

KHARENN VAILANT NUNES

**SELEÇÃO DE FAMÍLIAS DE FEIJÃO CARIOCA VISANDO EXTRAÇÃO DE
LINHAGENS POR MODELOS MISTOS**

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
2017

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

T

N972s
2017
Nunes, Kharenn Vailant, 1991-
Seleção de famílias de feijão carioca visando extração de
linhagens por modelos mistos / Kharenn Vailant Nunes. –
Viçosa, MG, 2017.
xi, 36 f. : il. (algumas color.) ; 29 cm.

Orientador: Pedro Crescêncio Souza Carneiro.
Dissertação (mestrado) - Universidade Federal de Viçosa.
Referências bibliográficas: f.31-36.

1. Feijão - Melhoramento genético. 2. Feijão - Seleção.
3. Murcha-de-fusarium. I. Universidade Federal de Viçosa.
Departamento de Biologia Geral. Programa de Pós-Graduação
em Genética e Melhoramento. II. Título.

CDD 22. ed. 635.6522

KHARENN VAILANT NUNES

**SELEÇÃO DE FAMÍLIAS DE FEIJÃO CARIOCA VISANDO EXTRAÇÃO
DE LINHAGENS POR MODELOS MISTOS**

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: 18 de dezembro de 2017.

Luiz Antônio dos Santos Dias

Renato Domiciniano Silva Rosado

José Eustáquio de Souza Carneiro
(Coorientador)

Pedro Crescêncio Souza Carneiro
(Orientador)

AGRADECIMENTOS

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) e à fundação de amparo à pesquisa do estado de Minas Gerais (FAPEMIG), pelo apoio financeiro na realização deste trabalho.

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

Ao meu coorientador Professor José Eustáquio, pelos ensinamentos de experimentação em campo, pelos conselhos e correções no laboratório e pela proximidade.

Ao Professor Luiz Antônio e ao Renato Domiciniano, pela disponibilidade em participar da banca e pela contribuição na correção deste trabalho.

Aos colegas Ramon, Thiago e, principalmente, João Romero pela ajuda com as análises dos dados.

À Micheli, Fabíola e Rafa pela amizade durante o período que estive em Viçosa, amizade essa que espero que seja para a vida.

Aos colegas do programa feijão pela ajuda na realização dos experimentos, companheirismo, conversas e descontração.

Aos funcionários da estação experimental de Coimbra pela ajuda fundamental na realização dos experimentos de campo, principalmente ao Pereira pela amizade, conversas e cafés.

Aos meus sogros, Maria José e Raimundo e meus cunhados Raíne e Railton, pelo acolhimento, ajuda nas horas de necessidade, amizade e por me fazerem parte de sua família.

Aos meus pais, Rose e Barbosa e meus avós Esmeralda e Osmarino pelo amor, carinho, educação e exemplo oferecidos, além do apoio nas minhas escolhas de vida.

Aos meus amigos Amanda, Igor, Júlia e Renata pela amizade, conselhos, ajudas e correções neste trabalho e principalmente por ouvirem meus longos áudios no WhatsApp.

Ao Remio, pelo amor e companheirismo, pela paciência e compreensão nos momentos de crise.

A todos que de alguma forma contribuíram para a realização deste trabalho, meu muito obrigada!

BIOGRAFIA

KHARENN VAILANT NUNES, filha de Rosimeire Vailant Nunes e João Barbosa Nunes, nasceu em 11 de junho de 1991 em Ipatinga, Minas Gerais. Concluiu o Ensino Médio na Escola Educação Criativa de Ipatinga, Minas Gerais, em 2008.

Em agosto de 2009 ingressou no curso de Agronomia da Universidade Federal de Lavras e obteve grau de Bacharel em janeiro de 2016.

Em março de 2016 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 18 de dezembro de 2017.

SUMÁRIO

LISTA DE ILUSTRAÇÕES.....	vi
RESUMO	viii
ABSTRACT	x
1 INTRODUÇÃO.....	1
2 REVISÃO DE LITERATURA	3
2.1 A cultura do feijão.....	3
2.2 Principais doenças do feijoeiro	3
2.3 A murcha-de-Fusarium	4
2.4 Melhoramento visando resistência à murcha-de-Fusarium	5
2.5 Uso de modelos mistos	7
2.6 Uso de índices de seleção.....	8
3 MATERIAL E MÉTODOS	10
3.1 Material genético.....	10
3.2 Avaliação das famílias $F_{2:3}$, $F_{2:4}$ e $F_{2:5}$	10
3.3 Análises estatísticas.....	12
3.3.1 Modelos para as análises individuais.....	12
3.3.2 Modelo para a análise conjunta.....	13
3.3.3 Escolha do modelo para as análises individuais	13
3.3.4 Testes estatísticos para os efeitos aleatórios e fixos dos modelos	13
3.3.5 Correlação genotípica e acurácia (<i>rggi</i>).....	14
3.3.6 Seleção de famílias	14
3.3.6.1 Índice de seleção FAI-BLUP	14
3.3.6.2 Ganho predito.....	16
3.3.7 Diversidade entre famílias	16
3.3.8 Softwares utilizados	17
4 RESULTADOS E DISCUSSÃO	17
4.1 Análises de deviance	17
4.2 Seleção de famílias por meio do índice FAI-BLUP	23
5 CONCLUSÃO	30
6 REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS.....	31

LISTA DE ILUSTRAÇÕES

Figura 1 – Biplot dos dois componentes principais (CP1 e CP2) para todas as variáveis significativas nas três gerações avaliadas e os fatores que as agrupam.	39
Tabela 1 – Escala de avaliação notas de arquitetura de planta	22
Tabela 2 – Escala de avaliação de aspecto comercial de grãos.....	22
Tabela 3 – Escala de avaliação de severidade-de-doenças	23
Tabela 4 – Ideótipo de feijão carioca para a seleção multi-característica utilizando o índice FAI-BLUP	27
Tabela 5 – Partição do efeito de famílias para as diferentes populações em cada geração, teste de razão de verossimilhança (LRT) e acurácia para as os caracteres dias da emergência ao florescimento (DEF), arquitetura de plantas (ARQ), severidade de murcha-de-Fusarium (FUS), aspecto comercial de grãos (GRÃO), produtividade de grãos (PROD), severidade de mofo-branco (MOFO), severidade de crestamento-bacteriano (CREST), avaliados em três gerações.	30
Tabela 6 – Teste de Wald e de Dunnett para as testemunhas (genitores e testemunhas comerciais) com base nos caracteres dias da emergência ao florescimento (DEF), arquitetura de plantas (ARQ), produtividade de grãos (PROD), severidade de murcha-de-Fusarium (FUS) aspecto comercial de grãos (GRÃO), severidade de crestamento-bacteriano (CREST) e severidade de mofo-branco (MOFO) nas três safras avaliadas (F _{2:3} , F _{2:4} e F _{2:5})	32
Tabela 7 – Resumo das análises conjuntas de deviance e teste de razão de verossimilhança (LRT) para produtividade de grãos - PROD (gerações F _{2:3} , F _{2:4} e F _{2:5}), arquitetura de plantas - ARQ (gerações F _{2:3} e F _{2:5}), FUS – severidade de murcha-de-Fusarium (gerações F _{2:3} , F _{2:4} e F _{2:5}), e aspecto comercial de grãos – GRÃO (gerações F _{2:4} e F _{2:5})	33
Tabela 8 – Correlações genotípicas entre as variáveis arquitetura de plantas (ARQ), severidade de murcha-de-Fusarium (FUS), produtividade de grãos (PROD), e aspecto comercial de grãos (GRÃO), severidade de crestamento-bacteriano (CREST) e severidade de mofo-branco (MOFO) para as três safras avaliadas (F _{2:3} , F _{2:4} e F _{2:5}).....	34
Tabela 9 – Estimativas de médias BLUP individuais para cada uma das 20 melhores (selecionadas) e 20 piores famílias endogâmicas determinadas pelo índice FAI-BLUP para os caracteres arquitetura de plantas (ARQ), severidade de murcha-de-Fusarium	

(FUS), produtividade de grãos (PROD), severidade de cretamento bacteriano (CREST), aspecto comercial de grãos (GRÃO) e severidade de mofo-branco (MOFO) para as três gerações avaliadas (F _{2:3} , F _{2:4} e F _{2:5})	35
Tabela 10 – A trajetória do marketing social Ganhos genéticos preditos baseado na seleção direta e indireta via índice FAI-BLUP para os caracteres aspecto comercial de grãos (GRÃO), produtividade de grãos (PROD), severidade de cretamento bacteriano (CREST), arquitetura de plantas (ARQ), severidade de murcha-de-Fusarium (FUS) e severidade de mofo-branco (MOFO) para as três gerações avaliadas (F _{2:3} , F _{2:4} e F _{2:5})..	37
Tabela 11 – Agrupamento das 124 famílias, oriundas de duas populações, pelo método de otimização de Tocher	38

RESUMO

NUNES, Kharenn Vailant, M.Sc., Universidade Federal de Viçosa, dezembro de 2017.
Seleção de famílias de feijão carioca visando extração de linhagens por modelos mistos Orientador: Pedro Crescêncio Souza Carneiro. Coorientador: José Eustáquio de Souza Carneiro.

O feijoeiro-comum é suscetível à várias doenças, dentre elas a murcha-de-Fusarium. A murcha-de-Fusarium é uma doença muito presente nas áreas de plantio de feijão e pode levar a perdas de até 100%. Além da resistência a doenças, o objetivo do melhoramento do feijoeiro é a obtenção de linhagens que sejam produtivas, com arquitetura de plantas ereta e grãos comercialmente aceitáveis. Assim, o objetivo deste trabalho foi a seleção de famílias endogâmicas de feijoeiro, visando a extração de linhagens superiores quanto à resistência a murcha-de-Fusarium, arquitetura de plantas, aspecto comercial de grãos e produtividade. As famílias avaliadas foram provenientes de duas populações selecionadas a partir de um conjunto de híbridos oriundos de um cruzamento dialélico. As populações oriundas dos cruzamentos CVIII 8511 x VC 25 (população 1) e Pérola x VC 25 (população 2) foram as que se mostraram promissoras quanto a produtividade de grãos e resistência à murcha-de-Fusarium. Noventa famílias oriundas da população 1 e 34 famílias oriundas da população 2 juntamente com 7 testemunhas (genitores e variedades comerciais) foram avaliadas por três gerações/safras ($F_{2:3}$, $F_{2:4}$ e $F_{2:5}$) em experimentos de campo. As características avaliadas foram dias da emergência ao florescimento (DEF), arquitetura de plantas (ARQ), produtividade de grãos (PROD), aspecto comercial de grãos (GRÃO), severidade de murcha-de-Fusarium (FUS), cretamento bacteriano (CREST) e mofo-branco (MOFO). Os dados obtidos foram analisados utilizando-se metodologia de modelos mistos. Observou-se significância para o efeito de famílias sobre a maioria dos caracteres, com exceção de DEF, ARQ ($F_{2:5}$) e PROD ($F_{2:5}$), o que indica variabilidade genética entre as famílias avaliadas. Por meio do índice de seleção FAI-BLUP ranqueou-se as 124 famílias com o intuito de selecionar as 20 melhores que sofrerão extração de linhagens. A partir das 20 famílias selecionadas foram estimados, para todos os caracteres significativos, ganhos de seleção direta (-5.73% a -27.36%) e simultânea pelo FAI-BLUP (-0.15% a -9.34%). As 124 famílias foram agrupadas pelo método de Tocher em 3 grupos de diversidade e um destes grupos foi dividido em 30 subgrupos pelo mesmo método. As 20 famílias selecionadas pelo índice foram alocadas em 11 subgrupos de dissimilaridade genética, o que mostra que o

índice considera, em parte, a diversidade genética na seleção. As 20 melhores e as 20 piores famílias também apresentaram diversidade genética pelo gráfico biplot. Assim, conclui-se que as populações oriundas dos cruzamentos CVIII 8511 x VC 25 e Pérola x VC 25 apresentam potencial para a extração de linhagens superiores considerando as características resistência a murcha-de-Fusarium, arquitetura de plantas, produtividade de grãos e aspecto comercial de grãos.

