

LORENA GUIMARÃES BATISTA

ÍNDICE MULTIGERAÇÕES NA SELEÇÃO DE FAMÍLIAS DE FEIJOEIRO

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*.

VIÇOSA
MINAS GERAIS - BRASIL
2015

Ficha catalográfica preparada pela Biblioteca Central da Universidade
Federal de Viçosa - Câmpus Viçosa

T

B333i
2015 Batista, Lorena Guimarães, 1990-
 Índice multigerções na seleção de famílias de feijoeiro /
Lorena Guimarães Batista. – Viçosa, MG, 2015.
 x, 31f. : il. ; 29 cm.

Orientador: Pedro Crescêncio de Souza Carneiro.
Dissertação (mestrado) - Universidade Federal de Viçosa.
Referências bibliográficas: f.27-31.

1. Feijão - variedades. 2. *Phaseolus vulgaris*. 3. Seleção
de plantas. 4. Melhoramento de cultivos agrícolas.
I. Universidade Federal de Viçosa. Departamento de Biologia
Geral. Programa de Pós-graduação em Genética e
Melhoramento. II. Título.

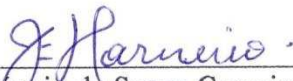
CDD 22. ed. 631.52

LORENA GUIMARÃES BATISTA

ÍNDICE MULTIGERAÇÕES NA SELEÇÃO DE FAMÍLIAS DE FEIJOEIRO

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: 05 de fevereiro de 2015



José Eustáquio de Souza Carneiro
(Coorientador)



Marcos Deon Vilela de Resende
(Coorientador)



Rodrigo Oliveira de Lima



Pedro Crescêncio Souza Carneiro
(Orientador)

*Aos meus pais Júlio e Perpétua
À minha família e amigos
Dedico.*

AGRADECIMENTOS

Aos meus pais, Julio e Perpétua, por todo o suporte e amor que me permitiram chegar até aqui. Cada conquista minha é fruto do esforço que faço para ser motivo de orgulho para eles.

Aos meus irmãos, Julio Cesar e Jaqueline, pela amizade e por sempre terem me ajudado quando precisei. Mesmo distantes, nunca estiveram ausentes.

Aos meus amigos, Bola, Marina Q., Camila, Duda, Pelé, Paulo Daniel, Andrea, Gui, Novinha e Bruna, a família que me acompanhou no dia-a-dia viçosense, por toda a alegria proporcionada, pelo ombro que emprestaram aos desabafos, pela companhia nas mesas de bar e por terem tornado a estadia em Viçosa muito mais agradável.

Aos meus amigos do Mestrado e do Doutorado em Genética e Melhoramento, Ítalo, Humberto e Haroldo, por compartilharem comigo tantos bons momentos e ajudado nos momentos críticos.

Aos colegas e amigos do Programa Feijão, por toda a ajuda na condução dos experimentos, pelo conhecimento compartilhado e pelos ótimos lanches e churrascos ao longo desses dois anos.

Ao meu orientador, Prof. Pedro Crescêncio, pela orientação, apoio, críticas e sugestões que ajudaram a construir e a melhorar este trabalho e também pelos cafezinhos no Itaú, que renderam boas risadas e reflexões.

Ao meu coorientador, Prof. Marcos Deon, pela idealização deste trabalho e contribuição imprescindível na minha formação acadêmica, pelas boas conversas e conselhos e pela tranquilidade e paciência que sempre me ajudaram quando tive dificuldades.

Ao meu coorientador, Prof. José Eustáquio, pelo conhecimento transmitido sobre experimentação de campo, sobre a cultura do feijoeiro e a condução de um programa de melhoramento organizado e bem sucedido.

Ao Prof. Rodrigo Oliveira de Lima, pela disponibilidade em participar da banca e pela contribuição na minha vida acadêmica desde os tempos da graduação, quando eu estagiava no Programa Milho.

Aos funcionários das Estações Experimentais da UFV, por todo o auxílio na condução dos experimentos

À Universidade Federal de Viçosa e ao Programa de Pós Graduação em Genética e Melhoramento, pela oportunidade de cursar o mestrado

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

Enfim, a todos aqueles que contribuíram direta ou indiretamente no êxito deste trabalho: meu mais sincero muito obrigada.

BIOGRAFIA

LORENA GUIMARÃES BATISTA, filha de Júlio Maria Batista e Maria Perpétua Guimarães Batista, nasceu em 01 de março de 1990, em João Monlevade, Minas Gerais.

Cursou o ensino médio no colégio de aplicação COLUNI, em Viçosa-MG, e formou-se em dezembro de 2007.

Em março de 2008 ingressou no curso de Agronomia na Universidade Federal de Viçosa com término em março de 2013.

Em abril do mesmo ano iniciou o curso de Mestrado em Genética e Melhoramento da Universidade Federal de Viçosa, sob a orientação do Prof. Pedro Crescêncio Souza Carneiro.

ÍNDICE

RESUMO	vii
ABSTRACT	ix
1 INTRODUÇÃO	1
2 MATERIAL E MÉTODOS	5
2.1 Material genético e condução experimental com as gerações $F_{2:3}$ e $F_{2:4}$	5
2.2 Análises genético-estatísticas das gerações $F_{2:3}$ e $F_{2:4}$	6
2.2.1 Metodologia de modelos mistos	6
2.2.2 Seleção de famílias	8
2.3 Material genético e condução experimental na geração $F_{2:6}$	9
2.4 Análises genético-estatísticas das gerações $F_{2:3}$, $F_{2:4}$ e $F_{2:6}$	9
2.4.1 Índice multigerações.....	9
2.4.2 Análise de deviance	12
3 RESULTADOS E DISCUSSÃO	13
3.1 Seleção de famílias com base nas gerações $F_{2:3}$ e $F_{2:4}$	13
3.2 Análises de deviance.....	13
3.3 Coeficientes de determinação e correlação genotípica média	16
3.4 Eficiência do índice multigerações	19
3.5 Seleção de famílias com base nas gerações $F_{2:3}$, $F_{2:4}$ e $F_{2:6}$	22
4 CONCLUSÕES.....	26
5 REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS	27

RESUMO

BATISTA, Lorena Guimarães, M.Sc., Universidade Federal de Viçosa, fevereiro de 2015. **Índice Multigerações na Seleção de Famílias de Feijoeiro**. Orientador: Pedro Crescêncio Souza Carneiro. Coorientadores: Marcos Deon Vilela de Resende e José Eustáquio de Souza Carneiro.

Na cultura do feijoeiro, a maioria dos programas de seleção recorrente utilizam, na etapa de seleção, famílias endogâmicas que são avaliadas em duas ou três gerações. Alterações nas condições climáticas podem provocar mudanças acentuadas nos caracteres do feijoeiro e a ocorrência da interação genótipos x ambientes dificulta o trabalho do melhorista. Por isso, o processo de seleção de famílias de feijoeiro é frequentemente conduzido avaliando-se o desempenho das famílias em diferentes ambientes (ano, local, época de plantio). Estudos têm buscado o aprimoramento dos métodos de seleção em plantas autógamas a partir da aplicação de metodologias de modelos mistos. O BLUP (melhor preditor linear não viesado) permite o uso simultâneo de várias fontes de informação tais quais aquelas advindas de vários experimentos instalados em um ou vários locais e avaliados em uma ou várias safras. Assim, ao utilizar o BLUP com dados de múltiplas gerações de famílias avaliadas em diferentes locais, safras e anos, é possível obter a predição dos valores genotípicos livre das interações com o ambiente e com o efeito de gerações. O presente trabalho utiliza preditores na forma de um índice multigerações com o objetivo de determinar sua eficiência na seleção de famílias de feijoeiro. A partir de 48 populações F_2 oriundas de 48 híbridos F_1 de um dialelo parcial 8×6 foram selecionadas as 20 populações com maior potencial para dar início a um programa de seleção recorrente, visando melhoria da arquitetura do feijão carioca. Esta seleção baseou-se nas estimativas de capacidade geral e específica de combinação para os caracteres diâmetro do hipocótilo (DH), nota de arquitetura de planta e produtividade de grãos. Extraíu-se 19 famílias de cada uma das 20 populações selecionadas, baseando-se no DH de plantas individuais, totalizando 380 famílias que foram avaliadas por duas gerações (famílias $F_{2,3}$ e $F_{2,4}$), no delineamento experimental de látice quadrado triplo (20×20), com 20 testemunhas. Foram avaliadas a arquitetura de plantas, a produtividade de grãos e o aspecto de grãos. Os dados foram submetidos a análise via BLUP bivariado (com os dados de $F_{2,3}$ e $F_{2,4}$), ajustado via o modelo de simetria composta. Foram selecionadas 76 famílias segundo o índice de seleção aditivo dos valores genotípicos preditos, 76 famílias segundo o índice aditivo dos valores fenotípicos e 76 famílias por meio do índice de seleção distância genótipo-ideótipo

aplicado aos valores fenotípicos das famílias. No total, foram selecionadas 90 famílias que foram avaliadas na geração $F_{2:6}$ em delineamento experimental de látice (10x10), com três repetições e 10 testemunhas. Foram avaliadas a arquitetura de plantas, o aspecto e a produtividade de grãos. Os dados das 90 famílias foram analisados via REML/BLUP. Foi feita uma análise utilizando conjuntamente os dados de três gerações ($F_{2:3}/F_{2:4}/F_{2:6}$), três análises utilizando dados de pares de gerações ($F_{2:3}/F_{2:4}$; $F_{2:3}/F_{2:6}$ e $F_{2:4}/F_{2:6}$) e três análises com os dados de cada geração individualmente. Em todas as análises de deviance observou-se que o efeito de famílias foi significativo para todos os caracteres. Para a arquitetura de plantas, embora os efeitos da interação famílias x gerações e épocas de plantio tenham sido não significativos, os baixos valores de herdabilidade (0,11 a 0,37) indicam acentuada influência ambiental no caractere. Para a produtividade de grãos as estimativas de herdabilidade foram de baixa magnitude (0,12 a 0,45), os efeitos da interação famílias x gerações e épocas de plantio foram significativos e as estimativas de correlação genotípica média entre as gerações (r_{gge}) foram de baixa magnitude (0,29 a 0,52), indicando a predominância de interação do tipo complexa. Já para aspecto de grãos, observou-se efeito significativo da interação, altos valores de herdabilidade (0,60 a 0,84) e r_{gge} variando de 0,76 a 0,81, predominando a interação do tipo simples. Quanto à eficiência relativa de cada tipo de análise, ao utilizar o índice total (utilizando as três gerações conjuntamente) o ganho em acurácia em relação à seleção utilizando dados somente da geração $F_{2:6}$ foi de 21, 28 e 3% para os caracteres arquitetura de plantas, produtividade de grãos e aspecto de grãos, respectivamente. Assim, concluiu-se que: i) na seleção das melhores famílias para os caracteres arquitetura de plantas e produtividade de grãos é necessária a avaliação de ao menos três gerações em diferentes épocas de plantio e/ou anos; ii) a seleção das melhores famílias para aspecto de grãos pode ser feita desde as gerações iniciais, sendo recomendado o uso do *bulk* com seleção dentro de famílias; iii) o índice multigerações incluindo dados de todas as gerações disponíveis (índice total) é a metodologia mais eficiente para a seleção de famílias de feijoeiro considerando todos os caracteres avaliados; iv) quanto mais o ambiente e as gerações afetam o comportamento dos genótipos para determinado caractere, maior é a eficiência do índice multigerações.

