

LAWRÊNCIA MARIA CONCEIÇÃO DE OLIVEIRA

**PROGRESSO GENÉTICO COM A SELEÇÃO RECORRENTE NO
MELHORAMENTO DO PORTE DO FEIJÃO CARIOCA**

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

Orientador: José Eustáquio de Souza Carneiro

**VIÇOSA – MINAS GERAIS
2023**

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

T

O48p
2023

Oliveira, Lawrência Maria Conceição de, 1999-
Progresso genético com a seleção recorrente no
melhoramento do porte do feijão carioca / Lawrência Maria
Conceição de Oliveira. – Viçosa, MG, 2023.
1 dissertação eletrônica (60 f.): il.

Inclui apêndice.

Orientador: José Eustáquio de Souza Carneiro.

Dissertação (mestrado) - Universidade Federal de Viçosa,
Departamento de Agronomia, 2023.

Referências bibliográficas: f. 53-58.

DOI: <https://doi.org/10.47328/ufvbbt.2023.642>

Modo de acesso: World Wide Web.

1. Feijão - Melhoramento genético. 2. Feijão - Seleção.
I. Carneiro, José Eustáquio de Souza, 1960-. II. Universidade
Federal de Viçosa. Departamento de Agronomia. Programa de
Pós-Graduação em Genética e Melhoramento. III. Título.

CDD 22. ed. 633.3722

Bibliotecário(a) responsável: Bruna Silva CRB-6/2552


LAWRÊNCIA MARIA CONCEIÇÃO DE OLIVEIRA

**PROGRESSO GENÉTICO COM A SELEÇÃO RECORRENTE NO
MELHORAMENTO DO PORTE DO FEIJÃO CARIOCA**


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: 21 de julho de 2023.

Assentimento:

Documento assinado digitalmente
 LAWRENCIA MARIA CONCEICAO DE OLIVEIRA
Data: 17/10/2023 15:24:07-0300
Verifique em <https://validar.itl.gov.br>

Lawrência Maria Conceição de Oliveira
Autora

Documento assinado digitalmente
 JOSE EUSTAQUIO DE SOUZA CARNEIRO
Data: 17/10/2023 18:22:44-0300
Verifique em <https://validar.itl.gov.br>

José Eustáquio de Souza Carneiro
Orientador

Aos meus pais, Higinio Soares de Oliveira e Maria da Cruz Conceição.
Aos meus irmãos, Sábida Belle Conceição de Oliveira e Margim Conceição de Oliveira.
A minha sobrinha, Alice Mariana de Oliveira Pereira.
Ao meu amado, Railson da Silva Santos.

DEDICO

AGRADECIMENTOS

A Deus, por todas as dádivas concedidas em cada momento da minha vida, por ter me dado forças para superar crises, fraquezas e dificuldades.

Aos meus pais, Maria e Higinio, por todo o amor, por sempre apoiarem meus sonhos, por serem meus maiores incentivadores e exemplos de vida.

Aos meus irmãos, Sábina Belle e Margim, por serem pilares na minha vida, pelo apoio, zelo, cuidado, dedicação e por sempre comemorarem minhas conquistas.

Ao Railson da Silva Santos, por sempre está ao meu lado nessa trajetória, pelo amor, apoio e cuidado.

Ao Professor Dr. Leonardo Corrêa da Silva, por todo o conhecimento repassado na graduação, pelo excelente exemplo de profissional, pelo incentivo e por despertar em mim o interesse pela área da Genética e Melhoramento.

Aos amigos que o mestrado me proporcionou, Larissa, José Tiago, Wilson e Núbina, pelos momentos de descontração, ajuda e conversas durante esses anos.

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.

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

Ao meu orientador, José Eustáquio de Souza Carneiro, pela orientação de qualidade, pelos ensinamentos transmitidos, sugestões, humildade e confiança depositada em mim.

Ao meu coorientador, Pedro Crescêncio Souza Carneiro, pelas sugestões, ensinamentos e paciência.

Aos membros da banca, professores Rodrigo Oliveira de Lima e Vinicius Quintão Carneiro, pela disponibilidade em participar desta defesa.

A todos os professores da Universidade Federal de Viçosa que participaram da minha formação, pelos conhecimentos transmitidos.

Aos funcionários da estação experimental de Coimbra, Fonseca, Carlinhos, Sebastião, Potoca, Beto, Douglas, pelo auxílio na condução dos experimentos.

Ao Gilberto e Chiquinho, pela disponibilidade em auxiliar nas atividades de pesquisa do Programa Feijão.

A todos os colegas do Programa Feijão, pela colaboração na condução dos trabalhos.

A todos que contribuíram diretamente com a minha formação, desenvolvimento, finalização deste trabalho e conclusão de mais essa etapa na minha vida.

MUITO OBRIGADA!

RESUMO

OLIVEIRA, Lawrência Maria Conceição de, M.Sc., Universidade Federal de Viçosa, julho de 2023. **Progresso genético com a seleção recorrente no melhoramento do porte do feijão carioca.** Orientador: José Eustáquio de Souza Carneiro.

A eficiência da seleção recorrente é verificada por meio do progresso genético, que avalia os ganhos obtidos com os ciclos seletivos. O objetivo com esse trabalho foi estimar o progresso genético do programa de seleção recorrente em curso na Universidade Federal de Viçosa, visando a obtenção de linhagens de feijoeiro de porte ereto do tipo carioca. Para isso, foram realizados experimentos de avaliação de linhagens dos ciclos C_0 e C_1 (30 linhagens de cada ciclo) e de famílias oriundas dos ciclos C_0 e C_2 (22 famílias de cada ciclo), nas safras da seca e inverno de 2022, do referido programa, na Unidade de Ensino, Pesquisa e Extensão de Coimbra, em Coimbra, MG. Em ambos os experimentos foram incluídas cinco testemunhas: BRSMG Madrepérola, BRS Pérola, BRSMG Zape, BRS Estilo e BRSMG UAI. O delineamento experimental foi em blocos ao acaso, com três repetições e parcelas de duas linhas de dois metros, espaçadas de 0,45m. Foram avaliados a arquitetura de plantas (ARQ), o aspecto comercial de grãos (AG), a altura média do dossel das plantas (AMP, em cm) e a produtividade de grãos (PROD, em kg ha^{-1}). ARQ e AG foram avaliados por meio de escala de notas, variando de 1 a 5, de acordo com Collicchio (1995) e Ramalho et al. (1998), respectivamente. Os dados foram submetidos a análise de variância individual e conjunta e, com base no desempenho médio das linhagens e famílias de cada ciclo, foram estimados o progresso genético (PG%). A estimativa do progresso genético para ARQ e AG seguiu a metodologia proposta por Anjos et al. (2019), na qual o ganho genético é corrigido subtraindo a nota referente ao fenótipo indesejável, para eliminar o viés referente a utilização de escala de notas. O contraste entre médias de linhagens do ciclo C_0 vs C_1 foi significativo para AG e PROD, na safra da seca, com a média de C_0 superior à de C_1 , o que resultou em ganhos negativos de C_0 para C_1 com valores de -6,69 e -7,28%, respectivamente, para AG e PROD. Já na safra de inverno o contraste entre médias de linhagens do ciclo C_0 vs C_1 foi significativo para todos os caracteres avaliados, com a média de C_1 superior a de C_0 , resultando em ganhos positivos de 7,84% para ARQ, 5,37% para AG, 3,32% para AMP e 4,67% para PROD. Considerando as famílias, houve significância do contraste entre média do ciclo C_0 vs C_2 para ARQ e AMP, na safra da seca e, para ARQ, na safra de inverno, com as médias de C_2 superior à de C_0 , o que resultou em ganhos de 5,52% para a ARQ e de 4,58% para AMP, na safra da seca, e de 7,25% para ARQ no inverno. Desse modo, conclui-se que independente da safra e do tipo de material genético utilizado para avaliar

o progresso genético, observou-se ganho genético na melhoria da arquitetura do feijoeiro. Para o aspecto comercial de grãos, produtividade de grãos e altura média do dossel das plantas obteve-se resultados distintos nas diferentes safras e material genético avaliado, havendo ganho para todas elas na avaliação de linhagens em apenas uma safra. Em contrapartida, na avaliação de famílias, obteve-se ganho apenas a altura média do dossel das plantas, também em apenas uma safra.

Palavras-chave: Arquitetura de plantas. Feijão-comum. Ganho genético.

ABSTRACT

OLIVEIRA, Lawrência Maria Conceição de, M.Sc., Universidade Federal de Viçosa, July, 2023. **Genetic progress with the recurrent selection in breeding of plant architecture in bean carioca.** Advisor: José Eustáquio de Souza Carneiro.

The efficiency of recurrent selection is verified through genetic progress, which evaluates the gains obtained from selective cycles. The objective of this work was to estimate the genetic progress of the recurrent selection program underway at the Federal University of Viçosa, obtaining erect bean lines of the Carioca type. To this end, experiments were carried out to evaluate lines from cycles C_0 and C_1 (30 lines from each cycle) and families from cycles C_0 and C_2 (22 families from each cycle), in the dry and winter harvests of 2022, of the aforementioned program, at the Coimbra Teaching, Research and Extension Unit, in Coimbra, MG. In both experiments, five controls were included: BRSMG Madrepérola, BRS Pérola, BRSMG Zape, BRS Estilo and BRSMG UAI. The experimental design was in randomized blocks, with three replications and plots of two lines of two meters, spaced 0.45 m apart. Plant architecture (ARQ), grain commercial aspect (AG), average plant dose height (AMP, in cm) and grain productivity (PROD, in kg ha^{-1}) were evaluated. ARQ and AG were evaluated using a rating scale, ranging from 1 to 5, according to Collicchio (1995) and Ramalho et al. (1998), respectively. The data were subjected to an individual and joint analysis of variance and, based on the average performance of the lines and families in each cycle, genetic progress (PG%) was estimated. The estimation of genetic progress for ARQ and AG advanced the methodology proposed by Anjos et al. (2019), in which genetic gain is corrected by subtracting the score referring to the undesirable phenotype, to eliminate biases related to the use of a rating scale. The contrast between means of lineages from the C_0 vs C_1 cycle was significant for AG and PROD, in the dry season, with the mean of C_0 higher than that of C_1 , which resulted in negative gains from C_0 to C_1 with values of -6.69% and -7.28%, respectively, for AG and PROD. In the winter harvest, the contrast between lineage averages from the C_0 vs C_1 cycle was significant for all traits evaluated, with the average of C_1 higher than that of C_0 , resulting in positive gains of 7.84% for ARQ, 5.37% for AG, 3.32% for AMP and 4.67% for PROD. Considering the families, there was a significance in the contrast between the C_0 vs C_2 cycle averages for ARQ and AMP, in the dry harvest and, for ARQ, in the winter harvest, with the C_2 averages being higher than the C_0 , which resulted in gains in 5.52% for ARQ and 4.58% for AMP, in the dry season, and 7.25% for ARQ in winter. Therefore, it is concluded that regardless of the harvest and the type of genetic material used to evaluate genetic progress, genetic gain was inspired by improving the architecture of the bean plant. For the commercial aspect of grains, grain

productivity and the average height of the plant canopy obtained different results in the different harvests and genetic material evaluated, having gained for all of them in the evaluation of lines in just one harvest, on the other hand, in the evaluation of family lineages, only the average canopy height of the plants obtained, also in just one harvest.

Keywords: Plant architecture. Common bean. Genetic gain.

SUMÁRIO

1 INTRODUÇÃO	11
2 OBJETIVOS	13
3 REFERENCIAL TEÓRICO	14
3.1 Aspectos socioeconômicos do feijão-comum	14
3.2 Melhoramento genético do feijão-comum	15
3.3 Melhoramento da arquitetura do feijoeiro	17
3.4 Seleção recorrente no melhoramento do feijoeiro	19
3.5 Progresso genético com a seleção recorrente no feijoeiro	20
4 MATERIAL E MÉTODOS	22
4.1 Estabelecimento do programa de seleção recorrente para porte em feijão carioca	22
4.1.1 Ciclo zero (C ₀)	22
4.1.2 Ciclo um (C ₁).....	23
4.1.3 Ciclo dois (C ₂).....	25
4.2 Progresso genético em um ciclo de seleção recorrente com base em linhagens	27
4.3 Progresso genético em dois ciclos de seleção recorrente com base em famílias	29
5 RESULTADOS E DISCUSSÃO	32
5.1 Progresso genético em um ciclo de seleção recorrente com base em linhagens	32
5.2 Progresso genético em dois ciclos de seleção recorrente com base em famílias	42
6 CONCLUSÕES	52
REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS	53
APÊNDICE	59

1 INTRODUÇÃO

O feijão-comum (*Phaseolus vulgaris* L.) tem grande importância no contexto social e econômico no Brasil. Em 2021, a produção total foi de 2,26 milhões de toneladas, em uma área plantada de 1,55 milhões de hectares e uma produtividade de 1.463 kg ha⁻¹ (EMBRAPA ARROZ E FEIJÃO, 2022). O seu cultivo pode ser realizado durante todo o ano, dividindo-se em três safras: a primeira ou safra das águas – com semeadura sendo realizada entre os meses de agosto a dezembro; a segunda ou safra da seca – ocorrendo o semeio entre os meses de janeiro a abril; e, a terceira ou safra de inverno – semeada entre os meses de maio a julho (MOURA e BRITO, 2015).

No Brasil, a preferência quanto ao tipo de feijão é algo bem estabelecido. Na região sul e estado do Rio de Janeiro, o feijão mais consumido é o preto, enquanto em algumas regiões do estado de Minas Gerais, como na Zona da Mata, tem-se preferência pelo feijão vermelho. Na região Nordeste, o feijão *Vigna unguiculata* L. é um dos mais consumidos. No entanto, apesar de cada região haver preferência por um determinado tipo de feijão, o do tipo carioca ainda é o mais consumido, representando aproximadamente 79% do consumo de feijão no país (BORÉM e CARNEIRO, 2015; CARNEIRO et al., 2012).

Essa preferência dos consumidores orienta a pesquisa e direciona a produção e comercialização de feijão. Desde o lançamento da primeira cultivar de feijão carioca, houve significativos aumentos na produtividade, decorrentes de melhorias no manejo, inclusão de tecnologias e pelos avanços obtidos no melhoramento genético da cultura. Nesse último ponto cita-se cultivares com algum grau de resistentes a algumas doenças do feijoeiro, como murcha-de-fusarium (*Fusarium oxysporum* f. sp. phaseoli) e mancha-angular (*Pseudocercospora griseola*), cultivares com excelente qualidade comercial de grãos, e cultivares com altas produtividades nas diferentes safras plantadas (EMBRAPA ARROZ E FEIJÃO, 2021).

Apesar dos excelentes resultados obtidos no melhoramento do feijão-comum, ainda há muito a ser realizado. Os produtores estão cada vez mais empregando tecnologias no ambiente de cultivo, desse modo, para facilitar a colheita mecânica e evitar perdas, é necessário o desenvolvimento de plantas de melhor arquitetura. Plantas de feijoeiro de porte ereto, além da vantagem da colheita mecânica, facilita os tratos culturais, possibilita a locomoção de implementos com menos danos as plantas, permite um melhor arejamento na cultura, reduzindo a incidência de doenças e reduz o contato das vagens com o solo úmido, possibilitando a obtenção de grãos de melhor qualidade (COLLICCHIO et al., 1997).

A arquitetura de plantas é uma característica complexa, sendo influenciada por várias outras, como a altura de planta, o diâmetro do hipocótilo, o número e ângulo de ramificações, o hábito de crescimento, o número e comprimento dos entrenós e a distribuição das vagens na planta, o que dificulta o desenvolvimento de linhagens com melhores arquiteturas de plantas (MOURA et al., 2013; SILVA et al., 2013a; 2013b; ACQUAAH et al., 1991; SANTOS e VENCOVSKY, 1986; NIENHUIS e SINGH, 1985; FREIRE FILHO, 1980; DAVIS e FRAZIER, 1966).

Reunir em uma única cultivar vários fenótipos de interesse é um procedimento complexo e demorado. Muitos dos caracteres de interesse são quantitativos, o que dificulta o processo seletivo. Soma-se a isso, o fato de que os alelos para os fenótipos de interesse não estão presentes em um único genitor, sendo necessário a utilização de muitos genitores nos cruzamentos. Uma alternativa viável para contornar esses problemas é o uso da seleção recorrente, no qual envolve a obtenção de famílias, a avaliação, a seleção e o inter cruzamento daquelas de maior potencial, visando aumentar a frequência de alelos favoráveis e, por consequência, melhorar a expressão dos caracteres sob seleção (BORÉM et al., 2017; CARGNIN, 2007).

A seleção recorrente é uma estratégia bastante utilizada nos programas de melhoramento genético no Brasil. No caso do feijão-comum, o uso da seleção recorrente proporcionou a recomendação da cultivar BRSMG Uai, que possui grão tipo carioca e plantas de arquitetura ereta (ABREU et al., 2018). Diversos estudos também evidenciaram a melhoria em outros caracteres com o uso dessa estratégia, como aumento na produtividade de grãos (ALVES et al., 2015), obtenção de plantas resistentes a mancha-angular (PÁDUA et al., 2021) obtenção de cultivares com amplo espectro de resistência a antracnose (*Colletotricum lindemuthianum*) (COSTA et al., 2020), famílias tolerantes a deficiência hídrica (GUIMARÃES et al., 2010) e melhoria do aspecto comercial de grãos no feijão carioca (MENEZES JÚNIOR et al., 2008).

Uma das formas de quantificar a eficiência dessa estratégia de melhoramento é estimar o progresso genético entre os ciclos de seleção. O esperado é que os genótipos obtidos no ciclo seguinte sejam sempre superiores aos genótipos dos ciclos anteriores. Caso não haja esse progresso entre ciclos, o melhorista deve adaptar a estratégia de melhoramento de modo que os objetivos do programa sejam atingidos. Além disso, a seleção recorrente permite a inclusão de novos genitores em cada ciclo de recombinação, de modo que essa inclusão favoreça o progresso genético de um ciclo seletivo para o outro e aumente a variabilidade genética da população (MENEZES JÚNIOR et al., 2008).

2 OBJETIVOS

Estimar o progresso genético de um ciclo de seleção recorrente com base na avaliação de linhagens dos ciclos C_0 e C_1 ;

Estimar o progresso genético de dois ciclos de seleção recorrente com base na avaliação de famílias dos ciclos C_0 e C_2 .

3 REFERENCIAL TEÓRICO

3.1 Aspectos socioeconômicos do feijão-comum

O feijão-comum (*Phaseolus vulgaris* L.) é a espécie de feijão cultivada mais antiga e utilizada no mundo, fazendo parte da história das civilizações (CONAFER, 2022; SANTOS et al., 2015). É um alimento bastante nutritivo, fonte de carboidratos, vitaminas, sais minerais, fibras e proteínas, sendo essa última de elevada concentração do aminoácido lisina, que juntamente com o arroz, fornecem ao organismo humano todos os aminoácidos essenciais, sendo uma mistura proteica de alto valor e de fácil digestão (CHAVES e BASSINELLO, 2014; EMBRAPA ARROZ E FEIJÃO, 2009).

