

CÉSAR PEDRO

**BIOMETRIA APLICADA AO MELHORAMENTO GENÉTICO DE FELJÃO-
GUANDU EM MOÇAMBIQUE**

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: Cosme Damião Cruz

**VIÇOSA - MINAS GERAIS
2020**

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

T

P372b Pedro, César, 1987-
2020 Biometria aplicada ao melhoramento genético de feijão-guandu em Moçambique / César Pedro. - Viçosa, MG, 2020.
89 f. : il. (algumas color.) ; 29 cm.

Orientador: Cosme Damião Cruz.
Dissertação (mestrado) - Universidade Federal de Viçosa.
Referências bibliográficas: f.79-89.

1. Cajanus cajan. 2. Diversidade genética. 3. Correlação.
I. Universidade Federal de Viçosa. Departamento de Biologia Geral.
Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento. II. Título.

CDD 22 ed. 583.74

CÉSAR PEDRO

**BIOMETRIA APLICADA AO MELHORAMENTO GENÉTICO DE FEIJÃO-
GUANDU EM MOÇAMBIQUE**

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: 23 de junho de 2020.

Assentimento:



César Pedro
(Autor)



Cosme Damião Cruz
(Orientador)

AGRADECIMENTOS

A Deus pela vida.

Aos meus pais Pedro Cunha e Atia Bernardo, aos meus irmãos e aos meus sogros pelas orações visando meu bem estar e sucesso nos meus estudos.

À minha esposa Delénia Margarida Rodrigues Rico pelo amor, apoio moral, paciência e fé.

Ao professor Cosme Damião Cruz, pela excelente orientação, pela confiança e pela sua forma inspiradora de ser.

Aos companheiros do laboratório de Bioinformática pela amizade e convívio, por fazerem parte da minha história e pelo apoio que me dão sempre que necessito. Aprecio o vosso jeito de trabalhar em equipe, de atendimento e em acreditar nos outros e levo isso comigo para o meu trabalho, porque só assim é possível crescer profissionalmente e socialmente.

Ao Professor Leonardo Lopes Bhering e Professor Renato Domiciano Silva Rosado, por participarem da banca examinadora e pelas sugestões visando a melhoria do trabalho.

Ao programa de pós-graduação e seus colaboradores, por participarem da minha formação acadêmica.

À Universidade Federal de Viçosa, pela oportunidade de fazer parte da sua história, pela forma diferenciada de atendimento e serviços.

Ao Instituto de Investigação Agrária de Moçambique, em especial ao Centro Zonal Nordeste e ao programa de leguminosas, pela permissão em prosseguir nos estudos.

O presente trabalho foi realizado com apoio da:

-BHEARD-USAID e Michigan States University: *“Este material é baseado no trabalho apoiado pela Agência dos Estados Unidos para o Desenvolvimento Internacional, como parte da iniciativa Feed the Future, sob o Fundo CGIAR, prêmio número BFS-G-11-00002, e o fundo antecessor para concessão de Segurança Alimentar e Mitigação de Crise II, prêmio número EEM-G-00-04-00013.”*

“This material is based upon work supported by the United States Agency for International Development, as part of the Feed the Future initiative, under the CGIAR Fund, award number BFS-G-11-00002, and the predecessor fund the Food Security and Crisis Mitigation II grant, award number EEM-G-00-04-00013.”

-Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior – Brasil (CAPES) – Código de Financiamento 001.

MUITO OBRIGADO!

RESUMO

PEDRO, César, M.Sc., Universidade Federal de Viçosa, junho de 2020. **Biometria aplicada ao melhoramento genético de feijão-guandu em Moçambique**. Orientador: Cosme Damião Cruz.

Com objetivo de quantificar a variabilidade, identificar genótipos contrastantes, caracteres que podem ser usados como critério de seleção e prever ganhos genéticos, foram avaliados caracteres em seis genótipos de feijão-guandu, em blocos ao acaso, com três repetições, em dois ambientes (Namapa e Montepuez), no ano de 2017/2018, por meio das análises de variância e parâmetros genéticos, correlação e trilha, seleção direta, indireta e índices, dissimilaridade de Mahalanobis e agrupamentos por técnicas de otimização de Tocher, hierárquicos e variáveis canônicas. Os resultados mostraram significância nos caracteres, com exceção na altura da planta. Os pares dos genótipos CP8863xICEAP00557 e ICPL85063xICEAP00557 foram os mais divergentes. Os caracteres ramos primários, ramos secundários, largura da vagem, vagens por planta e produtividade de grão no ambiente I e ramos secundários, comprimento da vagem, vagens por planta, peso de 100 sementes e dias até 50% de floração no ambiente II, contribuíram para máxima divergência genética. Os genótipos ICP8863 e ICPL85063 avaliados no ambiente I e os genótipos ICPL85063 e LRG41, no ambiente II, apresentaram maior desempenho *per se* para produtividade de grão e peso de 100 sementes. As vagens por planta e ramos primários no ambiente I e os ramos secundários no ambiente II, além de apresentarem maior variabilidade genética e herdabilidade, apresentaram correlação e efeitos diretos para a melhoria da produtividade de grão. As estratégias baseadas na seleção de comprimento da vagem com produtividade e peso de 100 sementes com produtividade por meio dos índices de Mulamba e Mock, Distância genótipo-ideótipo e Pesek e Baker, com peso econômico CV_g , proporcionaram ganho simultâneo para peso de 100 sementes e produtividade de grão no ambiente I, com a indicação dos genótipos ICP8863, ICPL85063 e ICEAP00557. A estratégia de seleção baseada em ramos secundários e produtividade de grão, por meio do índice de Mulamba e Mock, proporcionaram ganhos simultâneos, para produtividade de grão, peso de 100 sementes e decréscimo em dias até 50% de floração em baixa magnitude, indicando os ICPL85063, LRG41 e BSMR736 avaliados no ambiente I. Os genótipos ICP8863 e ICPL85063 foram destaque na seleção pelas diferentes técnicas biométricas avaliadas.

Palavras-chave: *Cajanus cajan*. Diversidade. Correlação.

ABSTRACT

PEDRO, César, M.Sc., Universidade Federal de Viçosa, June, 2020. **Biometrics applied to pigeonpea breeding in Mozambique.** Advisor: Cosme Damião Cruz.

With objective to quantify the variability, identify contrasting genotypes, traits that can be used as a selection criterion and predict genetic gains, traits were evaluated in six genotypes of pigeonpea, in randomized blocks, with three replications, in two environments (Namapa and montepuez), in 2017/2018, through analysis of variance and genetic parameters, correlation and path analyses, direct and indirect selection, indices, dissimilarity of mahalanobis and clustering by Tocher optimization techniques, hierarchical and canonical variables. The results showed significance in the traits, except plant height. The CP8863xICEAP00557 and ICPL85063xICEAP00557 genotypes pairs were the most divergent. The traits primary branches, secondary branches, pod width, pods per plant and grain yield in environment I and secondary branches, pod length, pods per plant, weight of 100 seeds and days up to 50% flowering in environment II, contributed for maximum genetic divergence. The genotypes ICP8863 and ICPL85063 evaluated in environment I and the genotypes ICPL85063 and LRG41 evaluated in environment II, presented higher performance per se for grain productivity and weight of 100 seeds. The pods per plant and primary branches in environment I and the secondary branches in environment II, in addition to having greater genetic variability and heritability, showed correlation and direct effects for improving grain productivity. The strategies based on the selection of pod length with productivity and weight of 100 seeds with productivity using the Mulamba and Mock, Genotype-ideotype distance and Pesek and Baker indices, with economic weight CVg, provided simultaneous gain for weight of 100 seeds and grain productivity in environment I, with the indication of the genotypes ICP8863, ICPL85063 and ICEAP00557. The selection strategy based on secondary branches and grain yield, using the Mulamba and Mock index (1978), with economic weight 1 (one), provided simultaneous gains for grain yield, weight 100 seeds and low days of maturity indicated the genotypes ICPL85063, LRG41 and BSMR736 evaluated in environment I. The genotypes ICP8863 and ICPL85063 were highlighted in the selection by the different biometric techniques evaluated.

Keywords: *Cajanus cajan*. Diversity. Correlation.

SUMÁRIO

| | |
|---|-----------|
| 1. INTRODUÇÃO..... | 7 |
| 2. REVISÃO DE LITERATURA | 10 |
| 2.1. Variabilidade genética e associações de caracteres em feijão-guandu | 10 |
| 2.1.1.Variabilidade e ganho genético dos caracteres em genótipos de feijão-guandu | 10 |
| 2.1.2.Correlação e análise de trilha dos componentes de produção em feijão-guandu..... | 18 |
| 2.2. Diversidade genética no melhoramento de feijão-guandu..... | 24 |
| 2.2.1.Formação da população de melhoramento de feijão-guandu | 24 |
| 2.3. Ganhos genéticos e seleção simultânea..... | 30 |
| 2.3.1.Seleção direta e indireta..... | 30 |
| 2.3.2.Seleção simultânea..... | 32 |
| 2.4. Considerações finais | 39 |
| 3. MATERIAL E METODOS..... | 39 |
| 3.1. Delineamento e manejo experimental | 39 |
| 3.2. Caracteres avaliados | 39 |
| 3.3. Análises estatísticas e biométricas..... | 40 |
| 4. RESULTADOS E DISCUSSÃO | 46 |
| 4.1. Parâmetros genéticos de caracteres em genótipos de feijão-guandu | 46 |
| 4.2. Diversidade genética em genótipos de feijão-guandu | 50 |
| 4.3. Associações genéticas dos componentes de produção do feijão-guandu..... | 62 |
| 4.4. Ganhos genéticos e seleção simultânea de caracteres em feijão-guandu | 71 |
| 5. CONCLUSÕES..... | 78 |
| 6. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS | 79 |

1. INTRODUÇÃO

As leguminosas pertencem à família Leguminosae, que é a terceira maior família de plantas com flores e compreende espécies com atributos únicos que fazem contribuições essenciais para modos de vida, nutrição e sistemas de produção sustentáveis (SNAPP et al.; 2018). O feijão bôer (*Cajanus cajan* [L.] Millspaugh), nome designado em Moçambique ou feijão-guandu conhecido no Brasil é uma importante leguminosa de grãos na alimentação humana e na economia de Moçambique como fonte de renda para produtores. Pertence à sub-tribo Cajaninae e possui genoma diploide com 11 pares de cromossomos ($2n = 2x = 22$) compreendendo um genoma de 833.1 Mbp. O feijão-guandu é uma fonte rica de proteína (20-23%), além disso, melhora a fertilidade através da fixação do nitrogênio atmosférico e reduz a erosão do solo (VARSHNEY et al., 2012). É considerada uma planta autógama, porém, possui taxa de cruzamento natural alta, em torno de 14 a 70% (SAXENA et al. 1990 e HOWARD et al. 1919) o que acarreta diversificação genética elevada, possibilidade de seleção e desenvolvimento de materiais mais adaptados às condições edafoclimáticas locais (AMABILE, 2008). Acredita-se que o feijão-guandu é nativo do subcontinente indiano, onde a maior variabilidade genética da espécie é encontrada. A África foi considerada por alguns autores, como um possível centro de origem, já que uma ampla variabilidade também pode ser encontrada (FULLER; HARVEY, 2006). É a quinta leguminosa de grão mais importante do mundo (KUMAWAT et al., 2013), cultivada principalmente em áreas tropicais e subtropicais da Ásia, África e América Latina (SELEMAN R, 2015). A produção mundial é estimada em 4,49 milhões de toneladas. Cerca de 63% dessa produção vem da Índia (FAO, 2018), onde, em 2013-14, a produtividade foi cerca de 25% menor ($730 \text{ kg}\cdot\text{ha}^{-1}$) que a média mundial ($910 \text{ kg}\cdot\text{ha}^{-1}$) (SINGH et al., 2018). África contribui com cerca de 21% da produção global com 1,05 milhão de toneladas e os principais produtores são Malawi, Tanzânia, Quênia, Moçambique e Uganda (FAO, 2018). A produtividade em Malawi é de $1102.8 \text{ kg}\cdot\text{ha}^{-1}$ (KAONEKA et al., 2016), em Moçambique, varia de $300\text{-}400 \text{ kg}\cdot\text{ha}^{-1}$ no nível de pequenos produtores (WALKER et al., 2015) que é comparativamente baixa a do país vizinho “Malawi” e da Índia. De modo geral, os níveis de produtividade baixos, podendo-se atribuir à falta de variedades geneticamente superiores, ao baixo uso de coleções de bancos de germoplasma, à má produção agrícola e à exposição a vários estresses bióticos e abióticos (VARSHNEY et al., 2010). Esta é uma questão preocupante, em vista do aumento da população, da redução da disponibilidade de

proteína per capita e da resposta da procura do mercado no futuro previsível. Moçambique é um dos maiores produtores mundiais e exportadores de feijão-guandu. Tradicionalmente, tem crescido em pequenas quantidades, por pequenos agricultores, principalmente para o consumo doméstico. No entanto, a última década viu a introdução de uma nova dinâmica, cada vez mais, centenas de milhares de agricultores começaram a se engajar na produção de feijão-guandu como sua primeira ou segunda mais importante cultura de rendimento. Esta mudança foi causada principalmente pela crescente demanda da Índia e pelas intervenções de ONGs e comerciantes para promover a cultura (CRUZ, 2017). O aumento da área a partir de mais produtores que cultivam a cultura é a principal via da expansão do feijão-guandu em Moçambique. Até 2012, mais de um milhão de agregados familiares rurais cultivavam o feijão-guandu em cerca de 250 mil hectares. No entanto, o aumento da produtividade não se tem destacado como mecanismo de aumento da produção (WALKER et al., 2015).

O Instituto de Investigação Agrária de Moçambique (IIAM) lançou, em 2011, quatro cultivares, sendo duas de maturação longa (ICEAP 00020 e ICEAP00040) e duas de maturação média (ICEAP00554 e ICEAP00557) para o cultivo do feijão-guandu. Todas elas foram testadas e selecionadas no método massal feito pelo ICRISAT no Quênia no seu programa regional para a África Oriental e Austral (WALKER et al., 2015). O potencial produtivo desses grupos de cultivares varia de 2500 a 3500 kg.ha⁻¹ respectivamente, quando todas as condições de manejo forem respeitadas. Atualmente, a produtividade destes cultivares, em nível dos pequenos produtores, varia de 300-400 kg.ha⁻¹ (WALKER et al., 2015), sendo baixa comparativamente ao potencial esperado nas variadas condições ambientais, desde melhoradas até marginais.

Entre os agricultores, o cultivo de cereais sempre recebe prioridade devido às necessidades básicas de energia da família. Isso relega o cultivo de leguminosas para terras marginais propensas ao risco, com pouco ou nenhum insumo, tornando-a o principal componente da agricultura de baixo insumo (CHOUDHARY et al., 2013). O principal desafio para o melhoramento do feijão-guandu é o aumento da produtividade, isso enfatiza, a necessidade de desenvolver variedades de alto rendimento com resistência a múltiplos estresses, para sobreviver aos desafios dos ambientes marginais (FAOSTAT, 2012). A distribuição espacial generalizada da cultura mostra a ampla adaptação do feijão-guandu para ambientes de produção de média altitude no Centro e Norte de Moçambique. Em geral, o feijão-guandu é cultivado a uma altitude mais baixa em relação ao Quênia, Malawi e Tanzânia (WALKER et al., 2015). O uso de variedades melhoradas de feijão-guandu, com elevado potencial de produção, representa uma das

mais significativas contribuições para o melhoramento da produção e produtividade no sector produtivo.

Em Moçambique, a agricultura é a base da economia e o farol para o desenvolvimento futuro, alívio da pobreza e segurança alimentar. Acabar com a fome global é um dos maiores desafios e oportunidades da nossa era. A Feed the Future, uma iniciativa global de fome e segurança alimentar do governo dos EUA, busca reduzir a pobreza e a desnutrição em 19 países em desenvolvimento, dos quais, Moçambique é um dos países prioritários devido a baixa produtividade agrícola e a oportunidade de ser potencial para se tornar o “celeiro” regional em decorrência da disponibilidade de terras e alta fertilidade combinada com a sua localização geográfica estratégica, que inclui os principais corredores comerciais e portos. Para reduzir a fome e a pobreza em Moçambique, o Feed the Future está lidando com os principais constrangimentos do desenvolvimento da agricultura e com as principais cadeias de valor das oleaginosas e leguminosas, devido ao seu elevado potencial de rendimento e importância nutricional, visa também, a ligação com o mercado, aumento da produtividade agrícola e a melhoria das infraestruturas e nutrição (Feed the Future, 2014). Como agricultura é um dos investimentos mais eficazes na redução da pobreza, fome e desnutrição a Feed the Future investe em pesquisa e desenvolve inovações para o futuro da agricultura nos países em desenvolvimento, por meio de uma rede de universidades e centros de pesquisa nacionais e internacionais.

O desenvolvimento e teste de novos cultivares no programa de melhoramento de feijão-gunadu, são realizados pelo Instituto de Investigação Agrária de Moçambique (IIAM) em parceria com outras instituições de pesquisa nacionais e internacionais com o objetivo de recomendar materiais mais produtivos e tolerantes a estresses bióticos e abióticos. Para alcançar tais objetivos, requer do melhorista uma compreensão multidisciplinar, capacidade de planejamento e execução de tarefas voltadas ao âmbito agrônômico e aplicação de técnicas biométricas no processo de obtenção de genótipos superiores, porque, nesse processo, grande quantidade de dados de ensaios experimentais são gerados e a necessidade de análises apropriadas destas informações, exige técnicas e ferramentas científicas da “Biometria” que é ciência da área de Genética que realiza a análise, o processamento e a interpretação de fenômenos biológicos geralmente influenciados pelo ambiente, permitindo o entendimento dos fatores bióticos e abióticos que influenciam o fenômeno estudado em todas as etapas de melhoramento e orientar a escolha de melhores estratégias e decisões com vistas à otimização da utilização de recursos físicos, financeiros e humanos. Assim, selecionar

materiais de elite da cultura de feijão-guandu como uma das cadeias de valor apoiadas pelo programa Feed the Future, poderia intensificar a produtividade agrícola, reduzir a fome e melhorar a nutrição da população Moçambicana como uma das estratégias do programa Feed The Future. Diante do exposto, foi realizado este trabalho, com objetivo de fazer um levantamento das principais técnicas biométricas aplicadas no programa de melhoramento genético, com aplicações na cultura do feijão-guandu, para orientar pesquisadores que atuam no desenvolvimento de cultivares superiores em Moçambique. Nosso estudo focará nas contribuições de pesquisadores que realizaram estudos no sentido de avaliar a diversidade genética, a variabilidade e associações genéticas de caracteres e a predição de ganhos genéticos por seleção direta, indireta e simultânea dos caracteres em genótipos de feijão-guandu.

2. REVISÃO DE LITERATURA

2.1. Variabilidade genética e associações de caracteres em feijão-guandu

A relevância da genética quantitativa para o melhoramento de plantas se baseia no fato de que a manipulação de caracteres quantitativos por meio da seleção constitui o fator essencial no programa de melhoramento genético de feijão-guandu, que tenha o objetivo de identificar, acumular e perpetuar genes favoráveis. Assim o entendimento das consequências genéticas dessa manipulação, constitui o mais importante papel da pesquisa em genética quantitativa de feijão-guandu. Nesse sentido, a estimativa de parâmetros genéticos é fundamental por permitir identificar a natureza da ação dos genes envolvidos no controle dos caracteres quantitativos e avaliar a eficiência de diferentes estratégias no melhoramento para obtenção de ganhos genéticos e manutenção de uma base adequada (CRUZ et al., 2014). As estimativas de parâmetros genéticos são propriedades não somente de caracteres biológicas, mas também da população, do ambiente, dos métodos de mensuração, da amostragem, e análises utilizadas para determiná-las (FALCONER; MACKAY, 1996). Entre os parâmetros de maior importância, destacam-se as variâncias genéticas aditiva e não aditiva, as correlações e as herdabilidades (CRUZ et al., 2014).

2.1.1. Variabilidade e ganho genético dos caracteres em genótipos de feijão-guandu

O sucesso do melhoramento genético de qualquer caráter requer obrigatoriamente, que ele seja herdável e que haja variação na população em que se

prática a seleção, sendo a genética a ciência que estuda a herança e variação desses caracteres. Os caracteres quantitativos apresentam herança complexa em sua maioria, condicionados por muitos genes com efeitos individuais pequenos e muito influenciados pelo ambiente. No estudo da herança e variação de caracteres quantitativos adota-se o modelo básico $F=G+M$, que define o valor fenotípico (F), estimado a partir dos dados diretamente mensurados nos indivíduos, como o resultado da ação do genótipo (G), ou valor genotípico, sob influência do meio (M). Analogamente, a variância fenotípica ($\hat{\sigma}_f^2$) é composta pela variância genotípica ($\hat{\sigma}_g^2$) e pela variância atribuída aos desvios proporcionados pelo ambiente ($\hat{\sigma}_m^2$), admitindo também que seja apenas um ambiente (CRUZ et al., 2014).

Do ponto de vista genético, os componentes de variância são obtidos considerando os estudos de caráter quantitativo que se baseiam na informação de sua variação total. Já do ponto de vista estatístico, são variâncias associadas aos efeitos aleatórios de um modelo estatístico (FALCONER, 1964).

As estimativas das variâncias genéticas são obtidas com base em esperança matemática, onde são utilizados os quadrados médios da análise de variância realizada conforme o delineamento genético e experimental mais apropriado. A variância genética pode ser descomposta ainda em duas partes principais, a variância genética aditiva e variância genética não-aditiva, sendo essa última constituída pela variância genética de dominância e variância genética epistática (CRUZ et al., 2012; RAMALHO et al., 2012). A fração herdável da variância genética é aquela referente aos alelos e denomina-se variância aditiva. Já aquela resultante da combinação dos alelos em cada loco, ou seja, referente à interação intra-alélica, não é herdada, sendo denominada variância atribuída aos desvios de dominância. Além dessas, quando se considera dois ou mais locos, surge outra fração relativa à interação entre alelos de genes diferentes, denominada interação epistática ou epistasia (CRUZ, 2014). O uso da variância no estudo dos caracteres quantitativos tem algumas vantagens, como, por exemplo, o fato de os efeitos individuais de cada loco ao serem elevados ao quadrado impossibilita que os efeitos de vários locos se cancelem caso os genes dominantes estejam agindo em sentidos contrários, e, isso faz com que se tenha uma ideia verdadeira do que realmente está ocorrendo, diferente do que ocorre com o uso da média (RAMALHO et al., 2012b; CRUZ et al., 2012).

A variância aditiva tem sido utilizada como uma das principais ferramentas dos melhoristas seja pelo seu valor per se, ou para obtenção de outros parâmetros genéticos. Além disso, expressa a similaridade entre indivíduos aparentados e, portanto, é um dos

componentes que determinam a covariância entre estes indivíduos aparentados. A variância atribuída aos desvios de dominância é avaliada, primeiramente por estar relacionada com a predição do êxito na confecção de híbridos heteróticos e, segundo por ser um fator perturbador na identificação de genótipos superiores, em populações segregantes, destinados a recombinação dentro de um programa de seleção recorrente (CRUZ et al., 2014).

Outra forma de estimar a variabilidade genética de uma população, principalmente em etapas mais avançadas de um programa de melhoramento, é através do uso do coeficiente de variância genético (CVg). O CVg representa a razão entre o desvio-padrão genético e a média da população, ou seja, ele expressa a magnitude da variação genética em relação à média do caráter e se constitui em um bom referencial, pelo fato de ser um parâmetro adimensional e diretamente proporcional à variância genética (RANGEL et al., 2000; FERRÃO et al., 2008). A sua importância é verificada pois permite inferir sobre a magnitude da variabilidade presente na população em diferentes caracteres, possibilitando comparar os níveis de variabilidade genética presente em diferentes genótipos, ambientes e caracteres (RESENDE et al., 1991; FERRÃO et al., 2008). Outra vantagem de estimar o coeficiente de variação genética é o fato de ser um indicador da grandeza relativa das mudanças que podem ser conseguidas em cada caráter por meio da seleção, ou seja, um indicador do ganho genético (RANGEL et al., 2000). O CVe mede a precisão do experimento e é um parâmetro estatístico e não genético, é obtido pela razão entre o desvio padrão e a média do experimento, sendo normalmente expresso em percentagem. O CVg/CVe é a relação entre o coeficiente de variação genética e o coeficiente de variação ambiental. Esta relação avalia a proporção da variância genética em relação à variância ambiental. VENCOVSKY e BARRIGA (1992) e CRUZ et al. (2012) relatam que, se o valor de razão coeficiente de variação genético por coeficiente da variação ambiental atinge valor igual ou superior a unidade na experimentação, indica uma situação mais favorável para a seleção.

Outro parâmetro de grande utilidade para os melhoristas é a estimativa da herdabilidade (h^2) que é definida como a proporção da variância fenotípica que é devida as variações de natureza genética. Como o sucesso de um programa de melhoramento depende da existência da variabilidade genética na população, esse coeficiente indica a magnitude relativa da variabilidade genética disponível a ser explorada pela técnica seletiva. Para fins de melhoramento a herdabilidade tem dupla finalidade, uma é a de prever a confiabilidade do valor fenotípico, sendo, portanto, medida da acurácia do

processo seletivo. Outra é a de quantificar a proporção do diferencial de seleção que se espera ganhar quando a seleção for praticada sobre uma unidade de seleção definida. Dessa forma, pode-se adotar, na predição de ganhos por seleção, um conceito diferente da definição clássica, em que a herdabilidade é expressa como a razão entre a variância genotípica total e a variância fenotípica total (herdabilidade no sentido amplo) ou a relação entre a variância genética aditiva e a variância fenotípica total (herdabilidade no sentido restrito) (CRUZ et al., 2014). A herdabilidade sendo alta, haverá alta correlação entre o valor fenotípico e o valor genético (CRUZ, 2005).

O melhorista deve, então, estar atento aos valores obtidos para a herdabilidade, devendo associá-la a população em que foi estimada, bem como as condições experimentais. No caso em que a variabilidade genética disponível for nula, comprovada estatisticamente pela hipótese, a herdabilidade passa a ter outro significado prático, que é o de medir a qualidade ambiental, referente aos caracteres do experimento em que se avaliaram as famílias. Assim, se não houver variabilidade e a herdabilidade for de baixa magnitude, há evidências de que a população-base não tem variabilidade genética ou de que as famílias derivadas não possibilitaram detectar a variabilidade disponível. No entanto, se a herdabilidade apresentar valores, relativamente elevados, mesmo na presença da variância genética não significativa, indicara pequena variação experimental em consequência do bom controle ambiental e do delineamento experimental adequado utilizado para contornar as fontes imprevisíveis de variações (CRUZ et al., 2014)

Portanto, é necessário estimar quantidades relativas de variabilidade genética e não genética exibidas por diferentes caracteres, usando parâmetros adequados como coeficiente de variabilidade genotípico (CVg), coeficiente de variabilidade fenotípico (CVf), estimativas de herdabilidade (h^2) e ganho genético (GS) e associação genética entre caracteres (r). As informações sobre os parâmetros ajudarão os melhoristas a determinar os critérios de seleção para o desenvolvimento de genótipos de feijão-guandude alto rendimento. Assim, vários estudos genéticos a respeito do assunto foram desenvolvidos na cultura de feijão bóer.

SHARMA et al. (2014) e RAO e RAO (2015) em seus estudos no feijão-guandu relataram alta herdabilidade juntamente com alto ganho genético para vagens por planta. Estimativas de alta herdabilidade com baixo ganho genético foram observadas para os caracteres largura da vagem e altura da planta que sugeriram a influência da ação gênica não aditiva. RAO e RAO (2015) afirmam que alta herdabilidade, aliada ao

alto ganho genético, revela a presença de menor influência ambiental e há prevalência de ação gênica aditiva em sua expressão.

PANDEY et al. (2015) estudaram a variabilidade genética dos caracteres em 20 genótipos de feijão-guandu. As maiores estimativas dos coeficientes de variação genotípicos e fenotípicos foram observadas para ramos secundários por planta (26.29 e 29.27%), seguidos pelo rendimento de sementes por planta (21.47 e 21.91%). Estimativas menores foram registradas para peso de 100 sementes (16.51 e 16.66%), vagens por planta (14.78 e 15.05%), ramos primários por planta (11.36 e 19.11%) e sementes por vagem (10.07 e 10.97%). As menores estimativas de CV_g e CV_f foram observadas nos dias até a maturação (1,52 e 1,62%), seguidos de dias até 50% de floração (2.69 e 2.79%) e altura da planta (6.51 e 6.74%). Altas estimativas de herdabilidade foram registradas pelo peso de 100 sementes (98.18%), seguido de vagens por planta (96.34%), rendimento de sementes por planta (96.00%), altura da planta (93.24), dias de maturação (87.43%), sementes por vagem (84.24%) e ramos secundários por planta (80.69%). Os ramos primários por planta (35.34%) apresentaram estimativas baixas. O maior valor do ganho genético em percentagem da média foi apresentado pelos ramos secundários por planta (48.65%), enquanto os dias de maturação (2.92%) apresentaram o menor valor. Os caracteres que apresentaram altas estimativas de ganho genético em percentagem da média foram produção de sementes por planta (43.34%), peso de 100 sementes (33.70%), vagens por planta 29.04% e ramos secundários por planta (48.65%). As estimativas moderadas do ganho genético resultaram em sementes por vagem (19.04%), ramos primários por planta (13.91%) e altura da planta (12.94). Baixas estimativas de ganho genético foram encontradas para os dias até 50% de floração (5.34%) e dias até a maturação (2.93%). Foram registradas altas herdabilidades, associadas ao alto ganho genético como percentagem da média, para ramos secundários por planta, produção de sementes por planta, peso de 100 sementes e vagens por planta. Foram observadas altas herdabilidades, juntamente com ganho genético moderado, para percentagem da média para altura da planta, ramos primários por planta e sementes por vagem. No entanto, dias para 50% de floração e dias para maturação exibiram alta herdabilidade, juntamente com baixo ganho genético.

BAL et al. (2017) estudaram a variabilidade genética e não genética exibidas por diferentes caracteres em 34 genótipos selecionados para determinar os critérios de seleção para obtenção de genótipos com alto rendimento em feijão-guandu. A variação fenotípica máxima foi encontrada nas vagens por planta (618.14) e o comprimento da vagem (0.45) indicou menor magnitude da variação fenotípica e resultados semelhantes

também na variação genotípica. O rendimento de grãos por planta (37.97%) apresentou *CVf* máximo. O maior valor do *CVg* foi registrado para vagens por planta (36.498%), enquanto a altura da planta (3.955%) apresentou *CVg* mínimo. As estimativas de herdabilidade foram maiores para vagens por planta (98.977%), seguidas pelos ramos primários por planta (98.144%), largura da vagem (97.318%), peso de 100 sementes (90.057%) e rendimento de grãos por planta (89.312%). Estimativas de alta herdabilidade com baixo ganho genético como percentagem da média foram indicadas pelos caracteres largura da vagem, dias até a maturação e altura da planta, sugerindo a influência da ação gênica não aditiva.

