0,000
Erro médio	530	0,245	
CV (%)		15,92	
$h^2_{\text{Famílias}} (\%)$		51,70	
$\sigma^2_{F \text{ Famílias}}$		0,111	
$\sigma^2_{G \text{ Famílias}}$		0,057	
$\sigma^2_{ST \text{ Famílias}}$		0,000	
QM SxF simples		0,004	
QM SxF complexa		0,211	
Média dos tratamentos		2,783	
Média das famílias		2,831	
Média das testemunhas		1,888	

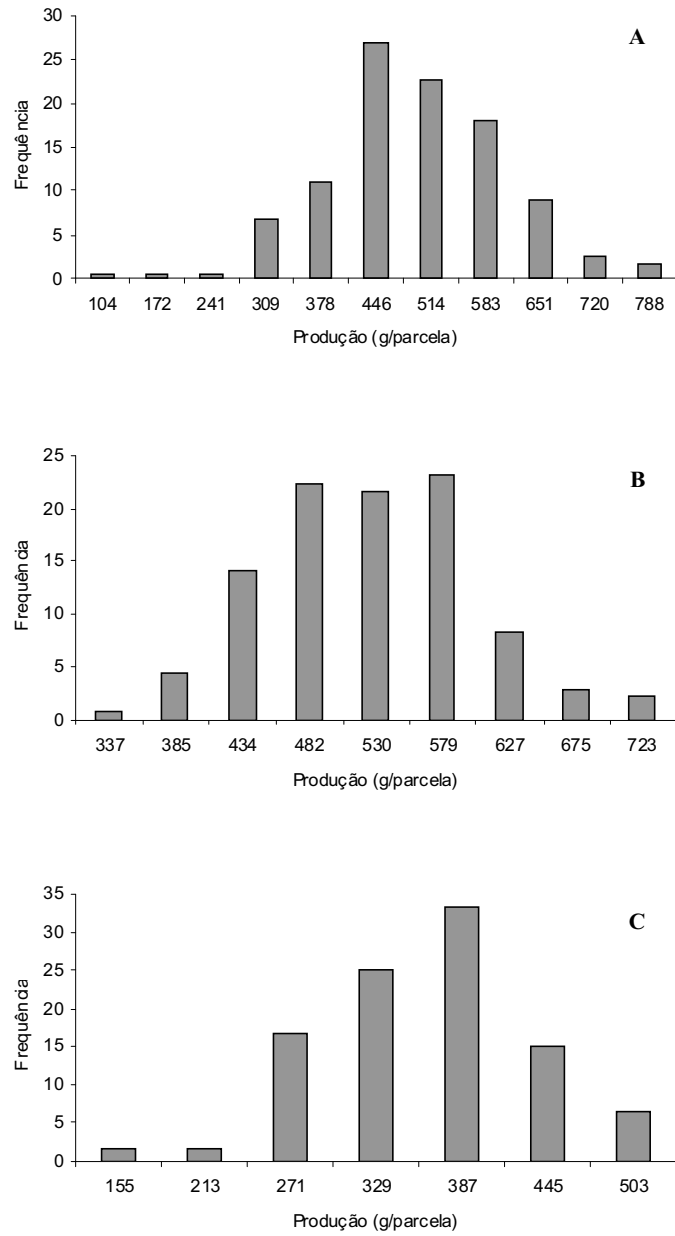


FIGURA 1A Distribuição de frequência da produtividade de grãos ($\text{g}/2\text{m}^2$) das famílias avaliadas nas gerações $S_{0:1}$ (A), $S_{0:2}$ (B) e $S_{0:3}$ (C) do primeiro ciclo de seleção recorrente (C_0).