O feijão pode ser cultivado durante todo o ano, dividindo-se o período de plantio em três épocas distintas. A primeira é chamada de safra das águas, na qual a semeadura ocorre entre os meses de agosto a dezembro; a segunda é denominada de safra da seca, ocorrendo o semeio entre os meses de janeiro a abril; e, a terceira época recebeu a denominação de safra de outono/inverno, podendo ser semeada entre os meses de maio a julho (MOURA e BRITO, 2015; VIEIRA e VIEIRA, 1995).

Nas duas primeiras safras destaca-se os pequenos e médios produtores que, geralmente, utilizam mão de obra familiar e baixo nível tecnológico. Enquanto na terceira safra predomina os grandes produtores, que empregam maiores níveis tecnológicos em suas lavouras (VIEIRA e VIEIRA, 1995). Moura e Brito (2015) destacam que apesar da crescente participação de propriedades tecnificadas na produção de feijão, ainda há predomínio dos pequenos produtores no abastecimento de feijão no mercado nacional. Em 2022, a agricultura familiar foi responsável por 42% da produção nacional de feijão (CONAFER, 2022).

Na safra 2021/22, a produção nacional de feijão foi de 2,99 milhões de toneladas, com um acréscimo de 3,6% em relação à safra anterior, uma área plantada de 2,85 milhões de hectares, sendo registrado um decréscimo de 2,4% em relação a safra de 2020/21 e uma produtividade de 1.050 kg ha⁻¹, sendo 6,1% superior a safra anterior (CONAB, 2022). Desse total da produção, o feijão-comum é responsável por 2,26 milhões de toneladas, ocupando uma área plantada de 1,55 milhões de hectares, enquanto que para a produtividade foi registrado um total de 1.463 kg ha⁻¹ (EMBRAPA ARROZ E FEIJÃO, 2022).

O Brasil ocupa posição de destaque entre os maiores consumidores mundiais de feijão, com um consumo de 2,84 milhões de toneladas em 2019 e uma estimativa para 2025 de 3,48 milhões de toneladas (COÊLHO e XIMENES, 2020). Independente da renda familiar, algum

tipo de feijão sempre está presente nas refeições dos brasileiros, sendo essa escolha associada a características regionais. O feijão preto é mais consumido na região Sul e no estado do Rio de Janeiro, já o feijão vermelho é mais restrito a Zona da Mata de Minas (BORÉM e CARNEIRO, 2015). No Nordeste, o consumo é de *Vigna unguiculata* L.. Enquanto o feijão carioca é o mais produzido e consumido no Brasil, representando aproximadamente 79% do feijão consumido no país (CARNEIRO et al., 2012).

3.2 Melhoramento genético do feijão-comum

No melhoramento genético do feijão-comum busca-se obter genótipos que sejam altamente produtivos, resistentes a fatores bióticos e abióticos, adaptados aos ambientes de cultivos e que apresentam grãos com padrões aceitáveis no mercado consumidor (RAMALHO e SANTOS, 1982). Ou seja, o melhoramento do feijoeiro é realizado visando, simultaneamente, diversas características de interesse. Entre os tipos de grãos de feijão-comum, o do tipo carioca é destaque nos programas de melhoramento no estado e no país.

Entre as características mais importantes nesse tipo de feijão, tem-se o aspecto comercial de grãos, no qual busca-se grãos de cor creme com rajadas marrons, ambos de tonalidade clara, com fundo claro, sem halo e grãos não achatados (CARNEIRO et al., 2012). Os consumidores tendem a associar grãos de tegumento escuro com grãos velhos e de difícil cozimento, desse modo, busca-se obter cultivares de feijão carioca com escurecimento do tegumento tardio (SILVA et al., 2008). Os cultivares ANFC 9, ANFC 5, TAA Dama, BRSMG Madrepérola e IAC 2051, são classificados como genótipos de escurecimento lento (GONÇALVES, 2022), evidenciando os resultados obtidos para esse caráter nos programas de melhoramento.

Além da cor, o formato e o tamanho dos grãos são outros fatores avaliados em relação ao aspecto comercial de grãos (SILVA, 2007). Até meados de 1998, o padrão considerado para o tamanho de grão era o da cultivar Carioca, grãos entre as peneiras 11 e 12, após esse período, o padrão foi modificado com o surgimento da cultivar Pérola, tamanho médio entre as peneiras 12 e 13, o consumidor associou grãos maiores a um melhor rendimento de panela (CARBONELL et al., 2010). Esses autores destacam as peneiras 13 e 14 como sendo as mais importantes devido a atual demanda do mercado consumidor indicada pela indústria empacotadora. Enquanto que para o formato, o padrão de mercado desejável é o elíptico, sendo as formas esféricas e reniformes consideradas fora do padrão comercial.

Além do aspecto comercial de grãos, a produtividade é outra característica de extrema importância nos programas de melhoramento do feijoeiro. A cultivar Carioca, primeira cultivar

com o grão do tipo carioca, foi recomendada na década de 1970 e, na época, possuía uma produção média de 1.670 kg ha⁻¹ (ALMEIDA et al., 1971), desde então, significativos avanços para a produtividade foram obtidos. Gonçalves (2022) estimou o progresso genético para a produtividade em 27 anos de melhoramento pelos principais programas de melhoramento genético do Brasil. Ele relata um ganho anual de 0,77% a partir do lançamento da cultivar Pérola, em 1994. Isso corresponde a um aumento de 12,54 kg ha⁻¹ ao ano, evidenciando o sucesso dos programas na recomendação de cultivares com maior potencial produtivo (GONÇALVES, 2022).

O rendimento do feijão-comum é afetado por fatores abióticos (FAHAD et al., 2017) e bióticos, com destaque para ocorrência de doenças (FALLEIROS et al., 2018). Segundo Borém et al. (2017), a resistência a doenças constitui um dos principais objetivos dos programas de melhoramento da maioria das espécies agrônômicas. A utilização de cultivares resistentes aos principais patógenos que atacam o feijoeiro é a estratégia mais eficaz de manejo, reduzindo os custos de produção e os danos ao meio ambiente (FALLEIROS et al., 2018).

Gonçalves (2022) cita a antracnose e a murcha-de-fusário como as principais doenças que acometem o feijoeiro. Esse mesmo autor avaliou a evolução de cultivares de feijão carioca durante 27 anos de melhoramento da cultura no Brasil, no trabalho ele ressalta que a maioria dos genótipos avaliados mostrou reação de resistência ou moderada resistência às raças fisiológicas 65, 83 e 89 de antracnose, demonstrando o sucesso dos programas de melhoramento para o lançamento de cultivares resistentes ao patógeno.

Paulino et al. (2021) ao avaliarem 205 genótipos de origem mesoamericana quanto a resistência a murcha-de-fusário, destacaram a cultivar IAC Milênio como uma importante fonte de resistência ao patógeno, enquanto que a cultivar BRS Estilo foi suscetível. A cultivar IAC Milênio também é fonte de resistência a *Colletotrichum lindemuthianum*, fungo causador da antracnose. Isso indica a possibilidade de sua utilização como fonte de resistência para doenças importantes no feijoeiro.

Ramalho e Lambert (2004) explicam que o tempo para se obter uma nova cultivar é relativo, pois se um programa de melhoramento já está implantado, é possível recomendar uma nova cultivar a cada ano. No entanto, caso ocorra novos problemas, diferentes dos rotineiros nos programas de melhoramento, é evidente que demandará mais tempo para obter uma nova cultivar com o fenótipo de interesse. Outro aspecto refere-se ao custo de obtenção de uma nova cultivar. O recurso disponível, especialmente para culturas de subsistência, como arroz e feijão, tem sido bem inferior a culturas como soja e milho, mesmo assim, novas cultivares frequentemente chegam ao mercado.

No Brasil, o melhoramento do feijão-comum é realizado predominantemente por instituições públicas. Nesse setor, destacam-se a Universidade Federal de Viçosa (UFV), Universidade Federal de Lavras (UFLA), Instituto Agrônomo de Campinas (IAC), Embrapa Arroz e Feijão, Empresa de Pesquisa Agropecuária de Minas Gerais (EPAMIG) e Instituto de Desenvolvimento Rural do Paraná (IAPAR).

3.3 Melhoramento da arquitetura do feijoeiro

Os programas de melhoramento do feijoeiro vêm cada vez mais concentrando esforços na obtenção de plantas de porte ereto (MELO et al., 2010; FARIA et al., 2008). Plantas de porte mais ereto facilitam os tratos culturais, possibilitam a colheita mecanizada, reduz a ocorrência de doenças e diminuem as perdas na colheita, principalmente se esta coincidir com o período de chuvas (COLLICCHIO et al., 1997).

Um dos componentes mais importantes referentes ao porte é o hábito de crescimento, que pode ser agrupado, de forma geral, em determinado e indeterminado (COLLICCHIO et al., 1997; CIAT, 1979). O CIAT (1979) propõe a classificação da planta de feijão em quatro tipos (I ao IV), podendo apresentar subdivisões. O tipo I apresenta plantas de crescimento determinado, com gemas terminais reprodutivas no caule principal e nos ramos e sem produção de nós no caule principal após início da floração.

As plantas do tipo II apresentam crescimento indeterminado, com gemas terminais reprodutivas no caule principal e nos ramos e produção de nós após o início do florescimento. As guias são curtas, a planta é ereta com copa relativamente compacta e ramos eretos suportados nos nós inferiores da haste principal. No tipo III, o crescimento das plantas é indeterminado, com gemas terminais reprodutivas no caule principal e nos ramos e produção de nós após o início do florescimento. Possui guias longas e é relativamente ramificado, a planta é prostrada a ponto de se espalhar e apresenta fraca capacidade trepadora.

No tipo IV, o crescimento é indeterminado, com gemas terminais reprodutivas no caule principal e nos ramos. Engloba as plantas com grande capacidade trepadora, sendo necessário o tutoramento das plantas para máxima produção. As vagens podem ser distribuídas em toda a planta ou concentradas nos nós superiores. Busca-se obter cultivares que sejam do tipo II, com porte o mais ereto possível e com maior tolerância ao acamamento (COLLICCHIO et al., 1997). De modo que permita o emprego de tecnologias que facilitam os tratos culturais, além de viabilizar a colheita mecânica e outros benefícios já citados anteriormente (PAULA, 2021).

Nos programas de melhoramento, a avaliação do porte da planta é realizada por meio de uma escala de notas, atribuídas de forma visual, com base na parcela como um todo. Essa escala de notas foi proposta por Ramalho et al. (1998), varia de I a V, é baseada no número de hastes e ramificações, além da presença e tamanho das guias. É uma característica que sofre grande influência do ambiente, especialmente altas temperaturas e umidade (RAMALHO et al., 1998; COLLICCHIO et al., 1997), sendo importante realizar sua avaliação em diferentes safras e anos, e ser conduzida por avaliadores experientes.

A arquitetura da planta é determinada por vários caracteres morfológicos e agronômicos, sendo importante obter informações sobre o controle genético desses caracteres e suas associações, de modo que facilite na etapa de seleção (PAULA, 2021). Trabalhos pioneiros relacionado a arquitetura da planta de feijão demonstraram que esse caractere pode ser avaliado por meio de vários outros caracteres, como o hábito de crescimento, o comprimento e número de internódios (FREIRE FILHO, 1980; DAVIS e FRAZIER, 1966); número de ramificações por planta e de nós por ramificação (NIENHUIS e SINGH, 1985); altura da primeira vagem e comprimento da haste principal (SANTOS e VENCOVSKY, 1986).

O trabalho de Acquaah et al. (1991) pode ser destacado entre esses trabalhos pioneiros, uma vez que os autores identificaram como indicadores de uma planta com boa arquitetura, o diâmetro do hipocótilo, a altura da planta, o ângulo das ramificações e o número de vagens na haste principal. Sendo que os dois primeiros caracteres são destaque em trabalhos atuais na determinação da arquitetura da planta, mesmo após anos de pesquisas dessa característica e com a evolução nas técnicas de avaliação e análises. Evidenciando que eles são caracteres importantes na determinação de plantas mais eretas e que devem receber maior atenção em programas de melhoramento.

Moura et al. (2013) estudaram as relações de causa e efeito de caracteres relacionados à arquitetura de plantas com a nota atribuída às parcelas, em linhagens de feijoeiro de diferentes tipos de grãos e procedências. A partir da análise de trilha, foi possível constatar que o diâmetro do hipocótilo é um indicador de efeito direto da arquitetura de plantas do feijoeiro e pode subsidiar, ou até mesmo substituir, a avaliação por notas. Além de ser uma característica de fácil, ágil e precisa mensuração, não subjetiva e possuir alta acurácia.

Em estudos realizados por Silva et al. (2013a, 2013b) também demonstram que o diâmetro do hipocótilo é altamente correlacionado com a arquitetura de plantas. Além de que, o controle genético da nota de arquitetura e do diâmetro do hipocótilo é determinado por genes de efeito aditivo. Além disso, relatam que o uso do diâmetro do hipocótilo na avaliação da

arquitetura possibilita uma maior herdabilidade no sentido restrito e menor coeficiente de variação experimental, quando comparado com a utilização da escala de notas.

3.4 Seleção recorrente no melhoramento do feijoeiro

A seleção recorrente é definida por Borém et al. (2017) como qualquer sistema designado para aumentar gradativamente a frequência de alelos desejáveis para características quantitativas, por meio de repetidos ciclos de seleção, sem reduzir significativamente a variabilidade genética da população. No caso do feijão-comum, a seleção recorrente, além de permitir o aumento da frequência de alelos favoráveis nas populações pelo intercruzamento das melhores famílias geradas em cada ciclo, permite ao final de cada um, a obtenção de linhagens superiores (ABREU et al., 2003).

Na seleção recorrente, o método de seleção utilizado pode ser com base no indivíduo ou na família. No primeiro caso, também conhecida como seleção recorrente fenotípica, a seleção é feita considerando apenas os fenótipos dos indivíduos da população, assim, indivíduos com fenótipos semelhantes podem apresentar constituição genética distinta, de modo que nem sempre a seleção seja efetiva. Dessa forma, esse método é mais indicado para caracteres de alta herdabilidade e que a seleção visual seja eficiente. No segundo caso, tem-se a seleção recorrente com base na avaliação de famílias ou progênies, na qual é possível a avaliação em ensaios com repetições e conduzidos em diferentes ambientes, de modo que as estimativas dos valores genotípicos sejam mais precisas, uma vez que as contribuições dos efeitos ambientais, residuais e da interação genótipos x ambientes são reduzidas (CARGNIN, 2007).

No estado de Minas Gerais, o trabalho mais antigo utilizando a seleção recorrente no feijoeiro teve início em 1990, visando a obtenção de melhores linhagens com grãos do tipo carioca (RAMALHO et al., 2004). Desde então, essa estratégia tem sido bastante utilizada nos programas de melhoramento genético do feijoeiro no Brasil. Em 2018, foi recomendado uma cultivar, a BRSMG Uai, que foi obtida através do emprego da seleção recorrente, ela possui grãos do tipo carioca e plantas de arquitetura ereta (ABREU et al., 2018). Casos como esse demonstram a eficiência da seleção recorrente na obtenção de cultivares superiores.

O uso dessa estratégia contribuiu para o melhoramento de diversos caracteres importantes no feijão-comum, como redução no número de dias para o florescimento (SILVA et al., 2007), obtenção de resistência a *P. griseola* em curto período (PÁDUA et al., 2021), melhoria na arquitetura de plantas por meio da seleção indireta pelo diâmetro do hipocótilo (ANJOS et al., 2018), seleção de famílias com bom desempenho ao déficit hídrico

(GUIMARÃES et al., 2010), obtenção de cultivares com amplo espectro de resistência a antracnose (COSTA et al., 2020) e obtenção de progênies produtivas, de porte ereto e com grão tipo carioca (MENEZES JÚNIOR et al., 2008).

3.5 Progresso genético com a seleção recorrente no feijoeiro

A estimativa de progresso genético em programas de seleção recorrente é fundamental para orientar os melhoristas a respeito das estratégias seletivas utilizadas e quais as alternativas que poderão ser adotadas para ampliar a sua eficiência (MENEZES JÚNIOR et al., 2008). Existem algumas diferenças nas metodologias empregadas na estimação do progresso genético em plantas alógamas e autógamias. Em alógamas, após cada recombinação a população atinge o equilíbrio de Hardy-Weinberg, dessa forma, o progresso genético pode ser obtido pela avaliação das populações dos diferentes ciclos. Assim, basta armazenar uma amostra das populações correspondente de cada ciclo (RAMALHO, 1996).

Entretanto, em autógamias, a frequência genotípica é alterada ao longo das gerações devido a endogamia e, dependendo da ocorrência de dominância no controle do caráter, a média pode ser alterada. Dessa forma, a comparação do material recombinado entre diferentes ciclos seletivos é prejudicada, pois poderá não refletir o resultado da seleção recorrente (RAMALHO, 1996).

Uma alternativa para estimar o progresso genético em plantas autógamias é avaliar as linhagens obtidas ao final de cada ciclo seletivo (RAMALHO et al., 2012). No entanto, devido ao tempo prolongado necessário para obtenção de uma linhagem, pode-se utilizar as populações ou progênies em gerações mais avançadas de endogamia para estimar os ganhos com a seleção recorrente, especialmente para caracteres cujo controle genético é devido aos efeitos gênicos aditivos (ANJOS et al., 2018).

Dessa forma, os procedimentos comumente utilizados para comparar ciclos seletivos em plantas autógamias são a avaliação das famílias dos diferentes ciclos, utilizando testemunhas comuns nos diferentes ciclos ou a partir da avaliação simultânea das melhores famílias de cada ciclo; e, a avaliação das linhagens dos diferentes ciclos, utilizando testemunhas comuns ou a partir da avaliação simultânea das melhores linhagens de cada ciclo (RAMALHO, 1996).

No caso do feijão carioca foram obtidos ganhos genéticos significativos desde o lançamento da sua primeira cultivar, para diversos caracteres importantes. Alves et al. (2015) avaliaram simultaneamente famílias dos ciclos C_0 e ciclo C_1 , obtendo um ganho genético para produtividade de 8,6%, equivalente a 293 kg ha⁻¹. Entretanto, para severidade da mancha-

angular foi observado um acréscimo de 14,3% nas famílias do C₁ em relação às do C₀, durante a estação chuvosa, mas a severidade média da doença nos dois ciclos permitiu a classificação como moderadamente resistente. Enquanto que Arantes et al. (2010) utilizando testemunhas comuns, obtiveram um ganho de 2,3% na produtividade, por ciclo, para as progênes em relação ao C₁.

