

FABÍOLA DOS SANTOS DIAS

**SELEÇÃO RECORRENTE NO MELHORAMENTO DO FEIJÃO CARIOCA:
ESTRATÉGIAS PARA ESTIMATIVA DO PROGRESSO GENÉTICO E PARA
SELEÇÃO DE LINHAGENS**

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

Orientador: José Eustáquio de S. Carneiro

**VIÇOSA - MINAS GERAIS
2021**

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

T

D541s
2021
Dias, Fabíola dos Santos, 1987-
Seleção recorrente no melhoramento do feijão carioca :
estratégias para estimativa do progresso genético e para seleção
de linhagens / Fabíola dos Santos Dias. – Viçosa, MG, 2021.
74 f. : il. ; 29 cm.

Orientador: José Eustáquio de Souza Carneiro.
Tese (doutorado) - Universidade Federal de Viçosa.
Inclui bibliografia.

1. Feijão - Melhoramento genético. 2. Feijão - Seleção.
I. Universidade Federal de Viçosa. Departamento de Agronomia.
Programa de Pós-Graduação em Fitotecnia. II. Título.

CDD 22. ed. 635.6522

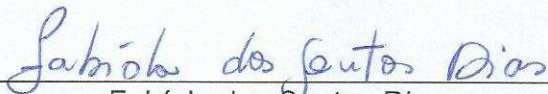
FABIOLA DOS SANTOS DIAS


**SELEÇÃO RECORRENTE NO MELHORAMENTO DO FEIJÃO CARIOCA:
ESTRATÉGIAS PARA ESTIMATIVA DO PROGRESSO GENÉTICO E PARA
SELEÇÃO DE LINHAGENS**

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

APROVADA: 22 de fevereiro de 2021.

Assentimento:


Fabíola dos Santos Dias
Autora


José Eustáquio de Souza Carneiro
Orientador

*A DEUS e aos meus GRANDES MESTRES.
Aos meus pais, Waldir dos Santos Dias e Marinalda dos Santos Dias.
Aos meus irmãos, Thiago Vinícius Santos e Davi dos Santos Dias.
Ao meu esposo Francisco Charles dos Santos Silva.
As minhas sobrinhas, Ághata e Alana.*

DEDICO

AGRADECIMENTOS

A Deus por minha existência e por estar sempre ao meu lado me dando força e persistência.

Aos meus pais, Waldir e Marinalda, pelo amor, apoio, e por serem meus maiores incentivadores e exemplos.

Aos meus irmãos, Thiago e Davi, pela amizade, companheirismo dedicado a mim em todos os momentos.

Ao meu esposo Francisco Charles, por todo amor, carinho, companheirismo e dedicação, pela paciência em me ouvir e por ser minha fonte de coragem em qualquer instante que precisei.

Um agradecimento especial a minha tia Maria de Jesus por ter me dado tanto crédito, sempre me incentivando a estudar e ir atrás dos meus sonhos.

A minha prima Ana Karoline, pela amizade e conversas, pois mesmo longe estava sempre de alguma forma me incentivando.

À Universidade Federal de Viçosa, em especial ao Programa de Pós-graduação em Fitotecnia, pela oportunidade de cursar o doutorado.

À Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES), pela concessão da bolsa de estudos.

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

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

Ao meu coorientador, Pedro Crescêncio Souza Carneiro, pela amizade, paciência e ensinamentos.

Aos membros da banca, professores Anatércia Ferreira Alves, Felipe Lopes da Silva, Pedro Crescêncio Souza Carneiro e Tiago de Souza Marçal, pela disponibilidade e sugestões para o enriquecimento deste trabalho.

A todos os professores do Programa de Pós-graduação em Fitotecnia e Genética e Melhoramento, pelo conhecimento transmitido.

Às secretárias da Pós-graduação em Fitotecnia, Tatiani e Lídia, por estarem sempre dispostas a ajudar a esclarecer qualquer dúvida.

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

Ao Gilberto, pela amizade e disponibilidade, sendo fundamental nas atividades de pesquisa do Programa Feijão.

Aos funcionários da Estação Experimental Diogo Alves de Melo.

Agradecimento especial aos amigos Skarlet, José Domingos, Vinícius, Igor, Michel, Felipe e Tati pelos momentos de descontração, ajuda e conversas durante esses anos.

Ao colega Tiago Souza Marçal, por todo agradável convívio durante o doutorado e por sempre está disposto a me ajudar.

A todos os meus colegas do Grupo Feijão por toda excelente convivência e por colaborarem na condução deste trabalho.

Enfim, cada pessoa, cada palavra e cada momento marcaram essa trajetória, agradeço a todos que de fato me apoiaram.

Muito Obrigada!

"Nunca deixem que lhe digam que não vale a pena acreditar em um sonho que tem, ou que seus planos nunca vão dar certo, ou que você nunca vai ser alguém. Quem acredita sempre alcança". (Renato Russo)

"Cada vez que você faz uma opção está transformando sua essência em alguma coisa um pouco diferente do que era antes" (C.S. Lewis). Diante do fim de mais uma etapa, hoje, torno-me diferente com a certeza de que estou, exatamente, onde deveria estar.

BIOGRAFIA

FABÍOLA DOS SANTOS DIAS, filha de Waldir dos Santos Dias e Marinalda dos Santos Dias, nasceu em 01 de maio de 1987, na cidade de São Luís, Maranhão, Brasil.

Em Março de 2010, iniciou o curso superior em Agronomia, na Universidade Federal do Maranhão (UFMA), em Chapadinha, Maranhão. Durante a graduação trabalhou como bolsista de iniciação científica na área de integração lavoura pecuária.

Em Agosto de 2014, ingressou no curso de Mestrado em Fitotecnia na Universidade Federal de Viçosa (UFV), em Viçosa, Minas Gerais, submetendo-se à defesa de dissertação em julho de 2016, intitulada: “Caracterização de híbridos comerciais de milho para morfolgia de raiz, caracteres agronômicos e eficiência na utilização de nitrogênio”.

Em Agosto de 2016, ingressou no curso de Doutorado em Fitotecnia na Universidade Federal de Viçosa (UFV), em Viçosa, Minas Gerais.

RESUMO GERAL

SILVA, Fabíola dos Santos, D.Sc., Universidade Federal de Viçosa, fevereiro de 2021. **Seleção recorrente no melhoramento do feijão carioca: estratégias para estimativa do progresso genético e para seleção de linhagens.** Orientador: José Eustáquio de Souza Carneiro.

A busca por novas cultivares é rotina nos programas de melhoramento de feijão carioca, devido a sua importância no mercado nacional. Os objetivos destes trabalhos foram comparar diferentes estratégias de avaliação do progresso genético (PG) no programa de seleção recorrente (SR) do feijoeiro e identificar linhagens elites com potencial para composição dos futuros ensaios de VCU em Minas Gerais. Para isso, foram utilizados dados do programa de SR de feijão carioca que vem sendo conduzido na Universidade Federal de Viçosa desde 2012. A população base (C_0) foi obtida pela combinação de 20 genitores de grãos tipo carioca, portadores de fenótipos favoráveis para os caracteres produtividade de grãos (PROD), arquitetura de plantas (ARQ) e aspecto comercial de grãos (AG). Os experimentos foram conduzidos na Estação Experimental da UFV, em Coimbra-MG. No capítulo 1, estimou-se o PG de um ciclo de SR por meio de diferentes estratégias: avaliação de famílias em cada ciclo utilizando experimentos com testemunhas comuns, avaliação simultânea das melhores famílias de cada ciclo e avaliação simultânea das melhores linhagens de cada ciclo. No capítulo 2, foram utilizados os índices distância genótipo-ideótipo e multiplicativo visando a seleção de linhagens. A interação linhagens x ambientes foi não significativa para PROD e ARQ, o que mostra consistência no comportamento das linhagens frente aos diferentes ambientes de avaliação. A linhagem nº100 foi selecionada em primeiro lugar pelos dois índices utilizados e observou-se que oito linhagens se destacaram. Assim, foi possível concluir que o ganho genético para PROD em programas de SR no feijoeiro varia de acordo com a estratégia utilizada para estimar o PG, sugerindo que em estudos de estimativas de ganho genético isto deve ser levado em consideração. E os índices distância genótipo-ideótipo e multiplicativo se mostraram eficientes na seleção de linhagens que reúnam fenótipos de interesse de forma mais equilibrada.

Palavras-chave: Ganho genético. Correlação. Índices de seleção

ABSTRACT

SILVA, Fabíola dos Santos, D.Sc., Universidade Federal de Viçosa, February, 2021. **Recurrent selection in carioca bean breeding: strategies for estimating genetic progress and for selecting strains.** Advisor: José Eustáquio de Souza Carneiro.

The search for new cultivars is routine in carioca bean breeding programs, due to their importance in the national market. In view of the above, the objectives of this study were to compare different strategies for evaluating genetic progress (GP) in the recurrent selection (RS) program for common beans and to identify elite strains with the potential for composing future VCU trials in Minas Gerais. For this, data from the Rio de Janeiro bean SR program that has been conducted at the Federal University of Viçosa since 2012 were used. The base population (C_0) was obtained by the combination of 20 carioca type grain parents, with favorable phenotypes for the characters grain yield, plant architecture and commercial grain aspect. The experiments were carried out at the UFV Experimental Station, in Coimbra-MG. In chapter 1, it was possible to estimate the PG of an SR cycle through different strategies: evaluation of families in each cycle using experiments with common witnesses, simultaneous evaluation of the best families in each cycle and simultaneous evaluation of the best lines of each cycle. In chapter 2, the genotype-ideotype and multiplicative distance indices were used, enabling balanced gains for all traits, which makes the selection of strains more efficient. Genotypic variability of treatments was observed for the three characters in the three GP evaluation strategies considered. The interaction between lines and environments was not significant for grain yield and plant architecture, which shows the stability and consistency of the lines in relation to the different environments evaluated. Strain n^o100 was selected first by the two indices used and it was observed that eight strains stood out. Thus, it was possible to conclude that the genetic gain for grain yield in RS programs in common beans varies according to the strategy used to estimate the GP, suggesting that in studies of genetic gain estimates this must be taken into account.

Keywords: Genetic gain. Correlation. Selection index

SUMÁRIO

INTRODUÇÃO GERAL	12
REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS	15
CAPÍTULO 1 - ESTRATÉGIAS DE AVALIAÇÃO DO PROGRESSO GENÉTICO COM SELEÇÃO RECORRENTE EM PLANTAS AUTÓGAMAS	19
Resumo	20
Abstract	20
1. Introdução	22
2. Material e Métodos	24
2.1 Condução dos experimentos	24
2.2 Material genético utilizado (estabelecimento do programa de SR)	24
2.3 Estimativa do progresso genético com base na avaliação das famílias dos ciclos C_0 e C_1 em experimentos distintos	25
2.4 Estimativa do progresso genético com base na avaliação simultânea das melhores famílias dos ciclos C_0 e C_1	26
2.5 Estimativa do progresso genético com base na avaliação simultânea das linhagens dos ciclos C_0 e C_1	27
2.6 Análises estatísticas	27
3. Resultados	28
3.1 Progresso genético com base na avaliação de famílias de cada ciclo em experimentos distintos	28
3.2 Progresso genético com base na avaliação simultânea das melhores famílias de cada ciclo	34
3.3 Progresso genético com base na avaliação simultânea das linhagens de cada ciclo	37
4. Discussão	42
5. Conclusões	47
6. Referências	47
CAPÍTULO 2 - USO DO ÍNDICE DISTÂNCIA GENÓTIPO-IDEÓTIPO E MULTIPLICATIVO PARA A SELEÇÃO DE LINHAGENS DE FEIJÃO	51
Resumo	52
Abstract	53
1. Introdução	50
2. Material e Métodos	57
2.1 Condução dos ensaios	57
2.2 Material genético	57
2.3 Caracteres avaliados	58
2.4 Análises estatísticas	59

3. Resultados e Discussão	60
3.1 Avaliação de linhagens de dois ciclos de seleção recorrente.....	60
3.2 Eficiência dos índices distancia genótipo-ideótipo e multiplicativo	65
4. Conclusões.....	70
5. Referências bibliográficas	70

INTRODUÇÃO GERAL

O feijão comum (*Phaseolus vulgaris* L.) está entre as leguminosas mais importantes do mundo. No Brasil, é uma cultura de elevado valor social, pois é um dos alimentos básicos e uma das principais fontes de proteína da população brasileira, além de ser uma cultura geradora de emprego, uma vez que requer mão de obra durante todo o ciclo (DE LA FUENTE et al., 2011; SCHMUTZ et al., 2014).

Diferentes tipos de feijões são cultivados no país, dentre eles pode-se citar preto, carioca, roxo, mulatinho, rosinha, vermelho e manteigão (VIEIRA et al., 2005). Porém vários programas de melhoramento de feijão têm dado ênfase ao grupo carioca devido à maior aceitação desse tipo de grão (CUNHA et al., 2005; RAMALHO et al., 2005a; MELO et al., 2006; SILVA et al., 2007; BOTELHO et al., 2010; COSTA et al., 2010).

Nos últimos anos, o melhoramento genético tem sido observado com bastante atenção, pois beneficia tanto pequenos quanto grandes produtores, é uma tecnologia que visa diminuir os custos do uso de insumos para controle de pragas e doenças e conseqüentemente o aumento da produtividade e proporciona maior eficiência no uso dos recursos disponíveis, mantendo a produção em níveis necessários para satisfazer as necessidades da crescente população mundial (VENCOVSKY; RAMALHO, 2000). Com isso, o acesso a cultivares melhoradas é um fator muito importante para que os agricultores brasileiros consigam diminuir os custos de produção.

Segundo Torga et al. (2010), as técnicas clássicas de melhoramento têm eficiência comprovada e resultaram em contínuos ganhos genéticos em produtividade ao longo de vários anos, para várias culturas; para o feijão comum, estima-se que esses ganhos sejam em torno de 2,0% ao ano (BARILI et al., 2016b).

Vieira et al. (2005) discutem os principais propósitos do melhoramento do feijoeiro, ressaltando que alguns deles estão recebendo pouca atenção, como a resistência a pragas, a fixação simbiótica de nitrogênio e a tolerância à seca. O primeiro e mais importante propósito do melhoramento do feijoeiro é o aumento na produtividade de grãos. Na literatura são encontrados vários relatos de ganhos para esse caractere (ANJOS et al., 2019; ROCHA et al., 2019; ALVES et al., 2015; CHIORATO et al., 2010). Entretanto, resultados negativos são comuns, sendo atribuídos, entre outras razões, à baixa herdabilidade da característica e as elevadas interações genótipos x ambientes (SINGH, 1991).

O melhoramento para aspecto comercial de grãos tem recebido grande atenção dos programas de melhoramento, pois o consumidor é muito exigente e procura pelo feijão de boa aparência, fácil cozimento, bom sabor e de cor atrativa (VIEIRA et al., 2005). Na literatura são encontrados alguns trabalhos de melhoramento para qualidade de grãos em feijoeiro (CARBONELL et al., 2003; RAMALHO et al., 2005a; RODRIGUES et al., 2005). A qualidade dos grãos pode ser um gargalo na seleção de novas cultivares, devendo-se descartar as linhagens que não apresentem grãos de qualidade, uma vez que estas, se chegarem às mãos dos consumidores, serão rejeitadas.

Já para arquitetura das plantas do feijoeiro é relatado por Vieira et al. (2005) como um objetivo voltado para áreas em que o feijão é produzido sob irrigação, com pivôs centrais, que utilizam alta tecnologia, inclusive colheita com máquinas. Linhagens que apresentam plantas bem eretas e com resistência ao acamamento têm sido a preferência dos melhoristas, porque facilitam os tratos culturais e, na maturação, suas vagens não tocam o solo úmido, garantindo grãos de melhor qualidade.

Pensando em melhorar os referidos caracteres, os programas de melhoramento realizam hibridações, cujo objetivo é reunir em uma nova linhagem alelos favoráveis presentes em dois ou mais genitores contrastantes. Através da hibridação, várias populações segregantes são produzidas, e a escolha das que apresentam maior potencial para a extração de linhagens superiores evitam perda de tempo e de recursos financeiros em um programa de melhoramento (RAMALHO et al., 2012).

Uma vez escolhidas as melhores populações segregantes, a etapa seguinte é a condução dessas à homozigose para derivação de linhagens, utilizando algum método de seleção. Entretanto, é quase impossível reunir, em um único ciclo seletivo, todos os fenótipos de interesse. Isso se torna possível a partir de repetidos ciclos de seleção e recombinação, ou seja, por meio da seleção recorrente (RAMALHO et al., 2001). A seleção recorrente é uma estratégia também utilizada em autógamias e prevê a seleção e recombinação dos melhores genótipos de uma população, já nas gerações iniciais de melhoramento. No caso específico do feijoeiro, essa estratégia tem sido utilizada com sucesso (SINGH et al., 1999; RAMALHO et al., 2005a; AMARO et al., 2007; MENEZES JÚNIOR, 2011).

A seleção recorrente é um método dinâmico, em que os melhores indivíduos selecionados em um ciclo de seleção são recombinados de maneira direcionada, organizada e pré-determinada, evitando que o programa perca a continuidade. Além disso, os cruzamentos são realizados entre os melhores indivíduos ou famílias, de modo a aumentar a frequência de alelos favoráveis na população (GERALDI, 1997). Como principais vantagens da seleção recorrente, têm-se: a exploração de maior variabilidade genética oriunda dos intercrossamentos; a oportunidade para a ocorrência de recombinações, devido aos intercrossamentos sucessivos; o aumento das frequências dos alelos favoráveis, devido a um processo repetitivo de seleção.

