

LÁIZA MARIA BENDIA DA SILVA

**ESTRATÉGIA DE SELEÇÃO DE PROGÊNIES DE FEIJÃO PARA DERIVAÇÃO DE
LINHAGENS**

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

Orientador: José Eustáquio de Souza Carneiro

**VIÇOSA – MINAS GERAIS
2021**

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

T

S586e
2021
Silva, Láiza Maria Bendia da, 1993-
Estratégia de seleção de progênies de feijão para derivação
de linhagens / Láiza Maria Bendia da Silva. – Viçosa, MG, 2021.
1 dissertação eletrônica (46 f.): il. (algumas color.).

Orientador: José Eustáquio de Souza Carneiro.
Dissertação (mestrado) - Universidade Federal de Viçosa.
Referências bibliográficas: f. 41-46.
DOI: <https://doi.org/10.47328/ufvbbt.2021.094>
Modo de acesso: World Wide Web.

1. Feijão - Melhoramento genético. 2. Feijão - Seleção.
3. Análise decovariância. 4. BLUP. I. Universidade Federal de
Viçosa. Departamento de Agronomia. Programa de
Pós-graduação em Fitotecnia. II. Título.

CDD 22. ed. 635.6522

Bibliotecário(a) responsável: Alice Regina Pinto CRB6 2523

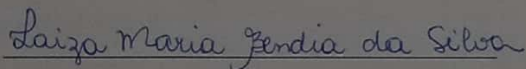
LÁIZA MARIA BENDIA DA SILVA

ESTRATÉGIA DE SELEÇÃO DE PROGÊNIES DE FEIJÃO PARA DERIVAÇÃO DE
LINHAGENS

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

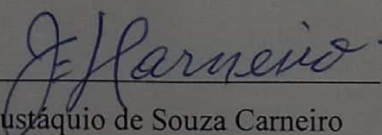
APROVADA: 28 de julho de 2021.

Assentimento:



Laiza Maria Bendia da Silva

Autora



José Eustáquio de Souza Carneiro

Orientador

AGRADECIMENTOS

A Deus.

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

À coordenação de aperfeiçoamento de pessoal de nível superior (CAPES) e à fundação de amparo à pesquisa do estado de Minas Gerais (FAPEMIG), pelo apoio financeiro na realização deste trabalho.

A minha família que sempre me apoiou e esteve ao meu lado em todos os momentos, com muito amor, carinho e atenção.

Ao meu orientador Professor José Eustáquio, pela disponibilidade e dedicação nas orientações e reuniões, pelos ensinamentos de experimentação em campo, pelos conselhos e pelo conhecimento transmitido.

Ao meu coorientador Professor Pedro, pelos ensinamentos, pelos conselhos, correções, confiança e orientação.

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

Aos colegas Marco Antônio, Michel, Rafael, José Tiago e Alice pela ajuda com as análises dos dados.

Aos funcionários da estação experimental de Coimbra pela ajuda fundamental na realização dos experimentos de campo e conversas.

Às minhas amigas da república Formigueiro, Lídia, Lu, Mellis e Nathalia que me proporcionaram ótimos momentos em Viçosa.

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

RESUMO

SILVA, Láiza Maria Bendia da, M.Sc., Universidade Federal de Viçosa, julho de 2021. **Estratégia de seleção de progênies de feijão para derivação de linhagens.** Orientador: José Eustáquio de Souza Carneiro.

O feijão-comum (*Phaseolus vulgaris* L.) é uma leguminosa importante social e economicamente para o Brasil. Os programas de melhoramento têm dedicado esforços no desenvolvimento de linhagens com adequados níveis de resistência a doenças, boa arquitetura, alta produtividade de grãos e grãos de elevado valor comercial. O objetivo deste trabalho foi identificar progênies endogâmicas de feijão do tipo carioca com potencial para derivar linhagens com alto desempenho agrônomo utilizando como estratégia o índice FAI-BLUP. Foram avaliadas 38 progênies, provenientes das populações VC 25 x CVIII 8511 (população 1) e VC 25 x Pérola (população 2), e mais sete testemunhas. Quatro experimentos foram conduzidos na Unidade de Ensino, Pesquisa e Extensão de Coimbra (UEPE Coimbra – UFV) em diferentes safras/gerações ($F_{2:6}$, $F_{2:7}$, $F_{2:8}$ e $F_{2:9}$) e delineados em blocos casualizados, com 3 repetições. Foram avaliados arquitetura de planta (ARQ), produtividade de grãos (PROD), aspecto comercial de grãos (ACG), severidade de cretamento-bacteriano-comum (CBC) e mancha-angular (MA). Os dados foram analisados por meio da metodologia de modelos mistos. Para seleção das progênies superiores foi utilizado o índice de seleção FAI-BLUP (*factor analysis and genotype-ideotype distance*). O teste de razão de verossimilhança (LRT) indicou significância para o efeito de progênies sobre a maioria dos caracteres, com exceção de PROD ($F_{2:7}$), ACG ($F_{2:8}$) e ARQ ($F_{2:8}$ e $F_{2:9}$), o que indica variabilidade genotípica entre as progênies avaliadas. Para PROD, observou-se efeito significativo para a interação progênies x safras. Considerando todos os caracteres significativos avaliados nas várias safras, procedeu-se a seleção das 20 progênies mais bem classificadas, com base no índice FAI-BLUP. Entre as 20 progênies selecionadas, 10 foram derivadas da população 1 (VC 25 x CVIII 8511) e 10 da população 2 (VC 25 x Pérola). Conclui-se que o índice FAI-BLUP, por considerar múltiplos caracteres, gerações, ambientes e populações, se mostrou adequado como estratégia de seleção no melhoramento do feijoeiro, e que existem progênies com potencial para extração de linhagens elites de feijão carioca com destaque para as progênies 1 e 31 da população 1 e 23, 24 e 25 da população 2.

Palavras-chave: Índice FAI-BLUP. Melhoramento de feijão. Estrutura de covariância.

ABSTRACT

SILVA, Láiza Maria Bendia da, M.Sc., Universidade Federal de Viçosa, July, 2021. **Selection strategy of bean progenies aiming inbred lines extraction.** Advisor: José Eustáquio de Souza Carneiro.

The common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) is a legume that is socially and economically important for Brazil. Breeding programs have dedicated efforts to the development of inbred lines that involve genotypes with resistance to diseases, upright plant architecture, high grain yield and high commercial acceptance grains. Thus, this study aims to identify inbred progenies of carioca common bean aiming the extraction of high agronomic performance inbred lines using the FAI-BLUP index as a selection strategy. Thirty-eight inbred progenies, derived from populations VC 25 x CVIII 8511 (population 1) and VC 25 x Pérola (population 2), along with 7 testers were evaluated. Four field experiments were conducted at the Coimbra Experimental Station (UEPE Coimbra - UFV) in different growth season / generations ($F_{2:6}$, $F_{2:7}$, $F_{2:8}$ and $F_{2:9}$). The experimental design used was randomized complete block with three replications. The traits assessed were: plant architecture (PAC), grain yield (GY), grain appearance (GA), bacterial blight (CBB), and angular leaf spot (ALS). The data obtained were analyzed using a mixed model methodology, and individual and combined analyses were carried out. Superior inbred progenies were selected using the factor analysis and genotype-ideotype distance (FAI-BLUP) selection index. The likelihood ratio test detected significance of progenies effect on most of the characters, except for GY ($F_{2:7}$), GA ($F_{2:8}$), and PAC ($F_{2:8}$ e $F_{2:9}$). This indicates genotypic variability among the evaluated progenies. For GY trait, a significant effect for the progenies \times growth season interactions were detected. Twenty superior inbred progenies considering the main important traits in common bean were selected using the FAI-BLUP index, considering the traits with a significant effect on the individual analysis. Twenty inbred progenies selected, being 10 of them from population 1 (VC 25 \times CVIII 8511), and 10 were from population 2 (Pérola \times VC 25). Therefore, it is concluded that the FAI-BLUP index, considering multiple traits and growth seasons, is suitable as a selection strategy in common bean genetic breeding. There are inbred progenies with potential to extract superior carioca common bean inbred lines, especially inbred progenies 1 and 31 from population 1 and 23, 24 and 25 from population 2.

Keywords: Common bean genetic breeding. FAI-BLUP index. Covariance structure.

LISTA DE ILUSTRAÇÕES

Figura 1. Teste LRT considerando as análises individuais para os efeitos das progênies dentro de população nas gerações F_{2:6} (A), F_{2:8} (B) e F_{2:9} (C). Todas as barras acima da linha preta tracejada são significativas pelo teste χ^2 a 5% de probabilidade. PROD: produtividade de grãos; ARQ: arquitetura de planta; ACG: aspecto comercial de grãos; CBC: severidade de cretamento-bacteriano-comum; MA: severidade de mancha-angular. 28

Figura 2. Teste LRT considerando a análise conjunta para os efeitos das progênies dentro de população (A) e para o efeito da interação progênies x safras (B). Todas as barras acima da linha preta tracejada são significativas pelo teste χ^2 a 5% de probabilidade. PROD: produtividade de grãos; ARQ: arquitetura de planta; ACG: aspecto comercial de grãos; CBC: severidade de cretamento-bacteriano-comum. 33

Figura 3. Classificação das progênies e as 20 progênies selecionadas usando o índice FAI-BLUP. 36

Figura 4. Posicionamentos das médias fenotípicas das progênies e testemunhas utilizadas no estudo para as características avaliadas. ARQ: arquitetura de plantas (1-9); ACG: aspecto comercial de grãos (1-5); PROD: produtividade de grãos (kg.ha⁻¹); Fam: progênies não selecionadas com base no índice FAI-BLUP; Sele: progênies selecionadas com base no índice FAI-BLUP; Test: testemunhas. 39

Figura 5. Posicionamentos das médias fenotípicas das progênies e testemunhas utilizadas no estudo para as características avaliadas. CBC: severidade de cretamento-bacteriano-comum (1-9); MA: severidade de mancha-angular (1-9); Fam: progênies não selecionadas com base no índice FAI-BLUP; Sele: progênies selecionadas com base no índice FAI-BLUP; Test: testemunhas.... 40

LISTA DE TABELAS

Tabela 1. Ambientes, gerações e datas de semeadura referentes à avaliação de 38 progênies endogâmicas de feijoeiro	20
Tabela 2. Escala de avaliação de arquitetura de planta	21
Tabela 3. Escala de avaliação de aspecto comercial de grãos	21
Tabela 4. Escala de avaliação de severidade de doenças.....	22
Tabela 5. Resumo das características avaliadas nos quatro experimentos conduzidos com 38 progênies de feijão e 7 testemunhas	22
Tabela 6. Ideótipo de feijão carioca para a seleção multi-característica utilizando o índice FAI-BLUP, considerando a avaliação de 38 progênies de feijão em quatro diferentes experimentos .	27
Tabela 7. Componentes de variância e parâmetros genéticos e não genéticos estimados para as características produtividade de grãos (PROD); arquitetura de planta (ARQ); aspecto comercial de grãos (ACG); severidade de cretamento-bacteriano-comum (CBC) e severidade de mancha-angular (MA) avaliadas em 38 progênies de feijão	31
Tabela 8. Estimativas do critério de informação de Akaike (AIC) utilizado para a escolha de modelos da análise conjunta considerando efeitos residuais e genotípicos.....	32
Tabela 9. Correlações genotípicas entre as variáveis arquitetura de plantas (ARQ), produtividade de grãos (PROD), aspecto comercial de grãos (ACG), severidade de cretamento-bacteriano-comum (CBC) e severidade de mancha-angular (MA) para as safras avaliadas ($F_{2:6}$, $F_{2:8}$ e $F_{2:9}$)	35
Tabela 10. Estimativas de médias BLUP individuais para cada uma das 20 melhores progênies (selecionadas) determinadas pelo índice FAI-BLUP para os caracteres arquitetura de plantas	

(ARQ), produtividade de grãos (PROD), aspecto comercial de grãos (ACG), severidade de cretamento-bacteriano-comum (CBC) e severidade de mancha-angular (MA) para as safras avaliadas (F_{2:6}, F_{2:8} e F_{2:9})..... 37

Tabela 11. Ganho genético predito (em %) para progênies de feijão carioca selecionadas com base no índice FAI-BLUP para os caracteres arquitetura de plantas (ARQ), produtividade de grãos (PROD), aspecto comercial de grãos (ACG), severidade de cretamento-bacteriano-comum (CBC) e severidade de mancha-angular (MA)..... 38

SUMÁRIO

1. INTRODUÇÃO	13
2. REVISÃO BIBLIOGRÁFICA	14
2.1. A cultura do feijão	14
2.2. Melhoramento do feijoeiro	15
2.3. Uso de Modelos Mistos	17
2.4. Uso de Índices de Seleção.....	18
3. OBJETIVO	19
4. MATERIAL E MÉTODOS	19
4.1. Material genético e delineamentos experimentais	19
4.2. Caracteres avaliados	20
4.3. Análises estatísticas	22
4.3.1. Modelo para as análises individuais.....	22
4.3.2. Modelo para a análise conjunta	23
4.3.3. Escolha dos modelos	24
4.3.4. Teste de significância para os efeitos aleatórios do modelo.....	25
4.3.5. Acurácia seletiva	26
4.3.6. Herdabilidade	26
4.3.7. Coeficiente de Variação	26
4.3.8. Correlação genotípica.....	26
4.3.9. Seleção de progênies	27
4.3.10. Ganho predito de seleção.....	27
4.3.11. Softwares utilizados	28
5. RESULTADOS E DISCUSSÃO.....	28
5.1. Análise individual.....	28

5.2. Análise Conjunta.....	32
5.3. Seleção de progênies usando o índice FAI-BLUP.....	34
6. CONCLUSÃO.....	41
7. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS	41

1. INTRODUÇÃO

O feijão-comum (*Phaseolus vulgaris* L.) é uma das leguminosas de grãos mais consumidas no mundo e é considerada uma rica fonte de proteína e minerais. Na África e na América Latina, mais de 200 milhões de pessoas dependem desta cultura como alimento básico (Schmutz et al., 2014), sendo muito importante social e economicamente nos países em desenvolvimento.