ABSTRACT

BATISTA, Lorena Guimarães, M.Sc., Universidade Federal de Viçosa, February, 2015. **Multigeneration index in the selection of common bean inbred families.** Adviser: Pedro Crescêncio Souza Carneiro. Co-advisers: Marcos Deon Vilela de Resende and José Eustáquio de Souza Carneiro

For the common bean crop, most recurrent selection breeding programs use, at the selection stage, inbred families which are evaluated after either two or three generations. Changes in climate conditions may cause accentuated changes in the common bean traits, and the occurrence of genotype x environment interaction complicates the breeder's work. Because of that, the selection process is often carried out by evaluating genotype performance in different environments (year, place, sowing time). Researchers have sought the improvement of selection methods in autogamous plants by using mixed models methodologies. The BLUP (best linear unbiased predictor) allows the simultaneous use of several data sources such as the ones from several experiments carried out in either one or several sites and evaluated in either one or several sowing times. Thus, by using BLUP with data from multiple family generations evaluated in different sites, sowing times and years, it is possible to predict genotypic values free from interactions with the environment and with the effect of generations. This study uses predictors in the form of a multigeneration index aiming at establishing its efficiency for the selection of common bean families. Out of 48 F₂ populations originated from 48 F₁ hybrids of a 8x6 partial diallel, the 20 populations with the highest potential to start a recurrent selection program were selected in order to improve carioca bean architecture. This selection was based on the general and specific combining ability estimates for traits hypocotyl diameter (HD), plant architecture grade and yield. Nineteen families were extracted out of each of the 20 selected populations, based on the HD of individual plants, totalizing 380 families that were evaluated throughout two generations (families F_{2:3} and F_{2:4}) in a triple-square lattice design (20 x 20) with 20 witnesses. The evaluated parameters were plant architecture, yield and grain appearance. Data were analyzed via bivariate BLUP (with data from F_{2:3} and F_{2:4}) adjusted via a compound symmetry model. Seventy-six families were selected according to the additive selection index of the predicted genotypic values; 76 families according to the additive index of the phenotypic values; and 76 families according to the genotype-ideotype distance selection index applied to phenotypic values of the families. Overall, 90 families were selected and evaluated in the F_{2:6} generation in a lattice design

(10x10) with three replications and 10 witnesses. The evaluated parameters were: plant architecture, yield and grain appearance. Data from the 90 families were analyzed via REML/BLUP. An analysis was performed using data from three generations simultaneously ($F_{2:3}/F_{2:4}/F_{2:6}$); three analyses were performed using data from pairs of generations ($F_{2:3}/F_{2:4}$; $F_{2:3}/F_{2:6}$ and $F_{2:4}/F_{2:6}$); and three others were performed using data from each generation individually. All analyses of deviance showed that the effect of families was significant on all traits. For plant architecture, although the effect of the families x generations and sowing time interaction was not significant, the low heritability values (0.11 to 0.37) indicate high environmental influence on the trait. For yield, heritability estimates were also low (0.12 to 0.45), the effects of the families x generations and sowing time interaction were significant, and the estimates of the mean genetic correlation between generations (r_{gge}) were of low magnitude (0.29 to 0.52), thus indicating the predominance of the complex nature of the interaction. As for bean appearance, the analysis showed a significant effect of the interaction, high heritability estimates (0.60 to 0.84) and r_{gge} ranging from 0.76 to 0.81, which thus shows the predominance of the simple nature of the interaction. Regarding the relative efficiency of each analysis, when comparing the accuracy of the total index (using all three generations simultaneously) with the one of the analysis using only the $F_{2:6}$ generation, the increase was 21, 28 and 3% for traits plant architecture, yield and grain appearance, respectively. Therefore, it could be concluded that: i) the selection of the best families in plant architecture and yield requires the evaluation of at least three generations in different sowing times and/or years; ii) the selection of the best families in grain appearance can be made since the very first generations, and the use of the bulk with selection inside families is recommended; iii) the multigeneration index including data from all available generations (total index) is the most efficient method for the selection of common bean families considering all evaluated traits; iv) the more the environment and generations affect genotype behavior for a certain trait, the higher the efficiency of the multigeneration index.

1 INTRODUÇÃO

O Brasil é o maior produtor e consumidor mundial de feijão, com um consumo *per capita* de 17,5 kg ano⁻¹ (CONAB, 2014). Na safra agrícola 2013/2014, a área total cultivada no país com a cultura do feijão foi de aproximadamente 3,8 milhões de hectares, com produção de 3,5 milhões de toneladas de grãos e produtividade média de 937 kg ha⁻¹ (CONAB, 2014). Assim, além da sua relevância na dieta do brasileiro, o feijão é um dos produtos agrícolas de elevada importância econômico-social, em razão de ser cultivado em grandes áreas e da mão de obra empregada durante o ciclo da cultura.

Os programas de melhoramento que visam o desenvolvimento de novas cultivares de feijoeiro estão condicionados às preferências dos consumidores, os quais determinam o valor de mercado ou comercial dos grãos. Além da produtividade de grãos, características como a cor, o tamanho e o brilho do grão e a cor do halo podem influenciar no consumo desta leguminosa. Em geral, grãos menores e opacos são mais aceitos que os maiores e que apresentam brilho (TEIXEIRA et al., 2001).

Há um grande número de genótipos de feijoeiro com características distintas e pertencentes a diferentes grupos comerciais. O feijão tipo carioca é aceito em praticamente todo o Brasil e corresponde a 52% da área cultivada com feijão (MAPA, 2014). O feijão preto é o segundo mais consumido no Brasil, plantado em 21% da área produtora de feijão, tem seu maior consumo no Rio Grande do Sul, Santa Catarina, sul e leste do Paraná, Rio de Janeiro, sudeste de Minas Gerais e sul do Espírito Santo. Outros tipos de feijão têm aceitação comercial reduzida, como o feijão mulatinho, aceito na Região Nordeste, e os tipos roxo e rosinha, aceitos nos Estados de Minas Gerais e Goiás (MAPA, 2014). O feijão vermelho é um tipo de feijão bem regional, sendo cultivado e consumido especificamente na zona da Mata de Minas Gerais (VIEIRA et al., 2005).

Diante disso, a maioria dos programas de melhoramento no Brasil tem como objetivo o desenvolvimento de novas linhagens de feijoeiro do tipo carioca que atendam aos padrões dos consumidores e produtores (CUNHA et al., 2005). Entretanto, as cultivares comerciais de feijão carioca ainda apresentam elevado grau de acamamento. Assim, alguns programas de melhoramento de feijão também têm dado ênfase à seleção de plantas com arquitetura mais ereta (ADAMS, 1982; COLLICCHIO et al., 1997; MENEZES JÚNIOR et al., 2008; SILVA et al., 2013a; POERSCH, 2013), que permitem a colheita mecanizada, facilitam os tratamentos culturais e reduzem a incidência de doenças.

No melhoramento da arquitetura do feijoeiro, a seleção recorrente tem sido empregada com sucesso (MENEZES JÚNIOR et al., 2008; POERSCH, 2013). A seleção recorrente pode ser definida como um processo cíclico de melhoramento que envolve a obtenção e avaliação de famílias e a seleção e o inter cruzamento das melhores famílias (RAMALHO et al., 2001). Em feijoeiro, na etapa de avaliação e seleção, a maioria dos programas de seleção recorrente utilizam famílias endogâmicas avaliadas em duas ou três gerações (RAMALHO et al., 2001).

Na maior parte do Brasil, as épocas de semeadura do feijoeiro podem ser divididas em três: safra das “águas”, com semeadura realizada entre os meses de agosto e novembro; safra da “seca”, com semeadura entre janeiro e março; e safra de “inverno”, semeada entre abril e julho. Por ser uma espécie com ciclo anual e desenvolvimento precoce, o feijão é muito sensível às variações ambientais (ROSSE e VENCOVSKY, 2000). Assim, alterações nas condições climáticas podem provocar mudanças acentuadas nos caracteres do feijoeiro, resultado da interação genótipos x ambientes. Essa interação dificulta o trabalho do melhorista, que precisa adotar critérios diferenciados para selecionar genótipos superiores e usar métodos alternativos de identificação do material de alto potencial genético (CRUZ et al. 2012). Por isso, a avaliação de desempenho de famílias de feijoeiro é frequentemente conduzida em diferentes ambientes (ano, local, época de semeadura).

Melhoristas de espécies autógamas estão, primordialmente, interessados na seleção de famílias que, ao atingirem a homozigose, acumulem maior quantidade de alelos favoráveis, que estão associados aos maiores valores genéticos aditivos (VGA) (RAMALHO et al., 2012). Para caracteres quantitativos, os valores fenotípicos nem sempre estão associados aos VGAs, por conterem efeitos de blocos, parcelas e efeitos ambientais aleatórios embutidos em alguma proporção em suas estimativas (RESENDE, 2007a). Nesse caso, é importante a utilização de metodologias que otimizem o uso da informação disponível, para que se possa classificar as famílias o mais próximo possível da classificação que seria obtida com os verdadeiros VGAs (WHITE e HODGE, 1989).