ABSTRACT

NUNES, Kharenn Vailant, M.Sc., Universidade Federal de Viçosa, December, 2017.
“Carioca” bean families selection aiming lineages extraction using mixed models.
Advisor: Pedro Crescêncio Souza Carneiro. Co-advisor: José Eustáquio de Souza Carneiro.

Common bean is susceptible to several diseases, among them Fusarium wilt. Fusarium wilt is a very common disease in the areas of bean planting and can lead to losses of up to 100%. In addition to resistance, bean breeding seeks for lineages that are productive, with erect plant architecture and commercially acceptable grains. Thus, the objective of this work was the identification of inbred families of common bean, aiming the extraction of superior inbred lines considering resistance to Fusarium wilt, plant architecture, grain commercial aspect and grain yield. The families evaluated were obtained from two populations selected from a set of hybrids originated from a diallel cross. The populations obtained from the crosses CVIII 8511 x VC 25 (population 1) and Pérola x VC 25 (population 2) were the ones that showed potential regarding grain yield and resistance to Fusarium wilt. Ninety population 1 inbred families and 34 population 2 inbred families along with 7 controls (breeders and commercial varieties) were evaluated in three field harvests / generations ($F_{2:3}$, $F_{2:4}$ and $F_{2:5}$). The evaluated characteristics were days of emergence to flowering (DEF), plant architecture (ARQ), grain yield (PROD), commercial aspect of grain (GRÃO), and severity of Fusarium wilt (FUS), bacterial blight (CREST) and white-mold (MOFO). The data obtained were analyzed using a mixed model methodology. Significance was observed for the effect of families on most of the characters except for DEF, ARQ ($F_{2:5}$) and PROD ($F_{2:5}$). This indicates genetic variability among the evaluated families. Using the FAI-BLUP selection index, the 124 families were ranked in order to select the 20 best that will undergo inbred line extraction. From the 20 families selected, considering all the significant characters, direct selection gains (-5.73% to -27.36%) and simultaneous FAI-BLUP gains (-0.15% to -9.34%) were estimated. The 124 families were grouped by the Tocher method into 3 diversity groups and one of these groups was divided into 30 subgroups by the same method. The 20 families selected by the index were allocated in 11 subgroups of genetic dissimilarity, which shows that the index considers the genetic diversity in the selection. The 20 best and the 20 worst families also presented genetic diversity by the biplot graph. Therefore, it is concluded that the populations obtained

from the crossings CVIII 8511 x VC 25 and Pérola x VC 25 shows potential for the extraction of superior inbred lines considering resistance to Fusarium wilt, plant architecture, grain commercial aspect and grain yield.

1 INTRODUÇÃO

O feijão-comum (*Phaseolus vulgaris* L.) é suscetível ao ataque de vários patógenos, o que afeta significativamente a sua produtividade de grãos (VIEIRA, 1983). A murcha-de-Fusarium é uma doença de solo e sua importância cresceu de forma considerável, devido principalmente à adoção de práticas de cultivo como compartilhamento de máquinas e implementos agrícolas pelos produtores sem a devida higienização, o que contribuiu para a disseminação do inóculo da doença em várias propriedades (SARTORATO & RAVA, 1994). Os danos causados por esta doença são drásticos, podendo comprometer até 80% da lavoura (ECHANDI, 1967). O uso da resistência genética, além de ser de mais fácil adesão pelos produtores, consiste na melhor alternativa de controle desta doença (CROSS et al., 2000), uma vez que o patógeno sobrevive por anos no solo (SARTORATO & RAVA, 1994) e o controle químico é economicamente inviável, além de oferecer riscos ambientais e humanos (BARBOSA & GONZAGA, 2012; GONÇALVES-VIDIGAL et al., 2013).

Além da resistência a doenças, a obtenção de plantas com boa arquitetura, alta produtividade de grãos e grãos de elevado valor comercial são alguns dos principais objetivos da maioria dos programas de melhoramento do feijoeiro. Plantas com menor sensibilidade ao acamamento e mais eretas são vantajosas uma vez que facilitam os tratos culturais e, principalmente, permitem a colheita mecanizada (MENEZES JÚNIOR et al., 2008) com menores perdas e maior qualidade dos grãos colhidos (COLLICCHIO et al., 1997).

Dentre os diferentes tipos de feijão-comum plantados no Brasil, o carioca é o de maior importância. Dos 2,15 milhões de toneladas colhidas na safra 2015/2016, 1,7 milhões são do tipo carioca, o que corresponde a cerca de 78% de toda a produção pátria (CONAB, 2017). Ressalta-se que as cultivares comerciais de grãos do tipo carioca ainda apresentam baixo desempenho quando considerados em conjunto os caracteres, aspecto comercial de grãos, resistência a doenças, em especial murcha-de-Fusarium, produtividade de grãos e arquitetura de plantas mais adequadas à colheita mecanizada. Em geral, no desenvolvimento de cultivares superiores que envolvam um conjunto de caracteres, os alelos favoráveis que controlam características de interesse encontram-se em diferentes genitores. Neste sentido, o início do programa de

melhoramento é marcado pela seleção dos potenciais genitores, os quais quando cruzados darão origem às populações segregantes, que constituem a base para o programa (BORÉM & MIRANDA 2013; BERTAN et al., 2007; PEREIRA et al., 2007).

Na etapa de escolha dos genitores se destacam os dialelos, pois fornecem informações sobre os efeitos gênicos envolvidos no controle dos caracteres em análise, bem como do valor genético e divergência dos genitores envolvidos nos cruzamentos. As estimativas desses parâmetros permitem ao melhorista escolher aqueles cruzamentos que irão produzir populações segregantes de maior potencial (CRUZ et al., 2014). Em autógamias, estas populações são conduzidas à homozigose, visando a extração de linhagens superiores (RAMALHO et al., 2001). Na etapa posterior à seleção das populações com maior potencial, é recomendada a avaliação das famílias endogâmicas oriundas destas populações em experimentos com repetições e em diferentes ambientes (safras, locais, anos e etc) (BORÉM & MIRANDA, 2013). Esta abordagem é necessária quando o foco é em caracteres quantitativos e que apresentam interação com ambientes, pois permite determinar as frações da variação quanto a causas genéticas e não genéticas (RAMALHO et al., 2001).

Na avaliação de famílias $F_{2:3}$ o número restrito de sementes F_2 pode forçar o melhorista a utilizar número de repetições e tamanho de parcela menores do que os normalmente utilizados nas gerações mais avançadas de endogamia, bem como número diferente de famílias por população. Neste sentido, as metodologias de modelos mistos se destacam, pois contemplam de modo mais adequado estes desbalanceamentos na estimação de parâmetros genéticos (RESENDE, 2014). Assim, o objetivo deste trabalho foi a avaliação e seleção de potenciais famílias endogâmicas de feijoeiro, visando a extração de linhagens tipo carioca superiores quanto à resistência a murcha-de-Fusarium, arquitetura de plantas, produtividade de grãos e aspecto comercial de grãos.

2 REVISÃO DE LITERATURA

2.1 A cultura do feijão

O feijão-comum (*Phaseolus vulgaris* L.) é uma planta de porte herbáceo, pertencente à família Fabaceae, e é a leguminosa de maior importância para a alimentação humana no mundo. Em alguns países subdesenvolvidos como os do sudeste da África e das Américas do Sul e central, o feijão é a principal fonte de proteínas para milhões de consumidores (BROUGHTON et al., 2003). De acordo com dados registrados pela FAO (2017), o Brasil figura entre os maiores produtores mundiais de feijão, além de ser o maior consumidor.

A produção de feijão no Brasil alcançou 2,15 milhões de toneladas na safra 2015/2016, sendo o Paraná o estado maior produtor, com 588,6 mil toneladas, seguido por Minas Gerais com produção de 519,5 mil toneladas (CONAB, 2017).

A produção brasileira de feijão pode ser dividida em classes comerciais de grãos de acordo com a variedade plantada/colhida. Dentre os diferentes tipos comercializados em todo o país, o feijão carioca é o mais consumido e corresponde à 78% da produção nacional da espécie (CONAB, 2017).

2.2 Principais doenças do feijoeiro

A produção instável e a baixa produtividade da cultura do feijão, cerca de 1500 kg por hectare, podem ser atribuídas a vários fatores que elevam o risco de implantação da cultura (CONAB, 2017). Entre estes fatores limitantes estão as doenças causadas por diversos patógenos incluindo vírus, bactérias, fungos e nematóides que podem provocar danos sobre a parte aérea das plantas, colonizar caules e raízes, assim como produzir podridões que afetam o sistema radicular e vascular da planta.

Dentre as mais de 45 doenças que são citadas na cultura do feijão, as mais comuns que têm como agente etiológico fungos, são: antracnose (*Colletotrichum lindemuthianum*), ferrugem (*Uromyces appendiculatus*), mancha-angular (*Pseudocercospora griseola*), mofo-branco (*Sclerotinia sclerotiorum*) e murcha-de-Fusarium (*Fusarium oxysporum* f.sp. *phaseoli*). Além das doenças causadas por fungos, existem também bacterioses e viroses importantes como o crestamento-bacteriano

(*Xanthomonas axonopodis*), o mosaico-dourado (geminivirus) e o mosaico-comum (potyvirus) (PEREIRA, 2007; PAULA JÚNIOR, VIEIRA e ZAMBOLIM, 2004).

2.3 A murcha-de-Fusarium

Dentre as principais doenças que acometem a cultura do feijão destaca-se a murcha-de-Fusarium (PASTOR-CORRALES & ABAWI, 1987; RAMALHO et al., 2012). Esta é uma doença de solo que ataca o sistema vascular do feijoeiro e é causada por *Fusarium oxysporum* f.sp. *phaseoli*. No país, a doença foi relatada pela primeira vez em feijão-comum na região de Laranjal Paulista, no estado de São Paulo, no ano de 1966 (KIMATI, 1980). Já no estado de Minas Gerais a doença foi observada inicialmente no ano de 1983, no município de Mercês, zona da mata e mais tarde foi identificada em outros municípios da região como Coimbra e Viçosa (ZAMBOLIM et al., 1987).

Os prejuízos causados pela doença variam em função de diversos fatores, como concentração de inóculo, drenagem do solo, temperatura e umidade relativa elevadas, estresse da planta e condições ambientais em geral. Perdas de produtividade de até 80% foram registradas na Costa Rica (ECHANDI, 1967) de 30% nos Estados Unidos (CRAMER et al., 2003), e no Brasil, há relatos de perdas de produtividade de até 100% (COSTA et al., 1993).

A disseminação do fungo pode ocorrer por meio da água de irrigação e drenagem, uso de sementes contaminadas, movimentação do solo e por meio de máquinas e implementos agrícolas contaminados e o compartilhamento destes entre produtores (SARTORATO & RAVA, 1994). O tratamento das sementes com defensivos é uma das recomendações para conter a transmissão do inóculo primário (CORRÊA et al., 2008). Entretanto, em campos já contaminados a situação é agravada uma vez que o controle químico é inviável. Isso se deve ao fato da aplicação de fungicidas na parte aérea das plantas não ser recomendada, uma vez que o patógeno habita o solo e o sistema vascular do hospedeiro (BARBOSA & GONZAGA, 2012). Além disso, ocorre a sobrevivência do fungo no solo por vários anos mesmo na ausência do hospedeiro, uma vez que o fungo produz estruturas de resistência, os clamidósporos. A eliminação de um fungo de solo já preestabelecido na área além de impraticável é antieconômica (SARTORATO & RAVA, 1994). Devido a estes fatores a

obtenção de cultivares resistentes é a principal alternativa de controle da doença (CROSS et al., 2000), uma vez que não oferecem riscos a vida humana e ambientais além de apresentarem fácil adesão pelos produtores (GONÇALVES-VIDIGAL et al., 2013).

