

RAFAEL SILVA FERNANDES

**POTENCIAL DE FAMÍLIAS ENDOGÂMICAS VISANDO O MELHORAMENTO DE
FEIJÃO CARIOCA PARA RESISTÊNCIA À MURCHA DE FUSÁRIO**

Dissertação apresentada à Universidade Federal de Viçosa, como parte das exigências do Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento, para obtenção do título de *Magister Scientiae*.

Orientador: Pedro Crescêncio S. Carneiro

Coorientador: José Eustáquio de S. Carneiro

**VIÇOSA - MINAS GERAIS
2021**

**Ficha catalográfica elaborada pela Biblioteca Central da Universidade
Federal de Viçosa - Campus Viçosa**

T

F363p
2021
Fernandes, Rafael Silva, 1989-
Potencial de famílias endogâmicas visando o melhoramento
de feijão carioca para resistência à murcha de fusário / Rafael
Silva Fernandes. – Viçosa, MG, 2021.
1 dissertação eletrônica (48 f.): il.

Orientador: Pedro Crescêncio Souza Carneiro.
Dissertação (mestrado) - Universidade Federal de Viçosa,
Departamento de Biologia Geral, 2021.
Referências bibliográficas: f. 42-48.
DOI: <https://doi.org/10.47328/ufvbbt.2022.549>
Modo de acesso: World Wide Web.

1. Feijão - Resistência a doenças e pragas - Aspectos
genéticos. 2. Feijão - Melhoramento genético. 3. *Fusarium
oxysporum*. I. Carneiro, Pedro Crescêncio Souza, 1966-.
II. Universidade Federal de Viçosa. Departamento de Biologia
Geral. Programa de Pós-Graduação em Genética e
Melhoramento. III. Título.

CDD 22. ed. 632.9

Bibliotecário(a) responsável: Euzébio Luiz Pinto CRB-6/3317

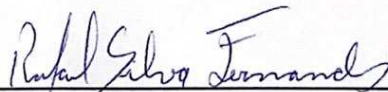
RAFAEL SILVA FERNANDES

**POTENCIAL DE FAMÍLIAS ENDOGÂMICAS VISANDO O MELHORAMENTO DE
FEIJÃO CARIOCA PARA RESISTÊNCIA À MURCHA DE FUSÁRIO**

Dissertação apresentada à Universidade Federal de Viçosa, como parte das exigências do Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento, para obtenção do título de *Magister Scientiae*.

APROVADA: 03 de agosto de 2021

Assentimento:



Rafael Silva Fernandes
Autor



Pedro Crescêncio Souza Carneiro
Orientador

AGRADECIMENTOS

A Deus por me presentear todos os dias com a vida, a Nossa Senhora do Rosário por rogar por mim e valer nas horas de angústia.

À minha esposa Jussara, minha companheira, que sem a qual ao meu lado nada disso seria possível.

Ao meu filho Francisco, amor da vida do papai que desde tão cedo me inspira e enche de orgulho pela sua alegria e vontade de viver.

À Universidade Federal de Viçosa e ao programa de pós-graduação em genética e melhoramento, pela oportunidade de realização do mestrado.

À Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES), pela concessão da bolsa de estudos.

O presente trabalho foi realizado com apoio da Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior – Brasil (CAPES) – Código de Financiamento 001.

Aos meus pais, Fernando e Cida e meu irmão Daniel pelo amor, carinho, educação e exemplo oferecidos, além do apoio incondicional durante toda minha vida.

A minha Tia Rosângela pelo apoio e carinho de sempre.

Aos meus sogros, Sônia e Carlos Alberto e minha cunhada Lara, pelo acolhimento, ajuda nas horas de necessidade, amizade e por me fazerem parte de sua família.

Ao meu orientador Professor Pedro, pela disponibilidade, paciência e dedicação nas orientações e reuniões, pelas críticas, conselhos, pelo conhecimento transmitido e ajuda.

Ao meu coorientador Professor José Eustáquio, pelos ensinamentos à campo e práticos ímpares, pelos conselhos e correções no laboratório e pela dedicação ao programa e aos alunos.

Aos colegas do programa feijão e aos colegas do laboratório de biometria pela ajuda na realização dos experimentos e nas análises, pelo companheirismo, ensinamentos e ajuda.

Aos funcionários do vale da Agronomia em especial ao Gilberto e aos funcionários da estação experimental de Coimbra pelo apoio na realização dos experimentos de campo.

Aos Professores Vinícius Quintão, Thiago Marçal e Maicon Nardino, pela disponibilidade em participar da banca e pela contribuição na correção deste trabalho.

Ao Doutor Rafael Silva Ramos dos Anjos e a Doutora Lisandra Magna Moura pela disponibilidade em participar da banca.

A todos que passaram pela minha vida e contribuíram de alguma forma na formação de quem sou, e aos que de alguma forma contribuíram para a realização deste trabalho, muito obrigado!

*"Determinando tu algum negócio,
ser te-á firme, e a luz brilhará em seus caminhos."*

Jó 22.28

*"Talvez não tenha feito o melhor,
mas fiz tudo para que o melhor fosse feito.
Não sou o que deveria ser, mas Graças a
Deus, não sou o que era antes."*

(Martin Luther King)

BIOGRAFIA

RAFAEL SILVA FERNANDES, filho de Maria Aparecida da Silva Fernandes e Fernando de Macedo Fernandes, nasceu em 07 de outubro de 1989 em Brasília - DF e foi criado na cidade de São João del-Rei Minas Gerais, onde concluiu o Ensino Médio na Escola Estadual Cônego Oswaldo Lustosa em 2007. Ainda em 2007 foi Deputado federal em sua primeira legislatura pelo parlamento jovem brasileiro (PJB).

Em março de 2008 iniciou o curso técnico pelo sistema nacional de aprendizagem industrial SENAI e em agosto de 2009 obteve o título de técnico em eletromecânica.

Ainda em agosto de 2009 ingressou no curso de Agronomia da Universidade Federal de Lavras e obteve grau de Bacharel em Agronomia em julho do ano de 2015 com graduação sanduíche pela Universidade Corvinus de Budapest com ênfase em agricultura sustentável.

Em setembro de 2018 iniciou o MBA em Agronegócios e em julho de 2019 obteve este título pela Universidade Pitágoras em Juiz de Fora - MG.

Em agosto de 2019 ingressou no programa de Mestrado em Genética e Melhoramento da Universidade Federal de Viçosa, sob orientação do Professor Pedro Crescêncio Souza Carneiro e coorientação do Professor José Eustáquio de Souza Carneiro, com defesa realizada em 3 de agosto de 2021.

RESUMO

FERNANDES, Rafael Silva, M.Sc., Universidade Federal de Viçosa, agosto de 2021. **Potencial de famílias endogâmicas visando o melhoramento de feijão carioca para resistência à murcha de fusário.** Orientador: Pedro Crescêncio Souza Carneiro. Coorientador: José Eustáquio de Souza Carneiro.

O Brasil destaca-se como maior produtor e consumidor mundial de feijão-comum. Entretanto, a produtividade média brasileira é considerada baixa, sendo uma das suas principais causas as doenças que assolam a cultura. Uma das doenças de maior impacto na cultura do feijoeiro é a fusariose ou murcha de fusário, que é causada por um fungo habitante do solo. Por não haver controle químico eficiente contra esta doença, o uso de cultivares resistentes é uma solução eficaz e ecologicamente sustentável. Além da resistência a doenças, características como arquitetura de plantas, produtividade e aspecto comercial de grãos, têm sido foco dos melhoristas do feijoeiro. Visando melhorar simultaneamente estes caracteres, foi iniciado em 2014 na Universidade Federal de Viçosa um programa de melhoramento de feijão carioca por seleção recorrente. Assim, o objetivo deste trabalho é dar continuidade a este programa, com a avaliação e quantificação do potencial de famílias endogâmicas em diferentes gerações de endogamia e em diferentes safras, visando a recombinação e a extração de linhagens. Foram avaliadas à campo famílias endogâmicas em F_{4:7}, F_{4:8} e F_{4:9} em um látice triplo. A seleção das famílias endogâmicas foi realizada com o auxílio do índice de seleção baseado na distância do genótipo ao ideótipo. Verificou-se que as famílias endogâmicas avaliadas possuem potencial para a recombinação, visto a complementariedade e o ganho genético predito. Também com base nestes parâmetros constatou-se o potencial das famílias endogâmicas avaliadas visando a extração de linhagens superiores. Assim, conclui-se que o uso do índice de seleção distância genótipo-ideótipo foi eficiente na seleção de famílias endogâmicas de feijoeiro, as quais apresentam potencial para dar continuidade ao programa de melhoramento de feijão carioca por seleção recorrente.

Palavras-chave: Índice de seleção. *Fusarium oxysporum*. Multi-ambiente.

ABSTRACT

FERNANDES, Rafael Silva, M.Sc., Universidade Federal de Viçosa, August, 2021. **Potential of inbred families for breeding of carioca bean for resistance to fusarium wilt.** Adviser: Pedro Crescêncio Souza Carneiro. Co-adviser: José Eustáquio de Souza Carneiro.

Brazil stands out as the world's largest producer and consumer of common bean. However, the average Brazilian productivity is considered low, one of its main causes is the diseases that plague the culture. One of the diseases with the greatest impact on bean crops is fusariosis or fusarium wilt, which is caused by a soil-dwelling fungus. As there is no complete chemical control against this disease, the use of resistant cultivars is an effective and ecologically sustainable solution. In addition to disease resistance, characteristics such as plant architecture, productivity and commercial aspect of grains have been the focus of common bean breeders. Aiming to simultaneously improve these traits, a program to improve carioca beans by recurrent selection was started in 2014 at the Federal University of Viçosa. Thus, the objective of this work is to continue this program, with the evaluation and quantification of the potential of inbred families in different generations of inbreeding and in different harvests, aiming at the recombination and the extraction of lines. Inbred families were evaluated in the field at $F_{4:7}$, $F_{4:8}$ e $F_{4:9}$ in a triple lattice. The selection of inbred families was carried out with the aid of the selection index based on the distance from the genotype to the ideotype. It was found that the inbred families evaluated have the potential for recombination, given the complementarity and predicted genetic gain. Also based on these parameters, the potential of the endogamous families evaluated was verified, aiming at the extraction of superior lines. Thus, it is concluded that the use of the genotype-ideotype distance selection index was efficient in the selection of inbred bean families, which have the potential to continue the carioca bean breeding program by recurrent selection.

Keywords: Selection index. *Fusarium oxysporum*. Multi-environment.

LISTA DE TABELAS

Tabela 1 - Origem e principais caracteres de interesse dos 12 genitores de feijoeiro utilizados no dialelo parcial	20
Tabela 2 - Genealogia das 36 populações (POP) obtidas pelo cruzamento entre os dois grupos de genitores em esquema de dialelo parcial 6x6.....	21
Tabela 3 - Famílias endogâmicas e testemunhas avaliadas e suas respectivas genealogias.....	22
Tabela 4 - Valores atribuídos ao peso econômico, valor ótimo, limite inferior e superior para as características avaliadas em 95 famílias endogâmicas de feijoeiro.....	29
Tabela 5 - Resumo das análises individuais de variância, com valores dos quadrados médios por característica nas diferentes safras, parâmetros genéticos e não genéticos estimados referentes à avaliação de famílias endogâmicas F4:7 (águas de 2019), F4:8 (inverno de 2020) e F4:9 (águas de 2020) com base nos caracteres aspecto comercial de grãos (ACG), produtividade de grãos (PROD) e arquitetura de plantas (ARQ)....	34
Tabela 6 - Resumo das análises conjuntas de variância dos experimentos de avaliação de famílias endogâmicas F4:7, F4:8 e F4:9 das safras das águas/2019, de inverno/2020 e águas/2020 para produtividade (PROD) e aspecto comercial de grãos (ACG)	33
Tabela 7 - Percentual das estimativas da parte complexa do quadrado médio da interação entre genótipos e pares de ambientes	34
Tabela 8 - Médias de PROD, ACG e ARQ de 20 famílias endogâmicas selecionadas com base no índice genótipo-ideótipo, visando a extração de linhagens, e suas respectivas genealogias.....	35
Tabela 9 - Médias fenotípicas de PROD, ACG e ARQ de 20 famílias endogâmicas selecionadas com base no índice genótipo-ideótipo, visando a recombinação, e suas respectivas genealogias.....	36
Tabela 10 - Ganhos genéticos preditos para as 20 famílias endogâmicas de feijão carioca selecionadas com base no índice Genótipo - Ideótipo visando extração de linhagens.....	38
Tabela 11 - Ganhos genéticos preditos para as 20 famílias endogâmicas selecionadas com base no índice Genótipo - Ideótipo, visando recombinação, sendo uma de cada uma das 20 populações.....	38
Tabela 12 - Ganhos preditos médios para famílias endogâmicas selecionadas visando extração de linhagens	39
Tabela 13 - Ganhos preditos médios para famílias endogâmicas selecionadas visando recombinação.	40