O procedimento BLUP (melhor predição linear não viciada), desenvolvido por C. R. Henderson em 1949 (BERNARDO, 2002), maximiza a correlação entre o valor genotípico predito e o verdadeiro, ou seja, minimiza a variância do erro de predição linear no sentido de que é uma função linear dos dados e é não tendencioso por apresentar a esperança do valor genotípico predito igual ao valor genotípico verdadeiro (WHITE e HODGE, 1989). O BLUP permite também o uso simultâneo de várias fontes de informação tais quais aquelas advindas de vários experimentos instalados em um ou vários locais e avaliados em uma ou várias épocas de plantio (RESENDE, 2007a).

Vários estudos têm buscado o aprimoramento dos métodos de seleção em plantas autógamas a partir da aplicação de metodologias de modelos mistos. Resende et al. (2001) usaram o BLUP em café com dados de uma só geração e sem genealogia. Ramalho et al. (2012), Nunes et al. (2008) e Oakey et al. (2006) propuseram o uso do BLUP com genealogia em autógamas, porém usando apenas os dados da última geração. Pereira et al. (2013) aplicaram o BLUP com genealogia em café em dados de apenas uma geração precoce. Em feijão, Carbonell et al. (2007) usaram o BLUP com dados de uma só geração e sem genealogia.

Para o BLUP com dados de mais de uma geração, Resende et al. (2014) derivaram preditores na forma de um índice de seleção total (índice multigerações) que considera a informação de todas as gerações e a covariância entre sucessivas gerações para a identificação das melhores famílias, mitigando os efeitos da interação genótipos x gerações e épocas de plantio. Os VGAs são preditos para as famílias em uma geração de autofecundação já avançada, com coeficiente de endogamia F_{∞} , ou seja, são preditos os VGAs das linhagens. Estes autores compararam, utilizando simulação determinística, esta nova metodologia em relação ao BLUP univariado (somente uma geração) e relatam aumento na acurácia seletiva de 8% na geração $F_{2:5}$ e de 13% na geração $F_{2:6}$ comparada à geração $F_{2:3}$. Também utilizando dados de ensaios de campo de três gerações de famílias de feijoeiro ($F_{3:4}$, $F_{3:5}$ e $F_{3:6}$) este índice apresentou aumento de 9% na acurácia em comparação com o BLUP utilizando apenas a última geração para a característica produtividade de grãos.

Considerando que os melhoristas de feijoeiro visam selecionar aquelas famílias com potencial para a extração de linhagens com maior adaptação aos diferentes ambientes de cultivo, o uso da metodologia BLUP com dados de múltiplas gerações de famílias avaliadas em diferentes safras e anos, possibilitaria obter a predição dos valores genotípicos livre das interações com o ambiente e com o efeito de gerações.

Assim, o objetivo deste trabalho foi determinar a eficiência do índice multigerações na seleção de famílias de feijoeiro do tipo carioca avaliadas em diferentes safras para os caracteres arquitetura de plantas, aspecto e produtividade de grãos.

2 MATERIAL E MÉTODOS

2.1 Material genético e condução experimental com as gerações F_{2:3} e F_{2:4}

Este trabalho teve início a partir de 48 populações F₂ obtidas por Silva et al. (2013b) oriundas de 48 híbridos F₁'s de um dialelo parcial 8x6. Destas, foram selecionadas as 20 populações com maior potencial (Tabela 2.1) para dar início a um programa de seleção recorrente, visando melhoria da arquitetura do feijão carioca (POERSCH, 2013). Esta seleção baseou-se nas estimativas de capacidade geral e específica de combinação para os caracteres diâmetro do hipocótilo (DH), nota de arquitetura de planta e produtividade de grãos.

Tabela 2.1. Populações utilizadas no programa de seleção recorrente fenotípica, previamente obtidas por Silva et al. (2013)

Identificação	Origem
1	BRS Valente/BRS MG Madrepérola
2	BRS Supremo/Gen12-2
3	BRS Supremo/CNFC 9437
4	BRS Horizonte/VC6
5	BRS Horizonte/BRS MG Madrepérola
6	BRS Horizonte/UTF0013
7	BRS Horizonte/CNFC 9437
8	CNFC 9466/VC6
9	CNFC 9466/BRS MG Madrepérola
10	A805/BRS MG Majestoso
11	A805/BRS MG Madrepérola
12	A805/Gen12-2
13	A805/CNFC 9437
14	A170/VC6
15	A170/BRS MG Madrepérola
16	A170/Gen12-2
17	A170/CNFC 9437
18	A525/BRS MG Majestoso
19	A525/UTF0013
20	A525/Gen12-2

Poersch (2013) extraiu 19 famílias de cada uma das 20 populações selecionadas, baseando-se no DH de plantas individuais, totalizando 380 famílias que foram avaliadas por duas gerações - F_{2:3} (Inverno/2011) e F_{2:4} (Seca/2012), na Estação Experimental de Coimbra-MG (20°45'S, 42°51'W). As 380 famílias mais 20 testemunhas foram avaliadas utilizando o

delineamento experimental de látice quadrado triplo (20 x 20). Foram avaliadas a arquitetura de plantas, o aspecto de grãos e a produtividade de grãos. A parcela experimental foi constituída por duas linhas de um metro de comprimento, espaçadas 0,5m entre si, com 10 sementes por metro.

Para a arquitetura de plantas foi utilizada a escala de notas de 1 a 5, proposta por Ramalho et al. (1998a), em que: nota 1 - planta ereta com uma haste, poucas ramificações; nota 2 - planta ereta com algumas ramificações, guia curta; nota 3 - planta semiprostrada com ramificações, guia mediana; nota 4 - planta prostrada com ramificações, guia longa; e nota 5 - planta completamente prostrada com muitas ramificações, guias muito longas.

Para o aspecto de grãos também foi utilizada uma escala de notas de 1 a 5, proposta por Ramalho et al. (1998a), em que: nota 1 - típico grão carioca: cor creme com estrias marrom-claras, fundo claro, halo creme, peso médio de 100 sementes de 22 a 24 g e 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 características mencionadas no padrão e; nota 5 - grão creme com estrias marrom-escuras, fundo escuro, com halo não creme, peso médio de 100 sementes menor que 22 g e grãos achatados.

2.2 Análises genético-estatísticas das gerações $F_{2:3}$ e $F_{2:4}$

2.2.1 Metodologia de modelos mistos

Os dados dos experimentos com as 380 famílias e 20 testemunhas relativos aos caracteres avaliados foram submetidos à análise via modelos mistos, considerando o seguinte modelo:

$$\mathbf{y} = \mathbf{X}\boldsymbol{\beta} + \mathbf{Z}\mathbf{g} + \mathbf{T}\mathbf{i} + \mathbf{W}\mathbf{b} + \mathbf{e}$$

em que, \mathbf{y} é o vetor dos valores fenotípicos das famílias; $\boldsymbol{\beta}$ é o vetor dos efeitos fixos de repetições, somados à média geral; \mathbf{g} é o vetor dos efeitos genotípicos das famílias (assumidos como aleatórios), em que, $g \sim N(0, G)$, sendo $G = I\sigma_g^2$; \mathbf{i} é o vetor da interação genótipos x gerações e épocas de plantio (assumidos como aleatórios), em que, $i \sim N(0, I_{ge})$, sendo $I_{ge} = I\sigma_{ge}^2$; \mathbf{b} é o vetor dos efeitos de blocos incompletos (assumidos como aleatórios), em que $b \sim N(0, B)$, sendo $B = I\sigma_b^2$; e \mathbf{e} é o vetor de erros, sendo que $e \sim N(0, R)$ e $R = I\sigma_e^2$. \mathbf{X} , \mathbf{Z} , \mathbf{T} e \mathbf{W} são matrizes de incidência que relacionam, respectivamente, os efeitos de $\boldsymbol{\beta}$, \mathbf{g} , \mathbf{i} e \mathbf{b} ao vetor \mathbf{y} .

As equações de modelo misto para a predição de $\boldsymbol{\beta}$, \mathbf{g} , \mathbf{i} e \mathbf{b} equivalem a:

$$\begin{bmatrix} \hat{\boldsymbol{\beta}} \\ \tilde{\mathbf{g}} \\ \tilde{\mathbf{i}} \\ \tilde{\mathbf{b}} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} \mathbf{X}'\mathbf{X} & \mathbf{X}'\mathbf{Z} & \mathbf{X}'\mathbf{T} & \mathbf{X}'\mathbf{W} \\ \mathbf{Z}'\mathbf{X} & \mathbf{Z}'\mathbf{Z} + \mathbf{A}^{-1}\lambda_1 & \mathbf{Z}'\mathbf{T} & \mathbf{Z}'\mathbf{W} \\ \mathbf{T}'\mathbf{X} & \mathbf{T}'\mathbf{Z} & \mathbf{T}'\mathbf{T} + \mathbf{I}\lambda_2 & \mathbf{T}'\mathbf{W} \\ \mathbf{W}'\mathbf{X} & \mathbf{W}'\mathbf{Z} & \mathbf{W}'\mathbf{T} & \mathbf{W}'\mathbf{W} + \mathbf{I}\lambda_3 \end{bmatrix}^{-1} \begin{bmatrix} \mathbf{X}'\mathbf{y} \\ \mathbf{Z}'\mathbf{y} \\ \mathbf{T}'\mathbf{y} \\ \mathbf{W}'\mathbf{y} \end{bmatrix}$$

$$\text{em que, } \lambda_1 = \frac{\sigma_e^2}{\sigma_g^2} = \frac{1 - h^2 - c_{\text{int}}^2 - c_{\text{bloc}}^2}{h^2}; \quad \lambda_2 = \frac{\sigma_e^2}{\sigma_i^2} = \frac{1 - h^2 - c_{\text{int}}^2 - c_{\text{bloc}}^2}{c_{\text{int}}^2}; \text{ e}$$

$$\lambda_3 = \frac{\sigma_e^2}{\sigma_b^2} = \frac{1 - h^2 - c_{\text{int}}^2 - c_{\text{bloc}}^2}{c_{\text{bloc}}^2}$$

Sendo: σ_e^2 , σ_g^2 , σ_b^2 e σ_{ge}^2 a variância residual, variância genotípica entre famílias, variância do efeito de blocos e variância do efeito da interação família x gerações e épocas de plantio, respectivamente; e h^2 , c_{int}^2 e c_{bloc}^2 a herdabilidade de parcelas individuais, coeficiente de determinação do efeito da interação e coeficiente de determinação do efeito de blocos, respectivamente.