KUMAR et al. (2018) estudaram a variabilidade dos caracteres no feijão-guandu e revelaram maior variação fenotípica (*CVf*) para o rendimento de grãos por planta (30.54), seguido pelas vagens por planta (27.93), peso de 100 sementes (26.19) e ramos primários por planta. E o mínimo foi observado para dias 50% de floração (6.77) e dias até a maturação (6.50). O *CVg* foi maior para o rendimento de grãos por planta (29.48), seguido pelas vagens por planta (27.13), peso de 100 sementes (25.96), ramos primários por planta (24.35) e ramos secundários por planta (22.69) enquanto o mínimo foi registrado para dias até 50% de floração (6.74) e dias até a maturação (6.47). A alta herdabilidade em sentido amplo foi observada para altura da planta, dias até 50% de floração, dias até a maturação, peso de 100 grãos, vagens por planta, comprimento da vagem, rendimento de grãos por planta e ramificações primárias por planta. As estimativas de ganho genético como percentagem da média variaram de 13.28% nos dias até a maturação a 58.63% na produção de grãos por planta. O ganho genético, em percentagem do desempenho médio máximo, foi observado para grãos por planta (58.63), seguido das vagens por planta (54.29), peso de 100 sementes (53.03), ramos primários por planta (47.94) e ramos secundários por planta (43.55), enquanto o mínimo foi para altura da planta (32.59). Altas herdabilidades, acompanhadas de alto ganho genético como percentagem da média, foram observadas na produção de grãos por planta, peso de 100 sementes, vagens por planta, ramos secundários, ramos primários e altura da planta. No entanto, dias até a maturação, dias até 50% de floração e sementes por vagem apresentaram alta herdabilidade, juntamente com baixo ganho genético.

PUSHPAVALLI et al. (2018) analisaram a variabilidade fenotípica e genotípica, herdabilidade em sentido amplo e ganho genético em feijão-guandu. Revelaram variação maior para o rendimento de sementes e menor para ramos primários por planta. O *CVf* observado foi moderado para caracteres como rendimento de sementes (22.29%) e vagens por planta (27.13%), enquanto o peso de 100 sementes (9.37%) e a altura da

planta (6.58%) apresentaram baixo *CVf*. O *CVg* máximo foi observado para vagens por planta (22,07%), seguido de dias até 50% de floração (17.71%). Estimativas muito baixas de *CVg* e *CVf* foram registradas para a altura da planta e peso de 100 sementes. As vagens por planta e peso de 100 sementes exibiram maior herdabilidade. As vagens por planta e dias até 50% de floração exibiram magnitude moderada do ganho genético como porcentagem da média.

DEVI et al. (2019) realizaram estudos para avaliar a variabilidade genética e o desempenho dos genótipos. Foi observado baixo *CVg* para sementes por vagem (8.72%), dias até 50% de floração (8.08%), altura da planta (7.10%), produtividade por planta (6.06%) e dias até a maturação (1.50%). Alto coeficiente de variação fenotípico (*CVf*) foi exibido pelas vagens por planta (24.95%). O *CVf* moderado foi observado nos ramos secundários (18,38%), ramos primários (14.57%), sementes por vagem (11.79%), altura da planta (11.06%) e produtividade por planta (10.57%). O menor *CVf* foi observado nos dias até a maturação (1.82%) e dias até 50% de floração (9.67%). Altas estimativas de *CVg* e *CVf* foram observadas para vagens por planta. Foi observada alta herdabilidade, juntamente com alto ganho genético, para ramos primários, ramos secundários e vagens por planta. Observou-se alta herdabilidade associada ao ganho genético moderado abaixo no rendimento de sementes por planta, dias até 50% de floração, altura da planta, sementes por vagem e dias até a maturação, o que indica que esses caracteres estavam sob controle da herança de natureza complexa.

Os parâmetros genéticos de caracteres são afetados pelas condições do ambiente. SILVA (2006), ao obter as estimativas de parâmetros genéticos, relata que estas são validas apenas para a população da qual o material experimental constitui amostra e para as condições de ambiente em que o experimento foi conduzido. Quando se objetiva estimar parâmetros genéticos, deve-se utilizar material representativo da população, assim como as condições ambientais devem ser semelhantes com as que serão utilizadas para o cultivo comercial.

MEENA et al. (2017) realizaram um estudo para avaliar a variabilidade genética, herdabilidade e ganho genético de 19 linhagens avançadas do feijão-guandem três ambientes. Observaram diferença de magnitude mínima em *CVf* e *CVg* para dias até 50% de floração, dias até a maturação e peso de 100 sementes nos três ambientes. No ambiente I, o *CVf* foi 17.81 para vagens por planta. Estimativas mais altas para *CVf* (> 20%) foram registradas nos ambientes II e III para produção de sementes por parcela (31.39 e 36.69) e para vagens por planta (24.40 e 25.41). Estimativas mais baixas para *CVf* (<10%) foram registradas para dias a 50% de floração e dias até a maturação nos

três ambientes e para peso de 100 sementes no ambiente I. No ambiente II, o CV_f foi maior para ramos primários e ramos secundários (21.63 e 23.31, respectivamente). No ambiente I, o valor máximo de CV_g foi registrado para vagens por planta (17.26), enquanto o CV_g menor foi observado nos dias até a maturação (1.94). Nos ambientes II e III, o CV_g foi menor nos dias até 50% de floração (4.43 e 3.72). Estimativas elevadas de CV_g ($> 20\%$) foram observadas para ramos secundários no ambiente II (20.52). Nos ambientes II e III para vagens por planta (23.01 e 23.40) e para produção de sementes por parcela (30.13 e 35.60). Estimativas mais baixas de CV_g ($< 10\%$) foram registradas em todos os ambientes por dias até 50% de floração e dias até a maturação. Nos ambientes II e III para sementes por vagem e no ambiente I para ramos secundários e peso de 100 sementes. Maior magnitude de herdabilidade de sentido amplo ($> 60\%$) em todos os ambientes foi observada durante dias até 50% de floração, dias até a maturação, altura da planta, ramos primários por planta, vagens por planta, peso de 100 sementes e rendimento de sementes por parcela. A herdabilidade em sentido amplo foi menor (16.66) para sementes por vagem no ambiente I. Nos três ambientes, observou-se alta magnitude do ganho genético como percentagem da média ($> 20\%$) para altura da planta, ramos primários, vagens por planta, peso de 100 sementes e rendimento de sementes por parcela. Foi observada alta herdabilidade associada ao alto ganho genético para a altura da planta, ramos primários por planta, vagens por planta, peso de 100 sementes e rendimento de sementes por parcela em todos os três ambientes, exceto para peso de 100 sementes no ambiente I. As sementes por vagem apresentou baixa herdabilidade com baixo ganho genético e os dias até 50% de floração apresentaram alta herdabilidade com baixo ganho genético.

PAL et al. (2018), objetivando descobrir a variabilidade genética, herdabilidade e ganho genético esperado entre diferentes caracteres de feijão-guandu em três ambientes, observaram que, as estimativas do CV_f foram altas ($> 20\%$) para ramos secundários, vagens por planta e produção de sementes por parcela nos três ambientes. Maior magnitude de herdabilidade em sentido amplo ($> 60\%$) nos três ambientes foi observada para dias até 50% de floração, dias até a maturação e peso de 100 sementes. Para caracteres como rendimento de sementes por parcela, altura da planta, ramos primários, ramos secundários, vagens por planta e sementes por vagem, as estimativas de herdabilidade em geral foram moderadas a baixas. Nos três ambientes, observou-se alta magnitude do ganho genético como percentagem da média ($> 20\%$) para vagens por planta e peso de 100 sementes. Em todos os ambientes, o peso de 100 sementes apresentou alta herdabilidade, juntamente com ganho genético quase alto. Para vagens

por planta, as estimativas de herdabilidade foram baixas a altas em diferentes ambientes. Foi observada alta herdabilidade acoplada ao alto ganho genético para o peso de 100 sementes nos três ambientes.

2.1.2. Correlação e análise de trilha dos componentes de produção em feijão-guandu

2.1.2.1. Correlação entre os componentes de produção de feijão-guandu

No programa de melhoramento genético do feijão guandu, ao longo do processo seletivo, a principal preocupação é o melhoramento da produtividade de grão, atendendo paralelamente, a melhoria dos caracteres secundários associados. Porém, conforme CARVALHO et al. (2002) a produtividade é o caráter de maior importância econômica, no entanto, é complexo e resultante da expressão e associação de diferentes componentes. Os importantes caracteres componentes de rendimento do feijão-guandu para aumentar a produtividade são: dias até 50% de floração, dias até a maturação, altura da planta, tipo de planta, padrão de ramificação, vagens por planta, sementes por vagem, comprimento da vagem, ramos primários, ramos secundários, comprimento de ramificação, peso de 100 sementes e produção de sementes por planta (SAXENA, 2008). A tolerância contra estresses bióticos e abióticos também é um caráter importante para a seleção (MALLES, 2016).

Os caracteres componentes de rendimento mostram associações entre si. Associações desfavoráveis entre os atributos desejados na seleção podem limitar o ganho genético (ESPÓSITO et al., 2012). O conhecimento das associações entre caracteres é de grande importância nos trabalhos de melhoramento principalmente se a seleção em um deles apresenta dificuldades, em razão da baixa herdabilidade, e, ou, tenha problemas de medição e identificação (CRUZ et al., 2012). A análise do coeficiente de correlação mede a relação mútua entre os vários caracteres da planta e determina os caracteres componentes nos quais a seleção pode ser baseada no melhoramento genético do rendimento (PANDEY et al., 2015) e é importante por fornecer informações úteis sobre a natureza, extensão e direção da seleção (ESPÓSITO et al., 2012). Um valor positivo de correlação mostra que as mudanças de duas variáveis estão na mesma direção e valores altos de uma variável estão associados a valores altos de outra e vice-versa. Quando a correlação é negativa, os movimentos estão em direções opostas e valores altos de uma variável estão associados a valores baixos da outra (PANDEY et al., 2015).

As relações existentes entre os caracteres são, em geral, avaliadas por meio das correlações fenotípicas, genotípicas e residuais (ESPÓSITO et al., 2012). A correlação que pode ser mensurada a partir de medidas de dois caracteres, em certo número de indivíduos da população, é a fenotípica que tem causas genéticas e ambientais, porém só as genéticas envolvem uma associação de natureza herdável, podendo, por conseguinte, ser utilizada na orientação de programas de melhoramento (CRUZ et al., 2012). A causa da correlação genética é, principalmente, a pleiotropia. Ligações gênicas são causas transitórias, especialmente em populações derivadas de cruzamento entre linhagens divergentes (FALCONER, 1981). A ocorrência de correlação significativa indica que uma associação de dois caracteres não se deve apenas aos genes, mas também à influência do meio ambiente. Se o relacionamento é devido ao efeito múltiplo do (s) gene (s), é difícil separar esses efeitos, selecionando o caráter particular não relacionado (DAS et al., 1988). Se dois caracteres apresentam correlação genética favorável é possível obter ganhos para um deles por meio da seleção indireta no outro associado. Em alguns casos, a seleção indireta, com base na resposta correlacionada, pode levar a progressos mais rápidos do que a seleção direta do caráter desejado (CRUZ et al., 2012).

O ambiente torna-se a causa de correlações quando dois caracteres são influenciados pelas mesmas diferenças de condições ambientais. Valores negativos dessa correlação indicam que o ambiente favorece um caráter em detrimento do outro, e valores positivos, que os dois caracteres são beneficiados ou prejudicados pelas mesmas causas de variações ambientais. De maneira geral, as correlações genéticas e ambientais apresentam o mesmo sinal, entretanto, nos casos em que isso não ocorre, há indicativo de que as causas de variação genética e ambiental influenciam os caracteres por meio de mecanismos fisiológicos (FALCONER, 1981). Os sinais de correlação fenotípica e genotípica podem, eventualmente, ser diferentes, sendo o fato, em geral, atribuído a erros de amostragem.

PANDEY et al. (2015) estudaram as correlações entre a produção e seus caracteres contribuintes em 20 genótipos de feijão-guandu. A produção de sementes por planta foi altamente significativa e positivamente associada a vagens por planta e peso de 100 sementes nos níveis fenotípico e genotípico. Entretanto, ramos secundários por planta apresentaram correlação positiva significativa com a produção de sementes por planta nos dois níveis. Os dias até 50% de floração registraram associação altamente significativa e positiva com os dias até a maturação, mas apresentaram correlação significativa e negativa com o peso de 100 sementes. A altura das plantas apresentou

correlação altamente significativa e positiva com os ramos secundários por planta. Os ramos secundários por planta apresentaram correlação positiva altamente significativa com as vagens por planta. Sementes por vagens apresentaram correlação negativa significativa com o peso de 100 sementes e os dias até a maturação mostraram correlação negativa altamente significativa com ramos primários por planta.

SINGH e SINGH (2016) estudaram a natureza e magnitude nas populações segregantes e não segregantes de feijão-guandu para determinar o critério de seleção para desenvolvimento dos genótipos mais produtivos. No caso dos pais, apenas as vagens por planta foram associadas positiva e significativamente ao rendimento de sementes. O peso de 100 sementes e ramos secundários foram não significativos. No entanto, nos F_{1s} , a produção de sementes por planta foi positiva e significativamente correlacionada com as vagens por planta, enquanto os ramos secundários e ramos primários foram não significativos. As vagens por planta foram positiva e significativamente associadas aos ramos secundários. Nas populações segregantes, as vagens por planta e a altura das plantas revelaram associações positivamente significativas com a produção de sementes, enquanto o peso de 100 sementes, sementes por vagem apresentaram valores positivos e altos de correlação com as sementes, porém estatisticamente não significativos. Observou-se que a altura das plantas com peso de 100 sementes, sementes por vagem e comprimento de vagem com sementes por vagem apresentaram valores de correlação positivos e significativos.

KUMAR et al. (2018) estudaram a correlação de caracteres no feijão-guandu, observaram que o rendimento de grãos por planta apresentou associação positiva significativa com as vagens por planta, ramos secundários, altura da planta e ramos primários nos níveis genotípico e fenotípico. PUSHPAVALLI et al. (2018) analisaram a correlação de caracteres em 49 genótipos de feijão-guandu e verificaram que a produção de sementes foi correlacionada significativa e positivamente com ramos secundários e vagens por planta no nível genotípico. O peso de 100 sementes foi correlacionado negativamente com o rendimento de sementes. Os dias até a maturação foram significativamente correlacionados com os dias até 50% de floração.

O rendimento depende de vários caracteres e condições ambientais que existem durante o crescimento da cultura. Portanto, é essencial estudar a associação de caracteres entre si e com o rendimento sob um conjunto de condições ambientais. MEENA et al. (2017) em seus estudos de correlações de caracteres de feijão-guandu revelaram que o rendimento de sementes apresentou correlação altamente significativa e positiva com os dias até a maturação, altura da planta, vagens por planta e peso de 100

sementes nos níveis fenotípico e genotípico. Em todos os ambientes, o peso de 100 sementes apresentou correlação positiva e significativa com a altura da planta, ramos primários, vagens por planta e produção de sementes por parcela. As vagens por planta apresentaram correlação significativa e positiva com a altura da planta, ramos primários, peso de 100 sementes e rendimento de sementes nos níveis fenotípico e genotípico. Os ramos primários por planta apresentaram correlação positiva e significativa com a altura da planta, vagens por planta e peso de 100 sementes. A altura da planta mostrou correlação significativa e positiva ramos primários por planta, vagens por planta, peso de 100 sementes e rendimento sementes, nos níveis fenotípico e genotípico.

PAL et al. (2018) estudaram a correlação entre diferentes caracteres de feijão-guandu em três ambientes, observaram que o rendimento de sementes por parcela foi significativo e positivamente correlacionado com os dias até 50% de floração, dias até a maturação e vagens por planta nos três ambientes. Os dias até 50% de floração foram correlacionados significativa e positivamente com os dias até a maturação, altura das plantas, vagens por planta e produção de sementes nos três ambientes. Os dias até a maturação foram significativos e positivamente correlacionados com os dias até 50% de floração, vagens por planta e produção de sementes nos três ambientes. A altura da planta foi significativa e positivamente correlacionada com dias até 50% de floração no nível fenotípico nos três ambientes. Os ramos secundários foram correlacionados positiva e significativamente com as vagens por planta nos três ambientes. as vagens por planta apresentaram correlação significativa e positiva com o rendimento de sementes nos três ambientes. As vagens por planta com o peso de 100 sementes não exibiram significância. Os dias até a maturação, as vagens por planta e sementes por vagem foram positivos e significativamente correlacionados com o rendimento de sementes em todos os ambientes. O rendimento de sementes foi correlacionado significativa e positivamente com os dias até 50% de floração, dias até a maturação e vagens por planta nos três ambientes.

2.1.2.2. Análise de trilha dos componentes de produção de feijão-guandu

A produtividade é um caráter complexo e resultante da expressão e associação de diferentes componentes. O conhecimento do grau dessa associação, por meio de estudos de correlações, possibilita identificar caracteres que podem ser usadas como critérios de seleção indireta para produtividade (CARVALHO et al.,2002). Entretanto, o estudo de correlações entre caracteres não permite, per se, tirar conclusões sobre

relações de causa e efeito, ou seja, a correlação é apenas uma medida de associação linear entre dois caracteres. A correlação estimada pode não representar a verdadeira associação entre dois caracteres, uma vez que uma alta ou baixa associação pode ocorrer por influência de um terceiro caráter ou conjunto de caracteres (CRUZ et al., 2014). Se a correlação é devida ao efeito direto, ela reflete o verdadeiro relacionamento e a seleção é praticada para esse caráter para melhorar o rendimento. Caso o efeito seja indireto através de outro caráter componente, o melhorista deve selecionar a última caracter através da qual o efeito indireto é exercido. A seleção direta de qualquer caráter é útil quando seu efeito direto é mais ou menos a mesma magnitude que o efeito total e a seleção indireta é praticada quando seu efeito indireto é responsável por gerar o efeito total (BAL et al., 2018).

Pela importância de se conhecer as relações de causa e efeito, WRIGHT (1921) desenvolveu a análise de trilha (“path analysis”), que tem por finalidade desdobrar as correlações entre cada par de variáveis, de um conjunto de efeitos diretos e indiretos. Essa metodologia permite o estudo dos efeitos diretos e indiretos de algumas variáveis independentes sobre uma variável dependente (básica), cujas estimativas são obtidas por meio de equações de regressão em que as variáveis são primeiramente padronizadas (CRUZ et al., 2012). Assim, o método estatístico da análise de trilha, permite estudar mais detalhadamente as relações existentes entre os caracteres de interesse (CRUZ et al., 2014).

A inter-relação entre o efeito direto e indireto dos caracteres componentes do rendimento é importante na predição da resposta correlacionada à seleção direta (VIJAYALAKSHMI et al., 2013), porém, se a matriz de correlação apresenta problemas de multicolinearidade moderada ou severa, os coeficientes de trilha estimados apresentam pouco sentido biológico (CARVALHO, 1995). Em presença de multicolinearidade, as variâncias associadas a certos estimadores, como, por exemplo, os coeficientes de trilha que medem os efeitos diretos de variáveis explicativas sobre uma principal, podem atingir valores demasiadamente elevados, sendo evidência de serem as estimativas pouco confiáveis, e conseqüentemente, sem coerência com o fenômeno biológico estudado (CRUZ et al., 2014).

As duas metodologias mais utilizadas para a identificação da multicolinearidade se baseiam no fator de inflação da variância (FIV) e no número de condições. O FIV pode ser obtido, para cada variável, na diagonal da inversa da matriz de correlação $X'X$ (CRUZ et al., 2014). Considera-se multicolinearidade severa, quando $FIV > 10$ (HAIR et al., 2009). O número de condição é a divisão do maior pelo menor autovalor da

matriz de correlação $X'X$ (CRUZ et al., 2014; GUJARATI, 2006). Número de condição menor que 100 indica multicolinearidade fraca, entre 100 e 1000, moderada a forte e, maior que 1000, multicolinearidade severa (MONTGOMERY e PECK, 1982). Uma opção para o problema da multicolinearidade é excluir as variáveis explicativas de maior contribuição para a multicolinearidade antes de fazer a análise de trilha.

PANDEY et al. (2015) fizeram estudo de análise de trilha em 20 genótipos de feijão-guandu que revelou vagens por planta, dias até a maturação, ramos primários por planta, peso de 100 sementes e sementes por vagem como sendo os caracteres de maior efeito direto positivo sobre o rendimento de sementes por planta. As estimativas de efeitos indiretos foram insignificantes. A estimativa dos fatores residuais foi baixa. MEENA et al. (2017), realizando estudos de análise de trilha dos caracteres de feijão-guandu, revelaram que o rendimento de sementes nos três ambientes, foi diretamente influenciado por vagens por planta e peso de 100 sementes. Dias até 50% de floração e dias até a maturação em três ambientes, ramos primários e ramos secundários registraram efeitos diretos negativos no rendimento em dois ambientes.

KUMAR et al. (2018) em seus resultados de análise de trilha em caracteres de feijão-guandu, indicaram alta contribuição direta positiva de vagens por planta, dias até a maturação, peso de 100 sementes, sementes por vagem e ramos primários sobre o rendimento de grãos. Os dias até 50% de floração tiveram efeito indireto máximo sobre o rendimento de grãos por planta e a altura das plantas apresentou efeito direto médio positivo. Pushpavalli et al. (2018) estudaram as associações, por análise de trilha, entre caracteres de genótipos de feijão-guandu, observaram que os dias até a maturação exibiram a maior magnitude de efeitos diretos no rendimento de sementes, seguidos pelas vagens por planta. Os efeitos diretos de vagens por planta na produção de sementes foram devidos principalmente a efeitos indiretos através de ramos primários e ramos secundários. Os ramos secundários apresentaram correlação positiva e significativa com o rendimento de sementes e seu efeito direto no rendimento de sementes devido principalmente a efeitos indiretos via ramos primários, vagens por planta e peso de 100 sementes. PAL et al (2018) estudaram a contribuição direta e indireta dos caracteres para o rendimento de sementes de feijão-guandu em três ambientes, verificaram que os dias até a maturação, as vagens por planta e as sementes por vagem tiveram efeito direto sobre o rendimento de sementes em todos os ambientes. Indicaram ainda que os dias até 50% de floração não apenas tiveram alto efeito direto positivo no rendimento de sementes por parcela, mas também tiveram alto efeito indireto via vagens por planta nos três ambientes. Dias para 50% de floração exibiram

alto efeito indireto positivo através de vagens por planta no rendimento de sementes por parcela.

2.2. Diversidade genética no melhoramento de feijão-guandu

O feijão-guandu é cultivado em diferentes regiões agroecológicas de Moçambique em uma variedade de solos e diversas situações fisiográficas. Em Moçambique, uma parte da variabilidade foi documentada para vários caracteres botânicos e agronômicos como o hábito de crescimento das plantas, altura das plantas, dias até 50% de floração, dias até a maturação fisiológica, padrão de ramificação, ramos primários, ramos secundários, comprimento da ramificação, vagens por planta, comprimento da vagem, sementes por vagem, ráculos, cor da flor, cor da vagem, tamanho da semente, cor da semente. De maneira geral, os genótipos de feijão-guandu em Moçambique foram classificados em grupos de maturação precoce, médio e tardio. Sendo esse último grupo de cultivares locais e os primeiros introduzidos pelo ICRISAT.

Antes de iniciar um programa de hibridação, objetivos importantes com base no local e na finalidade do cultivo devem ser considerados. Os principais objetivos do melhoramento do feijão-guandu em Moçambique incluem o desenvolvimento de estoques genéticos, populações de base ampla, linhagens e cultivares de curta, média e longa duração, para proporcionar rendimentos mais altos e mais estáveis. Esses objetivos podem ser alcançados através do conhecimento da variabilidade e da diversidade genética presente na população de melhoramento da cultura.

2.2.1. Formação da população de melhoramento de feijão-guandu

As principais metodologias de melhoramento adotadas até agora são baseadas na exploração da variação genética aditiva. Esta cultura apresenta um nível de heterose explorável comercialmente. Um avanço considerável foi feito na extração da heterose F_1 através do desenvolvimento de híbridos no grupo de curta e média duração (KHAN, 1973; ONIM, 1981). O feijão-guandu mostrou uma quantidade substancial de variação genética não aditiva (PAHWA, 2013), o que oferece possibilidades de desenvolvimento de híbridos que são resultantes de cruzamentos de parentais divergentes selecionados com base em informações de uma matriz de dissimilaridade. Melhoristas têm recomendado, para a formação de uma população base (ou população de melhoramento), o intercruzamento entre cultivares de desempenhos superiores e divergentes entre si (RINALDI et al., 2007). Cruzamento envolvendo genitores geneticamente diferentes são os mais convenientes para produzir alto efeito heterótico

(GUIMARÃES et al., 2007; PATERNIANI et al., 2008) e, também, maior variabilidade genética em gerações segregantes (RAO et al., 1981; BUZAR et al., 2007; CRUZ et al., 2011).

Na caracterização da diversidade genética das espécies vegetais, os pesquisadores têm o interesse de agrupar genótipos similares, de maneira que as maiores diferenças ocorram entre os grupos formados (CHIORATO, 2004). A inferência sobre a diversidade genética pode ser de natureza quantitativa, baseada na quantificação da heterose (ex. análises dialélicas) ou de natureza preditiva da heterose (ex. métodos multivariados) (CRUZ et al., 2011).

A análise dialélica é utilizada para avaliar a capacidade geral e específica de combinações de progenitores para a confecção de híbridos. Entretanto, no dialelo, a avaliação de 'g' genitores e de todas as suas combinações híbridas ($g(g-1)/2$) torna-se inviável a medida que 'g' aumenta (CRUZ et al., 2012). Deve ser considerada também a dificuldade de serem obtidos híbridos em espécies autógamas, seja pela demanda de mão de obra para a realização dos cruzamentos ou pela probabilidade de insucesso nos cruzamentos. Para espécies alógamas também há elevada demanda de mão de obra na obtenção de linhas puras para a hibridação. Essas dificuldades no estudo da diversidade genética podem ser contornadas pelos métodos preditivos (CRUZ et al., 2011). A diversidade genética entre e dentro de populações encontradas em suas condições naturais, em bancos de germoplasma ou desenvolvidas nos programas de melhoramento genético pode ser predita pelas diferenças entre valores fenotípicos mensurados em suas unidades (indivíduos, progênies, etc.). Técnicas multivariadas, como análise discriminante, técnicas de dispersão gráfica (análise por componentes principais e por variáveis canônicas), análise de coordenadas principais e agrupamentos, podem ser aplicadas nesse tipo de estudo. A adoção de uma, entre as técnicas citadas, varia de acordo com o padrão de resultados desejado e com a informação disponível, seja ela caracter morfológica, fisiológica ou genético-molecular (DINIZ FILHO, 2000; CRUZ et al., 2011).

As medidas ou coeficientes de (dis)similaridade a serem utilizadas é baseada no tipo de variável sob análise. As variáveis classificadas como quantitativas são aquelas que podem ser medidas em escala real, enquanto as qualitativas são definidas por categorias ou classes, podendo ser ordinais ou nominais. Dentre as medidas de dissimilaridade obtidas de caracteres quantitativas, elas podem ser contínuas ou discretas. E entre as medidas de dissimilaridade obtidas de caracteres qualitativas pode haver binárias ou multicatóricas. Alguns cuidados iniciais devem ser tomados, como

a padronização ou não das observações e a transformação dos dados. Outra questão a ser considerada diz respeito a amostragem dos dados, isto é, se as informações são representativas da(s) entidade(s) a ser(em) analisada(s). Após essas definições iniciais, escolhe-se a medida de distância (similaridade) a ser utilizada na formação da matriz de distância entre pares de indivíduos, para que posteriormente possam ser aplicados métodos multivariados capazes de produzir uma estrutura de grupos (CRUZ et al., 2011). Basicamente, são duas etapas para a distinção entre indivíduos, sendo a primeira pelo estabelecimento da medida de similaridade entre os genótipos, e a segunda, com a adoção de técnicas de agrupamento, formando os grupos (CRUZ et al., 2012).

2.2.1.1. Medidas de dissimilaridade e agrupamento de genótipos de feijão-guandu

Nas análises por métodos de agrupamento há a necessidade de medidas de dissimilaridade, estimadas previamente, como a distância euclidiana, a distância euclidiana média, a distância euclidiana padronizada ou a distância generalizada de Mahalanobis. As distâncias euclidiana média padronizada e generalizada de Mahalanobis, entre os pares de genótipos, são muito utilizadas como medida de dissimilaridade nos métodos de agrupamento. A vantagem no uso da distância de Mahalanobis se dá por levar em consideração a existência de correlações entre os caracteres analisados por meio da matriz de variâncias e covariâncias residuais, exigindo experimentos com repetições (CRUZ et al., 2012).

2.2.1.2. Métodos de agrupamento hierárquico e otimização

A análise de agrupamento, como o próprio nome ressalta, agrupa os indivíduos por algum critério de classificação, fazendo com que haja homogeneidade dentro de um grupo (menor dissimilaridade) e heterogeneidade entre os grupos (maior dissimilaridade) (CRUZ et al., 2011). Os métodos de agrupamento que merecem destaque no melhoramento de plantas são o hierárquico e o de otimização. Nos métodos hierárquicos os genótipos são agrupados por um processo que se repete em vários níveis, até que seja estabelecido o dendrograma ou o diagrama de árvore. Dentre estes podem ser citados os métodos do vizinho mais próximo, o do vizinho mais distante, o da ligação média (UPGMA), o do centróide e o de Edwards e Cavallisforza. Na otimização, a formação dos grupos é feita pela adequação de algum critério de agrupamento visando alcançar uma partição dos indivíduos que otimize (maximize ou minimize) alguma medida predefinida, sendo mais comum o método de otimização de Tocher (CRUZ; CARNEIRO, 2006). Esse método requer a obtenção da matriz de

dissimilaridade, onde se assume que a média das medidas de dissimilaridade dentro de cada grupo deve ser menor que a distância média entre os grupos, sobre o qual é identificado o par de genótipos mais similar, que constituirá o grupo inicial. Após a formação desse grupo inicial, é avaliada a possibilidade de inclusão dos outros genótipos, adotando-se o critério anteriormente citado (CRUZ et al., 2011). Entre os métodos de agrupamento hierárquicos, o UPGMA apresenta o melhor ajuste para as distâncias originais e estimadas. É o mais adequado por apresentar dendrogramas com coeficiente de correlação cofenético máximo, que é uma medida de concordância entre os valores originais de dissimilaridade e aqueles apresentados no dendrograma (ARRIEL et al., 2006). No melhoramento genético e em estudos biológicos, o método UPGMA é um dos mais utilizados, pois, proporciona um agrupamento dos genótipos com muitas propriedades desejáveis, como a alta estabilidade (CRUZ et al., 2011). Este método agrupa indivíduos de acordo com a similaridade, utilizando médias aritméticas das medidas de dissimilaridade, que evita caracterizar a dissimilaridade por valores extremos (máximo ou mínimo) entre os genótipos considerados. Neste método, os indivíduos mais similares são agrupados inicialmente e assim, sucessivamente, até os indivíduos ou grupos mais distantes (CRUZ; CARNEIRO, 2006).