SUMÁRIO

1. INTRODUÇÃO.....	11
2. REVISÃO DE LITERATURA.....	13
2.1. Cultura do Feijoeiro.....	13
2.2. Melhoramento do feijoeiro no Brasil.....	14
2.3. Melhoramento visando a resistência à murcha de fusário.....	15
2.4. Seleção recorrente no melhoramento do feijoeiro.....	17
2.5. Índices de seleção.....	18
3. MATERIAIS E MÉTODOS.....	20
3.1. Material genético.....	20
3.2. Experimentos de campo.....	23
3.3. Detalhes das análises estatísticas.....	24
3.3.1. Modelo para as análises individuais.....	24
3.3.1.1. Herdabilidade média.....	25
3.3.1.2. Variâncias fenotípica e genotípica.....	25
3.3.1.3. Coeficiente de variação genético e experimental.....	25
3.3.1.4. Índice de variação genética.....	26
3.3.2. Modelo para as análises conjuntas.....	26
3.3.2.1. Coeficiente de variação experimental.....	27
3.3.2.2. Fração simples e complexa da interação GxA.....	27
3.3.3. Seleção de famílias endogâmicas.....	28
3.3.4. Teste de comparação de médias.....	29
3.3.5. Ganho predito com a seleção.....	29
3.3.6. Softwares utilizados.....	30
4. RESULTADOS E DISCUSSÃO.....	31
4.1. Análises individuais de variância.....	31
4.2. Análise conjunta de variância.....	33
4.3. Estimativas da parte complexa do quadrado médio da interação entre genótipos e pares de ambientes.....	33
4.4. Seleção das famílias endogâmicas com base no índice distância genótipo-ideótipo.....	34
5. CONCLUSÃO.....	41
6. REFERÊNCIAS.....	42

1. INTRODUÇÃO

O feijão-comum (*Phaseolus vulgaris* L.) é uma das leguminosas mais cultivadas e de maior importância no cenário agrícola mundial, se destacando como importante fonte alimentar na dieta humana, rico em ferro, carboidratos e proteínas (BORÉM e CARNEIRO, 2008). O feijoeiro tem sido cultivado em aproximadamente 120 países. Porém 63% da produção mundial é obtida em apenas cinco destes países, sendo o Brasil o maior produtor e consumidor do mundo (FERREIRA, 2020).

O feijão-comum possui grupos comerciais, podendo citar como os mais importantes o feijão vermelho, muito cultivado na zona da mata mineira, o feijão preto, sendo consumido no Brasil, principalmente na região sul e nos estados do Rio de Janeiro, Espírito Santo e Minas Gerais e o feijão carioca, com maior destaque entre os comercializados, é responsável por cerca de 70% da produção nacional e é o mais consumido no Brasil (RAMALHO e ABREU, 2015; MELO et al., 2012).

Na safra 2019/2020, a produção nacional de feijão foi de 2,5 milhões de toneladas em uma área cultivada de 1,6 milhões de hectares, com produtividade média de 1518,5 kg ha⁻¹ (CONAB, 2020), sendo considerada baixa. Dentre os principais fatores que contribuem para a baixa produtividade do feijoeiro, os de ordem fitossanitária se destacam. As doenças podem ser causadas por diversos patógenos como fungos, bactérias, vírus e nematoides, com potencial de gerar danos na parte aérea, caule e raízes da planta (PAULA JÚNIOR e BORÉM, 2006). Na cultura do feijoeiro são listadas mais de 45 doenças que assolam a cultura (PAULA JÚNIOR, VIEIRA e ZAMBOLIM, 2004), com destaque para a murcha de fusário (PEREIRA et al., 2008; PAULA JÚNIOR et al., 2004; RAMALHO et al., 2012), onde as perdas podem superar os 80%.

A murcha de fusário é causada por um fungo habitante do solo, denominado *Fusarium oxysporum f. sp. Phaseoli*. Este fungo produz clamidósporos, que são estruturas de resistência e podem perdurar no solo mesmo na ausência do hospedeiro por anos, o que faz com que a principal forma de controle desta doença seja a utilização de cultivares resistentes, já que além do exposto, não há controle químico eficaz para esta doença (CROSS et al., 2000).

Além da resistência a doenças, outros caracteres se destacam entre os objetivos do melhorista de feijoeiro, como a arquitetura de plantas, a produtividade e

o aspecto comercial dos grãos. Plantas de feijoeiro de arquitetura mais ereta tem despertado a atenção dos melhoristas por possibilitar a colheita mecanizada com menores perdas. Além disso, facilitam os tratos culturais e propiciam melhor qualidade dos grãos colhidos, uma vez que as vagens não tocam o solo úmido e, ainda, auxiliam no controle de algumas doenças, como o mofo branco, por proporcionar maior arejamento entre as plantas (SILVA et al., 2009).

Com o objetivo de piramidar alelos favoráveis para os múltiplos caracteres de interesse em um programa de melhoramento de feijoeiro, a seleção recorrente (SR) tem se destacado com resultados satisfatórios (CUNHA et al., 2005; SILVA et al., 2007; ALVES et al., 2015). Nesse sentido, iniciou-se na Universidade Federal de Viçosa (UFV) um programa de seleção recorrente visando o melhoramento do feijão carioca para resistência à murcha de fusário (SRMF). Neste programa foram obtidas 20 populações base, oriundas de cruzamentos biparentais, cujos progenitores foram escolhidos em função de seus potenciais quanto aos caracteres resistência a doenças, arquitetura de plantas, produtividade e aspecto comercial dos grãos. Em se tratando de caracteres muito influenciados pelas condições ambientais, como a produtividade de grãos e arquitetura de plantas do feijoeiro, o recomendado é que a seleção e a recombinação em um programa de SR se baseie em testes de famílias endogâmicas avaliadas em diferentes condições ambientais.

Assim, o objetivo deste trabalho foi a avaliação e quantificação do potencial de famílias endogâmicas em diferentes safras, visando a extração de linhagens e a recombinação para dar continuidade ao programa de SRMF da UFV.

2. REVISÃO DE LITERATURA

2.1. Cultura do Feijoeiro

O feijão-comum (*Phaseolus vulgaris L.*) é uma rica fonte de proteínas e é amplamente utilizado como alimento básico especialmente na América latina e continente africano, o que faz do feijão-comum o legume mais consumido no mundo (SCHMUTZ et al., 2014). O Brasil se destaca como o maior produtor e consumidor de feijão-comum do mundo (FERREIRA, 2020), com um consumo *per capita* de aproximadamente 18 kg ano⁻¹ (BORÉM e CARNEIRO, 2015). Na safra 2019/2020 a produção total de feijão-comum no Brasil foi de 2,5 milhões de toneladas. Incluindo o feijão Caupi, que representou 20,8% do total produzido, a produção total nacional de feijão foi de 3,02 milhões de toneladas em uma área de 1,6 milhões de hectares, com produtividade média de 1518,5 kg/ha⁻¹. Neste cenário, o feijão preto representou 16,4% da produção total nacional, com 0,49 milhões de toneladas colhidas, enquanto que o feijão carioca, o mais representativo, com 62,8% com produção de 1,9 milhões de toneladas (CONAB, 2019).

No Brasil a produção do feijão-comum é possível em até três safras por ano. A primeira safra, também denominada de safra das águas, é plantada de setembro a novembro, a segunda safra ou safra da seca plantada entre janeiro a março e a terceira safra ou safra de inverno de maio a julho. Estas duas primeiras safras são predominantemente cultivadas por médios e pequenos produtores, sendo observado em algumas ocasiões o uso de sistemas consorciados e com nível tecnológico menor em comparação aos produtores da terceira safra, que normalmente se utilizam de tecnologias como a irrigação. Considerando os dados de produção por safra e a distribuição dos produtores nas três safras, observa-se que os pequenos e médios produtores foram responsáveis por 72,76% da produção nacional na safra de 2019/2020, corroborando os relatos de JUNIOR et al. (2017) de que os pequenos produtores são responsáveis por uma porcentagem em torno de 70% da produção nacional de feijão-comum.

2.2. Melhoramento do feijoeiro no Brasil

O feijoeiro vem sendo melhorado no Brasil desde os anos 70, de forma predominante por instituições públicas (MATOS et al., 2007). Neste cenário as principais instituições são: a UFV – Universidade Federal de Viçosa, UFLA – Universidade Federal de Lavras, EMBRAPA – Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária, EPAMIG – Empresa de Pesquisa agropecuária de Minas Gerais, IAC – Instituto Agrônomo de Campinas e IAPAR – Instituto Agrônomo do Paraná (PAULA JUNIOR e WENDLAND, 2012; VIEIRA et al., 2005).

No melhoramento de qualquer espécie vegetal, o foco sempre são as características da planta que interessam ao produtor e, ou, ao consumidor. No caso do feijão-comum não é diferente, em que as principais características a serem melhoradas incluem a produtividade e aspecto comercial de grãos, a arquitetura de plantas e a resistência a doenças (RAMALHO e ABREU, 2015).

O feijão-comum apresenta grande diversidade de grãos, cada qual com sua demanda e consumo de forma regionalizada. O feijão-comum possui grupos comerciais, podendo citar como os mais importantes o feijão vermelho, muito cultivado na zona da mata mineira, o feijão preto sendo consumido no Brasil, principalmente na região sul e nos estados do Rio de Janeiro, Espírito Santo e Minas Gerais e o feijão carioca, com maior destaque entre os comercializados, é responsável por cerca de 70% da produção nacional e é o mais consumido no Brasil (RAMALHO e ABREU, 2015; MELO et al., 2012). O feijão carioca de melhor aspecto comercial ou também dito grão típico carioca, possui cor creme com rajas marrom-claras, fundo claro, sem halo, peso médio de 100 sementes entre 22 e 24 gramas e grãos não achatados (RAMALHO et al., 1998).

A arquitetura de plantas do feijoeiro é uma característica complexa dependente de várias outras (MOURA et al., 2013; SILVA e WANDER, 2015; MELO, 2016). Além disso, essa característica é influenciada por fatores fisiológicos bem como edafoclimáticos. Segundo MELO (2016), em locais com alta temperatura e umidade, as plantas mostram tendência ao acamamento, o que demonstra a influência ambiental sob a arquitetura de plantas. Segundo MOURA et al. (2013), os principais caracteres determinantes da arquitetura de plantas do feijoeiro, com alta correlação

de causa e efeito, são o ângulo de inserção dos ramos, a altura de plantas na colheita e o diâmetro do hipocótilo.

Em se tratando de plantas do feijoeiro, há de se ter em mente que o foco são plantas de arquitetura mais ereta, pois possibilitam a colheita mecanizada com menores perdas, facilitam os tratos culturais e até reduzem a incidência de doenças como o mofo branco, pois permitem um ambiente mais arejado entre as plantas (SILVA et al., 2009).

Dentre os principais fatores que contribuem para a baixa produtividade do feijoeiro, os de ordem fitossanitária se destacam. As doenças podem ser causadas por diversos patógenos como fungos, bactérias, vírus e nematóides, com potencial de gerar danos na parte aérea, caule e raízes da planta (PAULA JÚNIOR e BORÉM, 2006). Na cultura do feijoeiro são listadas mais de 45 doenças (PAULA JÚNIOR, VIEIRA e ZAMBOLIM, 2004), com destaque para as fúngicas (PAULA JÚNIOR & WENDLAND, 2012), como o mofo-branco, causado por *Sclerotinia sclerotiorum*, a antracnose, causada por *Colletotrichum lindemuthianum*, a mancha angular, causada por *Pseudocercospora griseola*, a ferrugem, causada por *Uromyces appendiculatus* e a murcha de fusário, causada por *Fusarium oxysporum f.sp. phaseoli* (PEREIRA, 2008; PAULA JÚNIOR et al., 2004).

2.3. Melhoramento visando a resistência à murcha de fusário

A murcha de fusário é causada por um fungo habitante do solo, sendo uma das doenças de maior impacto na cultura do feijoeiro (RAMALHO et al., 2012). Este patógeno hemibiotrófico produz três tipos de esporos assexuais. Os microconídios que são elípticos e, geralmente, produzidos no interior dos vasos condutores das plantas infectadas; os macroconídios fusóides ligeiramente curvos, com mais de dois septos, medindo de 3,6 x 25-35µm e, geralmente, formados em conidióforos ou na superfície do esporodóquio, comumente encontrados na superfície de plantas mortas pelo patógeno atestando sua eficiência como saprófito (AGRIOS, 2005; LESLIE e SUMMERELL, 2006; PIZA, 1993; WALLER e BRADFORD, 1990; BIANCHINI et al., 1997). E por fim os clamidósporos, que são estruturas de resistência que podem perdurar no solo mesmo na ausência do hospedeiro por anos, o que faz com que a

principal forma de controle desta doença seja a utilização de cultivares resistentes, já que além do exposto, não há controle químico eficaz para esta doença (CROSS et al., 2000), apesar de existir a recomendação do tratamento de sementes com Metil 1-(butilcarbamoil)-2-benzimidazolecarbamato juntamente com benomyl + Bis(dimetiltiocarbamoil) dissulfeto ou simplesmente thiram + benomyl em áreas muito infestadas (BIANCHINI et al., 1997). As perdas são observadas em maior importância em áreas irrigadas ou quando em plantios sucessivos (TOLEDO e SOUZA et al., 2012).