Para a resolução das equações de modelos mistos e a obtenção dos valores genéticos, os componentes de variância genéticos e não genéticos foram assumidos desconhecidos, sendo estimados pelo método REML (máxima verossimilhança restrita), utilizando o pacote estatístico computacional SELEGEN-REML/BLUP (RESENDE, 2007b).

2.2.2 Seleção de famílias

Após análise utilizando BLUP bivariado (com os dados de $F_{2:3}$ e $F_{2:4}$), ajustado via o modelo de simetria composta (via g e i , que conjuntamente informam sobre a correlação genética entre gerações), três tipos de índices de seleção foram utilizados: i) índice aditivo do software Selegen (RESENDE, 2007b) aplicado aos valores genotípicos das famílias, ii) índice aditivo aplicado aos valores fenotípicos das famílias; iii) índice de seleção distância genótipo-ideótipo (CARVALHO et al., 2002) aplicado aos valores fenotípicos das famílias.

No índice aditivo são fornecidas as importâncias econômicas relativas ou pesos dos caracteres para os valores genotípicos ou fenotípicos padronizados e soma-se ou subtrai-se os valores de acordo com a direção de seleção (“maior” ou “menor”, respectivamente). Os três caracteres receberam peso 1 e a direção de seleção foi “menor” para arquitetura de plantas e aspecto de grãos (em que interessam as famílias com as menores notas) e “maior” para produtividade de grãos.

O índice da distância genótipo-ideótipo fixa um valor ótimo para cada característica, construindo, assim, um ideótipo. Para tanto, são obtidas as diferenças entre a média de cada característica e o valor atribuído ao ideótipo e, finalmente, calcula-se, para cada genótipo, uma distância em relação a esse ideótipo, sendo essa distância o próprio índice de seleção. Na definição do ideótipo para produtividade de grãos considerou-se como valor ótimo a maior média. Em relação à arquitetura de plantas e ao aspecto de grãos empregou-se como valor ótimo a menor nota média observada. Os pesos econômicos adotados foram iguais a um para

todas as variáveis. Cada caráter avaliado em cada geração foi considerado como uma característica, totalizando seis variáveis consideradas na seleção das melhores famílias (POERSCH, 2013). O índice genótipo-ideótipo foi utilizado com auxílio do programa estatístico GENES (CRUZ, 2013).

Foram selecionadas 76 famílias (intensidade de seleção de 20%) por meio cada índice de seleção utilizado.

2.3 Material genético e condução experimental na geração $F_{2:6}$

As famílias selecionadas (geração $F_{2:4}$) foram avançadas por uma geração ($F_{2:5}$) e avaliadas na geração seguinte ($F_{2:6}$), na safra da Seca/2014, na Estação Experimental de Coimbra-MG (20°45'S, 42°51'W) em delineamento experimental de látice (10x10), com três repetições e 10 testemunhas. Neste experimento também foram avaliadas a arquitetura de plantas, o aspecto e a produtividade de grãos. A parcela experimental foi constituída por duas linhas de dois metros de comprimento, espaçadas 0,5m entre si, com 15 sementes por metro.

2.4 Análises genético-estatísticas das gerações $F_{2:3}$, $F_{2:4}$ e $F_{2:6}$

2.4.1 Índice multigerações

Os dados das 90 famílias selecionadas foram analisados via REML/BLUP. Foi feita uma análise utilizando conjuntamente os dados das três gerações ($F_{2:3}/F_{2:4}/F_{2:6}$), três análises utilizando dados de duas gerações par a par ($F_{2:3}/F_{2:4}$; $F_{2:3}/F_{2:6}$ e $F_{2:4}/F_{2:6}$) e três análises com os dados de cada geração individualmente.

Segundo o índice multigerações (RESENDE et al., 2014), o valor genético aditivo das famílias em F_{∞} é dado por:

$$\hat{a} = b_2 F_2 + b_3 F_3 + \dots + b_6 F_6$$

Sendo: b_x os coeficientes de ponderação das fontes de informação associadas à geração F_x ($x = 1, 2, \dots, 6$), obtidos conforme Resende et al. (2014):

$$\begin{bmatrix} (K_2/h^2) & 1.00 & 1.00 & 1.00 & 1.00 \\ & (K_3/h^2) & 1.00 & 1.00 & 1.00 \\ & & (K_4/h^2) & 1.50 & 1.50 \\ & & & sim. & (K_5/h^2) \\ & & & & (K_6/h^2) \end{bmatrix} \begin{bmatrix} \hat{b}_2 \\ \hat{b}_3 \\ \hat{b}_4 \\ \hat{b}_5 \\ \hat{b}_6 \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} 1.00 \\ 1.00 \\ 1.50 \\ 1.75 \\ 1.875 \end{bmatrix}$$

em que: $K_x = \frac{(1 + Fh^2) + (n-1)rh^2}{n}$

sendo F o coeficiente de endogamia dos indivíduos em cada geração; n o número de indivíduos em cada geração; r o coeficiente de variância genética entre famílias em cada geração; e h^2 a herdabilidade em nível de parcelas individuais dada por:

$$h^2 = \sigma_a^2 / \sigma_y^2$$

em que σ_a^2 é a variância genética aditiva; e σ_y^2 a variância fenotípica entre parcelas.

A eficiência do índice foi obtida comparando-se as estimativas da acurácia em cada análise. O estimador generalizado da acurácia na geração F_∞ é dado por:

$$\hat{r}_{\hat{a}_\infty} = \left[\sum b_x r_x / (1 + F) \right]^{1/2} = \left[(b_2 r_2 + b_3 r_3 + \dots + b_z r_z) / (1 + F) \right]^{1/2}$$

sendo b_x os coeficientes de ponderação das fontes de informação associadas à geração F_x ($x = 1, 2, \dots, z$); r_x o coeficiente de correlação entre as informações fenotípicas da geração F_x e os valores genéticos das linhagens em F_∞ ; e F o coeficiente de endogamia na geração F_∞ .

2.4.1.1 Equações de modelos mistos

O índice multigerações, aplicado sobre médias corrigidas para efeitos de blocos, conforme demonstrado por Resende et al. (2014), equivale ao seguinte modelo misto multivariado (cada geração correspondendo a uma variável):

$$\mathbf{y} = \mathbf{X}\boldsymbol{\beta} + \mathbf{Z}\mathbf{a} + \mathbf{W}\mathbf{b} + \mathbf{e}$$

em que, \mathbf{y} é o vetor dos valores fenotípicos das famílias; $\boldsymbol{\beta}$ é o vetor dos efeitos fixos de repetições, somados à média geral; \mathbf{a} é o vetor dos efeitos genéticos aditivos das famílias (assumidos como aleatórios), em que, $a \sim N(0, G)$, sendo $G = I \otimes A\sigma_a^2$; \mathbf{b} é o vetor dos efeitos de blocos incompletos (assumidos como aleatórios), em que $b \sim N(0, B)$, sendo $B = I\sigma_b^2$; e \mathbf{e} é o vetor de erros, sendo que $e \sim N(0, R)$ e $R = I\sigma_e^2$. \mathbf{X} , \mathbf{Z} e \mathbf{W} são matrizes de incidência que relacionam, respectivamente, os efeitos de $\boldsymbol{\beta}$, \mathbf{g} e \mathbf{b} ao vetor \mathbf{y} .

A matriz de parentesco (A) envolvendo a relação entre as famílias nas gerações $F_{2:3}$ a $F_{2:6}$ é dada por:

$$A = \begin{bmatrix} 1.00 & 1.00 & 1.00 & 1.00 \\ & 1.50 & 1.50 & 1.50 \\ Sim. & & 1.75 & 1.75 \\ & & & 1.87 \end{bmatrix}$$

As equações de modelo misto para a predição de $\boldsymbol{\beta}$, \mathbf{a} , e \mathbf{b} equivalem a:

$$\begin{bmatrix} X'X & X'Z & X'W \\ Z'X & Z'Z + I \otimes RA^{-1}(1/\sigma_a^2) & Z'W \\ W'X & W'Z & W'W + R(1/\sigma_b^2) \end{bmatrix} \begin{bmatrix} \hat{\boldsymbol{\beta}} \\ \hat{\mathbf{a}} \\ \hat{\mathbf{b}} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X'y \\ Z'y \\ W'y \end{bmatrix}$$

sendo σ_a^2 e σ_b^2 a variância genética aditiva e a variância do efeito de blocos, respectivamente.

Para a resolução das equações de modelos mistos e a obtenção dos valores genéticos, os componentes de variância genéticos e não genéticos foram assumidos desconhecidos,

sendo estimados pelo método REML (máxima verossimilhança restrita), utilizando o pacote estatístico computacional SELEGEN-REML/BLUP (RESENDE, 2007b).

2.4.2 Análise de deviance

Na análise de modelos mistos, os efeitos do modelo não são testados via testes F , assim como se faz no método da análise de variância. Nesse caso, para os efeitos aleatórios, o teste recomendado é o teste da razão de verossimilhança (LRT), em que, um quadro similar ao quadro da análise de variância pode ser elaborado. Este quadro pode ser denominado de Análise de Deviance (ANADEV) e é estabelecido segundo os seguintes passos: i) obtenção do ponto de máximo do logaritmo da função de verossimilhança residual (Log L) para modelos com e sem o efeito a ser testado; ii) obtenção da deviance $D = -2 \text{ Log L}$ para modelos com e sem o efeito a ser testado; iii) fazer a diferença entre as deviances para modelos sem e com o efeito a ser testado, obtendo a razão de verossimilhança (LR); iv) testar, via LRT, a significância dessa diferença usando o teste qui-quadrado com 1 grau de liberdade, pois estas estimativas tendem a ter este tipo de distribuição (RESENDE, 2007a).

3 RESULTADOS E DISCUSSÃO

3.1 Seleção de famílias com base nas gerações F_{2:3} e F_{2:4}

A utilização do índice aditivo dos valores genotípicos, do índice genótipo-ideótipo e do índice aditivo dos valores fenotípicos na seleção das 76 melhores famílias resultou em um grande número de famílias coincidentes entre os três índices (61 famílias, 80,3% de coincidência). No total, 90 famílias foram selecionadas considerando os três índices de seleção (Tabela 3.1).