Dias (2021), quando avaliou o progresso genético entre famílias do ciclo C₀ e C₁ utilizando testemunhas comuns obteve progresso de 13% para aspecto de grãos e de 3,1% para arquitetura, ambos na geração F_{2:4}. Utilizando as melhores famílias F_{2:6} desses dois ciclos, foi conduzido um estudo de progresso genético avaliando simultaneamente essas famílias, nesse caso, o progresso obtido foi apenas para produtividade de grãos, independente da safra avaliada. Avançando ainda mais o estudo, a autora avaliou o progresso genético com base na avaliação simultânea das linhagens desses dois ciclos, obtendo um ganho para produtividade que variou de 7,1% na safra da seca/2018 a 6,3% na safra de inverno/2015, enquanto que para aspecto de grão houve ganho apenas na safra da seca/2018, de 3,2%.

Ramalho et al. (2003) avaliando as cinco melhores linhagens de cada ciclo, estimaram o progresso genético após quatro ciclos de seleção recorrente. Para a produtividade, houve um ganho de 77,7 g/3,6m² por ciclo de seleção, correspondendo a 7,4% da produtividade médias das linhagens do primeiro ciclo. Já para o aspecto de grão, o ganho de 10,5% por ciclo, em relação a nota média das famílias do ciclo C₁.

As avaliações de características por meio de escala de notas, como a severidade de doenças, o aspecto comercial de grãos e a arquitetura de plantas, possuem alguns inconvenientes: iniciam em um, podem variar de 1 a 5 ou de 1 a 9 e podem ser em ordem crescente ou decrescente do fenótipo favorável, o que resulta na alteração da média. Essa alteração faz com que a estimativa do progresso genético esteja viesada. Assim, Anjos et al. (2019) propuseram uma correção na escala de notas, que consiste em subtrair no denominador da equação o fenótipo indesejável, dessa forma, a escala de 1 a 5 ou de 1 a 9 é corrigida para uma escala de 0 a 4 ou de 0 a 8, em ordem crescente com o fenótipo favorável, proporcionando uma estimativa de progresso genético não viesada.

4 MATERIAL E MÉTODOS

4.1 Estabelecimento do programa de seleção recorrente para porte em feijão carioca

O programa de seleção recorrente para porte em feijão carioca, em curso na Universidade Federal de Viçosa (UFV), tem como principal objetivo obter linhagens de feijão carioca de porte ereto, além de outros caracteres agrônômicos de interesse. O programa teve início a partir do cruzamento de 14 genitores, divididos em dois grupos contrastantes de acordo com a arquitetura de planta, produtividade e tipo de grãos (Tabela 1), foi utilizado o esquema de dialelo parcial (6x8), sendo obtidos 48 cruzamentos.

Tabela 1. Origem, tipo de grão, tipo de planta e porte de linhagens de feijão utilizadas nos cruzamentos dialélicos por Silva et al. (2013a)

Genitor ¹	Origem	Tipo de grão	Tipo de planta	Porte
BRS Valente	Embrapa	Preto	II	Ereto
BRS Supremo	Embrapa	Preto	II	Ereto
IPR Uirapuru	IAPAR	Preto	II	Ereto
BRS Horizonte	Embrapa	Carioca	II	Ereto
CNFC 9466	Embrapa	Carioca	II	Ereto
A805	CIAT	Carioca	II	Ereto
A170	CIAT	Mulatinho	II	Ereto
A525	CIAT	Mulatinho	II	Ereto
VC6	UFV	Carioca	II/III	Semiprostrado
BRSMG Majestoso	Convênio ⁵	Carioca	II/III	Semiprostrado
BRSMG Madrepérola	Convênio ⁵	Carioca	III	Prostrado
L1 ²	UFV	Carioca	II/III	Semiprostrado
L2 ³	UFV	Carioca	III	Prostrado
L3 ⁴	UFV	Carioca	III	Prostrado

¹ Os oito primeiros genitores constituíram o grupo 1 e os demais o grupo 2, para os cruzamentos dialélicos

² Linhagem proveniente do cruzamento UTF 0013 / Rudá-R

³ Linhagem proveniente do cruzamento GEN 12-2 / Rudá-R

⁴ Linhagem proveniente do cruzamento CNFC 9437 / Rudá-R

⁵ Convênio entre UFLA, UFV, Epamig e Embrapa

4.1.1 Ciclo zero (C₀)

A partir dos efeitos de capacidade geral e específica de combinação dos caracteres nota de arquitetura de plantas (ARQ), diâmetro do hipocótilo (DH) e produtividade de grãos (PROD) dos 48 cruzamentos, foram selecionados os 20 cruzamentos biparentais mais promissores, que formaram a população base do C₀ deste programa (Tabela 2). Avaliou-se 200 plantas F₂ de cada uma das 20 populações selecionadas quanto ao DH e produtividade de grãos. As 19 plantas com maior DH de cada população foram selecionadas, totalizando 380 famílias. Essas famílias

foram avaliadas durante duas safras, no inverno de 2011 (F_{2:3}) e na seca de 2012 (F_{2:4}). Desse total, foram selecionadas as 37 melhores famílias F_{2:4} do ciclo, independente da população de origem. Plantas individuais F_{2:6} das 37 famílias foram avaliadas quanto ao DH e aspecto comercial dos grãos (AG). Associando as plantas com maiores DH e AG aceitáveis, foram selecionadas 22 das 37 famílias. E, dentro das 22 famílias, selecionou-se 116 plantas (F_{2:6}).

Tabela 2. Genitores envolvidos nos cruzamentos que deram origem às 20 populações segregantes do ciclo zero (C₀) do programa de seleção recorrente de feijão carioca para porte da UFV (POERSCH, 2013)

Número do cruzamento	Genealogia
455	BRS Valente / BRSMG Madrepérola
463	BRS Supremo / L2 ²
464	BRS Supremo / L3
471	BRS Horizonte / VC6
473	BRS Horizonte / BRSMG Madrepérola
474	BRS Horizonte / L1 ¹
476	BRS Horizonte / L3 ³
477	CNFC 9466 / VC6
479	CNFC 9466 / BRSMG Madrepérola
484	A805 / BRSMG Majestoso
485	A805 / BRSMG Madrepérola
487	A805 / L2
488	A805 / L3
489	A170 / VC6
491	A170 / BRSMG Madrepérola
493	A170 / L2
494	A170 / L3
496	A525 / BRSMG Majestoso
498	A525 / L1
499	A525 / L2

¹ Linhagem proveniente do cruzamento UTF 0013 / Rudá-R

² Linhagem proveniente do cruzamento GEN 12-2 / Rudá-R

³ Linhagem proveniente do cruzamento CNFC 9437 / Rudá-R

Essas 116 linhagens foram avaliadas quanto à ARQ, PROD e AG durante duas safras, nas águas de 2019 e na seca de 2021. A partir dos dados fenotípicos, dessas duas safras, foram selecionadas as 30 linhagens superiores, utilizando o índice de seleção distância genótipo-ideótipo (DGI) (CARVALHO et al., 2002).

As 30 linhagens superiores selecionadas constituem o material genético do C₀ utilizadas no estudo de progresso genético em um ciclo de seleção recorrente para porte em feijão carioca com base na avaliação simultânea das melhores linhagens de cada ciclo.

4.1.2 Ciclo um (C₁)

O C₁ foi iniciado a partir da seleção das quatro plantas F₂ de maior DH de cada população C₀ para recombinação, uma vez que esta variável apresenta elevada relação de causa e efeito com a nota de arquitetura de plantas e é de mais fácil e precisa mensuração em relação a avaliação da arquitetura por escala de notas (MOURA et al., 2013; SILVA et al., 2013b). Na recombinação foi utilizado um esquema de dialelo circulante, assim, obtendo-se as 20 populações para compor o C₁ (Tabela 3).

Tabela 3. Genealogia das 20 populações segregantes do ciclo um (C₁) do programa de seleção recorrente de feijão carioca para porte da UFV (ANJOS et al., 2018)

Número do cruzamento	Genealogia
501	BRS Valente / BRSMG Madrepérola // BRS Horizonte / L1 ¹
502	BRS Supremo / L2 ² // BRS Horizonte / L3 ³
503	BRS Supremo / L3 // CNFC 9466 / VC6
504	BRS Horizonte / VC6 // CNFC 9466 / BRSMG Madrepérola
505	BRS Horizonte / BRSMG Madrepérola // A805 / BRSMG Majestoso
506	BRS Horizonte / L1 // A805 / BRSMG Madrepérola
507	BRS Horizonte / L3 // A805 / L2
508	CNFC 9466 / VC6 // A805 / L3
509	CNFC 9466 / BRSMG Madrepérola // A170 / VC6
510	A805 / BRSMG Majestoso // A170 / BRSMG Madrepérola
511	A805 / BRSMG Madrepérola // A170 / L2
512	A805 / L2 // A170 / L3
513	A805 / L3 // A525 / BRSMG Majestoso
514	A170 / VC6 // A525 / L1
515	A170 / BRSMG Madrepérola // A525 / L2
516	A170 / L2 // BRS Valente / BRSMG Madrepérola
517	A170 / L3 // BRS Supremo / L2
518	A525 / BRSMG Majestoso // BRS Supremo / L3
519	A525 / L1 // BRS Horizonte / VC6
520	A525 / L2 // BRS Horizonte / BRSMG Madrepérola

¹ Linhagem proveniente do cruzamento UTF 0013 / Rudá-R

² Linhagem proveniente do cruzamento GEN 12-2 / Rudá-R

³ Linhagem proveniente do cruzamento CNFC 9437 / Rudá-R

Em cada população selecionou-se as 19 plantas F₂ de maior DH, totalizando 380 famílias. Essas famílias foram avaliadas durante duas safras, no inverno de 2012 (F_{2:3}) e na seca de 2014 (F_{2:4}), quanto aos caracteres ARQ, AG e PROD. Desse total, foram selecionadas as 49 melhores famílias F_{2:4}, independente da população de origem. Na geração F_{2:6} foram avaliadas plantas individuais em cada população quanto ao DH e AG. Dentro das 49 famílias foram selecionadas as 380 plantas que obtiveram os maiores DH e AG aceitáveis. Essas linhagens foram avaliadas na safra de inverno de 2017, quanto a ARQ, AG e PROD.

Entre essas 380 linhagens, foram selecionadas as 220 melhores, procedendo-se a sua avaliação nas águas de 2018 e na seca de 2019, quanto a ARQ, AG e PROD. A partir desses

dados foram selecionadas as 30 linhagens superiores pelo índice de seleção distância genótipo-ideótipo (DGI) (CARVALHO et al., 2002). Essas 30 linhagens constituem o material genético do C_1 utilizadas no estudo de progresso genético em um ciclo de seleção recorrente para porte em feijão carioca com base na avaliação simultânea das melhores linhagens de cada ciclo.

4.1.3 Ciclo dois (C_2)

A seleção das progênies do C_1 para a recombinação foi feita utilizando as médias BLUP's das progênies de cada população para os caracteres ARQ, AG e PROD, desse modo, selecionou-se as duas progênies de maior potencial em cada uma das 20 populações C_1 . Visando diminuir a participação de progênies de populações com baixa frequência de alelos favoráveis para os caracteres de interesse na recombinação, três populações de baixo potencial foram substituídas por progênies superiores do programa de seleção recorrente para a resistência à murcha-de-fusário, também em desenvolvimento na UFV. Na recombinação também foram incluídos 10 novos genitores nos cruzamentos. Cada um desses novos genitores foi cruzado com duas progênies do C_1 . Assim, foram obtidos os 20 cruzamentos para compor o C_2 (Tabela 4).

Foram selecionadas as 40 plantas F_2 com maior DH e PROD, associadas ao AG desejável em cada população, totalizando 800 famílias. Elas foram avaliadas na safra da seca de 2019 quanto a ARQ, PROD e AG, procedendo-se a seleção das 11 melhores famílias em cada população. As 220 famílias $F_{2:4}$ foram avaliadas na safra das águas de 2019 quanto a ARQ, PROD e AG, procedendo-se a seleção das 70 melhores famílias, independente da população de origem. Essa seleção não possibilitou a representação de todas as populações na próxima geração, para contornar esse problema foram adicionadas a melhor família das populações 638, 640 e 652, totalizando 73 famílias $F_{2:4}$ selecionadas.

Essas 73 famílias selecionadas do C_2 foram avaliadas em conjunto com as 22 melhores famílias do ciclo C_0 durante duas safras, nas águas de 2020 e na seca de 2021. A partir dos dados fenotípicos da ARQ, AG e PROD, dessas duas safras, das 73 famílias do ciclo C_2 foram selecionadas as 22 melhores, utilizando o índice de seleção distância genótipo-ideótipo (DGI) (CARVALHO et al., 2002). Essas 22 famílias selecionadas constituem o material genético do C_2 utilizadas no estudo de progresso genético em dois ciclos de seleção recorrente para porte em feijão carioca com base na avaliação simultânea das melhores famílias de cada ciclo.

Tabela 4. Genealogia das 20 populações segregantes do ciclo dois (C₂) do programa de seleção recorrente de feijão carioca para porte da UFV (PAULA, 2021)

Cruzamento	Genealogia
636	BRSMG Uai / 504 - (BRSMG Uai /// BRS Horizonte / VC6 // CNFC 9466 / BRSMG Madrepérola)
637	BRSMG Uai / 507 - (BRSMG Uai /// BRS Horizonte / L3 ³ // A805 / L2 ²)
638	BRS Estilo / 501 - (BRS Estilo /// BRS Valente / BRSMG Madrepérola // BRS Horizonte / L1 ¹)
639	BRS Estilo / 502 - (BRSEstilo /// BRS Supremo / L2 // BRS Horizonte / L3)
640	Cometa / 511 - (Cometa /// A805 / BRSMG Madrepérola // A170 / L2)
641	Cometa / Tratamento 5 Exp K Inverno 2016 (Cometa /// Fus005)
642	Campos Gerais / 505 (Campos Gerais /// BRS Horizonte / BRSMG Madrepérola // A805 / BRSMG Majestoso)
643	Campos Gerais / 506 (Campos Gerais /// BRS Horizonte / L1 // A805 / BRSMG Madrepérola)
644	Alvorada / 513 - (Alvorada /// A805 / L3 // A525 / BRSMG Majestoso)
645	Alvorada / 508 - (Alvorada /// CNFC 9466 / VC6 // A805 / L3)
646	Bem-te-vi / 516 - (Bem-te-vi /// A170 / L2 // BRS Valente / BRSMG Madrepérola)
647	Bem-te-vi / 509 - (Bem-te-vi /// CNFC 9466 / BRSMG Madrepérola // A170 / VC6)
648	CNFCMG 126M / 512 - (CNFCMG 126M /// A805 / L2 // A170 / L3)
649	CNFCMG 126M / Tratamento 124 Exp K Inverno 2016 - (CNFCMG 126M /// Fus124)
650	RPC VII-I / 503 - (RPC VII-I /// BRS Supremo / L3 // CNFC 9466 / VC6)
651	RPC VII-I / 520 - (RPC VII-I /// A525 / L2 // BRS Horizonte / BRSMG Madrepérola)
652	CNFCMG 198D / 514 - (CNFCMG 198D /// A170 / VC6 // A525 / L1)
653	CNFCMG 198D / 519 - (CNFCMG 198D /// A525 / L1 // BRS Horizonte / VC6)
654	CNFCMG 134M / Tratamento 69 Exp K Inverno 2016 - (CNFCMG /// Fus069)
655	CNFCMG 134M / 510 - (CNFCMG 134M /// A805 / BRSMG Majestoso // A170 / BRSMG Madrepérola)

¹ Linhagem proveniente do cruzamento UTF 0013 / Rudá-R

² Linhagem proveniente do cruzamento GEN 12-2 / Rudá-R

³ Linhagem proveniente do cruzamento CNFC 9437 / Rudá-R

4.2 Progresso genético em um ciclo de seleção recorrente com base em linhagens

Para estimar o progresso genético em um ciclo de seleção recorrente, as 30 linhagens selecionadas do C₀ e C₁ foram avaliadas em conjunto durante duas safras, na seca e no inverno de 2022. Foram incluídas como testemunhas as cultivares BRSMG Madrepérola, BRS Pérola, BRSMG Zape, BRS Estilo e BRSMG UAI.

O experimento foi conduzido na Unidade de Ensino, Pesquisa e Extensão de Coimbra (UEPE), do Departamento de Agronomia da UFV, no município de Coimbra - MG, situado a 20°49'S de latitude, 42°45'W de longitude e 720 metros de altitude. O delineamento experimental foi em blocos casualizados, com três repetições e 65 tratamentos (30 linhagens C₀ + 30 linhagens C₁ + 5 testemunhas). As parcelas foram constituídas de duas linhas de dois metros de comprimento, espaçadas a 0,45m. A adubação e os tratos culturais adotados foram os recomendados para a cultura do feijoeiro na região (CARNEIRO et al., 2015).

Os caracteres avaliados foram: arquitetura de planta (ARQ), em nível de parcela, de acordo com escala de notas sugerida por Collicchio (1995) (Tabela 5); aspecto comercial de grãos (AG), por meio da uma escala de notas proposta por Ramalho et al. (1998) (Tabela 6); altura média do dossel das plantas (AMP), obtida a partir de três medições da altura do dossel das plantas em três pontos distintos da parcela, com auxílio de uma régua milimetrada, em cm; e, produtividade de grãos (PROD), obtida após a colheita, trilhagem, retirada das impurezas e pesagem dos grãos produzidos por parcela. Os valores foram convertidos para quilogramas por hectare (kg ha⁻¹).

Tabela 5. Descrição da escala de notas de arquitetura de plantas, adaptada de Collicchio (1995)

Nota	Descrição
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 III, semi-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 internódios longos e muito prostrada

Tabela 6. Descrição da escala de notas de aspecto de grãos, adaptada de Ramalho et al. (1998)

Nota	Descrição
1	Típico grão carioca, cor creme com estrias marrom-claras, fundo claro, sem halo, grãos não achatados
2	Grãos do tipo carioca com deficiência em uma característica referente ao padrão
3	Grãos do tipo carioca com deficiência em duas características referente ao padrão
4	Grãos do tipo carioca com deficiência em três características referente ao padrão
5	Grãos fora do padrão do tipo carioca

Os dados de ARQ, AG, AMP e PROD foram submetidos a análise de variância individuais, segundo o modelo apresentado a seguir, considerando o efeito de média e genótipos como fixos e os efeitos de blocos e o erro como aleatórios:

$$Y_{ij} = \mu + g_i + b_j + e_{ij}$$

Em que:

Y_{ij} : observação referente ao i -ésimo genótipo ($i = 1, 2, \dots, 65$), no j -ésimo bloco ($j = 1, 2, 3$);

μ : média geral do experimento;

g_i : efeito do genótipo i ;

b_j : efeito do bloco j , sendo $b_j \sim \text{NID}(0, \sigma_b^2)$;

e_{ij} : erro associado a observação Y_{ij} , sendo $e_{ij} \sim \text{NID}(0, \sigma_e^2)$.