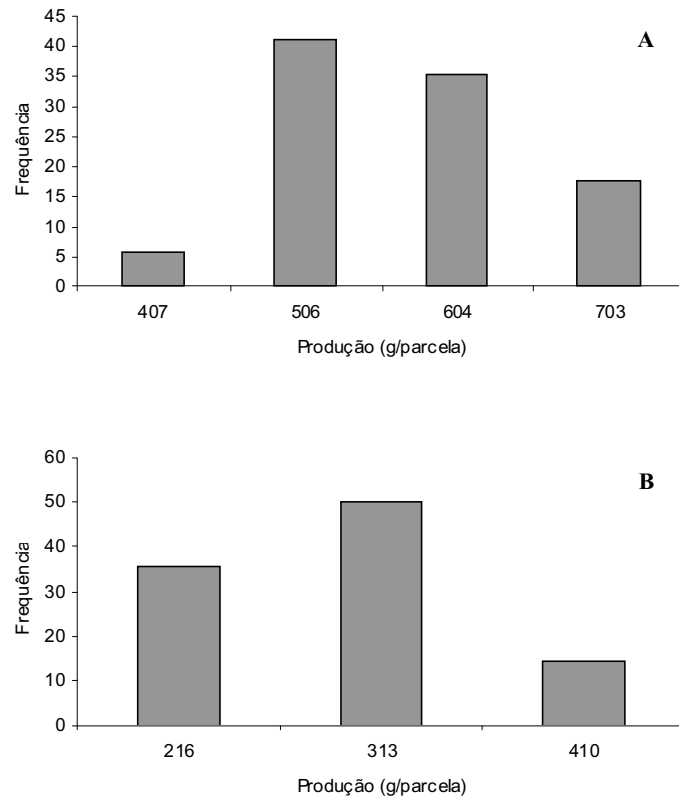


FIGURA 2A Distribuição de freqüência da produtividade de grãos ($\text{g}/2\text{m}^2$) das famílias avaliadas nas gerações $S_{0:4}$ (A) e $S_{0:5}$ (B) do primeiro ciclo de seleção recorrente (C_0).

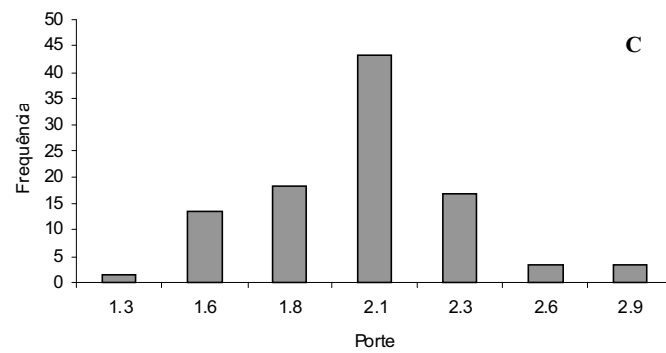
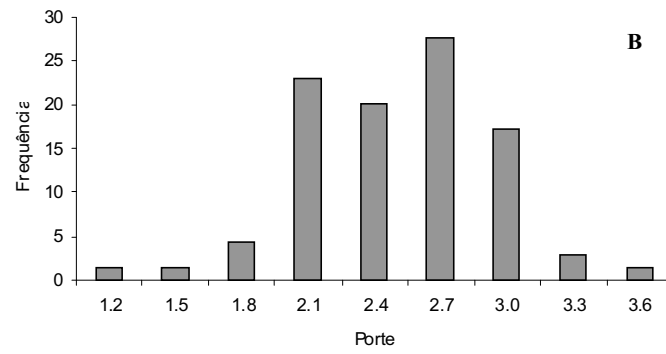
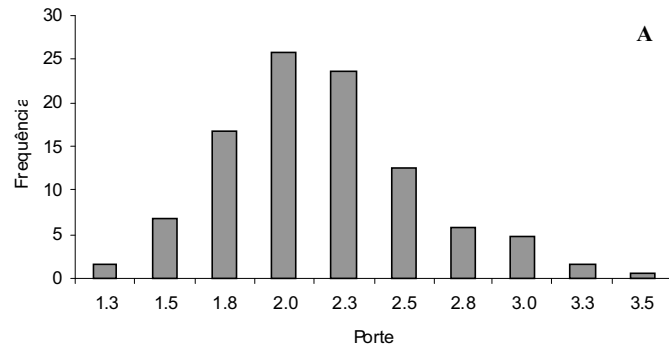


FIGURA 3A Distribuição de frequência das notas do porte das famílias avaliadas nas gerações $S_{0.1}$ (A), $S_{0.2}$ (B) e $S_{0.3}$ (C) do primeiro ciclo de seleção recorrente (C_0).

