

RAMON GONÇALVES DE PAULA

**MODELOS MISTOS NA AVALIAÇÃO DO POTENCIAL GENÉTICO DE  
POPULAÇÕES E PROGÊNIES DE FEIJOEIRO**

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

VIÇOSA  
MINAS GERAIS-BRASIL  
2016

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

T

P324m  
2016 Paula, Ramon Gonçalves de, 1989-  
Modelos mistos na avaliação do potencial genético de  
populações e progênies de feijoeiro / Ramon Gonçalves de  
Paula. – Viçosa, MG, 2016.  
vi, 46f. : il. ; 29 cm.

Orientador: Pedro Crescêncio de Souza Carneiro.  
Dissertação (mestrado) - Universidade Federal de Viçosa.  
Referências bibliográficas: f.40-46.

1. Feijão preto - Melhoramento genético. 2. Feijão preto  
- Seleção. 3. BLUP. 4. Valor genético. I. Universidade Federal  
de Viçosa. Departamento de Biologia Geral. Programa de  
Pós-graduação em Genética e Melhoramento. II. Título.

CDD 22 ed. 635.6523

RAMON GONÇALVES DE PAULA

**MODELOS MISTOS NA AVALIAÇÃO DO POTENCIAL GENÉTICO DE  
POPULAÇÕES E PROGÊNIES DE FEJJOEIRO**

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

APROVADA: 18 de julho de 2016

Naine Martins do Vale  
Naine Martins do Vale

Renan Cardoso Lima  
Renan Cardoso de Lima

M. Resende  
Marcos Deon Vilela de Resende  
(Coorientador)

J. Carneiro  
José Eustáquio de Souza Carneiro  
(Coorientador)

Pedro Crescêncio Souza Carneiro  
Pedro Crescêncio Souza Carneiro  
(Orientador)

## AGRADECIMENTOS

A Deus, por me conceder a vida.

À Universidade Federal de Viçosa e ao Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento, pela oportunidade de realização do Mestrado.

À Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado de Minas Gerais (FAPEMIG), pelo apoio financeiro na realização deste trabalho.

Ao meu orientador Professor Pedro Crescêncio, pelo conhecimento transmitido, pela disponibilidade e dedicação nas orientações, pelas críticas, sugestões e pelos conselhos na vida profissional e pessoal.

Ao Professor Marcos Deon, pela paciência e tranquilidade nos ensinamentos e pela dedicação à pesquisa, o que contribuiu, de forma ímpar, para o êxito deste trabalho.

Ao Professor José Eustáquio, por ter-me iniciado na pesquisa científica, pelas orientações nos experimentos de campo e pelo exemplo de Melhorista Vegetal.

À Naine, pela amizade, pelos conselhos e conhecimentos transmitidos, pela disposição em ajudar e orientar na coleta de dados para este trabalho.

Aos meus amigos e colegas do Programa Feijão, pela ajuda nos experimentos, pela troca de conhecimentos e pelos momentos de descontração.

Aos funcionários da Estação Experimental de Coimbra e ao Gilberto, pela ajuda imensurável na realização dos experimentos.

Aos meus pais Gildemar e Maria da Penha, pelo amor, carinho, exemplo e educação transmitidos, pelo apoio e oportunidade oferecidos para as minhas conquistas.

Ao meu irmão Igor, pela amizade, pelo companheirismo e pela paciência.

À Dienerfer, pelo amor e carinho, pelo companheirismo nos momentos difíceis e pela compreensão e ajuda.

A todos que contribuíram para a realização deste trabalho e para a minha formação profissional.

## SUMÁRIO

|                                                          |    |
|----------------------------------------------------------|----|
| <b>RESUMO</b> .....                                      | iv |
| <b>ABSTRAT</b> .....                                     | vi |
| <b>1. INTRODUÇÃO</b> .....                               | 1  |
| <b>2. REVISÃO DE LITERATURA</b> .....                    | 4  |
| 2.1 A cultura do feijoeiro.....                          | 4  |
| 2.2 Melhoramento genético do feijoeiro.....              | 6  |
| <b>3. MATERIAL E MÉTODOS</b> .....                       | 11 |
| 3.1 Predição do potencial de populações segregantes..... | 11 |
| 3.2 Avaliação de progênies endogâmicas.....              | 15 |
| <b>4. RESULTADOS E DISCUSSÃO</b> .....                   | 22 |
| 4.1 Potencial de populações segregantes.....             | 22 |
| 4.2 Seleção de progênies endogâmicas.....                | 28 |
| <b>5. CONCLUSÃO</b> .....                                | 39 |
| <b>REFERÊNCIAS</b> .....                                 | 40 |

## RESUMO

PAULA, Ramon Gonçalves de, M. Sc., Universidade Federal de Viçosa, julho de 2016. **Modelos mistos na avaliação do potencial genético de populações e progênies de feijoeiro**. Orientador: Pedro Crescêncio Souza Carneiro. Coorientadores: José Eustáquio de Souza Carneiro, Marcos Deon Vilela de Resende e Cosme Damião Cruz.

O objetivo deste trabalho foi utilizar a metodologia de modelos mistos na predição do potencial genético de populações segregantes e na seleção de progênies visando ao melhoramento do feijão-preto. A partir de cruzamentos em esquema de dialelo parcial 5 x 7, 35 populações foram obtidas e avançadas em bulk até a geração F<sub>2</sub>. Na geração F<sub>3</sub>, essas populações foram avaliadas na safra de inverno de 2014, utilizando o delineamento de blocos casualizados. A partir de dados de plantas individuais quanto à produção de grãos (PG) e ao diâmetro do hipocótilo (DH), foram utilizadas as metodologias de Jinks e Pooni e a baseada em modelos mistos, para a predição do potencial dessas populações na extração de linhagens superiores. Vinte dessas populações constituíram a base (C<sub>0</sub>) para um programa de seleção recorrente. De cada uma dessas populações foram selecionadas 19 plantas com maiores valores de DH, dando origem a 380 progênies de feijão-preto. Essas progênies foram avaliadas por duas gerações, F<sub>3:4</sub> (seca 2015) e F<sub>3:5</sub> (inverno 2015), quanto a arquitetura de plantas (ARQ), severidade de mancha-angular (MA), produtividade de grãos (PROD) e aspecto comercial de grãos (AG). Para predição do valor genético das progênies, foi utilizado o índice de seleção com efeito de progenitor, população, progênie e geração (ISPPPG). Com base nos valores genéticos preditos e no índice de seleção aditivo, foram selecionadas, independentemente da população de origem, as 40 progênies com o maior potencial para a extração de linhagens superiores. Também foi selecionada a melhor progênie de cada uma das 20 populações, as quais serão recombinadas para dar origem ao ciclo um (C<sub>1</sub>) do Programa de Seleção Recorrente. Considerando a avaliação das populações F<sub>3</sub>, observou-se a presença de variabilidade genética entre elas para as características DH e PG. A acurácia seletiva em nível de média de populações foi de 88,19% para DH e 84,36% para PG, enquanto a acurácia na seleção individual de plantas apresentou valores inferiores a 26%. A eficiência com a seleção pelo BLUP (Melhor Predição Linear Não Viesada) entre e dentro de populações foi de apenas 1% para essas duas características. A metodologia de Jinks e Pooni e a baseada em modelos mistos foram equivalentes na predição do potencial das populações

segregantes. Considerando as características PROD, ARQ, MA e AG, avaliadas nas progênies, observou-se efeito significativo de progênie, de população (exceto para AG) e de progênie x geração (exceto para ARQ). Obtiveram-se acurácias acima de 85% para todas as características, com o uso do ISPPPG na predição do valor genético das progênies. Com o índice de seleção aditivo foi obtida predição de ganhos desejados simultâneos para as quatro características. O uso de modelos mistos mostrou-se promissor no melhoramento do feijoeiro.

## ABSTRACT

PAULA, Ramon Gonçalves de Paula, M. Sc., Universidade Federal de Viçosa, July, 2016. **Mixed models in evaluating the genetic potential of population and progeny of common bean.** Adviser: Pedro Crescêncio Souza Carneiro. Co-Advisers: José Eustáquio de Souza Carneiro, Marcos Deon Vilela de Resende and Cosme Damião Cruz.

This work aims the use of mixed models methodology in predicting the potential of segregating populations and selection of progenies at black bean breeding program. From crosses in partial diallel scheme (5 x 7), 35 population were obtained and advanced in bulk to F<sub>3</sub> generation, which were evaluated in 2014 winter season, in a randomized block design. From data of individual plants for grain production (GP) and hypocotyl diameter (HD), I used the methodologies of Jinks and Pooni and the mixed models to predict the potential from those populations in order to extract superior lines. Twenty population composed the base (C<sub>0</sub>) of a recurrent selection program. From each of these populations, nineteen plants with higher HD values were selected to give rise to 380 black coat seeds progenies. These progenies were evaluated for two generations F<sub>3:4</sub> (drought 2015) and F<sub>3:5</sub> (winter 2015) regarding plant architecture (ARQ), angular-leaf-spot severity (ALS), grain yield (GY) and commercial aspect (GA). I used the selection index with parents, populations, progenies and generations effects (SIPPPG) to predict the genetic value of the progenies. Based on genetic values predicted and through the additive index, I selected 40 progenies with the greatest potential for superior lines extraction, regardless the source population. I also selected the best progeny of each of the 20 population, which will be combined to give rise the cycle one (C<sub>1</sub>) of the Recurrent Selection Program. There was genetic variability among F<sub>3</sub> population regarding GP and HD. The average level selective accuracy of population was 88.19% to HD and 84.36% to GP, while the individual selective accuracy presented values lower than 26%. The efficiency with the BLUP (Best Linear Unbiased Prediction) selection among and within populations was only 1% for both characteristics. The methodology of Jinks e Pooni and the methodology based on mixed models were similar in predict the potential of segregating population. Considering GY, ARQ, ALS and GA, there was significant progeny effect, population effect (except for GA) and progeny x generation effect (except for ARQ). Accuracies above 85% were obtained for all characteristics using the SIPPPG in predicting the progenies genetic values. I got simultaneous desired predicted gains for the four characteristics. The use of mixed models shows promise in bean breeding programs.

## 1. INTRODUÇÃO

O feijão-comum (*Phaseolus vulgaris* L.) é a leguminosa de grãos mais consumida no mundo, e sua importância está associada ao fato de fornecer ao homem nutrientes essenciais, como proteínas e minerais (BROUGHTON et al., 2003; SCHMUTZ et al., 2014). O Brasil é o maior produtor mundial de feijão-comum, com produção média anual de 3,2 milhões de toneladas (CONAB, 2016). Apesar de a produção nacional ser creditada principalmente a pequenos produtores, o sistema de cultivo do feijoeiro vem-se tornando mais competitivo e eficiente com a incorporação de novas tecnologias e adesão de grandes produtores, sobretudo, na safra de inverno (MOURA; BRITO, 2015). No entanto, a produtividade de feijão no país ainda é considerada baixa, com média de 1.050 kg ha<sup>-1</sup>, conforme observado na safra 2014/2015 (CONAB, 2016).

Entre os tipos de feijão, o carioca é o mais cultivado e consumido em todo o território brasileiro, correspondendo a 60% do consumo total de feijão. O segundo tipo mais consumido é o preto, preferido principalmente na Região Sul e no Estado do Rio de Janeiro, e corresponde em torno de 35% do total de feijão consumido no Brasil (SILVA; WANDER, 2013; BORÉM; CARNEIRO, 2015). A produção nacional de feijão-preto é, em média, de 620 mil toneladas por ano (CONAB, 2016). Contudo, essa produção não tem sido suficiente para abastecer o mercado interno, havendo a necessidade de importações, geralmente da China e Argentina (MALUF; SPERANZA, 2014).