Para as características comuns às duas safras foram realizadas análises conjuntas, segundo o modelo apresentado a seguir, considerando o efeito de média e genótipos como fixos e os efeitos de blocos, ambientes (safras) e o erro como aleatórios:

$$Y_{ijk} = \mu + (b/a)_{jk} + g_i + a_j + g_{a_{ij}} + e_{ijk}$$

Em que:

Y_{ijk} : observação no k -ésimo bloco ($k = 1, 2, 3$), avaliada no i -ésimo genótipo ($i = 1, 2, \dots, 65$), no j -ésimo ambiente ($j = 1, 2$);

μ : média geral do experimento;

$(b/a)_{jk}$: efeito do bloco k dentro do ambiente j ;

g_i : efeito do genótipo i ;

a_j : efeito do ambiente j , sendo $a_j \sim \text{NID}(0, \sigma_a^2)$;

$g_{a_{ij}}$: efeito da interação do i -ésimo genótipo ($i = 1, 2, \dots, 65$), no j -ésimo ambiente ($j = 1, 2$), sendo $g_{a_{ij}} \sim \text{NID}(0, \sigma_{ga}^2)$;

e_{ijk} : erro aleatório associado a observação Y_{ijk} , sendo $e_{ijk} \sim \text{NID}(0, \sigma_e^2)$.

O coeficiente de variação experimental (CV%) para os caracteres ARQ e AG foram estimados utilizando-se o método proposto por Anjos et al. (2019), de forma que o viés associado a utilização de escala de notas para avaliação fosse eliminado, dado por:

$$CV(\%) = \frac{100 * \sqrt{QMR}}{|\bar{x}_0 - u|}$$

Em que:

CV(%): é o coeficiente de variação experimental, em porcentagem;

QMR: é o quadrado médio do resíduo;

\bar{x}_0 : é a média geral das notas da característica;

u : é o valor numérico da nota atribuída ao fenótipo indesejável.

Para a AMP e PROD, o CV% foi estimado desconsiderando u, visto que essas características não são avaliadas por escala de notas.

As médias fenotípicas das linhagens foram comparadas às médias das testemunhas BRSMG UAI, BRSMG Madrepérola e BRSMG Zape, pelo teste de Dunnett (DUNNETT, 1955), a 5% de probabilidade. A testemunha BRSMG UAI caracteriza-se por apresentar plantas de arquitetura ereta adaptada a colheita mecânica direta; a testemunha BRSMG Madrepérola caracteriza-se por apresentar aspecto comercial de grãos desejável, com escurecimento tardio da cor do tegumento; e, a testemunha BRSMG Zape possui alto potencial produtivo.

Foram realizadas análises de correlações simples e parciais entre os pares de caracteres.

As médias de notas de ARQ, AG, AMP e PROD das linhagens do C₀ e C₁ foram utilizadas para estimar o progresso genético obtido para cada característica em cada safra. As estimativas foram obtidas por meio da metodologia proposta por Anjos et al. (2019) de forma a eliminar o viés associado a utilização de escala de notas na avaliação, dado por:

$$PG (\%) = \left(\frac{\bar{x}_{c_1} - \bar{x}_{c_0}}{|\bar{x}_{c_0} - u|} \right) * 100$$

Em que:

PG (%): é o progresso genético em porcentagem;

\bar{x}_{c_0} : é a média das 30 linhagens do C₀;

\bar{x}_{c_1} : é a média das 30 linhagens do C₁;

u: é o valor numérico da nota atribuída ao fenótipo indesejável.

As análises estatísticas foram realizadas com o auxílio do programa GENES (CRUZ, 2013).

4.3 Progresso genético em dois ciclos de seleção recorrente com base em famílias

Para estimar o progresso genético em dois ciclos de seleção recorrente, as 22 famílias selecionadas do C₀ e C₂ foram avaliadas em conjunto durante duas safras, na seca e no inverno de 2022. Foram incluídas como testemunhas as cultivares BRSMG Madrepérola, BRS Pérola, BRSMG Zape, BRS Estilo e BRSMG UAI.

O experimento foi conduzido na UEPE, do Departamento de Agronomia da UFV, no município de Coimbra - MG. O delineamento experimental foi em blocos casualizados, com três repetições e 49 tratamentos (22 famílias C₀ + 22 famílias C₂ + 5 testemunhas). As parcelas foram constituídas de duas linhas de dois metros de comprimento, espaçadas a 0,45m. A adubação e os tratos culturais adotados foram os recomendados para a cultura do feijoeiro na

região (CARNEIRO et al., 2015). Os caracteres avaliados foram: ARQ, AG, AMP e PROD, conforme detalhado no tópico 4.2.

Os dados de ARQ, AG, AMP e PROD foram submetidos a análise de variância individuais, segundo o modelo apresentado a seguir, considerando o efeito de média e genótipos como fixos e os efeitos de blocos e o erro como aleatórios:

$$Y_{ij} = \mu + g_i + b_j + e_{ij}$$

Em que:

Y_{ij} : observação referente ao i -ésimo genótipo ($i = 1, 2, \dots, 49$), no j -ésimo bloco ($j = 1, 2, 3$);

μ : média geral do experimento;

g_i : efeito do genótipo i ;

b_j : efeito do bloco j , sendo $b_j \sim \text{NID}(0, \sigma_b^2)$;

e_{ij} : erro associado a observação Y_{ij} , sendo $e_{ij} \sim \text{NID}(0, \sigma_e^2)$.

Para as características comuns às duas safras foram realizadas análises conjuntas, segundo o modelo apresentado a seguir, considerando o efeito de média e genótipos como fixos e os efeitos de blocos, ambientes (safras) e o erro como aleatórios:

$$Y_{ijk} = \mu + (b/a)_{jk} + g_i + a_j + ga_{ij} + e_{ijk}$$

Em que:

Y_{ijk} : observação no k -ésimo bloco ($k = 1, 2, 3$), avaliada no i -ésimo genótipo ($i = 1, 2, \dots, 49$), no j -ésimo ambiente ($j = 1, 2$);

μ : média geral do experimento;

$(b/a)_{jk}$: efeito do bloco k dentro do ambiente j ;

g_i : efeito do genótipo i ;

a_j : efeito do ambiente j , sendo $a_j \sim \text{NID}(0, \sigma_a^2)$;

ga_{ij} : efeito da interação do i -ésimo genótipo ($i = 1, 2, \dots, 65$), no j -ésimo ambiente ($j = 1, 2$), sendo $ga_{ij} \sim \text{NID}(0, \sigma_{ga}^2)$;

e_{ijk} : erro aleatório associado a observação Y_{ijk} , sendo $e_{ijk} \sim \text{NID}(0, \sigma_e^2)$.

O CV% para os caracteres ARQ e AG foram estimados utilizando-se o método proposto por Anjos et al. (2019), conforme detalhado no tópico 4.2. Para a AMP e PROD, o CV% foi estimado desconsiderando u , visto que essas características não são avaliadas por escala de notas.

As médias fenotípicas das famílias selecionadas foram comparadas às médias das testemunhas BRS Estilo e BRSMG Madrepérola, pelo teste de Dunnett (DUNNETT, 1955), a 5% de probabilidade. A testemunha BRS Estilo caracteriza-se por apresentar arquitetura ereta e alto potencial produtivo.

Foram realizadas análises de correlações simples e parciais entre os pares de caracteres.

As médias de notas de ARQ, AG, AMP e PROD das famílias do C₀ e C₂ foram utilizadas para estimar o progresso genético obtido para cada característica em cada safra. As estimativas foram obtidas por meio da metodologia proposta por Anjos et al. (2019) de forma a eliminar o viés associado a utilização de escala de notas na avaliação, dado por:

$$PG (\%) = \left(\frac{\bar{x}_{c_2} - \bar{x}_{c_0}}{|\bar{x}_{c_0} - u|} \right) * 100$$

Em que:

PG (%): é o progresso genético em porcentagem;

\bar{x}_{c_0} : é a média das 22 famílias do C₀;

\bar{x}_{c_2} : é a média das 22 famílias do C₂;

u: é o valor numérico da nota atribuída ao fenótipo indesejável.

As análises estatísticas foram realizadas com o auxílio do programa GENES (CRUZ, 2013).

5 RESULTADOS E DISCUSSÃO

5.1 Progresso genético de um ciclo de seleção recorrente com base em linhagens

Na safra da seca, o CV% variou de 13,20% para PROD a 8,76% para a ARQ (Tabela 7) e, na safra de inverno, a amplitude foi de 13,20% para a ARQ a 8,61% para a AMP (Tabela 8). Esses CV's% obtidos, em ambas as safras, são semelhantes aos de outros estudos dessa natureza com a cultura do feijão no estado de Minas Gerais (ANJOS et al., 2018; ALVES et al., 2015; MOURA et al., 2013). E, situam-se abaixo de 20%, indicando boa precisão experimental (PIMENTEL-GOMES, 1990).

Na safra da seca, houve efeito significativo ($p < 0,05$) de genótipos e seus desdobramentos (linhagens, linhagens do C₀, linhagens do C₁ e testemunhas) para quase todos os caracteres avaliados, com exceção da produtividade nas testemunhas, indicando variabilidade tanto entre as linhagens do C₀ quanto entre as do C₁. O contraste LC₀ vs LC₁ foi significativo ($p < 0,05$) para o AG e a PROD, enquanto o contraste L vs T não obteve significância apenas para o AG (Tabela 7). Assim, as linhagens do C₁ apresentaram desempenho distinto das linhagens do C₀ para AG e PROD, havendo um aumento na média do AG e uma redução na média de PROD. Ou seja, as linhagens do C₀ apresentaram grãos com aspecto comercial superiores aos grãos das linhagens do C₁ e também foram mais produtivas.

Tabela 7. Resumo das análises de variância individuais referente a arquitetura de plantas (ARQ), aspecto comercial de grãos (AG), altura média do dossel das plantas, em cm (AMP) e produtividade de grãos (kg ha⁻¹) (PROD) das 30 melhores linhagens de cada ciclo (C₀ e C₁), avaliadas simultaneamente na safra da seca de 2022, Coimbra – MG

FV	GL	Quadrados Médios			
		ARQ	AG	AMP	PROD
Blocos	2	1,4445	0,2346	254,7361	18238195,7136
Genótipos (G)	64	0,4387**	0,6062**	42,7674**	527204,5362**
Linhagens (L)	59	0,1974**	0,5940**	35,5576**	462083,1025**
LC ₀	29	0,1992**	0,3950**	40,4789**	379688,4184**
LC ₁	29	0,1964**	0,7613**	31,2684*	487068,4231**
LC ₀ vs LC ₁	1	0,1680 ^{ns}	1,5125**	17,2236 ^{ns}	2126954,6420**
Testemunhas (T)	4	2,0145**	0,9333**	104,7763**	114238,0576 ^{ns}
L vs T	1	8,3760**	0,0180 ^{ns}	220,1130**	6021235,0427**
Resíduo	128	0,0747	0,1096	18,7893	149511,8130
Média dos genótipos		1,88	2,40	43,56	2928
Médias das linhagens C₀		1,85	2,31	44,18	2986
Média das linhagens C₁		1,79	2,49	43,56	2768
Média das testemunhas		2,60	2,36	39,88	3537
CV (%)		8,76 ¹	12,73 ¹	9,94	13,20

ns, ** e *. Não significativo e significativo a 1% e 5% de probabilidade, respectivamente, pelo teste F.

¹CV(%) corrigido de acordo com o método proposto por Anjos et al. (2019).

Na safra de inverno, foi detectado significância ($p < 0,05$) de genótipos e seus desdobramentos (linhagens, linhagens do C_0 , linhagens do C_1 e testemunhas) para quase todos os caracteres avaliados, exceto para o AG nas testemunhas, indicando a presença de variabilidade tanto entre as linhagens do C_0 quanto entre as do C_1 . Os contrastes LC_0 vs LC_1 e L vs T foram significativos ($p < 0,05$) para todos os caracteres avaliados (Tabela 8). Desse modo, as linhagens do C_1 em relação as linhagens do C_0 são, em média, mais eretas, possuem melhores aspectos comerciais de grãos e altura média do dossel das plantas, e são mais produtivas.

Na safra de inverno, pode-se observar que as linhagens do C_1 foram superiores as linhagens do C_0 para todos os caracteres avaliados, diferentemente do que ocorreu na safra da seca, na qual mesmo os caracteres cujo o contraste LC_0 vs LC_1 foi significativo, houve superioridade das linhagens do C_0 em relação as linhagens do C_1 .

Tabela 8. Resumo das análises de variância individuais referente a arquitetura de plantas (ARQ), aspecto comercial de grãos (AG), produtividade de grãos (kg ha^{-1}) (PROD) e altura média do dossel das plantas, em cm (AMP) das 30 melhores linhagens de cada ciclo (C_0 e C_1), avaliadas simultaneamente na safra do inverno de 2022, Coimbra – MG

FV	GL	Quadrados Médios			
		ARQ	AG	AMP	PROD
Blocos	2	0,0375	0,5346	7,0500	1850425,0838
Genótipos (G)	64	0,6830**	0,4701**	64,4840**	719714,7253**
Linhagens (L)	59	0,3197**	0,4890**	38,1956**	666023,5252**
LC₀	29	0,3433**	0,1705**	36,5734**	383242,3582*
LC₁	29	0,2303*	0,7892**	38,2053**	891699,6272**
LC₀ vs LC₁	1	2,2222**	1,0125**	84,9544*	2322070,4088**
Testemunhas (T)	4	0,9958**	0,1666 ^{ns}	200,4537**	525144,4115*
L vs T	1	20,8722**	0,5693*	1071,6234**	4665776,7882**
Resíduo	128	0,1416	0,0893	12,7541	206630,8245
Média dos genótipos		2,15	2,14	41,45	5019
Médias das linhagens C₀		2,16	2,21	41,44	4861
Média das linhagens C₁		1,94	2,05	42,81	5088
Média das testemunhas		3,28	2,33	33,33	5555
CV (%)		13,20 ¹	10,45 ¹	8,61	9,05

ns, ** e *: Não significativo e significativo a 1% e 5% de probabilidade, respectivamente, pelo teste F.

¹CV(%) corrigido de acordo com o método proposto por Anjos et al. (2019).

Nos ambientes de cultivo, um mesmo genótipo pode se expressar de maneiras distintas em razão das variações no ambiente, em alguns casos, ocorrendo completa alteração no desempenho do genótipo de um ambiente para o outro. A interação genótipos x safras e seus desdobramentos $L \times S$ e $(LC_0 \text{ vs } LC_1) \times S$ foram significativos para todos os caracteres avaliados (Tabela 9), o que indica desempenhos diferentes das linhagens nas safras avaliadas e que em

uma safra as linhagens de um ciclo foram superiores, enquanto na outra safra, houve superioridade das linhagens do outro ciclo.

Na análise conjunta das safras (Tabela 9) observou-se significância de genótipos ($p < 0,01$) e seus desdobramentos (linhagens, linhagens do C_0 , linhagens do C_1 e testemunhas) para quase todos os caracteres, com exceção da PROD nas testemunhas, indicando a existência de variabilidade entre os genótipos avaliados. Em contrapartida, não houve efeito do contraste LC_0 vs LC_1 para todos caracteres em estudo, assim, considerando as safras em conjunto, as linhagens do C_0 e C_1 apresentaram o mesmo desempenho para todos os caracteres estudados.

A variância genética observada na análise conjunta é estimada considerando a média das variâncias genéticas nos vários ambientes, subtraída a interação. Por esta razão, apesar de ser detectada variabilidade genética nos vários ambientes, na análise conjunta essa variabilidade é nula (CRUZ et al., 2012). Assim, como a interação (LC_0 vs LC_1) x S foi significativa para todos os caracteres estudados e houve grande variação dos dados entre as duas safras consideradas, infere-se que a variabilidade desse contraste foi consumida na análise conjunta, de modo que não ocorreu efeito significativo para nenhum dos caracteres em questão.

Na safra da seca houve incidência de doenças como mofo-branco (*Sclerotinia sclerotiorum*) e mancha-angular (*Pseudocercospora griseola*) que interferiram no desenvolvimento da cultura, mesmo realizando o controle dessas doenças. Tais condições são refletidas nos resultados obtidos, como no caractere produtividade de grãos, que é controlado por um grande número de genes e sofre muita influência do ambiente, assim, observa-se que a média desse caractere na seca para os genótipos foi quase a metade do obtido no inverno (Tabelas 9 e 10). Como a interação (LC_0 vs LC_1) x S foi significativa para a produtividade de grãos, tem-se que as linhagens mais produtivas na safra seca podem não ser as mais produtivas na safra de inverno, o que dificulta a seleção de linhagens considerando os dois ambientes simultaneamente.

Tabela 9. Resumo das análises de variância conjuntas referente a arquitetura de plantas (ARQ), aspecto comercial de grãos (AG), produtividade de grãos (kg ha⁻¹) (PROD) e altura média do dossel das plantas, em cm (AMP) das 30 melhores linhagens de cada ciclo (C₀ e C₁), avaliadas simultaneamente na seca e no inverno de 2022, Coimbra – MG

FV	GL	Quadrados Médios			
		ARQ	AG	AMP	PROD
Blocos/Safra	4	0,7410	0,3846	130,8931	10044310,3987
Genótipos (G)	64	0,9455**	0,8222**	83,9393**	885191,7443**
Linhagens (L)	59	0,3752**	0,8288**	52,8340**	756897,8158**
LC₀	29	0,3941**	0,3659**	55,3649**	495966,7706**
LC₁	29	0,3068**	1,3193**	51,6821**	1043854,9832**
LC₀ vs LC₁	1	1,8062 ^{ns}	0,0250 ^{ns}	12,8368 ^{ns}	2140,2714 ^{ns}
Testemunhas (T)	4	2,6333**	0,8833**	280,8426**	337860,4732 ^{ns}
L vs T	1	27,8463**	0,1923 ^{ns}	1131,5413**	10643858,6112**
Safras (S)	1	7,0001*	6,2826 ^{ns}	436,1500 ^{ns}	426459047,1212**
G x S	64	0,1762**	0,2540**	23,3121*	361727,5173**
L x S	59	0,1419*	0,2542**	20,9192*	371208,8119**
LC₀ x S	29	0,1484 ^{ns}	0,1996**	21,6874 ^{ns}	266964,0060 ^{ns}
LC₁ x S	29	0,1200 ^{ns}	0,2312**	17,7915 ^{ns}	334913,0672**
(LC₀ vs LC₁) x S	1	0,5840*	2,500**	89,3412*	4446884,7793**
T x S	4	0,3770**	0,2166 ^{ns}	24,3874 ^{ns}	301521,9958 ^{ns}
(L vs T) x S	1	1,4019**	0,3950*	160,1952**	43153,2197 ^{ns}
Resíduo	256	0,1082	0,0994	15,7717	178071,3187
Média dos genótipos		2,01	2,27	42,51	3974
Médias das linhagens C₀		2,00	2,25	42,81	3923
Média das linhagens C₁		1,86	2,27	43,19	3928
Média das testemunhas		2,94	2,35	36,61	4546
CV (%)		11,00 ¹	11,55 ¹	9,34	10,61

ns, ** e *. Não significativo e significativo a 1% e 5% de probabilidade, respectivamente, pelo teste F.