Quando se utiliza a seleção recorrente, um ponto importante é avaliar a eficiência do Programa, por meio da estimativa do progresso genético, após alguns ciclos seletivos. Isso visa orientar na tomada de decisões e direcionamentos futuros (BORGES et al., 2009). O progresso genético refere-se às alterações observadas nas características de interesse durante um ciclo de seleção, com a recombinação e multiplicação das unidades selecionadas. Tais modificações ocorrerão em magnitude e sentido variados, dependendo da estratégia e dos critérios de seleção adotados. Nesse sentido, uma das atribuições mais importantes do melhorista de plantas é identificar critérios de seleção capazes de promover alterações, no sentido desejado, nas características de interesse dentro de um programa de melhoramento (REIS et al., 2004).

Quando se utiliza seleção recorrente no melhoramento do feijoeiro, normalmente se deriva linhagens a cada ciclo seletivo, uma vez que estas darão origem às futuras cultivares. A seleção das melhores linhagens se faz com base nos vários caracteres de interesse, especialmente potencial de produção, arquitetura de planta, aspecto comercial dos grãos e resistência a patógenos. Nesse sentido, os índices de seleção são ferramentas importantes neste processo.

Na literatura, encontram-se descritas várias metodologias de índice de seleção (CRUZ et al., 2012). Como exemplo pode ser citado o índice multiplicativo (SUBANDI et al., 1973), que efetua a seleção exclusivamente com base em um valor mínimo aceitável para cada caráter, posteriormente classificando os genótipos para todos os caracteres simultaneamente (GARCIA; SOUZA JÚNIOR, 1999). Outro índice comumente utilizado nos programas de melhoramento é o índice da distância genótipo-ideótipo. Este índice fixa um valor ótimo para cada característica,

construindo assim um ideótipo. Para cada genótipo é calculado uma distância em relação a esse ideótipo, sendo essa distância o próprio índice (CARVALHO et al., 2002).

Diante do exposto, os objetivos com este trabalho foram:

1- Obter e comparar estimativas de ganho genético para produtividade de grãos em um programa de seleção recorrente no melhoramento de feijão carioca da UFV, por meio das seguintes metodologias: avaliação das famílias dos diferentes ciclos, utilizando testemunhas comuns, avaliação simultânea das melhores famílias de cada ciclo e avaliação simultânea das melhores linhagens de cada ciclo.

2- Comparar dois índices de seleção para seleção de linhagens com base em três caracteres e identificar as mais promissoras para composição dos futuros ensaios de Valor de Cultivo e Uso (VCU) no Estado de Minas Gerais.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

ALVES, A. F; MENEZES JÚNIOR, J. A. N; MENEZES, V. M. P. S; CARNEIRO, J. E. S; CARNEIRO, P. C. S; ALVES, A. F. Genetic progress and potential of common bean families obtained by recurrent selection. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 15, p. 218-226, 2015.

AMARO G. B; ABREU A. F. B; RAMALHO M. A. P; SILVA F. B. Phenotypic recurrent selection in the common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) with carioca-type grains for resistance to the fungi *Phaeoisariopsis griseola*. **Genetics and Molecular Biology**, v. 30, p. 584-588, 2007.

ANJOS, R. S. R; MARÇAL, T. S; CARNEIRO, P. C. S; CARNEIRO, J. E. S. New Proposals to Estimate Unbiased Selection Gain and Coefficient of Variation in Traits Evaluated Using Score Scales. **Crop Science**, v.59, n. 3, p. 937-944, 2019.

BARILI, L. D; VALE, N. M; MOURA, L. M; PAULA, R. G; SILVA, F. F; CARNEIRO, J. E. S. Genetic progress resulting from forty-three years of breeding of the carioca common bean in Brazil. **Genetic Molecular Research**, v. 15, n. 3, p. 1-11, 2016b.

BORGES, V; SOARES, A. A; RESENDE, M. D. V; REIS, M. S; CORNÉLIO, V. M. O; SOARES, P. C. Progresso genético do programa de melhoramento de arroz de terras altas de Minas Gerais utilizando modelos mistos. **Revista Brasileira de Biometria**, v. 27, n. 3, p. 478-490, 2009.

BOTELHO, F. B. S; RAMALHO, M. A. P; ABREU, A. F. B; ROSA, H. J. A. Multiline as a strategy to reduce damage caused by *Colletotrichum lindemuthianum* in common bean. **Journal of Phytopathology**, 2010.

CARBONELL S. A. M; CARVALHO C. R. L; PEREIRA V. R. Qualidade tecnológica de grãos de genótipos de feijoeiro cultivados em diferentes ambientes. **Bragantia**, v. 62, n. 3, p. 369-379, 2003.

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

CHIORATO, A. F; CARBONELL, S. A. M; VENCOSKY, R; FONSECA JUNIOR, N. S; PINHEIRO, J. B. Genetic gain in the breeding program of common beans at IAC from 1989 to 2007. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 10, n. 4, p. 329-336, 2010.

COSTA, M. R. **Melhoramento de feijões preto e vermelho visando a resistência à antracnose, ferrugem e mancha-angular, com o auxílio de marcadores moleculares**. 2007. 100 f. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento) - Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, MG, 2007.

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

CUNHA, W. G; RAMALHO, M. A. P; ABREU, A. F. B. Selection aiming at upright growth habit common bean with carioca type grains. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 5, p. 379-386, 2005.

DE LA FUENTE, M. et al. 2-DE-based proteomic analysis of common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) seeds. **Journal of Proteomics**, v. 74, n. 2, p. 262–267, 2011.

GARCIA, A. A. F.; SOUZA JÚNIOR, C. L. Comparação de índices de seleção não paramétricos para a seleção de cultivares. **Bragantia**, v. 58, n. 2, p. 253-267, 1999.

GERALDI, I. O. Selección recurrente en el mejoramiento de plantas. In: GUIMARÃES E. P. (Ed.) **Selección recurrente en arroz**. Cali, Colômbia: CIAT, 1997. p. 3-11.

MELO, C. L. P; CARNEIRO, J. E. S; CARNEIRO, P. C. S; CRUZ, C. D; BARROS, E. G; MOREIRA, M. A. Linhagens de feijão do cruzamento 'Ouro Negro' x 'Pérola' com características agrônômicas favoráveis. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 41, p. 1593-1598, 2006.

MENEZES JÚNIOR, J. A. N. **Seleção recorrente no melhoramento de feijão vermelho**. 2011. 70 f. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento) - Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, MG, 2011.

RAMALHO, M. A. P.; ABREU, A. de F. B.; SANTOS, J. B. Melhoramento de espécies autógamas. In: NASS, L. L.; VALOIS, A. C. C.; MELO, J. S.; VALADARIS-INGLIS, M. C. V. (Ed.). **Recursos Genéticos e Melhoramento de Plantas**. Fundação MT: Rondonópolis, p. 201-230, 2001.

REIS, E. F; REIS, M. S; CRUZ, C. D; SEDIYAMA, T. Comparação de procedimentos de seleção para produção de grãos em populações de soja. **Ciência Rural**, v. 34, n. 3, p. 685-692, 2004.

ROCHA, J. R. A. S. C.; NUNES, K. V; CARNEIRO, A. L. N; MARÇAL, T. S; SALVADOR, F. V; CARNEIRO, P. C. S; CARNEIRO, J. E. S. Selection of Superior Inbred Progenies toward the Common Bean Ideotype. **Agronomy Journal**, v. 111, p. 1181-1189, 2019.

RODRIGUES, J. A; RIBEIRO, N. D; LONDERO P. M. G; CARGNELUTTI FILHO, A; GARCIA, D. C. Correlação entre absorção de água e tempo de cozimento de cultivares de feijão. **Ciência Rural**, v. 35, n. 1, p. 209- 214, 2005.

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

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

SINGH, S. Breeding. for seed yield. In: van SCHOONHOVEN, A.; VOYSEST, O. (eds.). Common beans: research for crop improvement. Wallingford: CAB International, p. 383-443. 1991.

SUBANDI, W.; COMPTON, A.; EMPIG, L. T. Comparison of the efficiencies of selection indices for three traits in two variety crosses of corn. **Crop Science**, v. 13, n. 1, p. 184-186, 1973.

SCHMUTZ, J. et al. A reference genome for common bean and genome-wide analysis of dual domestications. **Nature Genetics**, v. 46, n. 7, p. 707–713, 2014.

TORGA, P. P; SANTOS, J. B; PEREIRA, H. S; FERREIRA, D. F; LEITE, M. E. Seleção de famílias de feijoeiro baseada na produtividade, no tipo de grãos e informações de QTLs. **Ciência e Agrotecnologia**, v. 34, p. 95-100, 2010.

VENCOVSKY, R; RAMALHO, M. A. P. **Contribuições do melhoramento genético de plantas no Brasil**. In: PATERNIANI, E. Agricultura brasileira e pesquisa agropecuária. Brasília: Embrapa Comunicação para Transferência de Tecnologia. 2000. p. 57-89.

VIEIRA, C; BORÉM, A; RAMALHO, M. A. P; CARNEIRO, J. E. S. Melhoramento do feijão. In: BORÉM, A. (Ed.). **Melhoramento de espécies cultivadas**. Viçosa, MG: Editora UFV. 2005. p. 301-392.

CAPÍTULO 1

ESTRATÉGIAS DE AVALIAÇÃO DO PROGRESSO GENÉTICO COM SELEÇÃO RECORRENTE EM PLANTAS AUTÓGAMAS

RESUMO

O objetivo deste trabalho foi comparar as diferentes estratégias de avaliação do progresso genético em programas de SR no melhoramento do feijoeiro. Os dados utilizados neste estudo foram provenientes de um ciclo de SR no melhoramento de feijão carioca da UFV. A população base (C_0) foi obtida pelo cruzamento de 20 genitores, em esquema de dialelo circulante, gerando assim 20 cruzamentos biparentais. As progênies $F_{2:3}$, $F_{2:4}$ e $F_{2:5}$, derivadas de cada população F_2 foram avaliadas e a melhor família de cada população foi utilizada para recombinação dando origem as populações do ciclo C_1 . Neste ciclo (C_1), de forma semelhante ao realizado no ciclo anterior, foram avaliadas famílias $F_{2:3}$, $F_{2:4}$ e $F_{2:5}$. Nesses experimentos foram utilizadas testemunhas comuns de modo a realizar uma análise agrupada envolvendo os experimentos dos dois ciclos. Posteriormente, foram também conduzidos experimentos de avaliação simultânea das melhores famílias de cada ciclo e das melhores linhagens derivadas de cada ciclo. Assim, foi possível estimar o PG de um ciclo de SR por meio de diferentes estratégias: avaliação de famílias em cada ciclo utilizando experimentos com testemunhas comuns, avaliação simultânea das melhores famílias de cada ciclo e avaliação simultânea das melhores linhagens de cada ciclo. Todos os experimentos foram conduzidos na Estação Experimental da UFV, em Coimbra-MG. O ganho genético obtido para produtividade de grãos com base na avaliação das progênies de cada ciclo, utilizando experimentos distintos com testemunhas comuns, foi de 23,7% ($F_{2:3}$), 14,2% ($F_{2:4}$) e 16,6% ($F_{2:5}$). Com avaliação simultânea das melhores famílias de cada ciclo, o ganho genético foi de 8,6%. Já o ganho genético com base na avaliação simultânea das melhores linhagens de cada ciclo foi de 6,7%. Podemos observar que o ganho genético para produtividade de grãos em programas de SR no feijoeiro varia de acordo com a estratégia utilizada para estimar o PG, sugerindo que em estudos de estimativas de ganho genético, isto deve ser levado em consideração. Observou-se também que o ganho genético com base na avaliação das melhores linhagens de cada ciclo foi próximo ao obtido com a avaliação das melhores famílias simultaneamente, constituindo-se assim boas estratégias para avaliação do progresso genético em programas de seleção recorrente de plantas autógamas.

ABSTRACT

The aim of this work was to compare the different strategies for evaluating genetic progress in RS programs in the improvement of common bean. The data used in this study came from an RS cycle in the improvement of carioca beans at UFV. The base population (C_0) was obtained by crossing 20 parents, in a circulating diallel scheme, thus generating 20 biparental crosses. The $F_{2:3}$, $F_{2:4}$ and $F_{2:5}$ progenies derived from each F_2 population were evaluated and the best family from each population was used for recombination giving rise to the C_1 cycle populations. In this cycle (C_1), similarly to the previous cycle, $F_{2:3}$, $F_{2:4}$ and $F_{2:5}$ families were evaluated. In these experiments, common witnesses were used in order to carry out a grouped analysis involving the experiments of the two cycles. Subsequently, experiments were also conducted to evaluate simultaneously the best families of each cycle and the best lineages derived from each cycle. Thus, it was possible to estimate the GP of an RS cycle through different strategies: evaluation of families in each cycle using experiments with common witnesses, simultaneous evaluation of the best families in each cycle and simultaneous evaluation of the best lines of each cycle. All experiments were conducted at the UFV Experimental Station, in Coimbra-MG. The genetic gain obtained for grain productivity based on the evaluation of the progenies of each cycle, using different experiments with common controls, was 23.7% ($F_{2:3}$), 14.2% ($F_{2:4}$) and 16.6 % ($F_{2:5}$). With simultaneous assessment of the best families in each cycle, the genetic gain was 8.6%. The genetic gain based on the simultaneous evaluation of the best strains in each cycle was 6.7%. We can observe that the genetic gain for grain yield in RS programs in common bean varies according to the strategy used to estimate the GP, suggesting that in studies of genetic gain estimates this must be taken into account. It was also observed that the genetic gain based on the evaluation of the best strains in each cycle was close to that obtained with the evaluation of the best families simultaneously, thus constituting good strategies for evaluating genetic progress in programs for recurrent selection of autogamous plants.

1. Introdução

O feijoeiro (*Phaseolus vulgaris* L.), por se adaptar às mais variadas condições edafoclimáticas do Brasil e pela alta tradição de consumo, desempenha papel fundamental na alimentação da população brasileira e atua como importante fonte de proteína, além de fornecer vitaminas, fibras e minerais (DE LA FUENTE et al., 2011). Quando fala-se em produtividade de grãos o feijoeiro, passou de 500 kg/ha em 1985 para 1327 kg/ha na safra 2018/2019 (EMBRAPA, 2019). Dentre as tecnologias de produção responsáveis por esse incremento, destaca-se o uso de cultivares melhoradas.

O melhoramento genético do feijoeiro no Brasil é conduzido basicamente por empresas públicas. Atualmente, os principais programas de melhoramento estão concentrados na região centro-sul e são representados pelas Universidades, Embrapa e instituições de pesquisa em nível estadual (RAMALHO et al., 2006). Todos esses programas têm como objetivo comum o desenvolvimento de linhagens com alto potencial de produção, porte ereto, resistência a patógenos e grãos com características que atendam as preferências do consumidor.

Além do grande número de caracteres de interesse no melhoramento do feijoeiro, a maioria destes são controlados por vários genes, o que torna impossível reunir em uma linhagem, alelos favoráveis para os vários caracteres, em um único ciclo seletivo (RAMALHO et al., 2012). Assim, uma estratégia que tem sido utilizada no melhoramento de plantas autógamas é a seleção recorrente (Ramalho et al., 2003).

No Brasil, a seleção recorrente já é a principal estratégia utilizada no melhoramento do feijoeiro pelos programas das Universidades Federais de Viçosa e de Lavras. Resultados consistentes têm sido obtidos com essa estratégia no feijoeiro por essas instituições (MENEZES JUNIOR et al., 2008; SILVA et al., 2010; PRADO, 2014; PIRES et al., 2014; MELO, 2015; SALVADOR, 2018).

Pires et al. (2014) na cultura do feijoeiro em um programa de seleção recorrente da UFLA, verificou-se no estudo que a população ainda possuía variabilidade genética suficiente para seleção, mesmo após oito ciclos de seleção. PÁDUA (2017) em seu trabalho com feijoeiro, que teve como objetivo avaliar a eficácia da inoculação artificial de *Pseudocercospora griseola*, observou-se que os ganhos foram de -14,83% e -5,3%, para casa de vegetação e campo.

Em programas de seleção recorrente é importante avaliar, regularmente, a sua eficiência em função das estratégias adotadas por meio das estimativas de progresso genético (PG). Além disso, essa estimativa auxilia o melhorista na tomada de decisão para os futuros ciclos de seleção, isto é, inclusão de novos genitores, descarte de populações de baixo mérito genético e o direcionamento de cruzamentos na fase de recombinação.

Ranalli (1996) avaliou o aumento da produtividade de grãos após três ciclos de seleção recorrente. O ganho estimado foi de 50% do C_0 para o C_1 e de 25% do C_1 para o C_{II} . Melo (2015) estimou o PG no programa de SR para feijão vermelho, com a estratégia de avaliar simultaneamente as melhores linhagens dos ciclos C_0 , C_1 e C_{II} , obtendo um PG de 6,12%. Anjos et al. (2019) avaliaram progresso genético de um ciclo de seleção recorrente no melhoramento do feijão preto da UFV com ênfase em arquitetura de planta. Nesse estudo a estratégia utilizada foi a avaliação simultânea das populações dos ciclos C_0 e C_1 com ganhos para notas de arquitetura de plantas 4,93% e diâmetro do hipocótilo 4,95%.

No entanto, quando se dispõe das estimativas dos ganhos genéticos referentes a uma dada cultura num determinado período de tempo, deve-se ter certa cautela na análise e interpretação dos resultados. As diferenças das metodologias empregadas na avaliação do progresso genético, as épocas e os períodos considerados, entre outros, nem sempre permitem comparação ou interpretação satisfatória (Abbud, 1991).

Para a avaliação do progresso genético, podem ser utilizadas algumas estratégias, entre elas: avaliação das populações dos diferentes ciclos; avaliação das famílias dos diferentes ciclos, utilizando testemunhas comuns ou avaliação simultânea das melhores famílias de cada ciclo; e avaliação das linhagens dos diferentes ciclos, também utilizando testemunhas comuns ou a partir da avaliação simultânea das melhores linhagens de cada ciclo. Como, em plantas autógamas, o produto final do melhoramento são as linhagens, a principal alternativa para avaliar o progresso seria o emprego dessas linhagens obtidas a cada ciclo.