O Brasil, além de ser um grande consumidor de feijão, é o terceiro maior produtor mundial (FAO, 2018). A produção nacional de feijão-comum (*Phaseolus vulgaris* L.) se divide em diferentes tipos de grãos. Dos 2,5 milhões de toneladas colhidas na safra 2019/2020, 1,75 milhões são do tipo carioca, sendo o principal feijão produzido e consumido no Brasil (Conab, 2021). A média de produtividade de feijão na safra 2019/2020 foi de 1.550 kg/ha (Conab, 2021). Essa produtividade é baixa diante do potencial das cultivares recomendadas atualmente. Dentre as causas desta baixa média de produtividade da cultura, os fatores bióticos e abióticos se destacam.

Doenças como antracnose, mancha-angular, mofo-branco e murcha-de-fusário são responsáveis por perdas significativas nas lavouras (Paula Júnior e Wendland, 2012). Além dos patógenos, fatores abióticos como déficit hídrico e temperaturas desfavoráveis também causam prejuízos em determinadas épocas de cultivo (Ramalho et al., 2009). Diante do exposto, cultivares melhoradas, mais resistentes aos patógenos e mais tolerantes aos fatores abióticos, são uma das principais tecnologias de produção.

Além da maior resistência/tolerância aos fatores bióticos e abióticos, a obtenção de linhagens de porte ereto, boa qualidade de grãos e elevado potencial de produção também são objetivos de praticamente todos os programas de melhoramento de feijão. No desenvolvimento de novas linhagens, os alelos favoráveis que controlam características de interesse encontram-se em diferentes genitores. Neste sentido, a escolha adequada dos genitores a serem cruzados é etapa fundamental, pois dela depende o sucesso das posteriores etapas, sendo o início do programa de melhoramento (Borém et. al., 2017; Bertan et al., 2007).

Uma vez escolhidos os genitores, estes devem ser cruzados para obtenção das populações segregantes. Quanto mais genitores estiverem envolvidos nos cruzamentos, maior deve ser a população F₂, de modo a ter maior probabilidade de que o genótipo que se almeja ocorra na população e possa ser selecionado.

Em autógamas, as populações segregantes de maior potencial são conduzidas à homozigose. O método de condução das populações segregantes conhecido como bulk dentro de progênies é muito utilizado na cultura do feijão (Ramalho et al., 2001). Esse método tem como princípio a seleção de plantas individuais nas gerações F₂ ou F₃, sendo que cada planta originará uma progênie (Borém et al., 2017). As progênies são avaliadas, em geral, em experimentos de campo, e em delineamentos experimentais com duas ou três repetições.

A avaliação das progênies tem como objetivo obter seus valores genotípicos para fins de seleção das melhores (Resende, 2007). Neste sentido, as metodologias de modelos mistos se destacam, pois permitem a predição dos valores genotípicos, a inclusão de informações de parentesco e não exigem o balanceamento dos dados, que porventura ocorra (Resende et al., 2014). Além disso, permite a utilização de índices de seleção que se baseiam em valores genotípicos, como o índice FAI-BLUP (*Factor analysis and ideotype-design*), proposto por Rocha et al. (2017), sendo possível a seleção simultânea de um conjunto de características importantes aumentando a chance de sucesso do programa de melhoramento. Esse índice apresenta uma série de vantagens sobre os demais. Além de lidar com problemas de multicolinearidade na matriz de covariância das características, ele permite fazer a seleção multicaracterística, multigeracional, multiambientes e em diferentes populações, simultaneamente.

Assim, o objetivo com este trabalho foi identificar progênies endogâmicas de feijão do tipo carioca com potencial para derivar linhagens com alto desempenho agrônômico utilizando como estratégia o índice FAI-BLUP.

2. REVISÃO BIBLIOGRÁFICA

2.1. A cultura do feijão

O feijão-comum (*Phaseolus vulgaris* L.) é uma planta de porte herbáceo, da família *Fabaceae* e destaca-se entre as leguminosas comestíveis. O feijão é a principal fonte de proteína e nutrientes para milhões de consumidores em países subdesenvolvidos no sudoeste da África e das Américas do Sul e Central (Broughton et al., 2003), além de ser uma importante geração de receita para pequenos, médios e grandes produtores.

A produção desse grão no Brasil é bastante difundida em todo o território nacional e distribuída em três safras ao longo do ano: safra das águas (plantio de outubro a dezembro), safra das secas (plantio de fevereiro a abril) e na safra de inverno (plantio de junho a agosto). A safra de inverno se destaca por ser um cultivo de alta tecnificação, praticado principalmente por grandes produtores em grandes áreas (Carneiro et al., 2015).

De acordo com dados registrados pela FAO (2018), o Brasil figura como terceiro maior produtor mundial de feijão, atrás da Índia (6,2 milhões de toneladas) e do Myanmar (4,8 milhões de toneladas). A produção de feijão no Brasil alcançou 2,5 milhões de toneladas na safra 2019/2020, sendo o Paraná o estado maior produtor, com 580,1 mil toneladas, seguido por Minas Gerais e Goiás com produção de 554,1 e 315,6 mil toneladas, respectivamente (Conab, 2021).

A produção brasileira de feijão se divide em diferentes tipos quanto ao padrão dos grãos. O padrão de grão “carioca” se destaca entre os demais, com 70% da produção nacional, sendo cultivado na maioria das regiões produtoras, além de ser o mais consumido. O feijão preto está presente principalmente na região Sul do país e no estado do Rio de Janeiro, com cerca de 20% do mercado. O restante se concentra na classe cores, presentes em cultivos regionalizados, como é o caso do feijão vermelho, cultivado e consumido na Zona da Mata de Minas Gerais (Conab, 2021).

Atualmente, diversas cultivares de feijão carioca estão disponíveis no mercado para o produtor, com uma grande diversidade de características. Entretanto, as cultivares existentes ainda deixam a desejar em relação a alguns caracteres de interesse, tanto para o produtor quanto para o consumidor. Desta forma, busca-se a obtenção de novas cultivares que reúnam vários fenótipos de interesse, como: porte ereto, bom aspecto comercial dos grãos (cor, forma, tamanho e propriedades culinárias), alta produtividade de grãos e resistência/tolerância a fatores bióticos e abióticos. Esses objetivos são imprescindíveis em programas de melhoramento de feijoeiro, principalmente tratando-se de feijão do tipo carioca.

2.2. Melhoramento do feijoeiro

Diversas estratégias têm sido utilizadas para o desenvolvimento de cultivares superiores em um programa de melhoramento, entre elas destaca-se a hibridação. A hibridação consiste na união de gametas diferentes resultando em indivíduos híbridos, através do cruzamento intraespecífico (Borém et al., 2017).

Ao conduzir um programa de melhoramento por hibridações, que visa a obtenção de cultivares superiores e com genes de resistência a doenças, três etapas são cruciais. A primeira etapa é estabelecida pela seleção de genitores resistentes a doença em questão. Além da resistência a doenças, outros caracteres como arquitetura de plantas, produtividade e qualidade comercial dos grãos estão entre os principais objetivos dos programas de melhoramento do feijoeiro. Assim, o melhorista pode optar por selecionar genitores com fonte de resistência ao patógeno e outros genitores com características favoráveis à cultura.

A seleção de genitores deve ser realizada de forma acurada uma vez que o sucesso do programa em etapas posteriores se baseará na eficiência desta seleção (Bertan et al., 2007). Os métodos de escolha de genitores mais utilizados são o desempenho *per se*, divergência genética entre genitores ou complementariedade para características importantes, metodologia de Jinks e Pooni (1976) e análise dialélica (Borém et al., 2017). Os cruzamentos dialélicos se destacam, pois utilizam o desempenho *per se* dos genitores associado ao desempenho de seus híbridos. A escolha dos potenciais genitores é feita com base nos seus valores genéticos e possibilita o entendimento dos efeitos gênicos envolvidos na determinação dos caracteres, bem como a capacidade de se combinarem em híbridos que produzam populações segregantes promissoras e com maior potencial para a extração de linhagens superiores (Ramalho et al., 1993; Cruz et al., 2014).

Após a escolha dos genitores e da realização da hibridação, a fase posterior baseia-se na escolha das populações segregantes de maior potencial e condução dessas populações a homozigose. A escolha adequada do método de condução das populações é importante para o sucesso do melhoramento (Raposo et al., 2000). Tratando-se de espécies autógamas, vários métodos são descritos na condução das populações segregantes (Borém et al., 2017; Ramalho et al., 2001). Os métodos podem ser divididos em duas categorias básicas (Fouilloux & Barnerot, 1988). A primeira compreende os métodos que não separam as fases de endogamia e seleção, citando a seleção massal e o método genealógico (pedigree), e a segunda, em que as fases de endogamia e seleção são separadas, ou seja, a seleção só é iniciada após a maioria dos locos estarem em homozigose, sendo os mais utilizados os métodos “bulk” ou populacional e descendente de uma única semente (SSD - Single Seed Descent).

No melhoramento do feijoeiro também é comum a utilização do método bulk dentro de progênies derivadas de F₂ ou F₃. Este método foi proposto inicialmente por Frey (1954) e associa os dois procedimentos padrões na condução das populações segregantes em plantas autógamas, o

método genealógico e o “bulk”. Tem como princípio a colheita de plantas individuais nas gerações F_2 ou F_3 , de modo que cada planta originará uma progênie, sendo as sementes provenientes de cada progênie misturadas e utilizadas na obtenção da geração seguinte. A partir da geração $F_{2:3}$ ou $F_{3:4}$, as progênies são avaliadas em experimento com repetição.

Após vários ciclos de avaliação e por meio de análises estatísticas, procede-se a seleção entre progênies endogâmicas. A chance de sucesso de um programa de melhoramento é maior quando se pratica a seleção com base nas características de interesse, avaliadas de preferência em mais ambientes. Nesse contexto, os índices de seleção constituem ferramenta importante, permitindo classificar os genótipos em função de uma combinação ótima entre diversos caracteres de interesse e ambientes de avaliação (Bernardo, 2002; Cruz & Carneiro 2003). Uma vez identificadas as melhores progênies, somente estas são utilizadas para derivação de linhagens visando a composição dos Ensaio de Valor de Cultivo e Uso (Borém et al., 2017).

2.3. Uso de Modelos Mistos

Os principais objetivos da avaliação de materiais genéticos (cultivares, híbridos, populações, linhagens, famílias/progênies, clones, etc) são: inferir sobre os valores genotípicos de tais materiais e ordenar os mesmos com base em seus valores genotípicos para fins de seleção e/ou recomendação (Resende, 2007).

A metodologia de modelos mistos (REML/BLUP) permite a estimação dos componentes de variância e a predição dos valores genotípicos sejam realizadas simultaneamente. Por meio do método da máxima verossimilhança restrita (REML) (do inglês, *restricted maximum likelihood*) faz-se a estimação dos componentes de variância (Patterson & Thompson, 1971) e a predição dos valores genotípicos é feita por meio do método melhor predição linear não viesada (do inglês, *best linear unbiased prediction*) (BLUP) (Henderson, 1975).