A medida de dissimilaridade e o método de agrupamento devem garantir ao melhorista segurança na seleção de genitores para os cruzamentos. Em caso de concordância de agrupamentos, a escolha do método deve recair naquele de simples execução e de fácil interpretação. No entanto, caso haja discordância entre os métodos, a escolha de genitores passa a depender do método utilizado, havendo a necessidade de escolha do mais eficiente. (CARGNELUTTI FILHO et al., 2008).

2.2.1.3. Variáveis canônicas e Importância relativa dos caracteres

A técnica de variáveis canônicas é similar à de componentes principais, pois permite a simplificação no conjunto de dados, resumindo as informações, originalmente contidas em um grupo de x variáveis (x = número de caracteres considerados no estudo), em poucas variáveis, que apresentam as propriedades de reterem o máximo de variação originalmente disponível e serem independentes entre si (CRUZ et al., 2011). Para isso os dados são plotados em gráficos bi ou tridimensionais. A análise com base em variáveis canônicas trata-se de um processo alternativo para avaliação do grau de similaridade genética entre genótipos que leva em consideração tanto a matriz de covariância residual quanto a de covariância fenotípica entre os caracteres aferidos. Essa técnica apresenta a vantagem adicional de manter o princípio do processo de

agrupamentos com base na distância D^2 , de Mahalanobis, qual seja o de levar em conta as correlações residuais existentes entre as médias dos progenitores (CRUZ et al., 2011, 2012).

A importância relativa dos caracteres avaliados quanto à dissimilaridade genética observada entre os genótipos é feita por meio da partição dos componentes D^2 , relativos a cada caráter, no total da dissimilaridade genética observada, de acordo com a metodologia de SINGH (1981). A identificação dos descritores que menos contribuem para a discriminação entre genótipos e, conseqüentemente, na determinação da divergência genética, constitui outra vantagem da análise da técnica de variáveis canônicas. Identificam-se os caracteres de menor importância para a divergência genética entre os acessos avaliados como sendo aqueles cujos coeficientes de ponderação, obtidos com a padronização das variáveis, são os de maior magnitude, em valor absoluto, nas últimas variáveis canônicas (CRUZ et al., 2011). Caracteres dispensáveis em estudos de divergência genética compreendem as que são relativamente não variantes entre os indivíduos estudados, apresentam instabilidade com a mudança das condições experimentais ou são redundantes, por estarem correlacionadas com outros caracteres SINGH (1981). Na aplicação de análises multivariadas, estudos sobre a importância relativa das variáveis são de fundamental interesse dos pesquisadores, possibilitando concluir com segurança a respeito da viabilidade de empregar os descritores utilizados em estudos de divergência genética. Reduzindo-se o número de caracteres, e eliminando aquelas que contribuem pouco para o estudo, fica mais fácil interpretar os dados sem que ocorra perda de informações. Para CRUZ e CARNEIRO (2003) o interesse na avaliação de um menor número de variáveis, que contribuem pouco para a discriminação dos materiais avaliados, possibilita economia de tempo e de mão-de-obra, tanto na tomada de dados quanto na experimentação, além de reduzir o custo em análises futuras.

A utilização conjunta de métodos de agrupamento e de dispersão gráfica tem sido a alternativa mais ideal, sobretudo quando se pretende visualizar as distâncias entre os indivíduos dentro e entre os grupos formados. Vários estudos relatam a diversidade genética existente em populações de feijão-gandu com base em estatística de Mahalanobis D^2 como se seguem:

SREELAKSHMI et al. (2010) estudaram 30 genótipos de feijão-gandu para divergência genética usando a estatística Mahalanobis D^2 . O rendimento de sementes contribuiu mais para a divergência de genótipos, seguido pelas vagens por planta, dias até 50% de floração e altura da planta. BHADRU (2011) avaliou 120 acessos de feijão-

guandu, com sementes de cor branca quanto à variabilidade e divergência genética. Os genótipos foram agrupados em 12 grupos. Os caracteres vagens por planta, altura da planta, produção de sementes, dias até a maturação e dias até 50% de floração contribuíram mais para a divergência genética. REKHA et al. (2011) avaliaram 49 genótipos de feijão-guandu de diferentes regiões ecogeográficas. A análise de agrupamento resultou em 6 grupos. O peso de 100 sementes contribuiu para máxima divergência genética seguido de vagens por planta e comprimento da vagem.

PANDEY et al. (2013) estudaram a natureza e a extensão da diversidade genética entre 23 progenitores de híbridos de feijão-guandu que empregaram a estatística de Mahalanobis D^2 . A maior contribuição para a divergência genética foi para o peso de 100 sementes, vagens por planta, dias até a maturação, dias até 50% de floração e rendimento de sementes. YOGENDRA PRASAD et al. (2013) avaliaram 15 genótipos de feijão-guandu, para quantificar a diversidade genética. A contribuição máxima para a divergência foi observada pelo rendimento de grãos, peso de 100 sementes, sementes por vagem, dias até a maturação e altura da planta. PANDEY et al. (2013) relataram que o peso de 100 sementes e as vagens por planta contribuíram respectivamente, para divergência genética entre os pais dos híbridos de feijão-guandu. SHUNYU et al. (2013) avaliaram a natureza e magnitude da divergência genética em 30 genótipos locais de feijão-guandu de Nagaland. O coeficiente de variação para diferentes caracteres indicou que as vagens por planta e o rendimento de sementes contribuíram para máxima divergência.

MUNISWAMY et al. (2014) relataram que o peso de 100 sementes contribuiu para diversidade genética mínima e as vagens por planta para diversidade genética máxima. MUNISWAMY (2014) avaliou a diversidade genética em 196 genótipos que formaram 13 grupos. As vagens por planta contribuíram mais para divergência, seguida da altura da planta, comprimento da vagem e dias até a maturação. A contribuição mínima foi do peso de 100 sementes. REDDY et al. (2015) relatou as sementes por vagem contribuíram com máximo seguido por peso 100 de sementes, altura da planta, dias até a maturação e produção de sementes em relação à divergência total em feijão-guandu.

SATANKAR NAVNEET et al. (2017) por meio da estatística D^2 estudaram 30 genótipos de feijão-guandu que foram formados em 5 grupos. O rendimento de sementes teve contribuição máxima para divergência, seguida de vagens por planta e ramos primários. No entanto, dias até 50% de floração e dias até a maturação tiveram menos contribuição para divergência genética. PUSHPAVALLI et al. (2018) avaliaram

49 genótipos de feijão-guandu, para quantificar a diversidade genética. Os dias até a maturação contribuíram para a divergência genética máxima seguido de dias até 50% de floração. BALDANIYA et al. (2018) avaliaram a diversidade genética entre 50 genótipos e agruparam em três grupos, usando o método de Tocher dado por RAO (1952), as sementes por vagem, peso de 100 sementes e ramos por planta contribuíram para a máxima divergência total. Enquanto os dias até a maturação, altura da planta, dias até 50% de floração e produção de grãos contribuíram menos para a divergência genética. O comprimento da vagem e vagens por planta tiveram uma contribuição muito baixa para a divergência genética. QUTADAH et al. (2019) relataram resultados de análise por meio da estatística de Mahalanobis D^2 que resultou no agrupamento de oito grupos distintos e não sobrepostos dos 57 acessos de feijão-guandu avaliados. A maior contribuição da divergência genética foi exibida pelo peso de 100 sementes, seguido de dias até a maturação, altura da planta e dias até 50% de Floração.

2.3. Ganhos genéticos e seleção simultânea

A possibilidade de predição dos ganhos obtidos por uma estratégia de seleção constitui-se é uma das principais contribuições da genética quantitativa. Por meio destas informações é possível orientar de maneira mais efectiva o programa de melhoramento, prever o sucesso do esquema seletivo adotado e decidir, com base científica, por técnicas alternativas que possam ser mais eficazes (CRUZ et al., 2012).

Ao conduzir um programa de melhoramento, o melhorista deve acompanhar sua população segregante, bem como as alterações, como mudanças fenotípicas e de frequências alélicas, que ela sofre em função do processo seletivo imposto. Isso é importante, uma vez que a seleção tem papel importante na manipulação de caracteres quantitativos, principalmente no que diz respeito a identificar, acumular e perpetuar alelos para estes caracteres, sendo esse o principal objetivo de um programa de melhoramento genético (MAURO et al., 1995; PASSOS et al., 2011; CRUZ et al., 2012).

2.3.1. Seleção direta e indireta

O termo seleção é definido por RESENDE (2002a) como seleção natural ou sob influência humana com base em critérios estabelecidos pelo melhorista. A seleção é dificultada pela complexidade da base genética do material experimental, bem como a influência ambiental proveniente da interação. Portanto, os programas de melhoramento precisam escolher os genitores para composição da população, selecionar os indivíduos

superiores, avaliar estes indivíduos com o objetivo de selecionar os genótipos que apresentem alta produtividade e que sejam recomendados comercialmente (CARRIJO et al., 2008). A seleção baseia-se em indivíduos com média da população elevada e ampla variabilidade genética que resultarão em ganhos genéticos no decorrer das gerações (RESENDE, 1999). Outro fator importante a ter em consideração é o tamanho efetivo da população de melhoramento. Segundo (PINTO JUNIOR, 2004), tamanho efetivo populacional não se refere ao número de indivíduos em uma população e sim de sua dimensão quanto sua parte reprodutiva. Os ganhos com seleção provêm da variação genética herdável existente nas populações, bem como, do controle genético dos caracteres que se deseja melhorar além da acurácia seletiva (RESENDE, 1999). A plena exploração do potencial de melhoramento de uma população depende da manutenção de adequado tamanho efetivo ao final de cada ciclo seletivo, como forma de evitar a perda de alelos favoráveis ao longo dos ciclos de melhoramento (PEIXOTO, 2013).

A resposta esperada com a seleção ou ganho genético estimado é produto da herdabilidade e diferencial de seleção, este por sua vez é a diferença entre a média dos genótipos selecionados e a média da população inicial (CRUZ et al., 2012; RAMALHO et al., 2012;). Desta forma, para os caracteres que apresentam alto coeficiente de herdabilidade restrita associado a um diferencial de seleção elevado, espera-se maior ganho com seleção (BORÉM, 1998). Porém, quanto maior a pressão de seleção, maior será o diferencial de seleção. Contudo, uma pressão de seleção alta pode provocar um risco de redução drástica da variabilidade genética (VENCOVSKY; BARRIGA, 1992).

Portanto, é importante estimar a variabilidade de caracteres da população de feijão-guandu, a fim de predizer os ganhos genéticos. Vários estudos a respeito da variabilidade e do ganho de seleção em feijão-guandu foram relatados. Os ganhos obtidos no feijão bóer, foram baseados no método de seleção direta ou seleção truncada, ou seja, univariada. Conforme (CRUZ et al., 2014) na seleção direta o melhorista esta, a princípio, interessado em obter ganhos em um único caráter sobre a qual ele praticará a seleção. No entanto, vem sendo pouco eficaz em vista de um mercado consumidor mais criterioso que exige que o produto apresente não uma, mas vários caracteres apropriados ao consumo. Caso haja uma resposta correlacionada entre os caracteres, ou seja, a seleção visando obtenção em um caráter altere os ganhos em outro caráter, pode-se adotar o método de seleção indireta ou resposta correlacionada.

A avaliação da resposta indireta pela seleção de determinadas caracteres, pode provocar alterações indesejáveis em outras quando houver correlações desfavoráveis, de forma que a população melhorada poderá apresentar sérios problemas, sendo rejeitada

pelo produtor ou por qualquer um que venha a utiliza-la, a menor aceitação do produto melhorado poderá ocorrer em consequência de problemas que poderão surgir, relativos ao seu baixo desempenho, em caracteres secundárias, por não ser sido dada a devida atenção aos possíveis efeitos indiretos por ocasião do processo de seleção. Para avaliar a resposta correlacionada e a seleção simultânea de caracteres é interessante obter estimativas de correlações, suas causas e efeitos (CRUZ et al., 2014).

No entanto, desenvolver cultivares nem sempre é uma tarefa fácil, uma vez que a correlação negativa entre os principais caracteres de valor econômico dificulta a seleção de genótipos de interesse para o melhoramento e torna necessário o emprego de procedimentos genético-estatísticos que permitam minimizar ou, mesmo, tornar inócuos os efeitos deletérios da resposta correlacionada (SANTOS et al., 2007). Conforme PAULA et al. (2002) devido a necessidade de realizar seleção visando um conjunto de caracteres de interesse para obter ganhos no sentido favorável a todas elas, simultaneamente, fez com que critérios de seleção, que não fossem baseados em apenas um caráter ou na seleção indireta, fossem implementados. Dessa forma outro método bastante utilizado é de seleção simultânea.

2.3.2. Seleção simultânea

Para obter materiais genéticos realmente superiores aos já existentes no mercado, é necessário que o material selecionado reúna, simultaneamente, uma série de atributos favoráveis que lhe confirmem rendimento comparativamente mais elevado e que satisfaçam tanto as exigências do consumidor quanto as do produtor (CRUZ et al., 2012, 2014).

O sucesso do melhoramento genético de feijão-guandu, não depende exclusivamente da variabilidade e da herdabilidade dos caracteres da população de trabalho, que é uma situação dentro da porteira, depende também, da situação fora da porteira do programa, determinado pelas preferências varietais dos agricultores e ou consumidores, com base em seus critérios que atendem às condições socioeconômicas e agroecológicas. Não levar em consideração esses aspectos, pode dificultar o sucesso do programa de melhoramento de feijão-guandu em Moçambique. Dessa forma, o IIAM, desenvolve abordagens participativas de seleção de cultivares no seu pacote de transferência de tecnologias agrárias, através do qual, agricultores tem a liberdade de escolher cultivares que irão compor o seu sistema de cultivo. Nesse processo, os produtores declararam preferências varietais, em caracteres relacionados ao alto rendimento de grão, a maturação precoce, tolerância a pragas e doenças, sementes

grandes, sementes de cor creme, curto tempo de cozimento e sabor dos grãos. Esses últimos quatro caracteres foram baseados nas preferências dos produtores no papel dos consumidores. SAXENA (2014); DUTTA (2011) relataram que, a preferência dos agricultores por cultivares de maturação precoce é motivada pelo desejo de obter rapidez no retorno de seus investimentos, várias colheitas em uma estação, limitar a competição de feijão-guandu com espécies vegetais e reduzir a extensão da perda de rendimento devido a seca no final da safra.

A escolha de variedades para o sistema de cultivo, com base em critérios definidos pelos produtores e ou consumidores pode facilitar a popularização das variedades de feijão-guandu em Moçambique. Assim, a seleção com base em um, ou em uns poucos caracteres, tem se mostrado inadequada, por conduzir a um produto final superior em relação apenas aos caracteres selecionados, mas com desempenho não tão favorável em relação aos vários outros caracteres não considerados. Isso poderá, em última instância levar a rejeição do produto por parte dos agricultores, consumidores, industriais, ou qualquer um que deste se utilizar. Assim, uma maneira de se aumentar a chance do êxito de um programa de melhoramento é por meio da seleção simultânea de um conjunto de caracteres de importância econômica CRUZ et al. (2012).

Os métodos de seleção simultânea podem ser agrupados em três metodologias: método Tandem também conhecido como “Método unitário” e Seleção em Turno, Método dos níveis independentes de eliminação e Método do índice de seleção (BERNARDO, 2010; FALCONER, 1987; PEREIRA, 2008). O método bastante utilizado e que vem sendo um dos procedimentos indispensáveis em programas de melhoramento é o método do índice de seleção, isso porque, esse método permite obter ganhos simultâneos mesmo para caracteres com efeitos adversos, que podem ter origem na ligação gênica ou na pleiotropia, mesmo quando a seleção é para caracteres quantitativos simultaneamente (RESENDE; OLIVEIRA; HIGA, 1990; SANTOS et al., 2007).

O índice de seleção é a combinação linear de valores fenotípicos em um único valor. Como resultado, tem-se uma medida que concentra os méritos e deméritos de cada genótipo para vários caracteres (GARCIA; SOUSA JÚNIOR, 1999). Assim o índice de seleção constitui-se num caráter adicional, estabelecido pela combinação linear ótima de vários caracteres, que permite efetuar, com eficiência, a seleção simultânea e otimizar os ganhos por seleção (CRUZ; REGAZZI, 1997; CRUZ et al., 2012). Comparações com a seleção direta permitem concluir que a utilização de índices de seleção proporciona resultados relativamente superiores. De maneira geral, o ganho

sobre um caráter é reduzido; entretanto, essa redução é compensada por uma melhor distribuição de ganhos favoráveis nos demais caracteres. Diferentes índices representam diferentes alternativas de seleção e, conseqüentemente, de ganhos. Eles identificam de maneira rápida e eficiente, materiais genotípicos que podem ser mais adequados para os propósitos do melhorista (CRUZ et al. 2012).

O intuito da utilização dos índices genotípicos está na identificação de um grupo de genótipos que apresente o máximo de alelos favoráveis (maiores valores genéticos) em relação a todos os caracteres de interesse, os quais serão recombinados para formar a população melhorada. Deste modo, os índices genotípicos são mais apropriados em programas de seleção recorrente. Já em programas de melhoramento de plantas autógamas, como do feijoeiro, em que, de modo geral, as famílias endogâmicas selecionadas não serão recombinadas, os índices genotípicos não seriam os mais adequados (OLIVEIRA, 2012).

Os índices de seleção disponíveis já citados podem ser divididos em não paramétricos ou não lineares, devido ao fato de não levarem em consideração nenhum parâmetro populacionais em suas composições e os chamados índices paramétricos ou lineares, que levam em sua composição medidas de parâmetros populacionais em combinação linear para sua estimação (SILVA; VIANA, 2012). Os índices paramétricos subdividem-se em restritos e não restritos. Conforme LESSA et al. (2010) o emprego dos índices paramétricos é apropriado quando os genótipos formam uma amostra aleatória, já os não paramétricos podem ser aplicados tanto a amostras aleatórias, quanto a genótipos selecionados. Existem várias opções de índices de seleção apresentados na literatura, tais como: índices paramétricos genotípicos não restritos [índice clássico de Smith (1936) e Hazel (1943), índice-base de Williams (1962), índice com base em ganhos desejados de Pesek e Baker (1969)], índices paramétricos genotípicos restritos [(índice de Kempthorne e Nordskog (1959), índice de Tallis (1962), índice de James (1868) Índice de Rao (1962) índice de Cunningham et al. (1970)] e índices não paramétricos fenotípicos [índice de soma de postos ou “ranks” de Mulamba e Mock (1978), índice multiplicativo (SUBANDI et al., 1973), índice livre de pesos e medidas, distância genótipo-ideótipo (CRUZ; CARNEIRO, 2006)].

A ideia da utilização de índice de seleção veio dos trabalhos de Smith (1936) e Hazel (1943). O índice de seleção clássico proposto por esses autores é um índice paramétrico, resultante da combinação linear dos valores fenotípicos dos vários caracteres economicamente importantes, cujos coeficientes de ponderação são estimados de modo a maximizar correlação entre o índice de seleção e o agregado

genotípico. Este agregado é estabelecido por outra combinação linear, que envolve os valores genéticos, os quais são ponderados por seus respectivos valores econômicos. (CRUZ et al., 2012; CRUZ et al., 2014).

Para a obtenção de estimativas de índices de seleção eficientes é necessário dispor de matriz de variâncias e covariâncias genéticas e fenotípicas bem estimadas, e de pesos econômicos, relativos a vários caracteres, bem estabelecidos (CRUZ et al., 2012). A inviabilidade da utilização do índice de seleção, pela imprecisão nas estimativas dos elementos das matrizes tem sido relatada por vários pesquisadores (BRIM et al., 1959; WILLIAMS, 1962; LIN, 1978). Entre os fatores que contribuem para o acréscimo da influência de erros na estimativa dos coeficientes do índice, citam-se o número de caracteres analisados (COCHRAN, 1951), o tipo e o número de famílias avaliadas, os ambientes amostrados (WELLS; KOFOID, 1986) e as interações genótipos x ambientes (CROSBIE et al., 1980). Outro inconveniente que tem limitado o uso do índice de seleção é o despreparo de muitos melhoristas ao estabelecer os pesos econômicos relativos aos vários caracteres principais. HAZEL e LUSH (1942) relatam que os pesos econômicos dos caracteres principais, que são aqueles que afetam diretamente o mérito genético, devem ser estabelecidos de maneira mais precisa possível e que os pesos para caracteres principais devem ser iguais a zero. Assim, apesar de a variação dos caracteres secundários não interferir no mérito genético, eles poderiam contribuir para o acréscimo de ganho nos caracteres principais, em virtude de suas covariâncias genéticas, podendo também ser incorporadas ao índice com pesos consideráveis.

PESEK e BAKER (1969) propuseram um índice em que esses pesos poderiam ser substituídos pelos ganhos desejados pelo melhorista para cada caráter, os quais, segundo esses autores, são de mais fácil determinação. Em alguns esquemas seletivos em que se empregou este índice não foi relatada a ocorrência de resultados satisfatórios (SUWANTARADON et al., 1975; KAUFFMANN; DUDDLEY, 1979; CROSBIE et al. 1980; VIEIRA, 1988). Uma crítica apresentada ao estabelecimento do índice pelos ganhos desejados refere-se ao fato de que caracteres secundários, para os quais o melhoramento não é tão importante, não possam ser incluídos para auxiliar no melhoramento de caracteres principais. Com base nessa crítica, Tai (1977) apresentou uma generalização do método de Pesek e Baker (1969), que possibilita a inclusão desses caracteres no índice, o qual é relatado e exemplificado por CRUZ e REGAZZI (1997). Este índice permite que os caracteres secundários, para os quais o melhoramento não é tão importante, possam ser incluídos no índice para auxiliar no melhoramento dos

caracteres principais. A solução matemática para a obtenção do índice, não impõe nenhuma restrição previa, porém, necessita dos ganhos desejados dos caracteres principais e impõe que o valor econômico dos caracteres secundários seja nulo, devendo ser incluídos no índice apenas para auxiliar na obtenção dos ganhos nos caracteres principais. BAKER (1986) enfatiza que, os pesos econômicos devem estar estabelecidos respeitando-se a proporcionalidade dos caracteres envolvidos. CRUZ (1990) sugere que os pesos econômicos poderiam ser estimados a partir de estatísticas dos próprios dados experimentais e que o coeficiente de variação genético poderia ser um bom referencial, uma vez que é diretamente proporcional a variância genética disponível, o que mantém, de certa forma, a proporcionalidade entre caracteres e é adimensional. Uma vez estabelecido o índice, o grande interesse é avaliar o ganho de seleção em cada caráter avaliado e, ou, no conjunto. MARCHIORI (2013) ressalta vantagem dos parâmetros genéticos permitirem a sua utilização como pesos atribuídos aos índices de seleção, pois garantem igualdade e permitem ao melhorista gerar informações de grande utilidade a respeito dos diferentes caracteres avaliados. SANTIAGO (2014) com a atribuição de pesos é possível também diferenciar os índices, pois para estimar os pesos dado em cada caráter, alguns índices são preferíveis o uso da covariância genética, outros da covariância fenotípica, outros ainda consideram o valor mínimo aceitável para cada caráter, ou até mesmo os índices cujos pesos são obtidos em função da herdabilidade ou resposta desejada.

Preocupados com a dificuldade de estabelecer com exatidão os pesos econômicos relativos aos vários caracteres, WILLIAMS (1962) propôs o índice-base que se caracteriza por evitar a interferência de imprecisões das matrizes de variâncias e covariâncias fenotípicas e genotípicas, na estimação dos coeficientes que constituem o índice. Esse método utiliza apenas os pesos econômicos associados aos caracteres envolvidos para ponderar a combinação linear dos valores fenotípicos médios dos caracteres e é mais eficiente quando as correlações entre os caracteres são baixas (CRUZ; CARNEIRO, 2008; GIOGIA, 2006; RAMALHO et al., 2012). Este índice tem apresentado larga aceitação pelos melhoristas e revelado resultado satisfatório quando utilizado como critério de seleção em vários trabalhos de pesquisa. O índice-base será equivalente ao índice clássico de Smith (1936) e Hazel (1943) quando as variâncias e covariâncias fenotípicas forem determinadas predominantemente por causas genéticas (CRUZ et al., 2012). Outra limitação do índice clássico é que o ganho genético para um determinado caráter não pode ser particularizado, uma vez que a função de maximização é derivada sem nenhuma restrição. Também, podem correr respostas

indesejáveis nos caracteres individuais dentro do agregado genotípico, principalmente quando estes caracteres são geneticamente correlacionados com caracteres que tem valores econômicos altos, alta herdabilidade ou alta variância genética. Essas limitações têm sido eliminadas com o desenvolvimento de índices de seleção com restrições, utilizado quando se deseja a maximização de ganho em um conjunto de caracteres, enquanto em outro conjunto não deve ocorrer ganho algum ou este deve ser fixado em níveis previamente estabelecidos (CRUZ et al., 2014).

A ideia inicial de restrição sobre índices de seleção foi introduzida por KEMPTHORNE e NORDSKOG (1959). Esses autores propuseram uma solução matemática para maximizar o ganho em um conjunto de caracteres, impondo a restrição de que o ganho em outro conjunto de caracteres fosse nulo. Para atingir esse objetivo, propuseram que a equação linear do índice ($I = \sum b_i x_i$) fosse determinada de modo que a correlação entre I e H (ρ_{IH}) fosse máxima, porém sujeita a restrição de que a covariância entre I e a função linear dos valores genotípicos dos caracteres que o melhorista não quer alterar seja nula [$Cov(I, V_k) = 0$]. Desse modo, a seleção com base no índice não provocaria alterações nos valores genotípicos desses caracteres. Este índice, permite identificar as unidades a serem selecionadas que conduzem a menor proporção de ganhos para determinado caráter, respeitando os valores econômicos (ou pesos genéticos) atribuídos e aos caracteres da população determinada pelas covariâncias e variâncias genéticas e fenotípicas existentes entre as unidades de seleção. TALLIS (1962) estendeu a metodologia de Kempthorne e Nordskog (1959) enfatizando que em determinadas situações, pode ser interessante que esta covariância tenha certo valor, ou seja, $Cov(I, g_j) = K_j$, ($j=1, \dots, r$), de modo que o índice calculado com a restrição permita a seleção de genótipos ótimos.

RAO (1962) apresenta métodos para calcular um índice de seleção para maximizar os ganhos em um caráter de modo que as mudanças nos demais caracteres tenham um sinal específico. JAMES (1968) mostrou como as restrições poderiam ser simultaneamente impostas nos resultados genéticos de seleção e no cálculo dos coeficientes do índice. Em todos os casos as restrições são eliminadas durante a resolução matricial para o cálculo dos coeficientes do índice. Nesse caso são feitos dois tipos de restrição, sendo, restrição aos ganhos a serem obtidos por seleção, estabelecidos pelas covariâncias entre os índices e os valores genéticos dos caracteres e restrição aos coeficientes dos caracteres do índice. CUNNINGHAM et al. (1970) mostraram que existem certas vantagens em manter as equações de restrição explicitamente no sistema

e propuseram método alternativo para o cálculo do índice restrito, que consiste em aumentar as equações básicas não restritas.

Porém, uma das grandes dificuldades para a utilização dos índices de seleção é a necessidade de se estabelecerem pesos econômicos relativos a cada caráter (PESEK; BAKER, 1969). Tais índices são chamados de paramétricos. Para tanto, os índices não paramétricos, não necessitam de pesos econômicos, tendo em vista a simples classificação dos genótipos (GARCIA; SOUZA JUNIOR, 1999). ELSTON (1963) propôs um índice multiplicativo que considera todos os caracteres com o mesmo peso econômico. Apresentou o Índice “livre de pesos“ e Livre de parâmetros” que se caracteriza por eliminar a necessidade de estabelecer pesos econômicos relativos a vários caracteres e de estimar as variâncias e covariâncias fenotípicas e genotípicas que, como já relatado, podem provocar distorções no índice clássico, em função de baixa precisão a que estão associadas. Um índice semelhante com a denominação de “índice multiplicativo”, foi apresentado por SUBANDI et al. (1973), sendo usado por alguns autores (CROSBIE et al., 1980; COMPTON; LONNQUIST, 1982). Este índice, por não necessitar de estimativa de parâmetros genéticos, e não pressupor a existência de um valor genotípico populacional a ser melhorado, adapta-se tanto a programas de seleção recorrente, como a etapas finais dos programas de melhoramento (GARCIA, 1998). MULAMBA e MOCK (1978) propuseram o Índice com base em soma de postos (ou Ranks) que consiste em classificar os materiais genotípicos em relação a cada um dos caracteres, em ordem favorável do melhoramento. Uma vez classificados, são somadas as ordens de cada material genético referente a cada caráter, resultando uma medida adicional tomada como índice de seleção. Assim, quanto menor o valor da soma, melhor é o genótipo. Em função de suas propriedades pode ser aplicado nas etapas finais dos programas de melhoramento. Já o índice baseado nas distâncias genótipo-ideótipo, proposta por SCHAWARZBACH (1972) e apresentada por WRICKE e WEBER (1986), utiliza-se a medida das distâncias euclidiana ou de Mahalanobis. Neste índice, mensuram-se os valores fenotípicos do ideótipo (de acordo com o melhorista). Após isso, efetuam-se estudos de dissimilaridade. Os genótipos que apresentarem menores valores na matriz, com relação ao ideótipo, são selecionados.

A escolha do melhor índice de seleção depende da importância relativa dos caracteres considerados, do tipo de material que está sendo selecionado e dos objetivos do programa, podendo sofrer alterações ao longo do tempo. Assim, o índice adequado pode ser alterado, não sendo possível definir o melhor de forma generalizada. Independentemente do índice considerado, sua utilização fornece um método objetivo,

capaz de determinar o mérito relativo de uma série de genótipos, fornecendo uma base para diferenciar esses genótipos (CARENA, 2009).

2.4. Considerações Finais

Neste trabalho foram apresentadas algumas importantes técnicas biométricas com relatos de aplicações no melhoramento do feijão-guandu. As abordagens, aplicações e referências servirão de base para fundamentação de um programa de melhoramento com eficiência na obtenção de ganhos genéticos e otimização de recursos físicos, humanos e financeiros.

3. MATERIAL E MÉTODOS

3.1. Delineamento e manejo experimental

O ensaio foi conduzido nos campos experimentais do Instituto de Investigação Agrária de Moçambique (IIAM)-Centro Zonal nordeste (CZnd), em dois locais: Distritos de Namapa (-13.726075, 39.770634) e Montepuez (-13.215611, 38.880528), no ano agrícola de 2017/2018. O delineamento experimental foi em blocos casualizados com três repetições e 18 unidades experimentais. Foram avaliados seis genótipos (ICP 8863, ICPL 85063, ICEAP 00557, LRG41, ICPL 87119, BSMR 736) de feijão-guandu de maturação média e hábito de crescimento indeterminado provenientes do ICRISAT-Quênia. O tamanho da parcela foi de 5.0 x 1.8 m, com duas linhas. A semeadura foi realizada no espaçamento de 0.9m entre linhas, colocando-se quatro sementes por metro linear. Para a condução do campo, foram executadas duas capinas ao longo do ciclo da cultura e na ocasião da floração até a formação das vagens foi feito controle de pragas com inseticidas sintéticos (Cypermetrina e Zakanaca) a cada 15 dias. A colheita foi realizada manualmente em toda parcela, quando as plantas apresentavam 90% das vagens secas, seguida de secagem ao sol e trilha manual.