A infecção do feijoeiro ocorre através de danos no sistema radicular, que progride até atingir o sistema vascular da planta. Com o avanço da infecção, os sintomas vão desde a murcha das folhas mais velhas e clorose até a senescência das folhas mais velhas até a murcha das folhas mais novas, necrose do ápice e dos tecidos vasculares da planta. Em condições de temperatura e umidade para o desenvolvimento do patógeno é possível observar esporos no caule da planta morta. De forma prática, à campo, os danos desta doença vão desde a redução do ciclo da cultura, redução da produtividade dos grãos e tamanho dos mesmos até a morte da planta (ABAWI e PASTOR-CORRALES, 1990; BRICK et al., 2004; FALL et al., 2001).

Além da vasta distribuição em todo mundo, existem ainda variantes da doença. São sete raças distribuídas pelos continentes, sendo que no Brasil, os isolados obtidos são pertencentes à raça 2 (HENRIQUE et al., 2015). Segundo GAVIRIA-RIVERA et al. (2018), o sequenciamento parcial do gene TEF1- α ainda é o melhor marcador molecular para identificar isolados de fusário a nível de espécie. Porém, é possível distinguir isolados de *Fusarium oxysporum* (Fop) e *Fusarium solani* através da técnica de PCR com primers específicos, uma vantagem considerando a relativa simplicidade da técnica e rapidez do diagnóstico.

A murcha de fusário foi descrita atacando o feijoeiro comum pela primeira vez no mundo nos Estados Unidos, mais precisamente no estado da Califórnia no ano de 1928. No Brasil, a ocorrência desta doença está relacionada com a amplitude do cultivo do feijoeiro no país, sendo pela primeira vez observada no ano de 1966 no estado de São Paulo (CARDOSO et al., 1966). Já no estado de Minas Gerais o primeiro relato da doença foi no ano de 1983 (ABAWI, 1994; ZAMBOLIM et al., 1987).

A resistência do feijoeiro ao fusário já foi relatada como poligênica (CROSS et al., 2000; SALGADO et al., 1995), monogênica (CROSS et al., 2000; FALL et al., 2001; RIBEIRO e HAGEDORN, 1979; SALGADO et al., 1995), e Oligogênica (CÂNDIDA et al., 2009; PEREIRA et al., 2009). Segundo BRICK et al. (2004) e RIBEIRO e HAGEDORN (1979), a resistência do feijoeiro ao fusário é raça-específica, podendo ser classificada como resistência vertical (ZAMBOLIM et al., 2014). Em estudo para determinar a herança da resistência ao isolado FOP UFV 01, coletado em Coimbra-MG, BATISTA et al. (2017) concluíram que três genes dominantes estão envolvidos no controle da resistência ou que um gene dominante de efeito maior e poligenes com efeitos aditivos podem explicar a herança da resistência a este isolado.

Na obtenção de linhagens resistentes a doenças, três etapas são vitais, a identificação das fontes de resistência, a realização dos cruzamentos entre as linhagens com as características de interesse e a seleção dos indivíduos resistentes nas populações segregantes (PEREIRA, RAMALHO e ABREU, 2008).

2.4. Seleção recorrente no melhoramento do feijoeiro

Os grandes desafios enfrentados pelos melhoristas é a combinação de vários caracteres de interesse e o elevado número de genes a serem piramidados, além da interação dos genótipos com os efeitos ambientais (CUNHA, RAMALHO e ABREU, 2005). Um outro ponto em um programa de melhoramento objetivando múltiplas características a ser observado é que os alelos favoráveis que conferem os fenótipos almejados geralmente não se encontram em um único genitor, sendo quase impossível reuni-los em um único ciclo seletivo (HALLAUER 1992; SILVA et al., 2013). Neste sentido, destaca-se a seleção recorrente, pois por sua característica de ciclos sucessivos de seleção e recombinação, torna-se mais fácil a obtenção de indivíduos superiores (RAMALHO 1996; RAMALHO et al., 2012; RAMALHO e ABREU, 2015). A seleção recorrente se trata de uma estratégia focada no melhoramento de uma ou mais populações, em que de forma cíclica, ocorre o aumento da frequência de alelos favoráveis das características de interesse (RAMALHO et al.; 2012; BORÉM e MIRANDA, 2013).

A seleção recorrente foi proposta pela primeira vez na década de 1940, inicialmente utilizada no melhoramento de plantas alógamas, especialmente na cultura do milho. Atualmente, vem sendo utilizada com sucesso no melhoramento de plantas autógamas a exemplo da cultura do feijoeiro (CUNHA et al., 2005; AMARO et al., 2007; SILVA et al., 2007; MENEZES JUNIOR et al., 2011; ALVES et al., 2015).

O primeiro passo da seleção recorrente em plantas autógamas consiste na obtenção da população base, em que são escolhidos os genitores que devem ser contrastantes/complementares para as características de interesse, de forma a alcançar a maior variabilidade genética possível (RAMALHO et al., 2012). No caso do feijoeiro, os programas de seleção recorrente têm se baseado em múltiplas populações e em suas obtenções vêm se utilizando a estratégia proposta por BEARZOTI (1997), em que os cruzamentos são realizados em esquema de dialelo circulante, de forma que cada genitor, ou população, participa de dois cruzamentos em cada ciclo de seleção (de PAULA et al., 2019).

A próxima etapa é a avaliação e seleção dos melhores indivíduos/famílias endogâmicas para a recombinação, que também é um dos pontos cruciais do processo. Para caracteres com alta herdabilidade, a seleção pode ser realizada visualmente nas gerações F_2 ou S_0 . Contudo, para caracteres que sofrem elevada influência ambiental e com alta interação genótipos x ambientes, indica-se a seleção baseada em testes de famílias endogâmicas (RAMALHO et al. 2012). No proceder da avaliação das famílias endogâmicas provenientes destas populações, é recomendado que esta avaliação ocorra em experimentos com repetições, realizados em diferentes ambientes ou seja, safras, locais e anos distintos (BORÉM E MIRANDA, 2013).

2.5. Índices de seleção

Na seleção envolvendo múltiplos caracteres de interesse destacam-se os índices de seleção. Diversos índices de seleção vêm sendo propostos, os quais buscam estabelecer uma variável, que é constituída pela combinação linear ótima de um conjunto de caracteres de interesse (CRUZ e CARNEIRO, 2003; BERNARDO, 2002).

A primeira proposta em se utilizar de tais índices foi nos trabalhos de SMITH (1936) e HAZEL (1943). Este índice, também chamado de índice clássico, combina linearmente os valores fenotípicos almejados, de forma que a correlação entre a combinação linear dos valores genotípicos ponderados pelos pesos econômicos e o índice seja maximizada (CRUZ et al., 2014).

Um outro índice foi proposto por KEMPTHORNE e NORDSKOG (1959), no qual se deseja um ganho máximo em uma determinada característica ou grupo de características e ganho nulo em outra ou outro conjunto de características (CRUZ et al., 2014). PESEK e BAKER (1969) apresentaram um índice que contempla o índice proposto por TALLIS (1962), onde o melhorista pode especificar os ganhos almejados em cada característica (CRUZ et al., 2014). Estes índices de seleção em comparação ao proposto por Smith e Hazel são ditos índices com restrições. Em todos estes índices, incluindo o de Smith e Hazel, a solução do sistema de equações normais passa pela inversa de uma matriz de covariância e este procedimento proporciona estimadores viesados quando na presença de multicolinearidade. Além disso, o estabelecimento de pesos econômicos, bem como de ganhos desejados não é tarefa fácil em um programa de melhoramento.

O índice de seleção proposto por CARVALHO et al. (2002) é baseado na distância euclidiana média das médias do genótipo em relação ao ideótipo, estabelecido, considerando valores ideais para cada característica avaliada. Neste índice também é possível estabelecer limites superiores e inferiores, bem como a importância relativa de cada característica e a diferença na escala das medidas. Diferente do índice proposto por HARDING et al. (1991), que pondera distância euclidiana para classificar os fenótipos em relação a um fenótipo ótimo podendo ter um valor intermediário. Segundo CARVALHO et al. (2002), o CV é diretamente proporcional à variância genética disponível, mantém a proporcionalidade entre os caracteres e é adimensional. A ponderação dos valores fenotípicos permite que o caráter de maior importância relativa aumente sua contribuição para o ranqueamento do índice. Segundo Cruz et al. (2012), para que haja um grau desprezível de distorção na transposição do espaço n - dimensional para o espaço bi ou tridimensional, os dois ou três componentes utilizados devem explicar ao menos 80% da variação total. No estudo publicado por CARVALHO et al. (2002), para seu conjunto de dados ficou evidenciado, que tanto a seleção baseada em componentes principais, quanto o

índice de seleção proposto, apresentaram os mesmos ganhos genéticos preditos. Este índice vem sendo utilizado em diversos trabalhos em diversas culturas podendo citar o amendoim, milho e feijão publicados por LUZ et al. (2014); LIET et al. (2018) e PALEARI et al. (2020), respectivamente.

3. MATERIAIS E MÉTODOS

3.1. Material genético

O material genético utilizado neste trabalho integra o programa de seleção recorrente de feijão carioca visando resistência à murcha de fusário da UFV (SRMF – UFV), que teve início em 2014 com a avaliação do potencial de 12 linhagens de feijoeiro cruzadas em esquema de dialelo parcial. Foram utilizadas cultivares comerciais elites dos principais programas de melhoramento do Brasil, considerando resistência a doenças e características agrônômicas e comerciais de interesse, buscando a complementariedade entre fenótipos favoráveis destas características nos dois grupos (grupo 1 e grupo 2) de genitores como descritos na Tabela 1.

Tabela 1 - Origem e principais caracteres de interesse dos 12 genitores de feijoeiro utilizados no dialelo parcial

Genitores	Origem	Fenótipos de destaque
Grupo 1		
BRSMG-TA	UFLA ^a	resistência a Fop
RC I-8	UFLA	resistência a Fop
BRSMG Uai	UFLA	porte ereto, produtividade de grãos e resistência a Fop
CVIII 8511	UFLA	resistência a Fop
CNFC 11965	Embrapa ^b	resistência a Fop
BRS Pérola	Embrapa	resistência a Fop
Grupo 2		
MAI 1813	UFLA	resistência a mancha angular
BRS E.	Embrapa	porte ereto e produtividade de grãos
VC 13	UFV ^c	produtividade de grãos
VC 28	UFV	produtividade de grãos
VC 25	UFV	produtividade de grãos
IAC Formoso	IAC ^d	produtividade de grãos

^a Universidade Federal de Lavras; ^b Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária; ^c Universidade Federal de Viçosa; ^d Instituto Agronômico de Campinas. BRSMG-TA = BRSMG Talismã; BRS E.= BRS Estilo; FOP = *Fusarium oxysporum f sp. phaseolus* FONTE: (SILVA, 2018).

As sementes das plantas F₁'s colhidas no experimento de campo foram multiplicadas e 34 das 36 populações F₂ foram avançadas em bulk até a geração F₄ (Tabela 2). A partir desta avaliação e da realizada por Batista (2015) foram selecionadas as 20 melhores populações, sendo elas as de número 1, 2, 6, 7, 8, 12, 13, 15, 16, 17, 18, 20, 24, 25, 27, 28, 29, 32, 34 e 36, com genealogia descrita e em destaque na Tabela 2.

Tabela 2 - Genealogia das 36 populações (POP) obtidas pelo cruzamento entre os dois grupos de genitores em esquema de dialelo parcial 6x6

POP	Genealogia	POP	Genealogia
1	BRSMG Talismã / MAI 1813	19	CVIII 8511 / MAI 1813
2	BRSMG Talismã / BRS E.	20	CVIII 8511 / BRS E.
3	BRSMG Talismã / VC 13	21	CVIII 8511 / VC 13
4	BRSMG Talismã / VC 28	22	CVIII 8511 / VC 28
5	BRSMG Talismã / VC 25	23	CVIII 8511 / VC 25
6	BRSMG Talismã / IAC Formoso	24	CVIII 8511 / IAC Formoso
7	RC I-8 / MAI 1813	25	CNFC 11965 / MAI 1813
8	RC I-8 / BRS E.	26	CNFC 11965 / BRS E.
9	RC I-8 / VC 13	27	CNFC 11965 / VC 13
10	RC I-8 / VC 28	28	CNFC 11965 / VC 28
11	RC I-8 / VC 25	29	CNFC 11965 / VC 25
12	RC I-8 / IAC Formoso	30	CNFC 11965 / IAC Formoso
13	BRSMG Uai / MAI 1813	31	BRS Pérola / MAI 1813
14	BRSMG Uai / BRS E.	32	BRS Pérola / BRS E.
15	BRSMG Uai / VC 13	33	BRS Pérola / VC 13
16	BRSMG Uai / VC 28	34	BRS Pérola / VC 28
17	BRSMG Uai / VC 25	35	BRS Pérola / VC 25
18	BRSMG Uai / IAC Formoso	36	BRS Pérola / IAC Formoso

BRS E.= BRS Estilo. 20 populações em destaque (negrito) selecionadas por SILVA 2018, FONTE: Adaptado de (SILVA, 2018).