Uma das maiores dificuldades do plantio do feijão em grandes áreas é a falta de cultivares adaptados à colheita mecanizada. Para tanto, é necessário que os cultivares apresentem arquitetura mais ereta, pois, além de propiciar a colheita mecanizada com menores perdas, facilitam os tratos culturais, proporcionam melhor qualidade dos grãos colhidos e menor incidência de patógenos (TEIXEIRA et al., 1999; SILVA, J. et al., 2009; SILVA; WANDER, 2015). Além da arquitetura de plantas, outras características merecem destaque nos Programas de Melhoramento do Feijoeiro, como aspecto comercial dos grãos e resistência a doenças (MIKLAS et al., 2006).

O controle genético da maioria das características de interesse no feijoeiro envolve vários locos, estando os alelos favoráveis presentes em diversas linhagens. A hibridação é uma das estratégias mais utilizadas na cultura do feijoeiro para reunir esses alelos favoráveis em uma única linhagem (SILVA et al., 2004). Por esse método de melhoramento, várias populações segregantes são produzidas. Assim, a escolha daquelas com maior potencial para a extração de linhagens superiores é etapa crucial, pois maximiza a utilização dos recursos humanos e financeiros em um programa de melhoramento (ABREU et al., 2002; ROCHA et al., 2013). O potencial genético de populações segregantes pode ser predito via análise dialélica ou com base no desempenho per se das populações segregantes nas gerações endogâmicas ( $F_2$ ,  $F_3$  etc.) (CRUZ et al., 2012; RAMALHO et al., 2012).

A etapa subsequente à escolha das melhores populações segregantes é a condução dessas populações à homozigose associada a algum método de seleção. Quando o interesse dos melhoristas envolve várias características, um dos métodos mais indicados é o uso da seleção recorrente, que consiste em ciclos repetidos de avaliação, seleção e recombinação, visando ao aumento da frequência de alelos favoráveis nas populações quanto às características de interesse (BORÉM; MIRANDA, 2013). A seleção recorrente pode ser realizada tanto no âmbito de indivíduo, também denominada seleção recorrente fenotípica (massal), quanto no âmbito de estruturação em progênes. A seleção recorrente fenotípica é utilizada quando a característica em questão apresentar alta herdabilidade no sentido restrito e for de fácil mensuração. Entretanto, para uma característica quantitativa de baixa herdabilidade, a avaliação com base no fenótipo pode não ser eficiente. Assim, é necessária a estruturação em progênes, que permite aferir sobre o valor genotípico das plantas com base no desempenho médio de seus descendentes (BERNARDO, 2007; CARGNIN, 2007).

De modo geral, os ensaios de avaliação das progênes de feijoeiro oriundas de diferentes populações são realizados pelo método de Bulk dentro de progênes, pois possibilita melhor amostragem da população nas gerações iniciais (RAMALHO et al., 2012). As avaliações são realizadas desde as gerações  $F_{2:3}$  ou  $F_{3:4}$  até as gerações  $F_{2:6}$  ou  $F_{3:6}$ , em ensaios com repetições em vários locais e safras (FOUILLoux; BANNEROT, 1988). Nas análises das progênes realizadas dessa forma são confundidos os efeitos genéticos das diferentes gerações, populações e genitores envolvidos nos cruzamentos (RESENDE et al., 2015a).

A aplicação de metodologias baseadas em modelos lineares mistos, proposta por Henderson (1975), é apontada como procedimento ótimo na avaliação genética, pois permite a inclusão de praticamente todas as fontes de variação, de modo a obter estimativas de valores genotípicos mais acurados (PETERNELLI; RESENDE, 2015). Pelo procedimento REML/BLUP, obtêm-se estimativas de componentes de variância por máxima verossimilhança restrita (REML), bem como a predição de valores genéticos pela melhor predição linear não viesada (BLUP), por meio das equações de modelos mistos (HENDERSON, 1984). No melhoramento vegetal, essa metodologia tem sido utilizada em culturas perenes (RESENDE et al., 2001; RAMALHO et al., 2012), mas são raros os trabalhos que empregam modelos mistos em feijoeiro.

Assim, o objetivo deste trabalho foi utilizar a metodologia de modelos mistos na predição do potencial de populações segregantes e na seleção de progênies visando ao melhoramento de feijão-preto.

## 2. REVISÃO DE LITERATURA

### 2.1. A cultura do feijoeiro

Historicamente, o feijoeiro foi plantado em duas épocas: safra das águas (1ª safra), compreendendo o período de plantio entre os meses de setembro a novembro; safra da seca (2ª safra), sendo o período de plantio variando entre os meses de janeiro a março. A partir da década de 1980, iniciou-se o plantio entre os meses de abril a julho, caracterizado como safra de inverno, ou 3ª safra (FUSCALDI; PRADO, 2005). Esta última safra tem despertado o interesse de grandes produtores por diminuir os riscos da cultura associados ao clima e apresentar bom preço de mercado, além de proporcionar a obtenção de grãos de melhor qualidade (MOURA; BRITO, 2015).

Com uma produção média nacional de 3,2 milhões de toneladas, o Brasil é o maior produtor e consumidor de feijão-comum (MAPA, 2016; CONAB, 2016). No entanto, sua produtividade no país ainda é considerada baixa, com média de 1.050 kg ha<sup>-1</sup>, conforme observado na safra 2014/2015 (CONAB, 2016). Embora a cultura do feijoeiro tenha despertado o interesse de grandes produtores, que alcançam produtividade em torno de 3.000 kg ha<sup>-1</sup>, a baixa produtividade média da cultura pode ser creditada, principalmente, à predominância de pequenos produtores, com acesso a poucos recursos tecnológicos (BORÉM; CARNEIRO, 2015; MOURA; BRITO, 2015).

A produção e comercialização de feijão são definidas quanto à preferência em relação ao tipo de grão, entre os quais se encontram os tipos “carioca”, “preto”, “vermelho”, “roxo”, “mulatinho”, “rosinha” e “manteigão” (VIEIRA et al., 2005). Entre os citados, o tipo “carioca” é o mais cultivado e aceito em 63% do território nacional. O segundo tipo mais plantado é o “preto”, consumido preferencialmente no Rio Grande do Sul, em Santa Catarina, no Sul e Leste do Paraná e do Rio de Janeiro, Sudeste de Minas Gerais e Sul do Espírito Santo, correspondendo a 18% do volume de feijão produzido no país (BARBOSA; GONZAGA, 2012; MAPA, 2016).

Os demais são preferidos de acordo com regiões mais específicas, como o tipo “vermelho”, consumido principalmente na Zona da Mata de Minas Gerais (RAMALHO; ABREU, 2015).

Durante o ciclo biológico do feijoeiro, vários estresses bióticos e abióticos podem afetar o desempenho da cultura. Entre os estresses bióticos, destacam-se as doenças fúngicas (COYNE et al., 2003), como antracnose, causada por *Colletotrichum lindemuthianum*; a ferrugem (*Uromyces appendiculatus*); e a mancha-angular (*Pseudocercospora griseola*), as quais atacam a parte aérea. Em condições mais específicas, como os cultivos irrigados, a ocorrência de doenças causadas por fungos de solo tem-se destacado nos últimos anos, como o mofo-branco (*Sclerotinia sclerotiorum*) e a murcha-de-fusarium (*Fusarium oxysporum* f. sp. *phaseoli*). Entre as medidas de manejo dessas doenças, destacam-se duas: uso de sementes sadias e cultivares geneticamente melhorados (PAULA JR. et al., 2015).

Em geral, a colheita do feijoeiro é semimecanizada, com o arranque manual das plantas e a trilhagem mecanizada. Um dos problemas desse tipo de colheita é o alto custo da mão de obra para o arranque e enleiramento das plantas, o que, além de aumentar o custo de produção, limita o cultivo em maiores extensões. Dessa maneira, a colheita mecanizada torna-se necessária na redução de custos e aumento da eficiência da mão de obra demanda pela cultura (SILVA; WANDER, 2015).

Para proporcionar a colheita mecanizada do feijoeiro com menores perdas, uma das características mais visadas pelos melhoristas é a arquitetura da planta. Essa característica, por sua vez, é determinada por várias outras, entre as quais são citados o número e ângulo das ramificações, o número e comprimento dos entrenós, a distribuição das vagens, a altura da planta, o diâmetro do hipocótilo e o hábito de crescimento (TEIXEIRA et al., 1999). Quanto a essa última característica, as plantas de feijão são classificadas em quatro tipos. O tipo I é o único com hábito de crescimento do tipo determinado, enquanto os tipos II, III e IV são indeterminados, variando de acordo com a intensidade das ramificações laterais e da habilidade trepadora da planta (VIEIRA et al., 2005). Os tipos I e IV são inapropriados para a colheita mecanizada do tipo ceifa, pois as plantas do tipo I geralmente são mais baixas que a plataforma de corte, e as plantas do tipo IV têm grande capacidade trepadora, com a maioria das vagens estando em contato com o solo. Os cultivares do tipo II são mais apropriados à colheita mecanizada do que as do tipo III, uma vez que cultivares do tipo III são, em sua maioria, prostrados e com grande quantidade de vagens em contato com o solo (SILVA; WANDER, 2015).

## 2.2. Melhoramento genético do feijoeiro

Os principais métodos de melhoramento empregados na cultura do feijoeiro são introdução de plantas, seleção de linhas puras e hibridação. Atualmente, a hibridação é apontada como o principal método na obtenção de novas linhagens. Na condução de um programa de melhoramento por esse método existem três etapas fundamentais: a escolha dos genitores a serem cruzados, a obtenção das populações segregantes e a escolha do método de condução dessas populações à homozigose, para extração de linhagens (RAMALHO et al., 2012).

O sucesso de um programa de melhoramento por hibridação está fundamentado na escolha eficiente dos genitores, os quais devem ser cuidadosamente avaliados para gerar populações segregantes com potencial para extração de linhagens superiores. A escolha dos melhores genitores e, ou, populações segregantes permite o descarte daqueles com baixo potencial genético, o que acarreta a maximização dos recursos humanos e financeiros (ABREU et al., 2002; ROCHA et al., 2013). A variabilidade genética da população é fundamental no processo de seleção, mesmo quando essa população esteja associada a uma média de magnitude desejada para a característica de interesse. Populações segregantes podem expressar pequena variabilidade genética em razão de os genitores cruzados apresentarem constituição genética semelhante, o que diminui a probabilidade de sucesso na seleção de genótipos superiores. Logo, é importante que as populações apresentem médias favoráveis associadas à alta variabilidade genética (SANTOS et al., 2001).

Entre as metodologias que auxiliam os melhoristas na escolha de genitores e, ou, populações segregantes, destacam-se aquelas que levam em consideração o desempenho per se dos genitores, a diversidade genética entre eles e o comportamento das progênies oriundas dos cruzamentos (RAMALHO et al., 2012). Na cultura do feijoeiro, tem-se dado ênfase às análises dialélicas, estimativas de  $m + a'$  e  $d$  e à metodologia de Jinks e Pooni (1976).

Nas análises dialélicas, a escolha se baseia em estimativas de capacidade geral e específica de combinação dos genitores, que são obtidas pelo desempenho dos próprios genitores e de seus híbridos. As metodologias de  $m + a'$  e  $d$  e de Jinks e Pooni (1976) se baseiam no desempenho e variabilidade das populações segregantes oriundas dos cruzamentos. Na metodologia de  $m + a'$  e  $d$ , as populações são avaliadas em pelo menos duas gerações

subsequentes de endogamia nas mesmas condições ambientais, com base em seus desempenhos médios. Já na metodologia de Jinks e Pooni (1976) apenas uma geração é suficiente, embora haja necessidade de avaliação de plantas individuais dentro de cada população. A metodologia de Jinks e Pooni (1976) tem sido empregada no melhoramento de culturas autógamas anuais, como soja (TRILLER; TOLEDO, 1996), arroz (SANTOS et al., 2001), trigo (PIMENTEL et al., 2013) e feijão (ABREU et al., 2002; ROCHA et al., 2013). Cabe ressaltar que essa metodologia se baseia apenas em dados fenotípicos individuais, o que acarreta baixa acurácia experimental (MENDONÇA et al., 2002; ROCHA et al., 2013).