O BLUP é utilizado para a predição dos efeitos genéticos aditivos, de dominância e genotípicos, dependendo da situação. O REML permite a decomposição da variância fenotípica total em seus componentes (genéticos, ambientais, etc) (Resende, 2007). E dessa maneira é possível estimar parâmetros genéticos (herdabilidades, repetibilidade, correlação, etc) que permitem o entendimento do controle genético da característica em avaliação, visando a definição de eficientes estratégias de melhoramento e a predição dos valores genotípicos dos candidatos a seleção. O

REML/BLUP, ao contrário da ANOVA, permite considerar o parentesco entre os indivíduos avaliados, bem como lidar com dados desbalanceados.

Além disso, a metodologia de modelos mistos permite a estimação dos efeitos fixos do modelo, realizada por meio da melhor estimação linear não viesada (BLUE) (do inglês, *best linear unbiased estimation*).

As principais vantagens da metodologia de modelos mistos (REML/BLUP) de acordo com Resende, 2016 são: estima os parâmetros genéticos e prediz os valores genotípicos; permite comparar indivíduos através do tempo (anos) e do espaço (locais); maximiza a acurácia seletiva; maximiza o ganho genético e a eficiência dos programas de melhoramento; não exige balanceamento dos dados; permite utilizar simultaneamente um grande número de informações, gerando estimativas precisas; permite lidar com estruturas complexas de dados (medidas repetidas, interação genótipos x ambientes, etc); permite a utilização de índices de seleção que se baseiam em valores genotípicos e permite a inclusão de informações de parentesco.

A metodologia de modelos mistos já foi aplicada em alguns trabalhos visando o aperfeiçoamento da seleção em plantas autógamas. Nunes et al. (2008) propuseram o uso de BLUP com a inclusão de informações de genealogia das progênies de feijoeiro conduzidas pelo método genealógico e Bruzi (2008) sugeriu o uso de modelos mistos para a aquisição do BLUP de progênies de feijoeiro avaliadas em gerações seguidas. Resende (2015) utilizou BLUP com informação de multigerções para a seleção das melhores progênies, de modo a minimizar os efeitos de safra e gerações. Rocha et al. (2019) avaliou progênies de feijão utilizando a metodologia de modelos mistos (REML/BLUP) considerando os efeitos das progênies de diferentes populações.

A utilização de REML/BLUP com informações de progênies avaliadas em diferentes anos, safras, gerações, incluindo a informação de população permite a predição de valores genotípicos livres de efeitos de gerações e de interação genótipo x ambiente, possibilitando desta forma, a seleção de genótipos mais adequados às diferentes condições de cultivo (Salvador, 2018).

2.4. Uso de Índices de Seleção

Um dos desafios do melhoramento genético de plantas é encontrar genótipos superiores que reúnam uma série de características favoráveis simultaneamente, de modo a atender as exigências do produtor a que se destina a futura cultivar. A seleção baseada em uma ou poucas características tem se mostrado inadequada, uma vez que pode resultar em genótipos com performance superior

nas características alvo, mas reduz ou mantém o valor nas demais características (Cruz et. al., 2014).

Dessa forma para selecionar vários caracteres simultaneamente o uso de índices de seleção é indicado (Rocha et al. 2017). Diversos índices foram propostos, os quais buscam uma combinação linear ótima para um conjunto de características de interesse (Cruz & Carneiro, 2003; Bernardo, 2002).

Rocha et. al. (2017) propuseram o índice FAI-BLUP (*Factor analysis and ideotype-design*) que apresenta uma série de vantagens sobre os demais, sendo a principal delas a capacidade de lidar com problemas de multicolinearidade na matriz de covariância entre características. Neste índice é realizada a análise exploratória de fatores e são determinados os ideótipos, baseando-se na combinação de fatores desejáveis e indesejáveis para o melhoramento genético. Depois da determinação dos ideótipos, estimam-se as distâncias genótipo-ideótipo, que são convertidas em probabilidades espaciais, possibilitando, assim, o ranqueamento dos genótipos. O índice considera a estrutura das correlações obtidas dos dados e direciona o melhorista na seleção de genótipos mais próximos ao ideótipo.

Sendo a seleção simultânea de um conjunto de caracteres de importância econômica, em multigerações e multiambientes, uma forma de aumentar a chance de sucesso de um programa de seleção, o uso do índice FAI-BLUP demonstra-se de grande importância e aplicação, especialmente no melhoramento do feijoeiro em busca do ideótipo (Rocha et al., 2019).

3. OBJETIVO

Identificar progênies endogâmicas de feijão do tipo carioca com potencial para derivar linhagens com alto desempenho agrônomo utilizando como estratégia o índice de seleção FAI-BLUP.

4. MATERIAL E MÉTODOS

4.1. Material genético e delineamentos experimentais

Foram avaliadas 38 progênies provenientes de duas populações segregantes (VC 25 x CVIII 8511 e VC 25 x Pérola), consideradas promissoras (Batista et al., 2016). Essas populações foram

selecionadas com base na avaliação de um dialelo parcial visando melhoramento de feijão carioca para resistência à murcha-de-fusário, realizada por Batista (2015). Inicialmente foram derivadas 90 progênies da população 1 (VC 25 x CVIII 8511) e 34 progênies da população 2 (VC 25 x Pérola) e avaliadas por Nunes (2017). Destas, foram selecionadas 19 progênies de cada população e avaliadas em quatro ambientes (Tabela 1), o que constituiu o material de estudo neste trabalho.

Foram conduzidos quatro experimentos (Tabela 1), na Unidade de Ensino, Pesquisa e Extensão de Coimbra, pertencente a Universidade Federal de Viçosa, localizada no município de Coimbra, Minas Gerais (20° 45' S; 42° 51' O). Além das 38 progênies, fizeram parte dos experimentos os três genitores envolvidos nos cruzamentos (Pérola, CVIII 8511 e VC 25) e as cultivares Manteigão Fosco 11, Meia-Noite, Majestoso e BRSMG Talismã. Vale ressaltar que a cultivar Manteigão Fosco 11 é considerada resistente à murcha-de-fusário, enquanto a cultivar Meia-Noite é suscetível (Pereira et al., 2013). Já as cultivares Majestoso e BRSMG Talismã foram utilizadas por se tratar de cultivares comerciais de grãos tipo carioca. Os experimentos foram delineados em blocos casualizados, com três repetições. A unidade experimental (parcela) foi constituída de duas linhas de dois metros, espaçadas de 0,5 metros, com densidade de 15 sementes por metro. Os tratos culturais foram realizados de acordo com as recomendações técnicas para a cultura do feijoeiro na região (Carneiro et al., 2015).

Tabela 1. Ambientes, gerações e datas de semeadura referentes à avaliação de 38 progênies endogâmicas de feijoeiro

Experimento	Safra de cultivo	Geração	Data de semeadura
1	Águas/2018	F _{2:6}	18/10/2018
2	Seca/2019	F _{2:7}	12/03/2019
3	Inverno/2020	F _{2:8}	11/08/2020
4	Águas/2020	F _{2:9}	09/11/2020

4.2. Caracteres avaliados

Foram avaliados os seguintes caracteres: arquitetura de planta (ARQ), produtividade de grãos (PROD), aspecto comercial de grãos (ACG) e severidades de crestamento-bacteriano-comum

(*Xanthomonas axonopodis* pv. *phaseoli*) (CBC) e mancha-angular (*Pseudocercospora griseola*) (MA).

As plantas da parcela foram colhidas manualmente, trilhadas e o grãos obtidos pesados para determinar a PROD, em kg.ha⁻¹. Para avaliação da característica ARQ utilizou-se escala de notas (Tabela 2), proposta por Collicchio et al. (1997).

Tabela 2. Escala de avaliação de arquitetura de planta

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

Fonte: Collicchio et al. (1997).

O ACG foi avaliado conforme a escala visual de notas, proposta por Ramalho et al. (1998) para feijão Carioca (Tabela 3). Notas iguais ou menor a 2 são consideradas de excelente aspecto comercial de grãos (Barili, 2015).

Tabela 3. Escala de avaliação de aspecto comercial de grãos

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

Fonte: Ramalho et al. (1998).

Para avaliação da severidade de doenças utilizou-se uma escala visual de notas, conforme proposto por Pastor-Corrales e Abawi (1987) (Tabela 4).

Tabela 4. Escala de avaliação de severidade de doenças

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

Fonte: Pastor-Corrales e Abawi (1987).

Algumas características não foram mensuradas em todos os quatro experimentos realizados. A tabela 5 resume as avaliações realizadas em cada um dos experimentos.

Tabela 5. Resumo das características avaliadas nos quatro experimentos conduzidos com 38 progênies de feijão e 7 testemunhas

Experimento	Safr de Cultivo	Geração	Caracteres avaliados				
			ARQ	PROD	ACG	CBC	MA
1	Águas/2018	F _{2:6}	X	X	X	-	-
2	Seca/2019	F _{2:7}	-	X	-	-	-
3	Inverno/2020	F _{2:8}	X	X	X	X	-
4	Águas/2020	F _{2:9}	X	X	X	X	X

X = avaliado; ARQ = arquitetura de plantas; ACG = aspecto comercial de grãos; PROD = produtividade de grãos; CBC = severidade de crestamento-bacteriano-comum; MA = severidade de mancha-angular.

4.3. Análises estatísticas

Os dados foram analisados por meio da metodologia de modelos mistos. Os componentes de variância foram estimados via *restricted maximum likelihood* (REML) e os valores genotípicos foram preditos via *best linear unbiased prediction* (BLUP), como a seguir:

4.3.1. Modelo para as análises individuais

O modelo estatístico usado para detectar a variabilidade genética entre progênies em cada geração e para comparar os efeitos de progênies de diferentes populações, nas quais o efeito de

progênie foi fracionado em dois componentes de variação dentro das respectivas populações (Populações 1 e 2), foi o seguinte:

$$y = Xm + Kb + Z_1g_1 + Z_2g_2 + \varepsilon$$

em que, y : é o vetor dos dados fenotípicos; m : vetor composto pelos efeitos de testemunhas (três genitores e quatro cultivares comerciais) e populações (1 e 2) (fixo), somados a da média geral; b é o vetor de efeitos de repetições (fixo); g_1 : é o vetor de efeitos genotípicos de progênies no nível da população 1 (assumido como aleatório), onde $g_1 \sim N(0, \sigma_{g_1}^2)$, sendo $\sigma_{g_1}^2$ o componente de variância genotípico das progênies da população 1; g_2 : é o vetor de efeitos genotípicos de progênies no nível da população 2 (assumido como aleatório), onde $g_2 \sim N(0, \sigma_{g_2}^2)$, sendo $\sigma_{g_2}^2$ o componente de variância genotípico das progênies da população 2; ε : é o vetor de resíduos (aleatório), onde $\varepsilon \sim N(0, \sigma_{res}^2)$, sendo que σ_{res}^2 representa a variância residual. X, K, Z_1 e Z_2 são as matrizes de incidência para m, b, g_1 e g_2 respectivamente.

4.3.2. Modelo para a análise conjunta

O seguinte modelo estatístico de análise conjunta foi utilizado para detectar os efeitos das progênies dentro da população e as interações progênies x ambiente:

$$y = Xm + Kr + Z_1g_1 + Z_2g_2 + W_1i_1 + W_2i_2 + \varepsilon$$

onde y : é o vetor de dados fenotípicos; m : vetor composto pelos efeitos repetição, testemunhas e populações, dentro de ambientes (fixo), somados da média geral; r : é o vetor de efeitos de ambientes (fixo); g_1 : é o vetor de efeitos genotípicos de progênies no nível da população 1 (assumido como aleatório), onde $g_1 \sim N(0, \sigma_{g_1}^2)$, sendo $\sigma_{g_1}^2$ o componente de variância genotípico das progênies da população 1; g_2 : é o vetor de efeitos genotípicos de progênies no nível da população 2 (assumido como aleatório), onde $g_2 \sim N(0, \sigma_{g_2}^2)$, sendo $\sigma_{g_2}^2$ o componente de variância genotípico das progênies da população 2; i_1 : é o vetor de efeitos da interação progênies da população 1 x ambientes, onde $i_1 \sim N(0, \sigma_{i_1}^2)$, sendo $\sigma_{i_1}^2$ o componente de variância da interação progênies da população 1 x ambientes (assumido como aleatório); i_2 : é o vetor de efeitos da interação progênies da população 2 x ambientes, onde $i_2 \sim N(0, \sigma_{i_2}^2)$, sendo $\sigma_{i_2}^2$ o componente de variância da interação progênies da população 2 x ambientes (assumido como aleatório); ε : é o vetor de resíduos (aleatório), onde $\varepsilon \sim N(0, \sigma_{res}^2)$, sendo que σ_{res}^2 representa a variância residual. X, K, Z_1, Z_2, W_1, W_2 são as matrizes de incidência para m, b, g_1, g_2, i_1 e i_2 , respectivamente.