2.4 Melhoramento visando resistência à murcha-de-Fusarium

Nos programas de melhoramento que visam o desenvolvimento de cultivares com genes de resistência a doenças, o início do programa é estabelecido pela seleção de genitores resistentes à moléstia em questão. Além da resistência a doenças, outros caracteres como arquitetura de plantas, produtividade e qualidade comercial dos grãos figuram entre os principais objetivos dos programas de melhoramento do feijoeiro. Assim, esta seleção deve ser realizada de forma metódica uma vez que o sucesso do programa em etapas posteriores se baseará na eficiência desta seleção (BERTAN et al., 2007; PEREIRA et al., 2007). Nesta etapa inicial, a análise dialélica se destaca uma vez que possibilita a estimação dos efeitos gênicos envolvidos no controle dos caracteres, bem como de suas capacidades de combinação, o que permite a escolha das populações segregantes com maior potencial para a extração de linhagens superiores (CRUZ et al., 2014).

Na fase posterior à escolha das populações segregantes de maior potencial, ocorre a condução dessas populações a homozigose. Para características controladas por vários genes, a avaliação fenotípica não é eficiente, desta forma, estrutura-se as avaliações por famílias, o que permite aferir o valor genotípico de uma planta com base no desempenho de seus descendentes. De forma geral, os experimentos que avaliam famílias de feijoeiro com origem em populações distintas são feitos pelo método de bulk dentro de famílias, uma vez que este método permite uma melhor amostragem das populações nas gerações iniciais (RAMALHO et al., 2012; BORÉM & MIRANDA, 2013; BERNARDO, 2002). Na sequência é feita a seleção das famílias endogâmicas que apresentarem melhor desempenho no decorrer das gerações, das quais serão extraídas linhagens que serão avaliadas nas fases finais do programa de melhoramento em ensaios de valor de cultivo e uso (VCU), e por fim recomendadas (BORÉM & MIRANDA, 2013).

Informações imprecisas a respeito da herança de um caráter podem induzir a condução de programas de melhoramentos de forma ineficiente, o que causará perda de tempo e recursos importantes. Em feijoeiro comum, a resistência à murcha-de-Fusarium pode ser considerada como vertical (monogênica), onde os fenótipos mais comuns são resistentes ou suscetíveis (ZAMBOLIM et al., 2014; FALL et al., 2001). Além disso, a resistência também foi relatada como raça-específica (BRICK et al., 2004; RIBEIRO e HAGEDORN, 1979). Entretanto, são encontrados diversos trabalhos em que a herança da resistência a murcha-de-Fusarium é considerada oligogênica e poligênica (RIBEIRO e HAGEDORN 1979; SALGADO et al., 1995; CÂNDIDA et al., 2009; CROSS et al., 2000). Resultados divergentes podem ter sido obtidos devido ao uso de isolados e cultivares diferentes (BATISTA, 2017).

Segundo os trabalhos de Woo et al. (1996) e de Nascimento et al. (1995) há a predominância da raça Fop 2 no Brasil. Por outro lado, Ito et al. (2002) identificaram três raças diferentes em isolados provenientes de diferentes regiões do Brasil. Segundo Porch (2010), são relatados dois genes de resistência a Fop, o gene Fop-1, que está presente nas cultivares Pintado, Tenderette e Early gallatin e confere resistência à raça 2, e o gene Fop-2, que está presente na cultivar Preto-Uberabinha e que confere resistência a raça 1.

Isolado coletado em plantas sintomáticas do cultivar Meia-Noite suscetível à murcha-de-Fusarium, no município de Coimbra, Minas Gerais, foi denominado de FOP UFV 01 por Pereira (2013). Segundo Batista (2016), a herança da resistência a murcha-de-Fusarium (isolado FOP UFV 01) é controlada por um dominante de efeito maior e poligenes. Além disso, essa característica tem alta herdabilidade o que permite a seleção fenotípica e indica que é possível obter ganhos consideráveis com a seleção.

Algumas linhagens de feijão carioca são relatadas como fontes de resistência à murcha-de-Fusarium como por exemplo, as cultivares Majestoso, Carioca MG, Esal 566, Esal 583 e Manteigão Fosco 11. No cultivo do feijoeiro é comum que por várias gerações os produtores salvem sementes para serem utilizadas nas safras posteriores, o que origina as cultivares “landraces”, sendo a Manteigão Fosco 11 uma destas. É provável que os produtores tenham selecionado genótipos resistentes ao utilizar apenas sementes de plantas saudáveis para posterior plantio (PEREIRA, 2007). As cultivares Talismã, Jalo MG 65, Pérola e Carnaval são citadas como tendo resistência moderada à

murcha-de-Fusarium (PAULA JUNIOR et al., 2004; RAMALHO et al., 2004). Entretanto, no trabalho de Pereira (2007) foi constatada reação intermediária à murcha-de-Fusarium na cultivar Pérola, mas resistência na cultivar Jalo MG 65 e Talismã. Esta última cultivar também apresentou como sintomas redução de crescimento da planta.

A redução do crescimento provocado pela doença não é levada em consideração pela escala de avaliação de doença proposta por Pastor-Corrales e Abawi (1987). Entretanto, segundo Batista (2016), a característica apresenta uso potencial na seleção de genótipos com resistência à murcha-de-Fusarium. Tal caráter é controlado por genes diferentes daqueles que controlam a resistência à doença, determinada pelas notas de severidade que é atribuída principalmente pelos sintomas de murcha (BATISTA et al., 2016).

2.5 Uso de modelos mistos

No melhoramento de espécies autógamas, o que se busca, principalmente, é a obtenção de linhagens que contenham o maior número possível de alelos favoráveis, que por sua vez, estão relacionados com valores genéticos aditivos mais elevados (RAMALHO et al., 2012). Quando se consideram características controladas por muitos genes, os valores fenotípicos contêm, além dos efeitos genéticos aditivos, efeitos genéticos de dominância e de epistasia e efeitos ambientais. Por esta razão, tais valores não correspondem às estimativas dos valores genéticos aditivos (VGA) (RESENDE, 2007). Desta forma, é necessária a utilização de metodologias em que os genótipos ranqueados como melhores sejam equivalentes aos que fornecem os maiores VGAs (WHITE e RODGE, 1989).

Alguns trabalhos aplicaram metodologias de modelos mistos visando o aperfeiçoamento da seleção em plantas autógamas. Bruzi (2008) sugeriu o uso de modelos mistos para a aquisição do BLUP de famílias de feijoeiro avaliadas em gerações seguidas e Nunes et al. (2008) propuseram o uso do BLUP quando se consideram informações de genealogia das famílias de feijoeiro conduzidas pelo método de bulk dentro de famílias. Resende (2015a) utilizou BLUP com informação de multigerções para a seleção das melhores famílias, de modo a minimizar os efeitos de safra e gerações. Ao trabalhar com populações segregantes de feijoeiro-comum, Paula (2016) concluiu que a utilização de modelos mistos no melhoramento do feijoeiro é

promissora. Batista (2017) avaliou famílias de feijoeiro via REML/BLUP bivariado. A utilização de BLUP com informações de famílias avaliadas em diferentes anos, safras e gerações permite a estimação de VG livre de efeitos de gerações e de interação GxA, possibilitando desta forma, a seleção de genótipos mais adequados às diferentes condições de cultivo.

2.6 Uso de índices de seleção

A chance de sucesso de um programa de melhoramento é maior quando se pratica a seleção para mais de uma característica de interesse de forma conjunta. Com esse intuito, são utilizados índices de seleção uma vez que consideram várias características simultaneamente. Vários índices foram propostos, os quais estabelecem uma nova variável que é constituído pela combinação linear ótima de um conjunto de características de interesse (CRUZ & CARNEIRO, 2003; BERNARDO, 2002).

A proposta inicial de se utilizar índices de seleção surgiu dos trabalhos de Smith (1936) e Hazel (1943). Tal índice, denominado clássico, combina linearmente os valores fenotípicos de interesse, de forma que a correlação entre o agregado genotípico e o índice seja maximizada. O agregado genotípico é dado pela combinação linear dos valores genotípicos ponderados pelos pesos econômicos (CRUZ et al., 2014). Entretanto, a dificuldade em se atribuir pesos econômicos dificulta a utilização deste índice (BRIM et al., 1959; WILLIAMS, 1962; LIN, 1978).

Kempthorne e Nordskog (1959) propuseram um índice de seleção no qual é desejado ganho máximo em um determinado grupo de caracteres e ganho nulo em outro grupo. Desta forma, a seleção baseada neste índice não afetaria os valores de caracteres que se deseja manter inalterados. Porém, considerando-se que na prática trabalha-se com um número pequeno de famílias, a covariância entre o índice e o valor genético dessas características nem sempre é nula, o que leva a ganhos pequenos (CRUZ et al., 2014). Tallis (1962) ampliou esta metodologia de modo que a covariância entre o índice e o valor genético de tais características tenha um valor determinado, de modo que seja possível a seleção de genótipos ótimos. Pesek e Baker (1969) apresentaram um índice, já abrangido pela proposta de Tallis (1962), no qual o melhorista especifica os ganhos desejados em cada característica (Cruz et al., 2014). O índice proposto por Tai (1977) possibilita a inclusão de caracteres secundários no índice de modo a auxiliar no

melhoramento das características de maior importância. Atualmente, a utilização destes índices tornou-se funcionalmente simples, uma vez que estão disponíveis aplicativos e recursos computacionais que são adequados à estimação destes (CRUZ et al., 2014).

Rocha et al. (2017) propuseram o índice FAI-BLUP (Factor analysis and ideotype-design) que tem a capacidade de contornar problemas como multicolinearidade e atribuição de pesos econômicos. Neste índice, é realizada a análise de fatores exploratória com o intuito de se extrair as cargas fatoriais da matriz de correlação genética. Posteriormente, são determinados os ideótipos baseando-se na combinação de fatores desejáveis e indesejáveis para o melhoramento genético. Depois da determinação dos ideótipos, estimam-se as distâncias genótipo-ideótipo, que são convertidas em probabilidade espacial, possibilitando, assim, o ranqueamento dos genótipos. Além de resolver o problema da multicolinearidade e da atribuição de pesos econômicos o índice considera a estrutura das correlações obtidas dos dados e direciona o melhorista na seleção de genótipos mais próximos ao ideótipo.

3 MATERIAL E MÉTODOS

3.1 Material genético

Para a realização desse trabalho foram avaliadas no campo 124 famílias provenientes de duas populações segregantes promissoras (VC 25 x CVIII 8511 e VC 25 x Pérola). Essas populações foram selecionadas com base no trabalho de Batista (2016) que avaliou um dialelo parcial 3x5, cujo objetivo foi o melhoramento visando resistência à *F. Oxysporum* em feijão do grupo comercial carioca. Da população 1 (VC 25 x CVIII 8511) foram derivadas 90 famílias, enquanto da população 2 (VC 25 x Pérola) 34 famílias.

3.2 Avaliação das famílias $F_{2:3}$, $F_{2:4}$ e $F_{2:5}$

Na avaliação dessas 124 famílias foram incluídas sete testemunhas, sendo os três genitores das populações 1 e 2 (Pérola, CVIII 8511 e VC 25) e as cultivares Manteigão Fosco 11, Meia-Noite, Majestoso e Talismã. Manteigão Fosco 11 é resistente à murcha-de-Fusarium e Meia-noite é suscetível. Majestoso e Talismã são cultivares comerciais de grãos tipo carioca. Os tratamentos foram avaliados em experimentos conduzidos na Estação Experimental de Coimbra, que se localiza no município de Coimbra (20° 45' S; 42° 51' O) em Minas Gerais. A precipitação pluviométrica na região é de 1.300 a 1.400 mm, e se concentra entre outubro e março. O solo da área experimental é um Argissolo Vermelho-Amarelo fase terraço (MAIA, 2004). Além disso, a área que os experimentos foram plantados tem histórico frequente de ocorrência de murcha-de-Fusarium, crestamento bacteriano e mofo-branco. Foi utilizado o delineamento em blocos casualizados com duas repetições e parcelas constituídas de uma linha de um metro (m) de comprimento no primeiro experimento ($F_{2:3}$) e três repetições e parcelas constituídas de duas linhas de dois metros de comprimento no segundo e terceiro experimentos ($F_{2:4}$ e $F_{2:5}$). No primeiro experimento o tamanho da parcela e o número de repetições, apenas duas no caso, foram estabelecidos em função da restrição do número de sementes disponíveis. A densidade de plantio foi de 12 sementes por metro e espaçamento de 0,50 m entre linhas. O manejo e os tratos culturais foram realizados de acordo com as recomendações técnicas para a cultura do feijoeiro na região.