Tabela 3.1. Número de famílias coincidentes e não coincidentes entre as 76 famílias selecionadas por cada índice de seleção: índice aditivo dos valores genotípicos (IAG), índice aditivo dos valores fenotípicos (IAF) e índice genótipo-ideótipo (IGI)

Índice de Seleção	Famílias coincidentes	Famílias não coincidentes	Total
Somente IAG e IAF	68 (89,5%) ¹	8	76
Somente IAG e IGI	65 (85,5%)	11	76
Somente IAF e IGI	66 (86,8%)	10	76
IAG, IAF e IGI	61 (80,3%)	29	90

¹ Valor entre parênteses refere-se ao percentual das famílias coincidentes entre as 76 selecionadas pelos diferentes índices

3.2 Análises de deviance

Pelas análises de deviance considerando os dados das gerações individuais (Tabela 3.2), dos pares de gerações (Tabela 3.3) e das três gerações simultaneamente (Tabela 3.4) observou-se efeito de famílias significativo pelo teste de qui-quadrado para todos os caracteres. Estes resultados indicam a existência de variabilidade genética entre as famílias avaliadas nas diferentes gerações.

O efeito da interação famílias x gerações e épocas de plantio foi não significativo para o caractere arquitetura de plantas nos pares de gerações F_{2:3}/F_{2:4} e F_{2:3}/F_{2:6} e também nas três

gerações em conjunto (Tabelas 3.3 e 3.4). Somente no par de gerações $F_{2:4}/F_{2:6}$ o efeito desta interação foi significativo a 5% de probabilidade. Já para a produtividade e aspecto de grãos o efeito da interação foi significativo a 1% de probabilidade em todas as análises.

As estimativas de acurácia ($r_{\hat{a}a}$) das análises utilizando dados de gerações individuais variaram de 0,56 a 0,65 para o caractere arquitetura de plantas (Tabela 3.2), indicando precisão experimental moderada na avaliação das famílias para este caractere (RESENDE e DUARTE, 2007). Para produtividade de grãos a precisão experimental também foi moderada, com estimativas de acurácia variando de 0,47 a 0,64. Para o aspecto de grãos as estimativas de acurácia variaram de 0,76 a 0,90, indicando alta precisão experimental.

Nas análises utilizando conjuntamente dados de pares de gerações, a estimativa de acurácia para a arquitetura de plantas foi de 0,68 no par de gerações $F_{2:3}/F_{2:4}$ (Tabela 3.3), indicando precisão experimental moderada. Nos pares de gerações $F_{2:3}/F_{2:6}$ e $F_{2:4}/F_{2:6}$ a precisão foi alta ($r_{\hat{a}a} = 0,74$) para este caractere. Para produtividade de grãos a precisão experimental foi moderada no par de gerações $F_{2:3}/F_{2:6}$ ($r_{\hat{a}a} = 0,65$) e alta nos pares $F_{2:3}/F_{2:4}$ e $F_{2:4}/F_{2:6}$ ($r_{\hat{a}a} = 0,73$ e $0,74$, respectivamente). Para o aspecto de grãos a precisão experimental variou de alta ($r_{\hat{a}a} = 0,83$) no par de gerações $F_{2:3}/F_{2:4}$ a muito alta nos pares de gerações $F_{2:3}/F_{2:6}$ e $F_{2:4}/F_{2:6}$ ($r_{\hat{a}a} = 0,92$).

Na análise dos dados das três gerações em conjunto, a precisão experimental foi alta para os caracteres arquitetura de plantas e produtividade de grãos ($r_{\hat{a}a} = 0,74$) e muito alta para o caractere aspecto de grãos ($r_{\hat{a}a} = 0,93$) (Tabela 3.4). A acurácia seletiva é um dos parâmetros mais relevantes para a avaliação da qualidade de um experimento, pois não depende apenas da magnitude da variação residual e do número de repetições, mas também da proporção entre as variações de natureza genética e residual associadas ao caráter em avaliação (RESENDE e DUARTE, 2007).

Tabela 3.1. Valores de razão de verossimilhança (LR) para os efeitos de famílias pela análise de deviance das gerações individuais (F_{2:3}, F_{2:4}, F_{2:6}) e estimativas de acurácia (r_{âa}) para os caracteres nota de arquitetura de plantas (ARQ), produtividade de grãos (PROD) e nota de aspecto de grãos (ASP)

Efeito	F _{2:3}			F _{2:4}			F _{2:6}		
	ARQ	PROD	ASP	ARQ	PROD	ASP	ARQ	PROD	ASP
Famílias	4,36*	38,37**	262,59**	38,22**	55,78**	220,76**	19,50**	42,48**	181,13**
r_{âa}	0,56	0,47	0,76	0,58	0,64	0,80	0,65	0,61	0,90

Valores obtidos pelo teste da razão de verossimilhança (*Likelihood Ratio Test* - LRT). Significativo a **P = 0,01, *P = 0,05, e ^{NS} não-significativo pelo teste χ^2 .

Tabela 3.2. Valores de razão de verossimilhança (LRT) para os efeitos de famílias e para os efeitos da interação famílias x gerações e épocas de plantio (F x G) pela análise de deviance dos pares de gerações (F_{2:3}/F_{2:4}, F_{2:3}/F_{2:6} e F_{2:4}/F_{2:6}), e estimativas de acurácia (r_{âa}) para os caracteres nota de arquitetura de plantas (ARQ), produtividade de grãos (PROD) e nota de aspecto de grãos (ASP)

Efeitos	F _{2:3} /F _{2:4}			F _{2:3} /F _{2:6}			F _{2:4} /F _{2:6}		
	ARQ	PROD	ASP	ARQ	PROD	ASP	ARQ	PROD	ASP
Famílias	17,53**	4,02*	83,55**	12,93**	12,18**	66,31**	15,33**	11,28**	76,75**
F x G	0,40 ^{NS}	41,28**	77,12**	0,72 ^{NS}	18,14**	87,27**	5,90*	30,87**	55,08**
r_{âa}	0,68	0,73	0,83	0,74	0,65	0,92	0,74	0,74	0,92

Valores obtidos pelo teste da razão de verossimilhança (*Likelihood Ratio Test* - LRT). Significativo a **P = 0,01, *P = 0,05, e ^{NS} não-significativo pelo teste χ^2

Tabela 3.3. Valores de razão de verossimilhança (LRT) para os efeitos de famílias e para os efeitos da interação famílias x gerações e épocas de plantio (F x G) pela análise de deviance utilizando dados das três gerações (F_{2:3}, F_{2:4} e F_{2:6}), e estimativas de acurácia (r_{âa}) para os caracteres nota de arquitetura de plantas (ARQ), produtividade de grãos (PROD) e nota de aspecto de grãos (ASP)

Efeitos	F _{2:3} /F _{2:4} /F _{2:6}		
	ARQ	PROD	ASP
Famílias	37,61**	20,26**	169,77**
F x G	2,88 ^{NS}	57,65**	129,36**
r _{âa}	0,78	0,78	0,93

Valores obtidos pelo teste da razão de verossimilhança (*Likelihood Ratio Test* - LRT). Significativo a **P = 0,01, *P = 0,05, e ^{NS} não-significativo pelo teste χ^2 .

3.3 Coeficientes de determinação e correlação genotípica média

Considerando as três gerações (F_{2:3}, F_{2:4}, F_{2:6}), observou-se que as estimativas de correlação genotípica entre gerações (r_{gge}) variaram de acordo com o caractere e com as gerações analisadas (Tabela 3.5).

Tabela 3.5. Estimativas de herdabilidade em nível de parcelas individuais (h²), coeficiente de determinação da interação famílias x gerações e épocas de plantio (c²_{ge}) e correlação genotípica média através das gerações (r_{gge}) para os caracteres nota de arquitetura de plantas (ARQ), produtividade de grãos (PROD) e nota de aspecto de grãos (ASP) utilizando dados de diferentes gerações

Gerações	ARQ			PROD			ASP		
	h ²	c ² _{ge}	r _{gge}	h ²	c ² _{ge}	r _{gge}	h ²	c ² _{ge}	r _{gge}
F _{2:3}	0,11	–	–	0,36	–	–	0,84	–	–
F _{2:4}	0,37	–	–	0,45	–	–	0,79	–	–
F _{2:6}	0,24	–	–	0,39	–	–	0,74	–	–
F _{2:3} /F _{2:4}	0,18	0,03	0,87	0,12	0,29	0,29	0,66	0,15	0,81
F _{2:3} /F _{2:6}	0,15	0,03	0,8	0,19	0,18	0,52	0,6	0,19	0,76
F _{2:4} /F _{2:6}	0,19	0,1	0,66	0,2	0,23	0,47	0,62	0,15	0,84
F _{2:3} /F _{2:4} /F _{2:6}	0,17	0,05	0,77	0,17	0,25	0,4	0,63	0,16	0,84

Para a arquitetura de plantas, o efeito da interação famílias x gerações e épocas de plantio foi não significativo nos pares de gerações F_{2:3}/F_{2:4} e F_{2:3}/F_{2:6} e as estimativas de r_{gge} foram de altas magnitudes (0,87 e 0,80, respectivamente). Nesses pares, o efeito de gerações se refere a épocas diferentes (safra de inverno e safra da seca). Uma vez que as estimativas de

herdabilidade foram de baixa magnitude, os resultados indicam influência dessas épocas de plantio na arquitetura das plantas, porém o efeito de ambientes afeta todas as famílias de maneira semelhante, pois as estimativas de r_{gge} foram de altas magnitudes nesses pares de gerações. Já no par $F_{2:4}/F_{2:6}$ a correlação apresentou magnitude menor (0,66) e o efeito da interação foi significativo a 5% de probabilidade, sendo o valor do coeficiente de determinação da interação famílias x gerações e épocas de plantio ($c_{ge}^2 = 0,10$) de alta magnitude em relação à herdabilidade ($h^2 = 0,19$). Nesse par de gerações, as famílias foram plantadas na mesma época (safra da seca), porém em anos diferentes (2012 e 2014). Esses resultados indicam que a variação ambiental nesses anos influenciou de maneira desigual a expressão de diferentes genes nas famílias que controlam a arquitetura de plantas. Na literatura, estudos apontam acentuada influência do ambiente na expressão da arquitetura de plantas do feijoeiro (COLLICHIO et al., 1997; TEIXEIRA et al., 1999, MORETO et al., 2007).