O uso de modelos lineares mistos permite a predição mais acurada e não viesada de valores genotípicos de tratamentos, além de proporcionar informações inerentes a indivíduos dentro de populações, livres de quaisquer efeitos ambientais (WHITE; HODGE, 1989; RESENDE, 2007; RESENDE et al., 2015a). Para obter a melhor predição linear não viesada (BLUP) dos tratamentos genéticos, é necessário fornecer seus componentes de variância. Entretanto, em diversas situações práticas não se tem o conhecimento prévio de tais componentes, havendo a necessidade de estimá-los. A aplicação da máxima verossimilhança restrita (REML) é apontada como procedimento ideal para estimação de componentes de variância e tem substituído com vantagens o método da análise de variância (ANOVA). Segundo Resende (2007), tal procedimento é mais acurado em várias situações experimentais. As equações de modelos mistos, propostas inicialmente por Henderson (1975), têm sido utilizadas com frequência no melhoramento animal (ROBINSON, 1991). Contudo, no melhoramento vegetal essa metodologia ainda é pouco explorada, principalmente em culturas anuais (PIEPHO et al., 2008).

O número e forma de intercruzamento de potenciais genitores também merecem destaque em um programa de melhoramento por hibridação (HUEHN, 1996; BERNARDO, 2003). Populações oriundas de um número muito pequeno de genitores estão associadas à baixa concentração dos alelos favoráveis para os diversos locos envolvidos no controle de uma característica quantitativa. Já elevado número de genitores está associado à baixa probabilidade em obter genótipos com todos os alelos favoráveis para as características de interesse. Nesse caso, seria necessário número muito elevado de sementes híbridas para manter os alelos favoráveis de todos os genitores (FOUILLOUX; BANEROT, 1988; RAMALHO et al., 1993). A maneira de contornar esse inconveniente é utilizar a estratégia de seleção recorrente. Seleção

recorrente consiste em ciclos repetidos de avaliação, seleção e recombinação de indivíduos, visando ao aumento da frequência de alelos favoráveis nas populações quanto às características de interesse, o que aumenta as chances de sucesso na obtenção de linhagens superiores (RAMALHO et al., 2012). Proposta inicialmente para plantas alógamas (HULL, 1945), a seleção recorrente vem sendo adotada em programas de melhoramento de espécies autógamias, como é o caso do feijoeiro (SINGH et al., 1999; RAMALHO et al., 2005; MENEZES JUNIOR et al., 2013).

Para plantas autógamias, geralmente o inter cruzamento dos potenciais genitores em esquema de seleção recorrente deve ser feito por etapas. Nesse sentido, Bearzoti (1997) propôs uma metodologia que permite realizar o inter cruzamento dos genitores por etapas e de forma organizada, de modo que cada genitor ou população participe de dois cruzamentos a cada ciclo de seleção e recombinação (cruzamentos em esquema de dialelo circulante). Considerando um exemplo com 20 genitores, em que cada um participa de dois cruzamentos, são obtidas 20 populações. As melhores plantas ou progênies de cada uma dessas populações são selecionadas para a recombinação, que também segue o esquema de dialelo circulante e permite a obtenção de 20 novas populações por ciclo. A cada ciclo, as populações são representadas por maior número de genitores, de maneira que os cruzamentos seguem até que todos contribuem de forma igualitária em cada população. Isso permite a introgressão gradativa de alelos favoráveis nas populações, além de manter a variabilidade genética ao longo dos ciclos. Além disso, esse esquema permite introduzir, excluir ou substituir genitores, dando maior dinamismo ao programa de melhoramento (RAMALHO et al., 2012).

Os programas de melhoramento do feijoeiro têm buscado, de maneira geral, obter cultivares produtivos, com porte ereto, bom aspecto comercial de grãos e resistentes às principais doenças que assolam a cultura (MIKLAS et al., 2006; SILVA, C. et al., 2009; MELO et al., 2010; ROCHA et al., 2012). Características como a produtividade de grãos e a arquitetura de plantas são controladas por vários genes e sofrem grande influência ambiental (COLLICCHIO et al., 1997; RAMALHO et al., 1998; MORETO et al., 2007). Para arquitetura de plantas, por exemplo, plantas eretas podem se tornar prostradas, dependendo das condições de cultivo, como umidade e temperatura elevadas e solo rico em matéria orgânica. Geralmente, os programas de melhoramento de feijão têm avaliado a arquitetura de plantas por meio de uma escala de notas

proposta por Collicchio et al. (1997). Porém, esse tipo de avaliação é visual, necessitando de avaliadores bem treinados para uma avaliação com elevada precisão e acurácia.

Características que sejam fáceis de serem medidas e com alta precisão podem auxiliar na seleção de plantas com nota de arquitetura desejável, desde que estejam correlacionadas. Moura et al. (2013) destacaram o diâmetro do hipocótilo como característica de maior potencial para ser utilizada na seleção de plantas mais eretas, apresentando elevada acurácia e precisão em sua avaliação. Poersch (2013) propôs a utilização do diâmetro do hipocótilo na seleção indireta na arquitetura de plantas em um programa de seleção recorrente fenotípica, enquanto Anjos (2015) relatou ganho em notas de arquitetura em um ciclo de seleção recorrente, com base na seleção do diâmetro do hipocótilo. Na cultura do feijoeiro, também há relatos de sucesso com a seleção recorrente fenotípica para resistência à mancha-angular (AMARO et al., 2007) e precocidade (SILVA et al., 2007). A seleção recorrente fenotípica é utilizada quando a característica em questão apresentar alta herdabilidade no sentido restrito e for de fácil mensuração.

Para uma característica quantitativa de baixa herdabilidade, a seleção com base no fenótipo não é eficiente. Nesse contexto, a avaliação de progênies é necessária, pois permite avaliar o valor genotípico das plantas com base no desempenho médio de seus descendentes (BERNADO, 2002; CARGNIN, 2007). Essas progênies são geradas a partir de populações segregantes e conduzidas em bulk desde as gerações  $F_{2:3}$  ou  $F_{3:4}$  até as gerações  $F_{2:6}$  ou  $F_{3:6}$ , as quais são avaliadas em experimentos com repetições em vários locais e safras (FOUILLOUX; BANNEROT, 1988). Esse método de condução de população é conhecido como bulk dentro de progênies e vem ganhando espaço no melhoramento do feijoeiro nas últimas décadas, pois possibilita melhor amostragem da população nas gerações iniciais (RAMALHO et al., 2001; BOREM; MIRANDA, 2013). Bruzi (2008) propôs a utilização de modelos mistos para obtenção da melhor predição linear não viesada (BLUP) de valores genéticos de progênies de feijoeiro quando avaliadas em sucessivas gerações, enquanto Nunes et al. (2008) recomendaram o uso do BLUP na avaliação de progênies de feijoeiro, levando em consideração sua genealogia. Nesse sentido, Resende et al. (2015b) derivaram o índice de multigerções, que considera a informação de todas as gerações e a covariância entre sucessivas gerações, para a identificação das melhores progênies conduzidas pelo método de Bulk dentro de progênies. Ao utilizar esse índice na cultura do feijoeiro, Batista (2015) concluiu que ele foi mais eficiente na seleção de progênies quanto às características arquitetura de plantas, produtividade e aspecto comercial de grãos.

O índice de multigerações, também conhecido como BDP-BLUP (BLUP associado ao esquema Bulk Dentro de Progênes), não estima, entretanto, o efeito das diferentes populações associado a cada progênie avaliada. Assim, Resende et al. (2015a) desenvolveram outro índice de seleção que leva em consideração toda a estrutura genealógica de um programa de seleção recorrente de plantas autógamas. Nele estão inclusas as informações dos pais, assim como ambos os efeitos de população e progênie nas diferentes gerações avaliadas. Esse índice foi chamado de Índice de Seleção com Efeito de Progenitor, População, Progênie e Geração (ISPPPG). O BLUP das progênes estimadas por esses índices é obtido por meio de modelos mistos, com os componentes de variância estimados via REML.

### 3. MATERIAL E MÉTODOS

Este trabalho teve início a partir de 35 populações segregantes obtidas por Moura (2013), oriundas de cruzamentos em esquema de dialelo parcial, em que o grupo I foi constituído de cinco genitores de grãos pretos e o grupo II, por sete genitores de grãos cariocas (Tabela 1).

Tabela 1 - Informações sobre procedência, grupo comercial, porte e resistência a doenças dos 12 genitores utilizados nos cruzamentos de dialelo parcial 5 x 7

| <b>Genitores</b> | <b>Procedência</b> | <b>Grupo comercial</b> | <b>Porte</b> | <b>Resistência</b>  |
|------------------|--------------------|------------------------|--------------|---------------------|
| L20              | UFV                | Preto                  | Semiereto    | Ferrugem/Antracnose |
| Xamego           | PESAGRO/EMBRAPA    | Preto                  | Ereto        | Murcha-de-fusário   |
| TB9401           | EMBRAPA            | Preto                  | Ereto        | -                   |
| BRS Valente      | EMBRAPA            | Preto                  | Ereto        | Antracnose          |
| Diamante Negro   | EMBRAPA/EMGOPA     | Preto                  | Semiereto    | Bacteriose          |
| VC 12            | UFV                | Carioca                | -            | Ferrugem            |
| VC 20            | UFV                | Carioca                | Semiereto    | Ferrugem            |
| BRS 9461         | EMBRAPA            | Carioca                | Ereto        | Ferrugem            |
| CNFC 10720       | EMBRAPA            | Carioca                | Ereto        | Mofo-branco         |
| MAI 1813         | UFLA               | Carioca                | -            | Mancha-angular      |
| VC 16            | UFV                | Carioca                | Semiereto    | Mancha-angular      |
| RP 1             | UFLA               | Carioca                | Ereto        | Murcha-de-fusário   |

Fonte: Adaptado de MOURA, 2013. -: Sem informação.

#### 3.1. Predição do potencial de populações segregantes

As 35 populações segregantes F<sub>2</sub> obtidas por Moura (2013) foram avançadas em bulk até a geração F<sub>3</sub>. Essas populações, juntamente com os 12 genitores, foram avaliadas em

experimento realizado na Estação Experimental da Universidade Federal de Viçosa, em Coimbra, MG (20°45' S e 42°51' W, 690 m de altitude), na safra de inverno de 2014. Utilizou-se o delineamento de blocos casualizados com três repetições e parcelas constituídas por quatro linhas de 4 m, espaçadas a 0,50 m. Para quantificação do potencial dessas populações segregantes, foram obtidos dados de plantas individuais de uma das duas linhas centrais de cada parcela para produção de grãos (PG), em gramas por planta ( $\text{g planta}^{-1}$ ) e diâmetro do hipocótilo (DH), em milímetros (mm), medido a 1 cm abaixo do nó cotiledonar.

Devido à perda de parcelas e de plantas dentro da parcela, foi realizada uma análise de Deviance para verificar a significância do efeito de população utilizando a razão da máxima verossimilhança restrita (LRT) para testar esse efeito. Esse teste substitui o teste F da análise de variância clássica, tanto para casos balanceados quanto desbalanceados (RESENDE, 2007).

Na predição do potencial das populações segregantes, com vistas à extração de linhagens superiores, foram utilizadas a metodologia de Jinks e Pooni (1976) e a metodologia baseada em modelos mistos (REML/BLUP). Na metodologia de Jinks e Pooni, os valores fenotípicos de características quantitativas em linhagens  $F_\infty$ , oriundas de cruzamentos biparentais homozigóticos, seguem uma distribuição normal. Assim, é possível estimar a probabilidade de obter linhagens que superem determinado padrão em  $F_\infty$ , baseando-se na média e variância das populações segregantes. Nesse procedimento, a variância genética ( $\hat{\sigma}_G^2$ ) de dada população 'i' é estimada pela seguinte expressão:

$$\hat{\sigma}_{G_i}^2 = \hat{\sigma}_{F_i}^2 - \hat{\sigma}_E^2$$

em que  $\hat{\sigma}_{G_i}^2$  é a variância genética presente na população i;  $\hat{\sigma}_{F_i}^2$  é a variância fenotípica observada na população i, obtida pela média aritmética das variâncias dos tratamentos nas três repetições; e  $\hat{\sigma}_E^2$  é a variância ambiental, obtida pela média aritmética da variância fenotípica das testemunhas presentes no experimento, as quais são constituídas por linhagens. Considerou-se que a variância ambiental dentro de populações é semelhante à variância ambiental entre plantas dentro das testemunhas.