Foram avaliados os seguintes caracteres: arquitetura de planta (ARQ), dias entre a emergência e o florescimento (DEF), severidade de murcha-de-Fusarium (FUS), crestamento bacteriano (CREST), mofo-branco (MOFO), produtividade de grãos (PROD) e aspecto comercial de grãos (GRÃO). Detalhes a respeito das escalas utilizadas são apresentados nas tabelas 1, 2 e 3.

Tabela 1 - Escala de avaliação da arquitetura de planta por notas

Nota	Características*
1	Planta do tipo II: ereta, com uma haste e com inserção alta das primeiras vagens
2	Planta do tipo II: ereta e com algumas ramificações
3	Planta do tipo II ou III: ereta, com muitas ramificações e tendência a prostrar-se
4	Planta do tipo III: semi-ereta e medianamente prostrada
5	Planta do tipo III: com entrenós longos e muito prostrada

Fonte: COLLICHIO, 1995.

*São desejáveis famílias com notas iguais ou inferiores a 3 (BARILI, 2015).

Tabela 2 - Escala de avaliação de aspecto comercial de grãos

Nota	Características*
1	Grão típico carioca: cor creme com estrias marrom-claras, fundo claro, halo creme, peso médio de 100 sementes de 22 a 24 g e não achatado
2	Grão tipo carioca com deficiência em uma das características mencionadas no padrão
3	Grão tipo carioca com deficiência em duas características mencionadas no padrão
4	Grão tipo carioca com deficiência em três características mencionadas no padrão
5	Grão de cor creme com estrias marrom-escuras, fundo escuro, com halo não creme, peso médio de 100 sementes menor que 22g e achatado

Fonte: RAMALHO et al., 1998.

*Famílias com notas iguais ou menor a 2,1 são consideradas de excelente aspecto comercial de grãos (BARILI, 2015)

Tabela 3 - Escala de avaliação de severidade-de-doenças

Nota	Características*
1	Nenhum sintoma visível
3	1 a 10% de folhas sintomáticas
5	11 a 25% de folhas sintomáticas
7	26 a 50% de folhas sintomáticas
9	Planta morta ou severamente infectada

Fonte: PASTOR-CORRALES e ABAWI, 1987.

*São consideradas resistentes famílias com notas de 1 a 3, intermediárias de 3,1 a 6, e de 6,1 a 9 suscetíveis.

3.3 Análises estatísticas

Os dados de arquitetura de plantas, severidade de doenças (mofo-branco, crestamento-bacteriano e murcha-de-Fusarium), aspecto comercial de grãos e produtividade de grãos relativos às 124 famílias e as sete testemunhas avaliadas nos experimentos realizados na seca de 2016 (geração F_{2:3}), inverno de 2016 (geração F_{2:4}) e seca de 2017 (geração F_{2:5}) foram analisados por meio da metodologia de modelos mistos.

3.3.1 Modelos para as análises individuais

Foram testados dois modelos estatísticos para as análises individuais a fim de quantificar a variabilidade genética das famílias. O modelo 1 apresenta a estimativa de um único componente de variância (além de resíduo) para o efeito de famílias, enquanto que no modelo 2 o efeito de famílias foi fracionado em dois componentes de variância dentro das respectivas populações (populações 1 e 2).

$$y = X_m + Z_g + \varepsilon \text{ (modelo 1)}$$

$$y = X_m + Z_1g_1 + Z_2g_2 + \varepsilon \text{ (modelo 2)}$$

Em que, y : é o vetor da variável resposta; m : vetor composto pelos efeitos fixos de testemunhas e de blocos, além da média geral; g : é o vetor de efeitos genéticos de famílias (aleatório); g_1 : é o vetor de efeitos genéticos de famílias no nível da população

1 (aleatório); g_2 : é o vetor de efeitos genéticos de famílias no nível da população 2 (aleatório); ε : é o vetor de resíduos (aleatório). X , Z , Z_1 e Z_2 são as matrizes de incidência para m , g , g_1 e g_2 , respectivamente.

3.3.2 Modelo para a análise conjunta

Para a análise conjunta foi utilizado o seguinte modelo:

$$y = Xm + Zg + Wb + \varepsilon \text{ (modelo 3)}$$

Em que, y : é o vetor da variável resposta; m : vetor composto pelos efeitos fixos de testemunhas, gerações e blocos, além da média geral; g : é o vetor de efeitos genéticos de famílias (aleatório); b : é o vetor de efeitos da interação famílias x ambientes (aleatório); ε : é o vetor de resíduos (aleatório). X é a matriz de incidência para m ; Z é a matriz de incidência para g ; W é a matriz de incidência para b .

3.3.3 Escolha do modelo para as análises individuais

Foi utilizado o critério de informação de Akaike (1973) - AIC - para a escolha do modelo, em que menor valor de AIC indica o modelo mais adequado.

$$AIC = -2\log L + 2p$$

Onde: $\log L$ é o logaritmo da razão de verossimilhança para o modelo testado e p é o número de parâmetros do modelo sob teste ($p = 2$, para o modelo 1 e $p = 3$, para o modelo 2).

3.3.4 Testes estatísticos para os efeitos aleatórios e fixos dos modelos

Os efeitos aleatórios de todos os modelos apresentados (modelos 1, 2 e 3) foram testados por meio do teste de razão de verossimilhança (LRT), via qui-quadrado com

um grau de liberdade, e as significâncias dos efeitos fixos foram determinadas por meio do teste de Wald (GILMOUR et al., 2015).

$$LRT = -2\log L[ModR] + 2\log L[ModC]$$

em que: $\log L[ModR]$ é o logaritmo da razão de verossimilhança para o modelo reduzido (sem o efeito a ser testado); $\log L[ModC]$ é o logaritmo da razão de verossimilhança para o modelo completo (com todos os efeitos incluídos). Posteriormente, o efeito fixo de testemunhas (genitores e testemunhas comerciais) foi comparado pelo teste de Dunnett

3.3.5 Correlação genotípica e acurácia (r_{ggi})

Após a escolha do modelo mais adequado e teste de significância para os efeitos aleatórios, estimou-se as correlações genotípicas, a partir das médias BLUPs (valores genotípicos), e as acurácias conforme o seguinte estimador:

$$r_{ggi} = \sqrt{1 - \frac{PEV}{\hat{\sigma}_{gi}^2}}$$

PEV = Variância do erro de predição, $\hat{\sigma}_{gi}^2$ = componente de variância genotípico de famílias dentro da população i .

3.3.6 Seleção de famílias

3.3.6.1 Índice de seleção FAI-BLUP

A seleção das melhores famílias foi feita pelo índice de seleção FAI-BLUP (*factor analysis and genotype-ideotype distance*). Este método, proposto por Rocha et al. (2017), une as já conhecidas técnicas de análise de fatores (*exploratory factor analysis*) com a proposição de ideótipos (*confirmatory factor analysis*), de modo a explorar a covariância entre as características. Além disso, o índice utiliza os valores

capitalizados para o efeito de famílias, considerando as múltiplas características avaliadas.

Neste índice de seleção os ideótipos são designados com base nos fatores desejáveis e indesejáveis para o programa de melhoramento. O seguinte algoritmo indica o número de ideótipos:

$$NI = 2^n$$

Onde,

NI = número de ideótipos;

n = número de fatores.

Depois do estabelecimento dos ideótipos, as distâncias entre os genótipos avaliados e os ideótipos é calculada e transformada em uma probabilidade espacial, que possibilita o ranqueamento dos genótipos. O algoritmo utilizado para o cálculo desta probabilidade é:

$$P_{ij} = \frac{\frac{1}{d_{ij}}}{\sum_{i=1; j=1}^{i=n; j=m} \frac{1}{d_{ij}}}$$

No qual,

P_{ij} = Probabilidade do i -ésimo genótipo ($i = 1, 2, \dots, n$) ser similar ao j -ésimo ideótipo ($j = 1, 2, \dots, m$);

d_{ij} = Distância genótipo-ideótipo entre o i -ésimo genótipo e o j -ésimo ideótipo – baseada na distância euclidiana média padronizada. Na tabela 4 é apresentado o ideótipo desejável utilizado no índice FAI-BLUP.

Tabela 4. Ideótipo de feijão carioca para a seleção multi-característica utilizando o índice FAI-BLUP

Geração	Característica						
	DEF	GRÃO	PROD	CREST	ARQ	FUS	MOFO
F _{2:3}	min ^a	-	max ^b	-	min	min	-
F _{2:4}	min	min	max	min	-	min	-
F _{2:5}	min	min	max	-	min	-	min

^a min = menor valor genotípico dentre todos os valores genotípicos;

^b max = maior valor genotípico dentre todos os valores genotípicos;

DEF = Dias da emergência ao florescimento; FUS = Severidade de murcha-de-Fusarium (1-9); CREST = Severidade de crestamento bacteriano (1-9); MOFO = Severidade de mofo branco (1-9); ARQ = Arquitetura de plantas (1-5); GRÃO = Aspecto comercial de grãos (1-5) e PROD = Produtividade de grãos (kg ha⁻¹).

3.3.6.2 Ganho predito

Com base nas famílias selecionadas pelo índice FAI-BLUP foram preditos os ganhos em porcentagem (GS%) para cada característica, conforme a seguinte equação:

$$GS(\%) = \bar{X}_m - \bar{X}_0$$

Em que: $\bar{X}_m$ é a média aritmética da característica das famílias selecionadas; $\bar{X}_0$ é a média aritmética da característica para todas as famílias. Também foram preditos os ganhos diretos para cada característica, conforme a mesma equação acima.

3.3.7 Diversidade entre famílias

Na quantificação da diversidade genética entre as famílias foi utilizado o método de agrupamento de Tocher (RAO, 1952) baseado na matriz de dissimilaridade genotípica, obtida por meio da distância euclidiana média padronizada a partir das médias BLUPs. A importância relativa dos caracteres para a discriminação das famílias foi baseada no método proposto por Singh (1981) e no método dos componentes principais (CRUZ et al., 2013).

Para a visualização da diversidade genética entre as famílias foi construído gráfico biplot (GABRIEL, 1971) para todas as gerações e características simultaneamente.

3.3.8 Softwares utilizados

Para as análises individuais e conjunta, bem como para o teste LRT e teste de Wald utilizou-se o programa ASReml (GILMOUR et al., 2015). Para o índice de seleção FAI-BLUP, correlações genotípicas e gráfico biplot utilizou-se o programa R (R CORE TEAM, 2015), já para o teste de Dunnett e determinação do coeficiente de variação foi utilizado o programa Genes (CRUZ et al., 2013).

4 RESULTADOS E DISCUSSÃO

4.1 Análises de deviance

Na tabela 5 são apresentadas as estimativas de AIC (critério de informação de Akaike), de acurácia e de LRT (teste de razão de verossimilhança) para as análises de deviance individuais. Com base no critério de informação de Akaike, o modelo 2, em que o efeito de famílias foi particionado dentro de populações, foi mais adequado, pois apresentou menores valores de AIC para todas as características e gerações (Tabela 5). Este critério se baseia em eficiência, isto é o melhor modelo é aquele que minimiza a variância do erro (CASELLA e BERGHER, 2002).