Com base nas três gerações em conjunto, observou-se que o efeito da interação foi não significativo e que a estimativa da correlação genotípica média entre as gerações foi relativamente alta (0,77) indicando que, no geral, as diferentes gerações e épocas de plantio não influenciaram no comportamento das famílias; embora muitos caracteres afetem a arquitetura de plantas, como o número e o comprimento de internódios, número de ramificações, altura de plantas e ângulo de inserção de ramificações (LEAKEY et al., 1988; ACQAAH et al., 1991; KORNEGAY et al., 1992; TEIXEIRA et al., 1999; SILVA et al., 2013). Collichio et al. (1997) relatam que a arquitetura de plantas do feijoeiro é muito sensível às influências ambientais, enquanto outros autores relatam a predominância da fração aditiva na variância genotípica para esse caractere (SANTOS e VENCOVSKY, 1986; TEIXEIRA et al., 1999; SILVA et al. 2013), indicando que a maior parte da variabilidade genotípica

observada em uma geração será herdada na próxima geração. Em consequência disto, espera-se que a interação genótipos x gerações e épocas de cultivo seja de baixa magnitude.

As baixas estimativas de herdabilidade indicam que a seleção fenotípica para a característica arquitetura de plantas baseada em parcelas individuais será de baixa eficiência. A seleção com base no fenótipo somente será eficiente se o caráter sob seleção apresentar alta herdabilidade; ou seja, quando a maior parte da variação fenotípica for devida às causas genéticas, de forma que as diferenças mensuradas entre os indivíduos traduzam as verdadeiras diferenças genéticas (CRUZ, 2005).

Para o caractere produtividade de grãos, o efeito da interação foi significativo em todos os pares de gerações e também para as três gerações em conjunto, o que indica que os fatores ambientais exerceram grande influência na expressão desse caractere. Além disso, segundo Ramalho et al. (1998b), as interações mais expressivas na produtividade, no caso do feijoeiro, são as de genótipos x safras e genótipos x anos, estas ocorrem devido a condições edafoclimáticas específicas de cada ambiente. A existência de interação famílias x épocas de plantio para este caractere é frequentemente relatada na cultura do feijoeiro (RAMALHO et al., 1998b; MELO et al., 2007; FARIA et al. 2009).

As estimativas de r_{gge} para a produtividade de grãos nos pares de geração foram de baixa magnitude (0,29 a 0,47), indicando que o tipo predominante de interação famílias x gerações e épocas de plantio é a complexa, ou seja, o comportamento dos genótipos é diferencial nas duas situações, tornando mais difícil a seleção (CRUZ et al., 2012). Na literatura, resultados semelhantes foram observados por Amaro et al. (2006), Melo et al. (2007) e Pereira et al. (2011).

Para o aspecto de grãos, em todas as análises os efeitos da interação famílias x gerações e épocas de plantio também foram significativos (Tabelas 3.2 e 3.3). Entretanto, os coeficientes de determinação dessa interação apresentaram pequena magnitude (0,15 a 0,19)

em relação às estimativas de herdabilidade (0,60 a 0,66) e as correlações (r_{gge}) foram de alta magnitude (0,80 a 0,84), indicando que essa interação é do tipo simples, não constituindo um problema para a seleção, permitindo assim que a seleção para este caractere seja feita já nas gerações iniciais. Estes resultados são condizentes com o observado por Pereira et al. (2004) e Baldoni et al. (2006).

No melhoramento do feijoeiro, uma das modificações normalmente realizadas no método *bulk* e *bulk* dentro de famílias é a seleção a cada geração para caracteres de interesse no melhoramento, especialmente aspecto de grãos, passando a ser denominado *bulk* com seleção (*bulksel*). Santos et al. (2001) observaram que a seleção precoce para tipo de grãos não diminui o potencial da população para a seleção de linhagens superiores de feijão. Silva (2009) constatou que o *bulksel* foi superior aos métodos *bulk* e SSD em relação ao potencial da população para a seleção. O *bulk* com seleção dentro de famílias tem sido cada vez mais empregado nos programas de melhoramento do feijoeiro no Brasil, sobretudo associado a programas de seleção recorrente (RAMALHO et al., 2005; AMARO et al., 2007).

3.4 Eficiência do índice multigerações

As acurácias obtidas nas análises das gerações individuais e de pares de gerações apresentam-se viesadas, pois os efeitos da interação famílias x gerações e épocas de plantio possuem influência em suas estimativas. Assim, estas estimativas precisaram ser corrigidas para os efeitos da interação (Tabela 3.6). Considerou-se a estimativa de acurácia do índice total, com informação das três gerações ($F_{2:3}$, $F_{2:4}$ e $F_{2:6}$), como a mais livre dos efeitos da interação. Em seguida, multiplicou-se a acurácia estimada com o índice total pela correlação entre os valores genotípicos preditos via índice total e os valores genotípicos preditos em cada tipo de análise ($F_{2:3}$, $F_{2:4}$, $F_{2:6}$, $F_{2:3}/F_{2:4}$, $F_{2:3}/F_{2:6}$, $F_{2:4}/F_{2:6}$) para a obtenção de suas respectivas estimativas de acurácia corrigidas para a interação.

Tabela 3.6. Estimativas de acurácia antes e depois de corrigida para os efeitos da interação famílias x gerações e épocas de plantio ($r_{\hat{a}a}$ e $r_{\hat{a}a}$ corrig., respectivamente) e correlação (correl.) entre os valores genotípicos preditos pelas análises de diferentes gerações ($F_{2:3}$, $F_{2:4}$, $F_{2:6}$, $F_{2:3}/F_{2:4}$, $F_{2:3}/F_{2:6}$ e $F_{2:4}/F_{2:6}$) e os valores genotípicos preditos pelo índice total (considerando as três gerações em conjunto) para os caracteres nota de arquitetura de plantas (ARQ), produtividade de grãos (PROD) e nota de aspecto de grãos (ASP)

Gerações	ARQ			PROD			ASP		
	$r_{\hat{a}a}$	correl.	$r_{\hat{a}a}$ corrig.	$r_{\hat{a}a}$	correl.	$r_{\hat{a}a}$ corrig.	$r_{\hat{a}a}$	correl.	$r_{\hat{a}a}$ corrig.
$F_{2:3}$	0,36	0,72	0,56	0,53	0,60	0,47	0,64	0,82	0,76
$F_{2:4}$	0,72	0,74	0,58	0,75	0,82	0,64	0,82	0,87	0,80
$F_{2:6}$	0,77	0,83	0,65	0,85	0,78	0,61	0,93	0,97	0,90
$F_{2:3}/F_{2:4}$	0,64	0,87	0,68	0,58	0,93	0,73	0,92	0,9	0,83
$F_{2:3}/F_{2:6}$	0,71	0,94	0,74	0,76	0,83	0,65	0,91	0,99	0,92
$F_{2:4}/F_{2:6}$	0,79	0,94	0,74	0,8	0,95	0,74	0,92	1,00	0,92
$F_{2:3}/F_{2:4}/F_{2:6}$	0,78	–	–	0,78	–	–	0,93	–	–

Como esperado, houve um aumento na acurácia e confiabilidade da seleção com o avanço das gerações de autofecundação (Tabela 3.6). Para a arquitetura de plantas, a acurácia aumentou de 56% em $F_{2:3}$ para 65% em $F_{2:6}$. Para a produtividade de grãos aumentou de 47% para 61% e para o aspecto de grãos aumentou de 76% para 90%.

Ao utilizar o índice total, o ganho em acurácia foi ainda maior quando comparado a utilizar na análise apenas a geração $F_{2:6}$ (Tabela 3.7), com ganhos de 21, 28 e 3% para os caracteres arquitetura de plantas, produtividade de grãos e aspecto de grãos, respectivamente. Observou-se que, quanto menor a correlação genotípica entre as gerações, maiores são os ganhos para o caractere. Assim, quanto mais o ambiente e as gerações afetam o comportamento dos genótipos, maior é a eficiência do índice em relação à análise utilizando somente a última geração avaliada.

Tabela 3.7. Estimativas de acurácia, eficiência e ganho do índice total, utilizando dados de todas as gerações ($F_{2:3}/F_{2:4}/F_{2:6}$), em relação ao índice multigerações utilizando apenas os dados da última geração ($F_{2:6}$) para os caracteres nota de arquitetura de plantas (ARQ), produtividade de grãos (PROD) e nota de aspecto de grãos (ASP)

Estimativas	ARQ		PROD		ASP	
	$F_{2:6}$	$F_{2:3}/F_{2:4}/F_{2:6}$	$F_{2:6}$	$F_{2:3}/F_{2:4}/F_{2:6}$	$F_{2:6}$	$F_{2:3}/F_{2:4}/F_{2:6}$
Acurácia	0,65	0,78	0,61	0,78	0,90	0,93
Eficiência	1.00	1,21	1.00	1,28	1.00	1,03
Ganho	0%	21%	0%	28%	0%	3%

Com informação apenas das gerações $F_{2:3}$ e $F_{2:4}$ o índice multigerações utilizando os dados das duas gerações conjuntamente em relação à seleção com base apenas nos dados da geração $F_{2:4}$ apresentou ganhos em acurácia de 17, 14 e 3% para os caracteres arquitetura de plantas, produtividade e aspecto de grãos, respectivamente (Tabela 3.8). Assim, o índice também mostrou-se mais eficiente quando apenas dados de duas gerações estão disponíveis.