A probabilidade de extração de linhagens superiores de cada população, com base nessa metodologia, corresponde à área à direita de determinado valor positivo de  $\mu$ , na abscissa da distribuição normal, sendo estimada pela estatística Z, dada pela expressão:

$$Z = \frac{\mu - F_{ni}}{S_i}$$

em que  $\mu$  corresponde à média considerada padrão de cada caráter, que, neste trabalho, foi a média da linhagem TB 9401 acrescida de 30%, para produtividade de grãos; e do cultivar BRS Valente acrescida de 20%, para diâmetro do hipocótilo.  $F_{ni}$  é a média das plantas de cada população  $F_3$ , para cada característica, que, em um modelo sem dominância, corresponde à média de todas as possíveis linhagens na geração  $F_\infty$ , desde que conduzidas sem seleção.  $S_i$  é a estimativa do desvio-padrão fenotípico entre as linhagens da geração  $F_\infty$ , estimado pela equação:

$$S_i = \sqrt{1,33\sigma_{F_3}^2 - 0,33\sigma_e^2}$$

Tendo em vista o nível de endogamia das plantas analisadas (geração  $F_3$ ), considerou-se que 66,6% da variabilidade genética total era procedente da variabilidade entre populações, restando 33,3% para a variabilidade dentro de populações.

Na quantificação do potencial das populações segregantes em  $F_3$  utilizando modelos mistos, o modelo genético-estatístico utilizado para estimação dos componentes de variância e o BLUP dos valores genéticos segue a seguinte descrição:

$$y = Xr + Za + Wp + Tb + e$$

em que  $y$  é o vetor de dados;  $r$  é o vetor dos efeitos de testemunhas e o conjunto de populações, considerados como fixos;  $a$  é o vetor dos efeitos genéticos aditivos entre populações (assumidos como aleatórios);  $p$  é o vetor dos efeitos de parcela (assumidos como aleatórios);  $b$  é o vetor dos efeitos de blocos (aleatórios);  $e$  é o vetor de erros ou resíduos (aleatórios).  $X$ ,  $Z$ ,  $W$  e  $T$  são matrizes de incidência para os efeitos  $r$ ,  $a$ ,  $p$  e  $b$ , respectivamente.

Na distribuição e estrutura de médias e variâncias, foram consideradas as seguintes condições:

$y \sim N(Xr, V)$ , em que  $V$  é a matriz de covariâncias dos valores fenotípicos;

$a \sim N(0, I\sigma_a^2)$ , em que  $\sigma_a^2$  é a variância genética entre populações;

$p \sim N(0, I\sigma_p^2)$ , em que  $\sigma_p^2$  é a variância entre parcelas;

$b \sim N(0, I\sigma_b^2)$ , em que  $\sigma_b^2$  é a variância entre blocos;

$e \sim N(0, I\sigma_e^2)$ , em que  $\sigma_e^2$  é a variância residual;

$Cov = (a, p') = 0$ ;  $Cov = (a, b') = 0$ ;  $Cov = (a, e') = 0$ ; e

$Cov = (p, b') = 0$ ;  $Cov = (p, e') = 0$ ;  $Cov = (b, e') = 0$ ;

ou seja:

$$E \begin{bmatrix} y \\ a \\ p \\ b \\ e \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} Xr \\ 0 \\ 0 \\ 0 \\ 0 \end{bmatrix} \quad e \quad \text{Var} \begin{bmatrix} y \\ a \\ p \\ b \\ e \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} V & ZG & WP & TB & R \\ GZ' & G & 0 & 0 & 0 \\ PW' & 0 & P & 0 & 0 \\ BT' & 0 & 0 & B & 0 \\ R & 0 & 0 & 0 & R \end{bmatrix}$$

em que:

$$G = I\sigma_a^2$$

$$R = I\sigma_e^2$$

$$P = I\sigma_p^2$$

$$B = I\sigma_b^2$$

$$V = ZI\sigma_a^2Z' + WI\sigma_p^2W' + TI\sigma_b^2T' + I\sigma_e^2$$

As equações de modelo misto para o BLUP dos valores genéticos populacionais equivalem

a:

$$\begin{bmatrix} X'X & X'Z & X'W & X'T \\ Z'X & Z'Z + I\lambda_1 & Z'W & Z'T \\ W'X & W'Z & W'W + I\lambda_2 & W'T \\ T'X & T'Z & T'W & T'T + I\lambda_3 \end{bmatrix} \cdot \begin{bmatrix} \hat{r} \\ \tilde{a} \\ \tilde{p} \\ \tilde{b} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X'y \\ Z'y \\ W'y \\ T'y \end{bmatrix} \quad \text{em que:}$$

$$\lambda_1 = \frac{\sigma_e^2}{\sigma_a^2} = \frac{1 - h^2 - C_p^2 - C_b^2}{h^2}, \quad \lambda_2 = \frac{\sigma_e^2}{\sigma_p^2} = \frac{1 - h^2 - C_p^2 - C_b^2}{C_p^2}, \quad \lambda_3 = \frac{\sigma_e^2}{\sigma_b^2} = \frac{1 - h^2 - C_p^2 - C_b^2}{C_b^2}$$

$$h^2 = \frac{\sigma_a^2}{\sigma_a^2 + \sigma_p^2 + \sigma_b^2 + \sigma_e^2} : \text{herdabilidade individual no sentido restrito.}$$

$$C_p^2 = \frac{\sigma_p^2}{\sigma_a^2 + \sigma_p^2 + \sigma_b^2 + \sigma_e^2} : \text{correlação devido ao ambiente comum da parcela.}$$

$$C_b^2 = \frac{\sigma_b^2}{\sigma_a^2 + \sigma_p^2 + \sigma_b^2 + \sigma_e^2} : \text{correlação devido ao ambiente comum do bloco.}$$

Estimadores iterativos dos componentes de variância por REML via algoritmo EM:

$$\sigma_e^2 = [y'y - \hat{r}' X'y - \tilde{a}' Z'y - \tilde{p}' W'y - \tilde{b}' T'y] / [N - r(x)]$$

$$\sigma_a^2 = [\tilde{a}' \tilde{a} + \sigma_e^2 \text{tr } C^{22}] / q$$

$$\sigma_p^2 = [\tilde{p}' \tilde{p} + \sigma_e^2 \text{tr } C^{33}] / s$$

$$\sigma_b^2 = [\tilde{b}' \tilde{b} + \sigma_e^2 \text{tr } C^{44}] / \eta$$

em que  $C^{22}$ ,  $C^{33}$ ,  $C^{44}$  advêm de:

$$C^{-1} = \begin{bmatrix} C^{11} & C^{12} & C^{13} & C^{14} \\ C^{21} & C^{22} & C^{23} & C^{24} \\ C^{31} & C^{32} & C^{33} & C^{34} \\ C^{41} & C^{42} & C^{43} & C^{44} \end{bmatrix}$$

em que  $C$  é a matriz dos coeficientes das equações de modelo misto;  $\text{tr}$  é operador traço matricial;  $r(x)$  é posto da matriz  $X$ ; e  $N$ ,  $q$ ,  $s$  e  $\eta$  correspondem ao número total de dados, de indivíduos, de parcelas e de blocos, respectivamente.

Foi utilizado o software SELEGEN-REML/BLUP (RESENDE, 2002) para predição dos valores genéticos de cada indivíduo avaliado. A estimação da variância aditiva ( $\sigma_a^2$ ) usando dados apenas da geração  $F_3$  implica assumir 0,25 da variância dos desvios de dominância ( $\sigma_d^2$ ), tendendo a zero na variação entre e dentro de progênies. Entretanto, mesmo sem essa suposição, a presença dessa pequena fração de  $\sigma_d^2$  não deverá afetar o ranking pelo BLUP, visto que as duas herdabilidades são usadas no cômputo dos seus valores genéticos. Estando essas duas herdabilidades inflacionadas pela mesma quantidade, a proporcionalidade entre elas não será afetada (RESENDE, 2007).

### 3.2. Seleção de progênies endogâmicas

Com base na capacidade geral e específica de combinação para as características produtividade de grãos e arquitetura de plantas, Moura (2013) selecionou 20 populações segregantes (Tabela 2), as quais constituíram o ciclo zero de um programa de seleção recorrente de feijão-preto. De cada uma das 20 populações segregantes, foram selecionadas 19 plantas com maiores valores de diâmetro do hipocótilo e que continham sementes de tegumento preto, dando origem a 380 progênies. Essas progênies, juntamente com os 12 genitores do dialelo e as oito linhagens de grãos pretos (Ouro Negro, Supremo, VP 22, BRS Campeiro, IPR Tuiuiu, IPR Grelha, IPR Tiziu, Meia Noite), foram avaliadas em delineamento em látice triplo 20 x 20, nas safras da seca e do inverno de 2015. Na safra da seca, a parcela experimental foi de uma linha de 1 m, com espaçamento de 0,50 m. Já na safra de inverno a parcela experimental foi de duas linhas de 2 m, espaçadas a 0,50 m. Ambos os experimentos foram conduzidos na Estação Experimental da Universidade Federal de Viçosa, em Coimbra, MG (20°45' S e 42°51' W, 690 m de altitude).

Tabela 2 - Relação de 20 potenciais populações segregantes selecionadas por Moura (2013) e informações sobre porte e resistência a doenças de seus genitores

| <b>População</b> | <b>Genitores</b>       | <b>Porte</b>        | <b>Resistência</b>                   |
|------------------|------------------------|---------------------|--------------------------------------|
| 1                | L20/RP1                | Semiereto/Ereto     | Ferrugem/Murcha-de-fusário           |
| 2                | L20/BRS Estilo         | Semiereto/Ereto     | Ferrugem/Ferrugem                    |
| 3                | L20/VC12               | Semiereto/ -        | Ferrugem/Ferrugem                    |
| 4                | L20/CNFC 10720         | Semiereto/Ereto     | Ferrugem/Mofo-branco                 |
| 5                | L20/MAI1813            | Semiereto/ -        | Ferrugem/Mancha-angular              |
| 6                | L20/VC16               | Semiereto/Semiereto | Ferrugem/Mancha-angular              |
| 7                | Xamego/RP1             | Ereto/Ereto         | Murcha-de-fusário/Murcha-de- fusário |
| 8                | Xamego/BRS Estilo      | Ereto/Ereto         | Murcha-de-fusário/Ferrugem           |
| 9                | Xamego/CNFC 10720      | Ereto/Ereto         | Murcha-de-fusário/Mofo-branco        |
| 10               | Xamego/MAI1813         | Ereto/ -            | Murcha-de-fusário/Mancha-angular     |
| 11               | Xamego/VC16            | Ereto/Semiereto     | Murcha-de-fusário/Mancha-angular     |
| 12               | TB 9401/RP1            | Ereto/Ereto         | - /Murcha-de-fusário                 |
| 13               | TB 9401/BRS Estilo     | Ereto/Ereto         | - /Ferrugem                          |
| 14               | TB 9401/CNFC 10720     | Ereto/Ereto         | - /Mofo-branco                       |
| 15               | TB 9401/MAI1813        | Ereto/ -            | - /Mancha-angular                    |
| 16               | BRS Valente/RP1        | Ereto/Ereto         | Antracnose/Murcha-de-fusário         |
| 17               | BRS Valente/BRS Estilo | Ereto/Ereto         | Antracnose/Ferrugem                  |
| 18               | BRS Valente/CNFC 10720 | Ereto/Ereto         | Antracnose/Mofo-branco               |
| 19               | BRS Valente/MAI1813    | Ereto/ -            | Antracnose/Mancha-angular            |
| 20               | BRS Valente/VC16       | Ereto/Semiereto     | Antracnose/Mancha-angular            |

- : Sem informações.