3.2. Caracteres avaliados

- a) Altura de planta (AP): foi medida a partir do colo da planta até o ápice, através de uma fita métrica graduada em centímetros na fase de colheita.
- b) Ramos primários (RP): foram contados no caule principal, na fase de colheita.
- c) Ramos secundários (RS): foram contados os ramos formados sobre ramos primários, na fase de colheita.

- d) Dias até 50% de floração (D50F): foi feita contagem do número de dias desde a semeadura até a abertura das flores em cinquenta por cento das plantas em cada repetição dos genótipos.
- e) Dias até a maturação (DM): foi feita contagem de dias desde a semeadura até a maturação fisiológica em 50% das plantas.
- f) Comprimento da vagem (CVA): foram selecionadas 10 vagens aleatoriamente e medidas no seu comprimento em centímetros usando paquímetro.
- g) Largura da vagem (LVA): foram selecionadas 10 vagens aleatoriamente e medidas na sua largura em centímetros usando paquímetro.
- h) Vagens por planta (VAP): obtido pela razão do total de vagens por parcela e plantas por parcela.
- i) Sementes por vagem (SVA): foi contado o número de sementes correspondentes a 10 vagens e dividido por 10.
- j) Peso de 100 sementes (P100S): foi feito o peso em gramas de 100 sementes retiradas aleatoriamente em cada parcela.
- k) Produtividade (PROD): obtido pelo produto de número de plantas por hectare com peso de semente por planta expresso em gramas e convertido em quilos pela divisão por 1000 gramas.

3.3. Análises estatísticas e biométricas

Para o estudo da diversidade genética foi feita análise de variância considerando fixo o efeito dos genótipos e para o estudo das associações, ganhos genéticos e seleção simultânea de caracteres, o efeito dos genótipos foi considerado aleatório (Tabela 1). Todas análises foram feitas com auxílio do software GENES (CRUZ, 2013).

3.3.1. Análise de variância e esperanças matemáticas do quadrado médio

O modelo estatístico para análise de variância em cada ambiente foi:

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

Y_{ij} = valor fenotípico da observação referente ao i -ésimo genótipo no j -ésimo bloco;

μ = média geral do caráter;

G_i = efeito fixo do i -ésimo genótipo ($i = 1, 2, 3, \dots, g$; $g = 6$);

G_i = efeito aleatório do i -ésimo genótipo ($i = 1, 2, 3, \dots, g$; $g = 6$);

b_j = efeito do j -ésimo bloco ($j = 1, 2, \dots, b$; $b = 3$);

e_{ij} = efeito do erro experimental, sendo $e_{ij} \sim \text{NID}(0, \sigma^2)$.

Tabela 1. Esquema de análise de variância individual e esperanças matemáticas do quadrado médio para delineamento em blocos ao acaso.

| FV | GL | SQ | Efeito fixo | Efeito aleatório | F |
|-----------|------------|------|--------------------------|--------------------------|---------|
| | | | E(QM) | E(QM) | |
| Blocos | b-1 | SQB | $\sigma^2 + g\sigma^2_b$ | $\sigma^2 + g\sigma^2_b$ | - |
| Genótipos | g-1 | SQG | $\sigma^2 + b\phi_g$ | $\sigma^2 + b\sigma^2_g$ | QMG/QMR |
| Resíduo | (b-1)(g-1) | SQR | σ^2 | σ^2 | - |
| Total | gb-1 | SQto | | | |

3.3.2. Estimação dos componentes de variância e herdabilidade

A variância fenotípica (VF) é obtida pela fórmula: $VF = VG + VM$. Sendo: VG : a variância genotípica; VM : a variância atribuída aos desvios proporcionados pelo ambiente.

As estimativas de variância fenotípica ($\hat{\sigma}_f^2$), variância genotípica ($\hat{\sigma}_g^2$), variância ambiental ($\hat{\sigma}_a^2$) e herdabilidade (h^2) no sentido amplo entre médias de parcelas em cada ambiente, foram dadas por:

$$\hat{\sigma}_f^2 = \frac{QMG}{b}; \quad \hat{\sigma}_g^2 = \frac{QMG - QMR}{b}; \quad \hat{\sigma}_a^2 = QMR; \quad h^2(\%) = \frac{\hat{\sigma}_g^2}{\hat{\sigma}_f^2} * 100$$

Onde:

QMG : é o quadrado médio do tratamento; QMR : é o quadrado médio do resíduo; b : é o número de blocos do ensaio.

As estimativas do coeficiente de variação experimental (CV) variação fenotípico (CV_f), variação genotípico (CV_g) e razão entre coeficiente de variação genotípico e experimental ($\frac{CV_g}{CV_e}$) em cada ambiente foram dadas por:

$$CV(\%) = \frac{\sqrt{\hat{\sigma}_f^2}}{\mu} * 100; \quad CV_f = \frac{\sqrt{\hat{\sigma}_f^2}}{\mu}, \quad CV_g(\%) = \frac{\sqrt{\hat{\sigma}_g^2}}{\mu} * 100; \quad \frac{CV_g}{CV} = \sqrt{\frac{\hat{\sigma}_g^2}{\hat{\sigma}_a^2}};$$

Onde:

QMR ($\hat{\sigma}_a^2$): é o quadrado médio do resíduo; μ : é a média dos caracteres.

As médias das características foram dadas por:

$$\mu = \frac{\sum iXi}{N}$$

Xi : Valor fenotípico apresentado pelo i -ésimo indivíduo; N : Número de indivíduos avaliados.

3.3.3. Estimação da diversidade genética dos genótipos de feijão-guandu

As comparações entre as médias de genótipos foram estabelecidas pelo teste de agrupamento de SCOTT-KNOTT (1974) a 5% de probabilidade.

Medida de dissimilaridade: fez-se análise multivariada com base na matriz de distância generalizada de Mahalanobis $D_{ii'}^2 = \delta' \Psi^{-1} \delta$, sendo Ψ a matriz de variâncias e covariâncias residuais e δ o vetor, de dimensão $v \times 1$, de desvios entre as médias dos genótipos i e i' para o caráter j , para $j=1,2,\dots,v$.

Agrupamento pelo método de otimização de Tocher (RAO, 1952): realizou-se a partição do conjunto de genótipos em subgrupos não-vazios e mutuamente exclusivos por meio da maximização ou minimização da medida preestabelecida. Adotou-se o critério de que a média das medidas de dissimilaridade, dentro de cada grupo, deve ser menor que as distâncias médias entre quaisquer grupos. Foi utilizada a matriz de dissimilaridade de mahalanobis, sobre a qual foi identificado o par de indivíduos mais similares que formaram o grupo, a partir daí, foi avaliada a possibilidade de inclusão de novos genótipos adotando-se o critério anteriormente citado.

Agrupamento por UPGMA: nesse método, o dendograma foi estabelecido pelos genótipos de maior similaridade em que a distância entre o genótipo A e o grupo formado pelos indivíduos B e C é dado por: $d_{(BC)A} = \text{média} \{d_{BA}; d_{CA}\} = (d_{BA} + d_{CA})/2$ ou seja, $d_{(BC)A}$ é dada pela média do conjunto das distâncias dos pares de indivíduos (B e A) e (C e A). A distância entre dois grupos é fornecida por: $d_{(BC)(AE)} = \text{média} \{d_{BA}; d_{BE}; d_{CA}; d_{CE}\} = (d_{BA} + d_{BE} + d_{CA} + d_{CE})/4$, dessa forma, a distância entre dois grupos formados, respectivamente, pelos indivíduos (B e C) e (A e E) é dada pela média do conjunto, cujos elementos são as distâncias entre os pares de indivíduos (B e A), (B e E), (C e A) e (C e E). A determinação do número de grupos foi obtida pelo método de MOJENA (1977) com o valor de $k=1,25$ (MILLIGAN; COOPER, 1985). Conforme CRUZ et al. (2011), o método baseia-se no tamanho relativo dos níveis de fusões (distâncias) no dendograma. Em que: $\alpha_j > \theta_k$ sendo: α_j o valor de distâncias dos níveis de fusão correspondentes ao estágio j ($j = 1, 2, \dots, n$); e θ_k o valor referencial de corte, dado por: $\theta_k = \alpha + k\sigma_\alpha$ em que, α e σ_α são a média e o desvio-padrão não viesado dos valores α , respectivamente, e k uma constante. A consistência dos dendogramas foi realizada pelo coeficiente de correlação cofenética (SOKAL; ROHLF, 1962).

Método de agrupamento por variáveis canônicas: é a técnica de dispersão gráfica de variáveis canônicas, que foi empregada para visualizar a distância dentro e entre grupos em um espaço tridimensional e destacar a importância relativa dos caracteres em

relação à divergência genética entre os genótipos segundo o método proposto por SINGH (1981). Posteriormente fez-se o agupamento de pares mais e menos distantes geneticamente em gráfico de dispersão gráfica 3D.

3.3.4. Estimação de associações dos caracteres em genótipos de feijão-guandu

Correlações

O coeficiente de correlação fenotípica (r_f), que é função de correlação genotípica (r_g) e ambiental (r_a) entre os caracteres avaliados em cada ambiente foi estimado pela seguinte expressão: Adicionalmente, as estimativas foram apresentadas em rede de correlações.

$$r_f = \frac{PMG_{xy}}{\sqrt{QMG_x QMG_y}} = r_g = \frac{\hat{\sigma}_{gxy}}{\sqrt{\hat{\sigma}_{gx}^2 \hat{\sigma}_{gy}^2}} + r_a = \frac{PMR_{xy}}{\sqrt{QMR_x QMR_y}}$$

Onde:

PMG: produtos médios de genótipos; PMR: produtos médios de resíduos; QMG: quadrados médios de genótipos; QMR: quadrados médios de resíduo; $\hat{\sigma}_{gx}^2 \hat{\sigma}_{gy}^2$: estimadores das variâncias genotípicas dos caracteres x e y, respectivamente. $\hat{\sigma}_{gxy}$: estimador de covariância genotípica entre os caracteres x e y.

Análise de trilha

A análise de trilha desenvolvida por WRIGHT (1921) foi realizada após o diagnóstico de multicolinearidade na matriz de correlações fenotípicas pelo método de MONTGOMERY e PECK (1981). As estimativas foram quantificadas por meio de equações de regressão, em que as variáveis são previamente padronizadas (CRUZ et al., 2012). Essas estimativas foram obtidas a partir do método de mínimos quadrados. A análise de trilha consistiu na regressão linear múltipla padronizada, considerando modelo casual de uma cadeia e foi realizada por meio da decomposição das correlações observadas em um conjunto de coeficientes (coeficiente de trilha) que indica o efeito direto de uma variável hipoteticamente tomada como causa sobre uma variável efeito.

3.3.5. Estimação de ganhos genéticos e seleção simultânea de caracteres em feijão-guandu

Respostas direta e indireta à seleção

Os ganhos genéticos esperados pela seleção direta foram estimados por meio da expressão: $GS_i = (\bar{X}_{si} - \bar{X}_{oi})h^2_i = DS_i h^2_i$

Onde:

\bar{X}_{si} = média dos indivíduos selecionados para a caracter i ; \bar{X}_{oi} = média original da população; DS_i = diferencial de seleção praticado na população; h^2_i = herdabilidade da caracter i .

O ganho indireto no caráter j , pela seleção no caráter i , foi dada por:

$$GS_{j(i)} = DS_{j(i)} h^2_j$$

Onde:

$DS_{j(i)}$ é o diferencial de seleção indireto obtido em função da média do caráter daqueles indivíduos cujas superioridades foram verificadas com base em outro caráter, sobre a qual se pratica a seleção direta. A eficiência da seleção indireta foi estimada por meio da expressão:

$$GS = \frac{GS_{j(i)}}{GS}$$

Seleção simultânea:

As estimativas dos ganhos de seleção foram obtidas a partir dos seguintes critérios, citados por CRUZ (2006): índice baseado em soma de “ranks” (MULAMBA; MOCK, 1978), índice baseado nos ganhos desejados (PESEK; BAKER, 1969) e índice da distância genótipo-idiótipo (CRUZ, 2006).

a) Índice baseado em soma de “ranks” (MULAMBA; MOCK, 1978):

Consiste em classificar os genótipos em relação a cada um dos caracteres, em ordem favorável ao melhoramento. A seguir, são somadas as ordens de cada genótipo, resultando no índice de seleção, como descrito a seguir $I = r_1 + r_2 + \dots + r_n$, sendo que I é o valor do índice para determinado indivíduo ou família; r_j é a classificação (ou “rank”) de um indivíduo em relação ao j -ésimo caráter; n é o número de caracteres considerado no índice. Adicionalmente, o melhorista pode desejar que a ordem de classificação das variáveis tenha pesos diferentes e especificá-los. Assim, tem-se que $I = p_1 r_1 + p_2 r_2 + \dots + p_n r_n$, em que p_j é o peso econômico atribuído pelo usuário a j -ésimo caráter.

b) Índice baseado nos ganhos desejados (Pesek e Baker, 1969)

Neste índice é proposto, em relação ao índice clássico de Smith e Hazel, a substituição dos pesos econômicos pelos ganhos desejados para a caráter. A construção do índice envolve o conhecimento da expressão do ganho esperado dos vários caracteres, que é definida por: $\Delta g = \frac{G \widehat{bl}}{\widehat{\delta l}}$, Onde: Δg é o ganho estimado pelo índice; G é a matriz de dimensão $n \times n$, de variâncias e covariâncias genéticas entre os caracteres; b é o vetor, de dimensão $1 \times n$, dos coeficientes de ponderação do índice de seleção a ser

estimado; i é o diferencial de seleção, em unidades de desvio-padrão do índice I ; SI é o desvio-padrão do índice I . Substituindo-se Δg por Δg_d , que é o vetor dos ganhos desejados, e eliminando-se $\frac{i}{\hat{S}I}$ que não afeta a proporcionalidade dos coeficientes b 's, estima-se b pela expressão $b = g^{-1} \Delta g_d$. Os coeficientes b 's proporcionarão a maximização dos ganhos em cada caráter, baseando-se na especificação dos ganhos desejados.

c) Índice da distância genótipo-ideótipo (CRUZ, 2006)

Possibilita definir os valores ótimos para cada variável, bem como o intervalo de valores considerados favoráveis para o melhoramento. Para cada variável é calculado a média, o máximo e o mínimo dos valores. Considera-se X_{ij} é o valor fenotípico médio do i -ésimo genótipo em relação à j -ésimo caráter. Também se considera o valor Y_{ij} que representa o valor fenotípico médio transformado, e C_j uma constante relativa à depreciação da média do genótipo, por não estar dentro dos padrões desejados pelo melhorista. Assim, têm-se: LI_j : limite inferior a ser apresentado pelo genótipo, relativo à caráter j , conforme o padrão desejado pelo melhorista; LS_j : limite superior a ser apresentado pelo genótipo e VO_j : valor ótimo a ser apresentado pelo genótipo, sob seleção. *Se $LI_j \leq X_{ij} \leq LS_j$, então $Y_{ij} = X_{ij}$; Se $X_{ij} < LI_j$, $Y_{ij} = X_{ij} + VO_j - LI_j - C_j$; Se $X_{ij} > LS_j$, $Y_{ij} = X_{ij} + VO_j - LS_j + C_j$.*

No procedimento é considerado $C_j = LS_j - LI_j$. O valor C_j garante que qualquer valor de X_{ij} dentro do intervalo de variação em torno do ótimo resultará num valor de Y_{ij} com magnitude próxima do valor ótimo (VO_j), ao contrário dos valores de X_{ij} fora desse intervalo. Assim, a transformação X_{ij} é realizada para garantir a depreciação dos valores fenotípicos fora do intervalo. Os valores de Y_{ij} obtidos por transformação são posteriormente padronizados e ponderados pelos pesos atribuídos a cada caráter, obtendo os valores y_{ij} , conforme especificado a seguir: $Y_{ij} = \sqrt{a_j} \frac{y_{ij}}{S(y_j)}$

Onde: $S(y_j)$ é o desvio-padrão dos valores fenotípicos médios obtidos pela transformação; e a_j é o peso ou valor econômico do caráter. Para cálculo, também são necessárias a padronização e a ponderação de VO_j , conforme especificado:

$$VO_{ij} = \sqrt{a_j} \frac{vo_j}{S(y_j)}$$

Calculam-se então os valores do índice (DGI) expressos pelas distâncias entre os genótipos e o ideótipo, conforme ilustrado: $I_{DGI} = \sqrt{\frac{1}{n} \sum_{j=1}^n (y_{ij} - vo_j)^2}$. Com base

neste índice, são identificados os melhores genótipos e calculados os ganhos de seleção. Os pesos econômicos e ganhos desejados foram estabelecidos a partir dos próprios dados experimentais, conforme recomendações de CRUZ (1990).

Para o índice baseado na soma de “ranks” e o índice baseado na distância genótipo-ideótipo (DGI) os pesos econômicos estabelecidos para os caracteres principais foram: valor 1 (um) e o coeficiente de variação genético (CVg) do caráter, com os secundários assumindo valor zero. Para o índice de ganhos desejados foi utilizado somente o peso econômico CVg.

Para os caracteres altura da planta, dias até 50% de floração e dias até a maturação, foi desejado decréscimo nos valores dos ganhos e para ramos primários, ramos secundários, comprimento da vagem, largura da vagem, sementes por vagem, vagens por planta, peso de 100 sementes e produtividade de grão, foram desejados acréscimo, no entanto, foi dado ênfase para ganhos simultâneos, no acréscimo de peso de 100 sementes e produtividade de grão no ambiente I, no decréscimo de dias até 50% de floração e acréscimo em peso de 100 sementes e produtividade de grão no ambiente II. Para os cálculos de predição dos ganhos foi adotada a seleção de 50% de genótipos avaliados.

4. RESULTADOS E DISCUSSÃO

4.1. Parâmetros genéticos de caracteres em genótipos de feijão-guandu

Os resultados da análise de variância, considerando aleatório o efeito dos genótipos (Tabela 2), com exceção da altura da planta, indicaram existência da variabilidade genética nos caracteres ramos primários, ramos secundários, comprimento da vagem, largura da vagem, sementes por vagem, vagens por planta, peso de 100 sementes e produtividade de grão nos dois ambientes, adicionalmente, dias até 50% de floração e dias até a maturação no ambiente II. Resultados similares foram relatados por PANDEY et al. (2015), RAO e RAO (2015), BAL et al. (2017), KUMAR et al (2018), PUSHPAVALLI et al. (2018) e DEVI et al. (2019). A precisão dos experimentos foi avaliada pelo coeficiente de variação, sendo considerada baixa, média e alta, com base nos critérios de avaliação de PIMENTEL GOMES (2009) que considera os valores de CV como baixos, quando são inferiores a 10%, médios, quando estão entre 10 e 20%, altos, quando estão entre 20 e 30%. Na Tabela 3, são apresentadas estimativas de parâmetros genéticos que possibilitam inferir a viabilidade do emprego da prática

seletiva, bem como a sua eficácia. Nos dois ambientes, com exceção da altura da planta e produtividade do grão, todos os caracteres exibiram elevadas herdabilidades (acima de 75%), indicando associação entre os valores fenotípicos e genotípicos de cada indivíduo selecionado. Espera-se que, ao selecionar um indivíduo ou família com base na superioridade de sua média, esteja se repassando, para os próximos ciclos, genes que venham a contribuir para a melhoria da população. Resultados similares foram relatados por PANDEY et al. (2015) que observaram alta herdabilidade para peso de 100 sementes, vagens por planta, dias até a maturação, sementes por vagem e ramos secundários. BAL et al. (2017) observaram alta herdabilidade para vagens por planta, largura da vagem e peso de 100 sementes. KUMAR et al (2018) observaram alta herdabilidade para ramos primários, dias até 50% de floração, dias até a maturação, peso de 100 sementes, vagens por planta e comprimento da vagem. CRUZ et al. (2014) o sucesso do melhoramento genético de qualquer caráter requer obrigatoriamente, que ele seja herdável e que haja variação na população em que se pratica a seleção. Assim, as estimativas do CV_f foram maiores em vagens por planta e produtividade de grão no ambiente I e em vagens por planta e ramos secundários no ambiente II indicando maior variabilidade fenotípica nesses caracteres, enquanto que, para o CV_g, as maiores estimativas foram observadas nas vagens por planta e produtividade de grão no ambiente I e ramos secundários no ambiente II, o que permite inferir a magnitude da variabilidade genética presente na população nesses caracteres e serve de indicador do ganho genético conforme RESENDE et al. (1991). De maneira geral, as estimativas do CV_f foram maiores que as do CV_g nos dois ambientes, indicando maior influência do efeito do ambiente. Resultados similares forma relatados por PANDEY et al. (2015) que observaram maiores estimativas de CV_f e CV_g para ramos secundários e rendimento de sementes e menores para peso de 100 sementes, ramos primários por planta, sementes por vagem, dias até a maturação, dias até 50% de floração e altura da planta. BAL et al. (2017) observaram maiores estimativas para vagens por planta e menores para altura da planta. As estimativas de CV_g/CV_e, foram relativamente superiores no ambiente II, a relação $CV_g/CV_e \geq 1.0$, observada nos ramos primários, ramos secundários, comprimento da vagem, largura da vagem, sementes por vagem, peso de 100 sementes, dias até 50% de floração e dias até a maturação nos dois ambientes ratifica situação favorável para prática do processo seletivo conforme VENCOVSKY e BARRIGA (1992) e CRUZ et al. (2012).

Tabela 2. Resumo das análises de variância em caracteres de feijão-guandu para cada ambiente.

| Quadrados Médios | | | | | | | | | | | | |
|-----------------------------|----|----------|--------|----------|---------|---------|--------|------------|--------|-------------|-----------|-----------|
| Análises individuais | | | | | | | | | | | | |
| Ambiente I | | | | | | | | | | | | |
| FV | GL | AP | RP | RS | CV | LV | SVA | VAP | P100G | PROD | D50F | DM |
| Blocos | 2 | 4268.805 | 0.672 | 17.374 | 0.103 | 0.005 | 0.272 | 1341.721 | 2.002 | 218883.146 | - | - |
| Genótipos | 5 | 2230.22 | 5.037* | 10.087* | 2.478** | 0.042** | 1.16* | 1453.871** | 1.931* | 150707.55* | - | - |
| Resíduo | 10 | 1498.596 | 1.228 | 2.445 | 0.276 | 0.002 | 0.242 | 159.127 | 0.348 | 39744.69 | - | - |
| CV(%) | | 26.41 | 16.25 | 16.25 | 9.06 | 6.06 | 14.05 | 19.01 | 4.85 | 27.75 | | |
| Ambiente II | | | | | | | | | | | | |
| Blocos | 2 | 117.927 | 2.727 | 3.1667 | 0.030 | 0.0012 | 0.0139 | 1913.556 | 0.314 | 114198.167 | 15.056 | 32.667 |
| Genótipos | 5 | 54.309 | 2.912* | 87.833** | 3.325** | 0.044** | 0.446* | 2095.022** | 6.304* | 119293.467* | 161.022** | 171.567** |
| Resíduo | 10 | 48.324 | 0.599 | 2.1 | 0.175 | 0.002 | 0.086 | 349.556 | 1.224 | 34601.033 | 13.256 | 16.933 |
| CV(%) | | 5.41 | 9.67 | 22.29 | 6.97 | 6.03 | 7.66 | 14.48 | 10.49 | 15.83 | 4.09 | 3.35 |

** e * significativos a 1 e 5% de probabilidade, respectivamente, pelo teste F. Altura da planta (AP), ramos primários (RP), ramos secundários (RS), dias até 50% de floração (D50F), dias até a maturação (DM) comprimento da vagem (CVA), largura da vagem (LVA), sementes por vagem (SVA), vagens por planta (VAP), peso de 100 sementes (P100S) e produtividade de grão (PROD).

Tabela 3. Parâmetros genéticos de caracteres em genótipos de feijão-gunadu.

| Parâmetros | Ambientes | Análises individuais | | | | | | | | | | |
|--------------------|-----------|----------------------|-------|--------|-------|--------|--------|---------|--------|----------|-------|--------|
| | | AP | RP | RS | CVA | LVA | SVA | VAP | P100S | PROD | D50F | DM |
| $\hat{\sigma}_f^2$ | I | 743.41 | 1.679 | 3.362 | 0.826 | 0.014 | 0.388 | 484.624 | 0.644 | 50235.9 | - | - |
| | II | 18.103 | 0.971 | 29.28 | 1.108 | 0.015 | 0.149 | 698.341 | 2.101 | 39764.5 | 53.67 | 57.189 |
| $\hat{\sigma}_e^2$ | I | 499.53 | 0.409 | 0.815 | 0.092 | 0.0007 | 0.081 | 53.042 | 0.116 | 13248.2 | - | - |
| | II | 16.108 | 0.199 | 0.700 | 0.058 | 0.0007 | 0.029 | 116.519 | 0.408 | 11533.68 | 4.419 | 5.644 |
| $\hat{\sigma}_g^2$ | I | 243.88 | 1.269 | 2.547 | 0.734 | 0.013 | 0.307 | 431.581 | 0.528 | 36987.6 | - | - |
| | II | 1.995 | 0.771 | 28.58 | 1.050 | 0.014 | 0.120 | 581.822 | 1.693 | 28230.8 | 49.26 | 51.54 |
| h^2 (%) | I | 32.810 | 75.63 | 75.76 | 88.85 | 94.950 | 79.240 | 89.050 | 81.990 | 73.630 | - | - |
| | II | 11.020 | 79.44 | 97.61 | 94.73 | 95.480 | 80.740 | 83.310 | 80.580 | 71.000 | 91.77 | 90.13 |
| CVf(%) | I | 18.602 | 18.99 | 19.061 | 15.67 | 15.624 | 17.797 | 33.174 | 6.603 | 31.194 | - | - |
| | II | 3.309 | 12.32 | 83.245 | 17.52 | 16.384 | 10.065 | 20.468 | 13.753 | 16.971 | 8.222 | 6.418 |
| CVg(%) | I | 10.650 | 16.53 | 16.58 | 14.77 | 15.180 | 15.840 | 31.300 | 5.980 | 26.770 | - | - |
| | II | 1.100 | 10.98 | 82.24 | 17.06 | 15.990 | 9.050 | 18.680 | 12.340 | 14.300 | 7.880 | 5.845 |
| CVg/CV | I | 0.400 | 1.020 | 1.020 | 1.630 | 2.500 | 1.130 | 1.6500 | 1.230 | 0.960 | - | - |
| | II | 0.200 | 1.130 | 3.69 | 2.450 | 2.650 | 1.180 | 1.2900 | 1.180 | 0.900 | 1.930 | 1.745 |
| Mínimo | I | 99.660 | 3.200 | 5.800 | 4.630 | 0.640 | 2.000 | 32.810 | 9.900 | 280.430 | - | - |
| | II | 114.20 | 5.000 | 1.000 | 4.970 | 0.620 | 3.000 | 83.000 | 7.580 | 865.000 | 77.00 | 19.00 |
| Máximo | I | 272.45 | 9.400 | 14.00 | 8.010 | 1.020 | 5.200 | 125.930 | 14.030 | 1246.30 | - | - |
| | II | 141.60 | 10.40 | 18.00 | 8.620 | 1.020 | 4.700 | 183.000 | 14.440 | 1665.00 | 102.0 | 140.0 |
| Média | I | 146.57 | 6.82 | 9.62 | 5.8 | 0.76 | 3.50 | 66.36 | 12.15 | 718.52 | - | - |
| | II | 128.6 | 8.00 | 6.50 | 6.01 | 0.74 | 3.83 | 129.11 | 10.54 | 1175 | 89.11 | 117.83 |

Altura da planta (AP), ramos primários (RP), ramos secundários (RS), dias até 50% de floração (D50F), dias até a maturação (DM) comprimento da vagem (CVA), largura da vagem (LVA), sementes por vagem (SVA), vagens por planta (VAP), peso de 100 sementes (P100S) e produtividade de grão (PROD).

4.2. Diversidade genética em genótipos de feijão-guandu

Na caracterização da diversidade genética do feijão-guandu, há interesse de identificar e selecionar genitores que possam ser intercruzados para obtenção de híbridos de maiores efeitos heteróticos, que proporcionem em suas gerações segregantes, maior possibilidade de recuperação de genótipos superiores no programa de melhoramento genético. Para alcançar esse objetivo, a inferência da diversidade genética do material estudado foi predita pelas diferenças entre valores fenotípicos mensurados. Primeiramente, foi analisada a variância dos caracteres em dois ambientes, considerando o efeito dos genótipos fixos (Tabela 2), com exceção da altura da planta, indicou a rejeição da hipótese de nulidade das médias dos genótipos de feijão-guandu ($H_0 = \mu_1 = \mu_2 = \dots = \mu_6$, rejeitada a $p < 0.01$ e 0.05). Resultados similares foram relatados por PANDEY *et al.* (2015), SINGH e SINGH (2016), BAL *et al.* (2017), MEENA *et al.* (2017), KUMAR *et al.* (2018), PUSHPAVALLI *et al.* (2018). E foi avaliado o potencial do material em seus caracteres (Tabela 4) pelo teste de agrupamento de médias proposto por SCOTT KNOTT (1974) a 5% de probabilidade, através do qual, foi possível observar a formação de dois grupos de médias da produtividade de grão no ambiente I, sendo o primeiro composto pelo genótipo ICP8863 que apresentou maior desempenho dos demais do segundo grupo. No ambiente II, estatisticamente as médias dos genótipos formaram um grupo, mas numericamente, o genótipo LRG41 destacou-se como o de maior média. Em relação à média geral, o genótipo ICP8863 destacou-se como o de maior média. Os ramos secundários formaram dois grupos no ambiente I, o primeiro foi representado pelo genótipo ICP8863 com maior média. No ambiente II, foram observados três grupos, sendo o primeiro representado pelo genótipo LRG41 que apresentou maior média para o caráter que também foi destaque na média geral dos ambientes. O comprimento da vagem, largura da vagem, sementes por vagem e dias até a maturação formaram dois grupos de médias nos dois ambientes, o primeiro foi formado pelo genótipo ICEAP00557 que apresentou maior média em relação aos genótipos do primeiro grupo. As vagens por planta formaram dois grupos no ambiente I, o primeiro foi representado pelos genótipos ICP8863 e ICPL87119 com maiores médias respectivamente e no ambiente II também se observou formação de dois grupos, sendo o primeiro representado pelos genótipos ICPL87119, BSMR736, LRG41 e ICEAP00557 com maiores médias respectivamente, porém, o genótipo ICPL87119 destacou-se como o de maior média geral nos dois ambientes. Os dias até 50% de floração formaram três

grupos no ambiente II, o primeiro foi representado pelo genótipo ICEAP00557 que apresentou maior média. As diferenças do desempenho dos genótipos observados, indicam possibilidade de reconhecimento do padrão de dissimilaridade entre os genótipos por meio de diferentes técnicas multivariadas.