Tabela 3.8. Estimativas de acurácia, eficiência e ganho do índice multigerações utilizando dados do par de gerações $F_{2:3}/F_{2:4}$, em relação ao índice utilizando apenas os dados da geração $F_{2:4}$ para os caracteres nota de arquitetura de plantas (ARQ), produtividade de grãos (PROD) e nota de aspecto de grãos (ASP)

Estimativas	ARQ		PROD		ASP	
	$F_{2:4}$	$F_{2:3}/F_{2:4}$	$F_{2:4}$	$F_{2:3}/F_{2:4}$	$F_{2:4}$	$F_{2:3}/F_{2:4}$
Acurácia	0,58	0,68	0,64	0,73	0,80	0,83
Eficiência	1.00	1,17	1.00	1,14	1.00	1,03
Ganho	0%	17%	0%	14%	0%	3%

Quando a estimativa de acurácia do índice total é confrontada com a estimativa da análise do par de gerações $F_{2:3}/F_{2:4}$ a eficiência do índice total também é maior (Tabela 3.9), com ganhos de 15, 7 e 11% para os caracteres arquitetura de plantas, produtividade de grãos e aspecto de grãos, respectivamente. Para a produtividade de grãos, o ganho em acurácia do índice total foi o menor dentre os três caracteres, indicando que a maior parte da interação para este caractere é devida às gerações $F_{2:3}$ e $F_{2:4}$. As gerações $F_{2:6}$ e $F_{2:4}$ foram plantadas na mesma época (seca) e o par de gerações $F_{2:3}/F_{2:4}$ foi plantado em épocas diferentes (inverno/seca). Assim, os resultados indicam que o efeito das diferentes épocas de plantio é o

principal responsável pela interação observada para a produtividade de grãos. Estes resultados são condizentes com o observado por Ramalho et. al. (1998b).

Tabela 3.9. Estimativas de acurácia, eficiência e ganho do índice total, utilizando dados de todas as gerações ($F_{2:3}/F_{2:4}/F_{2:6}$), em relação ao índice multigerações utilizando apenas os dados do par de gerações $F_{2:3}/F_{2:4}$, para os caracteres nota de arquitetura de plantas (ARQ), produtividade de grãos (PROD) e nota de aspecto de grãos (ASP)

Estimativas	ARQ		PROD		ASP	
	$F_{2:3}/F_{2:4}$	$F_{2:3}/F_{2:4}/F_{2:6}$	$F_{2:3}/F_{2:4}$	$F_{2:3}/F_{2:4}/F_{2:6}$	$F_{2:3}/F_{2:4}$	$F_{2:3}/F_{2:4}/F_{2:6}$
Acurácia	0,68	0,78	0,73	0,78	0,83	0,93
Eficiência	1.00	1,15	1.00	1,07	1.00	1,11
Ganho	0%	15%	0%	7%	0%	11%

3.5 Seleção de famílias com base nas gerações $F_{2:3}$, $F_{2:4}$ e $F_{2:6}$

Ao selecionar 20 famílias com base no índice aditivo dos valores genotípicos preditos pelas análises da geração $F_{2:3}$, das gerações $F_{2:3}/F_{2:4}$, e das gerações $F_{2:3}/F_{2:4}/F_{2:6}$ (índice total) observou-se 50% e 70% de coincidência entre as famílias selecionadas com o índice total e as famílias selecionadas com as análises de $F_{2:3}$ e $F_{2:3}/F_{2:4}$, respectivamente (Tabela 3.10).

Tabela 3.10. Porcentagem de coincidência entre as 20 melhores famílias selecionadas com base no índice aditivo dos valores genotípicos preditos pelas análises das gerações $F_{2:3}$ e $F_{2:3}/F_{2:4}$ e pelo índice total ($F_{2:3}/F_{2:4}/F_{2:6}$), considerando os caracteres nota de arquitetura de plantas (ARQ), produtividade de grãos (PROD) e nota de aspecto de grãos (ASP)

Geração	Coincidência	Média das famílias selecionadas		
		ARQ	PROD	ASP
$F_{2:3}$	50%	2,45	3633,87	2,7
$F_{2:3}/F_{2:4}$	70%	2,41	3606,41	2,75
$F_{2:3}/F_{2:4}/F_{2:6}$	-	2,2	3745,58	2,77
Média Geral ($F_{2:6}$)		2,47	3500,66	3,07

Em um programa de melhoramento, é fundamental que o lançamento de um novo cultivar seja feito no menor tempo possível, porém não se pode dispensar os anos necessários de experimentação a fim de mitigar os efeitos da interação genótipos x ambiente (BOREM e MIRANDA, 2013). Os resultados indicam que avaliar as famílias apenas nas duas primeiras gerações não leva à mesma eficiência seletiva que se a avaliação fosse feita nas gerações $F_{2:3}$,

$F_{2;4}$ e $F_{2;6}$ em conjunto, para os caracteres arquitetura de plantas, produtividade e aspecto de grãos.

Estratégias de seleção específicas para cada caractere devem ser utilizadas. Para a arquitetura de plantas, embora os efeitos da interação famílias x gerações e épocas de plantio tenham sido não significativos, os baixos valores de herdabilidade indicam acentuada influência ambiental no caractere, não sendo recomendada a seleção fenotípica com base em parcelas individuais. Os acentuados ganhos em acurácia seletiva do índice total em relação às demais gerações indicam a necessidade de avaliar as famílias em ao menos três gerações em diferentes épocas e/ou anos para este caractere. Poersch (2013) também relata elevada influencia ambiental no caractere diâmetro do hipocótilo (DH), principal determinante da arquitetura de plantas do feijoeiro (MOURA et al, 2013). Este mesmo autor recomenda a seleção recorrente fenotípica, com base no DH, para melhoria da arquitetura do feijoeiro, e relata que esta será efetiva se na recombinação utilizar um conjunto de pelo menos 10 plantas.

Para a produtividade de grãos a eficiência do índice foi ainda maior devido à significância dos efeitos da interação famílias x gerações e épocas de plantio e à predominância de interação do tipo complexa. Assim, recomenda-se que a seleção para este caractere também seja baseada na análise de ao menos três gerações em diferentes épocas e/ou anos. Já para aspecto de grãos, mesmo o efeito da interação sendo significativo, os altos valores de herdabilidade e predominância de interação do tipo simples permitem que se faça a seleção para este caractere desde as gerações iniciais, sendo recomendadas estratégias de seleção como o *bulksel*.

Quanto às populações que originaram essas famílias, entre as 20 famílias selecionadas com base no índice aditivo dos valores genotípicos preditos pelo índice total, 12 delas (60%) foram extraídas da população proveniente do cruzamento entre as cultivares CNFC 9466 e VC6 (Tabela 3.11), o que sugere um grande potencial desse cruzamento em gerar linhagens

que combinem arquitetura de plantas mais eretas, elevada produtividade e bom aspecto de grãos. As médias das famílias selecionadas apresentaram comportamento estável entre as gerações e épocas de plantio, indicando que o índice multigerações seleciona famílias de alta estabilidade.

Tabela 3.11. População de origem das 20 melhores famílias selecionadas pelo índice aditivo dos valores genotípicos preditos pelo índice multigerações total (considerando os dados das gerações F_{2:3}, F_{2:4} e F_{2:6} conjuntamente) e estimativas das médias fenotípicas de cada família, média geral das famílias selecionadas (Média Selecionadas) e média geral das 90 famílias que foram avaliadas nas três gerações (Média Geral) em cada uma das gerações avaliadas (F_{2:3}, F_{2:4} e F_{2:6}), para os caracteres nota de arquitetura (ARQ), produtividade de grãos (PROD) e nota de aspecto de grãos (ASP)

Classificação	População	ARQ			PROD			ASP		
		F _{2:3}	F _{2:4}	F _{2:6}	F _{2:3}	F _{2:4}	F _{2:6}	F _{2:3}	F _{2:4}	F _{2:6}
1	CNFC 9466/VC6	2,7	2,2	2,3	5350,0	4716,7	3839,5	2,3	3,2	2,4
2	CNFC 9466/VC6	2,0	2,5	1,7	5300,0	3827,8	3495,6	2,7	2,5	2,9
3	CNFC 9466/VC6	2,3	2,0	2,2	5366,7	4288,9	3665,7	2,8	2,3	2,6
4	BRS Horizonte/VC6	2,7	2,3	2,2	5011,1	5066,7	3834,1	2,8	2,5	2,8
5	CNFC 9466/BRS MG Madrepérola	2,5	2,3	2,4	4383,3	4727,8	3640,6	3,5	2,8	2,6
6	BRS Supremo/Gen12-2	2,3	2,3	2,5	4950,0	4561,1	3909,6	2,3	2,7	2,7
7	CNFC 9466/VC6	2,0	2,0	2,4	5466,7	3344,4	3703,7	2,8	3,5	2,3
8	BRS Horizonte/CNFC 9437	2,3	2,3	2,3	4766,7	4438,9	3567,2	2,5	2,5	3,0
9	CNFC 9466/VC6	2,8	2,3	1,8	5383,3	4400,0	3716,1	3,3	3,5	2,9
10	CNFC 9466/VC6	2,5	2,3	2,1	4777,8	4044,4	4005,4	3,0	3,3	2,7
11	CNFC 9466/VC6	2,3	2,2	1,6	4455,6	3900,0	3516,2	3,2	2,7	2,6
12	A805/BRS MG Majestoso	2,7	2,3	2,2	5200,0	4372,2	3676,0	3,0	2,5	3,0
13	CNFC 9466/VC6	2,7	2,3	2,1	4616,7	4500,0	4056,4	2,8	3,0	3,0
14	CNFC 9466/BRS MG Madrepérola	2,8	2,3	2,1	4750,0	4983,3	4025,9	3,0	2,5	2,9
15	CNFC 9466/VC6	2,3	2,5	2,0	5427,8	3188,9	3640,1	3,0	3,0	2,9
16	CNFC 9466/VC6	2,5	2,2	2,5	5166,7	4544,4	3446,0	2,7	2,3	2,6
17	CNFC 9466/VC6	2,7	2,5	2,2	5277,8	4044,4	3778,2	2,8	3,2	2,5
18	BRS Horizonte/UTF0013	2,5	2,3	2,8	5800,0	3700,0	3795,5	2,5	2,8	2,2
19	CNFC 9466/VC6	2,5	2,2	2,2	4861,1	3200,0	3984,4	3,0	3,0	2,8
20	BRS Supremo/Gen12-2	1,8	1,8	2,3	5427,8	4050,0	3615,5	4,8	4,5	4,2
	Média Selecionadas	2,5	2,3	2,2	5086,9	4195,0	3745,6	3,0	2,9	2,8
	Média Geral	2,7	2,4	2,5	4850,8	3933,2	3500,7	3,1	3,1	3,1

4 CONCLUSÕES

- O índice multigerações incluindo dados de todas as gerações disponíveis (índice total) é a metodologia mais eficiente para a seleção de famílias de feijoeiro considerando os caracteres arquitetura de plantas, produtividade e aspecto de grãos;
- Quanto mais o ambiente e as gerações afetam o comportamento dos genótipos para determinado caractere, maior é a eficiência do índice multigerações;
- Os ganhos genéticos com o índice multigerações sobre a geração $F_{2:6}$ foram de 21, 28 e 3% para os caracteres arquitetura de plantas, produtividade de grãos e aspecto de grãos, respectivamente;
- Na seleção das melhores famílias para os caracteres arquitetura de plantas e produtividade de grãos é necessária a avaliação de ao menos três gerações em diferentes épocas de plantio e/ou anos;
- A seleção das melhores famílias para aspecto de grãos pode ser feita desde as gerações iniciais, sendo recomendado o uso do *bulk* com seleção dentro de famílias.