Assim, o objetivo do trabalho foi obter e comparar estimativas de ganho genético para produtividade de grãos em um programa de seleção recorrente no melhoramento de feijão carioca da UFV, por meio das seguintes metodologias: avaliação das famílias dos diferentes ciclos, utilizando testemunhas comuns,

avaliação simultânea das melhores famílias de cada ciclo e avaliação simultânea das melhores linhagens de cada ciclo.

2. Material e Métodos

2.1 Condução dos experimentos

Os experimentos foram conduzidos na Estação Experimental de Coimbra, pertencente ao Departamento de Fitotecnia da Universidade Federal de Viçosa (UFV), a 715 m de altitude, nas coordenadas 20°50'30" de latitude S e 42°48'30" de longitude W.

A adubação e os tratos culturais foram realizados conforme recomendado para a cultura na região (RAMALHO, et al. 2014).

2.2 Material genético utilizado (estabelecimento do programa de seleção recorrente)

Para este trabalho foram utilizados dados do programa de seleção recorrente de feijão carioca que vem sendo conduzido na UFV desde 2012. A população base (C_0) foi obtida pela combinação de 20 genitores de grãos tipo carioca, portadores de fenótipos favoráveis para os caracteres produtividade de grãos (PROD), arquitetura de plantas (ARQ) e aspecto de grão (AG) (Tabela 1), que são de interesse agrônomo. Inicialmente, os genitores foram cruzados em esquema de dialelo circulante, de modo que cada genitor participasse de cruzamentos com dois outros genitores (Bearzoti, 1997). Assim, a população base (C_0) foi constituída por 20 cruzamentos biparentais. A população do C_1 foi obtida pela recombinação das 20 melhores famílias $F_{2:5}$ do C_0 . A melhor família de cada cruzamento biparental, que deu origem a população do C_0 , foi cruzada com duas outras, gerando 20 novas populações, ou seja, populações oriundas de cruzamentos duplos.

Tabela 1. Descrição da escala de notas de arquitetura de plantas (ARQ) e aspecto de grãos (AG) de Ramalho et al. (1998)

Notas	Descrição	
	ARQ	AG
1	Planta ereta com uma haste e poucas ramificações	Típicos grãos Carioca: cor creme com estrias marrom-claras, fundo claro, sem halo, grãos não achatados
2	Planta ereta com algumas ramificações e guia curta	Grãos do tipo carioca com deficiência em uma característica em relação ao padrão (Nota 1)
3	Planta semiprostrada com ramificações e guia mediana	Grãos do tipo carioca com deficiência em duas características em relação ao padrão (Nota 1)
4	Planta prostrada com ramificações e guia longa	Grãos do tipo carioca com deficiência em três características em relação ao padrão (Nota 1)
5	Planta completamente prostrada com muitas ramificações e guias muito longas	Grãos totalmente fora do padrão do tipo carioca

Em cada ciclo foram derivadas famílias em F_2 e as progênies avaliadas por três gerações ($F_{2:3}$, $F_{2:4}$ e $F_{2:5}$), de modo a identificar as melhores famílias para recombinação e extração de linhagens. Também foram conduzidos experimentos para avaliação simultânea das melhores famílias de cada ciclo e das melhores linhagens de cada ciclo, visando avaliar o progresso genético de um ciclo de seleção recorrente.

2.3 Estimativa do progresso genético com base na avaliação das famílias dos ciclos C_0 e C_1 em experimentos distintos.

De cada população F_2 , tanto no C_0 quanto no C_1 , foram derivadas 19 progênies e estas avaliadas por três gerações ($F_{2:3}$, $F_{2:4}$ e $F_{2:5}$). Em $F_{2:3}$ foram utilizadas como testemunhas as seguintes cultivares: BRSMG Pioneiro, VC4, Ouro Negro, Talismã, Pérola, Valente, Requite, BRSMG Majestoso, Grafite, Expedito, Pontal, Ouro Vermelho, Supremo, Campeiro, Radiante, Jalo EEP 558, Carnaval, VC6, BRSMG Madrepérola e Horizonte. Já na avaliação das famílias $F_{2:4}$ e $F_{2:5}$ foram utilizadas somente 9 das 20 testemunhas utilizadas na geração $F_{2:3}$. O progresso genético foi estimado com base no desempenho das famílias das gerações $F_{2:3}$ (safras do inverno de 2007 e 2010), $F_{2:4}$ (safras da “seca” de 2008 e 2011) e $F_{2:5}$ (safras do inverno de 2008 e 2011) dos ciclos C_0 e C_1 . Detalhes a respeito desses experimentos são apresentados na tabela 2.

Tabela 2. Detalhes experimentais da avaliação das famílias (F_{2:3}, F_{2:4} e F_{2:5} do C₀ e C₁)

Experimentos / Gerações (C ₀)			
	F _{2:3}	F _{2:4}	F _{2:5}
Nº de Famílias	380	160	40
Nº de Testemunhas	20	9	9
Delineamento	Látice 20 x 20	Látice 13 x 13	Látice 7 x 7
Nº de Repetições	2	3	3
Experimentos / Gerações (C ₁)			
	F _{2:3}	F _{2:4}	F _{2:5}
Nº de Famílias	380	160	40
Nº de Testemunhas	20	9	9
Delineamento	Látice 20 x 20	Látice 13 x 13	Látice 7 x 7
Nº de Repetições	2	3	3

Foram realizadas análises de variância individuais considerando as gerações (F_{2:3}, F_{2:4} e F_{2:5}) em cada ciclo. Posteriormente procederam-se as análises de variância agrupadas (CRUZ, 2006) para cada geração considerando os dois ciclos e com base nas médias ajustadas de produtividade de grãos, arquitetura de planta e aspecto de grãos foram estimados os ganhos genéticos (PG), conforme apresentado a seguir:

$$PG(\%) = \left(\frac{\bar{X}C_1 - \bar{X}C_0}{\bar{X}C_0} \right) \cdot 100$$

Em que:

$\bar{X} C_0$ = média das famílias do C₀

$\bar{X} C_1$ = média das famílias do C₁

2.4 Estimativa do progresso genético com base na avaliação simultânea das melhores famílias dos ciclos C₀ e C₁

A estimativa do PG foi realizada comparando-se as 40 melhores famílias selecionadas de cada ciclo. As famílias do C₀ (F_{2:6}) foram multiplicadas, juntamente com as famílias do C₁ (F_{2:6}), visando padronizar a idade das sementes para fins de comparação. Foi conduzido um experimento em blocos casualizados, com três repetições e parcelas de 2 linhas de 2 metros, compreendendo 80 famílias (40 famílias do C₀ e 40 famílias do C₁) e nove testemunhas (BRSMG Pioneiro, Ouro Negro, BRSMG Talismã, Pérola, Requite, BRSMG Majestoso, VC6, BRSMG Madrepérola e Horizonte). Este experimento foi conduzido nas safras do inverno e das águas de 2011. Nas duas safras avaliaram-se arquitetura de plantas, produtividade e aspecto de grãos.

Inicialmente, foram realizadas as análises de variância individuais. Para as características comuns às duas safras foram realizadas análises conjuntas. Foi estimado o progresso genético considerando cada safra individualmente e com base na análise conjunta.

Utilizou-se o seguinte estimador para o progresso genético (PG):

$$PG(\%) = \left(\frac{\bar{X}C_1 - \bar{X}C_0}{\bar{X}C_0} \right) \cdot 100$$

Em que:

$\bar{X}C_0$ = média das 40 famílias do C_0

$\bar{X}C_1$ = média das 40 famílias do C_1

2.5 Estimativa do progresso genético com base na avaliação simultânea das linhagens dos ciclos C_0 e C_1

Para estimar o progresso genético a partir de linhagens, foram derivadas 108 linhagens das 12 melhores famílias $F_{2:7}$, em cada ciclo. As 216 linhagens e nove testemunhas foram avaliadas simultaneamente nas safras da seca e inverno de 2015 e seca de 2018. Os tratamentos foram dispostos em um látice quadrado (15x15), com duas repetições. As parcelas foram constituídas de duas linhas de 2 metros, espaçadas de 0,5 m. Os caracteres avaliados foram: arquitetura de plantas, produtividade e aspecto de grãos.

2.6 Análises estatísticas

Para todas as gerações, os dados foram analisados individualmente, considerando os efeitos de tratamentos e a média como fixos, conforme modelo estatístico:

$$Y_{ijl} = m + t_i + b_j + P_{l(i)} + e_{ijl}$$

em que:

Y_{ijl} : valor observado na parcela que recebeu o tratamento i , no bloco l , dentro da repetição j ;

m : média geral do experimento;

t_i : efeito do tratamento i , sendo ($i = 1, 2, \dots, n$);

b_j : efeito da repetição j , sendo $j = 1$ e 2 na $F_{2:3}$ e $j = 1, 2$ e 3 nas demais gerações.

$Pl(j)$: efeito do bloco l dentro da repetição j , sendo $l = 1, 2, 3, \dots, n$

e_{ijl} : erro experimental associado à observação Y_{ijl} , assumindo que os erros são independentes e normalmente distribuídos, com média zero e variância σ^2 . Quando ocorreu efeito significativo de tratamentos, este foi decomposto em famílias e testemunhas.

No caso das análises conjuntas, estas foram realizadas utilizando as médias ajustadas dos tratamentos, conforme Ramalho et al. (2005). Inicialmente, foi aplicado o teste de Hartley, certificando-se da homogeneidade de variância do erro, indicando a possibilidade de realização da análise conjunta. O modelo adotado, considerando todos os efeitos fixos, exceto o efeito de bloco e o erro médio, é apresentado a seguir:

$$Y_{ijk} = m + t_i + b_j(k) + a_k + (ta)_{ik} + \bar{e}_{ijk}$$

em que:

Y_{ijk} : valor observado na parcela que recebeu o tratamento i , na repetição j , na geração k ;

m : média geral do experimento;

t_i : efeito do tratamento i , sendo $i = 1, 2, \dots, n$;

$b_j(k)$: efeito da repetição j dentro da geração k , sendo $j = 1, 2$ e 3 .

a_k : efeito da geração k , sendo $k = 1, 2$;

$(ta)_{ik}$: efeito da interação entre o tratamento i e a geração k ;

\bar{e}_{ijk} : erro médio associado à observação Y_{ijk} , assumindo que os erros são independentes e normalmente distribuídos, com média zero e variância σ^2 .

Para realização das análises foram utilizados os recursos computacionais do programa GENES (CRUZ, 2013).

3. Resultados

3.1 Progresso genético com base na avaliação de famílias de cada ciclo em experimentos distintos

Nas tabelas 3 e 4 são apresentados os resumos das análises de variância individuais referentes às avaliações das famílias $F_{2:3}$, $F_{2:4}$ e $F_{2:5}$, dos ciclos C_0 e C_1 , quanto aos caracteres produtividade de grãos (PROD), aspecto de grãos (AG) e arquitetura de planta (ARQ). Com relação as gerações nos dois ciclos C_0 e C_1 , os coeficientes de variação experimental variaram de 9,9 a 16,9%, indicando boa

precisão experimental. As médias das famílias avaliadas com relação aos caracteres estudados apresentaram resultados satisfatórios em ambos os ciclos.

Observou-se efeito significativo de famílias para PROD e AG nos diferentes ciclos (C_0 e C_1) e gerações ($F_{2:3}$, $F_{2:4}$ e $F_{2:5}$). Para ARQ, houve efeito significativo ($P < 0,01$) de famílias, exceto no experimento em $F_{2:5}$ no ciclo C_1 . No ciclo C_0 , a média das famílias se equiparou à média das testemunhas quanto à produtividade (Tabela 3). Já no ciclo C_1 , essas famílias, em média, superaram as testemunhas para o mesmo caractere (Tabela 4), indicando que as famílias do ciclo C_1 são superiores às do ciclo C_0 quanto ao potencial de produção. Quanto ao caractere AG, houve diferença significativa ($P < 0,01$) nas três gerações para ambos os ciclos, tanto para famílias quanto para o contraste F vs. Test, com valores das médias das famílias superiores as testemunhas. Para ARQ, houve diferença entre famílias na maioria das gerações, exceto em $F_{2:5}$ no ciclo C_1 .

Tabela 3. Resumo das análises de variância individuais referente à produtividade de grãos, kg/ha (PROD), aspecto de grãos (AG) e arquitetura de plantas (ARQ) avaliados em famílias F_{2:3}, F_{2:4} e F_{2:5} do ciclo C₀

Fontes de Variação	GL	Quadrados Médios (F _{2:3})		
		PROD	AG	
Tratamentos (T)	399	551529,094**	1,190**	
Famílias (F)	379	543561,330**	0,811**	
Testemunhas (Test)	19	731772,192*	6,728**	
F vs. Test	1	146692,585 ^{ns}	39,683**	
Resíduo	361	246812,457	0,099	
Média das Famílias		3313	2,8	
Média das Testemunhas		3267	3,6	
CV (%)		15	11	
Fontes de Variação	GL	Quadrados Médios (F _{2:4})		
		PROD	AG	ARQ
Tratamentos (T)	168	481005,515**	0,571**	0,332**
Famílias (F)	159	493267,113**	0,449**	0,334**
Testemunhas (Test)	8	261387,250 ^{ns}	2,759**	0,312*
F vs. Test	1	288357,510 ^{ns}	2,483**	0,228 ^{ns}
Resíduo	336	190519,627	0,142	0,132
Média das Famílias		3505	2,3	3,5
Média das Testemunhas		3399	2,7	3,6
CV (%)		12,5	16	10,3
Fontes de Variação	GL	Quadrados Médios (F _{2:5})		
		PROD	AG	ARQ
Tratamentos (T)	48	2644656,264**	0,891**	0,552**
Famílias (F)	39	2390418,580**	0,297**	0,400**
Testemunhas (Test)	8	4154527,771**	3,168**	1,041**
F vs. Test	1	480953,878 ^{ns}	5,862**	2,552**
Resíduo	96	184771,424	0,091	0,115
Média das Famílias		3348	2,2	2,6
Média das Testemunhas		3200	2,7	2,9
CV (%)		12,9	13,1	12,7

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

Tabela 4. Resumo das análises de variância individuais de produtividade de grãos, kg/ha (PROD), aspecto de grãos (AG) e arquitetura de plantas (ARQ) referente a avaliação das famílias F_{2:3}, F_{2:4} e F_{2:5} do C_I

Fontes de Variação	GL	Quadrados Médios (F _{2:3})		
		PROD	AG	ARQ
Tratamentos (T)	399	959668,070**	0,451**	0,443**
Famílias (F)	379	884367,831**	0,111**	0,381*
Testemunhas (Test)	19	950073,151**	3,638**	1,346**
F vs. Test	1	29680755,000**	68,985**	176,567**
Resíduo	361	300785,779	0,07	0,264
Média das Famílias		3457	2,3	3,1
Média das Testemunhas		2573	3,6	2,6
CV (%)		16	11	16,9
Fontes de Variação	GL	Quadrados Médios (F _{2:4})		
		PROD	AG	ARQ
Tratamentos (T)	168	1663096,182**	0,384**	0,306**
Famílias (F)	159	1628040,776**	0,189**	0,250**
Testemunhas (Test)	8	1518162,370**	3,384**	1,328**
F vs. Test	1	8396376,205**	7,493**	0,944**
Resíduo	336	208112,572	0,068	0,087
Média das Famílias		3551	2	2,8
Média das Testemunhas		2978	2,5	3
CV (%)		12,9	13	10,3
Fontes de Variação	GL	Quadrados Médios (F _{2:5})		
		PROD	AG	ARQ
Tratamentos (T)	48	1102167,311**	0,808**	0,263**
Famílias (F)	39	810075,660*	0,229**	0,166 ^{ns}
Testemunhas (Test)	8	1284770,313**	3,125**	0,474**
F vs. Test	1	11032922,491**	4,857**	2,381*
Resíduo	96	453751,591	0,076	0,147
Média das Famílias		4489	2,2	2,4
Média das Testemunhas		3781	2,6	2,7
CV (%)		15,4	9,9	15,7

^{ns}, ** e * Não significativo e significativo a 1% e 5% de probabilidade, respectiva pelo teste F.

Os resumos das análises de variância agrupadas por geração (F_{2:3}, F_{2:4} ou F_{2:5}) envolvendo os ciclos C₀ e C_I são apresentadas nas Tabelas 5, 6 e 7, respectivamente.

À exceção da produtividade na geração F_{2:4}, foram observados efeitos significativos de experimentos para todas as gerações. Na maioria dos casos a interação testemunhas x experimentos foi significativa, indicando comportamento inconsistente das testemunhas em função da época de avaliação. Para todos os caracteres avaliados e em todas as gerações, verificou-se efeito significativo de tratamentos ajustados (P<0,01), indicando presença de variabilidade genética na população, independente da geração.