4.3.3. Escolha dos modelos

Para a análise conjunta, foi realizada a escolha de modelos contabilizando diferentes estruturas de variância e covariância. Foram testados para todos os efeitos aleatórios, para cada característica, separadamente. Primeiro, o efeito residual foi testado considerando estruturas de identidade de variância (IDV) e diagonal (DIAG). Após a escolha do melhor modelo considerando estrutura residual, foram modelados os efeitos de progênies, sendo testados modelos com estruturas de simetria composta (CS), diagonal (DIAG), correlação heterogênea (CORH) e não-estruturada (US).

A estrutura de IDV é homogênea, ou seja, os elementos da diagonal apresentam o mesmo valor positivo. Nesse caso admite-se uma variância comum para todos os ambientes e covariância nula entre ambientes.

$$\text{IDV} = I[\sigma_1^2] = \begin{bmatrix} \sigma_1^2 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & \sigma_1^2 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & \sigma_1^2 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & \sigma_1^2 \end{bmatrix},$$

onde $\sigma_1^2 =$ variância.

A estrutura DIAG é heterogênea, ou seja, os elementos da diagonal principal são positivos, porém, diferem entre si. Nessa estrutura há uma variância distinta em cada um dos ambientes e covariâncias nulas entre os pares de ambientes.

$$\text{DIAG} = \begin{bmatrix} \sigma_1^2 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & \sigma_2^2 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & \sigma_3^2 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & \sigma_4^2 \end{bmatrix}$$

A estrutura CS apresenta na sua diagonal a soma de duas variâncias distintas, mas com o mesmo valor em todos os ambientes e a covariância igual para todos os pares de ambientes.

$$\text{CS} = \begin{bmatrix} \sigma_1^2 + \sigma_2^2 & \sigma_1^2 & \sigma_1^2 & \sigma_1^2 \\ \sigma_1^2 & \sigma_1^2 + \sigma_2^2 & \sigma_1^2 & \sigma_1^2 \\ \sigma_1^2 & \sigma_1^2 & \sigma_1^2 + \sigma_2^2 & \sigma_1^2 \\ \sigma_1^2 & \sigma_1^2 & \sigma_1^2 & \sigma_1^2 + \sigma_2^2 \end{bmatrix}$$

A estrutura CORH apresenta diagonal com variância heterogênea e raiz quadrada desses parâmetros nos elementos fora da diagonal principal multiplicado por uma correlação (ρ).

$$\text{CORH} = \begin{bmatrix} \sigma_1^2 & \sigma_1\sigma_2\rho & \sigma_1\sigma_3\rho & \sigma_1\sigma_4\rho \\ \sigma_2\sigma_1\rho & \sigma_2^2 & \sigma_2\sigma_3\rho & \sigma_2\sigma_4\rho \\ \sigma_3\sigma_1\rho & \sigma_3\sigma_2\rho & \sigma_3^2 & \rho^1\sigma_1^2 \\ \sigma_4\sigma_1\rho & \sigma_4\sigma_2\rho & \sigma_4\sigma_3\rho & \sigma_4^2 \end{bmatrix}$$

A estrutura US apresenta variância genética distinta para cada um dos ambientes e covariância distinta entre os pares de ambientes.

$$\text{US} = \begin{bmatrix} \sigma_1^2 & \sigma_{12} & \sigma_{13} & \sigma_{14} \\ \sigma_{12} & \sigma_2^2 & \sigma_{23} & \sigma_{24} \\ \sigma_{13} & \sigma_{23} & \sigma_3^2 & \sigma_{34} \\ \sigma_{14} & \sigma_{24} & \sigma_{34} & \sigma_4^2 \end{bmatrix}$$

Para seleção dos melhores modelos, para cada característica, o critério de informação de Akaike (AIC) foi utilizado, considerando efeitos residuais e genotípicos. A comparação entre modelos foi baseada na seguinte equação (Akaike, 1973):

$$AIC = -2\text{Log}L + 2p$$

Onde $\text{Log}L$ é o logaritmo da razão de verossimilhança para o modelo em questão e p é o número de parâmetros estimados. Modelos com o menor valor de AIC representam aqueles modelos com o melhor ajuste para os dados.

Segundo Burnham & Anderson (1998), quando a diferença entre os valores de AIC dos modelos é menor que 2 não há evidências suficientes para assumir o modelo com maior número de parâmetros, logo, faz-se a escolha do modelo menos parametrizado.

4.3.4. Teste de significância para os efeitos aleatórios do modelo

Os efeitos aleatórios dos modelos foram testados por meio do teste de razão de verossimilhança (LRT), como a seguir (Wilks, 1928):

$$LRT = -2(\text{Log}Lr - \text{Log}Lc)$$

onde $\text{Log}Lc$ é o logaritmo da razão de verossimilhança para o modelo completo (com todos os efeitos incluídos) e $\text{Log}Lr$ é o logaritmo da razão de verossimilhança para o modelo reduzido (sem

o efeito a ser testado). Para o teste LRT, foi considerada a estatística qui-quadrado com 1 grau de liberdade e 5% de probabilidade.

4.3.5. Acurácia seletiva ($r_{\hat{g}g}$)

As estimativas de acurácias foram calculadas por meio da seguinte fórmula:

$$r_{\hat{g}g} = \sqrt{1 - \frac{PEV}{\hat{\sigma}_{gx}^2}},$$

onde PEV é a variância do erro de predição; e $\hat{\sigma}_{gx}^2$ é a variância genotípica das progênes para cada população.

4.3.6. Herdabilidade (h^2)

As herdabilidades (h^2) no sentido amplo foram calculadas para os caracteres que foram significativos para pelo menos uma das populações na análise individual da seguinte forma:

$$h^2 = \frac{\sigma_{gx}^2}{\sigma_{g1}^2 + \sigma_{g2}^2 + \sigma_{res}^2}$$

onde σ_{gx}^2 representa a variância genotípica das progênes da população 1 (σ_{g1}^2) ou das progênes da população 2 (σ_{g2}^2) e σ_{res}^2 representa a variância residual.

4.3.7. Coeficiente de Variação (CV)

O coeficiente de variação (CV) foi calculado por meio da seguinte fórmula:

$$CV = \frac{100 * \sqrt{\sigma_{res}^2}}{\mu}$$

onde σ_{res}^2 representa a variância residual e μ representa a média fenotípica geral.

Para os caracteres avaliados por escala de notas, o CV foi calculado através da adaptação proposta por Anjos (2019).

4.3.8. Correlação genotípica

Os coeficientes de correlação genotípica entre pares de características foram calculados a partir dos valores genotípicos preditos. Para o teste de significância dos coeficientes de correlação foi realizado o teste t, com probabilidade de erro de 5%.

4.3.9. Seleção de progênies

As progênies superiores foram selecionadas pelo índice de seleção FAI-BLUP (*factor analysis and genotype-ideotype distance*) (Rocha et al., 2017). Este índice é baseado nos modelos de análises estruturais, unindo as já conhecidas técnicas de análise de fatores (*exploratory factor analysis*) com a proposição de ideótipos (*confirmatory factor analysis*), de modo a explorar a covariância entre as características (Rocha et al., 2017). Além disso, o índice utiliza os valores capitalizados para o efeito de progênies, considerando as múltiplas características avaliadas. Neste índice de seleção os ideótipos são designados com base nos fatores desejáveis e indesejáveis para o programa de melhoramento.

A Tabela 6 mostra o ideótipo desejável usado para o índice FAI-BLUP, utilizado neste estudo. Apenas as características com efeito de progênie significativo em pelo menos uma das populações na análise individual foi utilizada no índice FAI-BLUP. Segundo Rocha et al. (2017), essa abordagem leva em consideração os efeitos de interação genótipos x ambientes entre as safras.

Tabela 6. Ideótipo de feijão carioca para a seleção multi-característica utilizando o índice FAI-BLUP, considerando a avaliação de 38 progênies de feijão em quatro diferentes experimentos

Experimento	Safrade Cultivo	Caracteres avaliados				
		ARQ	PROD	ACG	CBC	MA
1	Águas/2018	Min ^a	Max ^b	Min	-	-
2	Seca/2019	-	Max	-	-	-
3	Inverno/2020	Min	Max	Min	Min	-
4	Águas/2020	Min	Max	Min	Min	Min

Min^a = menor valor genotípico dentre todos os valores genotípicos; Max^b = maior valor genotípico dentre todos os valores genotípicos; ARQ = arquitetura de plantas (1-9); ACG = aspecto comercial de grãos (1-5); PROD = produtividade de grãos (kg.ha⁻¹); CBC = severidade de crestamento-bacteriano-comum (1-9); MA = severidade de mancha-angular (1-9).

4.3.10. Ganho predito de seleção

Com base nas progênies selecionadas pelo índice FAI-BLUP foram preditos os ganhos em porcentagem (GS%) para cada característica, selecionando 20 progênies, conforme a seguinte equação:

$$GS\% = \frac{\bar{x}_m - \bar{x}_0}{\bar{x}_0} * 100$$

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

4.3.11. Softwares utilizados

As análises individuais e conjunta foram realizadas no software R (R Development Core Team, 2020) utilizando o pacote ASReml 4.1 (Gilmour et al., 2015). Para o índice de seleção FAI-BLUP e correlações genóticas utilizou-se o software R (R Development Core Team, 2020).

5. RESULTADOS E DISCUSSÃO

5.1. Análise individual

O teste LRT indicou a presença de variabilidade genotípica entre as progênes para ambas as populações para as características PROD na geração F_{2:8} e F_{2:9}, ACG na geração F_{2:9} e MA na geração F_{2:9}. Para as características ARQ e ACG na geração F_{2:6}, CBC na geração F_{2:8} e F_{2:9} o teste LRT indicou presença de variabilidade genotípica apenas para a população 1, enquanto que para a característica PROD na geração F_{2:6}, apenas a população 2 apresentou efeito significativo (Figura 1, Tabela 7). Para as demais características, em suas respectivas gerações, não foi detectado variabilidade genotípica. Esses resultados destacam variabilidade, para maior número de caracteres da população 1 (VC 25 × CVIII 8511), resultado este semelhante ao observado por Nunes (2017).

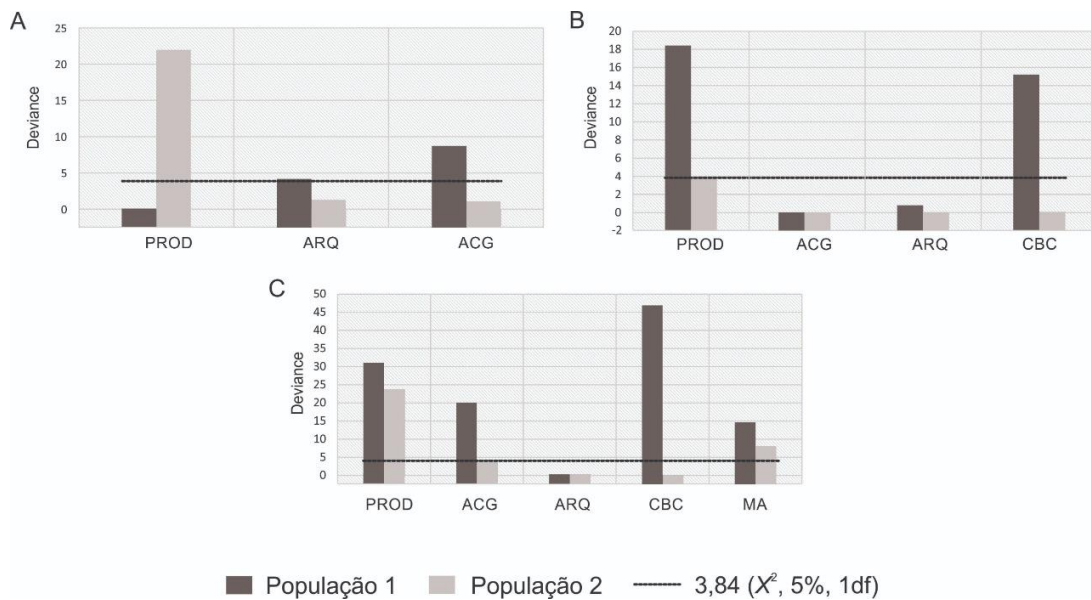


Figura 1. Teste LRT considerando as análises individuais para os efeitos das progênes dentro de população nas gerações F_{2:6} (A), F_{2:8} (B) e F_{2:9} (C). Todas as barras acima da linha preta tracejada

são significativas pelo teste χ^2 a 5% de probabilidade. PROD: produtividade de grãos; ARQ: arquitetura de planta; ACG: aspecto comercial de grãos; CBC: severidade de crestamento-bacteriano-comum; MA: severidade de mancha-angular.