5 REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

AMARO, G. B. **Seleção recorrente fenotípica no feijoeiro visando resistência a *Phaeoisariopsis griseola***. 2006. 90 f. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Universidade Federal de Lavras, Lavras, MG, 2006.

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**, Ribeirão Preto, v. 30, p. 584-588, 2007.

ACQUAAH, G.; ADAMS, M. W.; KELLY, J. D. Identification of effective indicators of erect plant architecture in dry bean. **Crop Science**, Madison, v. 31, n. 2, p. 261-264, 1991.

ADAMS, M. W. Plant architecture and yield breeding. **Iowa State Journal of Research**, Ames, v. 56, n. 3, p. 225-254, 1982.

BALDONI, A. B.; SANTOS, J. B.; ABREU, A. F. B. Melhoramento do feijoeiro comum visando a obtenção de cultivares precoces com grão tipo ‘carioca’ e ‘rosinha’. **Ciência e Agrotecnologia**, Lavras, v. 36, p. 137-142. 2006.

BERNARDO, R. **Breeding for quantitative traits in plants**. Woodbury: Stemma Press, 359 p. 2002.

BORÉM, A.; MIRANDA, G. V. **Melhoramento de plantas**. 6^a ed. Viçosa: UFV, 2013. 529 p.

CARBONELL, S. A. M.; CHIORATO, A. F.; RESENDE, M. D. V.; DIAS, L. A. S.; BERALDO, A. L. A.; PERINA, E. F. Estabilidade de cultivares e linhagens de feijoeiro em diferentes ambientes no Estado de São Paulo. **Bragantia**, Campinas, v. 66, n. 2, p. 193-201, 2007.

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

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, 1997.

CONAB. Companhia Nacional de Abastecimento. Brasília. Disponível em: < <http://www.conab.gov.br>>. Acesso em: 12 de dezembro de 2014.

CUNHA, W. G. **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, 2002.

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

CRUZ, C. D. **Princípios de genética quantitativa**. Viçosa: UFV, 2005. 394 p.

CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. D.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. 4^a ed. Viçosa: UFV, 2012. v. 1, 390 p.

FARIA, A. P.; MODA-CIRINO, V.; BURATTO, J. S.; SILVA, C. F. B.; DESTRO, D. Ineração genótipo x ambiente na produtividade de grãos de linhagens e cultivares de feijão. **Acta Scientiarum Agronomy**, Maringá, v. 31, n. 4, p. 579-585, 2009.

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.

LEAKEY, C. L. A. Genotypic and phenotypic markers in common bean. In: Gepts, P. (Ed). **Genetics resources of *Phaseolus* beans**. Dordrecht: Kluwer Academics, 1988. p. 245-327.

MAPA. Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento. Brasília. Disponível em: <<http://www.agricultura.gov.br>>. Acesso em: 12 de dezembro de 2014.

MARQUES JÚNIOR, O. G. **Eficiência de experimentos com a cultura do feijão**. 1997. 80 f. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Universidade Federal de Lavras, Lavras, MG, 1997.

MELO, L. C.; MELO, P. G. S.; FARIA, L. C.; DIAZ, J. L. C.; DEL PELOSO, M. J. RAVA C. A.; COSTA J. G. C. Interação com ambientes e estabilidade de genótipos de feijoeiro-comum na Região Centro-Sul do Brasil. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 42, n. 5, p. 715-723, 2007.

MENEZES JÚNIOR, J. A. N.; RAMALHO, M. A. P.; ABREU, A. F. B. Seleção recorrente para três caracteres do feijoeiro. **Bragantia**, Campinas, v. 67, n. 4, p. 833-838, 2008.

MORETO, A.; RAMALHO, M. A. P.; NUNES, J. A. R.; ABREU, A. F. B. Estimativa dos componentes da variância fenotípica em feijoeiro utilizando o método genealógico. **Ciência e Agrotecnologia**, Lavras, v. 31, n. 4, p. 1035-1042, 2007.

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, J. A. R.; RAMALHO, M. A. P.; FERREIRA, D. F. Inclusion of genetic relationship information in the pedigree selection method using mixed models. **Genetics and Molecular Biology**, Ribeirão Preto, v.31, p. 73-78. 2008.

OAKEY, H.; VERBYLA A.; PITCHFORD W.; CULLIS B.; KUCHEL H. Joint modeling of additive and non-additive genetic line effects in single field trials. **Theoretical and Applied Genetics**, Stuttgart, v.113, p. 809–819. 2006.

PEREIRA, H. S.; SANTOS, J. B.; ABREU, A. F. B. Seleção de linhagens arbustivas de feijoeiro com grãos tipo carioca, resistência à antracnose e macha angular e alta produtividade. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 39, n. 3, p. 209-215, 2004.

PEREIRA, H. S.; MELO, L. C.; DEL PELOSO, M. J.; FARIA, L. C.; WENDLAND, A. Complex interaction between genotypes and growing seasons of carioca common bean in Goiás/Distrito Federal. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, Londrina, v. 11, p. 207-215, 2011.

PEREIRA, T. B. ; CARVALHO, J. P. F. ; BOTELHO, C. E. ; RESENDE, M.D.V. de ; REZENDE, J. C. ; MENDES, A. N. G. . Eficiência da seleção de progênies de café F4 pela metodologia de modelos mistos (REML/BLUP). **Bragantia**, Campinas, v. 72, p. 230-236, 2013.

POERSCH, N. L. **Diâmetro do hipocótilo como caráter auxiliar no melhoramento da arquitetura do feijoeiro**. 2013. 40 f. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento) – Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, MG, 2013.

RAMALHO, M. A. P.; PIROLA, L. B.; ABREU, A. de 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, 1998a.

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, p 176-181, 1998b.

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

RAMALHO, M. A. P.; ABREU, A. F. B.; SANTOS, J. B. Genetic progress after four cycles of recurrent selection for yield and grain traits in common bean. **Euphytica**, Wageningen, v. 144, n. 1/2, p. 23-29, 2005.

RAMALHO, M. A. P.; CARVALHO, B. L.; NUNES, J. A. R. Perspectives for the use of quantitative genetics in breeding of autogamous plants. **ISRN Genetics**, New York, v.2013, p.16, 2012

RESENDE, M. D. V.; FURLANI-JUNIOR, E.; MORAES, M. L. T.; FAZUOLI, L. C. Estimação de parâmetros genéticos e predição de valores genotípicos no melhoramento do cafeeiro pelo procedimento REML/BLUP. **Bragantia**, Campinas, v.60, p.185-193. 2001.

RESENDE, M.D.V. **Matemática e estatística na análise de experimentos e no melhoramento genético**. Embrapa Florestas, Colombo. 435 p. 2007a.

RESENDE, M. D. V. **Software Selegen–REML/BLUP**: Sistema estatístico e seleção genética computadorizada via modelos lineares mistos. Curitiba: Embrapa Florestas, 2007b (Documentos, 77).

RESENDE, M. D. V.; DUARTE, J. B. Precisão e controle de qualidade em experimentos de avaliação de cultivares. **Pesquisa Agropecuária Tropical**, Goiânia, v. 37, n.3, p. 182-194, 2007.

RESENDE, M. D. V.; RAMALHO, M.A.P.; GUILHERME, S.R.; ABREU, A. DE F. B.(no prelo). Multigeneration index in the within progenies bulk method for breeding of self-pollinated plants. **Crop Science**, Madison, 2014.

ROSSE, L. N; VENCOVSKY, R. Modelo de regressão não linear aplicado ao estudo da estabilidade fenotípica de genótipos de feijão no Estado do Paraná. **Bragantia**, Campinas, v.59, n. 1, p. 99-107, 2000.

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, 1986.

SANTOS, V. S. RAMALHO, M. A. P., CARNEIRO, J. E. S., ABREU, A. F. B. Consequences of early selection for grain type in common bean breeding. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, Londrina, v. 1, n. 4, p. 347-354, 2001

SILVA, L. C. **Estratégias de condução de populações segregantes no melhoramento genético do feijoeiro**. 2009. 65 f. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento) – Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, MG, 2009.

SILVA, V. M. P.; CARNEIRO, P. C. S.; MENEZES JUNIOR, J. A. N.; CARNEIRO, V. Q.; CARNEIRO, J. E. S.; CRUZ, C. D. Genetic improvement of plant architecture in the common bean. **Genetics and Molecular Research**, Ribeirão Preto, v. 12, n.3, p. 3093-3102, 2013a.

SILVA, V. M. P.; CARNEIRO, P. C. S.; MENEZES JUNIOR, J. A. N.; CARNEIRO, V. Q.; CARNEIRO, J. E. S.; CRUZ, C. D.; BORÉM, A. Genetic potential of common bean parents for plant architecture improvement. **Scientia Agricola**, Piracicaba, v.70, n.3, p.167-175, 2013b.

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, 1999.

TEIXEIRA, F.F.; BALDONI, A.B.; SANTOS, J.B. Controle genético de características associadas à coloração do grão do feijão no cruzamento Rosinha x Esal 693. In: CONGRESSO BRASILEIRO DE MELHORAMENTO DE PLANTAS, 1, 2001, Goiânia. Anais... Goiânia: Sociedade Brasileira de Melhoramento de Plantas, 2001. CD-ROM.

VIEIRA, C.; BORÉM, A.; RAMALHO, M. G. P.; CARNEIRO, J. E. S. Melhoramento do feijão. In: BORÉM, A. (Ed.). **Melhoramento de espécies cultivadas**. 2. ed. Viçosa: UFV, 2005. p. 301-391.

WHITE, T. L.; HODGE, G. R. **Predicting breeding values with applications in forest tree improvement**. Dordrecht: Kluwer Academic Publishers. 363 p. 1989.