Nestas 20 populações selecionadas (em destaque na Tabela 2), considerando o aspecto comercial dos grãos, selecionou-se 40 sementes de plantas individuais de cada uma das 20 populações, originando 800 famílias endogâmicas F_{4:5}, que foram avaliadas em blocos aumentados, juntamente com cinco testemunhas comerciais. Neste experimento foram mensurados os caracteres produtividade de grãos (PROD), arquitetura de planas (ARQ) e aspecto comercial dos grãos (ACG) e selecionadas as 20 melhores famílias endogâmicas de cada uma das 20 populações considerando as médias ajustadas de PROD e níveis críticos para ARQ e ACG, o que resultou em 400 famílias endogâmicas F_{4:6}, que foram avaliadas em 20 experimentos em delineamento

de blocos casualizados, sendo que cada conjunto de famílias endogâmicas de uma população foram avaliadas em um experimento. A partir dessa avaliação foram selecionadas as 95 famílias endogâmicas de maior potencial, com base em PROD, ARQ e ACG, as quais estão listadas na tabela 3.

O trabalho aqui proposto foi a avaliação e quantificação do potencial destas famílias endogâmicas por mais três gerações ($F_{4:7}$, $F_{4:8}$ e $F_{4:9}$), em diferentes safras visando a seleção daquelas de maior potencial para a recombinação e extração de linhagens superiores quanto aos caracteres PROD, ARQ e ACG. Estas famílias endogâmicas foram avaliadas juntamente com cinco testemunhas que se destacam quanto a alguns caracteres de interesse, quais sejam: VC25 para produtividade de grãos, Manteigão-fosco como resistente à Fop, BRS Estilo para porte e produtividade de grãos, Meia-noite como susceptível à Fop, Pérola quanto a resistência à Fop (Tabela 3).

Tabela 3 - Famílias endogâmicas e testemunhas avaliadas e suas respectivas genealogias

F.	P.	Genealogia	F.	P.	Genealogia
1	4	RC I-8 / MAI 1813	51	12	CVIII 8511 / BRS E.
2	Te.	BRS E.	52	10	BRSMG Uai / VC 25
3	5	RC I-8 / BRS E.	53	9	BRSMG Uai / VC 28
4	15	CNFC 11965 / VC 13	54	11	BRSMG Uai / IAC Formoso
5	12	CVIII 8511 / BRS E.	55	12	CVIII 8511 / BRS E.
6	Te.	Manteigão Fosco	56	17	CNFC 11965 / VC 25
7	12	CVIII 8511 / BRS E.	57	1	BRSMGTa / MAI 1813
8	15	CNFC 11965 / VC 13	58	8	BRSMG Uai / VC 13
9	1	BRSMGTa / MAI 1813	59	12	CVIII 8511 / BRS E.
10	2	BRSMGTa / BRS E.	60	2	BRSMGTa / BRS E.
11	6	RC I-8 / IAC Formoso	61	5	RC I-8 / BRS E.
12	Te.	VC25	62	16	CNFC 11965 / VC 28
13	12	CVIII 8511 / BRS E.	63	5	RC I-8 / BRS E.
14	15	CNFC 11965 / VC 13	64	12	CVIII 8511 / BRS E.
15	15	CNFC 11965 / VC 13	65	15	CNFC 11965 / VC 13
16	11	BRSMG Uai / IAC Formoso	66	15	CNFC 11965 / VC 13
17	5	RC I-8 / BRS E.	67	2	BRSMGTa / BRS E.
18	5	RC I-8 / BRS E.	68	12	CVIII 8511 / BRS E.
19	20	BRS Pérola / IAC Formoso	69	15	CNFC 11965 / VC 13
20	3	BRSMGTa / IAC Formoso	70	10	BRSMG Uai / VC 25
21	14	CNFC 11965 / MAI 1813	71	5	RC I-8 / BRS E.
22	7	BRSMG Uai / MAI 1813	72	14	CNFC 11965 / MAI 1813
23	10	BRSMG Uai / VC 25	73	13	CVIII 8511 / IAC Formoso
24	3	BRSMGTa / IAC Formoso	74	11	BRSMG Uai / IAC Formoso
25	5	RC I-8 / BRS E.	75	1	BRSMGTa / MAI 1813
26	8	BRSMG Uai / VC 13	76	15	CNFC 11965 / VC 13
27	2	BRSMGTa / BRS E.	77	Te.	Pérola
28	4	RC I-8 / MAI 1813	78	14	CNFC 11965 / MAI 1813

29	9	BRSMG Uai / VC 28	79	7	BRSMG Uai / MAI 1813
30	15	CNFC 11965 / VC 13	80	9	BRSMG Uai / VC 28
31	13	CVIII 8511 / IAC Formoso	81	6	RC I-8 / IAC Formoso
32	18	BRS Pérola / BRS E.	82	15	CNFC 11965 / VC 13
33	12	CVIII 8511 / BRS E.	83	17	CNFC 11965 / VC 25
34	17	CNFC 11965 / VC 25	84	8	BRSMG Uai / VC 13
35	10	BRSMG Uai / VC 25	85	15	CNFC 11965 / VC 13
36	20	BRS Pérola / IAC Formoso	86	5	RC I-8 / BRS E.
37	9	BRSMG Uai / VC 28	87	3	BRSMGTa / IAC Formoso
38	16	CNFC 11965 / VC 28	88	5	RC I-8 / BRS E.
39	4	RC I-8 / MAI 1813	89	19	BRS Pérola / VC 28
40	12	CVIII 8511 / BRS E.	90	5	RC I-8 / BRS E.
41	14	CNFC 11965 / MAI 1813	91	14	CNFC 11965 / MAI 1813
42	19	BRS Pérola / VC 28	92	9	BRSMG Uai / VC 28
43	13	CVIII 8511 / IAC Formoso	93	18	BRS Pérola / BRS E.
44	14	CNFC 11965 / MAI 1813	94	6	RC I-8 / IAC Formoso
45	10	BRSMG Uai / VC 25	95	13	CVIII 8511 / IAC Formoso
46	15	CNFC 11965 / VC 13	96	14	CNFC 11965 / MAI 1813
47	12	CVIII 8511 / BRS E.	97	9	BRSMG Uai / VC 28
48	Te.	Meia Noite	98	8	BRSMG Uai / VC 13
49	9	BRSMG Uai / VC 28	99	15	CNFC 11965 / VC 13
50	3	BRSMGTa / IAC Formoso	100	12	CVIII 8511 / BRS E.

BRS E.= BRS Estilo, BRSMGTa= BRSMG Talismã, F. (Famílias endogâmicas); P. (População); Te. (Testemunha)

3.2. Experimentos de campo

As 95 famílias endogâmicas, juntamente com as cinco testemunhas, foram avaliadas a campo em três safras (águas 2019, inverno 2020 e águas 2020). O delineamento utilizado foi um látice triplo com 100 tratamentos (95 famílias endogâmicas + cinco testemunhas) e parcelas constituídas de uma linha com 2 metros de comprimento.

Os experimentos foram conduzidos na Estação Experimental da UFV no Município de Coimbra-MG (latitude: 20°49'44" S, longitude: 42°45'56" W, altitude: 713 m). A adubação e tratos culturais foram realizados de acordo com as recomendações técnicas para a região e o controle de plantas daninhas e irrigação foram realizados quando necessário (CARNEIRO et al., 2014).

Foram avaliados os caracteres produtividade de grãos (PROD), arquitetura de plantas (ARQ), aspecto comercial de grãos (ACG), conforme descritos a seguir:

- Produtividade de grãos (PROD): A produtividade de grãos foi obtida em cada parcela experimental por meio da pesagem total dos grãos colhidos (em

gramas por parcela), utilizando balança de precisão e, posteriormente, convertida em kg ha⁻¹.

- Arquitetura de plantas (ARQ): A arquitetura de plantas foi avaliada com base em uma escala de notas variando de 1 a 9 como proposto por COLLICCHIO et al. (1997), em que quanto menor forem as notas mais eretas são as plantas.
- Aspecto comercial de grãos (ACG): A avaliação do aspecto comercial de grãos foi realizada com base em uma escala de notas variando de 1 a 5 proposta por RAMALHO et al. (1998), sendo: nota 1 - grão típico carioca, cor creme com rajas marrom-claras, fundo claro, sem halo, peso médio de 100 sementes entre 22 e 24 gramas e grãos não achatados; nota 2 - grão tipo carioca com deficiência em uma das características mencionadas no padrão; nota 3 - grão tipo carioca com deficiência em duas das características mencionadas no padrão; nota 4 - grão tipo carioca com deficiência em três das características mencionadas no padrão; e nota 5 - grão cor creme com rajas marrom-escuras, fundo escuro, com halo, peso médio de 100 sementes menor que 22 gramas e grãos achatados.

3.3. Detalhes das análises estatísticas

3.3.1. Modelo para as análises individuais

O modelo estatístico utilizado para as análises individuais foi:

$$Y_{ijk} = m + g_i + r_j + (b/r)_{jk} + e_{ijk}$$

Onde:

Y_{ijk} é o valor observado relativo a parcela que recebe o genótipo i da repetição j no bloco k

m é a média geral do experimento

g_i é o efeito do genótipo i

r_j é o efeito da repetição j

$(b/r)_{jk}$ é o efeito do bloco k dentro da repetição j

e_{ijk} é o erro aleatório associado a observação Y_{ijk}

3.3.1.1. Herdabilidade média

$h^2 = \frac{\hat{\sigma}_g^2}{\hat{\sigma}_f^2}$: Herdabilidade para seleção baseada na média da família, dada pela razão entre a variância genotípica e a variância fenotípica.

3.3.1.2. Variâncias fenotípica e genotípica

- $\hat{\sigma}_f^2 = \frac{QMG}{r}$: Estimador do componente de variância fenotípica entre as médias dos tratamentos (genótipos).
- $\hat{\sigma}_g^2 = \frac{QMG-QMR}{r}$: Estimador do componente de variância genotípica entre as médias dos tratamentos (genótipos).

Onde:

QMG = Quadrado médio dos genótipos

QMR = Quadrado médio do resíduo

r = repetição

3.3.1.3. Coeficiente de variação genético e experimental

- Coeficiente de variação genético

$$CV_g(\%) = (100 \sqrt{\hat{\sigma}_g^2 / \bar{x}})$$

- Para as características ARQ e ACG o coeficiente de variação genético, foi obtido adaptando o ajuste do coeficiente da variação experimental proposto por dos ANJOS, et al. (2019), para evitar valor do índice de variação genética enviesado.

$$CV_g(\%) = (100 \sqrt{\hat{\sigma}_g^2 / |\bar{x} - u|})$$

- Coeficiente de variação experimental

$$CV(\%) = (100\sqrt{QMe/\bar{x}})$$

Para evitar estimadores de CV viesados, quando obtidos a partir de escalas de notas que se inicia em 1, foi utilizada a metodologia de ajuste proposta por dos ANJOS et al. (2019). Assim, para arquitetura de plantas e aspecto comercial de grãos, foi utilizada a seguinte expressão:

$$CV(\%) = 100 \frac{\sqrt{QMR}}{|\bar{x} - u|}$$

Onde CV é o estimador apropriado para o coeficiente de variação experimental; QMR é o quadrado médio do resíduo da análise individual; \bar{x} é a média geral da característica e u é o valor numérico atribuído ao fenótipo indesejável (igual a 5 para ACG e igual a 9 para ARQ).