Pelas análises de deviance individuais por geração (Tabela 5) observou-se significância (LRT – modelo 2) para o efeito de famílias sobre a maioria dos caracteres, com exceção de DEF ($F_{2:3}$, $F_{2:4}$ e $F_{2:5}$), ARQ ($F_{2:5}$) e PROD ($F_{2:5}$) nas populações 1 e 2 e FUS ($F_{2:3}$), PROD ($F_{2:3}$) e GRÃO ($F_{2:5}$) apenas na população 2. Essas significâncias indicam variabilidade genética entre as famílias avaliadas com destaque para as famílias da população 1 (VC 25 x CVIII 8511).

As estimativas de acurácias para os BLUP's de famílias (valor genotípico) variaram em função da população, geração e características avaliadas nas famílias (Tabela 5). Os caracteres FUS ($F_{2:3}$), PROD ($F_{2:3}$), DEF ($F_{2:4}$ e $F_{2:5}$), GRÃO ($F_{2:4}$ e $F_{2:5}$), CREST ($F_{2:4}$) e ARQ ($F_{2:5}$) apresentaram maiores valores de acurácia para a população 1 (VC 25 x CVIII 8511) enquanto os caracteres DEF ($F_{2:3}$), ARQ ($F_{2:3}$), FUS ($F_{2:4}$), PROD ($F_{2:4}$ e $F_{2:5}$) e MOFO ($F_{2:5}$) maiores valores para a população 2 (VC 25 x Pérola). Já os menores valores de acurácia foram observados para os caracteres DEF ($F_{2:3}$) e

ARQ ($F_{2:5}$) nas populações 1 e 2, respectivamente. Para as características que apresentaram baixas estimativas de acurácia também foram estimados os coeficientes de variação experimental (CV%). Para DEF ($F_{2:3}$) o CV% foi de 3,81 e para ARQ ($F_{2:5}$) de 13,55%, cujos valores são considerados de magnitude baixa e moderada, respectivamente, (GOMES, 1985). A acurácia seletiva é um parâmetro importante na determinação da qualidade experimental, visto que não é função somente do número de repetições e da variação residual, mas também das variações de origem genética atribuídas à característica avaliada (RESENDE & DUARTE, 2007). Desta forma, os baixos valores de acurácia seletiva obtidos podem ser explicados pelos baixos valores de variabilidade genética exibidos pelas variáveis em questão. Cabe ressaltar que os caracteres DEF e ARQ também foram os que apresentaram menor variabilidade genética (Tabela 5).

Tabela 5 - Partição do efeito de famílias para as diferentes populações em cada geração, teste de razão de verossimilhança (LRT) e acurácia para as os caracteres dias da emergência ao florescimento (DEF), arquitetura de plantas (ARQ), severidade de murcha-de-Fusarium (FUS), aspecto comercial de grãos (GRÃO), produtividade de grãos (PROD), severidade de mofo-branco (MOFO), severidade de crestamento-bacteriano (CREST), avaliados em três gerações.

Caracteres	Parâmetros	Geração F _{2:3}			Geração F _{2:4}			Geração F _{2:5}		
		^a Modelo 1	^b Modelo 2		Modelo 1	Modelo 2		Modelo 1	Modelo 2	
		Pop1 +	Pop1 ⁺	Pop2 ⁺	Pop1 +	Pop1 ⁺	Pop2 ⁺	Pop1 +	Pop1 ⁺	Pop2 ⁺
DEF	AIC	418,9456	407,8021		533,7648	509,5448		2295,002	512,8436	
	LRT	0,0000 ^{ns}	0,0000 ^{ns}	0,8272	0,0000 ^{ns}	0,0466	0,0000 ^{ns}	0,0008 ^{ns}	0,8538	0,0000 ^{ns}
	Acurácia	0,117	0,0004	0,4539	0,172	0,1898	0,0014	0,19	0,38	0,0011
ARQ	AIC	-123,86928	-128,1474					-283,3056	-275,0347	
	LRT	4,6193*	3,9632*	4,3352*		-	-	0,4552 ^{ns}	0,7262	0,0000 ^{ns}
	Acurácia	0,561	0,5651	0,646		-	-	0,318	0,367	0,0007
FUS	AIC	521,3142	503,3407		568,7428	553,2682				
	LRT	7,0476**	7,7538**	1,6218	49,4738**	30,6076	29,1492*		-	-
	Acurácia	0,611	0,6451	0,5352	0,801	0,7715	0,840767		-	-
PROD	AIC	3681,624	3569,375		5052,468	4835,021		5286,826	5090,067	
	LRT	14,3200**	21,3938	0,1744	31,2860**	18,6894	13,8068*	4,6260*	3,3482	1,6714 ^{ns}
	Acurácia	0,698	0,7591	0,3255	0,749	0,7198	0,7973	0,526	0,5198	0,5295
GRÃO	AIC	-	-	-	344,7442	-321,474		-633,43	-612,0438	
	LRT	-	-	-	21,9128**	18,8944	4,5482*	14,7844**	18,5438	0,0006 ^{ns}
	Acurácia	-	-	-	0,707	0,7164	0,6396	0,659	0,7031	0,0809
CREST	AIC	-	-	-	530,6582	511,1433				
	LRT	-	-	-	83,2182**	76,0486	24,9344*		-	-
	Acurácia	-	-	-	0,857	0,8673	0,822914		-	-
MOFO	AIC	-	-	-	-	-	-	412,8476	389,2977	
	LRT	-	-	-	-	-	-	19,635**	17,1588	8,2938**
	Acurácia	-	-	-	-	-	-	0,693	0,6969	0,70077

Também foram observados, pelo teste de Wald (Tabela 6), efeitos significativos de genitores e testemunhas comerciais (considerados de efeitos fixos) sobre as características DEF ($F_{2:3}$, $F_{2:4}$ e $F_{2:5}$), FUS ($F_{2:4}$), GRÃO ($F_{2:4}$ e $F_{2:5}$) e MOFO ($F_{2:5}$) e não significativos sobre os caracteres ARQ ($F_{2:3}$ e $F_{2:5}$) e PROD ($F_{2:3}$, $F_{2:4}$ e $F_{2:5}$), FUS ($F_{2:3}$) e CREST ($F_{2:4}$). Quanto à característica FUS, destaca-se os genitores VC 25 e Pérola na safra de inverno de 2016 (Tabela 6), com notas mais baixas. O genitor CVIII 8511 apresentou produtividade equivalente à das testemunhas comerciais, mesmo apresentando elevadas notas de FUS nas duas safras avaliadas. Batista et al. (2016) relatam que este genitor, quando inoculado com FOP UFV 01 em condições de casa de vegetação, apresentou resistência à murcha-de-Fusarium, baixa porcentagem de redução da altura e de massa fresca de parte aérea.

A cultivar Meia-noite, que foi escolhida como testemunha por ser suscetível ao isolado FOP UFV 01, comportou-se como esperado na geração $F_{2:3}$, entretanto, na geração $F_{2:4}$ esta cultivar obteve nota baixa para severidade de murcha-de-Fusarium. A testemunha Manteigão fosco 11 (padrão de resistência à murcha-de-Fusarium) apresentou baixas notas de FUS nas safras de seca e inverno de 2016. Pereira (2013) relatou que esta linhagem também apresentou, em condições controladas, baixas notas de severidade de murcha-de-Fusarium, quando inoculada com FOP UFV 01, além de redução do crescimento. Estes resultados indicam que possa ocorrer predomínio de diferentes isolados atuando nas diferentes safras.

Os genitores VC 25, Pérola e CVII 8511 apresentam diversidade para os caracteres de interesse no melhoramento do feijoeiro. Em um programa de melhoramento, variabilidade dos caracteres de interesse entre os genitores cruzados é fundamental para a obtenção de famílias com potencial visando a extração de linhagens superiores. É importante citar que as condições que favorecem o desenvolvimento da doença são solos ácidos e arenosos e temperaturas de 24 a 28 graus Celsius, que são mais frequentemente encontradas na safra da seca.

Tabela 6 - Teste de Wald e de Dunnett para as testemunhas (genitores e testemunhas comerciais) com base nos caracteres dias da emergência ao florescimento (DEF), arquitetura de plantas (ARQ), produtividade de grãos (PROD), severidade de murcha-de-Fusarium (FUS) aspecto comercial de grãos (GRÃO), severidade de cretamento-bacteriano (CREST) e severidade de mofo-branco (MOFO) nas três safras avaliadas (F_{2:3}, F_{2:4} e F_{2:5})

Testemunhas (T)	DEF			ARQ		PROD			FUS		GRÃO		CREST	MOFO
	F _{2:3}	F _{2:4}	F _{2:5}	F _{2:3}	F _{2:5}	F _{2:3}	F _{2:4}	F _{2:5}	F _{2:3}	F _{2:4}	F _{2:4}	F _{2:5}	F _{2:4}	F _{2:5}
	Seca 16	Inv. 16	Seca 17	Seca 16	Seca 17	Seca 16	Inv. 16	Seca 17	Seca 16	Inv. 16	Inv. 16	Seca 17	Inv.16	Seca 17
VC 25 ^G	35,26 ^{bcd}	31,61 ^a	38,26 ^{a c}	2,27 ^{acd}	2,85 ^{abcd}	3227,48 ^{abcd}	2719,55 ^{bc}	1838,9 ^{abcd}	5,28 ^{abc}	2,68 ^{a d}	1,57 ^{bc}	2,20 ^{bc}	4,35 ^{cd}	6,72 ^{bc}
Pérola	37,26 ^{abcd}	31,61 ^a	36,93 ^{abc}	2,52 ^{abcd}	3,01 ^{abcd}	2770,34 ^{abcd}	2392,22 ^{abcd}	2479,9 ^{abcd}	5,78 ^{abc}	3,01 ^{a cd}	1,90 ^{bc}	2,37 ^{bc}	3,35 ^{abcd}	5,06 ^{abcd}
CVIII 8511	35,26 ^{bcd}	29,94 ^{abcd}	36,59 ^{abc}	2,52 ^{abcd}	2,85 ^{abcd}	3041,77 ^{abcd}	1989,22 ^{abcd}	2513,23 ^{abcd}	5,28 ^{abc}	6,68 ^{bc}	2,07 ^{bc}	2,54 ^{bc}	3,35 ^{abcd}	5,06 ^{abcd}
Meia-Noite ^{TC}	39,26 ^a	31,61 ^a	36,93 ^a	1,77 ^a	2,85 ^a	2741,77 ^a	1922,55 ^a	1787,23 ^a	5,28 ^a	2,68 ^a	4,97 ^a	5,04 ^a	2,35 ^a	4,72 ^a
Talismã	36,26 ^b	28,94 ^b	34,93 ^b	3,27 ^b	2,85 ^b	2127,48 ^b	2104,55 ^b	2224,23 ^b	6,28 ^b	6,68 ^b	1,74 ^b	2,37 ^b	2,35 ^b	5,39 ^b
Majestoso	35,26 ^c	29,28 ^c	36,93 ^c	3,02 ^c	3,35 ^c	3341,77 ^c	2059,22 ^c	2172,56 ^c	4,78 ^c	5,01 ^c	1,90 ^c	2,54 ^c	3,02 ^c	5,39 ^c
Manteigão fosco 11	36,26 ^d	28,28 ^d	28,93 ^d	2,52 ^d	3,51 ^d	4356,05 ^d	1819,88 ^d	2668,9 ^d	1,28 ^d	2,34 ^d	4,90 ^d	5,04 ^d	3,02 ^d	3,39 ^d
Média de TC	36,40	30,18	35,64	2,56	3,04	3086,67	2143,88	2240,71	4,85	4,15	2,72	3,16	3,11	5,10
Média Genitores	35,93	31,05	37,26	2,44	2,90	3013,20	2367,00	2277,34	5,45	4,12	1,85	2,37	3,68	5,61
Teste de Wald	176798*	248443**	334898**	6104 ^{ns}	18147 ^{ns}	2339 ^{ns}	5899 ^{ns}	4095 ^{ns}	1517 ^{ns}	1367**	6064**	24443**	1715 ^{ns}	8299**

^G genitores das populações 1 e 2;

^{TC} Testemunhas comerciais;

⁺ Médias seguidas pela mesma letra (a,b,c, ou d) na coluna não diferem das médias das testemunhas comerciais (TC), pelo teste de Dunnett a 5%;

^{ns}, ** e * Estatística de Wald não significativa e significativa a 1 e 5%, respectivamente, pelo teste de qui quadrado.