Tabela 5. Resumo da análise de variância agrupada referente a avaliação da PROD, kg/ha das famílias F_{2:3} do C₀ e C_I, inverno de 2007 e 2010, Coimbra-MG

Fontes de Variação	GL	Quadrados Médios	
		PROD	
B/E	2	25040927,645**	
Experimentos	1	4182784,752*	
Testemunhas x Experimentos	19	644865,248**	
Tratamentos Ajustados	779	824867,649**	
Resíduo	798	323238,734	
Média das Famílias		3378	
Média das Testemunhas		3044	
CV (%)		16,9	

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

Tabela 6. Resumo das análises de variância agrupadas referente a avaliação da PROD, kg/ha, arquitetura de plantas (ARQ) e aspecto de grãos (AG) das famílias F_{2:4} do C₀ e C_I, safras da seca 2008 e 2011, Coimbra-MG

Fontes de Variação	GL	Quadrados Médios		
		PROD	ARQ	AG
Blocos	4	1832931,895**	1,739**	0,223 ^{ns}
Experimentos	1	115477,358 ^{ns}	112,667**	30,548**
Testemunhas x Experimentos	8	1097076,018*	0,397*	0,175 ^{ns}
Tratamentos Ajustados	328	1071440,479**	0,318**	0,485**
Resíduo	672	199316,099	0,110	0,105
Média das Famílias		3528	3,2	2,2
Média das Testemunhas		3188	3,3	2,6
CV (%)		12,7	10,4	14,9

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

Tabela 7. Resumo das análises de variância agrupadas referente a avaliação da PROD, kg/ha, arquitetura de plantas (ARQ) e aspecto de grãos (AG), das famílias F_{2:5} de C₀ e C₁, safras do inverno 2008 e de 2011, Coimbra-MG

Fontes de Variação	GL	Quadrados Médios		
		PROD	ARQ	AG
Blocos/ E	4	2636946,901**	0,430**	0,088 ^{ns}
Experimentos (E)	1	84673797,279**	3,375**	0,412*
Testemunhas x Experimento	8	1986658,469 *	0,137 ^{ns}	0,185*
Tratamentos Ajustados	88	1786540,485 **	0,402**	0,883**
Resíduo	192	278534,973	0,118	0,071
Média das Famílias		3940	2,5	2,2
Média das Testemunhas		3491	2,8	2,7
CV (%)		13,7	13,4	11,7

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

Considerando as médias ajustadas das análises agrupadas por geração (Tabelas 5, 6 e 7) foram obtidas estimativas de PG para os caracteres avaliados em cada geração. Quanto à produtividade, a estimativa do PG foi de aproximadamente 24,14 e 17%, com base em famílias F_{2:3}, F_{2:4} e F_{2:5}, respectivamente (Tabela 8). Na geração F_{2:4}, além do ganho em produtividade, houve também ganho de 13% para o aspecto de grãos. Com relação ao caractere ARQ, foi observado um ganho de 3,1 % em F_{2:4}, já para a geração F_{2:5} não houve ganho.

Tabela 8. Médias de produtividade de grãos, kg/ha (PROD), aspecto de grãos (AG), arquitetura de plantas (ARQ) e testemunhas (Test) com seus respectivos progressos genéticos (PG), oriundas da análise agrupada com testemunhas comuns, nas gerações F_{2:3}, F_{2:4} e F_{2:5}

Geração	Ciclo	PROD	AG	ARQ
		Médias	Médias	Médias
F _{2:3}	C ₀	3021	-	-
	C ₁	3736	-	-
	Test	3044	-	-
	PG(%)	23,7	-	-
F _{2:4}	C ₀	3295	2,3	3,2
	C ₁	3762	2,0	3,1
	Test	3189	2,6	3,3
	PG(%)	14,2	-13,0	-3,1
F _{2:5}	C ₀	3639	2,2	2,3
	C ₁	4242	2,2	2,3
	Test	3491	2,7	2,5
	PG(%)	16,6	0	0

3.2 Progresso genético com base na avaliação simultânea das melhores famílias de cada ciclo

Foi observado que para produtividade houve efeito significativo de famílias nas duas safras. Para aspecto de grãos, avaliado na safra de inverno (Tabela 9) também houve diferença significativa entre as famílias. Não foram observadas diferenças significativas entre famílias para arquitetura de plantas em ambas as safras. O contraste F vs. Test foi significativo para produtividade, aspecto de grãos e arquitetura de plantas somente no inverno 2011. Na safra das águas 2011, o contraste F vs. Test foi não significativo para todos os caracteres avaliados (Tabela 10). Em média, as famílias foram superiores às testemunhas quanto a praticamente todos os caracteres, exceto para arquitetura de plantas em que as médias foram iguais.

Tabela 9. Resumo das análises de variância individuais referente à produtividade de grãos, kg/ha (PROD), aspecto de grãos (AG) e arquitetura de plantas (ARQ) avaliados nas 40 melhores famílias de cada ciclo (C₀ e C₁) avaliados simultaneamente na safra de inverno

Fontes de Variação	GL	Quadrados Médios		
		Produtividade de grãos	Aspecto de grãos	Arquitetura de plantas
Tratamentos (T)	88	929456,754**	0,510**	0,213**
Famílias (F)	79	807796,159*	0,197**	0,161 ^{ns}
Testemunhas (Test)	8	1284770,313**	3,125**	0,474**
F vs. Test	1	7698135,270*	4,355**	2,300*
Resíduo	176	425538,383	0,067	0,130
Média das Famílias		4344	2,2	2,4
Média das Testemunhas		3781	2,6	2,7
CV (%)		15,2	11,7	14,9

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

Tabela 10. Resumo das análises de variância individuais referente à avaliação da produtividade de grãos, kg/ha (PROD) e arquitetura de plantas (ARQ) das 40 melhores famílias do (C₀ e C₁), avaliadas simultaneamente na safra das águas

Fontes de Variação	GL	Quadrados Médios	
		Produtividade de grãos	Arquitetura de plantas
Tratamentos (T)	88	603438,408**	0,064 ^{ns}
Famílias (F)	79	554217,700**	0,068 ^{ns}
Testemunhas (Test)	8	1151972,977*	0,023 ^{ns}
F vs. Test	1	103597,819 ^{ns}	0,484 ^{ns}
Resíduo	176	222959,87	0,068
Média das Famílias		2756	2,6
Média das Testemunhas		2691	2,6
CV (%)		17,2	10

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

De acordo com a análise de variância conjunta das safras do inverno e das águas de 2011, foi detectado para todas as características avaliadas que houve efeito significativo da fonte de variação famílias, indicando presença de variabilidade genética na população. A interação famílias x safras foi não significativa para produtividade de grãos e arquitetura de planta. Já a interação FC₀ vs. FC₁ x safras foi não significativa para todos os caracteres avaliados. As famílias do C₁ mostraram comportamento superior às do C₀ quanto a produtividade de grãos (Tabela 11).

Tabela 11. Resumo das análises de variância conjuntas de PROD, kg/ha e ARQ, referente a avaliação das melhores famílias F_{2:6} do (C₀ e C₁), avaliadas simultaneamente

Fontes de Variação	GL	Quadrados Médios	
		PROD	ARQ
Safras (S)	1	315717875,400 **	4,682**
Tratamentos (T)	88	1105559,131**	0,174*
Famílias (F)	79	950537,015 **	0,154**
Famílias C ₀ (FC ₀)	39	1052000,002 **	0,242**
Famílias C ₁ (FC ₁)	39	608848,790 **	0,069 ^{ns}
FC ₀ vs. FC ₁	1	10319321,286 **	0,013 ^{ns}
Testemunha (Test)	8	2175360,106 *	0,291**
F vs. Test	1	4793878,241 *	0,840**
T x S	88	427336,000 *	0,103 ^{ns}
F x S	79	411476,864 ^{ns}	0,075 ^{ns}
FC ₀ x S	39	411994,613 ^{ns}	0,065 ^{ns}
FC ₁ x S	39	426098,285 ^{ns}	0,085 ^{ns}
FC ₀ vs. FC ₁ x S	1	178950,730 ^{ns}	0,033 ^{ns}
Test x S	8	261383,248 ^{ns}	0,206*
F vs. Test x S	1	62691465,350**	7,796**
Resíduo	352	324249,126	0,099
Média Famílias C ₀		3404	2,5
Média Famílias C ₁		3697	2,5
Média das Testemunhas		3236	2,6
CV (%)		16,2	12,5

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

O ganho genético para produtividade foi de 9 e 8% nas safras do inverno e águas de 2011, respectivamente (Tabela 12). Considerando a média das duas safras, o progresso foi de 8,6%. Para arquitetura de plantas e aspecto de grãos não houve ganho com a seleção recorrente, é possível observar que para ambos os ciclos as médias se mantiveram coincidentes. Em contrapartida, as médias de produtividade de grãos, kg/há, das famílias dos ciclos C₀ e C₁ avaliadas simultaneamente, em duas safras, variou de 2651 a 4532 kg/ha, e mostrou que as famílias do C₁ tiveram comportamento superior as do C₀.

Tabela 12. Médias de PROD, kg/ha, ARQ e AG referente a avaliação simultânea das 40 melhores famílias de cada ciclo (C_0 e C_1) e estimativas de progressos genéticos (PG), com base nas análises individuais (inverno e águas de 2011) e conjuntas, Coimbra-MG

	PROD	ARQ	AG
Ciclos		Inverno de 2011	
C_0	4157	2,4	2,2
C_1	4532	2,4	2,2
PG(%)	9,0	0	0
		Águas de 2011	
C_0	2651	2,5	-
C_1	2862	2,5	-
PG(%)	8,0	0	-
		Conjunta	
C_0	3404	2,6	-
C_1	3697	2,6	-
PG(%)	8,6	0	-

3.3 Progresso genético com base na avaliação simultânea das linhagens de cada ciclo

Considerando as análises individuais (Tabela 13), os CV's foram relativamente baixos, exceto para produtividade de grãos na seca de 2015 (24,25%). Os demais foram abaixo de 18%. Observou-se também que a eficiência do látice comparado ao delineamento de blocos casualizados, foi baixa, caracterizando maior uniformidade da área experimental.

Exceto para ARQ na safra da seca/2015, a fonte de variação linhagens foi significativa para todos os caracteres avaliados em todos os ambientes (Tabela 13). O contraste Linhagens C_0 vs. Linhagens C_1 foi significativo para PROD e AG em todas as safras. A média das linhagens do C_1 foi superior à média das linhagens C_0 em produtividade de grãos. Quanto ao aspecto de grãos, as linhagens do C_1 também foram superiores às linhagens C_0 , ou seja, apresentaram menores notas de aspecto de grãos.

Tabela 13. Resumo das análises de variância individuais referente à avaliação da produtividade de grãos, kg/ha (PROD), arquitetura de plantas (ARQ) e aspecto de grãos (AG) das linhagens do C₀ e C₁, avaliadas simultaneamente nas safras da seca e inverno 2015 e seca/2018, Coimbra-MG

Fontes de Variação	GL	Quadrados Médios					
		Produtividade de Grãos			Arquitetura de plantas		Aspecto de grãos
		Seca/2015	Inv/2015	Seca/2018	Seca/2015	Seca/2018	Seca/2018
Tratamentos	224	726353,31*	652629,17*	598037,30*	0,2972 ^{ns}	0,2866*	0,2830*
Linhagens (Lin)	215	745261,89*	642457,76*	587271,15*	0,2905 ^{ns}	0,2861*	0,2272*
Linhagens C ₀	107	725498,23 ^{ns}	515888,73 ^{ns}	625269,06*	0,3358*	0,2684 ^{ns}	0,2049*
Linhagens C ₁	107	732741,46 ^{ns}	722890,66*	467645,56 ^{ns}	0,2479 ^{ns}	0,3065**	0,2446*
Lin C ₀ vs. Lin C ₁	1	4199657,68*	5579004,18*	9321425,62*	0,0003 ^{ns}	0,0078 ^{ns}	0,7486**
Testemunhas (Test)	8	304088,81 ^{ns}	622290,13 ^{ns}	331707,34 ^{ns}	0,3768 ^{ns}	0,3010 ^{ns}	1,7442*
L vs. T	1	39124,41 ^{ns}	3082194,69*	5043414,04*	1,0951*	0,2803 ^{ns}	0,5850*
Erro efetivo	196	557429,71	393197,65	392412,33	0,2406	0,2047	0,1210
Eficiência Látice		102,94	113,76	104,73	101,25	100,53	100,96
Média linhagens		3081	3703	4240	3,41	3,13	2,51
Média testemunhas		3033	3281	3699	3,66	3,01	2,69
CV (%)		24,25	17,01	14,85	14,34	14,46	13,82

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

Na Tabela 14 encontra-se o resumo das análises de variância conjuntas dos experimentos das safras da seca e inverno 2015 e seca 2018 para produtividade de grãos e seca 2015/2018 para arquitetura de plantas. Para todas as características avaliadas, as interações envolvendo linhagens e ciclos com ambientes não foram significativas. Observou-se efeito significativo ($P < 0,05$) de linhagens para PROD e ARQ e do contraste Lin (C₀) vs. Lin (C₁) para PROD.

Na tabela 15 são apresentadas as médias de PROD, ARQ e AG das 40 linhagens de maior produtividade de grãos dos ciclos C₀ e C₁, dessas 28 são provenientes do ciclo C₁ e 12 do C₀, isso com base nos três ambientes. A produtividade de grãos variou de 4048 a 4659 kg/ha. A maior produtividade observada nas testemunhas foi 3551 kg/ha, obtida pela cultivar pérola. Para todas as linhagens, a média das notas de ARQ foram inferiores a 3,85. Quanto a qualidade do grão, na maioria das populações é possível identificar linhagens com ótimo aspecto de grãos com notas inferiores a 2,5.

Tabela 14. Resumo das análises de variância conjuntas da produtividade de grãos, kg/ha e arquitetura de plantas, referente a avaliação das linhagens do C₀ e C₁ avaliadas simultaneamente

Fontes de Variação	GL	Quadrados Médios
		Produtividade de grãos
Tratamentos	224	964139,15*
Linhagens (Lin)	215	959669,26*
Linhagens (C ₀)	107	906604,65*
Linhagens (C ₁)	107	848128,62*
Linhagens (C ₀) vs. Linhagens (C ₁)	1	18572430,93*
Testemunhas (Test)	8	470075,10 ^{ns}
Linhagens vs Testemunhas	1	5877678,50*
Ambientes	2	146277037,21*
Tratamentos x Ambientes	448	506440,30 ^{ns}
Linhagens x Ambientes	430	507660,73 ^{ns}
Linhagens (C ₀) x Ambientes	214	480025,69 ^{ns}
Linhagens (C ₁) x Ambientes	214	537574,53 ^{ns}
Linhagens (C ₀) vs. Linhagens (C ₁) x Ambientes	2	263834,32 ^{ns}
Testemunhas x Ambientes	16	394005,44 ^{ns}
(Linhagens vs. Testemunhas) x Ambientes	2	1143525,52 ^{ns}
Erro Efetivo	588	447679,87
Médias Linhagens (C ₀)		3555
Médias Linhagens (C ₁)		3794
Médias das Testemunhas		3338
CV (%)		18,69

Fontes de Variação	GL	Quadrados Médios
		Arquitetura de plantas
Tratamentos	224	0,3155*
Linhagens (Lin)	215	0,3175*
Linhagens (C ₀)	107	0,3037*
Linhagens (C ₁)	107	0,3342*
Linhagens (C ₀) vs. Linhagens (C ₁)	1	0,0055 ^{ns}
Testemunhas (Test)	8	0,2870 ^{ns}
Linhagens vs. Testemunhas	1	0,1336 ^{ns}
Ambientes	1	19,2136*
Tratamentos x Ambientes	224	0,2682 ^{ns}
Linhagens x Ambientes	215	0,2592 ^{ns}
Linhagens (C ₀) x Ambientes	107	0,3005*
Linhagens (C ₁) x Ambientes	107	0,2202 ^{ns}
Linhagens (C ₀) vs. Linhagens (C ₁) x Ambientes	1	0,0025 ^{ns}
Testemunhas x Ambientes	8	0,3909 ^{ns}
(Linhagens vs. Testemunhas) x Ambientes	1	1,2417*
Erro Efetivo	392	0,2227
Médias Linhagens (C ₀)		3,27
Médias Linhagens (C ₁)		3,28
Médias das Testemunhas		3,33
CV (%)		14,40

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

Tabela 15. Médias de produtividade de grãos, em kg/ha (PROD), aspecto de grãos (AG) e arquitetura de plantas (ARQ) das 40 linhagens mais produtivas

Linhagens	Ciclo	Médias		
		PROD	ARQ	AG
68	C ₁	4659	3,13	3,26
121	C ₀	4634	3,01	2,22
89	C ₁	4609	3,11	2,47
132	C ₁	4416	3,52	3,23
59	C ₁	4394	3,24	2,22
175	C ₀	4378	3,01	1,98
158	C ₁	4366	3,36	2,25
100	C ₀	4347	2,89	1,98
70	C ₁	4333	3,40	1,99
192	C ₁	4325	3,55	2,29
20	C ₁	4324	3,24	2,77
143	C ₁	4302	3,36	2,29
47	C ₁	4296	3,13	2,49
137	C ₁	4281	3,25	2,29
199	C ₁	4279	3,37	1,76
13	C ₁	4275	3,11	2,43
120	C ₁	4257	3,37	2,54
4	C ₀	4242	3,01	2,73
44	C ₁	4226	3,73	2,74
145	C ₁	4226	3,12	2,52
34	C ₁	4216	2,88	3,01
148	C ₁	4208	2,99	2,23
217	C ₀	4190	3,02	2,25
216	C ₁	4188	3,01	2,52
81	C ₀	4184	3,26	3,00
147	C ₀	4166	3,39	2,03
25	C ₁	4155	3,85	2,00
168	C ₁	4130	3,62	3,25
108	C ₁	4120	3,38	2,04
179	C ₀	4119	3,37	2,48
117	C ₁	4113	3,28	2,03
125	C ₁	4091	3,02	2,24
91	C ₁	4090	3,01	2,98
160	C ₁	4082	3,50	2,23
155	C ₁	4058	3,01	2,50
220	C ₁	4058	3,00	1,99
144	C ₀	4055	2,74	2,02
157	C ₀	4051	2,76	2,24
88	C ₀	4050	2,99	2,19
174	C ₀	4048	3,37	2,99
Pérola		3551	3,00	2,50
Madrepérola		3465	3,50	2,00

Com relação aos resultados, com base nas melhores linhagens de cada ciclo avaliadas simultaneamente, o PG variou de 6,3 a 7,1% para produtividade de grãos, já na análise conjunta esse valor foi de 6,7%, para AG o ganho de apenas uma safra foi – 3,2% (Tabela 16).