Tabela 4. Médias da altura da planta, AP; ramos primários, RP; ramos secundários, RS; Comprimento da vagem, CVA; Largura da vagem, LVA; vagens por planta, VAP; sementes por vagem, SVA; peso de 100 sementes, P100S; dias até 50% de floração, dias até a maturação em genótipos de feijão-guandu, nos ambientes I e II.

| Ambientes | Genótipos | AP | RP | RS | CVA | LVA | SVA | VAP | P100S | PROD | D50F | DM |
|-----------|-------------------|---------|-------|--------|-------|-------|-------|---------|--------|----------|---------|---------|
| I | ICP8863 | 128.80a | 7.33a | 12.12a | 5.19b | 0.66b | 3.17b | 97.23a | 11.85b | 1126.37a | - | - |
| II | | 127.93a | 8.80a | 3.00d | 5.28b | 0.63b | 3.63b | 90.33b | 8.81b | 1358.33a | 86.00c | 121.00b |
| Média | | 128.37 | 8.07 | 7.56 | 5.24 | 0.65 | 3.40 | 93.78 | 10.33 | 1242.35 | | |
| I | ICPL85063 | 174.12a | 8.27a | 7.89b | 5.38b | 0.77b | 3.47b | 57.69b | 12.34b | 810.30b | - | - |
| II | | 122.73a | 8.20a | 9.33b | 5.18b | 0.68b | 3.30b | 102.33b | 11.60a | 1191.67a | 92.33b | 124.33b |
| Média | | 148.43 | 8.23 | 8.61 | 5.28 | 0.73 | 3.38 | 80.01 | 11.97 | 1000.98 | | |
| I | ICEAP00557 | 139.20a | 6.47a | 8.62b | 7.58a | 0.99a | 4.63a | 37.85b | 13.55a | 621.43b | - | - |
| II | | 127.27a | 6.20b | 1.67d | 8.06a | 0.97a | 4.37a | 136.0a | 12.87a | 940.33a | 101.33a | 136.67a |
| Média | | 133.23 | 6.33 | 5.14 | 7.82 | 0.98 | 4.50 | 86.92 | 13.21 | 780.88 | | |
| I | LRG41 | 121.02a | 7.63a | 11.72a | 5.92b | 0.75b | 3.43b | 60.78b | 11.19b | 491.57b | - | - |
| II | | 126.53a | 7.67a | 16.00a | 5.98b | 0.76b | 4.13b | 142.33a | 10.00b | 1456.67a | 84.00c | 116.33b |
| Média | | 123.78 | 7.65 | 13.86 | 5.95 | 0.76 | 3.78 | 101.56 | 10.60 | 974.12 | | |
| I | ICPL87119 | 187.02a | 4.53a | 8.20b | 5.27b | 0.69b | 2.77b | 87.80a | 12.28b | 636.88b | - | - |
| II | | 133.20a | 8.87a | 6.00c | 5.85b | 0.70b | 3.63b | 154.67a | 9.87b | 1055.00a | 80.67c | 86.00b |
| Média | | 160.11 | 6.70 | 7.10 | 5.56 | 0.69 | 3.20 | 121.23 | 11.07 | 845.94 | | |
| I | BSMR736 | 129.27a | 6.67a | 9.20b | 5.46b | 0.72b | 3.53b | 56.82b | 11.71b | 624.59b | - | - |
| II | | 133.93a | 8.27a | 3.00d | 5.70b | 0.71b | 3.90b | 149.00a | 10.10b | 1048.00a | 90.33b | 122.67b |
| Média | | 131.60 | 7.47 | 6.10 | 5.58 | 0.72 | 3.72 | 102.91 | 10.90 | 836.30 | | |

Médias seguidas da mesma letra não diferem entre si pelo teste de agrupamento de Scott & Knott a 5% de probabilidade.

Assim, foi foram estimadas as distâncias entre pares de genótipos (Tabela 5) por meio da medida de dissimilaridade de distância generalizada de Mahalanobis, conforme CRUZ et al (2011) leva em consideração as associações entre os caracteres por meio da matriz de variâncias e covariâncias residuais. Os resultados, mostraram no ambiente I, que a maior distância foi observada respectivamente, entre os pares de genótipos ICEAP00557 x ICP8863, ICEAP00557 x ICPL87119 e ICEAP00557 x ICPL85063 e as menores entre os pares de genótipos BSMR736 x LRG41, BSMR736 x ICPL87119 e ICP8863 x ICPL87119. No ambiente II foi verificada maior distância entre os pares de genótipos ICEAP00557 x ICPL87119, ICEAP00557 x ICP8863, e ICEAP00557 x BSMR736 e menor nos pares BSMR736 X ICP8863, BSMR736 x ICPL87119 e ICP8863 x ICPL87119. De maneira geral, as maiores distâncias genéticas, foram observados no ambiente II. O genótipo ICEAP00557 destacou-se como o de maior distância entre todos os genótipos avaliados nos dois ambientes, no entanto, os pares de genótipos mais similares e dissimilares observados no ambiente I, II foram os mesmos, com exceção dos pares dissimilares ICEAP00557 x BSMR736 e similares BSMR736 x LRG41 não constatados no ambiente II e os pares similares BSMR736 x ICP8863 não constatados no ambiente I. Dois dos primeiros pares mais distantes e similares foram constatados nos dois ambientes. CRUZ et al. (2014) as estimativas de dissimilaridade atendem aos objetivos dos melhoristas, por quantificarem e informarem sobre o grau de semelhança ou de diferença apresentado entre dois quaisquer genótipos. Em outras situações, servem para identificar grupos de cultivares com maior similaridade para a formação de multilinhas.

A dissimilaridade quantificada em ambientes diferentes pode influenciar o padrão de agrupamento. Dadas às particularidades das medidas de dissimilaridade, avaliadas em cada ambiente, a estatística de MANTEL (1967) foi utilizada a fim de testar a significância da associação (SMOUSE et al., 1986; MANLY, 1991) com 5000 mil permutas (Figura 1). O valor de correlação entre as matrizes individuais foi significativa, indicando que o padrão das distâncias observadas entre os genótipos, traduz de forma semelhante a diversidade genética observada nos dois ambientes. MANTEL (1967) valores superiores que 0.6 indicam a consistência do agrupamento.

Tabela 5. Estimativas de dissimilaridade expressas pela de distância generalizada de mahalanobis no ambiente I (acima da diagonal) e II (abaixo da diagonal) entre seis genótipos de feijão-guandu.

| Genótipos | 1 | 2 | 3 | 4 | 5 | 6 |
|-----------|----------|----------|----------|----------|----------|----------|
| 1 | | 138.5337 | 1758.005 | 509.0826 | 84.0458 | 223.1946 |
| 2 | 8253.102 | | 1044.548 | 305.181 | 126.7771 | 109.2311 |
| 3 | 206927.7 | 133475.5 | | 531.5069 | 1351.001 | 804.2344 |
| 4 | 18773.87 | 2306.332 | 104339 | | 280.7403 | 76.1312 |
| 5 | 316.2263 | 8545.726 | 208689.1 | 18587.15 | | 83.9262 |
| 6 | 2806.439 | 1539.005 | 162886.1 | 7178.307 | 2894.420 | |

ICP8863(1), ICPL85063(2), ICEAP00557(3), LRG41(4), ICPL87119(5), BSMR736(6).

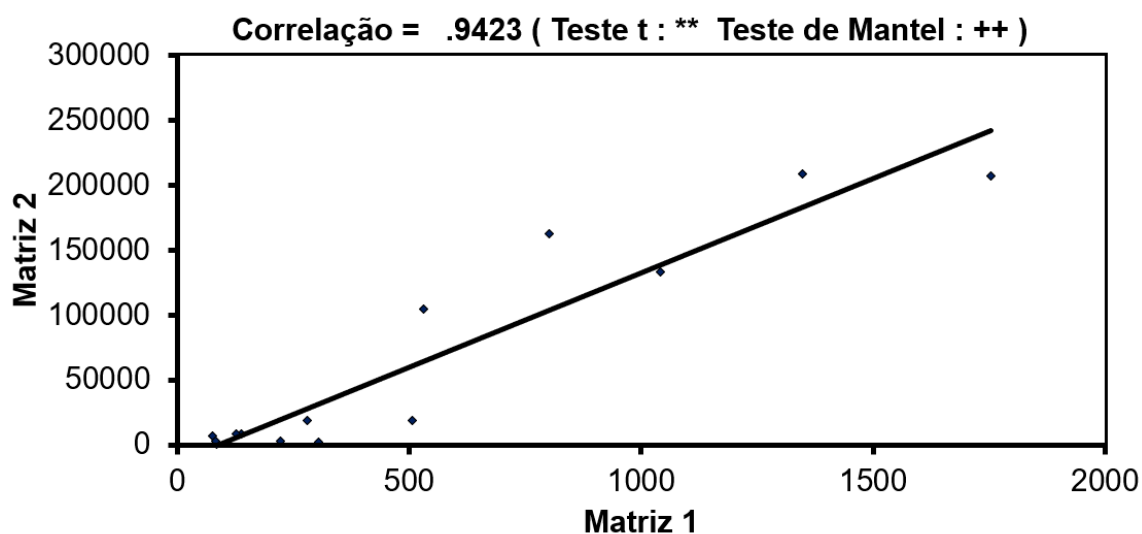


Figura 1. Dispersão gráfica da correlação da matriz do ambiente I (Matriz 1) e do ambiente II (Matriz 2). **: Significativo a 1% de probabilidade pelo teste t; ++: Significativo a 1 % de probabilidade pelo teste de Mantel baseado em 5000 simulações.

As estimativas de medidas de dissimilaridade apresentadas, tornam impraticável o reconhecimento dos grupos homogêneos pelo simples exame visual. Dessa forma, diferentes métodos de agrupamento foram empregados. Na Tabela 6, foram apresentados resultados de agrupamento dos genótipos pelo critério de Tocher citado por RAO (1952) que permitiu o estabelecimento de dois grupos geneticamente diferentes nos dois ambientes. O padrão de agrupamento mostrou-se semelhante, diferindo-se apenas na ordem de apresentação. A maior proporção foi verificada no grupo I (83,33%) pelos genótipos ICP8863, ICPL85063, BSMR736, ICPL87119, LRG41 e a menor proporção no grupo II formado pelo genótipo ICEAP00557, indicando este o mais divergente. VIEIRA et al. (2005) grupos formados por apenas um indivíduo apontam na direção de que sejam mais divergentes em relação aos demais. Adicionalmente, foi apresentada a distância intra e intergrupos, onde, a distância média

intra e intergrupo no ambiente I, foi inferior a distância média observada no ambiente II. No grupo 2, não foi observada a estimativa da distância média intragrupo, porque apenas um genótipo foi formado.

Tabela 6. Grupos de genótipos estabelecidos pelo método de Tocher, com base na distância generalizada de Mahalanobis, nos dois ambientes

| Ambientes | Grupos | Genótipos | Distância Intragrupo | Distância Intergrupo |
|-----------|--------|-----------|----------------------|----------------------|
| 1 | I | 4 6 5 2 1 | 193.684 | 1097.859 |
| | II | 3 | 0 | 0 |
| 2 | I | 1 5 6 2 4 | 7120.058 | 163263.514 |
| | II | 3 | 0 | 0 |

ICP8863(1), ICPL85063(2), ICEAP00557(3), LRG41(4), ICPL87119(5), BSMR736(6).

Na Figura 2, foi apresentado o agrupamento hierárquico dos genótipos, por meio do dendrograma obtido pelo método UPGMA. A determinação do número de grupos foi realizada pelo método de MOJENA (1977) considerando-se como corte a distância de 871.16 para ambiente I e 125040.8 para ambiente II, que tornou possível a visualização de dois grupos. Pode se observar um mesmo padrão de agrupamento constatado no agrupamento pelo método de otimização de Tocher.

Com a formação do dendrograma, pode ocorrer considerável simplificação das informações originais e podem ser geradas algumas distorções sobre o padrão de dissimilaridade entre os genótipos. Para avaliar a consistência do agrupamento, foi determinado o coeficiente de correlação cofenético (CCC), o qual foi significativo nos dois ambientes e o grau de distorção e estresse (Tabela 7) que avaliam a concordância entre os elementos da matriz de dissimilaridade original e matriz gráfica (Tabela 8). Embora com certo grau de estresse observado, as estimativas traduzem de forma consistente o agrupamento gráfico. SOKAL e ROHLF (1962) quanto maior o valor de CCC, menor será a distorção provocada ao agrupar os genótipos. ROHLF e FISHER (1968) sugeriram que uma correlação acima de 0.80 é suficiente.

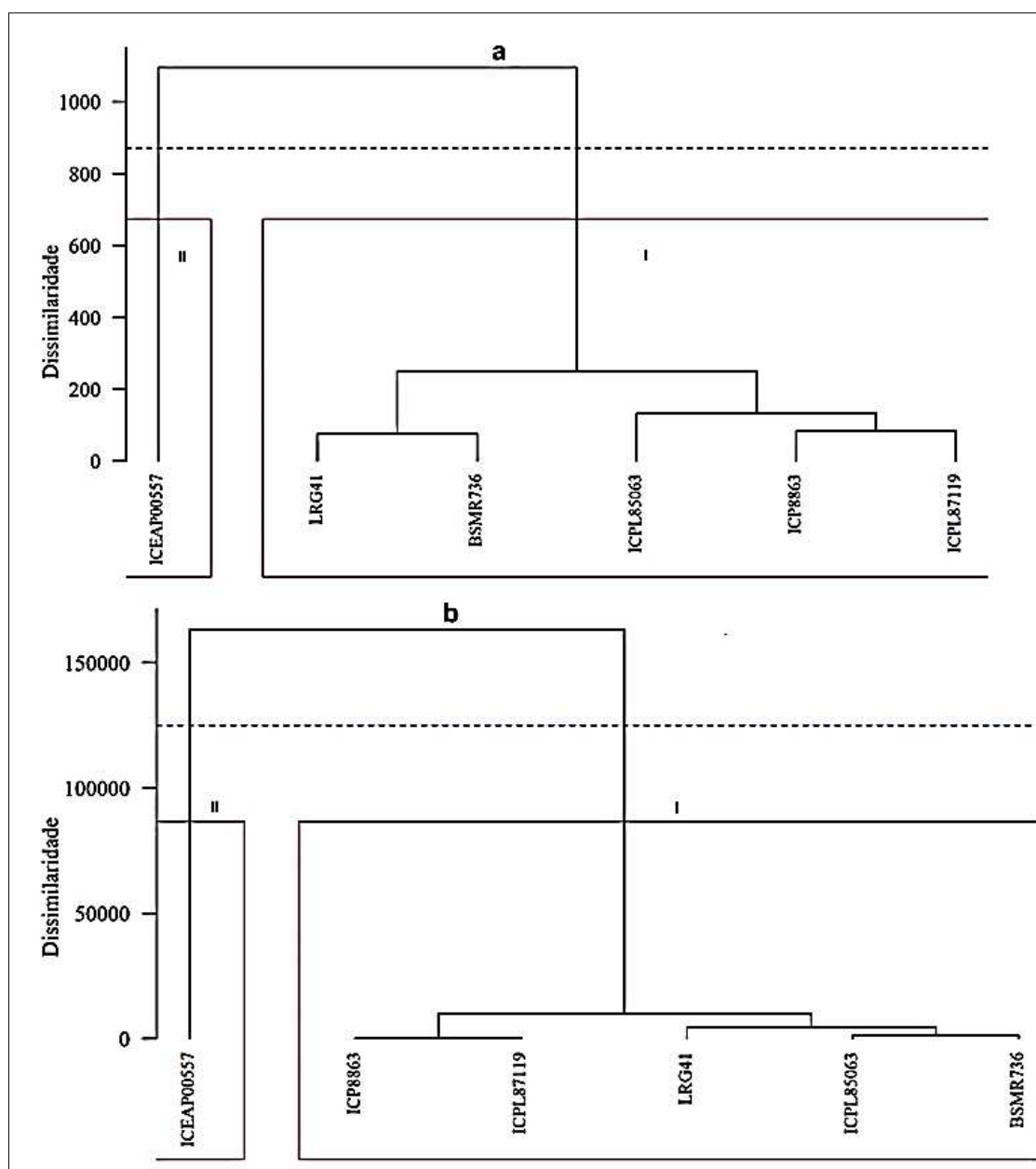


Figura 2. Dendrograma obtido pelo método de UPGMA, a partir das medidas de dissimilaridade entre seis genótipos, expressas pela distância generalizada de mahalanobis do ambiente I (a) e ambiente II (b).

Tabela 7. Estimativas de distorção, estresse e correlação cofenética no ambiente I e II.

| Ambientes | I | II |
|-----------------------|---------|---------|
| Distorção (%): | 13.7485 | 6.0340 |
| Estresse (%): | 37.0789 | 24.5642 |
| Correlação Cofenética | 0.8545 | 0.951 |

Tabela 8. Matrizes de distâncias originais (abaixo da diagonal) e cofenética (acima da diagonal) entre seis genótipos de feijão-guandu em dois ambientes.

| Ambientes | Genótipos | 1 | 2 | 3 | 4 | 5 | 6 |
|-----------|-----------|----------|----------|----------|----------|----------|----------|
| I | 1 | | 132.6554 | 1097.859 | 251.8926 | 84.0458 | 251.8926 |
| | 2 | 138.5337 | | 1097.859 | 251.8926 | 132.6554 | 251.8926 |
| | 3 | 1758.005 | 1044.548 | | 1097.859 | 1097.859 | 1097.859 |
| | 4 | 509.0826 | 305.181 | 531.5069 | | 251.8926 | 76.1312 |
| | 5 | 84.0458 | 126.7771 | 1351.001 | 280.7403 | | 251.8926 |
| | 6 | 223.1946 | 109.2311 | 804.2344 | 76.1312 | 83.9262 | |
| II | 1 | | 9976.785 | 163263.5 | 9976.785 | 316.2263 | 9976.785 |
| | 2 | 8253.102 | | 163263.5 | 4742.319 | 9976.785 | 1539.005 |
| | 3 | 206927.7 | 133475.5 | | 163263.5 | 163263.5 | 163263.5 |
| | 4 | 18773.87 | 2306.332 | 104339 | | 9976.785 | 4742.319 |
| | 5 | 316.2263 | 8545.726 | 208689.1 | 18587.15 | | 9976.785 |
| | 6 | 2806.439 | 1539.005 | 162886.1 | 7178.307 | 2894.42 | |

Genótipos: ICP8863(1), ICPL85063(2), ICEAP00557(3), LRG41(4), ICPL87119(5), BSMR736(6).

Nesse estudo, também foi avaliada a importância relativa de caracteres para diversidade genética pelo critério proposto por SINGH (1981), no método de agrupamento por variáveis canônicas. Foram apresentados os autovalores e os elementos dos autovetores associados aos caracteres avaliados (Tabela 9). Fazendo-se a análise dos elementos, em valor absoluto, dos cinco últimos autovetores no ambiente I e seis no ambiente II, até aquele em que o valor do autovalor da matriz de correlação não exceda a 0.70, segundo recomendações de JOLLIFFE (1973) e MARDIA et al. (1979), identificam-se os caracteres ramos primários, ramos secundários, largura da vagem, vagens por planta e produtividade de grão no ambiente I, ramos secundários, comprimento da vagem, vagens por planta, peso de 100 sementes e dias até 50% de floração no ambiente II, como sendo, os mais importantes para discriminar os genótipos. Resultados similares foram relatados por MUNISWAMY (2014) que observou maior contribuição de vagens por planta e comprimento da vagem. SATANKAR NAVNEET et al. (2017) observaram maior contribuição de vagens por planta, produtividade de grão e ramos primários. QUTADAH et al. (2019) observaram maior contribuição de peso de 100 sementes e dias até 50% de floração para o estudo da diversidade genética. CRUZ et al. (2014) variáveis menos importantes, são aquelas com pequena variabilidade ou que estão correlacionadas com outras consideradas no estudo e que apresentaram coeficientes de grande magnitude nos últimos autovetores. ADAMS e WIERSMS (1978), os caracteres a serem preservados na análise de divergência, deverão ser apenas aqueles que representam a estrutura fundamental do sistema biológico que está sendo estudado. A evidência de que os caracteres não apontados,

sejam de menor importância e possíveis de descarte, pode ser explicada pela matriz de correlação fenotípica (Figura 5). No ambiente I, o descarte da altura da planta, é minimizada pela presença de ramos secundários e ramos secundários, o comprimento da vagem, sementes por vagem e peso de 100 sementes são minimizados pela presença da largura da vagem e vagens por planta. No ambiente II, o descarte da altura da planta é minimizado pela presença de vagens por planta e ramos secundários. Os ramos primários, largura da vagem, sementes por vagem e dias até a maturação são minimizados pela presença de comprimento da vagem, peso de 100 sementes e dias até 50% de floração por apresentarem altas magnitudes de correlação com outros caracteres indicados como mais importantes, cuja sua manutenção poderá representar a estrutura genética do material estudado e o sistema contará apenas com os caracteres, cujas correlações são nulas estatisticamente ou de baixa magnitude. CRUZ e CARNEIRO (2003) o interesse na avaliação de um menor número de caracteres, possibilita economia de tempo e de mão-de-obra, tanto na tomada de dados quanto na experimentação, além de reduzir o custo em análises futuras.

Uma outra alternativa, para avaliar a diversidade do material genético é a análise de dispersão gráfica, no espaço bidimensional, com base na técnica de variáveis canônicas. CRUZ et al. (2012) e CRUZ et al. (2014) a técnica de variáveis canônicas é similar à de componentes principais, cada variável canônica é uma combinação linear de caracteres, pois permite a simplificação no conjunto de dados, resumindo as informações, originalmente contidas em um grupo de n variáveis, em poucas variáveis, que apresentam as propriedades de reterem o máximo da variação originalmente disponível e serem independentes entre si, entretanto, guarda correspondência com o agrupamento baseado na dissimilaridade expressa pela distância generalizada de mahalanobis e baseia-se nas informações entre e dentro dos genótipos, havendo, portanto, necessidade de dados, em nível de acessos, com repetições.

Primeiramente foi avaliada a viabilidade do estudo da divergência genética por meio das distâncias geométricas entre os genótipos no espaço bidimensional (Tabela 9) e observou-se que, a primeira variável canônica, explicou mais de 80% da variação disponível nos dados nos dois ambientes, sendo considerada satisfatória conforme CRUZ et al. (2012). Na Figura 3, foi apresentada a dispersão de seis genótipos em relação ao eixo estabelecido pela primeira e segunda variável canônica. Pode-se constatar a formação de dois grupos como observado nos métodos de agrupamento anteriormente apresentados.

Tabela 9. Estimativa dos autovalores (AV) e elementos dos autovetores associados aos caracteres Altura da planta (AP), ramos primários (RP), ramos secundários (RS), dias até 50% de floração (D50F), dias a maturação (DM) comprimento da vagem (CVA), largura da vagem (LVA), sementes por vagem (SVA), vagens por planta (VAP), peso de 100 sementes (P100S) e produtividade de grão (PROD) para o estudo da diversidade entre os genótipos de feijão-guandu em dois ambientes (I, II).

| AV | AV(%) | % ACUMULADA | Elementos dos autovetores associados a | | | | | | | | | | |
|--------------------|--------|----------------|--|--------------|--------|---------------|--------------|---------------|---------|--------------|--------------|--------|--------------|
| | | | AP | RP | RS | CVA | LVA | SVA | VAP | P100S | PROD | D50F | DM |
| Ambiente I | | | | | | | | | | | | | |
| 218.270 | 88.402 | 88.402 | -1.251 | 1.420 | -3.198 | -4.018 | -0.884 | 0.261 | 3.911 | -0.561 | 1.456 | – | – |
| 22.506 | 9.115 | 97.517 | 0.335 | 1.843 | -2.852 | -0.802 | 1.717 | 0.194 | 1.043 | -0.448 | 2.790 | – | – |
| 4.318 | 1.749 | 99.266 | 0.595 | -0.978 | -0.515 | 0.675 | -1.000 | -0.361 | -0.761 | 0.734 | 0.001 | – | – |
| 1.246 | 0.505 | 99.771 | -0.871 | -0.933 | 0.263 | -0.553 | 0.039 | 0.859 | 0.118 | 0.290 | 0.464 | – | – |
| 0.566 | 0.229 | 100 | 0.802 | 0.545 | 0.218 | 0.653 | 0.173 | -0.444 | 0.705 | 0.028 | -0.382 | – | – |
| 0 | 0 | 100 | 0.027 | 0.231 | 0.353 | 0.325 | -0.743 | -0.077 | -0.335 | 0.913 | -0.319 | – | – |
| 0 | 0 | 100 | -0.014 | 0.217 | -0.239 | -0.460 | 0.165 | 1.030 | 0.802 | -0.083 | -0.590 | – | – |
| 0 | 0 | 100 | 0.507 | -0.231 | 0.355 | -0.398 | 0.175 | 0.404 | -0.083 | -0.155 | 0.045 | – | – |
| 0 | 0 | 100 | -0.393 | 0.114 | 0.197 | -0.711 | 0.295 | 0.082 | 0.242 | 0.484 | -0.497 | – | – |
| Ambiente II | | | | | | | | | | | | | |
| 29434.091 | 99.493 | 99.493 | 18.286 | -14.005 | 13.663 | 47.091 | -21.599 | 25.939 | -20.886 | 33.375 | -4.999 | -3.526 | 37.815 |
| 124.718 | 0.422 | 99.915 | -1.477 | -0.205 | 2.186 | -1.035 | 1.713 | 1.009 | 2.287 | -1.019 | -1.238 | 2.769 | -4.213 |
| 18.426 | 0.062 | 99.977 | -0.446 | -1.463 | 0.596 | -0.821 | -1.193 | 0.039 | -0.307 | -0.549 | 0.862 | 1.155 | 1.685 |
| 4.964 | 0.017 | 99.994 | -1.090 | 1.166 | 0.350 | 1.648 | -1.158 | 1.773 | -1.670 | 0.249 | -0.707 | -2.008 | 1.341 |
| 1.740 | 0.006 | 100 | 0.188 | 0.112 | 0.163 | 0.407 | 0.076 | -0.657 | -0.806 | 0.991 | -0.817 | -0.949 | 0.035 |
| 0 | 0 | 100 | -0.034 | 0.206 | -0.128 | -0.731 | 1.110 | -0.426 | 0.122 | -0.459 | 0.320 | 0.006 | -0.009 |
| 0 | 0 | 100 | 0.230 | 0.718 | -0.403 | -0.399 | 1.264 | -0.884 | 0.399 | 0.222 | 1.659 | 0.812 | -1.146 |
| 0 | 0 | 100 | 0.299 | -0.198 | 0.092 | 0.289 | -0.081 | -0.530 | 0.100 | -0.494 | 0.071 | 0.255 | 0.038 |
| 0 | 0 | 100 | 0.944 | -0.099 | 0.155 | 0.134 | -0.214 | 0.034 | -0.309 | 0.167 | -0.106 | -0.164 | 0.310 |
| 0 | 0 | 100 | 0.151 | 0.843 | 0.127 | 0.256 | -0.144 | 0.234 | -0.036 | 0.132 | 0.046 | 0.147 | 0.232 |
| 0 | 0 | 100 | 0.822 | -0.286 | 0.192 | 0.061 | -0.554 | -0.158 | 0.372 | 0.183 | 0.474 | -1.008 | 1.921 |

Os genótipos **2**, **4** e **6** foram os mais similares, havendo, entretanto, considerável divergência entre os genótipos **3** e **5** com o genótipo **1** nos dois ambientes. Para a avaliação da adequação da projeção obtida, os coeficientes de cálculo de eficiência foram apresentados na Tabela 10, a correlação entre as distâncias originais e estimadas foi significativa a 1% de probabilidade pelo teste t e o grau de distorção e estresse foram inferiores a 20 nos dois ambientes, indicando ser satisfatório o estudo das medidas de dissimilaridade no espaço bidimensional, por inferir o padrão de similaridade dos genótipos estudados conforme CRUZ et al. (2011).

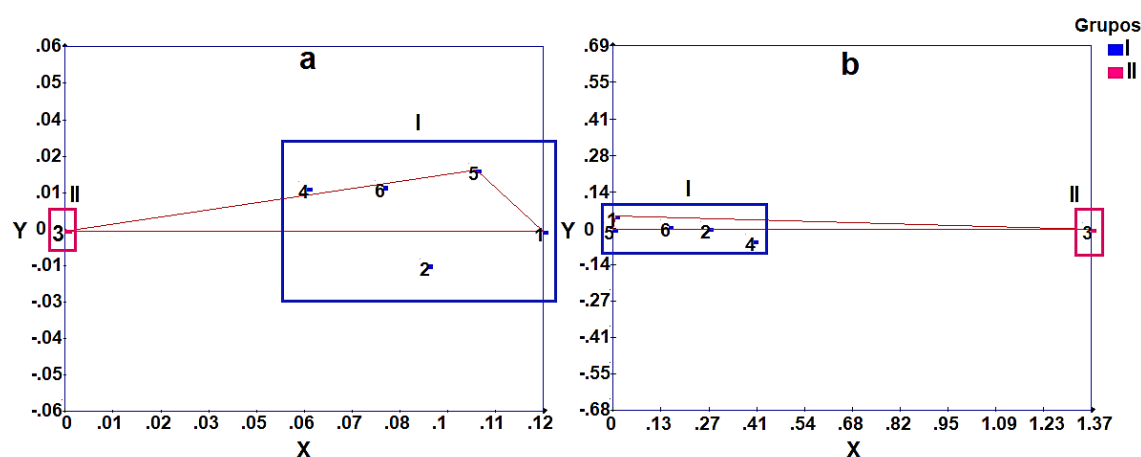


Figura 3. Dispersão gráfica de seis genótipos de feijão-guandu, em relação a primeira (X) e segunda (Y) variável canônica, no ambiente I (a) e II (b). Genótipos: ICP8863 (1), ICPL85063 (2), ICEAP00557 (3), LRG41 (4), ICPL87119 (5), BSMR736 (6).

Tabela 10. Eficiência gráfica das distâncias entre os genótipos no espaço bi-dimensional

| Ambientes | I | II |
|----------------|---------|---------|
| Correlação (r) | 0.996** | 0.999** |
| Distorção (%): | 4.075 | 0.327 |
| Estresse (%): | 5.904 | 0.388 |

Visando agrupar as combinações mais e menos similares, com base nas distâncias generalizadas de Mahalanobis, avaliados no ambiente I e II. Foram apresentadas as distâncias de dissimilaridades médias no espaço tridimensional (Figura 4), cujas medidas numéricas podem ser consultadas na Tabela 6, em relação aos seis genótipos de feijão-guandu. Por meio do exame visual, distingue-se o distanciamento do genótipo **3** dos demais, formando pares menos similares dos genótipos **1** e **3**, **3** e **5**, **2** e **3**, **3** e **6** e **3** e **4** no ambiente I. No ambiente II, as combinações menos similares foram observadas nos genótipos **1** e **3**, **3** e **5**, **3** e **6**, **2** e **3** e **3** e **4** respectivamente. As restantes combinações observadas nos dois ambientes apresentam menores distâncias, indicando maior similaridade e menor possibilidade de obtenção de híbridos superiores.