Pelas análises conjuntas de deviance (Tabela 7) observou-se efeito significativo da interação famílias x ambientes para os caracteres PROD e FUS e não significativos para ARQ e GRÃO. De modo geral, produtividade de grãos tem apresentado efeito significativo de interação com ambiente, já aspecto de grãos e arquitetura de plantas apresentam efeitos não significativos na cultura do feijoeiro (LIMA et al., 2013; SANTOS et al., 2013; BATISTA et al., 2017). Interação genótipos x ambientes consome a variabilidade com base nos desempenhos médios dos genótipos em diferentes ambientes, indicando que nesta situação a seleção das famílias deve considerar os valores genéticos obtidos em cada condição ambiental (BLUPs individuais), no caso geração/safra.

Tabela 7 - Resumo das análises conjuntas de deviance e teste de razão de verossimilhança (LRT) para produtividade de grãos - PROD (gerações F_{2:3}, F_{2:4} e F_{2:5}), arquitetura de plantas - ARQ (gerações F_{2:3} e F_{2:5}), FUS – severidade de murcha-de-Fusarium (gerações F_{2:3}, F_{2:4} e F_{2:5}), e aspecto comercial de grãos – GRÃO (gerações F_{2:4} e F_{2:5})

Efeito	PROD		ARQ		FUS		GRÃO	
	Deviance	LRT	Deviance	LRT	Deviance	LRT	Deviance	LRT
Famílias	14381,75	1,11 ^{ns}	-417,07	0,11 ^{ns}	1118,69	4,08*	-918,73	27,62**
Interação	14406,51	25,87**	-415,17	2,01 ^{ns}	1134,68	20,07**	-946,29	0,05 ^{ns}
Modelo compl.	14380,64	-	-417,18	-	1114,61	-	-946,55	-

^{ns}: Não significativo;

*: Significativo para o teste de qui-quadrado a 5% (3,84);

** : Significativo para o teste de qui-quadrado a 1% (6,63).

De modo geral, as estimativas de correlação genotípica entre os BLUPs de famílias foram de baixa magnitude (Tabela 8), com valores significativos, a 1% pelo teste de Mantel, apenas para quatro pares de caracteres. Os pares de características GRÃO (F_{2:4}) com GRÃO (F_{2:5}) e ARQ (F_{2:3}) com FUS (F_{2:3}) foram positivamente correlacionados com valores de 0,57 e 0,23, respectivamente. Já os pares de caracteres PROD (F_{2:4}) com GRÃO (F_{2:4}) e PROD (F_{2:4}) com FUS (F_{2:4}) foram negativamente correlacionados com valores de -0,35 e -0,29, respectivamente. Baixos valores de correlação entre o desempenho das famílias para a mesma característica avaliada em diferentes ambientes corroboram os efeitos significativos de interação genótipos x ambientes (Tabela 7).

Tabela 8 - Correlações genotípicas entre as variáveis arquitetura de plantas (ARQ), severidade de murcha-de-Fusarium (FUS), produtividade de grãos (PROD), e aspecto comercial de grãos (GRÃO), severidade de cretamento-bacteriano (CREST) e severidade de mofo-branco (MOFO) para as três safras avaliadas (F_{2:3}, F_{2:4} e F_{2:5})

	ARQ ¹	FUS ¹	PROD ¹	FUS ²	GRÃO ²	PROD ²	CREST ²	GRÃO ³	MOFO ³
ARQ ¹	1	0,23 ⁺⁺	-0,13	0,13	-0,00	-0,00	-0,04	-0,08	0,00
FUS ¹	0,23 ⁺⁺	1	-0,04	0,19 ⁺	0,11	0,08	-0,15	0,05	0,04
PROD ¹	-0,13	-0,04	1	0,04	0,06	0,03	0,16 ⁺	0,12	0,02
FUS ²	0,13	0,19 ⁺	0,04	1	0,13	-0,29 ⁺⁺	-0,14	0,09	0,21 ⁺
GRÃO ²	-0,00	0,11	0,06	0,13	1	-0,35 ⁺⁺	0,13	0,57 ⁺⁺	0,02
PROD ²	-0,00	0,08	0,03	-0,29 ⁺⁺	-0,35 ⁺⁺	1	0,08	-0,13	-0,07
CREST ²	-0,04	-0,15	0,16 ⁺	-0,14	0,13	0,08	1	0,18 ⁺	0,02
GRÃO ³	-0,08	0,05	0,12	0,09	0,57 ⁺⁺	-0,13	0,18 ⁺	1	0,18 ⁺
MOFO ³	0,00	0,04	0,02	0,21 ⁺	0,02	-0,07	0,02	0,18 ⁺	1

¹: F_{2:3}, ²: F_{2:4} e ³: F_{2:5};

⁺⁺ e ⁺: significativo a 1 e 5%, respectivamente, pelo teste de Mantel, com 5000 simulações.

4.2 Seleção de famílias por meio do índice FAI-BLUP

Pelo índice FAI-BLUP foram selecionadas 20 famílias endogâmicas de maior potencial visando a extração de linhagens superiores. Das 20 famílias, 16 (80%) foram obtidas da população oriunda do cruzamento entre os genitores VC 25 e CVIII 8511 e quatro (20%) oriundas do cruzamento Pérola x VC 25 (Tabela 9). Estes resultados indicam maior potencial da população 1 (VC 25 x CVIII 8511) para extração de linhagens superiores. Cabe ressaltar que desta população foram obtidas 90 famílias enquanto que da população 2 (Pérola x VC 25) 34 famílias e que houve maior variabilidade entre as famílias da população 1 quando comparadas às da população 2 (Tabela 5).

Tabela 9 - Estimativas de médias BLUP individuais para cada uma das 20 melhores (selecionadas) e 20 piores famílias endogâmicas determinadas pelo índice FAI-BLUP para os caracteres arquitetura de plantas (ARQ), severidade de murcha-de-Fusarium (FUS), produtividade de grãos (PROD), severidade de crestamento bacteriano (CREST), aspecto comercial de grãos (GRÃO) e severidade de mofo-branco (MOFO) para as três gerações avaliadas ($F_{2:3}$, $F_{2:4}$ e $F_{2:5}$)

Famílias [†]	Genealogia	ARQ	FUS		PROD		GRÃO		CREST	MOFO
		F _{2:3}	F _{2:3}	F _{2:4}	F _{2:3}	F _{2:4}	F _{2:4}	F _{2:5}	F _{2:4}	F _{2:5}
101	VC 25 x Pérola	2,2	3,9	2,74	3117	2355	1,59	2,44	2,52	5,54
34	VC 25 x CVIII	2,35	4,13	3,68	3040	2335	1,61	2,32	3,66	5,87
84	VC 25 x CVIII	2,35	4,76	2,88	2900	2308	1,78	2,32	3,66	6,37
57	VC 25 x CVIII	2,27	3,71	3,48	3703	2220	1,7	2,49	3,66	6,2
5	VC 25 x CVIII	2,43	4,34	3,28	2842	2649	1,61	2,49	4,42	6,2
45	VC 25 x CVIII	2,51	4,55	3,48	2908	2346	1,7	2,32	3,16	5,7
94	VC 25 x Pérola	2,41	4,34	3,68	3158	2304	1,65	2,44	2,75	6,2
69	VC 25 x CVIII	2,35	4,34	3,08	4084	2580	1,78	2,4	4,67	5,87
91	VC 25 x Pérola	2,41	4,63	2,74	3046	2283	1,79	2,44	2,52	6,2
3	VC 25 x CVIII	2,43	3,92	3,08	2394	2204	1,87	2,32	3,41	5,87
7	VC 25 x CVIII	2,51	4,34	3,08	2494	2257	1,78	2,32	3,41	5,87
29	VC 25 x CVIII	2,51	3,92	3,08	3314	2443	1,78	2,4	6,19	6,2
109	VC 25 x Pérola	2,41	4,48	2,74	3034	2483	1,86	2,44	4,11	5,54
4	VC 25 x CVIII	2,59	4,13	3,48	3463	2070	1,78	2,32	2,9	5,7
30	VC 25 x CVIII	2,59	4,76	3,28	3057	2433	1,61	2,32	2,65	6,2
90	VC 25 x CVIII	2,43	3,71	3,48	3297	2052	1,78	2,44	2,65	6,01
39	VC 25 x CVIII	2,59	4,76	4,08	3546	2204	1,61	2,32	5,43	5,87
23	VC 25 x CVIII	2,51	4,76	3,88	3960	2462	1,61	2,32	4,17	6,2
53	VC 25 x CVIII	2,43	4,55	3,48	3372	2230	1,78	2,4	4,93	6,2
47	VC 25 x CVIII	2,51	4,76	3,48	2593	2219	1,78	2,23	3,92	6,2
Média das famílias selecionadas		2,44	4,3	3,31	3166	2322	1,72	2,37	3,74	6
Média de todas as famílias		2,51	4,7	3,65	3098	2233	1,83	2,43	3,65	6,01

[†] Famílias selecionadas por meio do índice FAI-BLUP. Primeiras vinte são as de melhor desempenho e as vinte últimas as de pior desempenho.

Na tabela 10 são apresentados os caracteres agrupados nos fatores, além dos ganhos diretos e indiretos, via FAI-BLUP, preditos para cada característica. Os fatores são variáveis abstratas que foram obtidas a partir da redução de nove variáveis originais. Em cada fator é contido um grupo de variáveis que tem alta correlação entre si e baixa correlação com as variáveis contidas nos outros fatores (Cruz & Carneiro, 2003). O fator 1 agrupou a característica GRÃO nas gerações $F_{2:4}$ e $F_{2:5}$. PROD nas gerações $F_{2:3}$ e $F_{2:4}$ e CREST em $F_{2:4}$ foram agrupadas no fator 2, enquanto ARQ e FUS, na geração $F_{2:3}$, e FUS ($F_{2:4}$) e MOFO ($F_{2:5}$) foram agrupadas nos fatores 3 e 4, respectivamente. De

modo geral, os caracteres que foram agrupados em um mesmo fator apresentaram valores de correlação genotípica mais elevados e interação famílias x safras não significativas (Tabelas 7 e 8). A característica FUS avaliada nas gerações $F_{2:3}$ e $F_{2:4}$ não foi agrupada no mesmo fator. Esse resultado pode ser explicado pela interação significativa entre famílias e safra para essa característica (Tabela 5), o que também é um indício da ocorrência de diferentes isolados de Fop nas diferentes safras e confirmado pela baixa correlação entre as duas gerações avaliadas para severidade de murcha-de-Fusarium. Cabe salientar que para severidade de doenças (notas de 1 a 9), aspecto comercial de grãos (notas de 1 a 5) e arquitetura de plantas (1 a 5) valores mais próximos à 1 são atribuídos às plantas mais resistentes, com melhor aspecto de grão e mais eretas, respectivamente, e, portanto, mais desejáveis. Assim, ganhos com sinal negativo são indicativos de seleção positiva para essas características.

As estimativas de ganhos diretos variaram de -5,73 para GRÃO ($F_{2:5}$) a -27,36% para CREST. Já a seleção simultânea de caracteres, considerando as informações das diferentes safras, pelo índice FAI-BLUP, proporcionou ganhos desejáveis para a maioria das características, com exceção de CREST, com valores variando de -0,15 para MOFO a -9,34 para FUS ($F_{2:4}$). Esses resultados indicam a eficiência do índice FAI-BLUP em proporcionar ganhos equilibrados para um conjunto de caracteres mesmo na presença de interação genótipos x ambientes, bem como o elevado potencial das famílias selecionadas visando a extração de linhagens superiores.