¹CV(%) corrigido de acordo com o método proposto por Anjos et al. (2019).

A média de ARQ das linhagens variou de 2,83 a 1,58, na safra da seca, enquanto na safra de inverno, variou de 2,92 a 1,50, já a cultivar BRSMG UAI, que se caracteriza por apresentar plantas de arquitetura ereta, obteve uma média de 1,60 na safra da seca e de 2,40 na safra de inverno (Tabela 10). Ressalta-se que a arquitetura de plantas é avaliada em uma escala de notas variando de 1 a 5, sendo a nota 1 referente ao fenótipo favorável, por representar uma planta do tipo II, ereta e inserção alta das primeiras vagens, entretanto, plantas com nota até 3 de arquitetura ainda são consideradas promissoras, a partir disso, tem-se plantas com arquitetura que dificultam a colheita mecânica. Portanto, constata-se que todas as linhagens apresentaram nota de arquitetura menor que 3, ou seja, são consideradas como promissoras.

Quanto ao AG, ele também é um caractere avaliado por escala de notas, sendo que as linhagens com grãos que recebem nota superior a 3 não são desejáveis do ponto de vista comercial. Observa-se que na safra da seca, a média das linhagens variou de 3,33 a 1,50 (Tabela 10), portanto, há algumas linhagens que não apresentaram padrão de grãos desejáveis comercialmente, sendo que quarenta apresentaram desempenho semelhante ao da cultivar

BRSMG Madrepérola, cuja média foi de 1,83. Na safra de inverno, obteve-se linhagens com ótimos aspectos comercial de grãos, apresentando uma média máxima de 2,83. A cultivar BRSMG Madrepérola possui excelente aspecto comercial de grãos, assim, em ambas as safras é possível selecionar linhagens tão boas quanto ela.

Para a PROD, a média das linhagens variou de 4103 a 2111 kg ha⁻¹ na safra da seca e de 6251 a 3881 kg ha⁻¹ na safra de inverno (Tabela 10), enquanto a cultivar BRSMG Zape, que possui alto potencial produtivo, produziu, em média, 3662 kg ha⁻¹ na safra da seca e 6177 kg ha⁻¹ na safra de inverno. Na safra da seca, do total de linhagens tão produtivas quanto a testemunha, mais da metade são do C₀, enquanto na safra de inverno, mais da metade são do C₁, o que era esperado devido a significância do contraste LC₀ vs LC₁ nas análises individuais (Tabelas 7 e 8).

Tabela 10. Médias de arquitetura de plantas (ARQ), aspecto comercial de grãos (AG), e produtividade (kg ha⁻¹) (PROD) das 30 melhores linhagens de cada ciclo (C₀ e C₁), avaliadas simultaneamente na seca e inverno de 2022, Coimbra - MG

Genótipos	ARQ		AG		PROD	
	Seca	Inverno	Seca	Inverno	Seca	Inverno
1 - C ₀	1,75 a	1,83 a	2,50 b	2,16 b	2740 c	4629
2 - C ₀	1,91 a	1,75 a	2,16 b	2,00 b	2974 c	4907
3 - C ₀	1,83 a	2,33 a	3,00	2,50 b	2859 c	5633 c
4 - C ₀	1,66 a	1,83 a	2,33 b	2,16 b	3359 c	5466 c
5 - C ₀	1,66 a	1,91 a	2,50 b	2,50 b	2496	4451
6 - C ₀	1,66 a	2,41 a	2,00 b	2,00 b	3111 c	5448 c
7 - C ₀	1,91 a	2,91 a	1,83 b	2,00 b	2977 c	5070
8 - C ₀	1,66 a	1,83 a	2,50 b	2,00 b	3050 c	4814
9 - C ₀	1,75 a	2,91 a	2,50 b	2,50 b	3044 c	4403
10 - C ₀	1,75 a	2,08 a	2,66	2,00 b	3355 c	5485 c
11 - C ₀	1,83 a	2,08 a	2,16 b	2,16 b	2962 c	5166 c
12 - C ₀	2,66	2,33 a	2,16 b	2,50 b	2522	3918
13 - C ₀	1,83 a	1,83 a	2,66	2,00 b	2996 c	4792
14 - C ₀	1,58 a	2,08 a	1,83 b	2,00 b	3018 c	4814
15 - C ₀	1,66 a	1,83 a	2,5 b	2,33 b	2359	4825
16 - C ₀	1,58 a	1,83 a	2,16 b	2,16 b	2485	4474
17 - C ₀	1,75 a	1,91 a	2,16 b	2,50 b	3170 c	4955
18 - C ₀	1,83 a	2,33 a	2,00 b	2,50 b	4103 c	4533
19 - C ₀	2,08 a	2,83 a	2,33 b	2,16 b	2737 c	4629
20 - C ₀	1,66 a	2,33 a	2,00 b	2,00 b	3177 c	4925
21 - C ₀	1,75 a	1,83 a	2,16 b	2,16 b	2977 c	4970
22 - C ₀	2,25	2,41 a	2,83	1,83 b	3403 c	4592
23 - C ₀	2,00 a	2,25 a	2,66	2,00 b	2744 c	4700
24 - C ₀	1,58 a	1,91 a	2,00 b	2,50 b	2611	4918
25 - C ₀	2,08 a	2,33 a	3,00	2,66 b	2855 c	4907
26 - C ₀	2,50	2,66 a	2,16 b	2,16 b	3229 c	4896
27 - C ₀	1,91 a	2,25 a	2,16 b	2,33 b	3338 c	5077
28 - C ₀	1,66 a	2,00 a	2,83	2,50 b	3037 c	4877
29 - C ₀	1,75 a	2,00 a	2,00 b	2,00 b	3285 c	4914

Continua...

Tabela 10. Continuação

30 - C₀	2,00 a	2,08 a	1,50 b	1,83 b	2603	4640
31 - C₁	2,00 a	2,33 a	2,50 b	1,50 b	2544	5174 c
32 - C₁	1,58 a	1,83 a	2,83	1,50 b	3374 c	6251 c
33 - C₁	2,08 a	1,66 a	2,00 b	1,50 b	2507	5199 c
34 - C₁	1,75 a	1,66 a	2,50 b	1,83 b	3062 c	5074
35 - C₁	1,58 a	2,00 a	2,83	1,50 b	3492 c	5614 c
36 - C₁	1,66 a	2,25 a	1,66 b	1,50 b	2911 c	5274 c
37 - C₁	1,66 a	1,91 a	2,33 b	2,33 b	3174 c	5318 c
38 - C₁	1,58 a	2,16 a	3,00	2,33 b	2944 c	5811 c
39 - C₁	1,91 a	2,00 a	1,83 b	1,50 b	2451	4903
40 - C₁	1,58 a	1,91 a	2,00 b	1,50 b	2111	4851
41 - C₁	1,75 a	1,83 a	1,66 b	1,50 b	2433	4592
42 - C₁	1,75 a	1,66 a	2,00 b	2,00 b	2844 c	4944
43 - C₁	1,75 a	1,91 a	1,66 b	1,50 b	2888 c	5748 c
44 - C₁	1,58 a	1,66 a	3,00	2,83	2625	4422
45 - C₁	1,83 a	2,16 a	2,33 b	1,50 b	2440	5848 c
46 - C₁	2,08 a	1,83 a	2,00 b	1,50 b	3262 c	5096 c
47 - C₁	2,00 a	1,91 a	2,66	2,16 b	3325 c	4785
48 - C₁	1,58 a	1,66 a	3,33	2,83	3566 c	6129 c
49 - C₁	1,58 a	1,83 a	3,33	2,66 b	2518	4718
50 - C₁	1,66 a	2,08 a	2,00 b	1,50 b	2325	4733
51 - C₁	1,66 a	2,00 a	3,00	2,66 b	3014 c	4762
52 - C₁	1,91 a	1,50	2,50 b	2,16 b	2155	3881
53 - C₁	1,75 a	2,16 a	3,00	2,50 b	2507	4740
54 - C₁	1,66 a	2,33 a	2,50 b	2,16 b	2914 c	5237 c
55 - C₁	1,91 a	1,58 a	2,83	2,33 b	2129	5037
56 - C₁	2,83	2,83 a	2,66	2,50 b	2959 c	4455
57 - C₁	1,58 a	1,66 a	2,50 b	2,66 b	2929 c	5351 c
58 - C₁	1,91 a	1,91 a	3,33	2,50 b	2581	4748
59 - C₁	1,91 a	2,08 a	2,66	2,33 b	2459	4348
60 - C₁	1,58 a	1,91 a	2,33 b	2,83	2607	5603 c
61 - BRSMG Zape	2,25	3,33	1,83	2,33	3662 c	6177 c
62 - BRSMG UAI	1,58 a	2,41 a	3,16	2,66	3607	5685
63 - BRS Estilo	2,33	3,50	2,50	2,33	3288	5500
64 - BRSMG Madrepérola	3,66	4,00	1,83 b	2,00 b	3748	5048
65 - BRS Pérola	3,16	3,16	2,50	2,33	3377	5366

Médias seguidas pela mesma letra na coluna não diferem da testemunha padrão para a variável em questão (BRSMG UAI para ARQ, BRSMG Madrepérola para AG e BRSMG Zape para PROD), pelo teste de Dunnett a 5% de probabilidade.

As médias das linhagens foram classificadas em ordem crescente para ARQ e AG e em ordem decrescente para AMP e PROD, visando verificar a quantidade de linhagens de cada ciclo entre as 10 (10+) e as 30 (30+) linhagens com melhor arquitetura de plantas, melhor aspecto comercial de grãos, maior altura média do dossel de plantas e maiores produtividades, em cada safra.

Para a ARQ, observou-se que as linhagens do C₁ estiveram em maior quantidade em relação as linhagens do C₀, em ambas as classificações e safras, sendo que na classificação das 10+, as linhagens do C₁ representaram 80% das linhagens com melhores arquiteturas, tanto na

safrada seca quanto na safra de inverno (Tabela 11). Esse resultado evidencia o potencial das linhagens do C₁ em apresentar plantas mais eretas.

Para o AG, resultados distintos foram observados em decorrência da classificação e da safra. Nas 30+, na safra da seca, as linhagens do C₀ representaram 60% do total, enquanto na safra do inverno foram obtidas porcentagens iguais de linhagens do C₀ e do C₁. Já para a classificação das 10+, na safra da seca, cada ciclo contribui com cinco linhagens. Enquanto na safra de inverno, as 10+ foram compostas exclusivamente por linhagens do C₁.

Para a AMP, as linhagens do C₀ apresentaram-se em maior quantidade em relação as linhagens do C₁, considerando as 30+ na safra da seca, sendo que na safra de inverno quantidades iguais de linhagens de ambos os ciclos foram incluídas nessa classificação. Nas 10+, na safra da seca, 60% do total foi representado por linhagens do C₀, enquanto no inverno, 60% do total foi representado por linhagens do C₁.

Em relação a PROD, considerando a safra da seca, tanto na classificação das 30+ quanto nas 10+, as linhagens do C₀ foram incluídas em maior quantidade, representando mais de 60% das linhagens mais produtivas nessa safra. Em contrapartida, na safra de inverno, observa-se que nas 30+, mais da metade das linhagens mais produtivas pertencem ao C₁, enquanto nas 10+, essa porcentagem chega a 70%.

Tabela 11. Número de linhagens por ciclo entre as 10 (10⁺) e 30 (30⁺) melhores classificadas para arquitetura de plantas (ARQ), aspecto comercial de grãos (AG), produtividade (kg,ha⁻¹) (PROD) e altura média do dossel das plantas, em cm (AMP) das 30 melhores linhagens de cada ciclo (C₀ e C₁), avaliadas simultaneamente na seca e inverno de 2022, Coimbra - MG

	10+ (ARQ)		10+ (AG)		10+ (AMP)		10+ (PROD)	
	C ₀	C ₁	C ₀	C ₁	C ₀	C ₁	C ₀	C ₁
Seca	2	8	5	5	6	4	6	4
Inverno	2	8	0	10	4	6	3	7
	30+ (ARQ)		30+ (AG)		30+ (AMP)		30+ (PROD)	
	C ₀	C ₁	C ₀	C ₁	C ₀	C ₁	C ₀	C ₁
Seca	13	17	18	12	17	13	19	11
Inverno	12	18	15	15	15	15	13	17

A eficiência da seleção recorrente é avaliada por meio do progresso genético, que auxilia o melhorista nas próximas etapas a serem executadas, se a estratégia de melhoramento utilizada está sendo eficiente e quais as alterações que poderiam ser adotadas para ampliar a sua eficiência (MENEZES JÚNIOR et al., 2008). Além disso, na seleção recorrente é esperado o melhoramento da população ao longo dos ciclos seletivos.

O ganho genético para arquitetura de plantas foi de 1,90% e 7,84%, nas safras da seca e inverno de 2022, respectivamente (Tabela 12). Esse caractere apresentou os maiores ganhos,

em ambas as safras, entre os caracteres avaliados. Esse resultado era esperado uma vez que foram selecionadas para a etapa de recombinação as quatro plantas F₂ de cada população do C₀ que apresentaram os maiores DH. Essa característica possui alta correlação com a arquitetura de planta, de modo que plantas com maiores diâmetros do hipocótilo apresentam arquitetura mais ereta (MOURA et al., 2013). Soma-se a isso, o fato de que os caracteres ARQ e DH possuem ação gênica de efeito aditivo (SILVA et al., 2013a), contribuindo para os ganhos na arquitetura de planta das linhagens do C₁ em relação as linhagens do C₀.

Para os caracteres AG, AMP e PROD os resultados obtidos foram similares. Na safra da seca não houve ganho para esses caracteres, sendo observado um decréscimo na média das linhagens do C₁ em relação as linhagens do C₀. Em contraste, na safra de inverno houve progresso de 5,37% para AG, de 3,32% para AMP e de 4,67% para PROD (Tabela 12). Em relação a estimação do progresso genético do AG, a escala de notas foi corrigida, conforme proposto por Anjos et al. (2019), assim, tem-se que quanto maior a média, melhores são os aspectos comerciais dos grãos.

Resultados semelhantes foram obtidos por Anjos et al. (2018) quando avaliaram as populações F₄ do C₀ e C₁ das quais derivam estas linhagens em estudo. Eles obtiveram ganho para a ARQ, porém, para a PROD, as populações do C₀ atingiram maiores valores em relação as populações do C₁. Isso corrobora que a seleção para obter plantas de arquitetura mais ereta foi eficiente, no entanto, não ocorreu grandes avanços também na produtividade de grãos, já que na seleção para a recombinação o caractere não foi considerado. Salienta-se ainda, que a safra avaliada por eles foi a seca, demonstrando que esse material genético do C₁ tem seu desempenho afetado nessa safra, uma vez que tanto no estudo deles como neste presente estudo, não houve ganho para a PROD apenas nessa safra.

Tabela 12. Médias de arquitetura de plantas (ARQ), aspecto comercial de grãos (AG), produtividade (kg ha⁻¹) (PROD) e altura média do dossel das plantas, em cm (AMP) referente a avaliação simultânea das 30 melhores linhagens de cada ciclo (C₀ e C₁) e estimativas de progresso genético (PG%) em um ciclo de seleção recorrente em feijão carioca para porte

	ARQ ¹	AG ¹	AMP	PROD
Seca de 2022				
C ₀	1,85	2,31	44,18	2986,30
C ₁	1,79	2,49	43,56	2768,89
PG (%)	1,90	-6,69	-1,40	-7,28
Inverno de 2022				
C ₀	2,17	2,21	41,44	4861,48
C ₁	1,94	2,06	42,82	5088,64
PG (%)	7,84	5,37	3,32	4,67

¹Ganho genético corrigido de acordo com o proposto por ANJOS et al. (2019).

Nos programas de melhoramento deseja-se obter cultivares superiores para vários caracteres de interesse, no entanto, isso não é uma tarefa simples, uma vez que esses caracteres podem estar associados de forma negativa, de modo que o acréscimo de um resulta no decréscimo do outro e vice-versa. Além disso, o conhecimento da associação entre caracteres é uma ferramenta de grande utilidade em programas de melhoramento, principalmente quando a variável principal de interesse apresenta baixa herdabilidade, é de difícil mensuração ou o custo de avaliação é elevado (CRUZ et al., 2012). Desse modo, é relevante avaliar a associação existente entre os caracteres alvos trabalhados nos programas de melhoramento.

As correlações fenotípicas, genotípicas e ambientais entre a ARQ e a PROD foram não significativas para as linhagens do C₀, as linhagens do C₁ e considerando as linhagens de ambos os ciclos (C₀ e C₁), salvo algumas exceções como na correlação ambiental (r_a) nas linhagens do C₁ na safra de inverno ($r_a = 0,417$) e considerando as linhagens de ambos os ciclos nessa mesma safra ($r_a = 0,197$), porém, mesmo nesses casos as correlações foram de pequenas magnitudes (Tabela 13). Esses dois caracteres são de grande importância no melhoramento do feijoeiro, assim, busca-se desenvolver cultivares de porte ereto e que possuam alto potencial produtivo. Diante dos resultados, ressalta-se a possibilidade de se obter linhagens com plantas de arquitetura ereta e elevada produtividade de grãos, tanto entre as linhagens do ciclo C₀ como entre as linhagens do C₁.

Moura et al. (2013) obtiveram resultados semelhantes quando realizaram um trabalho no qual os genitores que deram início a este programa de seleção recorrente também foram avaliados. Em ambas as safras avaliadas por eles, as correlações fenotípicas, genotípicas e ambientais entre os dois caracteres em questão foram não significativas. Resultados similares ao deste presente trabalho também foram obtidos por Silva et al. (2009), no qual eles obtiveram progênies eretas e prostradas reunidas em um mesmo grupo de produtividade de grãos, pelo teste de Scott e Knott e, as estimativas de correlação significativas não foram de grande magnitude, o que corrobora a conclusão de que é possível obter cultivares de porte ereto com produtividade de grãos elevada.

Entre as estimativas de correlações significativas, destaca-se o par de caracteres ARQ e AMP na safra de inverno, que apresentou significância para todas as correlações. As estimativas de correlações genotípicas (r_g) obtidas foram elevadas para as linhagens do C₀ ($r_g = -0,822$), para as linhagens do C₁ ($r_g = -0,648$) e para as linhagens de ambos os ciclos ($r_g = -0,732$). Ademais, quando se verifica a associação entre ARQ e AMP retirando a influência dos demais caracteres, observa-se correlações parciais significativas nessa safra (Tabela 14). Isso é um

indício de que a seleção de plantas com maior altura média do dossel pode resultar na seleção de plantas com arquitetura mais ereta.