Nos programas de hibridação recomenda-se a utilização de combinações de genótipos mais divergentes, no entanto, não garante a obtenção da heterose, uma vez que, estas podem ser divergentes, mas não complementares, assim, deve-se ter cautela na seleção de genótipos para hibridação. GHADERI et al. (1984) dois genótipos podem ser completamente distantes geneticamente (o melhor e o pior segregante de um cruzamento) e ainda serem estreitamente relacionados, por serem membros de uma mesma população. Quando dois pais são mais distantes geneticamente é admitido que eles diferem de forma crescente no número de locos no qual os efeitos de dominância estão evidentes, contribuindo conseqüentemente, para a maior manifestação da heterose. CRUZ et al. (2014) a utilização de genitores similares reduz as chances de se obter progressos com a seleção, pois se perde tempo com as hibridações e na condução de populações segregantes, em condições de campo, com pouca probabilidade de darem origem a uma nova cultivar. GHADERI et al. (1984) e CRUZ et al. (2012) recomendam a indicação de pais, com base no desempenho *per se* dos progenitores e na magnitude de suas dissimilaridades, de modo que, segundo CRUZ et al. (2014) possam apresentar genes complementares que proporcionem, na F1, maior heterose e, nas gerações segregantes, indivíduos transgressivos.

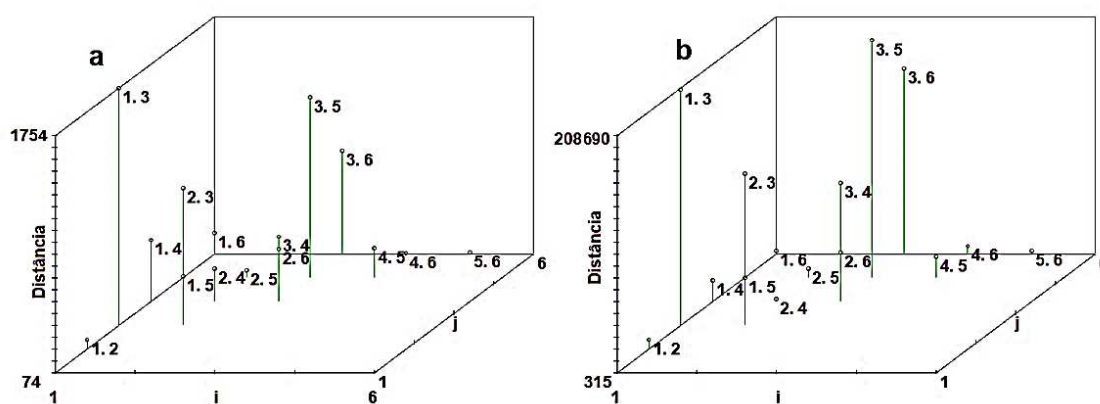


Figura 4. Medidas de dissimilaridades médias em relação a seis genótipos de feijão-guandu, considerando os mais e menos similares, com base nas distâncias generalizadas de Mahalanobis, no ambiente I (a) e II (b). Genótipos: ICP8863 (1), ICPL85063 (2), ICEAP00557 (3), LRG41 (4), ICPL87119 (5), BSMR736 (6).

Assim, a análise do desempenho agrônômico dos grupos (Tabela 11) no ambiente I, permite caracterizar o grupo I, com melhor desempenho para ramos secundários, vagens por planta e produtividade de grão e o grupo II, para comprimento da vagem, largura da vagem, sementes por vagem e peso de 100 sementes. No ambiente II, o grupo I caracterizou-se pelo melhor desempenho para ramos primários, ramos secundários e

produtividade de grão e no grupo II para comprimento da vagem, largura da vagem, sementes por vagem, vagens por planta e peso de 100 sementes.

Tabela 11. Médias da altura da planta, AP; ramos primários, RP; ramos secundários, RS; comprimento da vagem, CVA; largura da vagem, LVA; vagens por planta, VAP; sementes por vagem, SVA; peso de 100 sementes, P100S; dias até 50% de floração, D50F e dias até a maturação, DM de grupos de genótipos de feijão-guandu nos ambientes I e II.

| Ambientes | Grupos | AP | RP | RS | CVA | LVA |
|-----------|--------|--------|------|------|------|-------|
| I | 1 | 148.04 | 6.89 | 9.83 | 5.44 | 0.717 |
| | 2 | 139.2 | 6.47 | 8.62 | 7.58 | 0.993 |
| II | 1 | 128.87 | 8.36 | 7.47 | 5.60 | 0.696 |
| | 2 | 127.27 | 6.20 | 1.67 | 8.06 | 0.973 |

| Ambientes | Grupos | SVA | VAP | P100G | PROD | D50F | DM |
|-----------|--------|-------|--------|-------|---------|--------|--------|
| I | 1 | 3.273 | 72.06 | 11.87 | 737.94 | - | - |
| | 2 | 4.633 | 37.85 | 13.55 | 621.43 | - | - |
| II | 1 | 3.72 | 127.73 | 10.08 | 1221.93 | 86.67 | 120.07 |
| | 2 | 4.367 | 136 | 12.87 | 940.33 | 101.33 | 136.67 |

A análise dos resultados da Tabela 4, permite avaliar o desempenho *per se* de cada genótipo em seus caracteres. Dependendo do objetivo do programa, se o interesse for no genitor ICEAP00557, em virtude do bom desempenho em relação ao peso de 100 sementes, comprimento da vagem, sementes por vagem e largura da vagem, recomenda-se seu cruzamento com os genitores ICP8863 que apresentou melhor desempenho nos dois ambientes para produtividade de grão e ramos primários, ICPL85063 que apresentou melhor desempenho para produtividade de grão respectivamente, além de bom desempenho em ramos primários e ramos secundários e com LRG41 que apresentou melhor desempenho produtivo no ambiente II e para ramos secundários nos dois ambientes e ICPL87119 que apresentou melhor desempenho para vagens e menor dias para 50% floração. De maneira geral, as combinações de ICP8863 X ICEAP00557 e ICPL85063 X ICEAP00557, mostram-se promissoras para obtenção de genótipos superiores em produtividade de grão e demais caracteres. Se o objetivo do programa for para seleção de genótipos com base no desempenho *per se*, a análise das médias dos genótipos ICP8863 e ICPL85063 (Grupo I) do ambiente I e os genótipos ICPL85063, LRG41 (Grupo 1) no ambiente II e o genótipo ICP8863 nos dois ambientes mostram-se promissoras para produtividade de grão e peso de 100 sementes. O genótipo ICPL87119 mostrou-se promissor para precocidade, porém, com média da produtividade intermediária. Estes genótipos podem ser recomendados no programa de avaliação de cultivares. Por fim, os resultados das análises anteriormente apresentadas por diferentes

técnicas, são de grande importância no planejamento do programa de melhoramento de feijão-guandu com objetivos de hibridação e seleção com base no desempenho *per se*.

4.3. Associações genéticas dos componentes de produção do feijão-guandu

No programa de melhoramento genético do feijão guandu, ao longo do processo seletivo, a principal preocupação é o melhoramento da produtividade de grão, atendendo paralelamente, a melhoria dos caracteres secundários associados. Porém, conforme CARVALHO et al. (2002) a produtividade é o caráter de maior importância econômica, no entanto, é complexo e resultante da expressão e associação de diferentes componentes. Dessa forma, CRUZ et al. (2012) o conhecimento das correlações fenotípicas, que tem causas genéticas e ambientais, são de grande importância por fornecer informações úteis sobre a natureza, extensão e direção da seleção nos trabalhos de melhoramento, principalmente se a seleção em uma delas apresenta dificuldades, em razão da baixa herdabilidade, e, ou, tenha problemas de medição e identificação e determina os caracteres nos quais a seleção pode ser feita de forma acurada para o melhoramento genético da produtividade. Para alcançar esse objetivo, foram apresentados resultados das correlações de Pearson entre os caracteres (Figura 5), que foram significativos em nível de 1 e 5% de probabilidade pelo teste t, porém, atenção deve ser dada a significância observada, que foi possível em valores de elevada magnitude, porque o tamanho da amostra avaliado é pequeno. Conforme STEVENSON (2001) e HAIR et al., (2005) quando o tamanho de amostra é pequeno, o valor do coeficiente de correlação linear de Pearson, para ser significativo, precisa ter elevada magnitude (próximo de |1|).

Nesse caso, embora o valor do coeficiente de correlação linear não apresente significância estatística, do ponto de vista prático, dependendo da magnitude, pode apresentar significado biológico no incremento ou diminuição das médias dos caracteres. No material estudado, a partir de valores com magnitude moderada ($3 \leq r < 6$) de acordo com a classificação de CALLEGARI-JACQUES (2003), juntamente com os valores que foram estatisticamente significativos, foram considerados como sendo de significado biológico. Assim, no ambiente I (a), a altura da planta apresentou correlação >3.0 não significativa positiva com peso de 100 sementes e negativa com ramos secundários, ramos primários e sementes por vagem e não significativa positiva e negativa <3.0 com os demais caracteres. Os ramos primários apresentaram correlação positiva não significativa >3.0 com ramos secundários e não significativa positiva e

negativa <3.0 com os demais caracteres. Os ramos secundários apresentaram correlação não significativa positiva com vagens por planta e produtividade de grão e negativa com peso de 100 sementes e largura da vagem e não significativa negativa com os demais caracteres. Resultados similares foram relatados por PUSHPAVALLI et al. (2018) que observaram correlação não significativa dos ramos secundários com as vagens por planta. KUMAR et al. (2018) observaram correlação significativa positiva dos ramos secundários e das vagens por planta e estes com a produtividade de grão. O comprimento da vagem apresentou correlação significativa positiva com largura da vagem e sementes por vagem, não significativa >3.0 com peso de 100 sementes, não significativa negativa >3.0 com vagens por planta e produtividade de grão. Resultados similares foram relatados por SINGH e SINGH (2016) que observaram correlação positiva das sementes por vagem com o comprimento de vagem. A largura da vagem apresentou correlação significativa positiva com sementes por vagem e não significativa >3.0 com o peso de 100 sementes e correlação negativa significativa com vagens por planta e não significativa >3.0 com produtividade grão. As sementes por vagem apresentaram correlação não significativa positiva >3.0 com peso de 100 sementes, significativa negativa com vagens por planta e não significativa negativa <3.0 com produtividade de grão. As vagens por planta apresentaram correlação positiva não significativa >3.0 com produtividade de grão e não significativa negativa >3.0 com peso de 100 sementes. Resultados similares foram relatados por PUSHPAVALLI et al. (2018) que observaram correlação significativa positiva das vagens por planta com produtividade de grão. O peso de 100 sementes não foi correlacionado com produtividade de grão. Resultados contrários foram apresentados por PUSHPAVALLI et al. (2018) que observaram correlação negativa do peso de 100 sementes com produtividade de grão. Para a melhoria da produtividade de grão nesse ambiente, recomenda-se a seleção pelo maior número de vagens por plantas e ramos secundários, que também, apresentaram altas herdabilidades respectivamente.

No ambiente II (b), a altura da planta apresentou correlação positiva não significativa >3.0 com vagens por planta e ramos primários e não significativa negativa >3.0 com ramos secundários, peso de 100 sementes, produtividade de grão e dias até 50% de floração, não significativa positiva e negativa <3.0 com os demais caracteres. Os ramos primários apresentaram correlação positiva não significativa >3.0 com produtividade de grão, não significativa negativa >3.0 com dias até a maturação e sementes por vagem e significativa negativa com largura da vagem, comprimento da vagem, peso de 100 sementes e dias até 50% de floração e não significativa positiva e

negativa <3.0 com os demais caracteres. Resultados similares foram relatados por PUSHPAVALLI et al. (2018) que observaram correlação significativa negativa dos Ramos primários com os dias até 50% de floração e dias até a maturação. Os ramos secundários apresentaram correlação não significativa positiva com produtividade de grão e não significativa negativa >3.0 com dias até a maturação, dias até 50% de floração e comprimento da vagem e não significativa positiva e negativa <3.0 com os demais caracteres. Resultados similares foram relatados por KUMAR et al. (2018) que observaram correlação significativa positiva dos ramos secundários com a produtividade de grão. O comprimento da vagem apresentou correlação significativa positiva com largura da vagem e sementes por vagem, não significativa positiva com peso de 100 sementes, negativa com produtividade de grão, positiva >3.0 com vagens por planta, dias até 50% de floração e dias até a maturação. Resultados similares foram relatados por SINGH e SINGH (2016) que observaram correlação positiva das sementes por vagem com o comprimento de vagem. A largura da vagem apresentou correlação significativa positiva com sementes por vagem e peso de 100 sementes, não significativa positiva >3.0 com dias até a maturação, dias até 50% de floração e vagens por planta e não significativa negativa >3.0 com produtividade de grão. As sementes por vagem apresentaram correlação não significativa positiva >3.0 com vagens por planta, dias até a maturação, dias até 50% de floração e peso de 100 sementes e não significativa negativa >3.0 com produtividade de grão. As vagens por planta apresentaram correlação não significativa negativa >3.0 com produtividade de grão e não significativa positiva e negativa com os demais caracteres. O peso de 100 sementes apresentou correlação significativa positiva com os dias até 50% de floração e dias até a maturação e não significativa negativa >3.0 com produtividade de grão. Os dias até 50% de floração apresentaram correlação significativa positiva com os dias até a maturação e ambos caracteres apresentaram correlação não significativa negativa >3.0 com produtividade de grão. Resultados similares foram relatados por PUSHPAVALLI et al. (2018) que observaram correlação negativa do peso de 100 sementes com produtividade de grão e correlação significativa positiva dos dias até 50% de floração com os dias até a maturação. Nesse ambiente, recomenda-se a prática da seleção pelo maior número de ramos secundários e ramos primários para a melhoria da produtividade de grão.

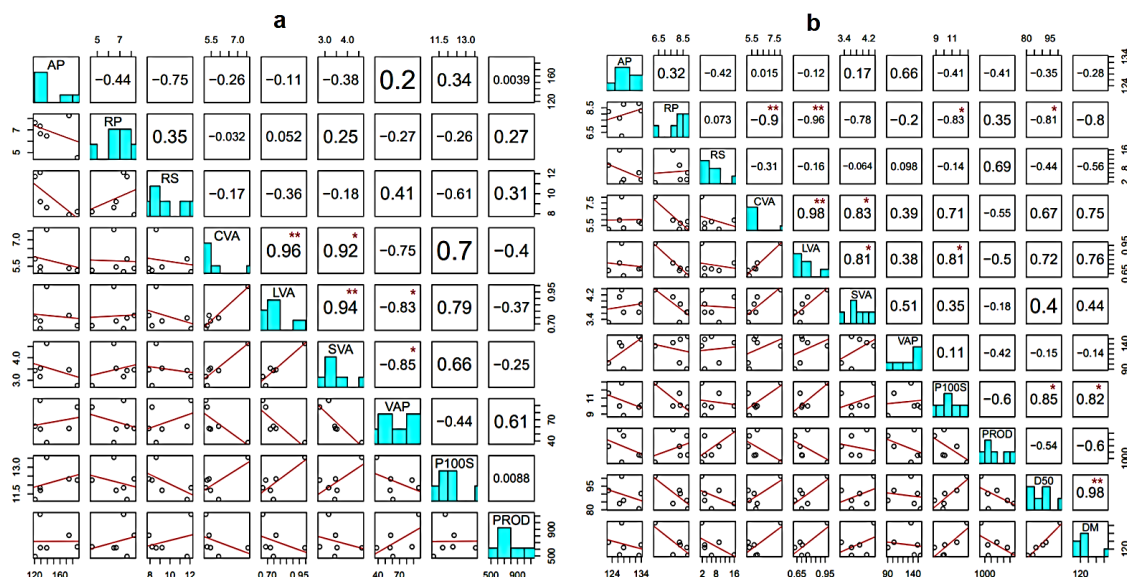


Figura 5. Acima da diagonal são os coeficientes das correlações, abaixo da diagonal são as dispersões e linhas de tendência entre os caracteres. Na diagonal são os caracteres altura da planta (AP), ramos primários (RP), ramos secundários (RS), dias até 50% de floração (D50F), dias até a maturação (DM) comprimento da vagem (CVA), largura da vagem (LVA), sementes por vagem (SVA), vagens por planta (VAP), peso de 100 sementes (P100S) e produtividade de grão (PROD), avaliadas no ambiente 1 (a) e II (b).

Com o propósito de resumir graficamente, as relações entre os caracteres, foram apresentadas estruturas de redes de correlações (Figura 6), para o ambiente I (a) e ambiente II (b). A metodologia visa elevar a eficácia da seleção dos caracteres no programa de melhoramento de feijão-guandu, por permitir com rapidez, a leitura da direção, magnitude das relações lineares e identificação dos grupos de caracteres correlacionados. Para melhor visualização e interpretação, os caracteres foram particionadas em grupos de componentes primários e secundários considerando sua relação com a variável principal (produtividade de grão). As linhas vermelhas representam correlações negativas, as verdes correlações positivas e a espessura da linha é proporcional à magnitude da correlação que atingiu o máximo de 0.96 e 0.98 no ambiente I e II respectivamente. As linhas apresentam correlação em módulo maior que 0,3 (Cutoff: 0.3). Foi observado, que os caracteres comprimento da vagem, largura da vagem, sementes por vagem e peso de 100 sementes nos dois ambientes, adicionalmente, os dias até 50% de floração e dias até a maturação, no ambiente II, formam um grupo de caracteres positivamente correlacionado entre si em maior magnitude, e negativamente correlacionado com a produtividade de grão, ramos secundários e ramos primários no ambiente II, com exceção das sementes por vagem que apresentaram correlação positiva com ramos primários no ambiente I. A seleção em um desses caracteres representará os demais caracteres entre si correlacionados e

provocarão mudanças em sentido favorável para o melhoramento de um dos componentes nos dois ambientes e em sentido desfavorável para a melhoria da produtividade, vagens por planta, ramos secundários e ramos primários.

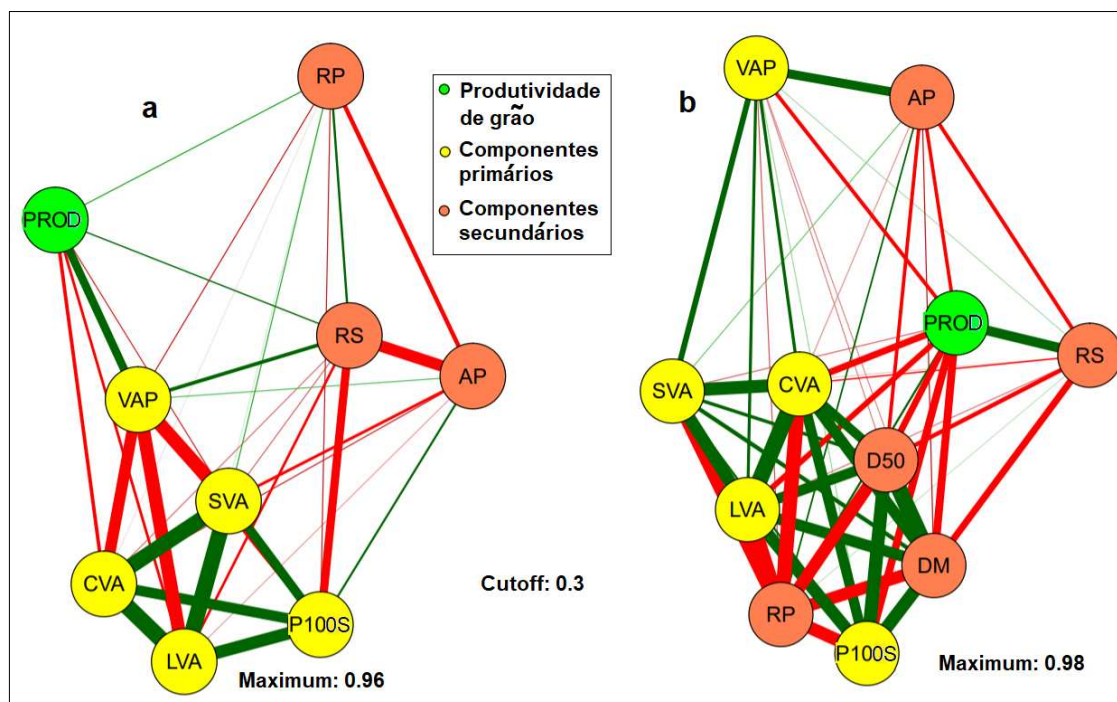


Figura 6. Rede de correlações fenotípicas da Altura da planta (AP), ramos primários (RP), ramos secundários (RS), dias até 50% de floração (D50F), dias a maturação (DM) comprimento da vagem (CVA), largura da vagem (LVA), sementes por vagem (SVA), vagens por planta (VAP), peso de 100 sementes (P100S) e produtividade de grão (PROD) no ambiente I (a) e ambiente II (b).

O estudo de correlações entre caracteres não permite, *per se*, tirar conclusões das relações de causa e efeito, ou seja, a correlação é apenas uma medida de associação linear entre dois caracteres. A correlação estimada pode não representar a verdadeira associação entre dois caracteres, uma vez que uma alta ou baixa associação pode ocorrer por influência de um terceiro caráter ou conjunto de caracteres CRUZ et al. (2014). Porém, essa técnica é muito sensível ao efeito da multicolinearidade dos caracteres, quando estes apresentam elevadas magnitudes de correlação, o que pode gerar resultados sem sentido biológico. Visando obter estimativas mais coerentes, realizou-se, inicialmente, o diagnóstico de multicolinearidade na matriz de correlação dos caracteres, cujo resultado está apresentado na Tabela 12. A análise permite concluir a respeito da existência de problemas proporcionados pela multicolinearidade. São indicadores desses problemas a existência de VIFs de magnitude, em valor absoluto que 10, observados nos dois ambientes, valores singulares pequenos e índice de condição elevado a partir da sexta ordem. Adicionalmente, o número de condição dado pela razão entre o maior e o menor autovalor, foi de 168257.990375 para o ambiente I e

1056737.341 no ambiente II e o determinante da matriz de correlação estimado foi igual a zero, caracterizando multicolinearidade severa, segundo o critério de MONTGOMERY e PECK (1981).

Tabela 12. Estimativas de diagnóstico de multicolinearidade da matriz de correlação de caracteres em feijão-guandu no ambiente I e II.

| Ambiente | I | II | I | II | I | II | I | II |
|----------|-----------|----------|----------------|---------|--------------------|---------|------------------|---------|
| Ordem | Autovalor | | Valor Singular | | Índice de Condição | | VIF _k | |
| 1 | 4.34198 | 5.76307 | 2.08374 | 2.40064 | 1 | 1 | -2195.7 | -11179 |
| 2 | 2.33224 | 2.16924 | 1.52717 | 1.47283 | 1.36445 | 1.62995 | 154.575 | -56938 |
| 3 | 0.83046 | 1.44175 | 0.91129 | 1.20073 | 2.28658 | 1.99932 | -169.03 | -5969.8 |
| 4 | 0.38859 | 0.48879 | 0.62337 | 0.69914 | 3.34272 | 3.43371 | 12225.4 | -7578 |
| 5 | 0.10669 | 0.13725 | 0.32663 | 0.37047 | 6.37948 | 6.48 | 5226.86 | -16693 |
| 6 | 0.00008 | 0.00003 | 0.00870 | 0.00551 | 239.574 | 435.888 | 6287.51 | -46862 |
| 7 | 0.00003 | -0.00001 | 0.00508 | 0.00234 | 410.193 | 1027.98 | 3959.14 | -11285 |
| 8 | -0.00005 | -0.00002 | 0.00699 | 0.00461 | 297.945 | 520.292 | 6050.42 | -52979 |
| 9 | - | -0.00004 | - | 0.00599 | - | 400.566 | - | -17825 |
| 10 | - | -0.00007 | - | 0.00827 | - | 290.139 | - | -12497 |

Determinante da matriz=0.000000 nos dois ambientes; Número de condição=168257.990375 (ambiente I) e 1056737.341 (ambiente II).

Estes resultados auxiliam na tomada de decisão em relação a exclusão ou manutenção dos caracteres pela escolha da técnica biométrica apropriada para análise, assim, foram mantidos todos os caracteres e posteriormente foi feita análise de trilha pelo método de regressão em crista como preconizado por CARVALHO e CRUZ (1996), em que o valor do coeficiente k foi estabelecido visualmente conforme ilustrado na Figura 7, onde, as estimativas foram estabilizadas a partir de um valor de k igual a 0.2 no ambiente I (a) e 0.1 no ambiente II (b) e os fatores de inflação das variâncias (VIF) atingiram valores inferiores a 10 (Tabela 13) mostrando serem mais coerentes dentro das expectativas biológicas e de maior confiabilidade em expressar as verdadeiras relações de causa e efeito das estimativas de análise de trilha no ambiente I e II, considerado o estudo dos efeitos diretos e indiretos com base em informações fenotípicas dos caracteres avaliados em feijão-guandu sobre a produtividade de grão (Tabela 14). Com exceção da altura de planta no ambiente I e ramos primários no ambiente II, os efeitos diretos tiveram o mesmo sinal das correlações. Os coeficientes de determinação foram maiores que os efeitos residuais nos dois ambientes, sendo observado no ambiente II, maior coeficiente de determinação e baixo efeito residual. Indicando que, o conjunto das variáveis incluídas no modelo explicam satisfatoriamente as variações na variável principal, e que, existem poucos caracteres importantes que podem desempenhar um papel crítico no melhoramento genético do material estudado.

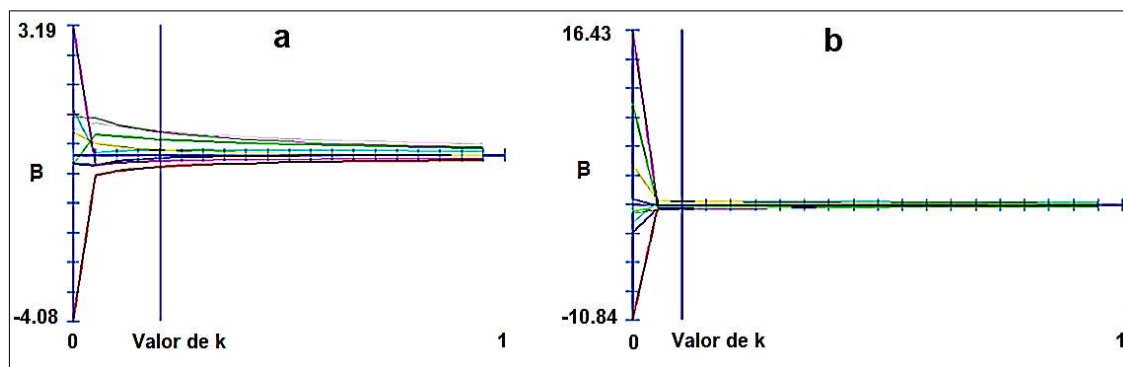


Figura 7. Valores de K para os efeitos diretos dos caracteres, no ambiente I (a) e II (b).

Tabela 13. Fatores de inflação da variância (VIF) da altura da planta (AP), ramos primários (RP), ramos secundários (RS), dias até a 50 % floração (D50F), dias até a maturação (D50M) comprimento da vagem (CVA), largura da vagem (LVA), sementes por vagem (SVA), vagens por planta (VAP), peso de 100 sementes (P100S) em função de valores de k, nos dois ambientes.

| Caracteres | Ambientes | VIF | Caracteres | Ambientes | VIF |
|------------|-----------|--------|------------|-----------|--------|
| AP | I | 3.2271 | SVA | I | 5.2217 |
| | II | 6.0127 | | II | 5.2966 |
| RP | I | 1.7564 | VAP | I | 3.678 |
| | II | 9.3788 | | II | 4.886 |
| RS | I | 3.4648 | P100S | I | 3.58 |
| | II | 4.514 | | II | 6.4456 |
| CVA | I | 4.6474 | D50F | II | 6.9022 |
| | II | 7.4191 | | | |
| LVA | I | 5.3555 | DM | II | 9.061 |
| | II | 9.1314 | | | |

No ambiente I, as vagens por planta, peso de 100 sementes e ramos primários respectivamente, exerceram maiores efeitos diretos positivos sobre a produtividade de grão. Para esse ambiente, sugere-se a seleção desses caracteres, com destaque para as vagens por planta que apresentaram efeito direto de maior magnitude. Resultados similares foram relatados por PANDEY et al. (2015) e KUMAR et al. (2018) que observaram maior efeito direto de vagens por planta e ramos primários. Os maiores efeitos indiretos positivos foram exercidos pela largura da vagem, comprimento da vagem e sementes por vagem via peso de 100 sementes e os maiores efeitos indiretos negativos sobre a produtividade de grão foram exercidos pelas sementes por vagem, largura da vagem e comprimento da vagem via vagens por planta e dias até 50% floração e ramos secundários via peso de 100 sementes. No ambiente II, os caracteres ramos secundários e sementes por vagem apresentaram respectivamente maior efeito direto positivo sobre a produtividade de grão. Sugerindo nesse ambiente a seleção pelo maior número de ramos secundários para a melhoria da produtividade. Resultados similares foram relatados por PANDEY et al. (2015) e KUMAR et al. (2018) que

observaram maior efeito direto positivo de sementes por vagem sobre a produtividade de grão. PUSHPAVALLI et al. (2018) observaram menor efeito direto positivo das sementes por vagem e ramos secundários sobre a produtividade de grão. Os maiores efeitos diretos negativos foram exercidos pelo peso de 100 sementes, vagens por planta e altura de planta e os menores foram exercidos por comprimento da vagem, largura da vagem e dias até 50% de floração. Resultados contrários foram relatados por PANDEY et al. (2015) e MEENA et al. (2017) que observaram efeito direto positivo do peso de 100 sementes e vagens por planta. KUMAR et al. (2018) observaram efeito direto positivo de vagens por planta e altura de planta. Os dias até a maturação, comprimento da vagem, ramos primários, dias até 50% de floração e largura da vagem apresentaram menor efeito direto negativo sobre a produtividade de grão. Resultados similares foram relatados por MEENA et al. (2017) que observaram efeito direto negativo dos dias até 50% de floração, dias até a maturação e ramos primários. Os maiores efeitos indiretos positivos foram exercido pelos ramos primários via peso de 100 sementes e comprimento da vagem via sementes por vagem e os efeitos indiretos negativos foram exercidos pela largura da vagem, comprimento da vagem e dias até a maturação via peso de 100 sementes.

Podem-se observar diferenças na direção, magnitude e significância nas relações entre os caracteres avaliados no ambiente I e II. Esse fato pode ser explicado pelo efeito da variabilidade das condições em que os caracteres foram avaliados. Conforme SILVA (2006) ao obter as estimativas de parâmetros genéticos, estas são validas apenas para a população da qual o material experimental constitui amostra e para as condições de ambiente em que o experimento foi conduzido.

Desta forma, a estratégia de seleção no melhoramento de feijão-guandu deve ser praticada nas condições de ambiente em que o experimento é conduzido.