As características avaliadas foram arquitetura de plantas, severidade de mancha-angular, aspecto comercial de grãos e produtividade de grãos.

Para a arquitetura de plantas, a avaliação foi realizada por meio de uma escala de notas sugerida por Ramalho et al. (1998). Essa escala varia de 1 a 5, em que nota 1 se refere à planta ereta, com uma haste e inserção alta das primeiras vagens; nota 2, planta ereta com algumas ramificações e guia curta; nota 3, planta semiprostrada com ramificações e guia mediana; nota 4, prostrada com algumas ramificações e guia longa; e nota 5, com entrenós muito longos e prostrada.

A avaliação da severidade de mancha-angular foi realizada com base em uma escala de notas de 1 a 9, proposta por Pastor-Corrales e Van Schoonhoven (1987), em que: 1- plantas sem sintomas da doença; 3- presença de 5 até 10% de lesões foliares, sem esporulação do patógeno; 5- presença de lesões acima de 20% da área foliar e presença de várias lesões esporuladas; e 7-

presença de lesões acima de 60% da área foliar com sintomas de clorose e necrose; e 9- 90% da área foliar com lesões frequentemente associadas à desfolha e morte da planta. Admitiu-se que progênies com nota acima de 3 foram consideradas suscetíveis.

Para avaliação do aspecto comercial de grãos, foi adotada uma escala de notas variando de 1 a 5, semelhante à usada por Ramalho et al. (1998), em que nota 1 se refere ao grão tipo preto, sem presença de brilho, não achatado e com formato elíptico; nota 2, grão tipo preto com deficiência em uma das características mencionadas no padrão; nota 3, grão tipo preto com deficiência em duas características mencionadas no padrão; nota 4, grão tipo preto com deficiência em três das características mencionadas no padrão; e nota 5, grão fora do padrão preto.

Foi realizada a análise de Deviance, visando testar os efeitos de progênie, população e interação progênie x geração, utilizando o teste da razão da máxima verossimilhança restrita (LRT). No teste dos efeitos de progênie e interação progênie x geração, foi utilizado o modelo 180, enquanto para o efeito de população, o modelo 186, ambos do programa SELEGEN REML/BLUP (RESENDE, 2002).

Foram selecionadas as melhores progênies, independentemente da população de origem, visando à extração de linhagens. Também, foi selecionada a melhor progênie de cada uma das 20 populações para recombinação e obtenção de um novo ciclo de seleção recorrente (C<sub>1</sub>), seguindo o esquema proposto por Bearzoti (1997). Nos dois processos de seleção das progênies, foram utilizados os valores genéticos preditos via REML/BLUP.

Para a predição dos valores genéticos das progênies, foram utilizados o índice de multigeração (BDP-BLUP) e o índice de seleção com efeito de progenitor, população, progênie e geração (ISPPPG), que corresponde aos modelos 180 e 186 do SELEGEN REML/BLUP, respectivamente.

O BDP-BLUP, conforme apresentado por Resende et al. (2015b), é dado por  $\hat{a} = b_2F_2 + b_3F_3 + b_4F_4 + b_5F_5 + b_6F_6$ . Os vetores  $b_x$  são os pesos que ponderam as fontes de informação nas gerações de endogamia. Como somente as gerações F<sub>4</sub> e F<sub>5</sub> foram avaliadas, o índice se reduz a:  $\hat{a} = b_4F_4 + b_5F_5$ , e os pesos são estimados pelo seguinte sistema:

$$\hat{\mathbf{b}}_{\text{prog}} = \begin{bmatrix} \hat{b}_{F_4} \\ \hat{b}_{F_5} \end{bmatrix} = \mathbf{F}^{-1} \mathbf{g} = \begin{bmatrix} (K_{F_4} / h^2) & 1.50 \\ & (K_{F_5} / h^2) \end{bmatrix}^{-1} \begin{bmatrix} 1.50 \\ 1.75 \end{bmatrix}$$

em que  $K_x = \frac{(1+Fh^2)+(n-1)r_g h^2}{n}$ , sendo F o coeficiente de endogamia individual em cada geração; n é o número de repetições em cada geração;  $r_g$  é a correlação genética entre indivíduos de cada progênie nas gerações avaliadas; e  $h^2$  é a herdabilidade em nível de parcelas.

O estimador da acurácia do índice é dado por:

$$\hat{r}_{\hat{a}_{a_\infty}} = \left[ \sum \mathbf{b}_{F_p} \mathbf{r}_p / (1 + F) \right]^{1/2} = [\mathbf{b}_{F_4} \mathbf{r}_4 + \mathbf{b}_{F_5} \mathbf{r}_5] / (1 + F_\infty) \Big]^{1/2}$$

em que  $r_p$  é o coeficiente de correlação entre as informações fenotípicas da geração  $F_p$  e os valores genéticos das linhagens em  $F_\infty$ .

O modelo misto ajustado para este índice é o seguinte:

$$y = \mathbf{Xg} + \mathbf{Za} + \mathbf{Wb} + \mathbf{Ti} + e$$

em que y é o vetor de dados; g é o vetor dos efeitos de geração (assumidos como fixos) somados à média geral; a é o vetor dos efeitos genéticos aditivos de progênies (assumidos como aleatórios); b é o vetor dos efeitos de blocos (assumidos como aleatórios); i é o vetor dos efeitos da interação progênies x gerações (aleatórios); e é o vetor de erros ou resíduos (aleatórios). As letras maiúsculas representam as matrizes de incidência para os referidos efeitos.

O ISPPPG, proposto por Resende et al. (2015b), toma a seguinte forma:  $I = \mathbf{b}_{\text{Pop}} (\bar{Y}_{i..} - \bar{Y}_{...})_g + \mathbf{b}_{\text{Prog}} (Y_{.j.} - \bar{Y}_{i..})_g$ , em que  $Y_{.j.}$ ,  $\bar{Y}_{i..}$  e  $\bar{Y}_{...}$  são os valores da média de progênies, média de populações e média geral, respectivamente. O vetor de pesos  $\mathbf{b}_{\text{Pop}}$  pondera os efeitos de população nas várias gerações de endogamia, e o vetor de pesos  $\mathbf{b}_{\text{Prog}}$  pondera os efeitos de progênies nas várias gerações. Considerando a avaliação somente das gerações  $F_4$  e  $F_5$  e que os pais e as gerações  $F_1$  e  $F_2$  contribuem com menos de 1% para o valor do ISPPPG (RESENDE et al., 2015a), o índice pode ser dado por:

$$\hat{a} = \hat{\mathbf{b}}_{F_4 \text{ pop}} \mathbf{F}_{4 \text{ pop}} + \hat{\mathbf{b}}_{F_5 \text{ pop}} \mathbf{F}_{5 \text{ pop}} + \hat{\mathbf{b}}_{F_4 \text{ prog}} \mathbf{F}_{4 \text{ prog}} + \hat{\mathbf{b}}_{F_5 \text{ prog}} \mathbf{F}_{5 \text{ prog}}$$

em que  $\hat{a}$  é o valor genético de uma linhagem na geração  $F_\infty$ , considerando todos os efeitos corrigidos para as diferentes gerações. Uma vez que os vetores de pesos  $\mathbf{b}_{\text{Pop}}$  e  $\mathbf{b}_{\text{Prog}}$  são independentes, eles podem ser estimados separadamente. Dessa forma, os pesos referentes a populações são estimados pelas equações:

$$\hat{\mathbf{b}}_{\text{Pop}} = \begin{bmatrix} \hat{\mathbf{b}}_{F_4 \text{ pop}} \\ \hat{\mathbf{b}}_{F_5 \text{ pop}} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} (\mathbf{K}_{F_4 \text{ pop}} / h_{aT}^2) & \frac{2F_{ST}}{1 + F_{ST}} \\ \text{Sim} & (\mathbf{K}_{F_5 \text{ pop}} / h_{aT}^2) \end{bmatrix}^{-1} \begin{bmatrix} \frac{2F_{ST}}{1 + F_{ST}} \\ \frac{2F_{ST}}{1 + F_{ST}} \end{bmatrix}$$

em que:

$$\mathbf{K}_{F_{gpop}} = 1 + \frac{F_{ITg}(1 + F_{STg}) - 2F_{STg}}{(1 + F_{STg})} h_{aT}^2 + (b-1) \frac{1 + (1 - F_{STg})F_{ISg}}{(1 + F_{STg})} h_{aT}^2 + (fb-1) \frac{2F_{STg}}{(1 + F_{STg})} h_{aT}^2$$

sendo b e f o número de blocos e progênies por população, respectivamente; os coeficientes  $F_{ST}$ ,  $F_{ISg}$  e  $F_{ITg}$  estão descritos a seguir:

O  $F_{ST}$  é a probabilidade de que dois indivíduos, pertencentes à mesma população global, possuam um alelo idêntico por descendência, ou seja, é o coeficiente de endogamia entre populações, dado por:

$$F_{ST} = \frac{\sigma_{pop}^2}{\sigma_{pop}^2 + 2\sigma_a^2}$$

em que  $\sigma_a^2$  é a variação genética aditiva média dentro de populações; e  $\sigma_{pop}^2$  é a variância genética entre populações.

O  $F_{ISg}$  é a correlação entre alelos dentro de indivíduos dentro de populações, ou seja, é o coeficiente de endogamia dentro de populações. Considerando as gerações  $F_4$  e  $F_5$ , os coeficientes de endogamia dentro de populações são dados pelo vetor:

$$\mathbf{F}_{ISg} = [0.75 \ 0.875]'$$

O  $F_{ITg}$  é a correlação entre alelos dentro de indivíduos, ou seja, é o coeficiente de endogamia total, entre e dentro de populações, que é dado por:

$$F_{ITg} = F_{ST} + (1 - F_{ST})F_{ISg}.$$

$h_{aT}^2$  é a herdabilidade total, ou entre e dentro de populações, dada por:

$$h_{aT}^2 = \frac{\sigma_{pop}^2 + \sigma_a^2}{\sigma_{pop}^2 + \sigma_a^2 + \sigma_e^2}$$

em que  $\sigma_e^2$  é a variância residual.