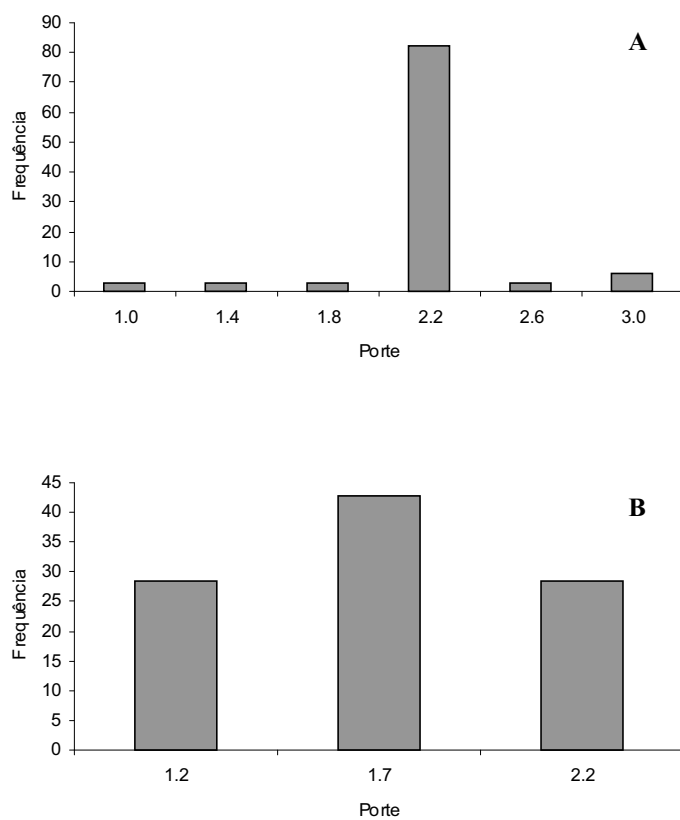


FIGURA 4A Distribuição de freqüência das notas do porte das famílias avaliadas nas gerações $S_{0:4}$ (A) e $S_{0:5}$ (B) do primeiro ciclo de seleção recorrente (C_0).

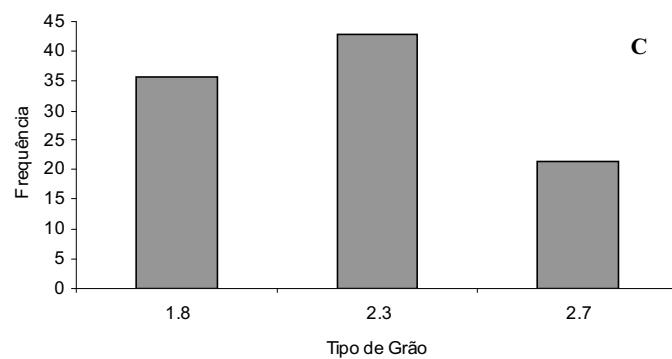
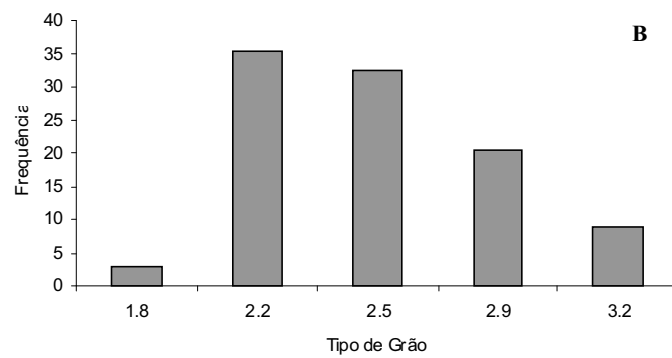
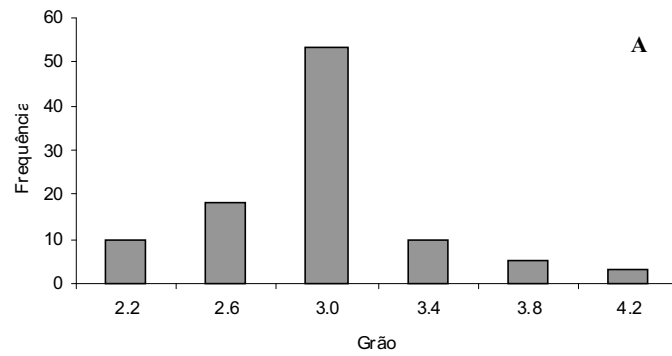


FIGURA 5A Distribuição de frequência das notas do tipo de grão das famílias avaliadas nas gerações $S_{0:3}$ (A), $S_{0:4}$ (B) e $S_{0:5}$ (C) do primeiro ciclo de seleção recorrente (C_0).