Tabela 14. Estimativas dos efeitos diretos e indiretos da altura da planta (AP), ramos primários (RP), ramos secundários (RS), dias até 50% de floração (D50F), dias até 50% maturação fisiologia (D50M) comprimento da vagem (CVA), largura da vagem (LVA), sementes por vagem (SVA), vagens por planta (VAP), peso de 100 sementes (P100S) sobre a produtividade de grão (PROD), em genótipos de feijão-guandu, nos ambientes (I) e (II), obtidas pelo método de análise de regressão em crista.

| Ambientes | Caracteres | Efeito Direto | | Efeito Indireto via | | | | | | | | | r _f | |
|-----------|------------|---------------|--------|---------------------|--------|--------|--------|--------|--------|--------|--------|--------|----------------|--------|
| | | Sobre | | PROD | AP | RP | RS | CVA | LVA | SVA | VAP | P100S | | D50F |
| I | AP | -0.070 | | | -0.173 | -0.096 | 0.074 | 0.016 | -0.051 | 0.119 | 0.199 | - | - | 0.004 |
| II | | -0.288 | | | -0.034 | -0.150 | -0.002 | 0.012 | 0.062 | -0.229 | 0.172 | 0.036 | 0.044 | -0.405 |
| I | RP | 0.395 | 0.030 | | | 0.045 | 0.009 | -0.007 | 0.033 | -0.162 | -0.153 | - | - | 0.271 |
| II | | -0.104 | -0.093 | | | 0.026 | 0.102 | 0.091 | -0.291 | 0.069 | 0.350 | 0.082 | 0.127 | 0.347 |
| I | RS | 0.128 | 0.052 | 0.138 | | | 0.048 | 0.052 | -0.024 | 0.243 | -0.354 | - | - | 0.310 |
| II | | 0.356 | 0.121 | -0.008 | | | 0.035 | 0.015 | -0.024 | -0.034 | 0.059 | 0.045 | 0.088 | 0.690 |
| I | CV | -0.280 | 0.018 | -0.012 | -0.022 | | | -0.138 | 0.124 | -0.444 | 0.408 | - | - | -0.403 |
| II | | -0.114 | -0.004 | 0.093 | -0.111 | | | -0.093 | 0.310 | -0.135 | -0.301 | -0.068 | -0.118 | -0.552 |
| I | LVA | -0.143 | 0.008 | 0.021 | -0.046 | -0.270 | | | 0.128 | -0.494 | 0.458 | - | - | -0.368 |
| II | | -0.095 | 0.035 | 0.099 | -0.058 | -0.111 | | | 0.303 | -0.133 | -0.342 | -0.073 | -0.120 | -0.503 |
| I | SVA | 0.135 | 0.026 | 0.098 | -0.023 | -0.258 | -0.135 | | | -0.504 | 0.380 | - | - | -0.254 |
| II | | 0.373 | -0.048 | 0.081 | -0.023 | -0.094 | -0.077 | | | -0.177 | -0.147 | -0.041 | -0.069 | -0.184 |
| I | VAP | 0.596 | -0.014 | -0.107 | 0.052 | 0.209 | 0.118 | -0.114 | | | -0.253 | - | - | 0.607 |
| II | | -0.347 | -0.189 | 0.020 | 0.035 | -0.044 | -0.036 | 0.190 | | | -0.048 | 0.015 | 0.022 | -0.419 |
| I | P100S | 0.580 | -0.024 | -0.104 | -0.078 | -0.197 | -0.113 | 0.088 | -0.260 | | | - | - | 0.009 |
| II | | -0.423 | 0.117 | 0.086 | -0.049 | -0.081 | -0.077 | 0.129 | -0.040 | | | -0.086 | -0.130 | -0.597 |
| II | D50F | -0.101 | 0.101 | 0.084 | -0.158 | -0.076 | -0.068 | 0.150 | 0.050 | -0.360 | | | -0.154 | -0.543 |
| II | DM | -0.158 | 0.080 | 0.083 | -0.198 | -0.085 | -0.072 | 0.163 | -0.349 | -0.349 | -0.099 | | | -0.603 |

Coeficiente de determinação (R^2)=0.644 para o ambiente I e 0.917 para o ambiente II; Efeito da Variável Residual ($\bar{P}\epsilon$)=0.597 para ambiente I e 0.289 para ambiente II, Coeficiente do método de regressão em crista (k)=0.20 para ambiente I e 0.10 para ambiente II. Determinante da matriz de correlação entre variáveis explicativas=1.758 para ambiente I e 2.906 para ambiente II.

4.4. Ganhos genéticos e seleção simultânea de caracteres em feijão-guandu

No melhoramento de feijão-guandu, a obtenção de fenótipos superiores para seleção e recombinação de progênies é de considerável importância. De acordo com CRUZ et al. (2012) a seleção com base em um, ou em uns poucos caracteres, tem se mostrado inadequada, por conduzir a um produto final superior em relação apenas aos caracteres selecionados, mas com desempenho não tão favorável em relação aos vários outros caracteres não considerados durante a prática seletiva. Isso poderá, em última instância levar a rejeição do produto por parte dos agricultores, consumidores, industriais, ou qualquer um que deste se utilizar. Dessa forma, pretende-se, por meio de técnicas univariadas e multivariadas, quantificar os ganhos, de modo que seja possível indicar estratégias de seleção para desenvolvimento de cultivares de feijão-guandu, que apresentem simultaneamente, ganhos nos caracteres produtividade de grão, peso de 100 sementes no sentido positivo e dias até 50% floração no sentido negativo. Esse critério de seleção, foi baseado em algumas preferências varietais definidas pelos agricultores no processo de seleção participativa de cultivares, desenvolvido pelo Instituto de Investigação Agrária de Moçambique. O desenvolvimento de cultivares com base nesses critérios pode facilitar a popularização das variedades de feijão-guandu.

Primeiramente, avaliaram-se as respostas correlacionadas entre caracteres, no ambiente I (a) e II (b) (Figura 5). No ambiente I, foi constatado que, a seleção no peso de 100 sementes não proporcionará mudanças no sentido desejado para produtividade de grão, em razão da correlação ser igual a zero. No ambiente II, a seleção praticada nos caracteres peso de 100 sementes e dias até 50% de floração, não proporcionariam mudanças no sentido desejado para produtividade de grão, por apresentarem correlações de alta magnitude em sentidos desfavoráveis de melhoramento. A seleção praticada nas vagens por planta no ambiente I poderá proporcionar mudanças desejadas na produtividade do grão e indesejadas no peso de 100 sementes. A seleção nos ramos secundários poderá proporcionar mudanças desejadas na produtividade do grão e indesejadas no peso de 100 sementes. Resultados similares foram relatados por PUSHPAVALLI et al. (2018). No ambiente II, a seleção de vagens por planta, não proporcionará mudanças no peso de 100 sementes e nos dias até 50% de floração por apresentar correlação estatisticamente igual a zero e proporcionaria redução na produtividade de grão. A seleção de ramos secundários proporcionaria ganhos desejados para produtividade de grão e não desejados para dias até 50% de floração por apresentar associação de alta magnitude, porém, não proporcionaria mudanças consideráveis no peso de 100 sementes, por apresentar correlação igual a zero. No geral, pode-se prever

que, a seleção de qualquer um dos caracteres avaliados nos dois ambientes, não proporcionaria ganhos simultâneos para os três caracteres selecionados.

Ainda na busca de ganhos simultâneos nesses caracteres, foram estimados ganhos diretos e indiretos no ambiente I (Tabela 15). De modo geral os ganhos diretos foram superiores aos ganhos indiretos. Os maiores ganhos genéticos preditos mediante a seleção direta, foram observados nos caracteres vagens por plantas (20.9), produtividade de grão (14.28) ramos secundários (10.920) e ramos primários (10.29). Em relação às respostas indiretas, os maiores ganhos foram preditos pela altura da planta através de ramos secundários (10.92) e vice-versa, com eficiência de seleção indireta de 100%. No ambiente II (Tabela 16), considerando a seleção direta em 11 caracteres, constataram-se maiores ganhos genéticos preditos por meio da seleção direta em todos caracteres, com destaque em ramos secundários (59.28) e vagens por planta (12.62). Por meio das respostas indiretas, foram observados ganhos nos caracteres dias até a maturação através de dias até 50% de floração, largura da vagem através de sementes por vagem e vice-versa com eficiência de seleção indireta de 100%.

Considerando o interesse no acréscimo, simultaneamente, nos valores médios dos caracteres produtividade de grão, peso de 100 sementes no ambiente I, adicionalmente, decréscimo nos dias até 50% de floração, no ambiente II, pode-se prever que a seleção direta e indireta a ser praticada em um qualquer caráter não proporcionaria, simultaneamente, ganhos genéticos nos caracteres desejados.

Tabela 15. Estimativas das herdabilidades (h^2), do ganho de seleção percentual (GS%) direto (diagonal) e indireto (fora da diagonal) e da eficiência da seleção indireta (ESI) para nove caracteres avaliados em genótipos de feijão-guandu no ambiente I.

| Caráter Selecionado | $h^2\%$ | Genótipos Selecionados | Resposta nos caracteres: | | | | | | | | | | Total |
|---------------------|---------|------------------------|--------------------------|--------------|--------------|--------------|-------------|-------------|-------------|-------------|-------------|--------------|-------|
| | | | AP | RP | RS | CVA | LVA | SVA | VAP | P100S | PROD | | |
| AP | 32.81 | 1,4,6 | GS% | -4.52 | 4.38 | 10.92 | -4.22 | -6.5 | -2.77 | 7.04 | -3.85 | 2.97 | 3.45 |
| | | | ESI | | 0.43 | 1 | -0.53 | -0.72 | -0.32 | 0.34 | -1 | 0.21 | |
| RP | 75.63 | 1,2,4 | GS% | -1.18 | 10.29 | 7.49 | -4.65 | -4.7 | -3.27 | 7.43 | -2.41 | 9.31 | 18.31 |
| | | | ESI | 0.26 | | 0.69 | -0.58 | -0.52 | -0.38 | -0.36 | -0.63 | 0.65 | |
| RS | 75.76 | 1,5,6 | GS% | -4.52 | 4.38 | 10.92 | -4.22 | -6.5 | -2.77 | 7.04 | -3.85 | 2.97 | 3.45 |
| | | | ESI | 1 | 0.43 | | -0.53 | -0.72 | -0.32 | -0.34 | -1 | 0.21 | |
| CVA | 88.85 | 3,4,6 | GS% | -3.75 | 1.17 | 1.74 | 7.97 | 7.19 | 8.3 | -19.52 | -0.02 | -14.28 | -11.2 |
| | | | ESI | 0.83 | 0.11 | 0.56 | | 0.8 | 0.97 | -0.93 | -0.01 | -1 | |
| LV | 94.95 | 2,3,4 | GS% | -0.4 | 7.09 | -1.69 | 7.54 | 8.98 | 7.8 | -19.13 | 1.41 | -7.93 | 3.67 |
| | | | ESI | 0.09 | 0.69 | -0.55 | 0.95 | | 0.91 | -0.92 | 0.37 | -0.56 | |
| SVA | 79.24 | 2,3,6 | GS% | 0.21 | 3.51 | -8.29 | 5.21 | 8.02 | 8.55 | -20.9 | 2.56 | -3.39 | -4.52 |
| | | | ESI | -0.05 | 0.34 | -2.68 | 0.65 | 0.89 | | -1 | 0.67 | -0.24 | |
| VAP | 89.06 | 1,4,5 | GS% | -0.21 | -3.51 | 8.29 | -5.21 | -8.02 | -8.55 | 20.9 | -2.56 | 3.39 | 4.52 |
| | | | ESI | 0.05 | -0.34 | 2.68 | -0.65 | -0.89 | -1 | | -0.67 | 0.24 | |
| P100S | 81.99 | 2,3,5 | GS% | 4.52 | -4.38 | -10.92 | 4.22 | 6.5 | 2.77 | -7.04 | 3.85 | -2.97 | -3.45 |
| | | | ESI | -1 | -0.43 | -3.52 | 0.53 | 0.72 | 0.32 | -0.34 | | -0.21 | |
| PRO | 73.63 | 1,2,5 | GS% | 3.75 | -1.17 | -1.74 | -7.97 | -7.19 | -8.3 | 19.52 | 0.02 | 14.28 | 11.2 |
| | | | ESI | -0.83 | -0.11 | -0.56 | -1 | -0.8 | -0.97 | 0.93 | 0.01 | | |

Altura da planta (AP), ramos primários (RP), ramos secundários (RS), comprimento da vagem (CVA), largura da vagem (LVA), sementes por vagem (SVA), vagens por planta (VAP), peso de 100 sementes (P100S) e produtividade de grão (PROD). Genótipos: ICP8863 (1), ICPL85063 (2), ICEAP00557 (3), LRG41 (4), ICPL87119 (5), BSMR736 (6).

Tabela 16. Estimativas das herdabilidades (h^2), do ganho de seleção percentual (GS%) direto (diagonal) e indireto (fora da diagonal) e da eficiência da seleção indireta (ESI) para Altura da planta (AP), ramos primários (RP), ramos secundários (RS), dias até a 50% de floração (D50F), dias até a maturação (DM) comprimento da vagem (CVA), largura da vagem (LVA), sementes por vagem (SVA), vagens por planta (VAP), peso de 100 sementes (P100S) e produtividade de grão (PROD) avaliados em genótipos de feijão-gandu no ambiente II.

| Caráter Selecionado | $h^2\%$ | Progênie | Resposta nos caracteres | | | | | | | | | | | | Total |
|------------------------|---------|----------|-------------------------|--------------|------------|--------------|--------------|--------------|------------|-------------|-------------|--------------|------------|------------|--------|
| | | | AP | RP | RS | D50F | DM | CVA | LVA | SVA | VAP | P100S | PROD | | |
| AP | 11.02 | 2,3,4 | GS% | -0.26 | -6.4 | 37.57 | 3.55 | 2.53 | 6.26 | 8.29 | 2.23 | -1.43 | 7.27 | 1.28 | 60.52 |
| | | | ESI | | -1 | 0.63 | -0.62 | -0.79 | 0.64 | 0.89 | 1.24 | -0.11 | 0.97 | 0.13 | |
| RP | 79.44 | 1,5,6 | GS% | 0.26 | 6.4 | 37.57 | -3.55 | -2.53 | -6.26 | -8.29 | -2.23 | 1.43 | -7.27 | -1.28 | -60.52 |
| | | | ESI | -1 | | -0.63 | 0.62 | 0.79 | -0.64 | -0.89 | -0.35 | 0.11 | -0.97 | -0.13 | |
| RS | 97.84 | 2,4,5 | GS% | -0.1 | 2.43 | 59.28 | -3.55 | -2.85 | -5.34 | -3.43 | -2.93 | 2.58 | -0.39 | 3.59 | 49.25 |
| | | | ESI | 0.36 | 0.38 | | 0.62 | 0.89 | -0.55 | -0.37 | -0.45 | 0.2 | -0.05 | 0.37 | |
| D50F | 91.77 | 1,4,5 | GS% | 0.05 | 4.41 | 27.55 | -5.72 | -3.21 | -4.82 | -5.86 | -0.59 | 0 | -7.5 | 6.95 | 10.76 |
| | | | ESI | -0.2 | 0.69 | 0.47 | | 1 | -0.49 | -0.63 | -0.09 | 0 | -1 | 0.72 | |
| DM | 37.59 | 1,4,5 | GS% | 0.05 | 4.41 | 27.55 | -5.72 | -3.21 | -4.82 | -5.86 | -0.59 | 0 | -7.5 | 6.95 | 10.76 |
| | | | ESI | -0.2 | 0.69 | 0.47 | 1 | | -0.49 | -0.65 | -0.09 | 0 | -1 | 0.72 | |
| CVA | 94.7 | 3,4,5 | GS% | 0.03 | -4.19 | 20.87 | -0.46 | -1.54 | 9.8 | 9 | 4.57 | 9.82 | 2.86 | -1.47 | 50.95 |
| | | | ESI | -0.13 | -0.66 | 0.35 | 0.08 | 0.48 | | 0.97 | 0.71 | 0.78 | 0.38 | -0.15 | |
| LV | 95.5 | 3,4,6 | GS% | 0.06 | -6.18 | 5.84 | 2.86 | 2.36 | 9.02 | 9.29 | 6.44 | 8.6 | 3.44 | -1.61 | 39.51 |
| | | | ESI | -0.21 | -0.97 | 0.1 | -0.5 | -0.74 | 0.92 | | 1 | 0.68 | 0.46 | -0.17 | |
| SVA | 80.7 | 3,4,6 | GS% | 0.06 | -6.18 | 5.84 | 2.86 | 2.36 | 9.02 | 9.29 | 6.44 | 8.6 | 3.44 | -1.61 | 39.51 |
| | | | ESI | -0.21 | -0.97 | 0.1 | -0.5 | -0.74 | 0.92 | 1 | | 0.68 | 0.46 | -0.17 | |
| VAP | 83.32 | 4,5,6 | GS% | 0.22 | 2.65 | 27.55 | -4.23 | -3.03 | -2.58 | -2.43 | 1.29 | 12.62 | -4.22 | 0.7 | 28.27 |
| | | | ESI | -0.85 | 0.41 | 0.47 | 0.74 | 0.95 | -0.26 | -0.26 | 0.2 | | -0.56 | 0.07 | |
| P100S | 80.58 | 2,3,4 | GS% | -0.05 | -4.41 | -27.55 | 5.72 | 3.21 | 4.82 | 5.86 | 0.59 | 0 | 7.5 | -6.95 | -10.76 |
| | | | ESI | 0.2 | -0.69 | -0.47 | -1 | -1 | 0.49 | 0.63 | 0.09 | 0 | | -0.72 | |
| PRO | 71 | 1,2,4 | GS% | -0.25 | 2.21 | 44.25 | -1.72 | 0.87 | -8.36 | -6.57 | -2.93 | -11.26 | -3.1 | 9.7 | 20.3 |
| | | | ESI | 0.93 | 0.34 | 0.75 | 0.3 | -0.27 | -0.85 | -0.71 | -0.46 | -0.89 | -0.41 | | |

Ressaltar que, a resposta esperada com a seleção ou ganho genético estimado é produto da herdabilidade e diferencial de seleção, este por sua vez é a diferença entre a média dos genótipos selecionados e a média da população inicial (CRUZ et al., 2012; RAMALHO et al., 2012). Desta forma, para os caracteres que apresentam alto coeficiente de herdabilidade restrita associado a um diferencial de seleção elevado, espera-se maior ganho com seleção (BORÉM, 1998). Assim altas herdabilidades e maiores ganhos foram observados nos caracteres ramos primários, ramos secundários e vagens por planta no ambiente I e ramos secundários e vagens por planta no ambiente II. Resultados similares foram relatados por KUMAR et al. (2018) e DEVI et al. (2019) que observaram altas herdabilidades, associadas ao alto ganho genético para ramos secundários e vagens por planta. RAO e RAO (2015) alta herdabilidade, associada ao alto ganho genético, revela a presença de menor influência ambiental e maior prevalência de ação gênica aditiva em sua expressão. Os caracteres ramos primários, ramos secundários, dias até 50% de floração, comprimento da vagem, sementes por vagem, largura da vagem e peso de 100 sementes apresentam alta herdabilidade (>70) e menor ganho genético. RAO e RAO (2015) relataram alta herdabilidade juntamente com baixo ganho genético para os caracteres largura da vagem, indicando influência da ação gênica não aditiva. PANDEY et al. (2015) observaram altas herdabilidades, associadas ao baixo ganho genético para dias até 50% de floração. BAL et al. (2017) observaram alta herdabilidade com baixo ganho genético para largura da vagem. KUMAR et al (2018) e DEVI et al. (2019) observaram altas herdabilidade associadas ao baixo ganho genético para dias até 50% de floração e sementes por vagem.

A baixa magnitude dos ganhos observados, também pode ser explicada pela baixa variabilidade genética apresentada nos caracteres. Os resultados mostraram que, não foi possível obter, por técnica de seleção direta em um único caráter, ou indireta por meio da resposta correlacionada, ganhos simultâneos nos caracteres selecionados.

A avaliação da resposta indireta pela seleção de determinados caracteres, pode provocar alterações indesejáveis em outros quando houver correlações desfavoráveis, de forma que a população melhorada poderá apresentar sérios problemas, sendo rejeitada pelo produtor ou por qualquer um que venha a utilizá-la. A menor aceitação do produto melhorado poderá ocorrer em consequência de problemas que poderão surgir, relativos ao seu baixo desempenho, em caracteres secundárias, por não ser sido dada a devida atenção aos possíveis efeitos indiretos por ocasião do processo de seleção (CRUZ et al. 2014). Técnicas alternativas que possam ser mais eficazes em minimizar ou, mesmo, tornar inócuos os efeitos deletérios da resposta correlacionada foram desenvolvidas,

com vista a aumentar a chance do êxito de um programa de melhoramento, que é por meio da seleção simultânea de um conjunto de caracteres de importância econômica, com base na utilização de índices de seleção. Os resultados da aplicação dos índices de seleção nas estratégias de seleção simultânea podem ser observados na Tabela 17, nos dois ambientes. No ambiente I, as estratégias baseadas na seleção do comprimento da vagem com produtividade de grão e peso de 100 sementes com produtividade de grão, usando peso econômico de CVg, por meio dos índices de MM, PB e DGI, predisseram ganhos simultâneos positivos para peso de 100 sementes e produtividade de grão com a seleção dos genótipos **1, 2, 3**. No ambiente II, a estratégia baseada na seleção de ramos secundários com produtividade de grão, por meio dos índices de MM, PB e DGI usando peso econômico 1 (um), CVg e CVg respectivamente e a estratégia baseada na seleção do peso de 100 sementes e produtividade de grão por meio dos índices de PB e DGI usando pesos econômicos de 1 (um) e CVg respectivamente, proporcionaram ganhos simultâneos em sentido favorável para peso de 100 sementes e produtividade de grão e não favorável para dias até 50% de floração. A estratégia baseada na seleção dos ramos secundários com dias até 50% de floração, por meio do índice de MM, usando peso econômico de 1 (um), proporcionou ganhos simultâneos para produtividade de grão e peso de 100 sementes e dias até 50 de maturação com a seleção dos genótipos **2, 4 e 6** que apresentaram distribuição nas médias de produtividade de grão, tamanho médio de semente e decréscimo nos dias até 50% de floração. No geral, os ganhos simultâneos obtidos foram de baixa magnitude, fato que pode ser explicado pela estreita variabilidade no material genético avaliado. Porém, comparações com a seleção direta e indireta, permitem inferir que, a utilização de índices de seleção proporciona ganhos genéticos relativamente superiores em caracteres selecionados. De maneira geral, o ganho sobre um caráter é reduzido, entretanto, essa redução é compensada por uma melhor distribuição de ganhos favoráveis nos demais caracteres.

Tabela 17. Peso econômico (PE), Índices, estratégias de seleção simultânea, Progênes selecionados (PS), herdabilidades (h^2) e ganhos percentuais (GS%), para altura da planta (AP), ramos primários (RP), ramos secundários (RS), dias até a 50% de floração (D50F), dias até a maturação (DM) comprimento da vagem (CVA), largura da vagem (LVA), sementes por vagem (SVA), vagens por planta (VAP), peso de 100 sementes (P100S) e produtividade de grão (PROD) avaliados em genótipos de feijão-guandu em dois ambientes.

| PE | Índice ^{1/} | Estratégia de Seleção | PS | | Ambiente II | | | | | | | | | | | Total |
|--------------------|----------------------|--|-------|---------|-------------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|
| | | | | | AP | RP | RS | CVA | LVA | SVA | VAP | P100S | PROD | D50F | DM | |
| CVg | PB, MM, DGI | CVA e PROD P100S e PROD | 1,2,3 | $h^2\%$ | 32.81 | 75.63 | 75.76 | 88.85 | 94.95 | 79.24 | 89.05 | 81.99 | 73.63 | - | - | 34.51 |
| | | | | GS% | 0.18 | 5.98 | -0.64 | 3.85 | 5.53 | 5.79 | -2.82 | 2.89 | 13.75 | - | - | |
| Ambiente II | | | | | | | | | | | | | | | | |
| 1 | MM | RS e D50F | 2,4,6 | $h^2\%$ | 11.02 | 79.44 | 97.69 | 94.73 | 95.48 | 80.74 | 83.31 | 80.58 | 71 | 91.77 | 90.13 | 37.82 |
| | | | | GS% | -0.07 | 0.44 | 44.25 | -6.12 | -3.14 | -1.05 | 1.36 | 0.19 | 3.45 | -0.23 | -1.26 | |
| 1 | MM | RS e PROD | 1,3,4 | $h^2\%$ | 11.02 | 79.44 | 97.69 | 94.73 | 95.48 | 80.74 | 83.31 | 80.58 | 71 | 91.77 | 90.13 | 22.01 |
| CVg | DGI, PB | CVA e PROD | | GS% | -0.12 | -4.41 | 5.84 | 6.78 | 5.86 | 4.57 | -4.02 | 0.15 | 4.64 | 1.37 | 1.35 | |
| 1 | DGI | P100S e PROD | 2,3,4 | $h^2\%$ | 11.02 | 79.44 | 97.84 | 94.73 | 95.48 | 80.74 | 83.31 | 80.58 | 71 | 91.77 | 37.59 | 60.52 |
| CVg | PB | | | GS% | -0.26 | -6.4 | 37.57 | 6.26 | 8.29 | 2.23 | -1.43 | 7.27 | 1.28 | 3.55 | 2.53 | |

^{1/}MM: soma de “ranks” Mulamba e Mock (1978); DGI: Distância genótipo-ideótipo (Cruz, 2006); PB: Pesek e Baker (1969). Progênes: ICP8863 (1), ICPL85063 (2), ICEAP00557 (3), LRG41 (4), ICPL87119 (5), BSMR736 (6).

5. CONCLUSÕES

A diversidade genética indicou as combinações dos genótipos ICP8863 X ICEAP00557 e ICPL85063 X ICEAP00557 como mais divergentes nos dois ambientes.

Os caracteres ramos primários, ramos secundários, largura da vagem, vagens por planta e produtividade de grão no ambiente I e ramos secundários, comprimento da vagem, vagens por planta, peso de 100 sementes e dias até 50% de floração no ambiente II, contribuíram para máxima divergência genética.

A análise de médias, indicou os genótipos ICP8863 e ICPL85063 avaliados no ambiente I e os genótipos ICPL85063 e LRG41 no ambiente II, melhores pelo desempenho *per se* para produtividade de grão e peso de 100 sementes.

Maior variabilidade genética foi observada nas vagens por planta e produtividade de grão no ambiente I e ramos secundários no ambiente II.

As vagens por planta e ramos primários no ambiente I e os ramos secundários no ambiente II, além de apresentarem maior herdabilidade, também, apresentaram maior correlação e efeitos diretos em sentido favorável para a melhoria produtividade de grão.

As correlações entre os caracteres, a seleção direta e indireta, não possibilitaram, ganhos simultâneos para produtividade de grão e peso de 100 sementes no ambiente I, para decréscimo em dias até 50% de floração, produtividade de grão e peso de 100 sementes no ambiente II.

As estratégias de seleção simultânea de comprimento da vagem com produtividade ou peso de 100 sementes com produtividade, através dos índices de Mulamba e Mock, Distância genótipo-ideótipo e Pesek e Baker, com peso econômico CVg, proporcionaram ganho simultâneo para peso de 100 sementes e produtividade de grão no ambiente I, com a seleção dos genótipos ICP8863, ICPL85063 e ICEAP00557.

A estratégia de seleção de ramos secundários com dias até 50% de floração, através do índice de Mulamba e Mock, com peso econômico 1 (um), proporcionou ganhos simultâneos para produtividade de grão, peso de 100 sementes e decréscimo em dias até 50% de floração com a seleção dos genótipos ICPL85063, LRG41 e BSMR736 no ambiente II.

Os genótipos ICP8863 e ICPL85063 foram destaque na seleção pelas diferentes técnicas biométricas avaliadas.

6. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- ADAMS, M.W; WIERSMA, J.V. (1978). **An adaptation of principal components analysis to an assessment of genetic distance**. Research Report. 347:2-7.
- AMABILE, R.F; FERNANDES, F.D; PIMENTEL, A. do P. M. (2008). **Avaliação da resposta de genótipos de guandu (*Cajanus cajan* (L.) Millsp) na região do Cerrado**. 55(3): 231-235. Revista Ceres.
- ARRIEL, N. H. C.; DI MAURO, A. O.; DI MAURO, S. M. Z.; BAKKE, O.A.; UNÊDA-TREVISOLI, S.H.; COSTA, M.M.; CAPELATO, A.; CORRADO, A.R. (2006). **Técnicas multivariadas na determinação da diversidade genética em gergelim, usando marcadores RAPD**. Pesquisa Agropecuária Brasileira, Brasília, v.41, n.5, p.801-809.
- BAL, C. P.; BHAVE, S. G.; THAWARE, B. L.; MAHADIK, S. G.; & NAIR, K. R. (2017). **Variability studies in early genotypes of pigeon pea (*Cajanus cajan* (L.) millsp)**. 6(3), 520–522.
- BAL,C. P; BHAVE, S.G.; THAWARE, B.L. AND DESAI, S.S. (2018). **Correlation and path analysis studies in pigeon pea (*Cajanus cajan*)**. Global Journal of Bioscience and Technology. 7:70-73.
- BALDANIYA, C. J. (2018). **Genetic variability, correlation and path analysis for morphological and quality traits in pigeonpea (*Cajanus cajan* (L.) Millsp.)**.~2584 ~International Journal of Chemical Studies, 6(5), 2584–2587. Retrieved from <http://www.faostat.org>.
- BERNARDO, O. (2010). **Breeding for quantitative traits in plants**. 2 ed. Wood burg: Stemma 400p.
- BHADRU, D. (2011). **Variability and genetic divergence studies in white seed coated pigeonpea [*Cajanus cajan* (L.) Millsp.]** Crop Res., 42(1/2/3): 263-268.
- BORÉM, A. (1998). **Melhoramento de Plantas**. 2.ed. Viçosa: Editora UFV. 453p.
- BRIM, C. A.; JOHNSON, H. W.; COCKERHAM, C. C. (1959). **Multiple selection criteria in soybeans**. Agronomy Journal, v. 51, n. 1, p. 42-46.
- BUZAR, A.G.R; OLIVEIRA, V.R; BOITEUX, L.S. (2007). **Estimativa da diversidade genética de germoplasma de cebola via descritores morfológicos, agronômicos e bioquímicos**. Horticultura Brasileira 25: 513-518. 192.
- CALLEGARI-JACQUES (2003). Sidia M. **Bioestatística: princípios e aplicações**. Porto Alegre: Artemed. 255p.
- CARENA, M.J. (2009). **Handbook of plant breeding cereals**. Springer, New York, USA. 425p.
- CARGNELUTTI FILHO, A.; RIBEIRO, N. D; STORCK, L.; JOSÉ, E.; POWERSCHOOL, N. L. (2008). **Tamanho de amostra de caracteres de cultivares de feijão**. Ciência Rural, v. 38, p. 635642. Disponível em: <http://www.scielo.br/scielo.php?script=sci_arttext&pid=S010384782008000300007&lng=pt&nrm=iso>. Acesso em: 15 mai. 2009. doi: 10.1590/S0103-84782008000300007.