Segundo Ramalho et al. (2012), as estimativas dos componentes da variância e a quantificação do quanto dessa variabilidade é decorrente das diferenças genéticas são fundamentais nos programas de melhoramentos, pois fornecem informações sobre o potencial das progênes para a seleção. As variâncias genotípicas e ambientais são essenciais para a obtenção da herdabilidade, que informa o quanto da variação fenotípica é decorrente da variação genética (Borém et al., 2017), um importante parâmetro para o melhorista, pois permite prever a possibilidade de sucesso com a seleção.

Foram estimados os coeficientes de herdabilidade para os caracteres cujos efeitos de progênie foram significativos para pelo menos umas das populações nas diferentes safras/gerações. Na geração F_{2:6} as estimativas dos coeficientes de herdabilidade para as características ACG e ARQ para a população 1 foram de 0,33 e 0,22, respectivamente, enquanto que para a população 2 os valores foram de 0,52 (PROD), 0,09 (ACG) e 0,11 (ARQ). Na geração F_{2:8} as estimativas de valores da herdabilidade para as características PROD e CBC para a população 1 foram de 0,42 e 0,45, respectivamente, enquanto para a população 2 o valor foi de 0,14 (PROD). Na geração F_{2:9} as estimativas de valores da herdabilidade para as características PROD, ACG, CBC e MA para a população 1 foram de 0,41; 0,45; 0,69 e 0,35, respectivamente, enquanto que para a população 2 foram de 0,32 (PROD), 0,14 (ACG) e 0,22 (MA) (Tabela 7).

Resende e Alves (2020) relatam sobre a classificação e interpretações das magnitudes de herdabilidade. As estimativas de valores da herdabilidade para PROD na geração F_{2:6} para a população 2 e para CBC na geração F_{2:9} para a população 1 são consideradas altas ($0,5 \leq h^2 < 0,80$). As estimativas de valores da herdabilidade para ARQ e ACG na geração F_{2:6}, PROD e CBC na geração F_{2:8} e para PROD, ACG e MA na geração F_{2:9} para a população 1 e para PROD e MA na geração F_{2:9} para a população 2 são considerados valores intermediários ($0,15 < h^2 < 0,50$). As estimativas de valores da herdabilidade para ARQ e ACG na geração F_{2:6}, PROD na geração F_{2:8} e ACG na geração F_{2:9} para a população 2 são considerados valores baixos ($0,01 \leq h^2 \leq 0,15$).

A acurácia seletiva mede o quão próximo os valores genotípicos preditos estão dos valores genotípicos reais. As estimativas de acurácia para os valores genotípicos de progênes dentro das populações variaram em função da população, geração e características avaliadas nas progênes

(Tabela 7). A população 1 apresentou valores de acurácia altos ($0,70 \leq r_{\hat{g}g} < 0,90$) para PROD nas gerações F_{2:8} (0,84) e F_{2:9} (0,88), para ACG na geração F_{2:6} (0,76), para CBC nas gerações F_{2:8} (0,82) e F_{2:9} (0,84) e para MA na geração F_{2:9} (0,72). Valores moderados de acurácia ($0,40 < r_{\hat{g}g} < 0,70$) foram observados para ARQ na geração F_{2:6} (0,69). Valores baixos de acurácia ($0,01 < r_{\hat{g}g} < 0,40$) foram observados para PROD na geração F_{2:6} (0,0) e para ACG na geração F_{2:9} (0,0) (Resende e Alves, 2020).

A população 2 apresentou valores altos de acurácia para PROD nas gerações F_{2:6} (0,85) e F_{2:9} (0,86). Valores intermediários de acurácia foram observados para ARQ (0,56) e ACG (0,53) na geração F_{2:6}, para PROD na geração F_{2:8} (0,68), e para MA na geração F_{2:9} (0,56). Valores baixos de acurácia foram observados para CBC nas gerações F_{2:8} (0,0) e F_{2:9} (0,0) e ACG na geração F_{2:9} (0,0) (Resende e Alves, 2020).

Considerando apenas as características com efeito significativo de progênes dentro das populações, a acurácia média da população 1 (0,62) foi maior do que a da População 2 (0,45). Valor médio de acurácia para as mesmas populações relatados por Rocha et al., 2019 foram opostos, sendo que a população 2 apresentou valor médio maior que a população 1.

A acurácia seletiva é um parâmetro importante na determinação da qualidade experimental, visto que não é função somente do número de repetições e da variação residual, mas também das variações de origem genética atribuídas à característica avaliada (Resende & Duarte, 2007). Desta forma, os baixos valores de acurácia seletiva obtidos podem ser explicados pelos baixos valores de variabilidade genética exibidos pelas variáveis em questão.

Tabela 7. Componentes de variância e parâmetros genéticos e não genéticos estimados para as características produtividade de grãos (PROD); arquitetura de planta (ARQ); aspecto comercial de grãos (ACG); severidade de crestamento-bacteriano-comum (CBC) e severidade de mancha-angular (MA) avaliadas em 38 progênes de feijão

Comp	Gerações e Características												
	F _{2:6}			F _{2:7}	F _{2:8}				F _{2:9}				
	PROD	ARQ	ACG	PROD	PROD	ARQ	ACG	CBC	PROD	ARQ	ACG	CBC	MA
$\hat{\sigma}_{g1}^2$	0,0178 ^{ns}	0,2040 ^{**}	0,0379 ^{**}	0,1 ^{ns}	269176,9 ^{**}	0,0459 ^{ns}	0,00 ^{ns}	0,0806 ^{**}	247103,1 ^{**}	0,0312 ^{ns}	0,0798 ^{**}	2,0640 ^{**}	1,3919 ^{**}
$\hat{\sigma}_{g2}^2$	193742,4 ^{**}	0,1000 ^{ns}	0,0099 ^{ns}	56768,1 ^{ns}	87231,8 ^{**}	0,00 ^{ns}	0,00 ^{ns}	0,00 ^{ns}	193002,8 ^{**}	0,0331 ^{ns}	0,0246 ^{**}	0,00 ^{ns}	0,8909 ^{**}
$\hat{\sigma}_{res}^2$	176609,5	0,6064	0,0682	230667,9	277566,9	0,3536	0,3015	0,0994	155711,5	0,4328	0,0745	0,9365	1,6938
h_{p1}^2	0,00	0,22	0,33	-	0,42	-	-	0,45	0,41	-	0,45	0,69	0,35
h_{p2}^2	0,52	0,11	0,09	-	0,14	-	-	0,00	0,32	-	0,14	0,00	0,22
$r_{\hat{g}_p1}$	0,00	0,69	0,76	0,00	0,84	0,52	0,00	0,82	0,88	0,00	0,00	0,84	0,72
$r_{\hat{g}_p2}$	0,85	0,56	0,53	0,63	0,68	0,00	0,00	0,00	0,86	0,00	0,00	0,00	0,56
CV_{res}	19,70	21,59	10,64	13,96	13,64	20,74	21,18	4,57	16,05	20,00	11,27	20,13	20,43
μ	2132,92	5,39	2,54	3441,04	3863,48	6,13	2,41	2,10	2459,17	5,71	2,58	4,19	2,63

$\hat{\sigma}_{g1}^2$: variância genotípica das progênes da população 1; $\hat{\sigma}_{g2}^2$: variância genotípica das progênes da população 2; $\hat{\sigma}_{res}^2$: variância residual; h_{p1}^2 : estimativa de herdabilidade da população 1; h_{p2}^2 : estimativa de herdabilidade da população 2; $r_{\hat{g}_p1}$: estimativa de acurácia da população 1; $r_{\hat{g}_p2}$: estimativa de acurácia da população 2; CV_{res} : coeficiente de variação residual; μ : média fenotípica.

5.2. Análise Conjunta

Na Tabela 8 são apresentadas as estimativas de AIC (critério de informação de Akaike) para a análise conjunta. Este critério se baseia em eficiência, isto é, o melhor modelo é aquele que minimiza a variância do erro (Casella & Bergher, 2002).

Tabela 8. Estimativas do critério de informação de Akaike (AIC) utilizado para a escolha de modelos da análise conjunta considerando efeitos residuais e genotípicos

Modelo	p	G	R	AIC	LogL
PROD					
1	5	CS	IDV	5073,85*	-2531,93
2	7	CS	DIAG	5073,45	-2529,72
3	9	DIAG	IDV	5073,28	-2527,64
4	11	CORH	IDV	-	NC
5	15	US	IDV	-	NC
ACG					
1	5	CS	IDV	-292,03*	151,01
2	6	CS	DIAG	-290,70	151,35
3	5	DIAG	IDV	-287,33	148,67
4	7	CORH	IDV	-290,64	152,32
5	7	US	IDV	-290,64	152,32
ARQ					
1	5	CS	IDV	136,01	-63,01
2	6	CS	DIAG	119,08*	-53,54
3	6	DIAG	DIAG	118,99	-53,50
4	8	CORH	DIAG	-	NC
5	8	US	DIAG	-	NC
CBC					
1	5	CS	IDV	206,28	-98,14
2	6	CS	DIAG	72,98	-30,49
3	6	DIAG	DIAG	46,89*	-17,44
4	8	CORH	DIAG	-	NC
5	8	US	DIAG	-	NC

PROD: produtividade de grãos; ARQ: arquitetura de planta; ACG: aspecto comercial de grãos; CBC: severidade de crestamento-bacteriano-comum; p: número de parâmetros estimados; G: efeitos genotípicos; R: efeitos residuais; LogL: logaritmo da razão de verossimilhança; IDV: identidade de variância; DIAG: diagonal; CS: simetria composta; DIAG: diagonal; CORH: correlação heterogênea; US: não-estruturada; NC: não convergiu e *: modelo escolhido.

Segundo o critério de AIC os modelos escolhidos para PROD e ACG apresentaram matriz identidade de variância para o efeito residual. Já os modelos escolhidos para ARQ e CBC assumiram estrutura diagonal para o efeito residual. Para os efeitos genotípicos as características PROD, ACG e ARQ o melhor modelo escolhido apresentou estrutura de simetria composta. Para CBC o melhor modelo apresentou estrutura diagonal (Tabela 8).

A análise de deviance indicou que o efeito genotípico entre progênes da população 1 foram significativos para PROD, ACG e CBC, enquanto para a população 2 apenas PROD apresentou efeito genotípico significativo. ARQ não apresentou efeito significativo para ambas populações (Figura 2A).

Efeito significativo da interação progênes x safras foi observado para o carácter PROD para a população 1 e 2. Para ACG e ARQ efeitos não significativos de interação foram verificados para ambas as populações. Para a característica CBC não foi possível verificar a interação progênes x safras já que o modelo de efeito genotípico não contabiliza a interação (Figura 2B).

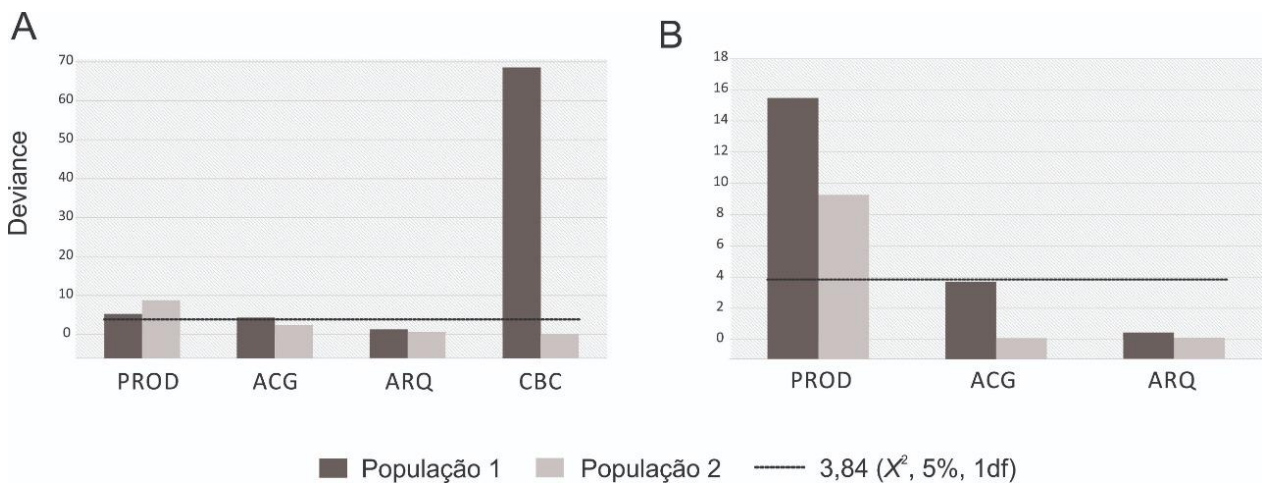


Figura 2. Teste LRT considerando a análise conjunta para os efeitos das progênes dentro de população (A) e para o efeito da interação progênes x safras (B). Todas as barras acima da linha preta tracejada são significativas pelo teste χ^2 a 5% de probabilidade. PROD: produtividade de grãos; ARQ: arquitetura de planta; ACG: aspecto comercial de grãos; CBC: severidade de crestamento-bacteriano-comum.