Tabela 16. Progresso genético (PG) de um ciclo de seleção recorrente com base na avaliação simultânea das linhagens de cada ciclo (C₀ e C₁) para PROD, kg/ha e AG

Safra	Média de PROD (kg/ha)			Média de AG		
	C ₀	C ₁	PG (%)	C ₀	C ₁	PG (%)
Seca/2015	2982	3180	6,6	-	-	-
Inv/2015	3590	3817	6,3	-	-	-
Seca/2018	4093	4387	7,1	2,55	2,47	-3,2
Conjunta	3555	3795	6,7	-	-	-

Visando verificar a quantidade de linhagens selecionadas de cada ciclo, na tabela 17, foram designadas as 40 linhagens mais produtivas (40⁺) com base na produtividade de grãos, aspecto de grãos e arquitetura de plantas, e observou-se que para PROD em todos os ambientes as linhagens do ciclo C₁ foram em maior quantidade, para AG foi obtido o mesmo resultado para o ambiente três e para ARQ esses números na conjunta foram equiparados.

Tabela 17. Número de linhagens por ciclo entre as 40 melhores classificadas (40⁺) para produtividade de grãos, kg/ha (PROD), aspecto de grãos (AG) e arquitetura de plantas (ARQ)

	40 ⁺ (PROD)		40 ⁺ (AG)		40 ⁺ (ARQ)	
	C ₀	C ₁	C ₀	C ₁	C ₀	C ₁
AMB 1	15	25	-	-	20	20
AMB 2	11	29	-	-	17	23
AMB 3	14	26	17	23	-	-
Conjunta	12	28	-	-	20	20

4. Discussão

Com relação ao progresso genético não foram encontrados trabalhos na literatura sobre qual a melhor estratégia para estimá-lo em programas de seleção recorrente no melhoramento de plantas autógamas. O melhor método vai de encontro

às expectativas dos melhoristas, objetivos, tempo e recursos financeiros, para a partir de então verificar qual metodologia será mais eficaz e que trará resultados de ganhos mais fidedignos.

A confiabilidade dos resultados e a eficiência da seleção em programas de melhoramento dependem de uma boa precisão experimental (CARGNELUTTI FILHO et al., 2012). No presente trabalho, a precisão foi aferida pelo coeficiente de variação experimental (CV). De acordo com PIMENTEL-GOMES (1990) o coeficiente de variação é considerado baixo quando seu valor é inferior a 10%; médio, quando varia de 10% a 20%; alto, entre 20% a 30% e, muito alto, quando superior a 30%.

Os CV's obtidos nos experimentos, de modo geral, foram de baixo a médio, caracterizando boa precisão experimental (Tabelas 2, 3, 4, 5, 6, 8, 9, 10, 12 e 13). Para produtividade de grãos o CV variou de 12,5 a 24,3%. Para aspecto de grãos e arquitetura de planta os CV's situaram-se abaixo de 16%. Os coeficientes de variação observados também estão dentro de limites aceitáveis para experimentos dessa natureza segundo levantamento realizado por Marques Júnior et al. (1997).

Nos experimentos de avaliação das famílias (F) de cada ciclo com testemunhas comuns (Test), observou-se que o contraste F vs. Test foi significativo para todos os caracteres avaliados no ciclo C_1 (Tabela 3), enquanto que para o C_0 não houve a mesma resposta (Tabela 2), ou seja, no ciclo C_1 as famílias mostraram um potencial maior do que as testemunhas, evidenciando o efeito da seleção e recombinação das famílias do ciclo C_0 . Observou-se que, em média, as famílias avaliadas apresentaram bom aspecto de grãos, pois as notas nas três safras foram inferiores a 2,5. É importante salientar que a cultivar BRS Madrepérola, considerada padrão quanto ao aspecto de grãos apresentou nota 2,5.

Para estimar o progresso genético (PG), uma das estratégias utilizadas neste estudo foi com base na avaliação de famílias de cada ciclo, em experimentos distintos com testemunhas comuns. Para produtividade de grãos, a partir de avaliação de famílias $F_{2:3}$, $F_{2:4}$ e $F_{2:5}$, o ganho genético foi de 23,7%, 14,2% e 16,6%, respectivamente (Tabela 7). Na geração $F_{2:4}$, além do ganho em produtividade, houve e também um ganho de 13,0% para aspecto de grãos.

Em trabalho com progênies de feijão ($S_{0:2}$, $S_{0:3}$, $S_{0:4}$ e $S_{0:5}$) em três ciclos de SR com o uso de duas testemunhas comuns, Pires (2013) relatou um progresso genético de 6,81% para produtividade por ciclo e concluiu que nos oito ciclos de SR utilizados

no programa, conseguiram extrair linhagens superiores a testemunha “ BRS MAJESTOSO” conhecida pela alta produtividade de grãos.

Menezes Junior et al. (2008) em trabalho realizado com feijoeiro, avaliaram famílias em dois ciclos de SR com o uso testemunhas comuns, e obtiveram um ganho de 3,1% por ciclo e concluíram que, a variabilidade genética presente na população evidencia a possibilidade de se continuar obtendo sucesso com a seleção. Silva et al. (2010) estimaram o PG de 3,3% por ciclo durante oito ciclos de SR para feijão carioca na UFLA visando à obtenção de linhagens de feijão com alta produtividade, em experimentos separados com o uso de testemunhas comuns.

Como demonstrado, o uso da estratégia com testemunhas comuns, é muito recorrente, porém no presente trabalho é incorreto afirmar que, comparada a outras metodologias ela realmente é eficiente, já que quando se compara famílias, populações ou até mesmo linhagens em gerações iguais mas em épocas diferentes, o comportamento dos genótipos é influenciado por fatores externos como ocasionamento de chuvas, incidência de doenças, temperatura e outros estresses abióticos que poderão alterar os resultados dos experimentos.

Na avaliação das famílias em experimentos simultâneos, os contrastes envolvendo as famílias dos ciclos C_0 e C_1 (FC_0 vs. FC_1) foram significativos para produtividade, e não significativo para arquitetura de plantas. Assim, em relação às famílias do ciclo C_0 , as do ciclo C_1 apresentaram médias de produtividade superiores (Tabela 10). Estes resultados apontam que, em média, as famílias do ciclo C_1 são mais produtivas, e não tiveram suas notas de arquitetura de plantas alteradas em relação às populações do ciclo C_0 .

Alguns trabalhos apontam sucesso com a seleção recorrente na cultura do feijoeiro. Como exemplo, Amaro et al. (2007) estimaram progresso genético de 6,3% por ciclo para resistência a mancha-angular (*Pseudocercospora griseola*) em feijão carioca a partir da recombinação das plantas de feijoeiro mais resistentes à doença. Pires et al. (2014), recombinao plantas de arquitetura mais ereta, obtiveram ganhos de 1,62% para arquitetura de plantas por ciclo de seleção recorrente.

Quando foi avaliado o PG, estimado a partir da avaliação simultânea das melhores famílias de cada ciclo (Tabela 11), somente foram detectados ganhos para produtividade de grãos. Estes foram, respectivamente, de 9,0% e 8,0% nas safras do inverno e águas de 2011. Considerando as duas safras mencionadas, o ganho

genético médio foi de 8,6%. Apesar de não ocorrer ganhos para arquitetura de plantas todas as famílias selecionadas, tanto no C_0 quanto no C_1 , apresentaram notas menor ou igual a 2,5, portanto promissoras do ponto de vista de porte.

Quando se utiliza dessa estratégia é possível diminuir o efeito ambiental, pois admite-se que as famílias de ambos os ciclos possam receber os mesmos estresses frente as inúmeras variações ambientais, e isso pode oferecer um maior controle dos experimentos. Essa avaliação tem a finalidade de facilitar e melhorar os resultados dos materiais utilizados, mesmo que trabalhar com essa estratégia possa ser demorado.

Uma etapa importante de um programa de seleção recorrente é a extração de linhagens em cada ciclo de seleção, de modo a identificar as melhores para serem inseridas em ensaios de VCU.

Ao desdobrar a fonte de variação linhagens, observou-se diferença significativa entre os ciclos para quase todos os caracteres e ambientes, exceto ARQ na safra seca/2015, o que permite concluir que pelo menos um contraste entre médias dos diferentes ciclos é diferente de zero (Tabela 12).

Em média, as linhagens do ciclo C_1 apresentaram melhores resultados às linhagens dos ciclos C_0 quanto à produtividade de grãos (Tabela 13). Vale salientar que para ARQ as menores notas indicam plantas com porte mais ereto, o que não foi observado na tabela 13, ciclo C_1 , que obtiveram médias praticamente iguais em relação ao ciclo C_0 . Para produtividade de grãos e ARQ, a interação linhagens (C_0) vs linhagens (C_1) x ambientes foi não significativa, indicando que as linhagens apresentaram comportamento consistente nas três safras (Tabela 13).

Com relação ao PG os valores caíram de 23,7% (Testemunhas comuns) para 6,7% (avaliação simultânea com base em linhagens), e isso pode ser resultado da seleção que é feita no decorrer das gerações que propicia que esses ganhos venham diminuindo no decorrer dos avanços, porém é importante salientar que ele jamais poderá ser cessado, pois o melhorista deverá intervir de alguma forma, com estratégias diferentes em que as médias dos caracteres estudados permaneçam em constante crescimento. Esses resultados concordam com Geraldi (2000) que indicaram que, nos primeiros ciclos em um programa de seleção recorrente, encontra-se uma ampla variabilidade genética entre as famílias, sendo que, à medida

que se sucedem os demais ciclos de seleção e recombinação, a possibilidade de ganho de seleção é menor.

Para as 40 linhagens selecionadas com relação a (PROD, AG e ARQ) constatou-se que para PROD e AG o número de linhagens no ciclo C_i foi expressivo se comparado ARQ, isso deve-se a seleção no decorrer das gerações foi em maior parte, em função desses dois caracteres, e na recombinação não foram inseridos novos genitores para porte.

Ramalho et al. (2012), recomenda que as estimativas de PG devem se basear no desempenho de linhagens obtidas de cada um dos ciclos de recombinação. O mesmo autor relatou que em programas de seleção recorrente de feijoeiro, o ganho anual para produtividade de grãos fica em torno de 2%, no presente trabalho para linhagens o resultado foi um pouco acima 6,7%, o que de certa forma coincide com que encontramos na literatura em diversas culturas (Mauro et al. 1995; Botelho et al. 2007; Singh et al. 1999)

Amaro et al. (2007), em um programa de SR, verificou o progresso genético que foi estimado utilizando as sete melhores linhagens obtidas nos três primeiros ciclos seletivos e, nesse caso, a estimativa do progresso genético foi de 2,1% para a produtividade de grãos. Ramalho et al. (2003), estimaram o progresso genético no feijoeiro obtido após quatro ciclos de seleção. As cinco melhores linhagens obtidas de cada ciclo foram avaliadas conjuntamente para se estimar a eficiência da seleção recorrente quanto ao aumento da produtividade e melhoria no aspecto comercial de grãos. O ganho estimado por ciclo foi de 7,4% para produtividade e 10,5% para aspecto de grãos. O mesmo autor em um outro trabalho, avaliando famílias $F_{2:3}$ e $F_{2:4}$ e recombinando famílias $F_{2:5}$, obtiveram progresso genético de 5,7% para produtividade de grãos, estimando o PG através da avaliação das cinco melhores linhagens obtidas no final de cada ciclo (RAMALHO et al. 2005a). Com isso, podemos concluir que os resultados apresentados no presente trabalho contribuirão para a orientação e o planejamento de qual melhor estratégia para estimar PG em programas de seleção recorrente para feijoeiro, com a finalidade de obter e identificar linhagens ou famílias promissoras para novas cultivares no mercado.

É importante ressaltar, que as linhagens são o produto final em um programa de melhoramento e nesse caso, os experimentos devem ser realizados com repetições, para ter precisão suficiente e poder detectar pequenas diferenças entre as

médias das linhagens dos diferentes ciclos e dentre esses materiais, os que se destacarem possam ser incluídos em experimentos de VCU para que posteriormente os melhores sejam lançados como cultivares.

5. Conclusões

- O ganho genético para produtividade de grãos em programas de SR no feijoeiro varia de acordo com a estratégia utilizada para estimar o progresso genético, sugerindo que em estudos de estimativas de ganho genético isto deve ser levado em consideração.
- Observou-se que o ganho genético com base na avaliação simultânea das melhores linhagens de cada ciclo foi próximo ao obtido com a avaliação simultânea das melhores famílias, constituindo-se assim em boas estratégias para avaliação do progresso genético em programas de seleção recorrente de plantas autógamas.

6. Referências

ABBUD, N. S. **Melhoramento genético do arroz de sequeiro (*Oryza sativa L.*) no Estado do Paraná de 1975 a 1989**. 141f. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz, Piracicaba, SP, 1991.

AMARO, G. B; ABREU, A. F. B; RAMALHO, M. A. P; SILVA, F. B. Phenotypic recurrent selection in the common bean (*Phaseolus vulgaris L*) with carioca-type grains for resistance to the fungi *Phaeoisariopsis griseola*. **Genetics and Molecular Biology**, Viçosa, v. 30, n. 3, p. 584-588, 2007.

ANJOS, R. S. R; MARÇAL, T. S; CARNEIRO, P. C. S; CARNEIRO, J. E S. 2019. New Proposals to Estimate Unbiased Selection Gain and Coefficient of Variation in Traits Evaluated Using Score Scales. **Crop Science**. Viçosa, v.59, n. 3, p. 937-944, 2019.

ASSEFA, T; MAHAMA, A. A; BROWN, A. V; CANNON, E. K. S; RUBYOGO, J. C; RAO, I. M; BLAIR, M. W; CANNON, S. B. A review of breeding objectives, genomic resources, and marker-assisted methods in common bean (*Phaseolus vulgaris L.*). **Molecular Breeding**, v. 39, n. 2, p. 1- 23, 2019.

BEARZOTI, E. **Simulação de seleção recorrente assistida por marcadores moleculares em espécies autógamas**. 230p. Tese (Doutorado em genética e melhoramento de plantas) - Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz, Piracicaba, SP, 1997.

BOTELHO, F. B. S.; RAMALHO, M. A. P.; ABREU, A. F. B. Seleção recorrente fenotípica para florescimento precoce de feijoeiro 'Carioca'. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 42, p. 1437-1442, 2007.

CARGNELUTTI FILHO, A; ARAÚJO, M. M; GASPARIN, E; AVILA, A. L. Dimensionamento amostral para avaliação de altura e diâmetro de mudas de *Cabralea Canjerana*. **Ciência Rural**, Santa Maria, v.42, n. 7, p.1204-1211, 2012.

COMPANHIA NACIONAL DE ABSTECIMENTO. Disponível em: <<http://www.conab.org.br>>. Acesso em: 15 Out. 2019.

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

CRUZ, C. D. GENES – a software package for analysis in experimental statistics and 19 quantitative genetics. **Acta Scientiarum Agronomy**. Viçosa, v.35, p. 271-276, 2013.

GERALDI, I. O. Muestreo genético para programas de mejoramiento poblacional. In: GUIMARÃES, E. P. (Ed.). **Avances en el mejoramiento poblacional en arroz**. Santo Antônio de Goiás: Embrapa Arroz e Feijão, p. 9-19, 2000.

GERALDI, I. O. Por que realizar seleção recorrente? In: SIMPÓSIO DE ATUALIZAÇÃO EM GENÉTICA E MELHORAMENTO DE PLANTAS. Lavras. **Anais...** Lavras: UFLA, p. 1-9, 2005.

MAURO, A. O; SEDYIAMA. T; SEDYIAMA, C. S. Estimativas de parâmetros genéticos em diferentes tipos de parcelas experimentais em soja. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.30, n. 5, p. 667-672, 1995.

MARQUES JÚNIOR, O. G.; RAMALHO, M. A. P. Eficiência de experimentos com a cultura do feijão. **Ciência e Agrotecnologia**, Lavras, v. 21, Suplemento, 1997.

MELO, V. L. **Progresso genético e potencial de famílias e linhagens de dois ciclos de seleção recorrente no melhoramento de feijão vermelho**. 37 p. Dissertação (Mestrado em Fitotecnia) – Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, 2015.

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

OLMEDO, A. O. B; ELIAS, E. M; CANTRELL, R. G. Recurrent selection for grain yield in durum wheat. **Crop Science**, Madison, v. 35, n. 3, p. 714-719, 1995.

PÁDUA, P. F. **Viabilidade da condução de três ciclos de seleção recorrente visando à resistência a *Pseudocercospora griseola* no feijoeiro**. 48 p. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas) - Universidade Federal de Lavras, Lavras, 2017.

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

PIRES, L. P. M. **Seleção recorrente massal para porte ereto em feijão do tipo carioca**. 81 p. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas) - Universidade Federal de Lavras, Lavras, 2013.

PIRES, L. P. M.; RAMALHO, M. A. P.; ABREU, A. F. B.; FERREIRA, M. C. Recurrent mass selection for upright plant architecture in common bean. **Scientia Agricola**, Piracicaba, v. 71, n. 3, p. 240-243, 2014.

PRADO, A. L. **Potencial de famílias e linhagens de feijão-vermelho do Programa de Seleção Recorrente da Universidade Federal de Viçosa**. 36 p. Dissertação (Mestrado em Fitotecnia) – Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, 2014.

RAMALHO, M. A. P.; ABREU, A. F. B.; SANTOS, J. B. Genetic progress in common bean after four cycles of recurrent selection. **Annual Report of Bean Improvement Cooperative**, East Lansing, v. 46, p. 47-48, 2003.

RAMALHO, M. A. P.; FERREIRA, D. F.; OLIVEIRA, A. C. **Experimentação em genética e melhoramento de plantas**. 2. ed. Lavras: UFLA, 2005, 322 p.

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

RAMALHO, M. A. P.; ABREU, A. F. B. Cultivares. In: VIEIRA, C.; PAULA JR., T. J.; BORÉM, A. (Ed.). **Feijão**. 2. Ed. Editora UFV, Viçosa, MG, 2006. p. 415-436.