Os pesos referentes às progênies nas duas gerações são dados por:

$$\hat{\mathbf{b}}_{\text{Prog}} = \begin{bmatrix} \hat{\mathbf{b}}_{F4\text{prog}} \\ \hat{\mathbf{b}}_{F5\text{prog}} \end{bmatrix} = \mathbf{F}^{-1} \mathbf{g} = \begin{bmatrix} (\mathbf{K}_{F4\text{prog}} / h_{aT}^2) & 1.50 \frac{1 - F_{st}}{1 + F_{st}} + F_{st} \\ \text{Sim} & (\mathbf{K}_{F5\text{prog}} / h_{aT}^2) \end{bmatrix}^{-1} \begin{bmatrix} 1.50 \frac{1 - F_{st}}{1 + F_{st}} + F_{st} \\ 1.75 \frac{1 - F_{st}}{1 + F_{st}} + F_{st} \end{bmatrix}$$

em que:

$$\mathbf{K}_{Fg\text{prog}} = \frac{1 + \frac{F_{ITg}(1 + F_{ST}) - 2F_{ST}}{(1 + F_{ST})} h_{aT}^2 + (\mathbf{b} - 1) \frac{1 + (1 - F_{ST})F_{ISg}}{(1 + F_{ST})} h_{aT}^2 - \frac{2F_{ST}}{(1 + F_{ST})} h_{aT}^2}{\mathbf{b}}$$

O estimador da acurácia do índice completo é dado por  $\hat{r}_{aa_\infty} = \sqrt{\hat{r}_{\text{prog } a_\infty}^2 + \hat{r}_{\text{pop } a_\infty}^2}$ , em que:

$$\hat{r}_{\text{prog } a_\infty} = \left[ \sum \mathbf{b}_{F\text{prog}} \mathbf{r}_x / (1 + F) \right]^{1/2} = \left[ (\mathbf{b}_{F4\text{prog}} \mathbf{r}_4 + \mathbf{b}_{F5\text{prog}} \mathbf{r}_5) / (1 + F_\infty) \right]^{1/2}; e$$

$$\hat{r}_{\text{pop } a_\infty} = \left[ \sum \mathbf{b}_{F\text{pop}} \rho_p / (1 + F) \right]^{1/2} = \left[ (\mathbf{b}_{F4\text{pop}} \rho_p + \mathbf{b}_{F5\text{pop}} \rho_p) / (1 + F_\infty) \right]^{1/2}.$$

O modelo misto a ser ajustado é o seguinte:

$$y = \mathbf{Xg} + \mathbf{Za} + \mathbf{Sp} + \mathbf{Wb} + \mathbf{Ti} + e$$

em que y é o vetor de dados, g é o vetor dos efeitos de geração (assumidos como fixos) somados à média geral; a é o vetor dos efeitos genéticos aditivos de progênes (assumidos como aleatórios); p é o vetor dos efeitos de população (assumidos como aleatórios); b é o vetor dos efeitos de blocos (assumidos como aleatórios); i é o vetor dos efeitos da interação progênie x geração (aleatórios); e é o vetor de erros ou resíduos (aleatórios). As letras maiúsculas representam as matrizes de incidência dos referidos efeitos.

Para a resolução das equações de modelos mistos e a obtenção do BLUP dos valores genéticos, os componentes de variância genéticos e não genéticos foram estimados pelo método REML (Máxima Verossimilhança Restrita), também utilizando o pacote estatístico computacional SELEGEN REML/BLUP.

Para a seleção das progênes de maior potencial, considerando as quatro características simultaneamente, foi utilizado o índice aditivo (RESENDE, 2002), que leva em consideração a direção de seleção (maior ou menor) e as importâncias econômicas das características. Nesse índice, utilizou-se uma combinação linear dos valores genéticos das progênes, estimados com base no ISPPPG para cada uma das quatro características. Para as características arquitetura de plantas, nota de severidade à mancha-angular e nota de aspecto comercial de grãos, a direção de

seleção foi no sentido dos menores valores, enquanto para produtividade de grãos, os maiores valores. Assim, dos valores genéticos (padronizados) das progênies quanto à produtividade de grãos, foram subtraídos os valores genéticos (padronizados) das demais características, para a obtenção do índice aditivo. Dois índices foram obtidos, de modo que no primeiro foi dado o mesmo peso para as quatro características e, no segundo, pesos diferentes. Também, foi estimado o ganho médio com as seleções direta e indireta, para cada característica, bem como o ganho com base na seleção pelo índice aditivo. Ressalta-se que ganhos percentuais positivos são desejados para a característica produtividade de grãos, enquanto para as demais características são desejados ganhos negativos.

## 4. RESULTADOS E DISCUSSÃO

### 4.1. Potencial de populações segregantes

Pela análise de Deviance, observou-se efeito significativo de população para as características diâmetro do hipocótilo (DH) e produção de grãos (PG), a 1% de probabilidade (Tabela 3). A média das populações foi significativamente superior à média das testemunhas pelo teste estatístico Z a 1% de probabilidade. Esses resultados indicam potencial dessas populações para extração de linhagens superiores, quanto a diâmetro do hipocótilo e produtividade de grãos.

Tabela 3 - Resumo da análise de Deviance para as características DH (mm) e produção de grãos (g planta<sup>-1</sup>), avaliadas em populações segregantes de feijão. Coimbra, MG, 2014

| Efeito                       | DH                   |                    | PROD                  |         |
|------------------------------|----------------------|--------------------|-----------------------|---------|
|                              | Deviance             | LRT <sup>(1)</sup> | Deviance              | LRT     |
| População                    | 7781,09 <sup>+</sup> | 35,71**            | 34061,10 <sup>+</sup> | 24,49** |
| Modelo completo              | 7745,38              |                    | 34036,61              |         |
| <b>Média das populações</b>  |                      | 5,47               |                       | 17,29   |
| <b>Média das testemunhas</b> |                      | 5,32               |                       | 15,41   |

<sup>+</sup>: Deviance do modelo ajustado sem o efeito correspondente a populações.

<sup>(1)</sup> \*\*: Significativo pelo teste qui-quadrado a 1% (6,63).

Os valores de coeficiente de variação residual (CVe) foram de 4,30% para DH e 14,48% para PG (Tabela 4). A interpretação do CVe para classificar a precisão experimental é influenciada pela média, havendo a necessidade de tabelas específicas para cada característica. A pouca disponibilidade de tabelas desse tipo dificulta essa classificação (CARGNELUTTI FILHO;

Tabela 4 - Estimativas de parâmetros quanto aos caracteres diâmetro do hipocótilo (DH) e produção de grãos (PG), avaliados em 35 populações segregantes de feijoeiro. Coimbra, MG, 2015

| <b>Parâmetro<sup>1</sup></b>                               | <b>DH</b> | <b>PROD</b> |
|------------------------------------------------------------|-----------|-------------|
| Variância genética aditiva entre populações F <sub>3</sub> | 0,083     | 5,379       |
| Variância fenotípica dentro da parcela                     | 1,269     | 101,545     |
| Variância fenotípica total                                 | 1,385     | 110,489     |
| Variância aditiva dentro de populações                     | 0,042     | 2,690       |
| Herdabilidade individual no sentido restrito (%)           | 6,01      | 4,86        |
| Herdabilidade individual no sentido restrito (%)           | 3,28      | 2,65        |
| Herdabilidade de populações (%)                            | 77,77     | 71,16       |
| Acurácia na seleção individual (%)                         | 24,22     | 22,06       |
| Acurácia na seleção de populações (%)                      | 88,19     | 84,36       |
| Acurácia na seleção entre e dentro de populações (%)       | 89,12     | 85,14       |
| Eficiência com seleção entre e dentro de populações        | 1,01      | 1,01        |
| Coefficiente de variação genético – CVg (%)                | 5,41      | 14,91       |
| Coefficiente de variação experimental – CVe (%)            | 4,30      | 14,48       |
| Coefficiente de variação relativa (CVg/CVe)                | 1,26      | 1,03        |

<sup>1</sup>: Estimativas de herdabilidade e acurácia baseadas em BLUP.

STORCK, 2007). Entretanto, a relação entre o coeficiente de variação genético (CVg) e o CVe, dada pelo coeficiente de variação relativa (CVr), não é influenciada pela média da característica e indica a proporção da variação genética em relação à variação residual. De acordo com Resende e Duarte (2007), valores de CVr acima da unidade, em experimentos com três repetições, apresentaram acurácia seletiva superior a 85%. Isso foi observado para as duas características, uma vez que os valores de CVr e acurácia seletiva para DH, em nível de média de populações, foram de 1,26 e 88,19%, respectivamente, enquanto para PG esses valores foram de 1,03 e 84,36%, respectivamente. Esses valores indicam elevada precisão na seleção em nível de média das populações (RESENDE; DUARTE, 2007).

A alta magnitude dos valores da acurácia na seleção de populações corrobora as altas estimativas de herdabilidade entre populações para ambas as características (77,77% para DH e 71,16% para PG), indicando a possibilidade de sucesso com a seleção das melhores populações segregantes. As estimativas de acurácia da seleção individual (no experimento como um todo)

apresentaram valores classificados como baixos (24,22% e 22,06% para DH e PG, respectivamente), de acordo com Resende e Duarte (2007). Os valores de herdabilidade individual no sentido restrito para DH e PG apresentaram valores de baixa magnitude (Tabela 4), considerando tanto a seleção individual no experimento como um todo (6,01% para DH e 4,86% para PG), quanto a seleção individual dentro de populações (3,28% para DH e 2,65% para PG). Esses resultados estão associados ao fato de que mais de 90% da variância fenotípica total é devida à variância dentro de parcela (Tabela 4). Oliveira (2012) também relatou baixas estimativas de herdabilidade dentro de parcelas para DH, em razão da grande influência do efeito ambiental nessa característica.

A eficiência com a seleção dentro de populações, obtida pela razão entre a acurácia na seleção entre e dentro de populações e a acurácia de seleção entre populações, foi de 1,01 para as duas características. Esses resultados indicam ganho em eficiência de 1% para as características DH e PG, com a seleção dentro de populações. Essas baixas estimativas de ganho genotípico estão associadas às baixas estimativas de herdabilidades individual dentro de populações, resultante da elevada variação dentro de parcelas (Tabela 4). Resultados semelhantes foram relatados por Pimentel et al. (2014), ao utilizarem a metodologia de modelos mistos na cultura do trigo.

As 35 populações foram ordenadas de acordo com as respectivas probabilidades de superar o padrão (PSP), pela metodologia de Jinks e Pooni, e de acordo com o BLUP dos seus valores genéticos, pela metodologia de modelos mistos. Os valores genéticos das populações foram usados para estimar o ganho com a seleção (Tabela 5). Para DH, a PSP variou de 7,78% a 36,69%, e, para PG, esses valores variaram de 11,31% a 59,10%. O limite superior de ganho genético predito com a seleção da melhor população foi de 8,32% para DH e 28,83% para PG. Os valores mais elevados de PSP e de ganho genético referentes a PG, comparados aos de DH, indicaram maior variabilidade genética de PG nas populações.

Os coeficientes de coincidência entre as duas metodologias em apontar as cinco, as 10, as 15 e as 20 populações com maiores e menores potenciais para a extração de linhagens quanto à DH e PG podem ser observados na Tabela 6. A metodologia de Jinks e Pooni e a de modelos mistos foram coincidentes em apontar o potencial das populações segregantes, principalmente em relação àquelas de maiores potenciais. A coincidência entre as duas metodologias é evidenciada

Tabela 5 - Probabilidade de superar o padrão (PSP), valor genético (u+a) e ganho genético acumulado (GA) das 35 populações segregantes F<sub>3</sub> (Pop), para as características DH e PG