3.3.1.4. Índice de variação genética

Obtido através da fórmula:

$$IV_g = CV_g / CV_e$$

3.3.2. Modelo para as análises conjuntas

$$Y_{ik(j)l} = m + g_i + (r/a)_{j(l)} + (b/r/a)_{k(j)l} + a_l + (ga)_{i(l)} + e_{ik(j)l}$$

$Y_{ik(j)l}$ é o valor observado relativo à parcela que recebeu o genótipo i do bloco incompleto k na repetição j e no ambiente l

m é a constante inerente a todas as observações

g_i é o efeito do genótipo i

$(r/a)_{j(l)}$ é o efeito da repetição j dentro do ambiente l

$(b/r/a)_{k(j)l}$ é o efeito do bloco k dentro da repetição j do ambiente l

a_l é o efeito do ambiente l

$(ga)_{i(l)}$ é o efeito da interação entre o genótipo i e o ambiente l

$e_{ik(j)l}$ é o erro aleatório associado a observação $Y_{ik(j)l}$

3.3.2.1. Coeficiente de variação experimental

- Coeficiente de variação experimental

Obtido através da fórmula abaixo:

$$CV(\%) = (100\sqrt{QMR}/\bar{x})$$

Para arquitetura e aspecto comercial de grãos, também foi utilizada a expressão proposta por dos ANJOS, et al. (2019).

$$CV(\%) = 100 \frac{\sqrt{QMR}}{|\bar{x} - u|}$$

Onde CV é o estimador apropriado para o coeficiente de variação experimental; QMR é o quadrado médio do resíduo da análise conjunta; \bar{x} é a média geral da característica e u é o valor numérico atribuído ao fenótipo indesejável (igual a 5 para ACG e igual a 9 para ARQ).

3.3.2.2. Fração simples e complexa da interação GxA

Na partição do quadrado médio da interação GxA nas frações simples e complexa foi utilizado o método proposto por CRUZ e CASTOLDI (1991), conforme se segue:

$$\%C = \frac{100 \times C}{QM_{GxA}}$$

Onde:

$$C = \sqrt{[(1 - r_{12})]^3 \times Q_1 \times Q_2}$$

C = Parte complexa da interação;

r_{12} = Correlação entre médias de genótipos nos dois ambientes;

Q_1 = Quadrado médio entre genótipos no ambiente 1;

Q_2 = Quadrado médio entre genótipos no ambiente 2;

$QMGxA$ = Quadrado médio da interação genótipos por ambientes.

3.3.3. Seleção de famílias endogâmicas

A seleção das famílias endogâmicas foi realizada via índice da distância genótipo-ideótipo (Carvalho *et al.* 2002), utilizando a média ajustada a partir das análises em látice para cada característica em cada safra. Onde:

X_{ij} : valor fenotípico médio do i -ésimo genótipo em relação a j -ésima característica;

Y_{ij} : valor fenotípico médio transformado;

C_j : constante relativa à depreciação da média do genótipo;

L_{lj} : limite inferior apresentado pelo genótipo, relativo à característica j ;

LS_j : limite superior apresentado pelo genótipo;

VO_j : valor ótimo apresentado pelo genótipo, sob seleção.

Se $L_{lj} \leq X_{ij} \leq LS_j$, então $Y_{ij} = X_{ij}$

Se $X_{ij} < L_{lj}$, então $Y_{ij} = X_{ij} + VO_j - L_{lj} - C_j$

Se $X_{ij} > LS_j$, então $Y_{ij} = X_{ij} + VO_j - LS_j + C_j$

Nesse método, considera-se que $C_j = LS_j - L_{lj}$. Esse valor de C_j garante que independentemente do valor de X_{ij} dentro do intervalo de variação entorno do ótimo resultará em um valor de Y_{ij} com magnitude mais próxima do valor ótimo (VO_j). Além disso, a transformação de X_{ij} é realizada para depreciar os valores fenotípicos médios fora do intervalo ideal para a característica. Os mesmos caracteres avaliados em diferentes safras foram considerados como caracteres diferentes.

Na definição dos ideótipos, utilizou-se para produtividade de grãos a maior média observada entre os genótipos, também utilizada como valor ótimo e como limite superior, enquanto que para o limite inferior foi utilizada a média geral. Para arquitetura de plantas, o valor ótimo e o limite inferior foram a menor média observada, já o limite superior foi preestabelecido em 7 já que acima deste valor as plantas apresentam porte indesejável. O aspecto comercial de grãos também teve como valor ótimo e limite inferior a menor média observada, enquanto o limite superior foi preestabelecido

pela nota 3, pois acima deste valor há maior dificuldade para aceitação dos grãos no mercado (Tabela 4).

Tabela 4 - Valores atribuídos ao peso econômico, valor ótimo, limite inferior e superior para as características avaliadas em 95 famílias endogâmicas de feijoeiro

Variável	Safra/Ano	Peso	Ótimo	Limite Inferior	Limite Superior
ARQ	Águas/2020	1	3,55	3,55	7
ACG	Águas/2019	1	1,57	1,57	3
ACG	Inverno/2020	1	1,49	1,49	3
ACG	Águas/2020	1	1,66	1,66	3
PROD	Águas/2019	1	5255,45	3307,9	5255,45
PROD	Inverno/2020	1	5155,05	3515,59	5155,05
PROD	Águas/2020	1	4283,91	2812,79	4283,91

3.3.4. Teste de comparação de médias

As médias fenotípicas das famílias selecionadas foram comparadas com as médias das testemunhas através do teste de Dunnett, a 5% de significância, calculado através da seguinte equação:

$$DMS = t(v_r; \alpha) \sqrt{\frac{2 QMR}{r}}$$

Onde t é um valor tabelado com base em graus de liberdade dos tratamentos (v_r) e nos graus de liberdade do resíduo (α), QMR é o quadrado médio do resíduo e r = número de repetições.

3.3.5. Ganho predito com a seleção

Com base nas famílias selecionadas (intensidade de seleção de 20%) utilizando o índice genótipo-ideótipo, foram preditos os ganhos em porcentagem (GS%) para cada característica, conforme a seguinte equação:

$$GS\% = \frac{h^2 (\bar{x}_m - \bar{x}_0)}{\bar{x}_0} \times 100$$

em que: \bar{X}_m : é a média aritmética da característica das famílias endogâmicas selecionadas; \bar{X}_0 : é a média aritmética da característica para todas as famílias endogâmicas.

Para arquitetura e aspecto comercial de grãos, foi utilizada a seguinte expressão corrigida para os ganhos conforme proposto por dos ANJOS, et al. (2019), descrita a seguir:

$$GS\% = \frac{h^2 (\bar{X}_m - \bar{X}_0)}{\bar{X}_0 - \mu} \times 100$$

Onde: u é o valor numérico atribuído ao fenótipo indesejável (igual a 5 para ACG e 9 para ARQ).

3.3.6. Softwares utilizados

Todas as análises foram realizadas com auxílio do programa GENES (Cruz, 2013).

4.RESULTADOS E DISCUSSÃO

4.1. Análises individuais de variância

Houve efeito significativo de genótipos (famílias endogâmicas) sobre todos os caracteres avaliados (arquitetura de plantas, produtividade e aspecto comercial de grãos) em todas as safras (águas/2019 e inverno e águas/2020) (Tabela 5). Estes resultados indicam variabilidade entre as famílias, essencial para o êxito do melhoramento com a seleção daquelas superiores.

As estimativas dos coeficientes de variação residual (CV) variaram entre 10,94 (ARQ – águas/2020) e 27,75% (ARQ – águas/2020) (Tabela 5), indicando precisão na avaliação dos caracteres, pois os valores obtidos, com exceção de ARQ na safra águas/2020, estão abaixo do indicado como máximo (25%) pelo Ministério da Agricultura para ensaios de valor de cultivo e uso na cultura do feijoeiro (BRASIL, 2006). Além disso, com exceção de ARQ, se equipararam aos valores relatados por outros autores para estes caracteres na cultura do feijoeiro (SOUZA et al., 2018; ROCHA et al., 2012; FREITAS, 2012; MELO et al., 2006).

Os valores do índice de variação genética (IVg) foram superiores à unidade (1) para a maioria dos caracteres, exceto para PROD na safra de inverno/2020 e para ARQ, cujos os valores foram de 0,84 e 0,77, respectivamente (Tabela 5). Segundo Cruz et al. (2014), quando os valores de IVg são superiores à unidade (1) há indícios de ganho genético com a seleção.

As estimativas dos coeficientes de herdabilidade variaram de 0,64 (ARQ – águas/2020) a 0,88 (ACG – águas/2020) (Tabela 5). Valores de magnitudes próximas foram relatadas por outros autores na cultura do feijoeiro (ANJOS et al., 2018; CUNHA et al., 2005; SANTOS et al., 2002).

Como as famílias avaliadas estão em estágio avançado de endogamia ($F_{4:7}$, $F_{4:8}$ e $F_{4:9}$), estas estimativas equivalem à herdabilidade no sentido restrito (FALCONER, 1987; RAMALHO et al., 1993), permitindo que a variabilidade seja explorada pela seleção de forma mais acurada (FALCONER, 1987; RAMALHO et al., 1993; BORÉM 2001).

Tabela 5 - Resumo das análises individuais de variância, com valores dos quadrados médios por característica nas diferentes safras, parâmetros genéticos e não genéticos estimados referentes à avaliação de famílias endogâmicas F4:7 (águas de 2019), F4:8 (inverno de 2020) e F4:9 (águas de 2020) com base nos caracteres aspecto comercial de grãos (ACG), produtividade de grãos (PROD) e arquitetura de plantas (ARQ)

F.V.	GL	Águas 2019			Inverno 2020			Águas 2020		
		PROD	ACG	ARQ	PROD	ACG	ARQ	PROD	ACG	ARQ
Rep.	2	8,7 x 10 ⁶	0,09	3,46	7,7 x 10 ⁶	1,23	6,2 x 10 ⁵	6,2 x 10 ⁵	3,46	0,07
BL/Rep. (N. AJ.)	27	5,6 x 10 ⁵	0,11	1,57	1,5 x 10 ⁶	0,11	4,7 x 10 ⁵	4,7 x 10 ⁵	1,57	0,1
Genótipos (AJ.)	99	2 x 10 ^{6**}	0,69**	2,07**	1,2 x 10 ^{6**}	0,68**	1,4 x 10 ^{6**}	1,4 x 10 ^{6**}	2,07**	0,64**
Resíduo	171	3,7 x 10 ⁵	0,09	0,74	4 x 10 ⁵	0,1	3,3 x 10 ⁵	3,3 x 10 ⁵	0,74	0,08
h^2		0,81	0,87	0,64	0,67	0,84	0,77	0,77	0,64	0,88
CV (%)		18,59	11,35	27,75	18,02	12,28	20,47	20,47	27,75	11,20
IV_g		1,21	1,50	-0,77	0,84	1,39	1,07	1,07	-0,77	1,57
μ total		3307,90	2,39	5,89	3515,60	2,39	2812,88	2812,88	5,89	2,53
μ famílias endogâmicas		3304,28	2,39	5,89	3513,18	2,39	2822,72	2822,72	5,89	2,53
μ test. ^a		3374,15	2,40	5,92	3470,87	2,41	2822,46	2822,46	5,92	2,52

FV – Fonte de variação; GL – Graus de liberdade; Rep – Repetição; BL- Bloco; N. - não; AJ. – Ajustado; CV – Coeficiente de variação experimental; ** significativo a 1% de probabilidade pelo teste F; ^a média fenotípica das testemunhas do mesmo grupo varietal (VC25, Pérola, BRS Estilo); h^2 : estimativa de herdabilidade; IV_g : índice de variação genética.

4.2. Análise conjunta de variância

Na tabela 6 são apresentados os resumos das análises conjuntas de variância para os caracteres PROD e ACG. Observou-se significância dos efeitos de genótipos, de ambientes e da interação genótipos x ambientes (GxA). Interação GxA significativa indica comportamento diferencial dos genótipos nos ambientes avaliados (Cruz et al., 2012). O efeito de genótipos foi significativo mesmo na presença de interação GxA. Este resultado indica elevada variabilidade entre as famílias avaliadas.

Tabela 6 - Resumo das análises conjuntas de variância dos experimentos de avaliação de famílias endogâmicas F4:7, F4:8 e F4:9 das safras das águas/2019, de inverno/2020 e águas/2020 para produtividade (PROD) e aspecto comercial de grãos (ACG)

FV	GL	PROD		ACG	
		QM	F	QM	F
Genótipos (G)	99	3 x 10 ⁶	8,17**	1,72	19,27**
Ambientes (A)	2	3,9 x 10 ⁷	105,57**	1,97	22,09**
GxA	198	8,6x 10 ⁵	2,33**	0,14	1,62**
Resíduo	513	3,7 x 10 ⁵		0,09	
CV (%)			18,94		12,30

FV – Fonte de variação; GL – Graus de liberdade; QM – Quadrado médio; F – Teste F; CV – Coeficiente de variação experimental; ** significativo a 1% de probabilidade pelo teste F.