Tabela 13. Estimativas dos coeficientes de correlação fenotípica, genotípica e ambiental entre arquitetura de plantas (ARQ), aspecto comercial de grãos (AG), produtividade (kg ha⁻¹) (PROD) e altura média do dossel das plantas, em cm (AMP) avaliadas nas 30 melhores linhagens de cada ciclo (C₀ e C₁) na safra da seca e inverno (inv) de 2022, Coimbra - MG

		AG		PROD		AMP	
		Seca	Inv	Seca	Inv	Seca	Inv
ARQ	C ₀	0,066	0,053	-0,005	-0,087	-0,233	-0,682 ⁺⁺
		(0,097)	(0,157)	(-0,066)	(-0,252)	(-0,381)	(-0,822 ⁺)
		[-0,005]	[-0,022]	[0,093]	[0,050]	[0,035]	[-0,564 ⁺⁺]
	C ₁	-0,098	-0,095	-0,085	0,006	-0,227	-0,544 ⁺⁺
		(-0,077)	(-0,205)	(-0,054)	(-0,146)	(-0,594)	(-0,648 ⁺⁺)
		[-0,187]	[0,330 ⁺⁺]	[-0,165]	[0,417 ⁺⁺]	[0,070]	[-0,315 ⁺]
Ciclo	-0,052	0,029	-0,011	-0,114	-0,217	-0,634 ⁺⁺	
	(-0,033)	(-0,002)	(-0,004)	(-0,293)	(-0,402)	(-0,732 ⁺⁺)	
	[-0,114]	[0,111]	[-0,02]	[0,197 ⁺]	[0,010]	[-0,491 ⁺⁺]	
AG	C ₀	-	-	-0,055	-0,159	-0,397 ⁺	-0,092
				(0,069)	(-0,263)	(-0,585 ⁺)	(-0,265)
				[-0,321 ⁺⁺]	[-0,068]	[0,053]	[0,079]
	C ₁	-	-	0,219	-0,183	0,305 ⁺	0,577 ⁺⁺
				(0,307)	(-0,248)	(0,674 ⁺)	(0,692 ⁺⁺)
				[-0,140]	[0,209 ⁺]	[-0,076]	[0,006]
Ciclo	-	-	0,047	-0,213	-0,029	0,298 ⁺	
			(0,128)	(-0,286)	(-0,040)	(0,383 ⁺)	
			[-0,213 ⁺]	[0,027]	[-0,014]	[0,050]	
PROD	C ₀	-	-	-	-	0,290	0,329 ⁺
						(0,385)	(0,516)
						[0,133]	[0,114]
	C ₁	-	-	-	-	0,567 ⁺⁺	0,084
						(1,070 ⁺⁺)	(0,100)
						[0,188]	[0,027]
Ciclo	-	-	-	-	0,432 ⁺⁺	0,215	
					(0,648 ⁺⁺)	(0,288)	
					[0,157]	[0,047]	

++ e +: significativo a 1 e 5%, respectivamente, pelo método de “bootstrap” com 5000 simulações.

Entre parênteses estão as estimativas dos coeficientes de correlação genotípica (r_g) e entre colchetes estão as estimativas dos coeficientes de correlação ambiental (r_a).

Silva et al. (2009) explicam que a seleção visual quanto a arquitetura de plantas é eficiente, no entanto, para que tal eficiência seja atingida é importante que o avaliador possua experiência na cultura e saiba distinguir com precisão os diferentes portes das plantas. Portanto, a utilização de características indiretas na avaliação da arquitetura de plantas é uma alternativa viável, sendo que a AMP poderia ser utilizada nesse caso. Pois, além de ser um dos principais determinantes da ARQ no feijoeiro, conforme comprovado por Moura et al. (2013), também é um caractere de fácil mensuração, não subjetivo e de alta precisão.

Os coeficientes de correlação simples, em certos casos, podem produzir equívocos a respeito da relação que há entre duas variáveis quaisquer, pois um baixo ou alto coeficiente de correlação entre duas variáveis pode ser o resultado do efeito que uma terceira ou um grupo de variáveis tem sobre essas duas variáveis em questão. Dessa forma, a correlação parcial é uma medida mais informática sobre a relação entre variáveis, uma vez que ela é estimada removendo os efeitos de outras variáveis sobre a associação estudada (CRUZ et al., 2012).

Observa-se que foram obtidas poucas estimativas de correlações parciais significativas, o que demonstra que a associação entre algumas variáveis sofre efeito das demais variáveis analisadas. Pode-se destacar o par de caracteres ARQ e AMP, no qual houve significância da associação após removido o efeito de AG e PROD para o grupo de linhagens do C₀, do C₁ e considerando as linhagens de ambos os ciclos, na safra de inverno (Tabela 14). Apesar da correlação significativa, as estimativas obtidas são de média magnitude, sendo de -0,694 para o C₀, 0,616 para o C₁ e de 0,675 para o ciclo. Esses resultados indicam que a AMP pode ser utilizada como caractere auxiliar na avaliação da ARQ, no entanto, outros caracteres não considerados nesse trabalho, podem estar afetando essa associação.

Tabela 14. Estimativas dos coeficientes de correlação parcial entre arquitetura de plantas (ARQ), aspecto comercial de grãos (AG), produtividade (kg ha⁻¹) (PROD) e altura média do dossel das plantas, em cm (AMP) avaliadas nas 30 melhores linhagens de cada ciclo (C₀ e C₁) na safra da seca e inverno de 2022, Coimbra - MG

	Seca			Inverno		
	C ₀	C ₁	Ciclo	C ₀	C ₁	Ciclo
ARQxAG.PROD,AMP	-0,034	-0,034	-0,067	0,01	0,352	0,319
ARQxPROD.AG,AMP	0,069	0,057	0,097	0,199	0,169	0,129
ARQxAMP.AG,PROD	-0,236	-0,206	-0,238	-0,694**	-0,616**	-0,675**
AGxPROD.ARQ,AMP	0,071	0,060	0,073	-0,136	-0,323	-0,321
AGxAMP.ARQ,PROD	-0,395*	0,213	-0,069	-0,021	0,663**	0,468*
PRODxAMP.ARQ,AG	0,300	0,538**	0,443*	0,364	0,288	0,306

* e **: significativo a 5 e 1% de probabilidade, respectivamente, pelo teste t.

5.2 Progresso genético em dois ciclos de seleção recorrente com base em famílias

Na safra da seca o CV% variou de 16,36% para o AG a 7,27% para a AMP (Tabela 15) e na safra de inverno variou de 15,04 para o AG a 8,49 para a AMP (Tabela 16). Assim, a precisão foi de alta magnitude tanto na safra da seca quanto na safra de inverno e os CV's% obtidos são similares aos de outros estudos dessa natureza no estado de Minas Gerais (PAULA, 2021; ANJOS et al., 2018; SALVADOR, 2018; ALVES et al., 2015; MOURA et al., 2013).

Na safra da seca, houve efeito ($p < 0,01$) de famílias e dos contrastes FC_0 vs FC_2 e F vs T para a ARQ e a AMP (Tabela 15). Em média, as famílias do C_2 foram superiores as famílias do C_0 , ou seja, apresentaram melhor arquitetura de plantas e maior altura média do dossel das plantas. Além disso, também apresentaram superioridade para esses caracteres em relação as testemunhas avaliadas, assim, têm-se famílias do C_2 com potencial para superaram as cultivares comerciais. Para os caracteres AG e PROD, o contraste FC_0 vs FC_2 foi não significativo, o que indica que as essas famílias apresentaram mesmo desempenho médio para AG e PROD na safra da seca.

Tabela 15. Resumo das análises de variância individuais referente a arquitetura de plantas (ARQ), aspecto comercial de grãos (AG), produtividade (kg ha^{-1}) (PROD) e altura média do dossel das plantas (AMP) das 22 melhores famílias de cada ciclo (C_0 e C_2), avaliadas simultaneamente na safra da seca de 2022, Coimbra – MG

FV	GL	Quadrados Médios			
		ARQ	AG	AMP	PROD
Blocos	2	0,4642	0,0221	190,2846	732134,1692
Genótipos (G)	48	0,4402**	0,4015**	67,0813**	447236,0960**
Famílias (F)	43	0,4347**	0,4272**	64,7342**	417007,9593**
FC₀	21	0,5862**	0,5555**	82,8503**	468213,9723**
FC₂	21	0,2677**	0,3169**	41,9338**	378920,1105**
FC₀ vs FC₂	1	0,7575**	0,0473 ^{ns}	163,1037**	141526,5097 ^{ns}
Testemunhas (T)	4	0,2958*	0,2250 ^{ns}	60,9118**	718161,6876**
F vs T	1	1,2554**	0,0027 ^{ns}	192,6859**	663343,6082 ^{ns}
Resíduo	96	0,0905	0,1280	12,8348	194287,5876
Média dos genótipos		2,20	2,18	49,28	3888
Médias das famílias C₀		2,25	2,16	48,56	3898
Média das famílias C₂		2,10	2,20	50,78	3832
Média das testemunhas		2,48	2,20	45,88	4087
CV (%)		10,74	12,69	7,26	11,33

ns, ** e *. Não significativo e significativo a 1% e 5% de probabilidade, respectivamente, pelo teste F.

¹CV(%) corrigido de acordo com o método proposto por Anjos et al. (2019).

Na safra de inverno, foi detectada significância das famílias para todos os caracteres avaliados, mas, no contraste entre FC_0 vs FC_2 houve efeito significativo ($p < 0,01$) apenas para a ARQ (Tabela 16). Isso indica que as famílias do C_2 apresentam plantas mais eretas em relação as famílias do C_0 . No contraste F vs T obteve-se efeito significativo ($p < 0,01$) somente para a PROD. Assim, verifica-se que as testemunhas apresentaram maiores produtividades médias em relação as famílias de ambos os ciclos. Todavia, ressalta-se as produtividades médias obtidas para as famílias do C_0 e C_2 foram de 4722 kg ha^{-1} e 4652 kg ha^{-1} , respectivamente, ou seja, produtividades consideradas altas.

Tabela 16. Resumo das análises de variância individuais referente a arquitetura de plantas (ARQ), aspecto comercial de grãos (AG), produtividade (kg ha⁻¹) (PROD) e altura média do dossel das plantas, em cm (AMP) das 22 melhores famílias de cada ciclo (C₀ e C₂), avaliadas simultaneamente na safra do inverno de 2022, Coimbra – MG

FV	GL	Quadrados Médios			
		ARQ	AG	AMP	PROD
Blocos	2	0,0323	0,0629	32,6612	41134,0475
Genótipos (G)	48	0,5296**	0,3277**	74,6156**	740554,1297**
Famílias (F)	43	0,5585**	0,3337**	80,8496**	765614,5806**
FC₀	21	0,7458**	0,4576**	110,6114**	988308,1808**
FC₂	21	0,3344**	0,2252*	54,1516**	571597,2693**
FC₀ vs FC₂	1	1,3300**	0,0075 ^{ns}	16,5077 ^{ns}	163412,5103 ^{ns}
Testemunhas (T)	4	0,3437**	0,3333*	26,1957 ^{ns}	185010,8728 ^{ns}
F vs T	1	0,0301 ^{ns}	0,0494 ^{ns}	0,2333 ^{ns}	1885127,7688**
Resíduo	96	0,0579	0,1115	12,3021	240541,1500
Média dos genótipos		2,12	2,22	41,32	4725
Médias das famílias C₀		2,23	2,23	40,95	4722
Média das famílias C₂		2,03	2,21	41,66	4652
Média das testemunhas		2,08	2,16	41,44	5061
CV (%)		8,36	12,02	8,48	10,37

ns, ** e *: Não significativo e significativo a 1% e 5% de probabilidade, respectivamente, pelo teste F.

¹CV(%) corrigido de acordo com o método proposto por Anjos et al. (2019).

Considerando a análise conjunta das safras (Tabela 17), observa-se que não houve significância de famílias apenas para o AG, o que indica que para os demais caracteres existe variabilidade entre as famílias do C₀ e C₂. Quando as médias da ARQ, AG, AMP e PROD das famílias do C₀ foram contrastadas com as médias das famílias do C₂, obteve-se significância do contraste FC₀ vs FC₂ apenas para a ARQ, isto é, as famílias do C₂ apresentaram melhores arquiteturas médias de plantas em relação as famílias do C₀.

Na análise conjunta foi detectada significância do contraste FC₀ vs FC₂ apenas para ARQ, indicando que a interação desses genótipos com o ambiente não trouxe grandes modificações nos seus desempenhos entre as safras para o AG, AMP e PROD, o que fica comprovado pela não significância da interação desse contraste com as safras, (FC₀ vs FC₂) x S, para todos os caracteres (Tabela 17). Destaca-se que essas famílias do C₀ e C₂ foram avaliadas nas mesmas safras e mesmo local das linhagens do C₀ e C₁, sendo que as 30 linhagens do C₀ são derivadas dessas 22 famílias do C₀. Desse modo, pode-se perceber resultados distintos obtidos para cada grupo de genótipos em estudo, sendo que o grau de endogamia é um dos fatores responsáveis por isso, pois nas famílias há uma maior segregação dos caracteres, em decorrência de alguns *locis* ainda não estarem fixados.

Tabela 17. Resumo das análises de variância conjuntas referente a arquitetura de plantas (ARQ), aspecto comercial de grãos (AG), produtividade (kg ha⁻¹) (PROD) e altura média do dossel das plantas (AMP) das 22 melhores famílias de cada ciclo (C₀ e C₂), avaliadas simultaneamente na seca e no inverno de 2022, Coimbra – MG

FV	GL	Quadrados Médios			
		ARQ	AG	AMP	PROD
Blocos/Safra	4	0,2482	0,0425	111,4729	386634,1083
Genótipos (G)	48	0,8504**	0,3994 ^{ns}	111,6556**	779083,3083*
Famílias (F)	43	0,8835**	0,4351 ^{ns}	115,5897**	742926,6140*
FC₀	21	1,2466**	0,6494*	166,0581**	715331,5417 ^{ns}
FC₂	21	0,4649**	0,2409 ^{ns}	63,8781**	791396,9625**
FC₀ vs FC₂	1	2,0475**	0,0085 ^{ns}	141,6948 ^{ns}	304545,8139 ^{ns}
Testemunhas (T)	4	0,5958**	0,1125 ^{ns}	74,8400**	764416,6860**
F vs T	1	0,4481 ^{ns}	0,0143 ^{ns}	89,7535 ^{ns}	2392487,6530**
Safras (S)	1	0,5104 ^{ns}	0,0850 ^{ns}	4656,1224**	51542849,2857**
G x S	48	0,1193*	0,3298**	30,0413**	408706,9173**
F x S	43	0,1097*	0,3258**	29,9942**	439695,9259**
FC₀ x S	21	0,0854 ^{ns}	0,3637**	27,4036**	741190,6114**
FC₂ x S	21	0,1371*	0,3012**	32,2073**	159120,4173 ^{ns}
(FC₀ vs FC₂) x S	1	0,0400 ^{ns}	0,0464 ^{ns}	37,9166 ^{ns}	393,2060 ^{ns}
T x S	4	0,0437 ^{ns}	0,4458**	12,2675 ^{ns}	138755,8744 ^{ns}
(F vs T) x S	1	0,8375**	0,0378 ^{ns}	103,1658**	155983,7240 ^{ns}
Resíduo	192	0,0742	0,1197	12,5684	217414,3688
Média dos genótipos		2,16	2,20	45,30	4306
Médias das famílias C₀		2,24	2,20	44,75	4310
Média das famílias C₂		2,06	2,21	46,22	4242
Média das testemunhas		2,28	2,18	43,66	4574
CV (%)		9,59	12,37	7,82	10,82

ns, ** e *. Não significativo e significativo a 1% e 5% de probabilidade, respectivamente, pelo teste F.

¹CV(%) corrigido de acordo com o método proposto por Anjos et al. (2019).

Na análise da safra da seca, o contraste FC₀ vs FC₂ foi significativo para ARQ e para AMP, enquanto na análise da safra de inverno e conjunta, foi significativo apenas para ARQ. No entanto, esperava-se superioridade das famílias do C₂ também para AG e PROD, uma vez que na seleção de plantas do C₁ para a recombinação foi utilizado o índice FAI-BLUP, que é baseado na análise de fatores e na distância genótipo-ideótipo, além de apresentar potencial para capitalizar a interação GxA (ROCHA et al., 2018). Além disso, foram adicionados novos genitores no bloco de cruzamento, entre os quais destaca-se as cultivares BRS Estilo, IPR Campos Gerais e IPR Bem-te-vi pelos seus altos potenciais produtivos. Desse modo, era esperado que as famílias do C₂ apresentassem melhores aspectos de grãos e produtividades mais elevadas em relação as famílias do C₀ em ambas as safras avaliadas.

No entanto, levando em consideração a genealogia dessas famílias (Tabela 5), possivelmente seja necessário um maior número de ciclos seletivos para que a frequência de alelos desejáveis para os caracteres seja aumentada através do intercruzamento desses materiais. Como na fase de seleção sempre foi dado ênfase para a ARQ, inclusive selecionando plantas

em cada população que apresentaram maiores DH, é compreensível a melhoria desse caractere de um ciclo para o outro. No entanto, o AG e PROD só foram considerados na seleção nos ciclos posteriores, assim, após mais alguns ciclos seletivos possivelmente a frequência dos alelos para esses caracteres poderá ter aumentando e, isso será refletido no fenótipo desses indivíduos.

A média de ARQ das famílias oscilou de 3,66 a 1,75 na safra da seca, enquanto na safra de inverno variou de 4,0 a 1,58. Já para a cultivar BRS Estilo que é adaptada a colheita mecânica, foi obtida uma média de 2,42 na safra da seca e de 1,83 na safra de inverno (Tabela 18). Observa-se que mais de 95% das famílias na safra da seca e mais de 80% na safra de inverno apresentaram arquitetura de plantas similares a cultivar BRS Estilo. Ressalta-se que quanto menor a média, mais ereta são as plantas, devido a avaliação em escala de notas que varia de 1 a 5, sendo a nota 1 referente ao fenótipo desejável. Assim, esses resultados evidenciam o potencial dessas famílias em apresentarem plantas com arquitetura equivalentes as da testemunha, podendo-se extrair linhagens superiores quanto a arquitetura de plantas nessas famílias.

O AG também é avaliado em escala de notas, como já foi detalhado anteriormente, sendo a nota 1 referente ao grão com todos os aspectos referentes ao grão típico carioca. Diante disso, observa-se que a cultivar BRSMG Madrepérola, reconhecida pelo seu excelente padrão comercial de grãos, apresentou média de 2,5 na safra da seca e de 1,66 na safra de inverno, enquanto que as médias das famílias variaram de 3,0 a 1,50 e de 2,83 a 1,50, nas safras da seca e de inverno, respectivamente (Tabela 18). Na safra da seca, três famílias obtiveram médias inferiores em relação a testemunha, ou seja, apresentaram melhores AG. Na safra de inverno, treze famílias obtiveram médias superiores em relação a testemunha, ou seja, apresentaram piores AG. No entanto, é importante destacar que independente da safra, a média máxima obtida foi 3,00, assim, essas famílias possuem potenciais para o AG.