Tabela 10 - Ganhos genéticos preditos baseado na seleção direta e indireta via índice FAI-BLUP para os caracteres aspecto comercial de grãos (GRÃO), produtividade de grãos (PROD), severidade de crestamento bacteriano (CREST), arquitetura de plantas (ARQ), severidade de murcha-de-Fusarium (FUS) e severidade de mofo-branco (MOFO) para as três gerações avaliadas (F_{2:3}, F_{2:4} e F_{2:5})

Fator [†]	Característica	Geração	Ganho predito (%)	
			Seleção direta	FAI-BLUP
1	GRÃO	F _{2:4}	-10,42	-6,08
1	GRÃO	F _{2:5}	-5,73	-2,38
2	PROD	F _{2:3}	19,05	2,20
2	PROD	F _{2:4}	13,18	3,96
2	CREST	F _{2:4}	-27,36	2,60
3	ARQ	F _{2:3}	-7,61	-2,79
3	FUS	F _{2:3}	-16,51	-9,05
4	FUS	F _{2:4}	-22,14	-9,34
4	MOFO	F _{2:5}	-9,40	-0,15

As 124 famílias foram agrupadas pelo método de Tocher (Tabela 11). Foram estabelecidos três grupos de diversidade, com 122 famílias alocadas no primeiro grupo e apenas uma nos demais. O primeiro grupo foi reagrupado em 30 subgrupos de diversidade também utilizando o método de Tocher. De forma geral, as famílias oriundas das populações 1 e 2 não se alocaram em um mesmo grupo de diversidade. As famílias selecionadas com base no índice FAI-BLUP se encontram em 11 dos 30 subgrupos de dissimilaridade genética, indicando que este índice também considera a diversidade genética na seleção das famílias.

As 20 famílias de maior (Top 20+) e as 20 de menor (Top 20-) potencial ranqueadas com base no índice FAI-BLUP, considerando as três gerações e o conjunto de caracteres incluídos no índice (características significativas), se encontram em planos separados no gráfico biplot (Figura 1), indicando diversidade genética entre estes grupos de famílias.

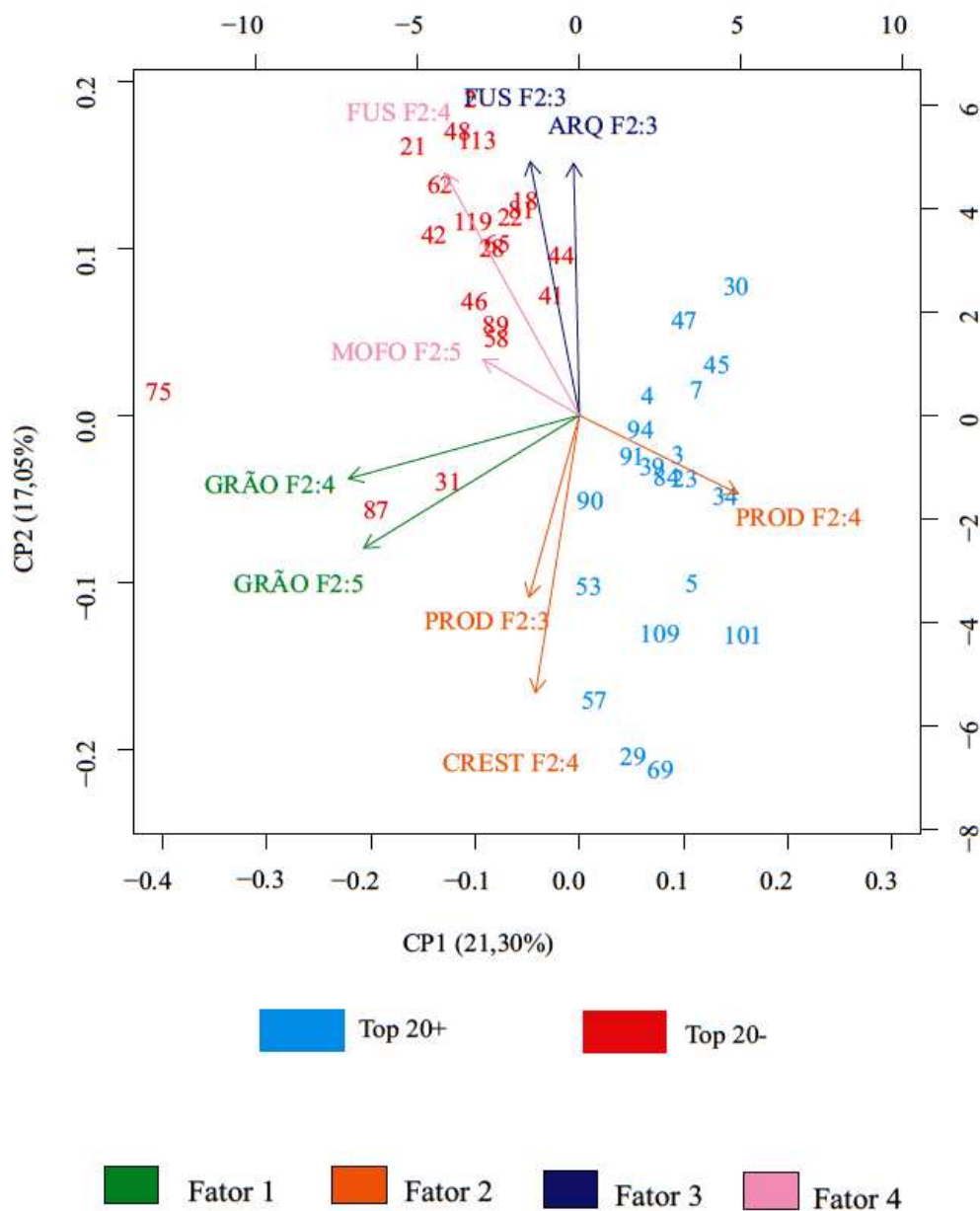
Tabela 11 – Agrupamento das 124 famílias, oriundas de duas populações, pelo método de otimização de Tocher

Comunidade de Pocheon																	
GRUPO	SUBG.	FAMÍLIAS															
I	I1	38	56	59	35	73	66	100	12	104	8	1	15	14	89	50	99
I	I1	121	88	53	60	98	102	96	97	94	115	13	44	83	114	122	46
I	I2	105	106	124	103	110	117	112	107	108	118	109	92	45	40	30	
I	I3	3	7	47	76	84	34	91									
I	I4	10	32	18	54	79	28	48	62	67							
I	I5	20	27	6	85	49	90	19									
I	I6	42	119	22	65												
I	I7	11	36	74													
I	I8	33	37	72													
I	I9	29	78														
I	I100	16	120	93													
I	I11	51	116	95	58												
I	I12	70	71	80													
I	I13	39	64	23													
I	I14	25	77	55	111												
I	I15	52	61														
I	I16	31	86	123													
I	I17	2	81														
I	I18	9	63														
I	I19	68	82														
I	I20	4	24														
I	I21	26															
I	I22	41															
I	I23	69															
I	I24	57															
I	I25	17															
I	I26	101															
I	I27	5															
I	I28	87															
I	I29	21															
I	I30	113															
II	-	43															
III	-	75															

SUBG.: Subgrupos obtidos pelo reagrupamento do grupo I pelo método de Tocher

Números em negrito correspondem às 20 famílias selecionadas com o uso do índice FAI-BLUP.

Figura 1 - Biplot dos dois componentes principais (CP1 e CP2) das famílias Top 20+ e Top 20- para os caracteres arquitetura de plantas (ARQ), severidade de murcha-de-Fusarium (FUS), produtividade de grãos (PROD), severidade de crestamento bacteriano (CREST), aspecto comercial de grãos (GRÃO) e severidade de mofo-branco (MOFO) para as três gerações avaliadas (F_{2:3}, F_{2:4} e F_{2:5}) e os fatores que as agrupam.



Nesta figura, os comprimentos das setas indicam as magnitudes das cargas totais, dadas pelo peso da característica no componente principal. O ângulo entre setas indica a correlação entre caracteres e setas de mesma cor ilustram os caracteres que foram agrupados nos fatores.

É importante frisar que apesar do elevado grau de homozigose, as famílias apresentam alta variabilidade genética dentro, o que permite derivar linhagens com médias superiores à média das famílias (BORÉM & MIRANDA 2013).

5 CONCLUSÃO

As populações oriundas dos cruzamentos CVIII 8511 x VC 25 e Pérola x VC 25 apresentam potencial para a extração de linhagens superiores considerando as características resistência a murcha-de-Fusarium, arquitetura de plantas, produtividade de grãos e aspecto comercial de grãos.

6 REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- AKAIKE, H. Information theory as an extension of the maximum likelihood principle B.N. Petrov; F. Csaki (Eds.), **Second International Symposium on Information Theory**, Akademiai Kiado. Budapest (1973), pp. 267-281.
- BARBOSA, F.R. & GONZAGA, A.C.O., Eds. **Informações técnicas para o cultivo do feijoeiro-comum na Região Central-Brasileira: 2012-2014**. Santo Antônio, de Goiás, Embrapa Arroz e Feijão, 2012. 247p. (Série Documentos, 272)
- BARILI, L. D. (2015). **Evolução dos cultivares de feijão carioca recomendados no Brasil**. Tese de Doutorado. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento) - Universidade Federal de Viçosa. Viçosa, MG
- BATISTA, L. G., DOS ANJOS, R. S., POERSCH, N. L., NALIN, R. S., CARNEIRO, P., CARNEIRO, J. E. D. S., & DE RESENDE, M. D. (2017). Multigeneration Index in the Selection of Common Bean Inbred Families. **Crop Science**, v.57, p. 5.
- BATISTA, R. O., SILVA, J. L. O., NICOLI, A., CARNEIRO, P. C. S., CARNEIRO, J. E. D. S., JÚNIOR, P., & QUEIROZ, M. V. D. (2016). Resistance to Fusarium wilt in common bean. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, 16(3), 226-233.
- BATISTA, R.O., SILVA, L.C., MOURA, L.M. et al. Inheritance of resistance to fusarium wilt in common bean. **Euphytica** (2017) 213: 133.
- BERNARDO, R. **Breeding for quantitative traits in plants**. Woodbury: Stemma, 2002. 368p.
- BERTAN I. CARVALHO F.I.F., OLIVEIRA A.C. 2007. Parental selection strategies in plant breeding programs. **Journal of Crop Science and Biotechnology** 10: 211-222.
- BORÉM, A.; MIRANDA, G. V. **Melhoramento de plantas**. Viçosa: Editora UFV, 2013.
- BRICK, M. A. et al. Resistance to multiple races of fusarium wilt in common bean. **Annual report-bean improvement cooperative**, v. 47, p. 131-132, 2004.
- BRIM, C. A.; JOHNSON, HERBERT W.; COCKERHAM, C. CLARK. Multiple selection criteria in soybeans. **Agronomy Journal**, v. 51, n. 1, p. 42-46, 1959.
- BROUGHTON W.J.; HERNANDEZ G.; BLAIR M.; BEEBE S.; GEPTS P; VANDERLEYDEN J; Beans (Phaseolus spp.) - Model food legumes. **Plant Soil**. 2003;252:55–128.
- BRUZI, A. T. **Aplicações da análise de modelos mistos em programas de seleção recorrente do feijoeiro comum**. 2008. 73 f. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas). Universidade Federal de Lavras, Lavras, 2008.

CÂNDIDA, D. V., COSTA, J. G. C., RAVA, C. A., & CARNEIRO, M. S. (2009). Controle genético da murcha do fusário (*Fusarium oxysporum*) em feijoeiro comum. **Tropical plant pathology**, 34(6), 379-384.

CASELLA G., BERGER R. (2002). **Statistical Inference**, 2nd edn. Duxbury, Thomson Learning, CA.

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

COLLICCHIO, E. **Associação entre o porte da planta do feijoeiro e o tamanho dos grãos**. 1995. 98 f. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Universidade Federal de Lavras, Lavras, 1995.

CONAB. Observatório agrícola. Acompanhamento da safra brasileira de grãos. Fevereiro de 2017. Disponível em: http://www.conab.gov.br/OlalaCMS/uploads/arquivos/17_02_16_11_51_51_boletim_graos_fevereiro_2017.pdf . Acesso em: 2 de julho 2017.