| Ordem | DH            |                    |                |      |        | PG            |                    |                |       |        |
|-------|---------------|--------------------|----------------|------|--------|---------------|--------------------|----------------|-------|--------|
|       | Jinks e Pooni |                    | Modelos mistos |      |        | Jinks e Pooni |                    | Modelos mistos |       |        |
|       | Pop           | PSP <sup>(1)</sup> | Pop            | u+a  | GA (%) | Pop           | PSP <sup>(2)</sup> | Pop            | u+a   | GA (%) |
| 1     | 24            | 36,69              | 24             | 5,79 | 8,32   | 26            | 59,10              | 26             | 20,54 | 28,83  |
| 2     | 17            | 34,46              | 25             | 5,77 | 8,19   | 31            | 53,59              | 19             | 18,98 | 24,31  |
| 3     | 25            | 34,09              | 22             | 5,69 | 7,66   | 19            | 52,79              | 31             | 18,89 | 22,65  |
| 4     | 22            | 33,00              | 28             | 5,69 | 7,38   | 22            | 51,99              | 22             | 18,43 | 21,14  |
| 5     | 28            | 31,21              | 17             | 5,67 | 7,13   | 29            | 51,99              | 29             | 18,39 | 20,19  |
| 6     | 26            | 29,46              | 26             | 5,63 | 6,84   | 17            | 51,20              | 17             | 18,24 | 19,41  |
| 7     | 29            | 29,46              | 29             | 5,60 | 6,56   | 30            | 47,61              | 33             | 17,12 | 17,94  |
| 8     | 21            | 29,12              | 21             | 5,57 | 6,28   | 33            | 46,02              | 24             | 17,01 | 16,75  |
| 9     | 1             | 27,76              | 19             | 5,54 | 6,00   | 24            | 45,62              | 27             | 16,80 | 15,69  |
| 10    | 27            | 27,76              | 1              | 5,53 | 5,77   | 27            | 45,62              | 28             | 16,71 | 14,79  |
| 11    | 31            | 27,09              | 27             | 5,49 | 5,50   | 28            | 44,04              | 5              | 16,31 | 13,85  |
| 12    | 19            | 26,76              | 8              | 5,48 | 5,27   | 5             | 43,64              | 12             | 16,15 | 12,98  |
| 13    | 8             | 24,20              | 10             | 5,46 | 5,04   | 12            | 40,52              | 21             | 15,85 | 12,11  |
| 14    | 14            | 22,06              | 31             | 5,45 | 4,83   | 21            | 40,52              | 8              | 15,82 | 11,36  |
| 15    | 10            | 20,33              | 14             | 5,43 | 4,63   | 8             | 39,74              | 30             | 15,65 | 10,64  |
| 16    | 12            | 19,49              | 12             | 5,42 | 4,43   | 25            | 37,83              | 25             | 15,45 | 9,93   |
| 17    | 11            | 17,88              | 15             | 5,40 | 4,24   | 1             | 37,45              | 1              | 15,32 | 9,27   |
| 18    | 15            | 16,60              | 9              | 5,34 | 4,01   | 32            | 35,94              | 15             | 15,18 | 8,64   |
| 19    | 18            | 15,62              | 11             | 5,27 | 3,75   | 15            | 35,20              | 32             | 15,02 | 8,02   |
| 20    | 9             | 14,46              | 3              | 5,24 | 3,47   | 18            | 33,36              | 18             | 15,01 | 7,46   |
| 21    | 23            | 13,35              | 23             | 5,21 | 3,20   | 20            | 31,21              | 16             | 14,93 | 6,94   |
| 22    | 16            | 13,14              | 18             | 5,21 | 2,95   | 23            | 31,21              | 13             | 14,51 | 6,35   |
| 23    | 34            | 12,30              | 2              | 5,20 | 2,72   | 16            | 30,85              | 20             | 14,49 | 5,81   |
| 24    | 2             | 11,70              | 5              | 5,17 | 2,48   | 2             | 28,10              | 23             | 14,43 | 5,29   |
| 25    | 5             | 11,51              | 4              | 5,16 | 2,25   | 35            | 27,43              | 35             | 14,32 | 4,80   |
| 26    | 20            | 10,56              | 13             | 5,15 | 2,04   | 13            | 27,09              | 3              | 14,27 | 4,33   |
| 27    | 4             | 10,38              | 16             | 5,07 | 1,79   | 10            | 26,43              | 14             | 14,17 | 3,87   |
| 28    | 3             | 9,51               | 20             | 5,06 | 1,54   | 14            | 26,43              | 2              | 14,12 | 3,43   |
| 29    | 6             | 8,53               | 7              | 5,05 | 1,31   | 3             | 26,11              | 10             | 14,10 | 3,03   |
| 30    | 35            | 8,53               | 30             | 5,04 | 1,09   | 34            | 26,11              | 9              | 13,86 | 2,60   |
| 31    | 13            | 8,38               | 6              | 5,01 | 0,86   | 9             | 24,51              | 6              | 13,60 | 2,15   |
| 32    | 32            | 8,38               | 33             | 5,00 | 0,65   | 6             | 22,96              | 34             | 13,13 | 1,65   |
| 33    | 33            | 8,08               | 32             | 4,98 | 0,44   | 4             | 19,22              | 4              | 12,74 | 1,10   |
| 34    | 7             | 7,78               | 35             | 4,94 | 0,21   | 11            | 17,62              | 7              | 12,57 | 0,56   |
| 35    | 30            | 7,78               | 34             | 4,93 | 0      | 7             | 11,31              | 11             | 12,24 | 0      |

<sup>(1)</sup>: probabilidade de superar a média do cultivar BRS Valente em 20%.

<sup>(2)</sup>: probabilidade de superar a média da linhagem TB 9401 acrescida de 30%.

Tabela 6 - Coincidência entre a metodologia de Jinks e Pooni e a de modelos mistos em apontar de cinco (5+) a vinte (20+) populações com maiores potenciais e de cinco (5-) a vinte (20-) populações com menores potenciais, em relação à DH e PG. Entre parênteses, encontra-se a média fenotípica referente às populações em questão

|           | <b>5+</b>    | <b>10+</b>  | <b>15+</b>   | <b>20+</b>   |
|-----------|--------------|-------------|--------------|--------------|
| <b>DH</b> | 100% (5,96)  | 90% (5,85)  | 100% (5,77)  | 95% (5,68)   |
| <b>PG</b> | 100% (21,88) | 90% (20,35) | 100% (19,44) | 100% (18,68) |
|           | <b>5-</b>    | <b>10-</b>  | <b>15-</b>   | <b>20-</b>   |
| <b>DH</b> | 40% (5,09)   | 80% (5,15)  | 93% (5,16)   | 100% (5,24)  |
| <b>PG</b> | 80% (13,80)  | 90% (14,41) | 100% (14,80) | 100% (15,22) |

na Figura 1, em que foram dispersos, em um gráfico, o ranqueamento simultâneo das populações segregantes por ambas as metodologias. É possível perceber maior número de populações com ranqueamento semelhante para PG em relação à DH. Contudo, as correlações entre o ranqueamento das populações por ambas as metodologias foram altas tanto para DH quanto para PG (0,94 e 0,98, respectivamente). Dessa forma, as metodologias de Jinks e Pooni e a baseada em modelos mistos foram equivalentes em apontar o potencial das populações segregantes para DH e PG. Cabe ressaltar que a influência de efeitos de dominância e de epistasia não é considerada na predição do potencial das populações em ambas as metodologias (JINKS; POONI, 1976; RESENDE et al., 2007).

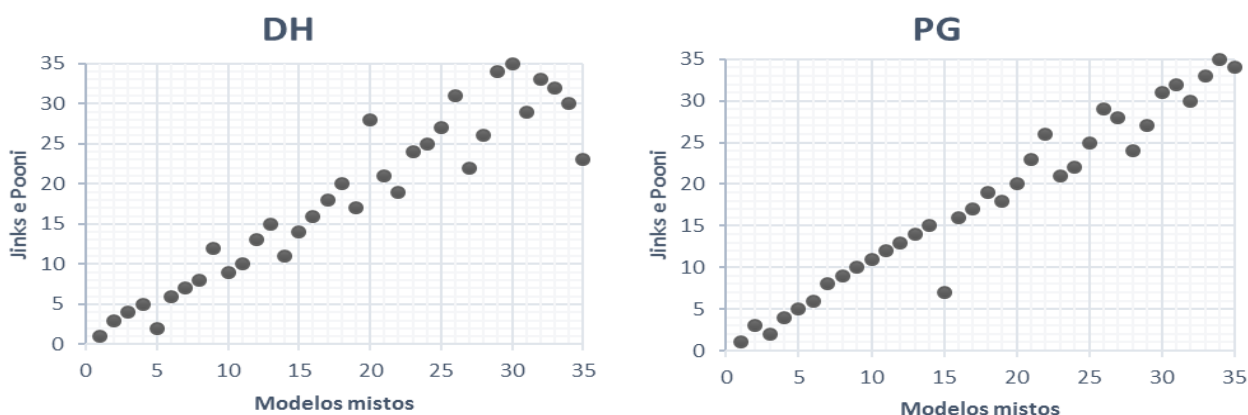


Figura 1 - Dispersão das 35 populações segregantes ranqueadas pela metodologia de modelos mistos e por Jinks e Pooni, para as características diâmetro do hipocótilo (DH) e produção de grãos (PG).

Considerando as 10 populações de maior potencial para a extração de linhagens superiores, observou-se que seis (17, 22, 24, 26, 27 e 29) foram coincidentes pela metodologia de Jinks e Pooni, para as características DH e PG, simultaneamente (Tabela 5). Já para a predição com base em modelos mistos foram sete (17, 19, 22, 24, 26, 28 e 29) as populações coincidentes para as duas características. Esses resultados evidenciam o potencial dessas populações no melhoramento da produtividade de grãos e arquitetura de plantas do feijoeiro, uma vez que plantas com maior DH estão correlacionadas positivamente com plantas mais eretas (MOURA et al., 2013). Ao considerar as duas metodologias de predição, observou-se que cinco das 10 populações de maior potencial foram coincidentes (17, 22, 24, 26 e 29). Essas populações originaram-se dos cruzamentos TB 9401/VC 12, BRS Valente/RP1, BRS Valente/VC 12, BRS Valente/CNFC 10720 e Diamante Negro/RP1. Assim, os genitores envolvidos nesses cruzamentos se destacam no melhoramento do feijoeiro visando à melhoria da produtividade de grãos e à arquitetura de planta. Moura (2013) estimou os efeitos de capacidade geral de combinação (CGC) dos genitores das populações avaliadas neste trabalho, destacando as linhagens de grãos pretos TB 9401 e BRS Valente entre as de maior frequência de alelos favoráveis para DH. Também destacou a superioridade do genitor de grãos carioca CNFC 10720 quanto à sua elevada frequência de alelos favoráveis para produtividade de grãos.

As estimativas de variância genética apresentaram valores negativos para algumas populações ao se utilizar a metodologia de Jinks e Pooni. Essa metodologia considera que a variância ambiental dentro das populações (ou dentro de parcelas) é a mesma que ocorre nos genitores (JINKS; POONI, 1976). Assim, as estimativas das variâncias genéticas de cada população foram obtidas pela subtração da variância fenotípica de cada população pela variância fenotípica média dos genitores envolvidos no cruzamento (que equivale à variância ambiental média dos genitores, uma vez que nesses não há variância genética). De acordo com Vello e Vencovsky (1974), as avaliações de plantas individuais são muito influenciadas pela elevada competição de plantas dentro de parcelas. Dessa forma, estimativas viesadas da variância ambiental com base nos genitores podem resultar em estimativas negativas de variância genética das populações. Estimativas de variância genética negativas também foram relatadas por Abreu et al. (2002) e Rocha et al. (2013), ao utilizarem a metodologia de Jinks e Pooni em feijoeiro. Estimativas de variância genética negativas para populações, associadas aos baixos valores de

herdabilidade individual dentro de populações, indicam que dados obtidos de plantas individuais são pouco efetivos na seleção em feijoeiro.

Considerando a predominância de efeito aditivo no controle genético da característica DH (SILVA et al., 2013), a predição do potencial de população quanto a essa característica não apresenta viés ao pressupor a ausência de efeitos de dominância. Já para PG há relatos de presença de efeitos de dominância no controle genético dessa característica (GONÇALVES-VIDIGAL et al., 2008; SILVA et al., 2013). Contudo, na avaliação de populações F<sub>3</sub> é considerado que apenas um terço da variância de dominância está presente entre populações. Assim, mesmo desconsiderando a presença de efeito de dominância para PG, os valores genéticos das populações são pouco viesados.

A metodologia de Jinks e Pooni pode ser influenciada pela interação genótipo x ambiente, ocasionando predições viesadas de componentes de variância (JINKS; POONI, 1980). Nessa situação, Triller e Toledo (1996) recomendaram a avaliação em mais de um ambiente para aumentar a precisão das estimativas genéticas. Entretanto, essa metodologia não classifica as populações de forma conjunta quando avaliadas em mais de um ambiente e, ou, geração. Assim, a metodologia de modelos mistos pode trazer vantagens, pois leva em consideração todos esses efeitos simultaneamente, estimando os componentes de variância de forma mais acurada (RESENDE, 2007).

Em programas de seleção recorrente na cultura do feijoeiro, visando ao melhoramento de características quantitativas, as populações são avaliadas por meio de suas progênies, que por sua vez são oriundas de plantas individuais (RAMALHO et al., 2012). As plantas podem ser selecionadas com base em algum critério ou tomadas de forma aleatória. Dessa forma, os valores genéticos individuais obtidos via modelos mistos podem direcionar para a obtenção de progênies com potencial genético superior ao daquelas considerando a escolha aleatória de indivíduos dentro de população.