- CARRIJO, P.R.M.; BOTREL, M.C.G.; FAGUNDES, R.S. (2008). **Avaliação da distribuição da normalidade dos dados do diâmetro à altura do peito em florestas de *Eucalyptus grandis* W. Hill ex Maiden na região de Cascavel - PR Cultivando o Saber Cascavel**, v.1, n.1, p.95-106.
- CARVALHO, S.P.; CRUZ, C.D. (1996). **Diagnosis of multicollinearity: assessment of the condition of correlation matrices used in genetic studies**. Brazilian Journal of Genetics, 19:479-484.
- CARVALHO, C.G.P.; ARIAS, C.A.A.; TOLEDO, J.F. de; OLIVEIRA, M.F. de; VELLO, N.A. (2002). **Correlações e análise de trilha em linhagens de soja semeadas em diferentes épocas**. Pesquisa Agropecuária Brasileira, v.37, p.311-320.
- CARVALHO, S.P. de. (1995). **Métodos alternativos de estimação de coeficientes de trilha e índices de seleção sob multicolinearidade**. Viçosa: Editora UFV. 163p
- CHIORATO, A.F. (2004). **Análise da divergência genética de acessos do banco de germoplasma de feijão (*Phaseolus vulgaris* L.) do IAC**. 85p. Dissertação (Mestrado em Agricultura Tropical e Subtropical) - Instituto Agrônomo IAC, Campinas.
- CHOUDHARY, A.K.; KUMAR, S.; PATIL, B.S.; SHARMA, M.; KEMAL, S.; ONTAGODI, T.P.; DATTA, S.; PATIL, P.; CHATURVEDI, S.K., SULTANA, R. et al. (2013). **Narrowing yield gaps through genetic improvement for fusarium wilt resistance in three pulse crops of the semi-arid tropics**. SABRAO J. Breed. Genet 45: 341–370.
- COCHRAN, W.G. (1951). **Improvement by means of selection**. Barkeley symp. On math. Statist. And prob., 2. Proceedings. p.449-70.
- COMPTON, W.A.; LONNQUIST, J.H. (1982). **A multiplicative selection index applied to four cycles of full-sib recurrent selection in maize**. Crop Science, v.22, n. 5, p. 981-983.
- CROSBIE, T. M.; MOCK, J. J.; SMITH, O. S. (1980). **Comparasion of gains predicted by several methods for cold tolerance traits of two maize populations**. Crop Science, Madison, v. 20, n. 5, p. 649-655.
- CRUZ, C. D. (2013). **GENES - a software package for analysis in experimental statistics and quantitative genetics**. Acta Scientiarum. Agronomy, v. 35, n. 3, p. 271-276.
- CRUZ, C. D.; CARNEIRO, P. C. S. (2006). **Modelos biométricos aplicado ao melhoramento genético**. Viçosa: editora UFV. 2.ed. v.2, 585 p.
- CRUZ, C. D.; CARNEIRO, P. C. S. (2008). **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. 2.ed. Viçosa: UFV.
- CRUZ, C. D.; CARNEIRO, P. C. S.; REGAZZI, A. J. (2014). **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. Viçosa: UFV. v. 2, 668p.
- CRUZ, C. D.; CARNEIRO, P.C.S. (2003). **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. Viçosa: UFV, 2 ed., cap. 1, v. 2. 585p.
- CRUZ, C. D.; FERREIRA, F. M.; PESSONI, L. A. (2011). **Biometria aplicada ao estudo da diversidade genética**. 1. ed. Visconde de Rio Branco, Suprema Gráfica Editora. v.1, 620p.

CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J.; CARNEIRO, P. C. S. (2012). **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. 4 ed., v. 1, Viçosa: Editora UFV. 514p.

CRUZ, C.D. (1990). **Aplicação de algumas técnicas multivariadas no melhoramento de plantas**. Tese (Doutorado) – Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz, Piracicaba. 188p.

CRUZ, C.D. (2005). **Princípios de Genética Quantitativa**. Viçosa, UFV, Imprensa Universitária.

CRUZ, C.D. (2006). **Programa Genes: biometria**. Viçosa: UFV. 382p.

CRUZ, C.D.; REGAZZI, A. (1997). **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. Viçosa: UFV. 390p.

CRUZ, J. O. A. DA. (2017). **The pigeon pea value chain in Mozambique. Examining the 2017 price fall and its implications**. December. When citing this paper, please use the title and the following reference number: F-36409-MOZ-1.

CUNNINGHAM, E. P.; MOEN, R. A.; GJEDREM, T. (1970). **Restriction of selection indexes**. *Biometrics*, v.26, p.67–74.

DAS S. Y.; CHAKRABORTY S.; CHAKRABORTY S. (1988). **Genetic variation for seed yield and its components in green gram (*Vigna radiata* (L.) Wilczek)**. *Adv. Plant Sci.* 11:271-273.

DEVI, O. P.; SHARMA, M. B.; SEYIE, K.; OZUKUM, C.. (2019). **Performance of pigeon pea (*Cajanus cajan*) genotypes under mid altitude conditions of nagaland**. Department of Genetics and Plant Breeding, School of Agricultural Sciences and Rural Development Nagaland University Medziphema-797106, Nagaland DOI: <http://porpordx.doi.org/por10.24327/porijrsr.1006.3561>.

DINIZ FILHO, J. A. F. (2000). **Métodos Filogenéticos Comparativos**. São Paulo: Ed. Holos.

DUTTA S; KUMAWAT G; SINGH BP; GUPTA DK; SINGH S; DOGRA V; GAIKWAD K; SHARMA TR; RAJE RS; BANDHOPADHYA TK, et al. (2011). **Development of genic-SSR markers by deep transcriptome sequencing in pigeonpea (*Cajanus cajan* (L.) Millspaugh)**, *BMC Plant Biol.*11:17.

ELSTON, R.C. A (1963). **Weight free index for the purpose of ranking or selection with respect to several traits at a time**. *Biometrics*, v.19, p.85-97.

ESPOSITO, D.P.; PETERNELLI, L.A.; PAULA, T.O.M.; BARBOSA, M.H.P. (2012). **Análise de trilha usando valores fenotípicos e genotípicos para componentes do rendimento na seleção de famílias de cana-de-açúcar**. *Ciência Rural*, v.42, p.271-276.

FALCONER, D. S. (1964). **Introduction to quantitative genetics**. New York: Ronald Press, p.365.

FALCONER, D. S. (1981). **Introduction to quantitative genetics**. 2. ed. London: Longman, 340p.

FALCONER, D. S. (1987). **Introdução à genética quantitativa**. Trad. de Martinho de Almeida e Silva e José Carlos Silva. Viçosa, MG: UFV-Imprensa Universitária. 279 p.

FALCONER, D.S.; MACKAY, T.F.C. (1996). **Introduction to quantitative genetics**. 4.ed. Edinburgh: Longman Group Limited. 464p.

FAO (2018). **Food and Agriculture Organization of the United Nations**, Rome, Italy "FAOSTAT". www.fao.org.

FAOSTAT (2012). **Food and Agriculture Organization of the United Nations**. Disponível em <<http://faostat.fao.org/site/345/default.aspx>>. Acesso em 18 de março de 2018.

Feed the Future FEEDBACK (2014). **Feed the Future Mozambique Zone of Influence Baseline Report**. Rockville, Maryland: Westat.

FERRÃO, R. G.; CRUZ, C. D.; FERREIRA, A. (2008). **Parâmetros genéticos em café Conilon**. Pesquisa Agropecuária Brasileira, v. 43, n. 1, p. 61-69.

FULLER, D.Q.; HARVEY, E.L. (2006). **The archeobotany of Indian pulses: identification, processing and evidence for cultivation**. Environmental Archeology, v.11, n.2, p. 219-246.

GARCIA, A. A. F. (1998). **Índice para a seleção de cultivares**. Piracicaba. 112 p. Tese (Doutorado)-Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz", Universidade de São Paulo.

GARCIA, A.A.F.; SOUZA JÚNIOR, C.L. de. (1999). **Comparação de índices de seleção não paramétricos para a seleção de cultivares**. Bragantia, v.58, p.253-267.

GHADERI, A.; ADAMS, M.W.; NASSIB, A.M. **Relationship between genetic distance and heterosis for yield and morphological traits in dry edible bean and fava bean**. Crop Science, v.14, p.24-27, 1984.

GUIMARÃES, P.S.; PATÉRNANI, M.E.A.G.Z.; LÜDERS, R.R.; SOUZA, A.P.; LABORDA, P.R.; OLIVEIRA, K.M. (2007). **Correlação da heterose de híbridos de milho com divergência genética entre linhagens**. Pesquisa Agropecuária Brasileira, Brasília, v.42, n.6, p.811-16.

GUJARATI, D.N. (2006). **Econometria Básica**. Rio de Janeiro: Campus Elsevier. 812 p.

HAIR, J.F. et al. (2009). **Análise multivariada de dados**. 6 ed. Porto alegre: Bookman.688 p.

HAIR, J.F.; ANDERSON, R.E.; TATHAM, R.L.; BLACK, W.C. (2005). **Análise multivariada de dados**. 5.ed. Porto Alegre: Bookman. 593p.

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

HAZEL, L.N. & LUSH, J.L. (1942). **The efficiency of three methods of selection**. J. Hered, 33:393399.

HOWARD, A., HOWARD, G.L.C., AND KHAN, A.R. (1919). **Studies in the pollination of Indian crops-I**. Memoirs of the Department of Agriculture in India, Botanical Series 10:195-200.

JAMES, J. W. (1968). **Index selection with restrictions**. Biometrics, 24: 1015-1018.

- JOLLIFFE, I.T. (1973). **Discarding variables in a principal component analysis. II. Real data.** *App. Stat.*, 21(1):21-31.
- KAONEKA, S. R.; SAXENA, R. K.; SILIM, S. N.; ODENY, D. A.; GANGA RAO, N. V. P. R.; SHIMELIS, H. A.; VARSHNEY, R. K. (2016). **Pigeonpea breeding in eastern and southern Africa:** *Plant Breeding*, 135(2), 148–154. <https://doi.org/10.1111/pbr.12340>.
- KAUFFMAN, K.D.; DUDLEY, J.W. (1979). **Selection índices corn grain-yield, percent protein, and kernel weight.** *Crop Science*, v.19, p.538-583.
- KEMPTHORNE, O.; NORDSKOG, A. W. (1959). **Restricted selection índices.** *Biometrics*, v. 15, p. 10-19.
- KHAN, T.N. (1973). **A new approach to the breeding of pigeon pea (*Cajanus cajan* Millsp.),** Formation of composites. *Euphytica* 22: 373–377.
- KUMAR, A.; SINGH, A.; KUMAR, R.; AND SINGH, B. (2018). **Genetic Variability, Character Association And Path Analysis in Pigeonpea (*Cajanus Cajan* (L.) Millspaugh).** *Bull. Env. Pharmacol. Life Sci.*, Vol 7 [3] February: 63-68.
- KUMAWAT, N.; SINGH, R.P.; KUMAR, R. AND HARI, O.M. (2013). **Effect of integrated nutrient management on the performance of sole and intercropped pigeonpea (*Cajanus cajan*)** under rainfed conditions. *Indian J. Agron.* 58: 309-315.
- LESSA, L. S.; LEDO, C. A. S.; SANTOS, V. S.; OLIVEIRA e SILVA, S. de; PEIXOTO, C. P (2010). **Seleção de híbridos diplóides (AA) de bananeira com base em três índices não paramétricos.** *Bragantia*, v. 69, n. 3, p.525-534.
- LIN, C.V. (1978). **Index selection for genetic improvement of quantitative characteres.** *Theor. Appl. Genet.*, 52:49-56.
- MAHALANOBIS, P. C. (1936). **On the generalized distance in statistics.** *Proceedings of the National Institute of Sciences of India, New Delhi*, v. 2, p. 49-55.
- MALLESH, P (2016). **Identification of heterotic combinations, using obcordaté leaf shape cms lines in pigeonpea [*cajanus cajan* (L.) Millspaugh].** Department of genetics and plant breeding college of Agriculture Faculty of Agriculture Indira gandhi krishi vishwavidyalaya raipur.
- MANLY, B. F. J. (1991). **Randomization and Monte Carlo Methods in biology.** London: Chapman and Hall. 399 p.
- MANTEL, N. (1967). **The detection of disease clustering and a generalized regression approach.** *Cancer Research, Birmingham*, v. 27, n. 2, p. 209-202.
- MARCHIORI, R. (2013). **Biometria aplicada à seleção de progênies parcialmente endogâmicas de milho pipoca.** UNIVERSIDADE FEDERAL DA GRANDE DOURADOS.
- MARDIA, K.V., KENT, J.T., BIBBY, J.M. (1979). **Multivariate analysis.** London: Academic Press. 520p
- MAURO, A. O.; SEDIYAMA, T.; SEDIYAMA, C. S. (1995). **Estimativas de parâmetros genéticos em diferentes tipos de parcelas experimentais em soja.** *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, v. 30, p. 667-672.

- MEENA, S. S.; VERMA, S. K.; CHOUDHARY, R.; PANWAR, R. K.; AND SINGH, J. P. (2017). **Genetic variability and inter-relationship among yield contributing characters in advance lines of pigeonpea [*cajanus cajan* (L.) Millsp.] Grown at different altitudes.** Chem sci rev lett., 6(22), 1120–1128.
- MILLIGAN, G.W.; COOPER, M.C. (1985). **An examination of procedures for determining the number of clusters in a data set.** Psychometrika 50: 159-179.
- MOJENA, R. (1977). **Hierarchical grouping methods and stopping rules: An evaluation.** The computer Journal. v. 20, p. 359 – 363.
- MONTGOMERY, D.C.; PECK, E.A. (1981). **Introduction to linear regression analysis.** New York: J. Wiley. 504p.
- MULAMBA, N. N.; MOCK, J. J. (1978). **Improvement of yield potential of the Eto Blanco maize (*Zea mays* L.) population by breeding for plant traits.** Egyptian Journal of Genetics and Cytology, Alexandria, v. 7, n. 1, p. 40– 51.
- MUNISWAMY, S. (2014). **Biometrical and molecular dissection of genetic diversity in minicore collection of pigeonpea (*cajanus cajan* (L.) Millsp.) for fusarium wilt, smd and yield.** DEPARTMENT OF GENETICS AND PLANT BREEDING COLLEGE OF AGRICULTURE, RAICHUR UNIVERSITY OF AGRICULTURAL SCIENCES RAICHUR- 584 104.
- OLIVEIRA, A. M. C. E. (2012). **Estratégias de Seleção Visando Melhoramento da Arquitetura do Feijoeiro.** 56 p. Tese (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas). Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, MG.
- ONIM, J.F.M. (1981). **Some factors which encourage outcrossing in pigeon pea.** Zeitschrift für Pflanzenzüchtung 87: 79–85.
- PAHWA, K.; GHAI, N.; KAUR, J.; SINGH, S. (2013). **Relative Efficiency of Different Selection Indices for Grain Yield in Pigeonpea (*Cajanus cajan* L.).** Department of Botany, Department of Plant Breeding and Genetics, Punjab Agricultural University, Ludhiana- 141 004.
- PAL, D.; VERMA, S. K.; PANWAR, R. K.; ARORA, A.; KUMAR GAUR, A. (2018). **Correlation and Path Analysis Studies in Advance Lines of Pigeonpea [*Cajanus cajan* (L.) Millspaugh] under Different Environments.** International Journal of Current Microbiology and Applied Sciences, 7(04), 378–389. <https://doi.org/10.20546/ijcmas.2018.704.043>.
- PANDEY, S.; ANSARI, W.A.; MISHRA, V.K., SINGH, A.K.; SINGH, M. (2013). **Genetic diversity in Indian cucumber based on microsatellite and morphological markers.** Biochem Syst Ecol 51:19–27
- PANDEY, P; KUMAR, R; PANDEY, V. (2015). **Genetic studies for quantitative traits in pigeonpea [*Cajanus cajan* (L.) Millsp.].** Department of Genetics & Plant Breeding Narendra Deva University of Agriculture & Technology, Kumarganj, Faizabad-224 229 (U. P.) India.
- PASSOS, A. R.; SILVA, S. A.; PEIXOTO, C. P.; ROCHA, M. A. C. AND CRUZ, E. M. O. (2011). **Ganho por seleção direta e indireta em caupi considerando a interação GxE.** Revista Da FZVA, 18(1), 18–33.

PATERNIANI, M. E. A. G. Z.; GUIMARÃES, P.; LURDERS, R. R.; GALLO, P.; DE SOUZA, A.; LA BORDA, P.; OLIVEIRA, K. (2008). **Capacidade combinatória, divergência genética entre linhagens de milho e correlação com heterose**. *Bragantia*, v. 67, n. 3, p. 639 – 648

PAULA, R. C. de; PIRES, I. E.; BORGES, R. de C. G.; CRUZ, C. D. (2002). **Predição de ganhos genéticos em melhoramento florestal**. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, 37: 159-165.

PEIXOTO, L. D. A. (2013). **Redes Neurais Artificiais na predição do valor genético** (Universidade Federal de Viçosa). Retrieved from <http://alexandria.cpd.ufv.br:8000/teses/genética e melhoramento/2013/250961f.pdf>.

PEREIRA, J. C. C. (2008). **Melhoramento genético aplicado à produção animal**. 5ª ed. Belo Horizonte: FEPMVZ-Editora. 617p.

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

PIMENTEL-GOMES, F. **Curso de estatística experimental**. 15. ed., Piracicaba: Fealq, 2009, 451 p.

PINTO JÚNIOR, J. E. (2004). **REML / BLUP para a análise de múltiplos experimentos, no melhoramento genético de eucalyptus grandis w. hill ex maiden**. 113 f. Tese (Doutorado em Agronomia) – Universidade Federal do Paraná, Curitiba.

PRASAD, S., PRAKASH, R., AND HASSAN, M.A. (1972). **Natural crossing in pigeonpea** (*Cajanus cajan* (L.) Millsp.). *Mysore Journal of Agricultural Sciences* 6:426-429.

PRASAD, Y.; KUMAR, K.; MISHRA, S. B. (2013). **Studies on genetic parameters and inter-relationships among yield and yield contributing traits in pigeonpea** [*Cajanus cajan* (L.) Millsp.]. Ph.D. Scholar, Deptt. of Plant Breeding and Genetic, RAU, Pusa, Samastipur - 848 125. 2S. B. Mishra, Chief Scientist, Tirhut College of Agriculture, Dholi - 843 121.

PUSHPAVALLI, S. N. C. V. L.; YAMINI, K. N.; ANURADHA; RAJANI; KUMAR, G.; SUDHA RANI, C.; AMEER KUMAR, C. V. (2018). **Genetic variability and correlation in pigeonpea genotypes**. *Electronic Journal of Plant Breeding*, 9(1), 343–349. <https://doi.org/10.5958/0975-928X.2018.00038.8>.

QUTADAH, S. M.; MEHANDI, S.; SINGH, I. P. AND SINGH, F. (2019). **Assessment of Genetic Diversity for Polygenic Traits in Pigeonpea** [*Cajanus cajan* (L.) Millspaugh]. *International Journal of Current Microbiology and Applied Sciences*, 8(01), 1581–1588. <https://doi.org/10.20546/ijcmas.2019.801.166>.

RAMALHO, M. A. P.; SANTOS, J. B.; PINTO, C. A. B. P.; SOUZA, E. A.; GONÇALVES, F. M. A.; SOUZA, J. C. (2012b). *Genética na agropecuária*. 5ª. ed., Lavras: Ed. UFLA. 565p

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

- RANGEL, P. H. N.; PEREIRA, J. A.; MORAIS, O. P. de; GUIMARÃES, E. P.; YOKOKURA, T. (2000). **Ganhos na produtividade de grãos pelo melhoramento genético do arroz irrigado no Meio-Norte do Brasil**. Pesquisa Agropecuária Brasileira, v. 25, p. 1595-1604.
- RAO, C. R. (1962). **Problems of section with restrictions**. J. R. Statist. Soc. B., v. 24, p. 401-405.
- RAO, J. M.; RAO, T. (2015). **Genetic analysis for yield and its components in pigeon pea**. Intl. J. of applied biology and pharmaceutical technology., 6(2): 189-190.
- RAO, N. K. S.; PANWAR, R. D.; CHACO, E. K. (1981). **Differentiation of plantlets in hibrid embryo callus of pineapple**. Scientia Horticulturae, Amsterdam, v. 15, p. 235 – 238.
- RAO, R. C. (1952). **Advanced statistical methods in biometric research**. New York: J. Wiley, 330 p.
- REDDY, V. G., JAYALAKSHMI, V., & SREENIVAS, T. (2015). **Genetic divergence studies in Pigeonpea inbreds**. 6(June), 515–520.
- REKHA, R., PRASANTHI, L., SEKHAR, M. R., LATHA, P., & SUDHAKAR, S. (2011). **Genetic diversity in pigeonpea [*Cajanus cajan* (L.) millsp]**. Legume Research, 34(2), 139–142.
- RESENDE, M. D. V. (2002a). **Software Selegen – REML/BLUP**. Curitiba: Embrapa. 67 p. (Documentos, 77).
- RESENDE, M. D. V. DE; DUARTE, J. B. (2007). **Precisão e controle de qualidade em experimentos de avaliação de cultivares**. Pesquisa Agropecuária Tropical (Agricultural Research in the Tropics), 37(3), 182–194.
- RESENDE, M.D.V. (1991). **Correções nas expressões do progresso genético com seleção em função da amostragem finita dentro de famílias de populações e implicações no melhoramento florestal**. Boletim Pesquisa Florestal, Colombo, n.22por23, p.61-77.
- RESENDE, M.D.V.; FERNANDES, J.S.C. (1999). **Procedimento BLUP individual para delineamentos experimentais aplicados ao melhoramento florestal**. Revista de Matemática e Estatística, Marília, v.17, p.87-109.
- RESENDE, M.D.V.; OLIVEIRA, E. B.; HIGA, A.R. (1990). **Utilização de índices de seleção no melhoramento de eucalipto**. Boletim de Pesquisa Florestal, v.21, p.1-13.
- RINALDI, D. A.; PIPOLO, V. C.; GERAGE, A. C.; RUAS, C.; FONSECA, N.; SOUZA, S. G. de.; GARBUGLIO, D. D. (2007). **Correlação entre heterose e divergência genética estimadas por cruzamentos dialélicos e marcadores moleculares RAPD em populações de milho pipoca**. Bragantia, v. 66, n. 2, p. 183 – 192.
- ROHLF, F.J.; FISHER D.L. **Test for hierarchical structure in random data sets**. Systematic Zoology, Washington, v.17, p.407-412. 1968.
- SANTIAGO, S. (2014). **Predição de ganho genético utilizando índices de seleção em linhagens de milho**. 31 p. Dissertação (Mestrado em Produção Vegetal) - Universidade

Estadual Paulista Júlio de Mesquita Filho, Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias.

SANTOS, F. S.; AMARAL JÚNIOR, A. T.; FREITAS JÚNIOR, S. P.; RANGEL, R. M.; PEREIRA, M. G. (2007). **Predição de ganhos genéticos por índices de seleção na população de milho-pipoca UNB-2U sob seleção recorrente**. *Bragantia*, Campinas, v. 66, n. 3, p. 389-396.

SATANKAR NAVNEET, et al. (2017). **Genetic Diversity in Pigeonpea** [*Cajanus cajan* (L). Millsp.]. *International Journal of Agriculture Sciences*, ISSN: 0975-3710 & EISSN: 0975-9107, Volume 9, Issue 18, pp.-4177-4179.

SAXENA, K.B. (2008). **Melhoramento genético do guandu** - uma revisão. *Trop. Plant Biol.* 1, 159-178. 10.1007/s12042-008-9014-1 [CrossRef].

SAXENA, K.B.; SINGH, I.P.; KUMAR, R.V; HINGANE, A.J.; MULA, M.G.; PATIL, S.B.; SAMEERKUMAR CV. (2014). **Challenges and opportunities of breeding early maturing pigeonpea hybrids**. *J Food Legum.*; p 27:1–8.

SAXENA, K.B., SINGH, L., AND GUPTA, M . D . (1990). **Variation for natural outcrossing in pigeonpea**. *Euphytica* 46:143-148.

SCHAWARZBACH, E. (1972). **Einige Anwendungsmöglichkeiten elektronischer Daténverarbeitung (EDV) für die Beurteilung von Zuchtmaterial**. *Arb. Tag. Öesterr. Pfl anzenz Gumpenstein*, p.277-287.

SCOTT, A.J.; KNOTT, M.A. (1974). **Cluster analysis methods for grouping, means in the analysis of variance**. *Biometrics*, 30:507-512.

SELEMAN, R. K.; RACHIT, K. S.; SAID, N. S.; DAMARIS, A. O.; NADIGATLA, V. P. R. G. R.; HUSSEIN, A. S.; RAJEEV, K. V. (2015). **Pigeonpea breeding in eastern and southern Africa: challenges and opportunities** African Center for Crop Improvement. University of KwaZulu-Natal, South Africa; International Crops Research Institute for the Semi-Arid Tropics (ICRISAT), India; International Center for Agricultural Research in the Dry Areas (ICARDA), Addis Ababa, Ethiopia; International Crops Research Institute for the Semi-Arid Tropics (ICRISAT), Nairobi, Kenya.

SHARMA R.; GANGWAR, R.K; YADAV, V. (2014). **A study on genetic variability and correlation in pigeon pea**. *Intl. J. of Sci. and Res.*, 3(9): 826-828.

SHUNYU, V., CHATURVEDI, H. P., CHANGKIJA, S., & SINGH, J. (2013). **Genetic Diversity in Pigeon Pea** [*Cajanus Cajan* (L) Millsp.] **Genotypes of Nagaland**. 2(1), 89-90.

SILVA, F. F. (2006). **Abordagem clássica e molecular do melhoramento genético do mamoeiro** (*Carica papaya* L.). Tese (Doutorado em Produção Vegetal) -Campos dos Goytacazes-RJ, Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro UENF, 147p.

SILVA, M. G. de M.; VIANA, A. P. (2012). **Alternativas de seleção em população de maracujazeiro-azedo sob seleção recorrente intrapopulacional**. *Revista Brasileira de Fruticultura*, 34: 525-531.

- SINGH D. (1981). **The relative importance of characters affecting genetic divergence.** The Indian Journal of Genetics and Plant Breeding 41: 237-245.
- SINGH, Y. P.; SINGH, S.; NANDA, P. AND SINGH, A. K. (2018). **Impact of establishment techniques and maturity duration of pigeon pea cultivars on yield, water productivity and properties of soil.** Agric. Res., 7 (3): 271-279.
- SINGH, R. S. AND SINGH, M. N. (2016). **Character association trend among yield attributing traits in pigeonpea (*Cajanus cajan* (L.) Millsp.).** Indian Journal of Science and Technology, 9(6), 4–7. <https://doi.org/10.17485/ijst/2016/v9i6/56568>.
- SMITH, H.F. A. (1936). **Discriminant function for plant selection.** Annals of Eugenics, v.7, p.240-250.
- SMOUSE, P.E.; LONG, J.C.; SOKAL, R.R. (1986). **Multiple regression and correlation extensions of the Mantel test of matrix correspondence.** Systematic Zoology, New York, v.35, p.627-632.
- SNAPP, S.; RAHMANIAN, M.; BATÉLLO, C. (2018). **Pulse Crops for Sustainable Farms in Sub-Saharan Africa.** In Pulse Crops for Sustainable Farms in Sub-Saharan Africa. <https://doi.org/10.18356/6795bfaf-en>.
- SOKAL, R. R.; ROHLF, F. J. (1962). **The comparison of dendrograms by objective methods.** Taxon, v. 11, p. 30-40.
- SREELAKSHMI, C.; SAMEER KUMAR, C. V. AND SHIVANI, D. (2010). **Genetic analysis of yield and its component traits in drought tolerant genotypes of Pigeonpea (*Cajanus cajan* (L.) Millsp.).** Electronic J. Plant Breed., 1(6): 1488-149
- STEVENSON, W.J. (2001). **Estatística aplicada à administração.** São Paulo: Harbra, 495p.
- SUBANDI, W.; COMPTON, A.; EMPIG, L. T. (1973). **Comparison of the efficiencies of selection indices for three traits in two variety crosses of corn.** Crop Science, v.13, p. 184-186.
- SUWANTARADON, K.; EBERHART, S.A.; MOCK, J.J.; OWENS, J.C.; GUTHRIE, W.D. (1975). **Index selection for several agronomic traits in the BSSS2 maize population.** Crop Science, v.15, p.827-833.
- TAI, G. C. C. (1977). **Index selection with desired gains.** Crop Sci., 17:182-183.
- TALLIS, G. M. A (1962). **Selection index for optimum genotype.** Biometrics, v.18, p.120–122. 25
- VAN DER MAESEN, L.J.G. (1980). **India is the native home of pigeonpea.** In: Arends JC, Boelema G, de Groot CT, Leeuwenberg AJM, Veenman H, Zonen BV (Eds) Libergratulatorius in honorem H.C.D. de Wit landbouwhoge school, Miscellaneous paper no. 19, Wageningen, Netherlands, pp 257–262
- VARSHNEY, R.K; CHEN, W. L.I. Y.; BHARTI, A.K.; SAXENA, R.K.; SCHLUETER, J.A.; FARMER, A.D. (2012). **Draft genome sequence of pigeonpea (*Cajanus cajan*), an orphan legume crop of resource-poor farmers.** Nature Biotechnology 30: 83-89.

- VARSHNEY, R.K; THUNDI, M.; MAY, G.D., JACKSON, A.S. (2010). **Legume genomics and breeding**. Plant Breeding Reviews 33: 257-304.
- VENCOVSKY, R; BARRIGA, P. (1992). **Genética biométrica no fitomelhoramento**. Ribeirão Preto: Sociedade Brasileira de Genética. 466p.
- VIEIRA, E. A.; FIALHO, J. de F.; FALEIRO, F. G.; FUKUDA; W. M. G.; JUNQUEIRA, N. T. V. (2005). **Variabilidade genética para caracteres morfológicos entre acessos do banco de germoplasma de mandioca da Embrapa Cerrados**. In: CONGRESSO BRASILEIRO DE MANDIOCA, 11. Campo Grande. Anais. Campo Grande: Embrapa. 1 CD-ROM.
- VIEIRA, J.V. (1988). **Herdabilidade, correlações e índice de seleção em populações de cenoura (*Daucus carota* L.)**. 86p. Tese (Doutorado) – Universidade Federal de Viçosa, Viçosa.
- VIJAYALAKSHMI .P.; ANURADHA, C.H.; PAVANKUMAR. D.; SREELAXMI .A; ANURADHA .G. (2013). **Path Coefficient and Correlation response for Yield Attributes in Pigeon Pea (*Cajanas cajan* L.)**. 3(4), 2–7.
- WALKER, T.; SILIM, S.; CUNGUARA, B; DONOVAN, C; PARTHASARATHY, P.R.; AMANE, M.; AND SIAMBI, M. (2015). **Pigeonpea in Mozambique: An Emerging Success Story of Crop Expansion in Smallholder Agriculture**. Report. Modernizing Extension and Advisory Services project, University of Illinois at Urbana-Champaign, Illinois, USA.
- WELLS, W. C.; KOFOID, K. D. (1986). **Selection índices to improve an intermating population of spring wheat**. Crop Science, Madison, v. 26, p. 1104-1109.
- WILLIAMS, J. S. (1962). **The evaluation of a selection index**. Biometrics. Washington, v. 18, p. 375–393.
- WRICKE, G.; WEBER, W.E. (1986). **Quantitative genetics and selection in plant breeding**. New York: Walter de Gruyter. 406p.
- WRIGHT S. (1921). **Correlation and causation**. Journal of Agricultural Research. 20:557-585.