CORRÊA B.O.; MOURA A.B.; DENARDIN N.D.; SOARES V.N.; SCHÄFER J.T.; LUDWIG J.; (2008) Influência da microbiolização de sementes de feijão sobre a transmissão de *Colletotrichum lindemuthianum* Sacc. & Magn. **Revista Brasileira de Sementes** 30:156-163

COSTA, A.F.; MENEZES, M.; MIRANDA, P. Ocorrência de *Fusarium oxysporum* f. sp. phaseoli Kendrick & Snyder em feijoeiro (*Phaseolus vulgaris*) em Pernambuco e Alagoas. In: **rReunião nacional de pesquisa de feijão**, 1., 1982. Goiânia. Anais... Goiânia:Embrapa-CNPAF, 1982. p.282-284

COSTA, H., FERRAO, M. A. G., VENTURA, J. A., LIBERATO, J. R., & PACOVA, B. E. V. (1993). **Murcha de Fusarium do feijoeiro**. EMCAPA.

CRAMER, R. A. et al. Characterization of *Fusarium oxysporum* Isolates from Common Bean and Sugar Beet Using Pathogenicity Assays and Random-amplified Polymorphic DNA Markers. **Journal of Phytopathology**, v. 151, n. 6, p. 352-360, 2003.

CROSS, H. et al. Inheritance of resistance to *Fusarium* wilt in two common bean races. **Crop Science**, v. 40, n. 4, p. 954-958, 2000.

CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos Biométricos Aplicados ao Melhoramento Genético** - ISBN 9788572694339. 4. ed. Viçosa: Editora UFV, 2014. v. 2. 514p.

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

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

ECHANDI, E. (1967). **Amarillamiento del frijol (*Phaseolus vulgaris* L.) provocado por *Fusarium oxysporum* f. *phaseoli***. Turrialba, 17, 409-410.

FALL, A. L., BYRNE, P. F., JUNG, G., COYNE, D. P., BRICK, M. A., & SCHWARTZ, H. F. (2001). Detection and mapping of a major locus for Fusarium wilt resistance in common bean. **Crop science**, 41(5), 1494-1498.

FOOD AND AGRICULTURE ORGANIZATION OF THE UNITED NATIONS. FAO. Faostat. Crops. Disponível em: < <http://www.fao.org/faostat/en/#data/QC/visualize> >. Acesso em 2 de julho de 2017.

GABRIEL, K. R. (1971). The biplot graphical display of matrices with applications to principal component analysis. **Biometrika**, 58, 453-467.

GILMOUR, A.R., GOGEL, B.J., CULLIS, B.R., and THOMPSON, R. 2009. ASReml - User Guide Release 3.0. VSN International Ltd, Hemel Hempstead, HP1 1ES, UK. Disponível em <https://www.vsni.co.uk/downloads/asrem1/release3/UserGuide.pdf>.

GOMES, F. P. **Curso de estatística experimental**. São Paulo: Nobel, 1985. 467 p.

GONÇALVES-VIDIGAL, M. C. et al. Co-segregation analysis and mapping of the anthracnose Co-10 and angular leaf spot Phg-ON disease-resistance genes in the common bean cultivar Ouro Negro. **Theoretical and applied genetics**, v. 126, n. 9, p. 2245, 2013.

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

ITO M. F., POMPEU A. S., CARBONELL S. A. M., SALA G. M. (2002). Seleção de feijoeiro comum (*Phaseolus vulgaris*) com resistência a *Fusarium oxysporum* f. sp. *phaseoli*. **Fitopatologia Brasileira**, 27:304-304.

KEMPTHORNE, O., & NORDSKOG, A. W. (1959). Restricted selection indices. **Biometrics**, 15(1), 10-19.

KIMATI, H. **Doenças do feijoeiro**. *Phaseolus vulgaris*, p. 297-318, 1980.

LIMA, D. C., ABREU, A., & RAMALHO, M. A. P. Efeito da interação famílias x ambientes no ganho com a seleção para múltiplos caracteres e na resposta correlacionada em feijão. In Embrapa Arroz e Feijão-Artigo em anais de congresso (ALICE). In: **Congresso brasileiro de melhoramento de plantas**, 7., 2013, Uberlândia. Variedade melhorada: a força

LIN, C. Y. Index selection for genetic improvement of quantitative characters. **Theoretical and Applied Genetics**, v. 52, n. 2, p. 49-56, 1978.

MAIA, C. E., & CANTARUTTI, R. B. (2004). Acumulação de nitrogênio e carbono no solo pela adubação orgânica e mineral contínua na cultura do milho. **Revista Brasileira de Engenharia Agrícola e Ambiental**, 8(1), 39-44.

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

NUNES, J.A.R.; MORETO, A.L.; RAMALHO, M.A.P. Using genealogy to improve selection efficiency of pedigree method. **Scientia Agricola**, v.65, p.25-30, 2008a. DOI: 10.1590/ S010390162008000100004.

PASTOR-CORRALES, M.A.; ABAWI, G.S. Reactions of selected bean germplasms to infection by *Fusarium oxysporum* f.sp. *phaseoli*. **Plant Disease**, 71:990-993, 1987.

PAULA, R. G. **Modelos mistos na avaliação do potencial genético de populações e famílias de feijoeiro**. 2016. 46f. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento) - Universidade Federal de Viçosa, Viçosa. 2016.

PAULA-JÚNIOR, T. D., & BORÉM, A. (2006). **Doenças**. Feijão. Editora UFV, Viçosa, 359-414.

PAULA-JUNIOR, T. D., Vieira, R. F., & ZAMBOLIM, L. (2004). Manejo integrado de doenças do feijoeiro. **Informe Agropecuário**, 25, 99-112.

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

PEREIRA, A.C., M.F.A. CRUZ, T.J. PAULA-JÚNIOR, F.A. RODRIGUES, J.E.S. CARNEIRO, R.F. VIEIRA AND P.C.S. CARNEIRO. 2013. Infection process of *Fusarium oxysporum* f. sp. *phaseoli* on resistant, intermediate and susceptible bean cultivars. **Tropical Plant Pathology**, 38:323-328.

PEREIRA, M. J. Z. **Resistência do feijoeiro a *Fusarium oxysporum* f. sp. *phaseoli***. 2007. 103f. Tese de Doutorado. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) - Universidade Federal de Lavras. Lavras, MG.

PEŠEK, J.; BAKER, R. J. Desired improvement in relation to selection indices. **Canadian journal of plant science**, v. 49, n. 6, p. 803-804, 1969.

PORCH, T. G. **List of genes: *Phaseolus vulgaris* L.** Annual report of bean improvement cooperative (BIC). 2010.

R DEVELOPMENT CORE TEAM R: **A language and environment for statistical computing** (R Foundation for Statistical Computing, 2015).

RAMALHO, M. A. P. et al. **Aplicações da genética quantitativa no melhoramento de plantas autógamas**. Lavras: UFLA, 2012.

RAMALHO, M. A. P., ABREU, A. D. F., & SANTOS, J. D. (2001). Melhoramento de espécies autógamas. **Recursos genéticos e melhoramento de plantas**. Fundação MT, Rondonópolis, 201-230.

RAMALHO, M.A.P.; ABREU, A.F.B.; CARNEIRO, J.E.S. Cultivares. **Feijão de alta produtividade**. Informe Agropecuário, v. 25, p. 21-32, 2004.

RAMALHO, M.A.P.; PIROLA, L.H.; ABREU, A.F.B. (1998). Alternatives for selection of common bean with uprigi-it plant type and carioca grain type. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, 33: 1989-1994.

RAO, C.R. **Advanced statistical methods in biometric research**. New York: John Wiley & Sons; 1952. 390p.

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

RESENDE, M. D. V. de; SILVA, F. F. e; AZEVEDO, C. F. **Estatística matemática, biométrica e computacional: modelos mistos, multivariados, categóricos e generalizados (REML/BLUP), inferência bayesiana, regressão, aleatória, seleção genômica, QTL, GWAS, estatística espacial e temporal, competição, sobrevivência**. Viçosa, MG: UFV, 2014. p. 257-311.

RESENDE, M. D. V. **Software Selegen–REML/BLUP: Sistema estatístico e seleção genética computadorizada via modelos lineares mistos**. Curitiba: Embrapa Florestas, 2007. 67 p. (Documentos, 77).

RESENDE, M. D. V., & DUARTE, J. B. (2007). Precisão e controle de qualidade em experimentos de avaliação de cultivares. **Pesquisa Agropecuária Tropical**, 37(3).

RESENDE, M. D. V., M. A. P. RAMALHO, P. C. S. CARNEIRO, J. E. S. CARNEIRO, L. G. BATISTA, and I. B. Gois. 2015b. Selection Index with Parents, Populations, Families, and Generations Effects in Autogamous Plant Breeding. **Crop Sci.**, 56:530-546. doi:10.2135/cropsci2015.05.0303

RESENDE, M. D. V., RAMALHO, M. A. P., GUILHERME, S. R., ABREU, A. F. B. Multigeneration index in the within families bulk method for breeding of self-pollinated plants. **Crop Sci.**, 55 (2015a), pp. 1202-1211.

RIBEIRO, R. D. L., & HAGEDORN, D. J. (1979). Screening for resistance to and pathogenic specialization of *Fusarium oxysporum* f. sp. phaseoli, the causal agent of bean yellows. **Phytopathology**, 69(3), 272-276.

- ROCHA, J. R. A. S. MACHADO, J. C. AND CARNEIRO, P. C. S. (2017), Multitrait index based on factor analysis and ideotype-design: proposal and application on elephant grass breeding for bioenergy. **GCB Bioenergy**. v. 95, p. 27-32.
- SALGADO, M. O., SCHWARTZ, H. F., & BRICK, M. A. (1995). Inheritance of resistance to a Colorado race of *Fusarium oxysporum* f. sp. *phaseoli* in common beans. **Plant Disease**, 79(3), 279-281.
- SANTOS, H., FÉLIX, A., CUNHA, L., DEL, M., DE, L. & WENDLAND, A. Interação entre genótipos de feijoeiro e ambientes no Estado de Pernambuco: estabilidade, estratificação ambiental e decomposição da interação. **Semina: Ciências Agrárias**. 34 (6): 2603-2613, 2013.
- SARTORATO A., RAVA C. A. (1994). Murcha ou amarelecimento de *Fusarium*. In: Sartorato A, Rava CA (Eds.). **Principais doenças do feijoeiro comum e seu controle**. Brasília DF. EMBRAPA-SPI. pp.175-190.
- SCHMUTZ J. et al., 2014. A reference genome for common bean and genome-wide analysis of dual domestications. **Nature Genetics**, 46: 707-713
- SINGH, D. The relative importance of characters affecting genetic divergence. **Indian Journal of Genetic and Plant Breeding**, v. 41, p. 237-245, 1981.
- SMITH, H.F. A discriminant function for plant selection. **Annual Eugenics**, v.7, p.240-250, 1936
- TAI, G. C. C. Index selection with desired gains [Potatoes]. **Crop Science**, 1977.
- TALLIS, G. M. 171. Note: A Selection Index for Optimum Genotype. **Biometrics**, v. 18, n. 1, p. 120-122, 1962.
- VIEIRA, C. **Doenças e pragas do feijoeiro**. Viçosa: UFV, 1983. 231 p.
- WHITE T. L., HODGE G. R. (1989) **Predicting breeding values with applications in forest tree improvement**. Dordrecht: Kluwer Academic Publishers.
- WILLIAMS, J.S. The evaluation of a selection index. **Biometrics**, v.18, p.375-393, 1962.
- ZAMBOLIM L., VIEIRA C., ARAÚJO C. A. A., CHAGAS J. M., SILVA C. C. (1987) Ocorrência de murcha-de-*Fusarium* em feijoeiro comum na Zona da Mata de Minas Gerais. **Fitopatologia Brasileira**, 12:287-288.
- ZAMBOLIM, L.; JESUS Jr, W.C., RODRIGUES, F.A. **O essencial da fitopatologia: controle de doenças de plantas**. Viçosa, MG: Suprema Gráfica, 2014. 576p.