A cultivar BRS Estilo apresenta alto potencial produtivo, foi obtida uma produtividade média de 4607 kg ha⁻¹ na safra da seca e de 5281 kg ha⁻¹ na safra de inverno. Já para as famílias foi observada uma média de produtividade de grãos variando de 4544 kg ha⁻¹ a 2922 kg ha⁻¹ na safra da seca e de 5470 kg ha⁻¹ a 2944 kg ha⁻¹ na safra de inverno. Nota-se que a maioria das famílias apresentaram produtividades similares a testemunha em ambas as safras, pelo teste de Dunnett a 5% de probabilidade, entre essas similares a testemunha, as menores médias observadas foram de 3562 kg ha⁻¹ e 4099 kg ha⁻¹, respectivamente, nas safras da seca e de inverno. Assim, essas famílias possuem altos potenciais produtivos, sendo possível selecionar

famílias com potencial para derivar linhagens com produtividade de grãos tão elevadas quanto da cultivar BRS Estilo.

Tabela 18. Médias de arquitetura de plantas (ARQ), aspecto comercial de grãos (AG) e produtividade (kg ha⁻¹) (PROD) das 22 melhores famílias de cada ciclo (C₀ e C₂), avaliadas simultaneamente na seca e inverno de 2022, Coimbra - MG

Genótipos	ARQ		AG		PROD	
	Seca	Inverno	Seca	Inverno	Seca	Inverno
1 - C ₀	1,91 a	1,75 a	2.00 b	2.33 b	3837 a	4396 a
2 - C ₀	2,08 a	1,83 a	2.33 b	2.16 b	3944 a	5303 a
3 - C ₀	1,91 a	2,08 a	2.16 b	2.00 b	3755 a	4588 a
4 - C ₀	2,25 a	2,41 a	2.16 b	2.83	3929 a	4540 a
5 - C ₀	1,91 a	1,83 a	2.00 b	2.00 b	4100 a	2944
6 - C ₀	2,50 a	2,00 a	2.16 b	2.00 b	4025 a	5222 a
7 - C ₀	1,91 a	2,33 a	1.66 b	2.00 b	3985 a	4203 a
8 - C ₀	2,25 a	2,16 a	2.33 b	2.83	3355	4948 a
9 - C ₀	2,16 a	1,91 a	1.50	2.16 b	3925 a	4025
10 - C ₀	2,41 a	2,41 a	1.83 b	2.50	3227	4985 a
11 - C ₀	2,25 a	2,16 a	1.83 b	2.33 b	4496 a	4340 a
12 - C ₀	2,00 a	2,08 a	2.66 b	2.83	3400	4400 a
13 - C ₀	2,08 a	1,75 a	2.00 b	2.00 b	2922	4759 a
14 - C ₀	1,91 a	2,08 a	2.66 b	1.66 b	3640 a	5170 a
15 - C ₀	1,75 a	1,91 a	2.83 b	2.33 b	4007 a	5274 a
16 - C ₀	2,33 a	2,66	2.66 b	2.83	4037 a	4685 a
17 - C ₀	3,66	4,00	1.50	1.66 b	4203 a	4296 a
18 - C ₀	2,58 a	2,66	1.50	1.83 b	4381 a	5411 a
19 - C ₀	2,25 a	2,16 a	2.33 b	2.66	4003 a	5203 a
20 - C ₀	2,33 a	2,16 a	3.00 b	1.83 b	4033 a	5159 a
21 - C ₀	1,91 a	1,83 a	2.33 b	2.50	4003 a	4766 a
22 - C ₀	3,16	2,83	2.16 b	1.83 b	4544 a	5270 a
23 - C ₂	2,00 a	1,75 a	2.50 b	2.16 b	3525	4925 a
24 - C ₂	2,16 a	2,00 a	2.33 b	2.16 b	4014 a	4674 a
25 - C ₂	1,83 a	2,08 a	2.66 b	2.66	3822 a	4770 a
26 - C ₂	2,00 a	2,33 a	1.83 b	2.16 b	4351 a	4714 a
27 - C ₂	2,00 a	2,00 a	2.83 b	2.16 b	3237	4144 a
28 - C ₂	2,33 a	1,75 a	1.83 b	2.00 b	3755 a	4099 a
29 - C ₂	2,00 a	2,08 a	1.83 b	2.33 b	3781 a	4974 a
30 - C ₂	2,00 a	1,91 a	2.33 b	2.16 b	4055 a	4796 a
31 - C ₂	1,91 a	1,58 a	2.33 b	1.83 b	3142	3848
32 - C ₂	2,00 a	1,75 a	2.16 b	2.33 b	4099 a	5137 a
33 - C ₂	1,75 a	2,08 a	2.00 b	2.50	3996 a	4622 a
34 - C ₂	2,25 a	2,50	2.50 b	2.50	3703 a	3822
35 - C ₂	1,83 a	1,83 a	2.16 b	2.33 b	3681 a	4481 a
36 - C ₂	2,41 a	1,91 a	2.33 b	2.00 b	3429	4359 a
37 - C ₂	2,25 a	2,50	2.00 b	2.16 b	4103 a	5296 a
38 - C ₂	1,83 a	1,75 a	1.66 b	1.83 b	3825 a	4603 a
39 - C ₂	2,66 a	3,00	1.83 b	2.50	4348 a	5470 a
40 - C ₂	1,91 a	1,66 a	2.16 b	2.50	4470 a	5007 a
41 - C ₂	2,08 a	2,00 a	2.00 b	2.16 b	3537	4159 a
42 - C ₂	3,00 a	2,25 a	2.16 b	2.50	4200 a	4833 a
43 - C ₂	2,16 a	2,16 a	2.16 b	2.33 b	3562 a	4803 a

Continua...

Tabela 18. Continuação

44 - C₂	1,83 a	1,75 a	2,83 b	1,50 b	3674 a	4803 a
45 – BRS Estilo	2,41 a	1,83 a	2,33	2,5	4607 a	5281 a
46 – BRS Pérola	2,50	1,91	2,33	2,00	4144	5244
47 – BRSMG Madrepérola	3,00	2,66	2,50 b	1,66 b	4433	5059
48 - BRSMG Zape	2,16	1,91	2,00	2,33	3362	4655
49 – BRSMG Uai	2,33	2,08	1,83	2,33	3888	5066

Médias seguidas pela mesma letra na coluna não diferem da testemunha padrão para a variável em questão (BRS Estilo para ARQ e PROD, e BRSMG Madrepérola para AG), pelo teste de Dunnett a 5% de probabilidade.

Verificou-se a quantidade de famílias de cada ciclo entre as 5 (5+) e as 20 (20+) famílias com melhores arquiteturas de plantas, melhores aspectos comerciais de grãos, maiores alturas médias do dossel das plantas e maiores produtividades em cada safra (Tabela 19). Para a ARQ, observa-se que o resultado obtido para as famílias foi semelhante ao obtido para as linhagens. Nas 20+, em ambas as safras, 60% do total foi constituído por famílias do C₂, já nas 5+, na safra da seca, as famílias desse ciclo representaram 80% do total e na safra de inverno 100% do total.

Esse resultado evidencia a eficiência da seleção indireta pelo diâmetro do hipocótilo na seleção de plantas com melhores arquiteturas no primeiro ciclo seletivo e da avaliação da arquitetura de plantas por meio de escala de notas nos demais ciclos, visto que entre as famílias com melhores arquiteturas, as famílias do C₂ representam uma grande porcentagem em ambas as classificações e safras.

Em contrapartida, para o AG e a PROD, independente da safra e da classificação, as famílias do C₂ representaram até 50% do total. Ou seja, a seleção para AG e PROD não tem mostrado resultados tão positivos, de modo que entre as famílias com melhores aspectos comerciais de grãos e mais produtivas, mais de 50% pertencem ao primeiro ciclo seletivo, isto é, ao C₀.

Em relação a AMP, destaca-se a classificação 20+, na qual as famílias do C₂ apresentaram-se em maior quantidade, em ambas as safras. No entanto, nas 5+, foram incluídos apenas um indivíduo desse ciclo na safra da seca e dois indivíduos na safra de inverno. Era esperado uma maior representação das famílias do C₂ também nas 5+, uma vez que esse caractere possui correlação com a arquitetura de plantas (Moura et al., 2013).

Tabela 19. Número de linhagens por ciclo entre as 5 (5⁺) e 20 (20⁺) melhores classificadas para arquitetura de plantas (ARQ), aspecto comercial de grãos (AG), produtividade (kg ha⁻¹) (PROD) e altura média do dossel das plantas, em cm (AMP) das 22 melhores famílias de cada ciclo (C₀ e C₂), avaliadas simultaneamente na seca e inverno de 2022, Coimbra - MG

	5+ (ARQ)		5+ (AG)		5+ (AMP)		5+ (PROD)	
	C ₀	C ₂	C ₀	C ₂	C ₀	C ₂	C ₀	C ₂
Seca	1	4	4	1	4	1	3	2
Inverno	0	5	2	3	3	2	3	2
	20+ (ARQ)		20+ (AG)		20+ (AMP)		20+ (PROD)	
	C ₀	C ₂	C ₀	C ₂	C ₀	C ₂	C ₀	C ₂
Seca	8	12	10	10	9	11	11	9
Inverno	8	12	12	8	9	11	10	10

Para a estimação do progresso genético da ARQ, as escalas de notas foram corrigidas de acordo a metodologia proposta por Anjos et al. (2019), de modo que quanto maior for o valor da média, melhor é a arquitetura da planta. Assim, para a ARQ houve ganho nas duas safras avaliadas, sendo um ganho de 5,52% na safra da seca e de 7,25% na safra de inverno (Tabela 20). Este programa de seleção recorrente é destinado para melhoria do porte das plantas de feijão do tipo carioca, diante dos resultados observados tanto para as linhagens como para as famílias, o melhoramento para a arquitetura está sendo eficiente. Para a AMP também se obteve progresso, de 4,58% na safra da seca e de 1,73% na safra de inverno.

Para iniciar o C₂, as progênies destinadas a recombinação foram selecionadas utilizando as médias BLUP's de cada população, sendo que no índice FAI-BLUP cada variável avaliada em cada safra foi considerada como uma nova variável. A eficiência desse índice em selecionar progênies para recombinação considerando a ARQ, o AG e a PROD foi comprovada por Salvador (2018). Diante do exposto, além do ganho para a ARQ, esperava-se progresso também no AG e na PROD, no entanto, obteve-se médias de AG e PROD superiores para as famílias do C₀ em relação as famílias do C₂, em ambas as safras, de modo que houve uma redução de 1,57% para AG e de 1,68% para PROD na safra da seca e de 1,49% para PROD na safra de inverno, apesar de que essas reduções não devem ser consideradas, pois os contrastes envolvendo as famílias do C₀ e C₂ (FC₀ vs FC₂) para o AG e a PROD não apresentaram efeito significativos em ambas as safras (Tabelas 15 e 16).

Tabela 20. Médias de arquitetura de plantas (ARQ), aspecto comercial de grãos (AG), produtividade (kg ha⁻¹) (PROD) e altura média do dossel das plantas (AMP) referente a avaliação simultânea das 22 melhores famílias de cada ciclo (C₀ e C₂) e estimativas de progresso genético (PG%) em dois ciclos de seleção recorrente em feijão carioca para porte

	ARQ ¹	AG ¹	AMP	PROD
Seca de 2022				
C ₀	2,25	2,16	48,56	3898,23
C ₂	2,10	2,20	50,78	3832,74
PG (%)	5,52	-1,57	4,58	-1,68
Inverno de 2022				
C ₀	2,23	2,23	40,95	4722,56
C ₂	2,03	2,21	41,66	4652,19
PG (%)	7,25	0,90	1,73	-1,49

¹Ganho genético corrigido de acordo com o proposto por ANJOS et al. (2019).

Entre as estimativas de correlação significativas, destaca-se o par de caracteres ARQ e AMP, que apresentou significância para todas as correlações, em ambas as safras, com estimativas altas de correlações genóticas (r_g) de -0,943 (na safra da seca) e -0,871 (na safra de inverno) para as famílias do C₀, de -0,694 (na safra da seca) e -0,847 (na safra de inverno) para as famílias do C₂ e, de -0,887 (na safra da seca) e -0,857 (na safra de inverno) para as famílias do C₀ e C₂ (Tabela 21).

A partir dessas correlações genóticas tanto entre famílias quanto entre linhagens, tem-se um indicativo da associação entre a ARQ e a AMP. Verifica-se que as estimativas de r_g significativas foram superiores a 0,6 e negativas, assim, a seleção de plantas mais altas podem resultar na seleção de plantas com menores notas de arquitetura. Além disso, observa-se que as r_g foram superiores as correlações fenotípicas (r_f) e as correlações ambientais (r_a), o que revela maior contribuição dos fatores genéticos em detrimento dos ambientais na expressão desses dois caracteres (MOURA et al., 2013).

Observa-se que as r_f entre ARQ e AMP foram de média a alta magnitude, e que as estimativas parciais obtidas mantiveram-se de média a alta, em ambas as safras avaliadas e independente do ciclo (Tabela 22), o que indica que os demais caracteres avaliados não tiveram grandes influências na associação entre esses dois caracteres. Esse resultado reforça que a AMP pode ser utilizada como um caractere indireto na seleção de plantas com melhores arquiteturas.

Tabela 21. Estimativas dos coeficientes de correlação fenotípica, genotípica e ambiental entre arquitetura de plantas (ARQ), aspecto comercial de grãos (AG), produtividade (kg ha⁻¹) (PROD) e altura média do dossel das plantas, em cm (AMP) avaliadas nas 22 melhores famílias de cada ciclo (C₀ e C₂) na safra da seca e inverno (inv) de 2022, Coimbra - MG

		AG		PROD		AMP	
		Seca	Inv	Seca	Inv	Seca	Inv
ARQ	C ₀	-0,365 ⁺	-0,224	0,374 ⁺	0,050	-0,867 ⁺⁺	-0,829 ⁺⁺
		(-0,460 ⁺)	(-0,285)	(0,516 ⁺)	(0,051)	(-0,943 ⁺⁺)	(-0,871 ⁺⁺)
		[0,072]	[0,076]	[-0,168]	[0,048]	[-0,247 ⁺]	[-0,323 ⁺]
ARQ	C ₂	-0,184	0,480 ⁺⁺	0,238	0,336	-0,578 ⁺⁺	-0,758 ⁺⁺
		(-0,422)	(0,605 ⁺)	(0,355)	(0,542)	(-0,694 ⁺⁺)	(-0,847 ⁺⁺)
		[0,274 ⁺]	[0,148]	[0,140]	[0,007]	[-0,389 ⁺⁺]	[-0,444 ⁺⁺]
Ciclo	Ciclo	-0,307 ⁺	0,006	0,330 ⁺	0,158	-0,783 ⁺⁺	-0,798 ⁺⁺
		(-0,456 ⁺)	(-0,014)	(0,488 ⁺)	(0,192)	(-0,887 ⁺⁺)	(-0,857 ⁺⁺)
		[0,182 ⁺]	[0,105]	[0,008]	[0,033]	[-0,330 ⁺⁺]	[-0,379 ⁺⁺]
AG	C ₀	-	-	-0,166	-0,031	0,163	0,185
				(-0,281)	(-0,037)	(0,212)	(0,268)
				[0,137]	[-0,010]	[-0,067]	[-0,203]
AG	C ₂	-	-	-0,449 ⁺	0,270	0,036	-0,321
				(-0,922 ⁺)	(0,433)	(0,052)	(-0,489)
				[-0,020]	[0,069]	[0,010]	[0,078]
Ciclo	Ciclo	-	-	-0,283	0,075	0,127	0,016
				(-0,478 ⁺)	(0,096)	(0,176)	(0,039)
				[0,038]	[0,026]	[-0,019]	[-0,066]
PROD	C ₀	-	-	-	-	-0,301 ⁺	0,309
						(-0,416 ⁺)	(0,303)
						[0,163]	[0,366 ⁺]
PROD	C ₂	-	-	-	-	-0,030	-0,181
						(-0,329)	(-0,329)
						[0,226]	[0,040]
Ciclo	Ciclo	-	-	-	-	-0,209	0,133
						(-0,408)	(0,124)
						[0,199]	[0,179]

++ e +: significativo a 1 e 5%, respectivamente, pelo método de “bootstrap” com 5000 simulações; Entre parênteses estão as estimativas dos coeficientes de correlação genotípica e entre colchetes estão as estimativas dos coeficientes de correlação ambiental.

Tabela 22. Estimativas dos coeficientes de correlação parcial entre arquitetura de plantas (ARQ), aspecto comercial de grãos (AG), produtividade (kg ha⁻¹) (PROD) e altura média do dossel das plantas, em cm (AMP) avaliadas nas 22 melhores famílias de cada ciclo (C₀ e C₂) na safra da seca e inverno de 2022, Coimbra – MG

	Seca			Inverno		
	C ₀	C ₂	Ciclo	C ₀	C ₂	Ciclo
ARQxAG.PROD,AMP	-0,441*	-0,092	-0,28	-0,090	0,337	0,000
ARQxPROD.AG,AMP	0,206	0,205	0,203	0,573**	0,248	0,443**
ARQxAMP.AG,PROD	-0,868**	-0,588**	-0,781**	-0,884**	-0,727**	-0,837**
AGxPROD.ARQ,AMP	-0,018	-0,418	-0,190	-0,025	0,123	0,06
AGxAMP.ARQ,PROD	-0,329	-0,034	-0,179	0,014	0,059	0,003
PRODxAMP.ARQ,AG	0,042	0,108	0,047	0,629**	0,112	0,436**

* e **: significativo a 5 e 1% de probabilidade, respectivamente, pelo teste t.