RAMALHO, M. A. P.; ABREU, A. F. B.; SANTOS, J. B.; NUNES, J. A. R. **Aplicações da genética quantitativa no melhoramento de plantas autógamas**. Lavras: UFLA, 522p, 2012.

RAMALHO, M. A. P.; ABREU, A. F. B.; GUILHERME, S. R. Informações técnicas para o cultivo do feijoeiro-comum na Região Central-Brasileira: 2015-2017. In: REUNIÃO DA COMISSÃO TÉCNICA CENTRAL BRASILEIRA DE FEIJÃO. **Anais...** Lavras: UFLA, 2014.

RANALLI, P. Phenotypic recurrent selection in common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) based on performance of S₂ progenies. **Euphytica**, Wageningen, v.87, n.2, p.127-132, 1996.

SALVADOR, F. V. **Seleção recorrente no melhoramento do feijoeiro: otimização das etapas de seleção e recombinação de progênies**. 74 p. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, 2018.

SILVA, G. S; RAMALHO, M. A. P; ABREU, A. F. B; NUNES, J. A. R. Estimation of genetic progress after eight cycles of recurrent selection for common bean yield. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, Viçosa, v. 10, n. 4, p. 351-356, 2010.

SINGH, S. P; TERÁN, H; MUNOZ, C. G; TAKEGAMI, J. C. Two cycles of recurrent selection for seed yield in common bean. **Crop Science**, Madison, v. 39, n. 2, p. 391-397, 1999.

SUMARNO; FEHR, W. R. Response to recurrent selection for yield in soybeans. **Crop Science**, Madison, v. 22, n. 2, p. 295-299, 1982.

VENCOVSKY, R; RAMALHO, M. A. P. Contribuições do melhoramento genético no Brasil. In: **Paterniani E (Org.) Ciência, agricultura e sociedade**, 1 ed. Brasília, EMBRAPA. p. 41-74, 2006.

WERNER, B. K; WILCOX, J. R. Recurrent selection for yield in *Glycine max* using genetic male-sterility. **Euphytica**, Wageningen, v.50, n.1, p.19-26, 1990.

CAPÍTULO 2

USO DO ÍNDICE DISTÂNCIA GENÓTIPO-IDEÓTIPO E MULTIPLICATIVO PARA A SELEÇÃO DE LINHAGENS DE FEIJÃO

RESUMO

Este trabalho teve como objetivos avaliar o potencial de linhagens do feijoeiro e comparar os índices distância genótipo-ideótipo e multiplicativo para seleção de linhagens elites. Foram avaliadas 216 linhagens de feijão carioca, derivadas das 12 melhores famílias $F_{2:7}$ dos ciclos C_0 e C_1 . O experimento foi conduzido na Estação Experimental de Coimbra, Coimbra-MG, pertencente ao Departamento de Fitotecnia-UFV, nas safras seca e inverno de 2015 e seca-2018. Foi utilizado o delineamento em látice quadrado com duas repetições. Cada parcela foi constituída de duas linhas de dois metros de comprimento, espaçadas em 0,5 m. Os caracteres avaliados foram: arquitetura de planta, aspecto comercial de grãos e produtividade de grãos (PG, kg ha^{-1}). Os dados foram submetidos às análises de variância individuais e conjuntas. Para a seleção de linhagens, foram utilizados os índices distância genótipo-ideótipo e multiplicativo, de modo a identificar linhagens promissoras para composição de Ensaios de VCU de feijão carioca em Minas Gerais. Para produtividade de grãos, os CVs variaram de 14 a 24%; para arquitetura de plantas de 14,34 a 14,46% e para aspecto comercial de grãos ficaram em torno de 13%. Além disso, a média de produtividade de grãos foi relativamente alta em todos os experimentos, variando de 3081 a 4240 kg ha^{-1} . A interação linhagens x ambientes foi não significativa, indicando que as linhagens se comportaram de forma consistente nos diferentes ambientes. Observou-se que entre as 20 linhagens selecionadas pelo índice distância genótipo-ideótipo e multiplicativo, oito foram coincidentes em ambos (70, 88, 96, 100, 144, 188, 209 e 220). Conclui-se que a linhagem nº 100 destacou-se entre as demais, portanto mostrou-se promissora para compor os futuros Ensaios de VCU do estado de Minas Gerais; e que os índices distância genótipo-ideótipo e multiplicativo se mostraram eficientes na seleção de linhagens que reúnam fenótipos de interesse de forma mais equilibrada.

ABSTRACT

The objective of this work was to evaluate the potential of common beans inbred lines and to compare two selection indexes normally used in the improvement of common beans. 225 carioca beans lines were evaluated, obtained by selecting the 12 best F_{2:7} families from the CI. The experiment was conducted at the Experimental Station of Coimbra, Coimbra-MG, belonging to the Department of Fitotechnics-UFV, in the dry and winter seasons of 2015 and dry-2018. A square lattice design with two replications was used. Each plot consisted of two lines of two meters long, spaced 0.5 m apart. The evaluated characters were: plant architecture, commercial aspect of grains and grain yield (PG, kg h⁻¹). The data were submitted to individual and joint analyzes of variance. For the selection of strains, the genotype-ideotype and multiplicative distance indices were used, which enables balanced gains for all characteristics and subsequently to identify 20 promising strains for the composition of VCU assays of carioca beans in Minas Gerais. For grain productivity, CVs ranged from 14 to 24%; for plant architecture from 14.34 to 14.46% and for commercial grain aspect around 13%. In addition, the average grain yield was relatively high in all experiments, ranging from 3081 to 4240 kg ha⁻¹. The interaction between lines and environments was not significant, showing that they had consistent results in the different environments evaluated. It was observed that among the 20 strains selected by the genotype-ideotype and multiplicative distance index, eight were coincident in both (70, 88, 96, 100, 144, 188, 209 and 220). Thus, it is concluded that the lineage n^o 100 stood out among the others by the two studied indices, and it was shown to be promising to compose the future VCU Tests of the state of Minas Gerais. And it was observed that the genotype-ideotype and multiplicative distance indices proved to be efficient in the selection of strains that gather phenotypes of interest in a more balanced way.

1. Introdução

O feijão-comum (*Phaseolus vulgaris* L.) destaca-se por sua importância econômica e social sendo considerado um alimento básico para as populações de diversas nações no mundo, em especial aquelas em desenvolvimento (SCHMUTZ et al., 2014). Esta espécie atua como importante fonte de proteína, além de fornecer vitaminas, fibras e minerais (DE LA FUENTE et al., 2011). Além disso, o feijão é um dos produtos agrícolas de maior importância econômico-social, devido especialmente à mão-de-obra empregada desde o preparo para a semeadura até chegar ao produto final.

Segundo dados da FAO (2020), o Brasil é o maior produtor mundial de feijão, com uma produção média anual de 3,4 milhões de toneladas (CONAB, 2019). Esse resultado é devido à boa adaptação da cultura do feijoeiro às mais variadas condições edafoclimáticas do país, podendo ser cultivado em três épocas de semeadura: safra das “águas” (primeira safra), com plantio nos meses de outubro e novembro; safra da “seca” (segunda safra), com plantio de fevereiro a março; e safra de outono/inverno ou feijão irrigado (terceira safra), com plantio de abril a junho (ARAÚJO; CAMELO, 2015).

Diferentes tipos de feijões são cultivados no país, dentre eles pode-se citar feijões dos tipos carioca, preto, roxo, mulatinho, caupi, vermelho e manteigão (VIEIRA et al., 2005). No entanto, destaca-se o feijão do tipo carioca, que é aceito em praticamente todo o Brasil, respondendo por 52% da área cultivada com feijão (MAPA, 2019) e por 79% dos tipos de feijão consumidos no país (CARNEIRO et al., 2012).

A produção brasileira de feijão é proveniente, principalmente, de áreas com baixo uso de tecnologias, especialmente de pequenos agricultores, o que resulta em uma produtividade média baixa, apenas 1,626 kg/ha (CONAB, 2019). No entanto, segundo Vieira et al. (2005), a partir da década de 1980, maior aporte tecnológico passou a ser implementado com o interesse de grandes produtores na cadeia produtiva do feijoeiro por meio, por exemplo, do uso da irrigação e balanceamento na utilização de insumos. Diante dessas mudanças, os melhoristas do feijoeiro têm empenhado esforços no desenvolvimento de novas cultivares mais produtivas, porte ereto, uma vez que possibilitam a colheita mecanizada, melhor aspecto comercial de grãos (mais aceito pelos consumidores) e resistência as mais diversas doenças que

ocasionam perdas no feijoeiro como antracnose, fusarium e mofo branco (MELO et al., 2010; RAMALHO et al., 2016).

O melhoramento do feijoeiro no Brasil é realizado predominantemente por instituições públicas. Os primeiros trabalhos começaram na década de 30 pelo Instituto Agronômico de Campinas (IAC), avaliando principalmente linhagens introduzidas. Posteriormente, a Escola Superior de Agricultura e Veterinária de Viçosa (ESAV), hoje Universidade Federal de Viçosa (UFV), iniciou as pesquisas com a cultura, a cargo de Drummond & Muller. Posteriormente, a partir de 1955 o professor Clibas Vieira foi responsável pela coleta e introdução de cultivares, como a cultivar Rico 23, originária da Costa Rica, recomendada no ano de 1959 para o estado de Minas Gerias e mais tarde expandida para mais seis estados (CARNEIRO, 2002).

O início do programa de melhoramento é marcado pela seleção dos potenciais genitores, que quando cruzados darão origem às populações segregantes, na qual será empregada a seleção dos novos genótipos (BORÉM & MIRANDA 2013; BERTAN et al., 2007; PEREIRA et al., 2008). O desafio encontrado pelo melhorista se deve ao fato que os alelos que conferem os fenótipos favoráveis de diferentes características de interesse não se encontram em um único genitor (SILVA et al., 2013).

Segundo o exemplo de Ramalho (1997), que considera quatro genitores e um caráter controlado por 11 genes, a probabilidade de obter um indivíduo com todos os alelos favoráveis, em homozigose ou heterozigose, é de $1/49152$ na geração F_2 e $1/360448$ na F_3 . Com o decorrer das autofecundações, essa probabilidade é praticamente nula. Além do mais, com o decorrer das gerações e das autofecundações sucessivas, caso um alelo favorável não esteja presente, ele nunca irá ocorrer junto com os demais. Considerando que a maioria dos caracteres de importância econômica, como produtividade, são governados por muitos genes, observa-se que a dificuldade da utilização dos cruzamentos múltiplos ainda é maior.

Para isso, uma das opções é o uso da seleção recorrente, que vem sendo utilizada com sucesso no melhoramento do feijoeiro, principalmente quando o objetivo do programa envolve múltiplos caracteres de interesse (AMARO et al., 2007; SILVA et al., 2007; MENEZES JÚNIOR et al., 2008; MENEZES JÚNIOR et al., 2013; PIRES et al., 2014).

Esta estratégia se baseia no método de melhoramento por hibridação e envolve as etapas de obtenção da população base seguida da avaliação de progênes e,

posterior seleção e recombinação de progênes superiores, visando a formação da população segregante do ciclo seguinte. Assim, o aumento da frequência de alelos favoráveis ocorre por etapas (ACQUAAH, 2007; RAMALHO et al.; 2012; BORÉM e MIRANDA, 2013). Segundo Ramalho et al. (2012), a possibilidade de extração de novas linhagens superiores e da inclusão ou substituição de genitores a cada ciclo, são outras vantagens conferidas pela utilização desta técnica.

Na fase final, após à obtenção das linhagens, deve-se identificar aquelas com potencial para comporem os Ensaios de Valor de Cultivo e Uso (VCU). Em um programa de melhoramento uma dificuldade presente é o desenvolvimento de materiais genéticos superiores que apresentem, simultaneamente, um conjunto de caracteres de interesse. Para tal, a teoria de índice de seleção é uma ferramenta que pode auxiliar nesse trabalho, ela permite combinar as múltiplas informações contidas na unidade experimental, possibilitando a seleção com base em um complexo de variáveis que reúna vários atributos de interesse econômico (CRUZ et al., 2012).

Diferentes índices identificam, de maneira rápida e eficiente, genótipos mais adequados para os objetivos do melhorista. Atualmente já se dispõem de recursos computacionais e aplicativos adequados à estimação desses índices (SANTOS; ARAÚJO, 2001; SANTOS, 2005).

Proposto por Schwarzbach (1972), o índice genótipo-ideótipo é baseado na distância euclidiana em relação a um ideótipo, que consiste em fixar um valor ideal para cada caráter, criando desse modo, um genótipo ideal, ou ideótipo. Feito isso, obtém-se a diferença entre a média de cada caráter e o valor atribuído ao ideótipo e calcula-se, para cada genótipo, uma distância em relação a esse ideótipo, sendo essa distância o próprio índice (Cruz, 2006). Assim, quanto menor a distância de um genótipo a um ideótipo, melhor classificado será o genótipo. Este índice tem a vantagem de incluir pesos econômicos para cada caráter individualmente, permitindo a possibilidade de ganhos maiores naqueles caracteres de maior importância para o melhorista.

O índice multiplicativo (SUBANDI et al., 1973), efetua a seleção exclusivamente com base em um valor mínimo aceitável para cada caráter, posteriormente classificando os genótipos para todos os caracteres simultaneamente, por não requerer o uso de pesos econômicos e estimativas de parâmetros genéticos, se torna

uma alternativa de uso prático para a seleção de caracteres na cultura do feijoeiro (GARCIA; SOUZA JÚNIOR, 1999).

Diante do exposto, os objetivos com este trabalho foram avaliar o potencial de linhagens elites de feijoeiro para composição de futuros Ensaios de VCU e comparar dois índices de seleção normalmente utilizados no melhoramento do feijoeiro para esta finalidade.

2. Material e Métodos

2.1 Condução dos ensaios

Os experimentos foram conduzidos na Estação Experimental de Coimbra, Coimbra, MG, pertencente ao Departamento de Fitotecnia da Universidade Federal de Viçosa (UFV), a 715 m de altitude, nas coordenadas 20°50'30" de latitude S e 42°48'30" de longitude W.

A adubação e os tratos culturais foram realizados conforme recomendado para a cultura na região (RAMALHO, et al. 2014).

2.2 Material genético

O presente estudo trata-se da avaliação e seleção de linhagens de feijão do tipo carioca derivadas dos ciclos C_0 e C_1 do programa de seleção recorrente (SR) da UFV. Para isso descreveremos as etapas iniciais desse programa, até a obtenção das linhagens. O programa de seleção recorrente visando o melhoramento de feijão carioca vem sendo conduzido na UFV desde 2012 (Alves, 2012). A população base (C_0) foi obtida pela combinação de 20 genitores de grãos tipo carioca (20 cruzamentos biparentais), portadores de fenótipos favoráveis para os caracteres produtividade de grãos (PROD), arquitetura de plantas (ARQ) e aspecto comercial de grãos (AG), que são de interesse agrônomo. Inicialmente, os genitores foram cruzados em esquema de dialelo circulante, de modo que cada genitor participasse de cruzamentos com dois outros genitores (Bearzoti, 1997). A população do C_1 foi obtida pela recombinação das 20 melhores famílias $F_{2:5}$ do C_0 . Assim, a melhor família de cada cruzamento biparental, que deu origem a população do C_0 , foi cruzada com duas outras, gerando 20 novas populações, ou seja, populações oriundas de cruzamentos duplos.

De cada população F_2 do C_1 foram derivadas e avaliadas 19 famílias,

totalizando 380 famílias. Essas famílias juntamente com algumas testemunhas foram avaliadas por duas gerações e assim como ciclo C_0 foi selecionada a melhor família de cada população para recombinação de modo a dar continuidade ao programa de seleção recorrente.

As melhores famílias de cada ciclo, independentemente de população, foram avançadas e avaliadas até a geração $F_{2:7}$, para derivação de linhagens. Assim, com base na produtividade, aspecto comercial de grãos e arquitetura de plantas foram derivadas e avaliadas 108 linhagens das 12 melhores famílias $F_{2:7}$, em cada ciclo. Nesse experimento foram utilizadas as seguintes testemunhas: Pérola, VC6, Ouro Negro, BRSMG Talismã, Horizonte, BRSMG Pioneiro, Majestoso, BRS Requite e BRSMG Madrepérola. Os tratamentos foram dispostos em um látice quadrado (15x15), com duas repetições, e as parcelas foram constituídas de duas linhas de 2 metros, espaçadas de 0,5 m.

2.3 Caracteres avaliados

As linhagens foram avaliadas em experimentos cuja as semeaduras foram realizadas na seca e inverno de 2015 e seca de 2018 com os seguintes caracteres avaliados: arquitetura de plantas, produtividade de grãos e aspecto comercial de grãos.

Para a avaliação da arquitetura de plantas (ARQ) foi utilizada uma escala de notas de 1 a 5, adaptada de Collicchio (1995). A nota 5 refere-se à planta do tipo IV, com internódios longos e muito prostrada; nota 4, à planta do tipo III, medianamente prostrada; nota 3, à planta do tipo II, semi-ereta, com muitas ramificações e tendendo a prostrada; nota 2, à planta do tipo II, ereta e com algumas ramificações; e nota 1, à planta do tipo I, ereta, com uma haste e com inserção alta das primeiras vagens.

Para o caractere aspecto comercial de grãos (AG) adotou-se uma escala com notas de 1 a 5 adaptada de Ramalho et al. (1998), de modo que a nota 1 refere-se ao típico grão carioca, com cor creme, estrias marrom-claras, fundo claro, sem halo e grãos não achatados. As notas 2, 3 e 4 referem-se a grãos tipo carioca com deficiência em, respectivamente, uma, duas e três das características mencionadas no padrão (nota 1). A nota 5 refere-se a grãos fora do padrão carioca.