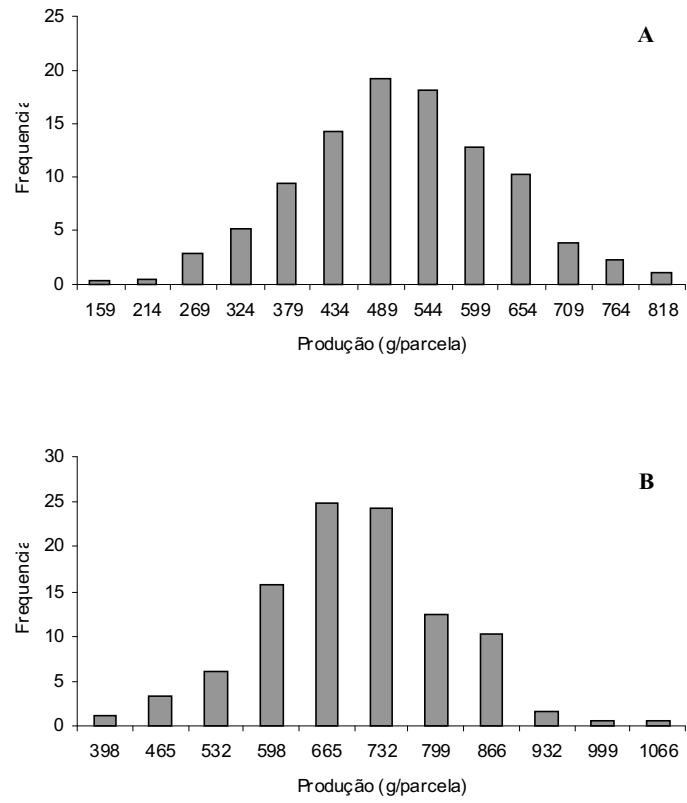


FIGURA 6A Distribuição de freqüência da produtividade de grãos (g/ 2m) das famílias avaliadas nas geração $S_{0:1}$ (A) e $S_{0:2}$ (B) do segundo ciclo de seleção recorrente (C_1).

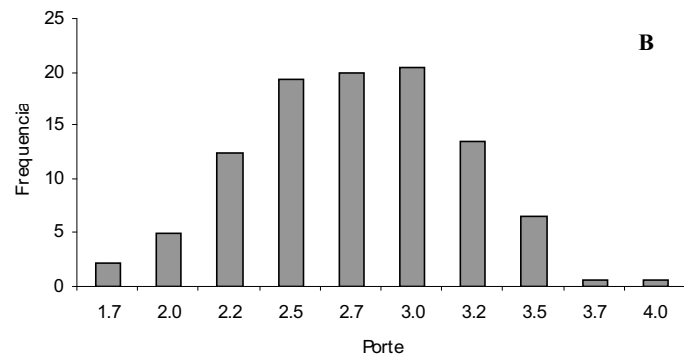
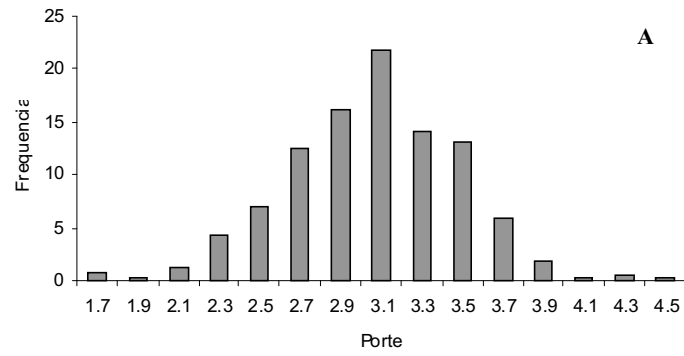


FIGURA 7A Distribuição de freqüência das notas do porte das famílias avaliadas nas gerações $S_{0:1}$ (A) e $S_{0:2}$ (B) do segundo ciclo de seleção recorrente (C_1).

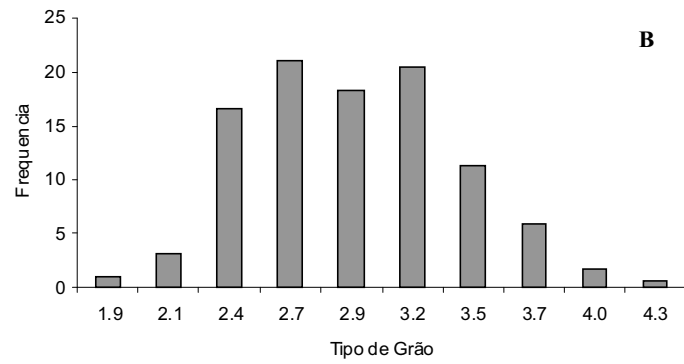
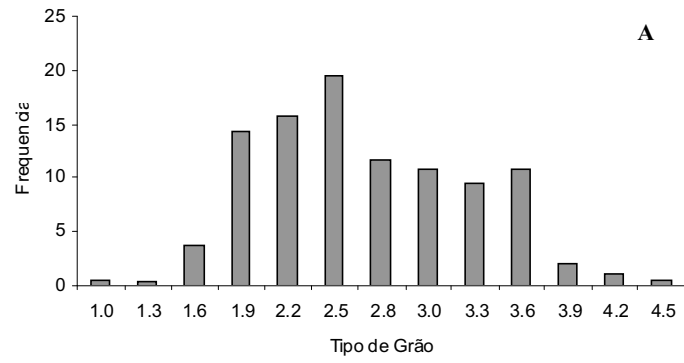


FIGURA 8A Distribuição de freqüência das notas do tipo de grão das famílias avaliadas nas gerações $S_{0:1}$ (A) e $S_{0:2}$ (B) do segundo ciclo de seleção recorrente (C_1).