De modo geral, produtividade de grãos tem apresentado efeito significativo de interação com ambiente, já aspecto de grãos e arquitetura de plantas apresentam efeitos não significativos na cultura do feijoeiro (Lima et al., 2013; Santos et al., 2013; Batista et al., 2017). Estatisticamente,

efeito significativo da interação progênes x safras indicam o desempenho do genótipo não coincidente em relação a diferentes safras/gerações (van Eeuwijk et al., 2016). Do ponto de vista genético, isso significa que as safras promovem diferentes níveis de expressão gênica envolvidas no controle genético da característica (Nicotra et al., 2010).

Interação genótipos x safras consome a variabilidade com base nos desempenhos médios dos genótipos em diferentes ambientes, indicando que nesta situação a seleção das progênes deve considerar os valores genotípicos obtidos em cada condição ambiental (BLUP's individuais), no caso geração/safra.

5.3. Seleção de progênes usando o índice FAI-BLUP

O índice de seleção FAI-BLUP permitiu classificar as progênes considerando as múltiplas características e gerações simultaneamente. Ao usar os valores genotípicos (BLUP's) significativos obtidos nas análises individuais o índice capitaliza o efeito das interações progênes × safras.

A análise exploratória de fatores do índice FAI-BLUP revelou que cinco fatores foram capazes de explicar 84,7% da variabilidade genética total entre as progênes. Os fatores são variáveis abstratas que foram obtidas a partir da redução de nove variáveis originais. PROD (F_{2:9}), ACG (F_{2:9}), MA (F_{2:9}), foram agrupados no fator 1 explicando 41,3% da variabilidade. ARQ (F_{2:6}), PROD (F_{2:8}) e CBC (F_{2:9}), foram agrupados no fator 2 explicando 17,2% da variabilidade. No fator 3 agrupou os dados de PROD (F_{2:6}) explicando 10,7% da variabilidade. No fator 4 agrupou ACG (F_{2:6}) explicando 8,6% da variabilidade. No fator 5 agrupou CBC (F_{2:8}) explicando 6,9% da variabilidade.

Quando se realiza a seleção sobre determinado carácter, outros caracteres podem ser simultaneamente alterados, devido à correlação genética entre eles. As correlações podem ser explicadas por dois fatores: a ligação física de genes que estão no mesmo cromossomo e que afetam diferentes características (causa transitória) e pelo efeito de um mesmo gene em mais de uma característica (pleiotropia). Deve-se conhecer e quantificar essas correlações para que se possa prever o efeito da seleção em todos os caracteres de interesse (Cruz, Regazzi, Carneiro, 2012). Além disso, as correlações devem ser interpretadas com base na sua significância e também na sua magnitude (Resende e Alves, 2020).

Na análise de fatores, as características agrupadas no mesmo fator têm maior correlação genética entre si e aquelas agrupadas em diferentes fatores têm uma correlação genética baixa. Na

tabela 9 são apresentadas as estimativas de correlação genotípica entre pares de variáveis considerando os BLUP's das progênies. Os caracteres agrupados em um mesmo fator do índice FAI-BLUP apresentaram correlações genéticas significativas a 5% pelo teste t. Os pares de caracteres PROD (F_{2:9}) com ACG (F_{2:9}) e PROD (F_{2:9}) com MA (F_{2:9}) foram negativamente correlacionados com valores de -0,71 e -0,52, respectivamente. Já o par de caracteres MA (F_{2:9}) e ACG (F_{2:9}) foram positivamente correlacionados com valor de 0,49. Os caracteres CBC (F_{2:9}) e ARQ (F_{2:6}) foram positivamente correlacionados com valor de 0,38 e CBC (F_{2:9}) e PROD (F_{2:8}) foram negativamente correlacionados com valor de -0,68 (Tabela 9). Os valores, em módulo, das correlações podem ser classificados como de média magnitude (0,34 a 0,66), apenas os pares de caracteres PROD (F_{2:9}) com ACG (F_{2:9}) apresentaram valor de correlação considerado de alta magnitude (0,67 a 1,0) (Resende e Alves, 2020).

Tabela 9. Correlações genotípicas entre as variáveis arquitetura de plantas (ARQ), produtividade de grãos (PROD), aspecto comercial de grãos (ACG), severidade de crestamento-bacteriano-comum (CBC) e severidade de mancha-angular (MA) para as safras avaliadas (F_{2:6}, F_{2:8} e F_{2:9})

	PROD ¹	ACG ¹	ARQ ¹	PROD ²	CBC ²	PROD ³	ACG ³	CBC ³	MA ³
PROD ¹	1								
ACG ¹	-0,17	1							
ARQ ¹	0,09	-0,05	1						
PROD ²	0,13	-0,34*	-0,29	1					
CBC ²	0,00	0,34*	0,09	-0,45*	1				
PROD ³	0,46*	-0,25	0,06	0,56*	-0,45*	1			
ACG ³	-0,24	0,46*	0,00	-0,57*	0,42*	-0,71*	1		
CBC ³	0,00	0,21	0,38*	-0,68*	0,35*	-0,41*	0,44*	1	
MA ³	-0,25	0,28	-0,17	-0,34*	0,33*	-0,52*	0,49*	0,33*	1

¹: F_{2:6}, ²: F_{2:8} e ³: F_{2:9};

*: significativo a 5%, pelo teste t, p-valor < 0,005.

Características agrupadas no mesmo fator apresentam maior correlação genética e interações progênies x safras não significativas. Baixos valores de correlação refletem a significância do efeito da interação progênies x safras (Resende et al., 2016). Por exemplo, PROD avaliada nas gerações F_{2:6}, F_{2:8} e F_{2:9} não foram agrupadas no mesmo fator. Este resultado pode ser explicado pela presença de interação progênies x safras significativa como evidenciada pela análise de LRT (Figura 2A).

Foram selecionadas 20 progênes usando o índice FAI-BLUP considerando os caracteres com pelo menos um efeito significativo para as populações na análise individual (Figura 3). Entre as 20 progênes selecionadas, 10 (50%) foram derivadas da População 1 (VC 25 × CVIII 8511), e 10 (50%) da População 2 (VC 25 × Pérola) (Tabela 10). A progênie com melhor potencial (progênie 31) pertence a população 1 (Figura 3, Tabela 10).

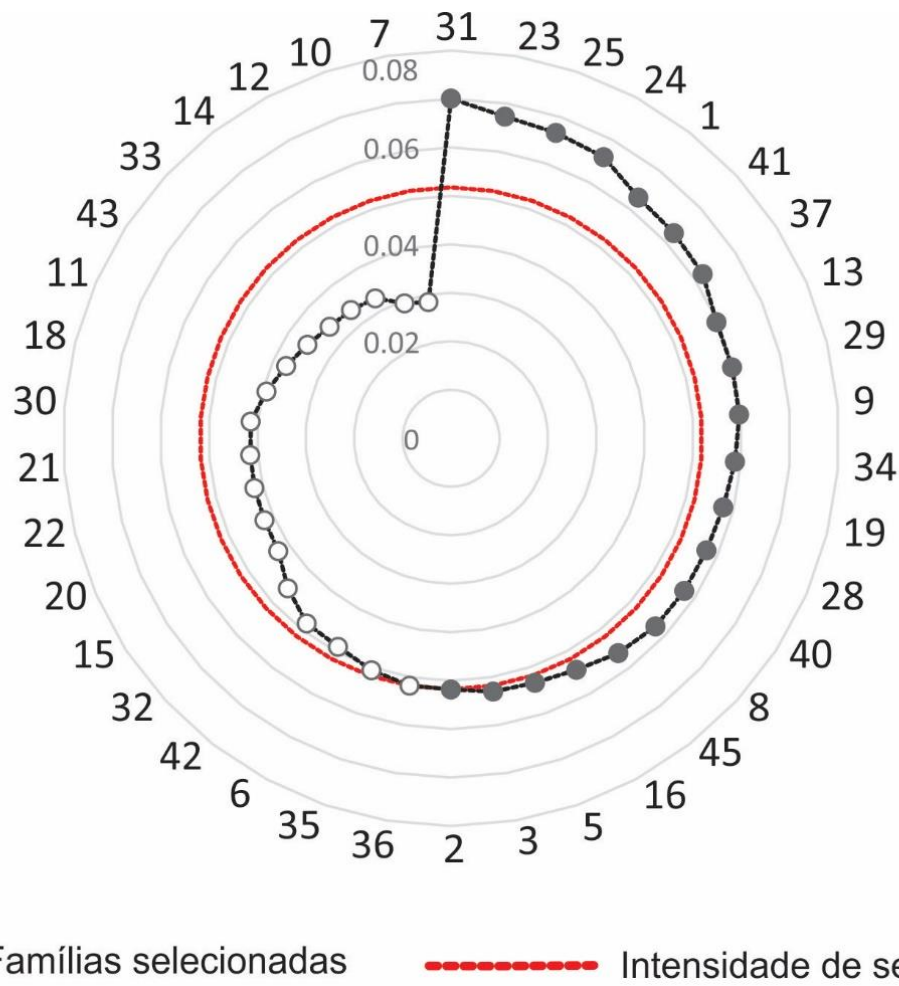


Figura 3. Classificação das progênes e as 20 progênes selecionadas usando o índice FAI-BLUP.

Tabela 10. Estimativas de médias BLUP individuais para cada uma das 20 melhores progênes (selecionadas) determinadas pelo índice FAI-BLUP para os caracteres arquitetura de plantas (ARQ), produtividade de grãos (PROD), aspecto comercial de grãos (ACG), severidade de crestamento-bacteriano-comum (CBC) e severidade de mancha-angular (MA) para as safras avaliadas (F_{2:6}, F_{2:8} e F_{2:9})

Progênes	Genealogia	Gerações e Características									
		F _{2:6}			F _{2:8}		F _{2:9}				
		PROD	ARQ	ACG	PROD	CBC	PROD	ACG	CBC	MA	
31	VC 25 x CVIII 8511	2133	5,58	2,38	4512	2,01	3128	2,27	1,75	3,23	
23	VC 25 x Pérola	2526	5,51	2,48	3867	2,10	2883	2,58	2,63	3,81	
25	VC 25 x Pérola	2344	5,51	2,48	4003	2,10	2639	2,50	2,63	3,81	
24	VC 25 x Pérola	2524	5,40	2,51	3998	2,10	2600	2,58	2,63	4,83	
1	VC 25 x CVIII 8511	2133	5,41	2,48	4599	2,01	3062	2,40	1,75	3,23	
41	VC 25 x CVIII 8511	2133	5,41	2,48	4026	2,01	3068	2,27	1,75	3,47	
37	VC 25 x Pérola	2513	5,29	2,53	3796	2,10	2502	2,58	2,63	4,42	
13	VC 25 x Pérola	2513	5,51	2,53	3658	2,10	2558	2,50	2,63	3,60	
29	VC 25 x CVIII 8511	2133	5,24	2,27	3718	2,01	2499	2,46	2,04	5,37	
9	VC 25 x CVIII 8511	2133	5,41	2,27	4128	2,01	2159	2,53	1,75	3,47	
34	VC 25 x CVIII 8511	2133	5,08	2,48	4510	2,01	2398	2,66	1,75	2,76	
19	VC 25 x Pérola	2347	5,40	2,58	4069	2,10	2384	2,50	2,63	4,83	
28	VC 25 x CVIII 8511	2133	4,91	2,59	3944	2,01	2547	2,27	1,75	4,42	
40	VC 25 x Pérola	2140	5,62	2,43	3854	2,10	2621	2,50	2,63	3,81	
8	VC 25 x Pérola	2193	5,73	2,48	4053	2,10	2626	2,50	2,63	4,21	
45	VC 25 x CVIII 8511	2133	4,91	2,48	3845	2,01	2139	2,66	1,75	3,47	
16	VC 25 x Pérola	2566	5,29	2,58	3684	2,10	2768	2,58	2,63	2,99	
5	VC 25 x Pérola	2219	5,29	2,58	4092	2,10	2558	2,50	2,63	3,19	
3	VC 25 x CVIII 8511	2133	5,41	2,59	4277	2,01	3307	2,15	1,75	3,47	
2	VC 25 x CVIII 8511	2133	5,41	2,48	3731	2,48	2145	2,53	2,32	4,89	
Média das Progênes Selecionadas		2261	5,36	2,48	4018	2,08	2630	2,47	2,23	3,86	
Média de todas as Progênes		2133	5,39	2,54	3863	2,10	2459	2,58	2,63	4,19	

Nas figuras 4 e 5 são apresentados os posicionamentos das médias fenotípicas das testemunhas, das progênes selecionadas e não selecionadas para os caracteres cujos efeitos foram significativos na análise individual e usados para a seleção com base no índice FAI-BLUP nos diferentes experimentos/gerações. Para PROD, observou-se que as médias fenotípicas das progênes selecionadas foram superiores na maioria dos experimentos, quando comparada com as médias fenotípicas das progênes não selecionadas e das testemunhas, indicando o potencial produtivo das progênes aqui estudadas.