4.3. Estimativas da parte complexa do quadrado médio da interação entre genótipos e pares de ambientes

Para a característica PROD em todos os pares de ambientes as estimativas da fração complexa foram superiores a 50%, enquanto que para ACG os valores foram em maioria inferiores a 50%, exceto para o par de ambientes Inverno/2020 e Águas/2020 (Tabela 7). Segundo CRUZ e CASTOLDI (991), valores acima de 50% indicam que a interação GxA é de natureza complexa, enquanto que menores que 50% indicam natureza simples. Para interação de natureza simples, ocorre diferença no comportamento dos genótipos, entretanto a classificação ou o ranqueamento dos genótipos se mantêm nos ambientes, diferentemente da complexa em que o

ranqueamento é alterado (CRUZ et al., 2012). Estes resultados associados ao efeito significativo da interação GxA (Tabela 5) e valores de herdabilidade de 0,56 para PROD e de 0,59 para ACG (Tabela 6) indicam maiores chances de sucesso com a seleção utilizando as informações de cada uma das safras. Nessa situação o uso de um índice de seleção que capitaliza os efeitos da interação GxA é o mais indicado (CRUZ et al., 2012; ROCHA et al., 2018).

Tabela 7 - Percentual das estimativas da parte complexa do quadrado médio da interação entre genótipos e pares de ambientes

Característica	Interação	% DA PARTE COMPLEXA
PROD	Águas 2019 x Inverno 2020	67,36
	Inverno 2020 x Águas 2020	77,66
	Águas 2019 x Águas 2020	69,32
ACG	Águas 2019 x Inverno 2020	45,11
	Inverno 2020 x Águas 2020	53,51
	Águas 2019 x Águas 2020	39,51

4.4. Seleção das famílias endogâmicas com base no índice distância genótipo-ideótipo

Nas tabelas 8 e 9 estão listadas as famílias endogâmicas selecionadas com base no índice genótipo-ideótipo, visando a extração de linhagens e recombinação, respectivamente. Para a extração de linhagens foram selecionadas as 20 famílias superiores independentemente das populações de origem. Já para a recombinação foram selecionadas a melhor família de cada uma das 20 populações.

Considerando a seleção para a extração de linhagens, observou-se que as populações 9 (BRSMG Uai / VC 28) e 15 (CNFC 11965 / VC 13) foram as que mais contribuíram com famílias de maior potencial, 25% para cada uma delas (Tabela 8). As demais populações que contribuíram com famílias superiores foram a 20 (com duas famílias – 10%) e as populações 3, 5, 8, 1, 12, 14 e 16 (com uma família cada – 5%). Cabe ressaltar que as linhagens VC 28 e VC 13 são oriundas do programa de melhoramento da Universidade Federal de Viçosa (UFV).

Tabela 8 - Médias de PROD, ACG e ARQ de 20 famílias endogâmicas selecionadas com base no índice genótipo-ideótipo, visando a extração de linhagens, e suas respectivas genealogias

R	GENEALOGIA	F	P	PROD		ACG		ARQ	
1	BRSMG Uai / VC 28	80	9	3995,56	a	2,03	a	7,67	a
2	BRSMG Uai / VC 28	92	9	4168,33	a	2	a	6	a
3	BRS Pérola / IAC F.	36	20	4249,44	a	2,25	a	7,33	a
4	BRSMG Uai / VC 28	29	9	3723,88	a	1,86	a	5,67	a
5	CNFC 11965 / VC 13	8	15	3079,44		1,72		4	a
6	BRSMG Uai / IAC F.	54	11	3947,22	a	2,14	a	5,67	a
7	RC I-8 / BRS E.BRS E.	86	5	3990	a	2,06	a	6,33	a
8	CNFC 11965 / MAI 1813	78	14	3755,56	a	2,17	a	4,33	a
9	BRSMG Talismã / IAC F.	24	3	3655,56	a	2,25	a	4,67	a
10	BRSMG Uai / VC 28	97	9	3452,22	a	2,08	a	5,67	a
11	CNFC 11965 / VC 13	66	15	3810,56	a	2,25	a	5,33	a
12	CNFC 11965 / VC 13	65	15	3097,22		1,64		5,33	a
13	CNFC 11965 / VC 13	15	15	3055,56		2,02	a	4,33	a
14	BRSMG Uai / VC 28	53	9	3732,22	a	2,5	a	5,67	a
15	CNFC 11965 / VC 13	76	15	3965	a	2,31	a	5	a
16	CNFC 11965 / VC 28	62	16	4679,44	a	2,94		5	a
17	BRSMG Uai / VC 13	84	8	3591,11	a	2,11	a	5,33	a
18	BRS Pérola / IAC F.	19	20	3709,44	a	2,36	a	5,33	a
19	BRSMG Uai / VC 28	37	9	3991,11	a	2,31	a	5,57	a
20	CVIII 8511 / BRS E.BRS E.	5	12	3381,11	a	2,33	a	4	a
	Testemunha VC25	-	-	3935	a	2,25	a	-	
	Testemunha BRS E.	-	-	-		-		5,67	a

R (Ranking); F (Famílias endogâmicas); P (População); IAC F (IAC FORMOSO); médias seguidas de mesma letra na coluna não diferem da testemunha em comparação pelo teste de Dunnett a 5% de probabilidade.

Considerando a seleção visando a recombinação, observou-se que as populações mais bem ranqueadas (9, 20 e 15) (Tabela 9) foram também aquelas que mais contribuíram com famílias visando a extração de linhagens (Tabela 8). Estes resultados indicam que os genitores destas populações (BRSMG Uai, VC 13, VC 28, IAC Formoso, BRS Pérola e CNFC 11965) apresentam potencial para serem utilizados em programas de melhoramento do feijoeiro.

Comparando as médias das famílias endogâmicas selecionadas, para a extração de linhagens, com a média da melhor testemunha de grãos tipo carioca (Tabela 8), observou-se que em sua maioria as médias das famílias selecionadas não diferiram da média da melhor testemunha para todos os caracteres avaliados (PROD, ACG e

ARQ). Resultado semelhante foi observado para as famílias selecionadas visando a recombinação (Tabela 9). Estes resultados indicam o elevado potencial destas famílias selecionadas no melhoramento do feijão carioca para os caracteres PROD, ACG e ARQ, uma vez que ainda há variabilidade dentro de cada família, dado que o avanço de gerações foi utilizando o método de bulk dentro de família. Além disso, estes resultados também indicam a eficiência do índice genótipo-ideótipo na seleção das famílias mais promissoras, tanto visando a extração de linhagens quanto a recombinação.

Tabela 9 - Médias fenotípicas de PROD, ACG e ARQ de 20 famílias endogâmicas selecionadas com base no índice genótipo-ideótipo, visando a recombinação, e suas respectivas genealogias

R	GENEALOGIA	F	P	PROD	ACG	ARQ	
1	BRSMG Uai / VC 28	80	9	3995,56	a	7,67	a
2	BRS Pérola / IAC F.	36	20	4249,44	a	7,33	a
3	CNFC 11965 / VC 13	8	15	3079,44		4	a
4	BRSMG Uai / IAC F.	54	11	3947,22	a	5,67	a
5	RC I-8 / BRS E.	86	5	3990	a	6,33	a
6	CNFC 11965/MAI 1813	78	14	3755,56	a	4,33	a
7	BRSMG T./ IAC F.	24	3	3655,56	a	4,67	a
8	CNFC 11965 / VC 28	62	16	4679,44	a	5	a
9	BRSMG Uai / VC 13	84	8	3591,11	a	5,33	a
10	CVIII 8511 / BRS E.	5	12	3381,11	a	4	a
11	BRS Pérola / VC 28	42	19	3775	a	5	a
12	BRS Pérola / BRS E.	93	18	4173,34	a	6,33	a
13	CNFC 11965 / VC 25	56	17	3417,78	a	5,67	a
14	CVIII 8511 / IAC F.	95	13	3128,89	a	5,33	a
15	BRSMG T./ BRS E,	60	2	3449,44	a	7,33	a
16	BRSMG Uai / VC 25	35	10	3155	a	5,33	a
17	BRSMG T. / MAI1813	57	1	3650,55	a	6,67	a
18	RC I-8 / MAI 1813	1	4	3221,67	a	7,33	a
19	BRSMG Uai / MAI1813	22	7	2940,55		5,67	a
20	RC I-8 / IAC F.	94	6	2499,44		6,33	a
Testemunha	VC25	-	-	3935	a	2,25	a
Testemunha	BRS E.	-	-	-	-	5,67	a

R (Ranking); F (Famílias endogâmicas); P (População); IAC F. (IAC FORMOSO); BRSMG T. (BRSMG TALISMÃ); BRS E. (BRS Estilo); médias seguidas de mesma letra na coluna não diferem da testemunha em comparação pelo teste de Dunnett a 5% de probabilidade.

Além do mencionado acima, considerando as famílias selecionadas para a extração de linhagens (Tabela 8), observou-se que nenhuma destas famílias reuniu

todos os alelos favoráveis referentes aos caracteres PROD, ACG e ARQ, simultaneamente, a exemplo das famílias 36, 65 e 15 (Tabela 8). A família 36 se destaca para PROD, porém deixa a desejar quanto à ARQ e ACG, enquanto a família 65 se destaca para ACG e deixa a desejar quanto a PROD e ARQ e a família 15 se destaca para ARQ e ACG, porém deixa a desejar quanto a PROD. Estes resultados indicam a necessidade de mais ciclos de recombinação visando melhorar simultaneamente os caracteres PROD, ACG e ARQ.

4.5. Ganhos por safra com a seleção

Os ganhos preditos com a seleção baseada no índice distância genótipo-ideótipo para cada safra foram positivos para todos os caracteres avaliados (PROD, ACG e ARQ) tanto para extração de linhagens (Tabela 10) quanto para a recombinação (Tabela 11). Estes resultados confirmam a eficiência deste índice em capitalizar a interação genótipos por ambientes no processo de seleção. Cabe ressaltar que, utilizando a correção proposta por dos ANJOS et al. (2019), os ganhos preditos positivos são os de interesse para o melhorista, mesmo para caracteres em que os fenótipos favoráveis sejam os de menor magnitude (ACG e ARQ) (escala decrescente com os fenótipos favoráveis). Em outras palavras, com a correção proposta por dos Anjos et al. (2019), sempre que houver ganho com a seleção os valores preditos serão positivos, independente da escala utilizada, seja crescente ou decrescente com os fenótipos favoráveis da característica sob seleção.

Os ganhos preditos variaram de 7,52 a 18,07% com as famílias selecionadas visando a extração de linhagens (Tabela 10) e de 1,58 a 13,96% para as famílias selecionadas visando a recombinação (Tabela 11). Em geral, os ganhos preditos com as famílias selecionadas visando a extração de linhagens foram maiores para PROD (média de 13,06%) comparados à ARQ (9,83%) e ACG (média de 9,16%) (Tabela 10). Para as famílias selecionadas visando a recombinação em geral, os ganhos preditos foram maiores para PROD (média de 8,72%), comparados à ACG (média de 3,94%) e ARQ (1,58%) (Tabela 11). Outros autores, também utilizando a seleção recorrente relatam ganhos de magnitude semelhantes aos observadas neste trabalho para as características ARQ (CUNHA et al., 2005), PROD (NUNES et al., 1999) e ACG (CARVALHO et al., 2017).

Considerando os ganhos médios das safras para os caracteres PROD, ACG e ARQ, observou-se superioridade das famílias selecionadas para a extração de linhagens em comparação às famílias selecionadas visando a recombinação (Tabelas 10 e 11). Estes resultados corroboram a necessidade de mais ciclos de recombinação visando o melhoramento dos caracteres PROD, ACG e ARQ.

Tabela 10 - Ganhos genéticos preditos para as 20 famílias endogâmicas de feijão carioca selecionadas com base no índice Genótipo - Ideótipo visando extração de linhagens

Saфра de cultivo	Caracteres avaliados		
	PROD	ACG	ARQ
Águas/2019 - F _{4:7}	18,07	9,32	-
Inverno/2020 - F _{4:8}	7,52	7,59	-
Águas/2020 - F _{4:9}	13,61	10,58	9,83
Média	13,06	9,16	9,83

Tabela 11 - Ganhos genéticos preditos para as 20 famílias endogâmicas selecionadas com base no índice Genótipo - Ideótipo, visando recombinação, sendo uma de cada uma das 20 populações

Saфра de cultivo	Caracteres avaliados		
	PROD	ACG	ARQ
Águas/2019 - F _{4:7}	13,96	3,07	-
Inverno/2020 - F _{4:8}	6,67	3,53	-
Águas/2020 - F _{4:9}	5,53	5,23	1,58
Média	8,72	3,94	1,58

Nas tabelas 12 e 13 são apresentados os ganhos preditos por família selecionada, visando, respectivamente, a extração de linhagens e a recombinação. Observou-se que nem todas as famílias selecionadas apresentaram ganhos simultâneos para os caracteres PROD, ARQ e ACG em sentido e magnitude desejados, visando tanto a recombinação quanto a extração de linhagens.