Para determinação da produtividade média de grãos (PG) das linhagens, as parcelas foram colhidas, trilhadas e, após a retirada das impurezas, foi obtida a

produção de grãos de cada parcela para estimar a produtividade de grãos em quilogramas por hectare (kg-ha).

2.4 Análises estatísticas

Inicialmente, os dados de cada safra foram submetidos à análise de variância utilizando-se delineamento em látice quadrado, considerando os efeitos da média e tratamentos como fixos e dos blocos e erro como aleatórios. Posteriormente, foi realizada a análise de variância conjunta das duas safras (seca-2015 e seca-2018), considerando o efeito de tratamentos e safras como fixo.

O índice da distância genótipo-ideótipo fixa um valor ótimo para cada característica, construindo assim um ideótipo. Obtém-se a diferença entre a média de cada característica e o valor atribuído ao genótipo e, finalmente, calcula-se, para cada genótipo, uma distância em relação a esse ideótipo, sendo essa distância o próprio índice. Assim, tem-se:

X_{ij} = valor fenotípico médio do i -ésimo genótipo em relação à j -ésima característica;

Y_{ij} = valor fenotípico médio transformado;

C_j : = constante relativa à depreciação da média do genótipo, por não estar dentro dos padrões desejados pelo melhorista;

L_j = limite inferior a ser apresentado pelo genótipo, relativo à característica 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 $L_j \leq X_{ij} \leq LS_j$, então $Y_{ij} = X_{ij}$.

Se $X_{ij} < L_j$, $Y_{ij} = X_{ij} + VO_j - L_j - C_j$.

Se $X_{ij} > LS_j$, $Y_{ij} = X_{ij} + VO_j - LS_j + C_j$.

No procedimento é considerado $C_j = LS_j - L_j$. O valor C_j garante que qualquer valor de X_{ij} dentro do intervalo de variação em torno do ótimo resultará em um valor Y_{ij} com magnitude próxima do valor ótimo (VO_j), ao contrário dos valores de X_{ij} fora desse intervalo. Assim, a transformação de X_{ij} é realizada para garantir a depreciação dos valores fenotípicos fora do intervalo considerado ótimo do padrão a ser apresentado pelo genótipo que será selecionado.

Na definição do ideótipo, optou-se por considerar como valor ótimo a maior média observada, no caso do caráter produtividade de grãos. Em relação à arquitetura

de planta e ao aspecto de grãos, adotou-se como valor ótimo o menor valor médio observado.

Foram estabelecidos pesos econômicos iguais para todas as características avaliadas e considerados como intervalo de valores favoráveis para o melhoramento do feijoeiro os maiores e menores valores médios obtidos em cada ambiente de cada característica.

Foi utilizado também, com base nos dados de produtividade de grãos, arquitetura de planta e aspecto comercial de grãos, o índice multiplicativo (SUBANDI et al., 1973), para seleção das 20 melhores linhagens que reuniram atributos favoráveis para os vários caracteres, dado pela expressão:

$$I_{Ei} = \log \prod (x_{ij} - k_j) = \log[(x_{i1} - k_1)(x_{i2} - k_2) \dots (x_{in} - k_n)],$$

em que I_{Ei} denota o índice multiplicativo; x_{ij} é a média do caráter j , mensurado no genótipo i ; k_j é o menor valor selecionável $k_j = n(\text{mín. } x_{ij}) - \text{máx. } x_{ij} \cdot n - 1$; n é o número de genótipos, e $\text{mín. } x_{ij}$ e $\text{máx. } x_{ij}$ são, respectivamente, a menor e a maior média do caráter j .

Com base nas linhagens selecionadas pelo índice multiplicativo foram preditos os ganhos em porcentagem, GS (%), para produtividade de grãos, conforme a seguinte equação:

$$GS (\%) = \frac{h^2 * (\bar{X}_s - \bar{X}_o)}{\bar{X}_o} * 100$$

em que: \bar{X}_s é a média aritmética da característica das linhagens selecionadas; \bar{X}_o é a média aritmética da característica para todas as linhagens e h^2 é a herdabilidade da característica.

As análises genético-estatísticas foram realizadas utilizando os recursos computacionais do programa GENES (CRUZ, 2016).

3. Resultados e Discussão

3.1 Avaliação das linhagens de dois ciclos de seleção recorrente

Os resultados apresentados referem-se à avaliação de linhagens oriundas dos ciclos C_0 e C_1 do Programa de Seleção Recorrente de Feijão-Carioca da UFV. Os coeficientes de variação experimental (CVs), na maioria dos experimentos, situaram-se abaixo dos normalmente relatados na literatura para experimentos com a cultura

do feijão (MARQUES JÚNIOR; RAMALHO, 1997; MATOS; RAMALHO; ABREU, 2007).

Para produtividade de grãos, os CVs variaram de 14 a 24%; para arquitetura de plantas de 14,34 a 14,46% e para aspecto comercial de grãos em torno de 13% (Tabela 1). É importante salientar, que a precisão experimental é de suma importância para a confiabilidade dos resultados obtidos. Sabe-se que, quanto menor o erro experimental, maiores são as chances de se detectar diferenças significativas entre os tratamentos (ALVES, 2012).

Observou-se diferença significativa ($P < 0,05$) entre as linhagens quanto aos caracteres produtividade de grãos (PROD), aspecto comercial de grãos (AG) e arquitetura de plantas (ARQ). Além disso, a média de produtividade de grãos foi relativamente alta em todos os experimentos, variando de 3081 a 4240 kg ha⁻¹ (Tabela 1). O efeito não significativo entre os tratamentos ocorreu apenas na variável ARQ na safra da seca-2015.

O contraste linhagem vs. testemunha foi significativo para produtividade em duas safras, enquanto para arquitetura de planta houve efeito significativo somente na safra de seca de 2015 (Tabela 1). Para aspecto de grãos foi observado efeito significativo do contraste na safra da seca de 2018. Na maioria das safras, as linhagens produziram mais que as testemunhas, exceto para ARQ na seca-2018. De modo geral, pode-se afirmar que as linhagens avaliadas apresentaram boas respostas frente aos caracteres selecionados, sendo assim boas candidatas para seleção e posteriormente serem inseridas em ensaios de VCU.

Tabela 1. Resumo das análises de variância individuais referente à avaliação da produtividade de grãos, kg/ha¹ (PROD), arquitetura de plantas (ARQ) e aspecto comercial de grãos (AG) das linhagens do C₀ e C₁, avaliadas simultaneamente nas safras da seca e inverno 2015 e seca/2018, Coimbra-MG

Fontes de Variação	GL	Quadrados Médios					
		Produtividade de Grãos			Arquitetura de plantas		Aspecto de grãos
		Seca/2015	Inv/2015	Seca/2018	Seca/2015	Seca/2018	Seca/2018
Tratamentos	224	726353,31*	652629,17*	598037,30*	0,2972 ^{ns}	0,2866*	0,2830*
Linhagens (Lin)	215	745261,89*	642457,76*	587271,15*	0,2905 ^{ns}	0,2861*	0,2272*
Linhagens C ₀	107	725498,23 ^{ns}	515888,73 ^{ns}	625269,06*	0,3358*	0,2684 ^{ns}	0,2049*
Linhagens C ₁	107	732741,46 ^{ns}	722890,66*	467645,56 ^{ns}	0,2479 ^{ns}	0,3065**	0,2446*
Lin C ₀ vs. Lin C ₁	1	4199657,68*	5579004,18*	9321425,62*	0,0003 ^{ns}	0,0078 ^{ns}	0,7486**
Testemunhas (Test)	8	304088,81 ^{ns}	622290,13 ^{ns}	331707,34 ^{ns}	0,3768 ^{ns}	0,3010 ^{ns}	1,7442*
L vs. T	1	39124,41 ^{ns}	3082194,69*	5043414,04*	1,0951*	0,2803 ^{ns}	0,5850*
Erro efetivo	196	557429,71	393197,65	392412,33	0,2406	0,2047	0,1210
Eficiência Látice		102,94	113,76	104,73	101,25	100,53	100,96
Média linhagens C ₀		2982	3590	4093	3,25	2,85	2,55
Média linhagens C ₁		3180	3817	4387	3,03	2,70	2,47
Média testemunhas		3033	3281	3699	3,66	3,01	2,69
CV (%)		24,25	17,01	14,85	14,34	14,46	13,82

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

Pela análise conjunta (Tabela 2) observou-se significância para o efeito de linhagens, ($P < 0,05$) pelo teste F, para os caracteres PROD e ARQ, esses resultados indicam a possibilidade de seleção de linhagens que reúnam fenótipos favoráveis para os caracteres de maior interesse no melhoramento do feijoeiro. Cabe ressaltar que a interação linhagens x ambientes (LxA) foi não significativa para os dois caracteres. Estes resultados mostram estabilidade e consistência das linhagens frente aos diferentes ambientes avaliados. A ocorrência de interação genótipos x ambientes para produtividade de grãos e arquitetura de plantas na cultura do feijoeiro tem sido comumente relatada na literatura por sua grande importância na produção de novas cultivares adaptadas para cada região e nível tecnológico (SANTOS, 2001; CARNEIRO, 2002 e SILVA, 2013), ou seja, a diversidade das condições ambientais a que a cultura é submetida contribui para que ocorra essa interação. Portanto, os materiais produtivos, além de boa arquitetura, resistência a doenças e bom aspecto comercial de grãos devem ter um comportamento previsível e responder aos estímulos propostos pelo ambiente (REDDEN et al, 2000; DALLA CORTE et al, 2002).

Tabela 2. Resumo das análises de variância conjuntas para produtividade de grãos (kg/ha^{-1}) e arquitetura de plantas, referente a avaliação das linhagens do C_0 e C_1

Fontes de Variação	GL	Quadrados Médios
		Produtividade de grãos
Tratamentos	224	964139,15*
Linhagens (Lin)	215	959669,26*
Linhagens (C_0)	107	906604,65*
Linhagens (C_1)	107	848128,62*
Linhagens (C_0) vs. Linhagens (C_1)	1	18572430,93*
Testemunhas (Test)	8	470075,10 ^{ns}
Linhagens vs Testemunhas	1	5877678,50*
Ambientes	2	146277037,21*
Tratamentos x Ambientes	448	506440,30 ^{ns}
Linhagens x Ambientes	430	507660,73 ^{ns}
Linhagens (C_0) x Ambientes	214	480025,69 ^{ns}
Linhagens (C_1) x Ambientes	214	537574,53 ^{ns}
Linhagens (C_0) vs. Linhagens (C_1) x Ambientes	2	263834,32 ^{ns}
Testemunhas x Ambientes	16	394005,44 ^{ns}
(Linhagens vs. Testemunhas) x Ambientes	2	1143525,52 ^{ns}
Erro Efetivo	588	447679,87
Médias Linhagens (C_0)		3555
Médias Linhagens (C_1)		3794
Médias das Testemunhas		3338
CV (%)		18,69
Fontes de Variação	GL	Quadrados Médios
		Arquitetura de plantas
Tratamentos	224	0,3155*
Linhagens (Lin)	215	0,3175*
Linhagens (C_0)	107	0,3037*
Linhagens (C_1)	107	0,3342*
Linhagens (C_0) vs. Linhagens (C_1)	1	0,0055 ^{ns}
Testemunhas (Test)	8	0,2870 ^{ns}
Linhagens vs. Testemunhas	1	0,1336 ^{ns}
Ambientes	1	19,2136*
Tratamentos x Ambientes	224	0,2682 ^{ns}
Linhagens x Ambientes	215	0,2592 ^{ns}
Linhagens (C_0) x Ambientes	107	0,3005*
Linhagens (C_1) x Ambientes	107	0,2202 ^{ns}
Linhagens (C_0) vs. Lin (C_1) x Amb	1	0,0025 ^{ns}
Testemunhas x Ambientes	8	0,3909 ^{ns}
(Linhagens vs. Testemunhas) x Ambientes	1	1,2417*
Erro Efetivo	392	0,2227
Médias Linhagens (C_0)		3,27
Médias Linhagens (C_1)		3,28
Médias das Testemunhas		3,33
CV (%)		14,40

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

3.2 Eficiência dos índices distancia genótipo-ideótipo e multiplicativo

Na tabela 3 são apresentadas as estimativas dos ganhos preditos para cada variável com base no índice genótipo-ideótipo considerando uma intensidade de seleção de 20%. As estimativas foram de 3,95%, 5,13% e 3,61% para produtividade de grãos (seca e inverno de 2015 e seca 2018), -2,01% e -2,19% para arquitetura de planta (seca-2015 e seca 2018) e por fim -5,95% para aspecto comercial de grãos (seca-2018), respectivamente. O índice de seleção da distância genótipo-ideótipo permitiu ganhos para todos os caracteres, em todos os ambientes, sendo esta uma ferramenta promissora para seleção de linhagens, podendo ser utilizada de modo a considerar os vários caracteres avaliados nos diferentes ambientes. Esses resultados indicam a eficiência do uso desse índice em proporcionar ganhos mais equilibrados para os vários caracteres sob seleção, bem como foi capaz de identificar linhagens com elevado potencial para composição dos futuros ensaios de VCU.

Apesar das linhagens já apresentarem bom comportamento, ainda há potencial a ser explorado no melhoramento para estas características, na busca de cultivares com arquitetura ereta, visando a colheita mecanizada, e grãos com aspecto e qualidade conforme o padrão comercial, para atender às exigências do mercado consumidor.

Tabela 3. Estimativas dos ganhos preditos (GS), considerando uma intensidade de seleção de 20% pelo índice distância genótipo-ideótipo, em relação à produtividade de grãos, em kg ha⁻¹ (PROD), aspecto comercial de grãos (AG) e arquitetura de planta (ARQ), nas safras da seca-2015 e de 2018 e inverno 2015.

Safras	Caracteres	X ₀	X _s	h ² %	GS	GS%
Seca-2015	PROD	3079	3602	23,25	121,77	3,95
	ARQ	3,42	3,05	19,02	-0,68	-2,01
Inverno-2015	PROD	3686	4162	39,75	189,05	5,13
Seca-2018	PROD	4218	4661	34,38	152,14	3,61
	ARQ	3,12	2,88	28,56	-0,72	-2,19
	AG	2,5	2,25	57,25	-0,14	-5,94

X₀ = média das linhagens; X_s = médias das linhagens selecionadas; h² % = herdabilidade em porcentagem; GS = ganho por seleção; e GS % = ganho por seleção em porcentagem.

Na tabela 4 são apresentadas as médias das 20 melhores linhagens selecionadas pelo índice distância genótipo-ideotipo. Em geral, as linhagens

selecionadas apresentaram resultados promissores para o caractere produtividade de grãos, a maior média apresentada foi de 6423 kg ha⁻¹ na safra da seca-2018. Em relação à aspecto comercial de grãos verificou-se, de modo geral, que as linhagens apresentaram resultados relativamente superiores quando comparado as testemunhas. As médias das notas de AG foram menores que 2,5, numa escala de 1 a 5, sendo que a nota 1 atribuída ao fenótipo mais favorável. Das 20 linhagens selecionadas segundo o índice, três foram superiores a cultivar pérola para essa característica, as demais não ultrapassaram a nota 2,5 o que indica linhagens dentro dos padrões do mercado consumidor.

A linhagem 100 oriunda do ciclo C₀, foi classificada em primeiro lugar pelo índice distância do genótipo-ideótipo (Tabela 4), apresentando notas de PROD de 3974 kg ha⁻¹, 3890 kg ha⁻¹ e 6423 kg ha⁻¹, nas três safras respectivamente, e notas de ARQ e AG abaixo de 2,5 para todas as safras avaliadas, sendo a melhor avaliada pelo índice estudado.

Lessa et al. (2017), avaliando genótipos de mandioca, concluíram que dos três índices, utilizados no trabalho, o da distância genótipo-ideótipo, propiciou uma classificação mais adequada dos genótipos, apresentando bons resultados para a seleção com base nos caracteres altura de planta; altura da primeira ramificação; produtividade da parte aérea e produtividade de farinha.

Quanto à arquitetura de planta, as linhagens selecionadas apresentaram desempenho mediano, com notas, em sua maioria, em torno de 3, não diferindo da testemunha pérola e superiores a VC6 e pioneiro. As linhagens 100, 89 e 209 obtiveram nas duas safras, seca-2015/2018 notas em torno de 2,5, já a linhagem 88 na seca-2018 obteve nota 2,0, podendo assim, ser um possível genitor para essa característica em ciclos futuros do programa de seleção recorrente (Tabela 4). Conforme os resultados acima, quanto menor a nota de arquitetura de planta, maior é a possibilidade de sucesso de um cultivar. É importante ressaltar que nos últimos anos, a cultura do feijoeiro tem despertado interesse dos grandes produtores, com uso de alta tecnologia (VIEIRA et al., 2005), e devido a esse aumento houve uma grande melhoria do nível tecnológico empregado na cultura, a busca por plantas de arquitetura mais ereta que facilitem os tratos culturais e, principalmente, a colheita mecanizada, tem despertado o interesse dos melhoristas de feijão em desenvolver cultivares de arquitetura mais ereta (COLLICCHIO et al., 1997; SILVA et al., 2009).