Além disso, vale salientar que, baseado nas figuras 4 e 5, as progênes selecionadas nem sempre são as mais bem ranqueadas para as características individualmente, isso ocorre, pois, a seleção foi baseada nas cinco características simultaneamente. Entretanto, as selecionadas figuram entre as melhores progênes em todos os experimentos.

Os ganhos genéticos preditos para PROD ($F_{2:6}$, $F_{2:8}$, $F_{2:9}$), ACG ($F_{2:6}$ e $F_{2:9}$), ARQ ($F_{2:6}$), CBC ($F_{2:8}$ e $F_{2:9}$) e MA ($F_{2:9}$) são apresentados na tabela 11. Esses resultados indicam a eficiência do índice FAI-BLUP em proporcionar ganhos equilibrados para um conjunto de caracteres mesmo na presença de interação genótipos x ambientes, bem como o potencial das progênes selecionadas visando a extração de linhagens superiores.

Cabe salientar que para severidade de doenças (notas de 1 a 9), aspecto comercial de grãos (notas de 1 a 5) e arquitetura de plantas (1 a 9) valores mais próximos à 1 são atribuídos às plantas mais resistentes, com melhor aspecto de grão e mais eretas, respectivamente, e, portanto, desejáveis. Assim, ganhos com sinal negativo são indicativos de seleção positiva para essas características.

Tabela 11. Ganho genético predito (em %) para progênes de feijão carioca selecionadas com base no índice FAI-BLUP para os caracteres arquitetura de plantas (ARQ), produtividade de grãos (PROD), aspecto comercial de grãos (ACG), severidade de crestamento-bacteriano-comum (CBC) e severidade de mancha-angular (MA)

Experimento	Safr de Cultivo	Caracteres avaliados				
		ARQ	PROD	ACG	CBC	MA
1	Águas/2018 - $F_{2:6}$	-0,51	5,99	-2,36	-	-
2	Seca/2019 - $F_{2:7}$	-	-	-	-	-
3	Inverno/2020 - $F_{2:8}$	-	4,00	-	-0,95	-
4	Águas/2020 - $F_{2:9}$	-	6,93	-4,04	-15,15	7,86

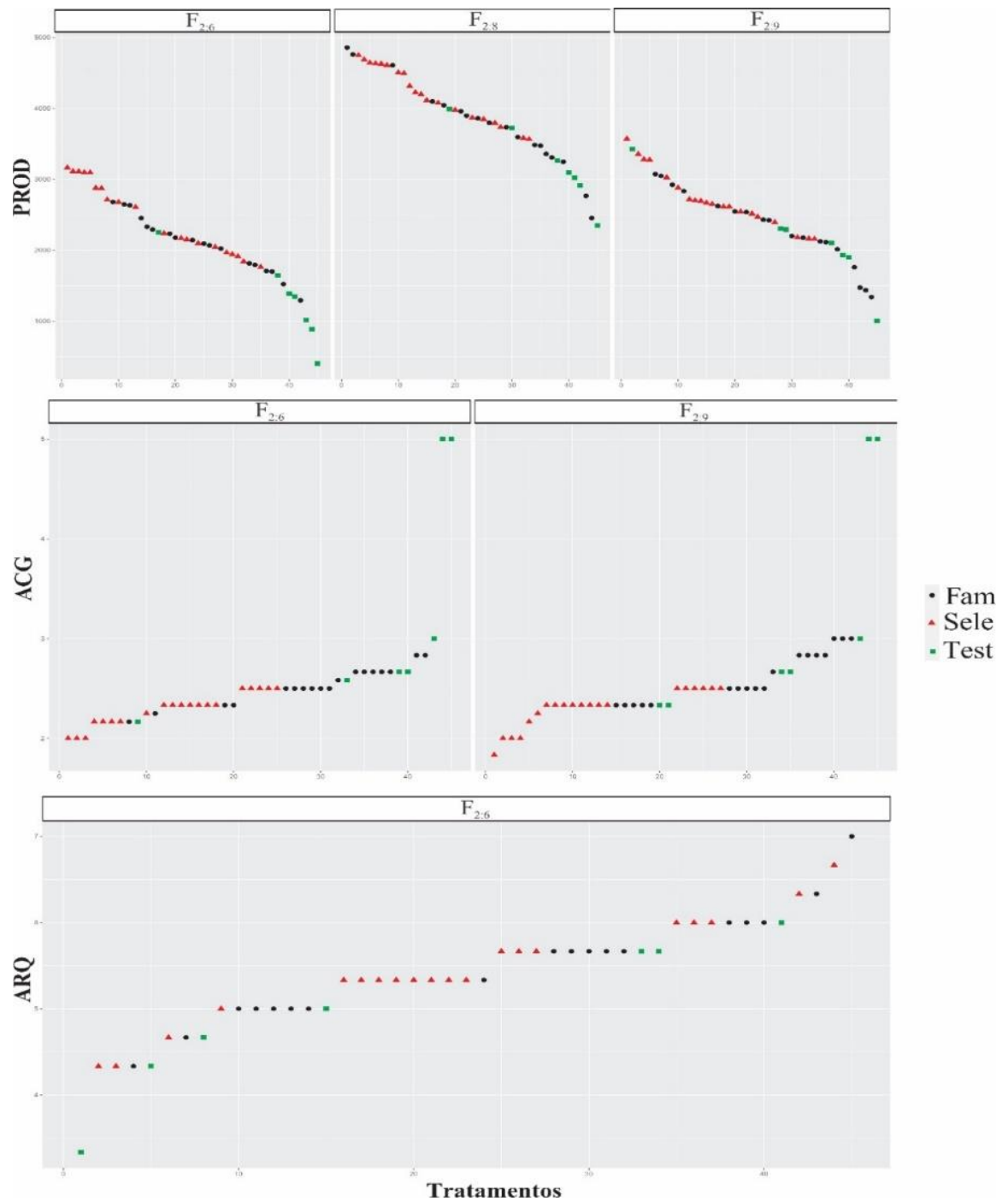


Figura 4. Posicionamentos das médias fenotípicas das progênies e testemunhas utilizadas no estudo para as características avaliadas. ARQ: arquitetura de plantas (1-9); ACG: aspecto comercial de grãos (1-5); PROD: produtividade de grãos (kg.ha⁻¹); Fam: progênies não selecionadas com base no índice FAI-BLUP; Sele: progênies selecionadas com base no índice FAI-BLUP; Test: testemunhas.

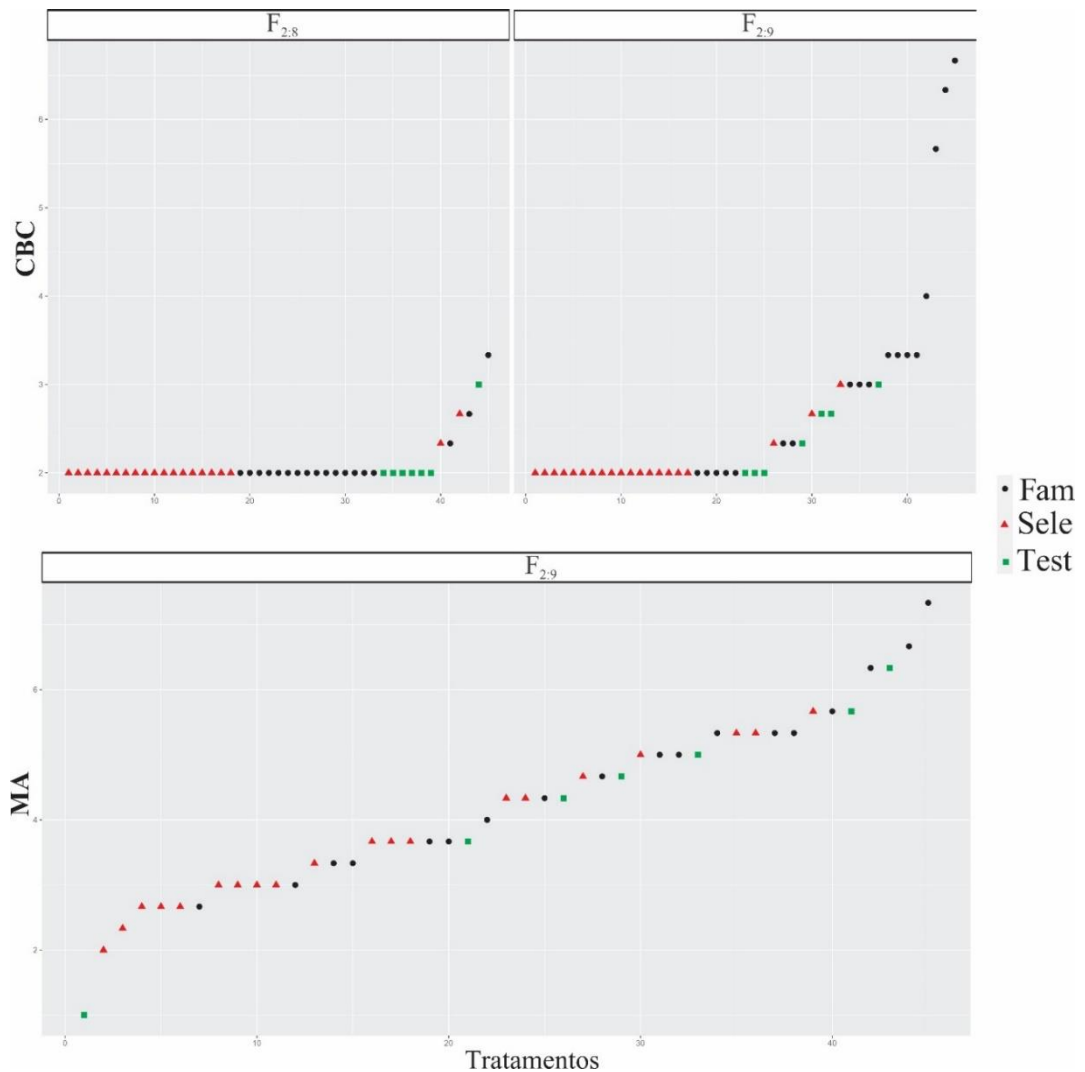


Figura 5. Posicionamentos das médias fenotípicas das progênie e testemunhas utilizadas no estudo para as características avaliadas. CBC: severidade de crestamento-bacteriano-comum (1-9); MA: severidade de mancha-angular (1-9); Fam: progênie não selecionadas com base no índice FAI-BLUP; Sele: progênie selecionadas com base no índice FAI-BLUP; Test: testemunhas.

A seleção baseada apenas na geração mais avançada neste trabalho ($F_{2.9}$), como normalmente ocorre, seria inflada pelo efeito da interação genótipo x ambiente (Resende et al., 2016). Em geral, o desenvolvimento de cultivares superiores envolve a avaliação de vários caracteres e em vários ambientes. O índice FAI-BLUP contribui para que todas estas informações sejam levadas em consideração na seleção e auxiliem o melhoramento genético do feijoeiro, acelerando a liberação de cultivares mais adaptadas (Rocha et al., 2019).

6. CONCLUSÃO

O índice FAI-BLUP, por considerar múltiplos caracteres, gerações, ambientes e populações, se mostrou adequado como estratégia de seleção no melhoramento do feijoeiro.

Com base no índice FAI-BLUP foram identificadas 20 progênies com potencial para derivar linhagens elites de feijão do tipo carioca, com destaque para as progênies 1 e 31 da população 1 e 23, 24 e 25 da população 2.

7. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

AKAIKE, H. Information theory as an extension of the maximum likelihood principle B.N. Petrov; F. Csaki (Eds.), **Second International Symposium on Information Theory, Akademiai Kiado**. Budapest (1973), pp. 267-281.

BARILI, L. D. (2015). **Evolução dos cultivares de feijão carioca recomendados no Brasil**. Tese de Doutorado. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento) Universidade Federal de Viçosa. Viçosa, MG.

BATISTA, L. G., DOS ANJOS, R. S., POERSCH, N. L., NALIN, R. S., CARNEIRO, P., CARNEIRO, J. E. D. S., & DE RESENDE, M. D. (2017). Multigeneration Index in the Selection of Common Bean Inbred Families. **Crop Science**, v.57,p. 5.

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

BATISTA, R. O., SILVA, J. L. O., NICOLI, A., CARNEIRO, P. C. S., CARNEIRO, J. E. D. S., JÚNIOR, P., & QUEIROZ, M. V. D. (2016). Resistance to Fusarium wilt in common bean. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, 16(3), 226-233.

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

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

BERTAN I. CARVALHO F.I.F., OLIVEIRA A.C. 2007. Parental selection strategies in plant breeding programs. **Journal of Crop Science and Biotechnology** 10: 211-222.

BORÉM, A.; MIRANDA, G. V. **Melhoramento de plantas**. 6. ed. Viçosa, MG: Editora UFV, 2013.

BORÉM, A.; MIRANDA, G. V.; FRITSCHÉ-NETO R. **Melhoramento de plantas**. – ISBN: 9788572695671 7. ed. Viçosa, MG: Editora UFV, 2017. 543 p.

BRIM, C. A.; JOHNSON, H. W.; COCKERHAM, C. C. Multiple selection criteria in soybeans. **Agronomy Journal**, v. 51, n. 1, p. 42-46, 1959.

BROUGHTON W.J.; HERNANDEZ G.; BLAIR M.; BEEBE S.; GEPTS P; VANDERLEYDEN J; Beans (Phaseolus spp.) - Model food legumes. **Plant Soil**. 2003; 252:55–128.

BRUZI, A. T. **Aplicações da análise de modelos mistos em programas de seleção recorrente do feijoeiro comum**. 2008. 73 f. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas). Universidade Federal de Lavras, Lavras, 2008.

BURNHAM, K. P., & ANDERSON, D. R. (1998). Practical use of the information-theoretic approach. **Model selection and inference** (pp. 75-117). Springer, New York, NY.

CARNEIRO, J. E. S., PAULA JR, T. J., BORÉM, A., **Feijão: do plantio à colheita**. Ed. UFV, Viçosa – MG, p. 37-66, 2015.

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

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

CONAB. Observatório agrícola. **Acompanhamento da safra brasileira de grãos**. Setembro de 2020. Disponível em:
http://www.conab.gov.br/OlalaCMS/uploads/arquivos/17_02_16_11_51_51_boletim_graos_setembro_2020.pdf . Acesso em: 16 de maio de 2021.

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

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

CRUZ, C.D.; REGAZZI, A.J.; CARNEIRO, P.C.S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético** (volume 1). 4ª Ed. Viçosa: UFV. 2012.

DE FAVERI, J., P.A., VERBYLA, W.S., PITCHFORD, S., Venkatanagappa, and B.R. CULLIS. 2015. **Statistical methods for analysis of multi-harvest data from perennial pasture variety selection trials**. 947–962.

ANJOS, R. S. R. dos; MARÇAL, T. de S.; CARNEIRO, P. C. S.; CARNEIRO, J. E. de S. New proposals to estimate unbiased selection gain and coefficient of variation in traits evaluated using score scales. **Crop Science**, Madison, v. 59, n. 3, p. 937-944, Maio/Junho, 2019.

ELSTON RC. 1963. A weight free index for the purpose of ranking of selection with respect to several traits at a time. **Biometrics** 19: 85-87

FOOD AND AGRICULTURE ORGANIZATION OF THE UNITED NATIONS. FAO. **Faostat. Crops**. Disponível em: < <http://www.fao.org/faostat/en/#data/QC/visualize> >. Acesso em: 15 de Maio de 2021.

FOUILLOUX, G.; BANNEROT, H. Selection Methods in the common bean (*Phaseolus vulgaris* L.). In: GEPTS, P. (Ed). **Genetic Resources of *Phaseolus* beans: their maintenance, domestication, evolution, and utilization**. Dordrecht: Kluwer Academic Publishers, 1988. p 503-541.

FREY, K.J. The use of F2 lines in predicting the performance of F3 selections in two barley crosses. **Agronomy Journal**, Madison, v.46, n.12, p.541-544. 1954.

GILMOUR, A.R., GOGEL, B.J., CULLIS, B.R., and THOMPSON, R. 2015. **ASReml - User Guide Release 3.0**. VSN International Ltd, Hemel Hempstead, HP1 1ES, UK. Disponível em <https://www.vsnl.co.uk/downloads/asreml/release3/UserGuide.pdf>.

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

HENDERSON, C.R. (1975) Best linear unbiased estimation and prediction under a selection model. **Biometrics** 423–447.

JINKS, J. L.; POONI, H. S. Predicting the properties of recombinant inbred lines derived by single seed descent. **Heredity**, Edinburgh, v. 36, n. 2, p. 253-266, 1976.

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

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

MATHER, K.; JINKS, J. L. **Introdução é genética biométrica**. São Paulo: Sociedade Brasileira de Genética, 1984. 242 p.

- MULAMBA, N.N. & MOCK, J.J. 1978. Improvement of yield potential of the Eto Blanco maize (*Zea mays*) population by breeding for plant traits. **Egyptian Journal of Genetics and Cytology** 7: 40-57
- NICOTRA, A.B., ATKIN O.K., BONSER S.P., DAVISON, A.M., FINNEGAN, E.J., U. MATHESIUS, et al. 2010. Plant phenotypic plasticity in a changing climate. **Trends Plant Sci.** 15:684–692. doi:10.1016/j. tplants.2010.09.008
- NUNES, J.A.R.; MORETO, A.L.; RAMALHO, M.A.P. Using genealogy to improve selection efficiency of pedigree method. **Scientia Agricola**, v.65, p.25-30, 2008.
- NUNES, K. V., **Seleção de famílias de feijão carioca visando extração de linhagens por modelos mistos**. 2017. 36 f. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas). Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, MG, 2017.
- PASTOR-CORRALES, M.A.; ABAWI, G.S. Reactions of selected bean germplasms to infection by *Fusarium oxysporum* f.sp. phaseoli. **Plant Disease**, 71:990-993, 1987.
- PATTERSON, H.D. & THOMPSON R. (1971) Recovery of inter-block information when block sizes are unequal. **Biometrika** 58: 545–554.
- PAULA JÚNIOR, T.J; WENDLAND, A. (Eds). **Melhoramento genético do feijoeiro-comum e prevenção de doenças**. Viçosa, MG: EPAMIG Zona da Mata, 2012.
- PAULA-JUNIOR, T. D., VIEIRA, R. F., & ZAMBOLIM, L. (2004). Manejo integrado de doenças do feijoeiro. **Informe Agropecuário**, 25, 99-112.
- PEREIRA, A.C., 2013. **Resistência do feijão-comum à murcha-de-fusário**. Tese de doutorado, Universidade Federal de Viçosa, Viçosa.
- PEREIRA, A.C., M.F.A. CRUZ, T.J. PAULA-JÚNIOR, F.A. RODRIGUES, J.E.S. CARNEIRO, R.F. VIEIRA e P.C.S. CARNEIRO. 2013. Infection process of *Fusarium oxysporum* f. sp. phaseoli on resistant, intermediate and susceptible bean cultivars. **Tropical Plant Pathology**, 38:323-328.
- PESEK, J.; BAKER, R. J. Desired improvement in relation to selection indices. **Canadian journal of plant science**, v. 49, n. 6, p. 803-804, 1969.
- PIMENTEL-GOMES, F. 2009. **Curso de Estatística Experimental**. 15th ed. FEALQ, Piracicaba, SP.
- R DEVELOPMENT CORE TEAM R: **A language and environment for statistical computing** (R Foundation for Statistical Computing, 2020).
- RAMALHO, M. A. P. et al. **Genética na agropecuária**. 5ed. Lavras, MG: UFLA, 2012. 472 p.

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

RAMALHO, M. A. P.; SILVA, G. S.; DIAS, L. A. S. Genetic plant improvement and climate changes. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, Viçosa, v. 9, n. 2, p. 189-195, 2009.

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

RAMALHO, M.A.P.; FERREIRA, D.F.; OLIVEIRA, A.C. **Experimentação em genética e melhoramento de plantas**. 3.ed. Lavras: UFLA, 2012. 305p.

RAMALHO, M.A.P.; PIROLA, L.H.; ABREU, A.F.B. Alternativas na seleção de plantas de feijoeiro com porte ereto e grão tipo carioca. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v.33, n.12, p.1989-1994. 1998.

RAMALHO, M.A.P.; SANTOS, J.B.; ZIMMERMANN, M.J.O. **Genética quantitativa em plantas autógamias: aplicações ao melhoramento do feijoeiro**. Goiânia: UFG. 271p. 1993

RAPOSO, F. C.; RAMALHO, M. A. P.; ABREU, A. de F. B. Comparação de métodos de condução de populações segregantes do feijoeiro. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 35, n. 10, p. 1991-1997, out. 2000.

RAVA, C.A. Crestamento bacteriano comum. In: ZIMMERMANN, M.J.O.; ROCHA, M.; YAMADA, T. **Cultura do feijoeiro: fatores que afetam a produtividade**. Piracicaba: Associação Brasileira para a Potassa e o Fosfato, 1988. p.527-541.

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

RESENDE, M. D. V., & ALVES, R. S. (2020). Linear, Generalized, Hierarchical, Bayesian and Random Regression mixed models in genetics/genomics in plant breeding. **Functional Plant Breeding Journal**, 2(2).

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

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

RESENDE, M.D.V. (2007) **Matemática e estatística na análise de experimentos e no melhoramento genético**, 1st ed. Embrapa (ed). Embrapa Florestas, Colombo, 561p.

RESENDE, M.D.V. (2016) Software Selegen-REML/BLUP: A useful tool for plant breeding. **Crop Breeding and Applied Biotechnology** 16: 330–339.

ROCHA, J. R. D. A. S. D. C., MACHADO, J. C., & CARNEIRO, P. C. S. (2017). Multitrait index based on factor analysis and ideotype-design: proposal and application on elephant grass breeding for bioenergy. **Gcb Bioenergy**, 10(1), 52-60.

ROCHA, J. R. D. A. S. D. C., NUNES, K. V., CARNEIRO, A. L. N., MARÇA, T. D. S., SALVADOR, F. V., CARNEIRO, P. C. S., & CARNEIRO, J. E. S. (2019). Selection of superior inbred progenies toward the common bean ideotype. **Agronomy Journal**, 111(3), 1181-1189.

SALVADOR, F. V., **Seleção Recorrente no Melhoramento do Feijoeiro: Otimização das Etapas de Seleção e Recombinação de Progênes**. 2018. 74f. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas). Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, MG, 2018.

SANTOS, H., FÉLIX, A., CUNHA, L., DEL, M., DE, L. & WENDLAND, A. Interação entre genótipos de feijoeiro e ambientes no Estado de Pernambuco: estabilidade, estratificação ambiental e decomposição da interação. **Semina: Ciências Agrárias**. 34 (6): 2603-2613, 2013.

SCHMUTZ, J., MCCLEAN, P., MAMIDI, S. et al. A reference genome for common bean and genome-wide analysis of dual domestications. **Nat. Genet.** 46, 707–713 (2014).

SMITH, H.F. A discriminant function for plant selection. **Annual Eugenics**, v.7, p.240- 250, 1936

VAN EEUWIJK, F.A., USTOS-KORTS, D.V.M. & MALOSETTI, M. 2016. What should students in plant breeding know about the statistical aspects of genotype x environment interactions? **Crop Science**. 56:2119–2140.

VIEIRA, C. **Doenças e pragas do feijoeiro** Viçosa, MG: UFV, 1983.

WILKS, S. S. **The large-sample distribution of the likelihood ratio for testing composite hypotheses**. **Annals of Mathematica and Statistica**, v.9, p.60–62, 1938, Available from: <https://www.jstor.org/stable/2957648?seq=1#metadata_info_tab_contents>. Accessed: Nov. 9, 2020. doi: 10.1214/aoms/1177732360.

WILLIAMS, J.S. The evaluation of a selection index. **Biometrics**, v.18, p.375-393, 1962.