6 CONCLUSÕES

Independente da safra e do tipo de material genético utilizado para avaliar o progresso genético, observou-se ganho genético na melhoria da arquitetura do feijoeiro. Para o aspecto comercial de grãos, altura média do dossel das plantas e produtividade de grãos obteve-se resultados distintos nas diferentes safras e material genético avaliado, havendo ganho para todas elas na avaliação de linhagens em apenas uma safra. Na avaliação de famílias, obteve-se ganho apenas para altura média do dossel das plantas, também em apenas uma safra. Diante dos resultados obtidos, sugere-se a inclusão de novos genitores na população visando a produtividade de grãos e a qualidade de grãos, e definir melhor a estratégia de seleção de modo a obter ganhos satisfatórios para os vários caracteres de interesse.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- ABREU, A. F. B.; RAMALHO, M. A. P.; SANTOS, J. B. Seleção recorrente no melhoramento do feijoeiro de grãos tipo carioca. *In: Congresso Brasileiro de Melhoramento de plantas*, 2, 2003, Porto Seguro. **Anais**, Porto Seguro: SBMP, 2003.
- ABREU, A. F. B. et al. BRS Uai: cultivar de feijão tipo carioca com planta de arquitetura ereta. Santo Antônio de Goiás, **Embrapa Arroz e Feijão**, 2018. Comunicado Técnico, 246.
- ACQUAAH, G.; ADAMS, M. W.; KELLY, J. D. Identification of effective indication of erect plant architecture in dry bean ideotype. **Crop Science**, Madison, v. 31, ed. 2, p. 261-264, 1991. Doi: <https://doi.org/10.2135/cropsci1991.0011183X003100020004x>.
- ALMEIDA, L. D'A.; LEITÃO FILHO, H. F.; MIYASAKA, S. Características do feijão carioca, um novo cultivar. **Bragantia**, Campinas, v. 30, p. 33-38, 1971.
- ALVES, A. F. et al. Genetic progress and potencial of common bean families obtained by recurrent selection. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 15, p. 218-226, 2015. Doi: <http://dx.doi.org/10.1590/1984-70332015v15n4a38>.
- ANJOS, R. S. R. et al. Selection for hypocotyl diameter results in genetic gain in common bean plant architecture. **Crop breeding and Applied Biotechnology**, n 18, p. 417-425, 2018. Doi: <http://dx.doi.org/10.1590/1984-70332018v18n4a61>.
- ANJOS, R. S. R.; MARÇAL, T. S.; CARNEIRO, P. C. S.; CARNEIRO, J. E. S. New proposals to estimate unbiased selection gain and coefficient of variation in traits evaluated using score scales. **Crop Science**, v. 59, n. 3, p. 937-944, 2019. Doi: <https://doi.org/10.2135/cropsci2018.08.0481>.
- ARANTES, L. O.; ABREU, A. F.; RAMALHO, M. A. P. Eight cycles of recurrent selection for resistance to angular leaf spot in common bean. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 10, p. 232-237, 2010. 247p.
- BORÉM, A.; CARNEIRO, J. E. S. A cultura. *In: CARNEIRO, J. E. S.; PAULA JÚNIOR, T. J.; BORÉM, A. Feijão: do plantio à colheita*. Viçosa, MG: **Editora UFV**, 2015, p. 09-15.
- BORÉM, A.; MIRANDA, G. V.; FRITSCHÉ-NETO, R. *Melhoramento de Plantas*. 7. ed. rev. e ampl. Viçosa, MG: **Editora UFV**, 2017. 543p. ISBN: 9788572695671.
- CARBONELL, S. A. M. et al. Tamanho de grão comercial em cultivares de feijoeiro. **Ciência Rural**, Santa Maria, v. 40, n. 10, p. 2067-2073, out. 2010. Doi: <https://doi.org/10.1590/S0103-84782010005000159>.
- CARGNIN, A. Seleção recorrente no melhoramento genético de plantas autógamas. Planaltina, DF: **Embrapa Cerrados**, 2007. 24p. (Documento/Embrapa Cerrados). ISSN: 15175111184.
- CARNEIRO, J. E. S. et al. BRSMG Madrepérola: common bean cultivar with late-darkening Carioca grain. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 12, p. 281-284, 2012.

CARNEIRO, J. E. S.; PAULA JÚNIOR, T. J.; BORÉM, A. Feijão do plantio a colheita. Viçosa, MG: **Editora UFV**, 2015. 384p. ISBN: 9788572695138.

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

CHAVES, M. O.; BASSINELLO, P. Z. O feijão na alimentação humana. *In*: GONZAGA, A. C. de O. (ed). Feijão: o produtor pergunta, a Embrapa responde. 2. ed. rev. e atual. Brasília, DF: **Embrapa**, 2014, p. 15-23. (Coleção 500 Perguntas, 500 Respostas). ISBN: 9788570353801.

COÊLHO, J. D.; XIMENES, L. F. Feijão: produção e mercado. Fortaleza: **Banco do Nordeste do Brasil**, ano 5, n. 143, dez. 2020. (Caderno Setorial Etene). Disponível em: <https://www.banconordeste.gov.br/s482-dspace/handle/123456789/429>. Acesso em: 13 jan. 2023.

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

COLLICCHIO, E. Associação entre o porte da planta do feijoeiro e o tamanho dos grãos. Orientador: Magno Antônio Patto Ramalho. 1995. **Dissertação** (Mestrado em Agronomia) – Universidade Federal de Lavras, Lavras - MG, 1995. 98p.

Companhia Nacional de Abastecimento (CONAB). **Acompanhamento da Safra Brasileira de Grãos**. Brasília, safra 2021/22, décimo segundo levantamento, v. 9, n. 12, p. 1-88, set. 2022. Disponível em: < <https://www.conab.gov.br/info-agro/safras/graos> >. Acesso em: 10 de jul. 2023.

Confederação Nacional de Agricultores Familiares e Empreendedores Familiares Rurais (CONAFER). **Feijão no prato: Produção supera consumo no país; Agricultura familiar é responsável por 42% da produção nacional**. Jun. 2022. Disponível em: < <https://conifer.org.br/feijao-no-prato-producao-supera-consumo-no-pais-agricultura-familiar-e-responsavel-por-42-da-producao-nacional/> >. Acesso em: 17 de jan. 2023.

COSTA, L. C. et al. Effectiveness of recurrent selection for anthracnose resistance in common bean. **Annual Report of the Bean Improvement Cooperative**, v. 63, p. 73-74, Apr. 2020.

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. Doi: <https://doi.org/10.4025/actasciagron.v35i3.21251>.

CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J.; CARNEIRO, P. C. S. Modelo biométricos aplicados ao melhoramento genético. 4 ed. Viçosa, MG: **Editora UFV**, 2012. 514p.

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

DIAS, F. S. Seleção recorrente no melhoramento do feijão carioca: estratégias para estimativa do progresso genético e para seleção de linhagens. Orientador: José Eustáquio de Souza Carneiro. 2021. **Tese** (Doutorado em Fitotecnia) – Universidade Federal de Viçosa, Viçosa – MG, 2021. 74p.

DUNNETT, C. W. A multiple comparison procedure for comparing several treatments with a control. **Journal of the American Statistical Association**, v. 50, p. 1096-1121, 1955.

Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária (EMBRAPA). A Embrapa, o feijão, e você, juntos, por um Brasil melhor!: o feijão na alimentação. 2. ed. Santo Antônio de Goiás:

Embrapa Arroz e feijão, 2009. Disponível em:

<https://ainfo.cnptia.embrapa.br/digital/bitstream/item/82496/1/FI-5431-2009.pdf>. Acesso em: 13 jan. 2023.

Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária (EMBRAPA). Catálogo de cultivares de feijão-comum. . 4. ed. Santo Antônio de Goiás: **Embrapa Arroz e feijão**, 2021. Disponível em:

<https://ainfo.cnptia.embrapa.br/digital/bitstream/item/226415/1/catalogo-feijao-2021-2.pdf>. Acesso em: 11 jul. 2023.

Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária (EMBRAPA). Dados conjunturais da produção de feijão comum (*Phaseolus vulgaris* L.) e caupi (*Vigna unguiculata* (L) Walp) no Brasil (1985 a 2022): área, produção e rendimento. Santo Antônio de Goiás: **Embrapa Arroz e Feijão**, 2023. Disponível em:

http://www.cnpaf.embrapa.br/socioeconomia/docs/feijao/dadosConjunturais_feijao_brasil.htm. Acesso em: 06 set. 2023.

FAHAD, S. et al. Crop production under drought and heat stress: plant responses and management options. **Frontiers in Plant Science**, 8, 1-16, 2017. Doi:

<https://doi.org/10.3389/fpls.2017.01147>.

FALLEIROS, M. O. et al. Mixture of *Colletotrichum lindemuthianum* races in anthracnose resistance screening and its implication for common bean breeding. **Tropical Plant Pathology**, 43, 271-277, 2018. Doi: <https://doi.org/10.1007/s40858-018-0219-z>.

FARIA, L. C. et al. BRS Cometa: a carioca common bean cultivar with erect growth habit. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 8, p. 167-169, 2008.

FREIRE FILHO, F. R. Herança do número de dias para a floração e do hábito de crescimento em feijoeiro (*Phaseolus vulgaris* L.). **Dissertação** (Mestrado em Genética e Melhoramento). Universidade Federal de Viçosa, UFV, 1980, 38p.

GONÇALVES, G. M. C. Estudo comparativo de feijão carioca quanto ao potencial produtivo, resistência a estresses bióticos e abióticos e qualidade de grãos. Orientador: Alisson Fernando Chiorato. **Tese** (Doutorado em Agricultura Tropical e Subtropical). Campinas: Instituto Agrônomo de Campinas - IAC, 2022, 70p.

GUIMARÃES, C. M. et al. Evaluation of recurrent selection families for tolerance to water deficit in common bean. **Annual Report of the Bean Improvement Cooperative**, v. 53, p. 162-163, Mar. 2010.

INTERNATIONAL CENTER FOR TROPICAL AGRICULTURE (CIAT). Bean Program 1978 Report. Colombia: **CIAT**, Annual Report 1978, april 1979. 82p.

MELO, L. C. et al. BRS Estilo - Common bean cultivar with Carioca grain, upright growth and high yield potential. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 10, n. 4, p. 377-379, 2010. Doi: <https://doi.org/10.1590/S1984-70332010000400015>.

MENEZES JUNIOR, J. A. N.; RAMALHO, M. A. P.; ABREU, A. F. B. Seleção recorrente para três caracteres do feijoeiro. **Bragantia**, v. 7, n. 4, p. 833-838, oct-dez 2008. ISSN: 00068705.

MOURA, A. D.; BRITO, L. M. Aspectos socioeconômicos. *In*: CARNEIRO, J. E. S.; PAULA JÚNIOR, T. J.; BORÉM, A. Feijão: do plantio à colheita. Viçosa, MG: **Editora UFV**, 2015, p. 16-36.

MOURA, M. C.; 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, abr. 2013. Doi: 10.1590/S0100-204X2013000400010.

NIENHUIS, J.; SINGH, S. P. Effects of location and plant density on yield and architectural traits in dry beans. **Crop Science**, Madison, v. 25, n. 4, p. 579-584, 1985. Doi: <https://doi.org/10.2135/cropsci1985.0011183X002500040001x>.

PÁDUA, F. de. et al. Efficiency of a recurrent selection method to achieve resistance of common beans to *Pseudocercospora griseola* in a short period. *Ciencia e Agrotecnologia*, 45:e013421, 2021. Doi: <http://dx.doi.org/10.1590/1413-7054202145013421>.

PAULA, I. G. Melhoria da arquitetura do feijoeiro visando colheita mecanizada. Orientador: José Eustáquio de Souza Carneiro. **Dissertação** (Mestrado em Genética e Melhoramento) – Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, MG, 2021. 60f. Doi: <https://doi.org/10.47328/ufvbbt.2021.134>.

PAULINO, J. F. C. et al. Genome-wide association study reveals genomic regions associated with fusarium wilt resistance in common bean. **Genes**, v. 12, p. 765, 2021. Doi: <https://doi.org/10.3390/genes12050765>.

PIMENTEL-GOMES, F. **Curso de Estatística Experimental**. 13 ed. Piracicaba: Nobel, 1990. 468p.

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

RAMALHO, M. A. P.; LAMBERT, E. S. Biometria e o melhoramento de plantas na era da genômica. **Revista Brasileira de Milho e Sorgo**, Sete Lagoas, v. 3, n. 2, p. 228-249, 2004.

RAMALHO, M. A. P.; SANTOS, J. B. Melhoramento do feijão. **Informativo Agropecuário**, Belo Horizonte, v. 8, n. 90, p. 16-19, jun. 1982.

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

RAMALHO, M. A. P. et al. Progresso genético após quatro ciclos de seleção recorrente no melhoramento do feijoeiro. *In*: Congresso Brasileiro de Melhoramento de Plantas, 2., 2003, Porto Seguro. **Anais**. Porto Seguro: SBMP, 2003.

RAMALHO, M. A. P.; ABREU, A. F. B.; CARNEIRO, J. E. S. Cultivares. **Informativo Agropecuário**, Belo Horizonte, v. 25, n. 223, p. 21-32, 2004.

RAMALHO, M. A. P.; ABREU, A. F. B.; SANTOS, J. B.; NUNES, J. A. R. Aplicações da Genética Quantitativa no Melhoramento de Plantas Autógamas. 1 ed. Lavras: **Editora UFLA**, 2012, 522 p. ISBN: 9788581270104.

RAMALHO, M. A. P. Seleção recorrente. *In*: REUNIÃO NACIONAL DE PESQUISA DE FEIJÃO, 5, 1996, Goiânia. **Anais**. Goiânia: EMBRAPA-CNPAF, 1996, p. 153-165.

RAMALHO, M. A. P. et al. Progresso genético após quatro ciclos de seleção recorrente no melhoramento do feijoeiro. *In*: Congresso Brasileiro de Melhoramento de Plantas, 2., 2003, Porto Seguro. **Anais**. Porto Seguro: SBMP, 2003.

ROCHA, J. R. A. S. C.; MACHADO, J. C.; CARNEIRO, P. C. S. Multitrait index based on factor analysis and ideotype-design: Proposal and application on elephant grass breeding for bioenergy. **Global Change Biology Bioenergy**, n. 10, p. 52-60, 2018. Doi: 10.1111/gcbb.12443.

SALVADOR, F. V. Seleção recorrente no melhoramento do feijoeiro: otimização das etapas de seleção e recombinação de progênies. Orientador: Pedro Crescêncio Souza Carneiro. **Dissertação** (Mestrado em Genética e Melhoramento) – Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, MG, 2018. viii, 74f.

SANTOS, J. B. et al. Botânica. *In*: CARNEIRO, J. E. S.; PAULA JÚNIOR, T. J.; BORÉM, A. Feijão: do plantio à colheita. Viçosa, MG: **Editora UFV**, 2015, p. 37-66.

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.

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

SILVA, S. S.; RAMALHO, M. A. P.; ABREU, A. F. B.; SILVA, F. B. Genetic control of early grain darkening of carioca common bean. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 8, p. 299-304, 2008.

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

SILVA, V. M. P. et al. Genetic potential of common bean parentes for plant architecture improvement. **Scientia Agricola**, v. 70, n. 3, p. -167-175, may/june 2013a.

SILVA, V. M. P. et al. Genetic improvement of plant architecture in the common bean. **Genetic and Molecular Research**, v. 12, n. 3, p. 3093-3102, 2013b.

SILVA, G. S. Controle genético do escurecimento precoce de grãos de feijão tipo carioca. Orientador: Magno Antônio Patto Ramalho. **Dissertação** (Mestrado em Genética e Melhoramento) – Universidade Federal de Lavras, Lavras, MG, 2007. 52p.

VIEIRA, C.; VIEIRA, R. F. Épocas de plantio do feijão e proposta de nomenclatura para designá-las. **Revista Ceres**, v. 42, p. 685-8, 1995.

APÊNDICE

Tabela 23. Detalhes experimentais das avaliações dos materiais genéticos nos três ciclos de seleção recorrente de feijão carioca para porte da UFV

Ciclo zero (C₀)								
Geração	F ₁	F ₂	F _{2:3}	F _{2:4}	F _{4:7}	F _{4:9}	F _{4:10}	F _{4:11}
Material genético	População	População	Família	Família	Linhagem	Linhagem	Linhagem	Linhagem
Testemunhas	14	-	20	20	5	5	5	5
Safra/ano	seca/2008	seca/2011	inverno/2011	seca/2012	águas/2019	seca/2021	seca/2022	inverno/2022
Delineamento¹	DBC	-	Látice	Látice	Látice	Látice	DBC	DBC
Repetições	3	-	3	3	2	3	3	3
Parcela²	3Lx1,4m	5Lx4m	2Lx1m	2Lx1m	1Lx1m	1Lx2m	2Lx2m	2Lx2m
Caracteres avaliados³	AMP, ARQ, PROD, DH, AIPV, NVT, NVR, NR	DH, PROD/planta	ARQ, PROD, AG	ARQ, PROD, AG	ARQ, PROD	ARQ, PROD, AG, ANT	ARQ, PROD, AG	ARQ, PROD, AG
Ciclo um (C₁)								
Geração	F ₂	F _{2:3}	F _{2:4}	F _{4:7}	F _{4:8}	F _{4:9}	F _{4:12}	F _{4:13}
Material genético	População	Família	Família	Linhagem	Linhagem	Linhagem	Linhagem	Linhagem
Testemunhas	-	20	20	20	5	5	5	5
Safra/ano	seca/2012	inverno/2012	seca/2014	inverno/2017	águas/2018	seca/2019	seca/2022	inverno/2022
Delineamento	-	Látice	Látice	Látice	Látice	Látice	DBC	DBC
Repetições	-	2	2	2	3	3	3	3
Parcela	5Lx4m	2Lx1m	2Lx1m	1Lx1m	2Lx1m	1Lx2m	2Lx2m	2Lx2m
Caracteres avaliados	DH	ARQ, PROD, AG	ARQ, PROD, AG	ARQ, PROD, AG	PROD, AG	ARQ, PROD, AG, MA	ARQ, PROD, AG	ARQ, PROD, AG
Ciclo dois (C₂)								
Geração	F ₁	F ₂	F _{2:3}	F _{2:4}	F _{2:5}	F _{2:6}	F _{2:7}	F _{2:8}
Material genético	População	População	Família	Família	Família	Família	Família	Família
Testemunhas	-	5	5	5	5	5	5	5
Safra/ano	inverno/2017	águas/2018	seca/2019	águas/2019	águas/2020	seca/2021	seca/2022	inverno/2022
Delineamento	-	DBC	DBA	Látice	Látice	Látice	DBC	DBC

Repetições	-	3	-	3	3	3	3	3
Parcela	-	4Lx4m	1Lx1m	2Lx2m	2Lx1m	1Lx2m	2Lx2m	2Lx2m
Caracteres avaliados	-	PROD, DH, PROD/planta	ARQ, PROD, AG	ARQ, PROD, AG	ARQ, PROD, AG	ARQ, PROD, AG, ANT	ARQ, PROD, AG	ARQ, PROD, AG

¹ DBC: delineamento em blocos casualizados; Látice: látice quadrado; DBA: delineamento em blocos aumentados.

² XLxZm: X linhas x Zmetros. Ex.: 1Lx2m.

³ AMP: altura média de planta; ARQ: arquitetura; PROD: produtividade de grãos; DH: diâmetro do hipocótilo; AIPV: altura de inserção da primeira vagem; NVT: número de vagem total; NVR: número de vagens no ramo; NR: número de ramos; PROD/planta: produção de grãos por planta; AG: aspecto comercial de grãos; ANT: antracnose; MC: murcha-de-fusário.