Tabela 4. Médias de produtividade de grãos (PROD), arquitetura de plantas (ARQ), e aspecto comercial de grãos (AG) das 20 melhores linhagens selecionadas nas safras da seca 2015/2018 e inverno 2015, com base no índice da distância genótipo-ideótipo

Linhagens selecionadas	Origem (Ciclo)	Médias					
		Seca-2015		Inverno-2015	Seca-2018		
		PROD	ARQ	PROD	PROD	ARQ	AG
100 (1*)	C ₀	3974	2,5	3890	6423	2,5	2,0
89 (2)	C ₀	4020	2,5	3510	4504	2,5	2,5
157 (3)	C ₁	3622	3,0	4470	4291	2,5	2,5
88 (4)	C ₀	2952	3,0	3100	5360	2,0	2,0
144 (5)	C ₁	3454	2,5	3940	5379	3,0	1,5
220 (6)	C ₁	3004	3,0	4310	5360	3,0	2,0
125 (7)	C ₁	4135	3,0	3240	4822	2,5	2,5
70 (8)	C ₀	4215	2,5	4430	3639	3,5	1,5
188 (9)	C ₁	3561	3,0	4790	4974	2,5	1,5
145 (10)	C ₁	3492	3,0	4040	5156	3,0	2,5
158 (11)	C ₁	3396	3,0	4270	4443	3,0	2,5
59 (12)	C ₀	4774	3,0	3920	4134	3,5	2,0
179 (13)	C ₁	4007	3,0	3920	4792	3,0	2,5
217 (14)	C ₁	3371	3,0	3900	4746	3,0	2,0
84 (15)	C ₀	2605	3,0	3640	4656	3,0	2,0
29 (16)	C ₁	4146	3,0	4320	4104	3,0	2,0
216 (17)	C ₁	4128	3,0	4580	4030	3,0	2,5
47 (18)	C ₀	3492	3,0	4320	3799	3,0	2,5
209 (19)	C ₁	4054	2,5	3740	4854	2,5	2,5
96 (20)	C ₀	3835	3,0	3880	5749	3,0	2,5
Pérola		2435	3,0	4290	4107	3,0	2,0
Pioneiro		3211	4,0	2770	3287	2,5	3,5
VC6		4271	3,5	3740	3749	2,5	2,5

(*) Ordem das famílias selecionadas; C₀ ciclo zero; C₁ ciclo um.

Foi usado para fim de comparação, o índice multiplicativo, que levou em conta todos os caracteres avaliados no experimento (produtividade de grãos, arquitetura de planta e aspecto comercial de grãos) das 20 melhores linhagens. Os ganhos preditos com a seleção baseada neste índice são apresentados na Tabela 5.

Observaram-se ganhos equilibrados para os três caracteres de interesse em todas as safras, revelando que este índice permitiu a seleção de linhagens com

PROD, ARQ e AG em níveis satisfatórios. Foi atribuído um ponto de corte para cada característica. Para PROD, acima de 2900 kg ha⁻¹; para AG, nota inferior a 2,5 e para ARQ, nota inferior a 3,5. Quando se usa o índice multiplicativo, não há a necessidade de se estabelecer pesos econômicos ou ganhos desejáveis, resultando na praticidade e simplicidade do uso desta estratégia de seleção (SUBANDI et al., 1973).

Alguns autores (ALMEIDA et al., 2014; LESSA et al., 2010; PEDROZO et al., 2009), verificaram que o índice multiplicativo foi eficiente em estimar ganhos na seleção, de maneira semelhante aos índices propostos por Mulamba e Mock (1978), distância genótipo-ideótipo (Carvalho et al., 2002), Pesek e Baker (1969), Smith (1936) e Hazel (1943). Ao testar a eficiência de diferentes índices na seleção de genótipos superiores em cana-de-açúcar, Pedrozo et al. (2009) observaram que o índice multiplicativo apresentou uma maior eficiência na seleção, quando comparado com o índice de soma de postos (MULAMBA; MOCK, 1978) e o clássico (HAZEL, 1943; SMITH, 1936).

Tabela 5. Estimativas dos ganhos preditos (GS), pelo índice multiplicativo das linhagens avaliadas, em relação à produtividade de grãos, em kg ha⁻¹ (PROD), aspecto de grãos (AG) e arquitetura de planta (ARQ), nas safras da seca-2015 e de 2018 e inverno 2015.

Safras	Caracteres	X ₀	X _s	h ² %	GS	GS%
Seca-2015	PROD	3115	3886	23,25	179,39	5,76
	ARQ	3,39	2,97	19,02	-0,07	-2,33
Inverno-2015	PROD	3434	4329	39,75	315,95	8,94
Seca-2018	PROD	4205	5068	34,38	296,78	7,06
	ARQ	3,14	2,95	28,56	-0,56	-1,79
	AG	2,57	2,02	57,25	-0,31	-12,18

X₀ = média das linhagens; X_s = médias das linhagens selecionadas; h² % = herdabilidade em porcentagem; GS = ganho por seleção; e GS % = ganho por seleção em porcentagem.

A linhagem n^o 100, classificada em primeiro lugar pelo índice distancia genótipo-ideótipo, também foi classificada pelo índice multiplicativo. Com isso, mostra-se um material genético passível de seleção, uma vez que apresentou as melhores médias nos caracteres PROD, AG e ARQ (Tabela 6).

Das 20 linhagens selecionadas pelo índice multiplicativo, oito também foram selecionadas pelo da distância genótipo-ideótipo, porém em posições diferentes,

apresentando resultados satisfatórios para todos os caracteres. Para o caractere aspecto comercial de grãos houve seis linhagens com notas 1,5 (188, 144, 175, 117, 70, 149), notas essas consideradas segundo alguns autores, ALVES et al, (2012) e ANJOS et al, (2019), como grãos padrões para o mercador consumidor do feijoeiro. A linhagem nº 209 classificada em décimo lugar pelo índice multiplicativo, apresentou um bom desempenho nos caracteres PROD (4854 kg ha⁻¹) na safra da seca 2018, ARQ (2,5) nas duas safras avaliadas e AG (2,5) na seca 2018 (Tabela 6).

Tabela 6 – Médias de produtividade de grãos (PROD), arquitetura de plantas (ARQ), e aspecto comercial de grãos (AG) das 20 melhores linhagens selecionadas nas safras da seca 2015/2018 e inverno 2015, com base no índice multiplicativo.

Linhagens selecionadas	Origem (Ciclo)	Médias					
		Seca-2015		Inverno-2015	Seca-2018		
		PROD	ARQ	PROD	PROD	ARQ	AG
100 (1*)	C ₀	3974	2,5	3890	6423	2,5	2,0
188 (2)	C _I	3561	3,0	4794	4974	2,5	1,5
144 (3)	C _I	3454	2,5	3940	5379	3,0	1,5
175 (4)	C _I	4291	3,5	4420	5362	3,0	1,5
117 (5)	C _I	3865	3,0	4270	5153	3,0	1,5
121 (6)	C _I	5929	2,5	3750	4487	3,0	2,5
70 (7)	C ₀	4215	2,5	4430	3639	3,5	1,5
192 (8)	C _I	4046	4,0	5090	5763	3,0	2,0
148 (9)	C _I	3336	3,0	5020	5117	3,0	2,0
209 (10)	C _I	4054	2,5	3740	4854	2,5	2,5
68 (11)	C ₀	4293	2,5	4890	5764	3,0	3,5
143 (12)	C _I	4395	3,5	4470	5501	3,5	2,0
13 (13)	C ₀	4364	3,5	5670	3633	2,5	2,5
88 (14)	C ₀	2952	3,0	3100	5360	2,0	2,0
150 (15)	C _I	2900	2,5	4430	4645	3,0	2,0
159 (16)	C _I	3810	3,0	4380	4886	3,5	2,0
220 (17)	C _I	3004	3,0	4310	5360	3,0	2,0
149 (18)	C _I	3341	3,0	3300	4689	3,0	1,5
96 (19)	C ₀	3835	3,0	3880	5749	3,0	2,5
160 (20)	C _I	4107	3,5	4820	4629	3,5	2,0
Pérola		2435	3,0	4290	4107	3,0	2,0
Pioneiro		3211	4,0	2770	3287	2,5	3,5
VC6		4271	3,5	3740	3749	2,5	2,5

(*) Ordem das famílias selecionadas; C₀ ciclo zero; C_I ciclo um.

4. Conclusões

Foi possível identificar linhagens elites de feijoeiro com potencial para composição dos futuros Ensaios de VCU de Minas Gerais.

Os índices distância genótipo-ideótipo e multiplicativo se mostraram eficientes na seleção de linhagens que reúnam fenótipos de interesse de forma mais equilibrada.

Oito linhagens se destacaram, sendo também coincidentes com base na classificação estabelecida pelos índices distância genótipo-ideótipo e multiplicativo.

5. Referências bibliográficas

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

ALVES, A. F. et al. Genetic progress and potential of common bean families obtained by recurrent selection. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 15, n. 4, p. 218–226, 2015.

ALMEIDA, L. M.; VIANA, A. P.; AMARAL JUNIOR, A. T. do; CARNEIRO JÚNIOR, J. de B. Breeding full-sib families of sugar cane using selection index. **Ciência Rural**, Santa Maria, v. 44, n. 4, p. 605-611, 2014.

AMARO, G. B; ABREU, A. F. B; RAMALHO, M. A. P; SILVA, F. B. Phenotypic recurrent selection in the common bean (*Phaseolus vulgaris* L) with carioca-type grains for resistance to the fungi *Phaeoisariopsis griseola*. **Genetics and Molecular Biology**, Viçosa, v. 30, n. 3, p. 584-588, 2007.

ANJOS, R. S. R; MARÇAL, T. S; CARNEIRO, P. C. S; CARNEIRO, J. E S. 2019. New Proposals to Estimate Unbiased Selection Gain and Coefficient of Variation in Traits Evaluated Using Score Scales. **Crop Science**.Viçosa, v.59, n. 3, p. 937-944, 2019.

ARAÚJO, G. A. A.; CAMELO, G. N. Preparo do Solo e Plantio. In: CARNEIRO, J. E.S.; PAULA JR., T. J.; BORÉM, A. (Org.). **Feijão: do plantio à colheita**. Viçosa: UFV, 2015. p. 115-144.

BEARZOTI, E. **Simulação de seleção recorrente assistida por marcadores moleculares em espécies autógamas**. 230p. Tese (Doutorado em genética e melhoramento de plantas) - Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz, Piracicaba, SP, 1997.

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

BORÉM, A.; MIRANDA, G. V. **Melhoramento de plantas**. 6. ed. Viçosa: Editora UFV, 2013. 523p.

CARNEIRO, J. E. S.; RAMALHO, M. A. P.; ABREU, A. F. B.; GONÇALVES, F. M. A. Breeding potential of single, double and multiple crosses in common bean. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, Londrina, v. 2, n. 4, p. 515-524, 2002.

CARNEIRO, J. E. S.; ABREU, A. F. B.; RAMALHO, M. A. P.; PAULA JR., T. J.; PELOSO, M. J. D.; MELO, L. C.; PEREIRA, H. S.; PEREIRA FILHO, I. A.; MARTINS, M.; VIEIRA, R. F.; MARTINS, F. A. D.; COELHO, M. A. O.; CARNEIRO, P. C. S.; MOREIRA, J. A. A.; SANTOS, J. B.; FARIA, L. C.; COSTA, J. G. C.; TEIXEIRA, H. BRSMG Madrepérola: common bean cultivar with late-darkening Carioca grain. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**. Londrina, v.12, n.4, p.281-284, 2012.

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**, Brasília, v. 32, n. 3, p. 297-304, 1997.

CONAB. COMPANHIA NACIONAL DE ABASTECIMENTO. Disponível em:<<https://www.conab.gov.br/info-agro/safras/serie-historica-das-safras>>. Acesso em: 20 de outubro de 2020.

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

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

Cruz, C.D. Genes Software – extended and integrated with the R, Matlab and Selegen. **Acta Scientiarum**. v.38, n.4, p.547-552, 2016.

DALLA CORTE, A.; MODA-CIRINO, V.; DESTRO, D. Adaptability and phenotypic stability in early common bean cultivars and lines. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 2, n. 4, p. 525-534, 2002.

DE LA FUENTE, M. et al. 2-DE-based proteomic analysis of common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) seeds. **Journal of Proteomics**, v. 74, n. 2, p. 262–267, 2011.

FAO. **FAOSTAT. Countries by commodity**. Disponível em: <<http://www.fao.org/faostat/en/#data/QC/visualize>>. Acesso em: 10 de outubro de 2020.

GARCIA, A. A. F.; SOUZA JÚNIOR, C. L. Comparação de índices de seleção não paramétricos para a seleção de cultivares. **Bragantia**, v. 58, n. 2, p. 253-267, 1999.

LESSA, L. S.; LEDO, C. A. S.; SANTOS, V. S.; SILVA, S. O.; PEIXOTO, C. P. Seleção de híbridos diploides (AA) de bananeira com base em três índices não paramétricos. **Bragantia**, Campinas. v. 69, n. 3, p. 525-534, 2010.

LESSA, L. S.; LEDO, C. A. S.; SANTOS, V. S. Seleção de genótipos de mandioca com índices não paramétricos. **Raízes e amidos tropicais**, Botucatu. v. 13, n. 1, p. 1-17, 2017.

MATOS, J.W.; RAMALHO, M. A. P.; ABREU, A. F. B. Trinta e dois anos do programa de melhoramento genético do feijoeiro comum em Minas Gerais. **Ciência e agrotecnologia**, Lavras, v. 31, n. 6, p. 1749-1754, 2007.

MARQUES JÚNIOR, O. G.; RAMALHO, M. A. P. Eficiência de experimentos com a cultura do feijão. **Ciência e Agrotecnologia**, Lavras, v. 21, Suplemento, 1997.

MELO, L. C. et al. BRS Estilo - common bean cultivar with carioca grain, upright growth and high yield potential. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 10, n. 4, p. 377-379, 2010.

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

MENEZES JÚNIOR, J. Â. N. DE et al. Two cycles of recurrent selection in red bean breeding. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 13, n. 1, p. 41-48, 2013.

MULAMBA, N. N.; MOCK, J. J. Improvement of yield potential of the ETO blanco maize (*Zea mays* L.) population by breeding for plant traits. **Egyptian Journal of Genetics and Cytology**, Cairo, v. 7, n. 1, p. 40-51, 1978.

PEREIRA, D.V; SEDYAMA T; CRUZ, C.D; REIS M.S. Adaptabilidade e estabilidade de genótipos de soja avaliados para resistência ao oídio. **Ciência Rural** .38: 836-1842, 2008.

PEDROZO, C. A.; BENITES, F. R. G.; BARBOSA, M. H. P.; RESENDE, M. D. V.; SILVA, F. L. Eficiência de índices de seleção utilizando a metodologia REML/BLUP no melhoramento da cana de açúcar. **Scientia Agraria**, Curitiba, v. 10, n. 1, p. 31-36, 2009.

PESEK, J.; BAKER, R.J. Desired improvement in relation to selection indices. **Canadian Journal of Plant Sciences**, Ottawa, v. 49, n. 6, p. 80-804, 1969.

PIRES, L. P. M.; RAMALHO, M. A. P.; ABREU, A. F. B.; FERREIRA, M. C. Recurrent mass selection for upright plant architecture in common bean. **Scientia Agricola**, Piracicaba, v. 71, n. 3, p. 240-243, 2014.

- RAMALHO, M.A.P. Melhoramento do feijoeiro. In: SIMPÓSIO SOBRE ATUALIZAÇÃO EM GENÉTICA E MELHORAMENTO DE PLANTAS, 1997, Lavras. **Anais...**Lavras: UFLA, 1997. p. 167-196.
- RAMALHO, M. A. P; ABREU, A. F. B; SANTOS, J. B; NUNES, J. A. R. **Aplicações da genética quantitativa no melhoramento de plantas autógamas**. Lavras: UFLA, 522p, 2012.
- RAMALHO, M. A. P. et al. BRSMG Uai: Common bean cultivar with carioca grain type and upright plant architecture. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 16, n. 3, p. 261–264, 2016.
- RAMALHO, M. A. P; ABREU, A. F. B; GUILHERME, S. R. Informações técnicas para o cultivo do feijoeiro-comum na Região Central-Brasileira: 2015-2017. In: REUNIÃO DA COMISSÃO TÉCNICA CENTRAL BRASILEIRA DE FEIJÃO. **Anais...** Lavras: UFLA, 2014.
- REDDEN, R. J.; DELACY, I. H.; BUTLER, D. G.; USHER, T. Analysis of line x environment interactions for yield in navy beans. 2. Pattern analysis of lines and environment within years. **Australian Journal of Agricultural Research**, v. 51, n. 5, p. 607-617, 2000.
- SANTOS, C. A. F.; ARAÚJO, F. P. Aplicação de índices para seleção de caracteres agrônômicos de feijão de corda. **Ciência Agrônômica**, v. 32, n. 1, p. 78-84, 2001.
- SANTOS, V. S. **Seleção de pré-cultivares de soja baseado em índices**. 2005. 100 f. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) - Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz, Piracicaba, 2005.
- SILVA, C. A.; ABREU, A. F. B.; RAMALHO, M. A. P. Associação entre arquitetura de planta e produtividade de grãos em progênies de feijoeiro de porte ereto e prostrado. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**. Brasília, v.44, n.12, p.1647-1652, 2009.
- SILVA, V. M. P. E et al. Genetic potential of common bean parents for plant architecture improvement. **Scientia Agricola**, v. 70, n. June, p. 167–175, 2013.
- SUBANDI, W.; COMPTON, A.; EMPIG, L. T. Comparison of the efficiencies of selection indices for three traits in two variety crosses of corn. **Crop Science**, v. 13, n. 1, p. 184-186, 1973.
- SCHMUTZ, J. et al. A reference genome for common bean and genome-wide analysis of dual domestications. **Nature Genetics**, v. 46, n. 7, p. 707–713, 2014.

SCHWARZBACH, E. Einige Anwendungsmöglichkeiten Elektronischer Datenverarbeitung (EDV) für die Beurteilung von Zuchtmaterial. **Arb. Tag. Oesterr. Pflanzenz.** Gumpenstein, p. 277-287, 1972.

SMITH, H. F. A discriminant function for plant selection. **Annals Eugenics**, v. 7, n. 3, p. 240-250, 1936.

VIEIRA, C. et al. Melhoramento do Feijão. In: BORÉM (Ed.), A. **Melhoramento de espécies cultivadas**. 2. ed. Viçosa: Ed. UFV, 2005. p. 301-391.