Considerando a seleção de famílias para a extração de linhagens (Tabela 12), observou-se que as famílias selecionadas apresentaram ganhos em sentido e magnitude desejável (ganhos positivos) para pelo menos duas das três características

avaliadas (PROD, ARQ e ACG). Das 20 famílias selecionadas, onze (famílias de número 29, 54, 78, 24, 97, 66, 76, 84, 19, 37 e 5) apresentaram ganhos positivos para as três características, com destaque para as famílias 62 para PROD (34,42%), 65 para ACG (26,90), 5 e 8 para ARQ (39,05) e 66 com valores de 15,07; 6,31 e 11,55% para os caracteres PROD, ARQ e ACG, respectivamente. Para ganho em duas das três características a família 8 se destaca com valores de -2,55; 24,34 e 39,05% referentes às características PROD, ACG e ARQ, respectivamente (Tabela 12). Estes resultados também corroboram a necessidade de mais ciclos de recombinação visando o melhoramento dos caracteres PROD, ACG e ARQ.

Tabela 12 - Ganhos preditos médios para famílias endogâmicas selecionadas visando extração de linhagens

R	GENEALOGIA	F	P	PROD	ACG	ARQ
1	BRSMG Uai / VC 28	80	9	19,65	13,81	-36,58
2	BRSMG Uai / VC 28	92	9	22,41	14,69	-2,20
3	BRS Pérola / IAC Formoso	36	20	23,68	6,36	-29,70
4	BRSMG Uai / VC 28	29	9	11,98	19,62	4,68
5	CNFC 11965 / VC 13	8	15	-2,55	24,34	39,05
6	BRSMG Uai / IAC Formoso	54	11	17,13	10,14	4,68
7	RC I-8 / BRS Estilo	86	5	19,53	13,01	-9,08
8	CNFC 11965 / MAI 1813	78	14	12,91	9,56	32,18
9	BRSMG Talismã / IAC Formoso	24	3	9,75	6,40	25,30
10	BRSMG Uai / VC 28	97	9	5,22	11,73	4,68
11	CNFC 11965 / VC 13	66	15	15,07	6,31	11,55
12	CNFC 11965 / VC 13	65	15	-1,46	26,90	11,55
13	CNFC 11965 / VC 13	15	15	-3,08	13,98	32,18
14	BRSMG Uai / VC 28	53	9	12,63	-2,63	4,68
15	CNFC 11965 / VC 13	76	15	20,37	4,38	18,43
16	CNFC 11965 / VC 28	62	16	34,42	-17,18	18,43
17	BRSMG Uai / VC 13	84	8	10,57	11,20	11,55
18	BRS Pérola / IAC Formoso	19	20	11,57	2,52	11,55
19	BRSMG Uai / VC 28	37	9	18,83	4,72	4,68
20	CVIII 8511 / BRS Estilo	5	12	2,65	3,45	39,05

R (Ranking); F (Famílias endogâmicas); P (População).

Tabela 13 - Ganhos preditos médios para famílias endogâmicas selecionadas visando recombinação.

R	GENEALOGIA	F	P	PROD	ACG	ARQ
1	BRSMG Uai / VC 28	80	9	19,65	13,81	-36,58
3	BRS Pérola / IAC Formoso	36	20	23,68	6,36	-29,70
5	CNFC 11965 / VC 13	8	15	-2,55	24,34	39,05
6	BRSMG Uai / IAC Formoso	54	11	17,13	10,14	4,68
7	RC I-8 / BRS Estilo	86	5	19,53	13,01	-9,08
8	CNFC 11965 / MAI 1813	78	14	12,91	9,56	32,18
9	BRSMG Talismã / IAC Formoso	24	3	9,75	6,40	25,30
16	CNFC 11965 / VC 28	62	16	34,42	-17,18	18,43
17	BRSMG Uai / VC 13	84	8	10,57	11,20	11,55
20	CVIII 8511 / BRS Estilo	5	12	2,65	3,45	39,05
21	BRS Pérola / VC 28	42	19	14,86	3,40	-2,20
25	BRS Pérola / BRS Estilo	93	18	21,45	1,64	-9,08
29	CNFC 11965 / VC 25	56	17	3,65	5,96	4,68
33	CVIII 8511 / IAC Formoso	95	13	-3,33	7,19	11,55
34	BRSMG Talismã / BRS Estilo	60	2	5,92	-0,09	-29,70
36	BRSMG Uai / VC 25	35	10	-1,00	2,52	11,55
43	BRSMG Talismã / MAI 1813	57	1	10,19	2,65	-15,95
58	RC I-8 / MAI 1813	1	4	-0,92	-19,08	-29,70
64	BRSMG Uai / MAI 1813	22	7	-6,37	-4,05	4,68
84	RC I-8 / IAC Formoso	94	6	-17,78	-2,41	-9,08

R (Ranking); F (Famílias endogâmicas); P (População).

Considerando os ganhos preditos com as famílias selecionadas visando a recombinação, apenas 6 famílias apresentaram valores positivos para as três características avaliadas (famílias de número 54, 78, 24, 84, 5 e 56) (Tabela 13). As demais apresentaram ganhos positivos em duas, em uma ou nenhuma das três características avaliadas, a exemplo da família 94 que apresentou ganhos negativos para as três características. Estes resultados também são indicativos da necessidade de mais ciclos de recombinação visando o melhoramento dos caracteres PROD, ACG e ARQ.

5. CONCLUSÃO

A seleção das famílias endogâmicas, visando tanto a recombinação quanto a extração de linhagens, via índice de seleção da distância genótipo- ideótipo se mostrou eficaz capitalizando a interação genótipos x ambientes. Os genótipos BRSMG Uai, VC 13, VC 28, IAC Formoso, BRS Pérola e CNFC 11965 apresentam potencial para serem utilizados em programas de melhoramento do feijoeiro. Famílias endogâmicas com elevados ganhos preditos para arquitetura, produtividade e aspecto comercial de grãos, foram identificadas e podem ter a sua variabilidade explorada em busca da extração de linhagens e para recombinação. Contudo, ainda são necessários mais ciclos da seleção recorrente, visando piramidar os alelos que trarão maiores produtividades em plantas de porte ereto com aspecto comercial desejado.

6. REFERÊNCIAS

ABAWI, C.S.; PASTOR-CORRALES, M.A. **Root rots of bean in Latin American and Africa: diagnosis, research methodologies, and management strategies (Eds.)**. Cali Colombia. CIAT. 1990.

ABAWI, G. S. Root Rots. In: SCHWARTZ, H.F.; PASTOR-CORRALES, M. A. (Eds.). **Bean production problems in the tropics**. Cali: CIAT, v.2, p. 121-184. 1994.

AGRIOS, G. N. Plant pathology. 5.ed. San Diego: **Academic Press**, p.635, 2005.

ALVES, A. F.; MENEZES JUNIOR, J.A.N.; MENEZES, V.P.S.; CARNEIRO, J.E.S.; CARNEIRO, P.C.S. Genetic progress and potential of common bean families obtained by recurrent selection. **Crop Breeding Applied Biotechnology**, v.15, n.4, p.218 - 226, 2015.

AMARO, G. B.; ABREU, A. F.B.; RAMALHO, M.A.P.; SILVA, F.B. Phenotypic recurrent selection in the common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) with carioca-type grains for resistance to the fungi *Phaeoisariopsis griseola*. **Genetics and Molecular Biology**, v.30, p. 584-588, 2007.

BATISTA, R. O. **Resistência do feijoeiro-comum à murcha-de-fusarium: seleção de genitores, herança e processo de colonização do patógeno**. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento) - Universidade Federal de Viçosa, p.108, 2015.

BATISTA, R.O., SILVA, L.C., MOURA, L.M. et al. Inheritance of resistance to fusarium wilt in common bean. **Euphytica** 213, p.133, 2017.

BEARZOTI, E. **Simulação de seleção recorrente assistida por marcadores moleculares em espécies autógamas**. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) - Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz, University of São Paulo, Piracicaba, 1997.

BERNARDO, R. **Breeding for quantitative traits in plants**. Woodbury: Stemma, p.368, 2002.

BIANCHINI, A.; MARINGONI, A.C.; CARNEIRO, S.M.T.P.G. Doenças do tomateiro. In: Kimati, H. et al. (Eds.). Manual de fitopatologia: doenças de plantas cultivadas. 3. ed. **Agrônômica Ceres**, v. 2, p. 353-376, 1997.

Boletim safra de grãos. CONAB, Brasília, set.2020. Acesso em 22/12/2020 16:08. Disponível em: https://www.conab.gov.br/info-agro/safras/graos/boletim-da-safra-de-graos/item/download/33275_6780e71910d3f0d489c5f171231b65cd

BORÉM, A.; CARNEIRO, J. E. S. A Cultura. In: CARNEIRO, J. E. S; PAULA JUNIOR, T. J.; BORÉM, A. (Eds.). **Feijão Do Plantio A Colheita**. 1. ed. Viçosa, MG: UFV, p. 9-15, 2015.

BORÉM, A. & CARNEIRO, J. E. S. A cultura. Pp.13-18 In: VIEIRA, C., PAULA JR., TJ & BORÉM, A. (Eds.) **Feijão**. Viçosa: UFV. 2008.

BORÉM, A.; MIRANDA, G. V. **Melhoramento de plantas**. Viçosa: Editora UFV, 2013.

BRASIL. Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento. **Requisitos mínimos para determinação do valor de cultivo e uso de feijão (*Phaseolus vulgaris*), para a inscrição no registro nacional de cultivares – RNC**. Anexo I. Brasília: MAPA, 2006.

BRICK, M.A.; OGG, J.B.; SCHWARTZ, H.F.; BYRNE, P.F.; KELLY, J.D. Resistance to multiple races of *Fusarium oxysporum* f. sp. *phaseoli* in common bean. **Annual Report of the Bean Improvement Cooperative** v.47, p.131-132. 2004.

CÂNDIDA, D.V.; COSTA, J.G.C.; RAVA, C.A.; CARNEIRO, M.S. Controle genético da murcha do fusário (*Fusarium oxysporum*) em feijoeiro comum. **Tropical Plant Pathology** v.34, p.379-384. 2009.

CARDOSO, C.O.N.; KIMATE, H.; FERNANDES, N. G. Nota sobre a ocorrência de *Fusarium oxysporum* Schlecht *Phaseoli* Kendrick & Snyder causando murcha em feijoeiro. **Anais da Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiróz”, Piracicaba**, v. 23, p. 273-276, 1966.

CARVALHO, C. G. P.; CRUZ, C. D.; VIANA, J. M. S.; SILVA, D. Selection based on distances from ideotype. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 2, p. 171-178, 2002.

CARVALHO, B. L.; RAMALHO, M.A.P.; VIEIRA JÚNIOR, I.C.; ABREU, A.F.B. New strategy for evaluating grain cooking quality of progenies in dry bean breeding programs. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 17, n. 2, p. 115-123, 2017.

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**, v.32, p. 297-304, 1997.

CROSS, H.; BRICK, M.A.; SCHWARTZ, H.F.; PANELLA, L.W.; BYRNE, P.F. Inheritance of resistance to *Fusarium* wilt in two common bean races. **Crop Science** v.40: p.954–958, 2000.

CRUZ, C.D.; GENES: A software package for analysis in experimental statistics and quantitative genetics. **Acta Scientiarum Agronomy**, v. 35, n.3, p.271-276, 2013

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

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

CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos Biométricos Aplicados ao Melhoramento Genético** - ISBN 9788572694339. 4. ed. Viçosa: Editora-UFV, v. 1, p.514, 2012.

CUNHA, W.G.; RAMALHO, M.A.P.; ABREU, A. de F.B. Selection aiming at upright growth habit common bean with carioca type grains. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v.5, p.379-386, 2005.

de PAULA, R.G.; de PAULA, I.G.; CARNEIRO, A.L.N.; SALVADOR, F.V.; CARNEIRO, J.D.S.; CARNEIRO, P.C.S. Selecting common bean breeding populations via mixed models. **Bioscience Journal**, v.35, n.2, p.409-418, 2019.

dos ANJOS, R.S.R.; MARÇAL, T.D.S.; CARNEIRO, P.C.S.; CARNEIRO, J.E.D.S. New Proposals to Estimate Unbiased Selection Gain and Coefficient of Variation in Traits Evaluated Using Score Scales. **Crop Science**, v.59, p 937-944, 2019.

FALCONER, D.S. **Introdução à genética quantitativa**. Tradução de Martinho de Almeida e Silva e José Carlos Silva. Viçosa: UFV, p.279. 1987.

FALL, A.L.; BYRNE, P.F.; JUNG, G.; COYNE, D.P.; BRICK, M.A.; SCHWARTZ, H.F. Detection and mapping of a major locus for Fusarium wilt resistance in common bean. **Crop Science**. V.41, p.1494-1498, 2001.

FERREIRA, C. M. Árvore do conhecimento: Feijão: Mercado. **Agência EMBRAPA de informação tecnológica**. Disponível em: https://www.agencia.cnptia.embrapa.br/gestor/feijao/arvore/CONTAG01_69_1162003151646.html. Acesso em 22/12/2020, 2020.

FREITAS, R. M. **Progresso genético de três ciclos de seleção recorrente no melhoramento de feijão vermelho**. Dissertação de mestrado apresentada à Universidade Federal de Viçosa, p. 37-42, 2012.

GAVIRIA-RIVERA, A.; GIRALDO-LÓPEZ, A.; SANTA-CARDONA, C.; CANO-RESTREPO, L. Identificação molecular de isolados clínicos de Fusarium na Colômbia. **Revista Saúde Pública, Bogotá**, v. 20, n. 1 p. 94-102, 2018.

HALLAUER, A.R. Recurrent selection in maize. **Plant Breeding Reviews**, New York, v. 9, p. 115-179, 1992.

HARDING, J.; BYRNE, T.; HUANG, H. AND YU, Y. **Multi-trait selection in flower crops**. p.157-178. In: Harding, J.; Singh, F. and Mol, J.N.M. (Eds.). 1991.

HAZEL, L. N. The genetic basis for constructing selection indexes. **Genetics**, v.28, n.1, p.476-490, 1943.

HENRIQUE, F. H.; CARBONELL, S.A.M.; ITO, F.M.; GONÇALVES, J.G.R.; SASSERON, G.R.; CHIORATO, A.F. Classification of physiological races of Fusarium oxysporum f. sp. phaseoli in common bean. **Bragantia**, Campinas, v. 74, n.1, p.84-92, 2015.

JUNIOR, M. A. M.; BARBOSA, H. J. N.; SÁ, T. H. de. Quem produz comida para os brasileiros? 10 anos do censo agropecuário 2006. **Pegada**, v. 18, n. 03, 2017.

KEMPTHORNE, O.; NORDSKOG, A. W. Restricted selection indices. **Biometrics**, v. 15, n. 1, p. 10-19, 1959.

LESLIE, J. F. & SUMMERELL, B. A. The Fusarium laboratory manual. **Ames: Blackwell**, p.388, 2006.

LIET, V.V.; TUAN, P.Q.; TRUNG, N.Q.; ANH, N.T.; THI, N.N.; CHANG. Evaluation selection of purple waxy corn lines for new hybrid variety development. **Advances in Plants and Agriculture Research**, v.8, 2018

LUZ, L.N.; SANTOS, R.C.; FILHO, P.A.; GONÇALVES, L.S. Combined selection and multivariate analysis in early generations of intraspecific progenies of peanuts. **Chilean Journal of Agricultural Research**, v.74, p.16-22. 2014

MATOS, J. W. de; RAMALHO, M. A. P.; ABREU, A. de F. B. Trinta e dois anos do programa de melhoramento genético de feijoeiro comum em Minas Gerais. **Ciência e Agrotecnologia**, v. 31, n. 6, p. 1749-1754, 2007.

MELO, C. L. P.; CARNEIRO, J.E.S.; CARNEIRO, P.C.S.; CRUZ, C.D.; BARROS, E.G.; MOREIRA, M.A. Linhagens de feijão do cruzamento 'Ouro Negro' x 'Pérola' com características agrônômicas favoráveis. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 41, n.11, 2006.

MELO, L.C.; PELOSO, M.J.D.; PEREIRA, H.S.; FARIA, L.C.; COSTA, J.G.C.; DÍAZ, J.L.C.; RAVACA, WENDLAND, A.; ABREU, A.F.B. BRS Estilo - common bean cultivar with carioca grain, upright growth and high yield potential. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**. v.10, p.377-379, 2012.

MELO, V. L. **Progresso genético e potencial de famílias e linhagens de dois ciclos de seleção recorrente no melhoramento de feijão vermelho**. 49 f. Dissertação (Mestrado em Fitotecnia) – Universidade Federal de Viçosa, Viçosa. 2016.

MOURA, M. M.; CARNEIRO, P. C. S.; CARNEIRO, J. E. S.; CRUZ, C. D. Potencial de caracteres na avaliação da arquitetura de plantas de feijão. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**. Brasília, v. 48, n.4, p. 417-425, 2013.

NUNES, G.H.S.; SANTOS, J.B.; RAMALHO, M.A.P.; ABREU, A.F.B. Seleção de famílias de feijão adaptadas às condições de inverno do sul de Minas Gerais. *Pesq. agropec. bras.*, Brasília, v.34, n.11, p.2051-2058. 1999.

PALEARI, L.; VESELY, F.M.; RAVASI, R.A.; MOVEDI, E.; TARTARINI, S.; INVERNIZZI, M.; CONFALONIERI, R. Analysis of the Similarity between in Silico Ideotypes and Phenotypic Profiles to Support Cultivar Recommendation - A Case Study on Phaseolus vulgaris L. **Agronomy**, v.10, p. 1733. 2020.

PAULA JÚNIOR, T. D.; BORÉM, A. **Doenças Feijão**. Viçosa: Editora UFV, p.359-414, 2006.

PAULA JUNIOR, T. D.; VIEIRA, R. F., & ZAMBOLIM, L. Manejo integrado de doenças do feijoeiro. **Informe Agropecuário**, v.25, p. 99-112, 2004.

PAULA JÚNIOR, T. J.; WENDLAND, A. (Eds.). Introdução. In: **Melhoramento genético do feijoeiro-comum e prevenção de doenças**. Viçosa, MG: EPAMIG Zona da Mata, 2012.

PEREIRA, M. J. Z.; RAMALHO, M. A. P.; ABREU, Â. D. F. B. Estratégias para eficiência da seleção de feijoeiro quanto à resistência à murcha-de-fusário. **Pesquisa Agropecuaria Brasileira**, v. 43, n. 6, p. 721–728, 2008.

PEREIRA, M.J.Z.; RAMALHO, M.A.P.; ABREU, A.F.B. Inheritance of resistance to *Fusarium oxysporum* f. sp. *phaseoli* Brazilian race 2 in common bean. **Scientia Agricola**, v.66, p.788-792. 2009.

PEREIRA, H.S.; SANTOS, J.B.; ABREU, A.F.B.; COUTO, K.R. Informações fenotípicas e marcadores microsatélites de QTL na escolha de populações segregantes de feijoeiro. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.42, p.707-713. 2007.

Perspectivas para agropecuária, Volume 7- Safra 2019/2020. CONAB, Brasília, out. 2019. Acesso em 22/12/2020 16:08. Disponível em: https://www.conab.gov.br/perspectivas-para-agropecuaria/item/download/28825_2ed3fc3b5b25a350206d276620cf1c85.

PESEK, J.; BAKER, R. J. Desired improvement in relation to selected indices. **Canadian Journal of Plant Science**, v. 49, n. 1, p. 803-804, 1969.

PIZA, S.M. de T. Patogenicidade de *Fusarium Oxysporum f sp. phaseoli* e reação de germoplasma de feijoeiro (*Phaseolus Vulgaris*). **Summa Phytopathologica**, p.165-167, 1993.

RAMALHO, M. A. P.; ABREU, A.F.B.; SANTOS, J.B.; NUNES, J.A.R. **Aplicações da genética quantitativa no melhoramento de plantas autógamas**. Lavras: Editora UFLA, p.522. 2012.

RAMALHO, M.A.P., SANTOS, J.B., ZIMMERMANN, M.J.O. **Genética quantitativa em plantas autógamas: aplicação ao melhoramento do feijoeiro**. Goiânia: Ed. da UFG, p.271, 1993.

RAMALHO, M. A. P.; ABREU, A. F. B. Obtenção de cultivares. In: CARNEIRO, J. E.; JÚNIOR, T. J. P.; BORÉM, A. **Feijão: do plantio à colheita**. Viçosa: Editora UFV, p. 96-114, 2015.

RAMALHO, M.A.P.; ABREU, A.F.B.; CARNEIRO, J.E.S.; WENDLAND, A., PAULA JUNIOR, T.J.; VIEIRA, R.F.; DEL PELOSO, M.J.; LOBO JUNIOR, M., PEREIRA, A.C. Murcha-de-fusário. In: PAULA JUNIOR TJ AND WENDLAND A, editores, **Melhoramento genético do feijoeiro-comum e prevenção de doenças**. Epamig, Viçosa, p.127-138. 2012.

RAMALHO, M. A. P.; PIROLA, L. H.; ABREU, Â. F. B. Alternativas na seleção de plantas de feijoeiro com porte ereto e grão tipo carioca. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 32, n. 12, p. 1989–1994, 1998.

ROCHA, J.R.A.S.C.; MACHADO, J.C.; CARNEIRO P.C.S. Multitrait index based on factor analysis and ideotype-design: Proposal and application on elephant grass breeding for bioenergy. **GCB Bioenergy**. v.10 p. 52–60, 2018.

ROCHA, G. S.; PEREIRA, L. P. L.; CARNEIRO, P. C. S.; de PAULA, T. J. J.; CARNEIRO, J. E. S. Common bean breeding for resistance to anthracnose and angular leaf spot assisted by SCAR molecular markers. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**. v. 12, n. 1, p. 34-42, 2012.

RIBEIRO, R.L.D; HAGEDORN, D.J. Inheritance and nature of resistance in beans to *Fusarium oxysporum* f. sp. phaseoli. **Phytopathology**: v.69, p.859-861. 1979.

SALGADO, M.O.; SCHWARTZ, H.F.; BRICK, M.A. Inheritance of resistance to a Colorado race of *Fusarium oxysporum* f. sp. phaseoli in common beans. **Plant Disease**, v.79, p.279-281.1995.

SANTOS, P.S.J., ABREU, A.F.B., RAMALHO, M.A.P. Seleção de linhas puras no feijão 'carioca'. **Ciência Agrotécnica**., Lavras, Edição Especial, p.1492-1498. 2002.

SCHMUTZ J. A reference genome for common bean and genome-wide analysis of dual domestications. **Nature Genetics**, v.46, p.707-713.2014

SMITH, H. F. A. Discriminant Function for Plant Selection. **Annals of Eugenics**, v.7, n.3, p.240–250. 1936.

SILVA, A. C. Escolha de genitores e populações de feijoeiro com ênfase em resistência à murcha-de-fusário. **Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento)** - Universidade Federal de Viçosa, p. 18, 2018.

SILVA, V.M.P.E.; CARNEIRO, P.C.S.; MENEZES-JÚNIOR, J.A.N.; CARNEIRO, V.Q.J.; CARNEIRO J.E.S.; CRUZ, C.D.; BORÉM, A. Genetic potential of common bean parents for plant architecture improvement. **Scientia Agricola**, v. 70, p. 167–175, 2013.

SILVA, F. B.; RAMALHO, M.A.P.; ABREU, A.F.B. Seleção recorrente fenotípica para florescimento precoce de feijoeiro 'Carioca'. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**., Brasília, v.42, n.10, p.1437-1442, 2007.

SILVA, C. A.; ABREU, A. F. B.; RAMALHO, M. A. P. Associação entre arquitetura de planta e produtividade de grãos em famílias endogâmicas de feijoeiro de porte ereto e prostrado. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**. Brasília, v. 44, n. 12, p. 1647-1652, 2009.

SILVA, J. G.; WANDER, A. E. Colheita do feijão. In: CARNEIRO, J. E. S.; PAULA JÚNIOR, T. J.; BORÉM. A. **Feijão: do plantio à colheita**. Viçosa: Editora UFV, p. 327-355. 2015.

SOUZA, Y. P.; SANTOS, P. R.; NASCIMENTO, M. R.; COSTA, K. D. S.; LIMA, T. V.; de OLIVEIRA, T. R. A.; da COSTA, A. F.; PEREIRA, H. S.; da SILVA, J. W. Assessing the genotypic performance of carioca beans through mixed models. **Ciência Rural**. v. 48, n. 7, 2018.

TALLIS, G. M. A selection index for optimum genotype. **Biometrics**, v. 18, n. 2, p. 120-122, 1962.

TOLEDO-SOUZA, E.D.; SILVEIRA, P.M.; CAFÉ-FILHO, A.C.; LOBO-JÚNIOR, M. Fusarium wilt incidence and common bean yield according to the preceding crop and the soil tillage system. **Pesquisa Agropecuária Brasileira** v.47, p.1031-1037. 2012.

VIEIRA, C. et al. **MELHORAMENTO DE ESPÉCIES CULTIVADAS**. 2. ed. Viçosa: UFV, p. 301-392, 2005.

WALLER, J.M.; BRADFORD, D. Fusarium diseases in the tropics. **Tropical Pest Management**, v.36, n.3, p.181-194.1990.

ZAMBOLIM, L.; VIEIRA, C.; ARAÚJO; C.A.A.; CHAGAS, J.M.; SILVA, C.C. Ocorrência de murcha-de-Fusarium em feijoeiro comum na Zona da Mata de Minas Gerais. **Fitopatologia Brasileira**, v.12, p. 287-288, 1987.

ZAMBOLIM, L.; JESUS-JUNIOR, W.C.; RODRIGUES, F.A. **O Essencial da Fitopatologia: Controle de Doenças de Plantas**. Suprema Gráfica e Editora, p.576, 2014.