#### **4.2. Seleção de progênies endogâmicas**

Pela análise de Deviance (Tabela 8), observou-se efeito significativo de progênie a 1% de probabilidade, para as quatro características avaliadas: produtividade de grãos (PROD), arquitetura de plantas (ARQ), severidade de mancha-angular (MA) e aspecto comercial dos grãos

Tabela 8 - Resumo da análise de Deviance para as características produtividade de grãos em kg ha<sup>-1</sup> (PROD), arquitetura de plantas (ARQ), severidade de mancha-angular (MA) e aspecto comercial de grãos (AG), avaliadas em progênies de feijoeiro nas safras da seca e de inverno de 2015 (geração F<sub>3:4</sub> e F<sub>3:5</sub>) e estimativas de herdabilidade entre médias de progênies ( $h^2_{prog}$ ), herdabilidade entre médias de populações ( $h^2_{pop}$ ), correlação do desempenho médio das progênies nas duas gerações ( $r_{gge}$ ), coeficiente de variação residual (CVe) e acurácia seletiva entre progênies ( $r_{aa}$ )

| Característica | Efeito             | Deviance               | LRT <sup>(1)</sup> | $h^2_{prog}$ | $h^2_{pop}$ | $r_{gge}$ | CVe   | $r_{aa}$ |
|----------------|--------------------|------------------------|--------------------|--------------|-------------|-----------|-------|----------|
| <b>PROD</b>    | Progênie           | 30.479,76 <sup>+</sup> | 41,16**            |              |             |           |       |          |
|                | Progênie x geração | 30.488,47 <sup>+</sup> | 49,87**            | 26,22        | 67,53       | 0,61      | 11,25 | 51,21    |
|                | População          |                        | 70,38**            |              |             |           |       |          |
|                | Modelo completo    | 30.438,6               |                    |              |             |           |       |          |
| <b>ARQ</b>     | Progênie           | -2.145,59 <sup>+</sup> | 122,23**           |              |             |           |       |          |
|                | Progênie x geração | -2.266,5 <sup>+</sup>  | 1,32 <sup>ns</sup> | 57,58        | 81,26       | 0,87      | 5,92  | 75,88    |
|                | População          |                        | 59,29**            |              |             |           |       |          |
|                | Modelo completo    | -2.267,82              |                    |              |             |           |       |          |
| <b>MA</b>      | Progênie           | 878,44 <sup>+</sup>    | 60,16**            |              |             |           |       |          |
|                | Progênie x geração | 838,38 <sup>+</sup>    | 20,1**             | 48,65        | 46,30       | 0,81      | 9,29  | 69,75    |
|                | População          |                        | 16,26**            |              |             |           |       |          |
|                | Modelo completo    | 818,28                 |                    |              |             |           |       |          |
| <b>AG</b>      | Progênie           | -1.323,81 <sup>+</sup> | 73,58**            |              |             |           |       |          |
|                | Progênie x geração | -1.360,85 <sup>+</sup> | 36,54**            | 57,18        | 12,84       | 0,86      | 10,68 | 75,62    |
|                | População          |                        | 1,01 <sup>ns</sup> |              |             |           |       |          |
|                | Modelo completo    | -1.397,39              |                    |              |             |           |       |          |

(1) \*\*: Significativo pelo teste qui-quadrado a 1% (6,63); <sup>ns</sup>: não significativo pelo teste qui-quadrado.

<sup>+</sup>: Deviance do modelo ajustado sem o efeito correspondente.

(AG). A significância desse efeito indica a existência de variabilidade genética entre as 380 progênies e a possibilidade de sucesso com a seleção visando ao melhoramento dessas características.

Também houve efeito significativo para a interação progênie x geração para as características PROD, MA e AG, com exceção de ARQ (Tabela 8). Interação progênie x geração indica comportamento diferenciado das progênies quando avaliadas em gerações diferentes. Vale ressaltar que o efeito de geração está confundido com o de safra, uma vez que as progênies nas gerações F<sub>3:4</sub> e F<sub>3:5</sub> foram avaliadas nas safras da seca e de inverno de 2015, respectivamente. Segundo Ramalho et al. (1993), o efeito de safra é o principal fator que contribui para interação

genótipo x ambiente na cultura do feijoeiro. Dessa forma, a significância do efeito da interação progênie x geração pode ser dada pelo efeito relacionado à safra. Batista (2015), ao avaliar progênies de feijão tipo carioca em três gerações ( $F_{2:3}$ ,  $F_{2:4}$  e  $F_{2:6}$ ), também observou efeito significativo da interação progênie x geração/safra para as características produtividade e aspecto comercial dos grãos, e não significativo para arquitetura de plantas.

Alguns autores relataram elevada influência do ambiente na arquitetura de plantas do feijoeiro (TEIXEIRA et al., 1999; MORETO et al., 2007; POERCSH, 2013). Também, há relatos de que no controle genético das principais características que influenciam diretamente a arquitetura de plantas (MOURA et al., 2013) há predominância da fração aditiva em relação à de dominância (SANTOS; VENKOVSKY, 1986; SILVA et al., 2013). Como a média aditiva de uma característica não é alterada em função do avanço de gerações por autofecundação, pode-se concluir que tanto o efeito de geração quanto o efeito de safra não afetaram, de forma diferencial, a expressão dos genes envolvidos no controle genético de ARQ, uma vez que a interação progênie x geração não foi significativa. Entretanto, para PROD, há relatos de predominância da fração de dominância em relação à fração aditiva em seu controle genético (SILVA et al., 2013). Como os desvios de dominância são reduzidos pela metade com o avanço das gerações por autofecundação, espera-se, neste caso, que tanto os efeitos de geração quanto de safra possam ter contribuído para a interação progênie x geração. Para essa característica, observou-se menor valor de correlação no desempenho médio das progênies nas duas gerações (0,61), em comparação com os valores de correlação para as características ARQ, MA e AG.

Há relatos de que a resistência do feijoeiro à mancha-angular seja controlada por poucos genes, sendo alguns deles dominantes e, outros, recessivos (SINGH; SAINI, 1980; FERREIRA et al., 1999). Assim, com poucos genes segregando entre as progênies, espera-se que, mesmo na presença de efeitos de dominância, o comportamento médio das progênies não seria muito afetado de uma geração para outra. Logo, a interação progênie x geração para MA pode estar associada ao fato de a severidade da doença ter sido maior na safra da seca (geração  $F_4$ ) em relação à safra de inverno (geração  $F_5$ ). Contudo, o coeficiente de correlação entre o desempenho médio das progênies nas duas gerações para MA foi de 0,81, indicando que a interação progênie x geração aponta para a interação de natureza simples, não implicando problemas na seleção.

O efeito de população foi significativo para as características PROD, MA e ARQ e não significativo para AG (Tabela 8). Efeito significativo de população é indicativo de variabilidade

genética entre as médias das populações, que neste trabalho foram representadas pelas 19 progênes oriundas de cada população. Cabe ressaltar que, embora o efeito de população não tenha sido significativo para AG, pode-se ter variabilidade entre progênes dentro de populações.

Os valores do coeficiente de variação residual (CVe) para as quatro características foram inferiores a 12% (Tabela 8). De acordo com Lúcio et al. (1999), valores de CVe abaixo de 15% são classificados como de alta precisão em experimentos com a cultura do feijoeiro. Em termos de precisão na avaliação e seleção de genótipos, a estimativa da acurácia seletiva tem-se mostrado adequada em muitas culturas (CARGNELUTTI FILHO; STORCK, 2009), uma vez que esse parâmetro se refere à correlação do valor genotípico verdadeiro com aquele predito a partir das informações dos experimentos (HENDERSON, 1984). Os valores de acurácia seletiva em nível de média de progênes variaram de 51,21% para PROD a 75,88% para ARQ (Tabela 8), classificados entre precisão moderada a alta (RESENDE; DUARTE, 2007). A acurácia seletiva depende, além da variância residual, da variância genética associada a cada característica (RESENDE; DUARTE, 2007). A presença de interação progênie x geração pode consumir a variância genética entre médias de progênes nas gerações e, desse modo, diminuir os valores das estimativas de acurácia seletiva. Assim, para PROD, a estimativa de acurácia de magnitude moderada para a seleção de progênes, baseada na média das gerações, pode estar associada à ocorrência de interação progênie x geração. Já para ARQ a ausência dessa interação resultou em aumento da acurácia na seleção de progênes, com base na média das gerações. Para as características MA e AG, os valores de acurácia (69,75% para MA e 75,62% para AG) foram classificados como de alta precisão na seleção de progênes, mesmo na presença de interação progênie x geração significativa, uma vez que os valores de  $r_{gge}$  foram elevados para ambas as características (0,81 e 0,86, respectivamente).

Na Tabela 8 podem ser observadas as estimativas dos coeficientes de herdabilidade entre médias de progênes ( $h^2_{prog}$ ) e entre médias de populações ( $h^2_{pop}$ ), considerando-se as duas gerações. Para PROD e ARQ, verificaram-se estimativas de  $h^2_{prog}$  inferiores às de  $h^2_{pop}$ . Já para AG,  $h^2_{prog}$  foi superior a  $h^2_{pop}$ , enquanto para MA as estimativas de  $h^2_{prog}$  e de  $h^2_{pop}$  foram similares. Esses resultados indicam a importância de considerar as informações genéticas referentes às populações no cômputo das estimativas de valores genéticos de progênes. A baixa estimativa de herdabilidade entre médias de populações para AG está associada à baixa variância genética entre populações, evidenciada pelo efeito não significativo de população. Esse fato pode

ter sido resultado da seleção de plantas na geração  $F_3$  para a abertura das linhas, em que foram oriundas apenas de plantas com grãos pretos. Para PROD e ARQ, os valores mais elevados de  $h^2_{pop}$  podem ser devidos ao fato de os genitores que participaram dos cruzamentos dialélicos serem contrastantes para as duas características.

De modo geral, os programas de melhoramento de plantas autógamas conduzem as populações em bulk ou pelo método de Bulk dentro de progênies, com o intuito de obter linhagens superiores (RAMALHO et al., 2012). A seleção é baseada em análises que atribuem pesos idênticos às médias de progênies avaliadas em diferentes gerações, além de não levarem em consideração a presença da interação progênie x geração (RESENDE et al., 2015b). Tanto o índice BDB-BLUP quanto o ISPPPG são mais eficientes para a seleção de progênies em feijoeiro, por levarem em consideração os pesos de diferentes gerações (RESENDE et al., 2015ab). Batista (2015), utilizando o índice BDB-BLUP em progênies endogâmicas no feijoeiro, afirmou que, quanto maior o efeito de geração no comportamento das progênies, maior a acurácia do índice em relação à análise utilizando somente a última geração avaliada. Porém, conforme apontado anteriormente, o efeito de população que incide sobre as progênies também deve ser levado em conta nas avaliações. Nesse sentido, além da ponderação por geração, o ISPPPG atribui diferentes pesos referentes aos efeitos genéticos que cada população exerce sobre as progênies.

As acurácias dos índices BDP-BLUP e ISPPPG são apresentadas na Tabela 9. Para todas as características, a acurácia do ISPPPG foi superior à do BDP-BLUP, indicando a superioridade desse índice e a maior probabilidade de sucesso ao considerar o efeito de população na prática seletiva, uma vez que o ISPPPG é dado pela soma da acurácia das progênies com a acurácia de populações. Além disso, o ISPPPG também é ponderado pelo coeficiente de endogamia entre populações ( $F_{ST}$ ), dentro de populações ( $F_{ISg}$ ) e entre e dentro de populações ( $F_{ITg}$ ). A ausência de variabilidade genética entre populações torna o  $F_{ST}$  igual a zero (RESENDE et al., 2015a), uma vez que esse coeficiente é função da variância genética entre populações e da variância genética média dentro de populações. Para AG, em que o efeito de população não foi significativo, o valor de  $F_{ST}$  foi de apenas 0,016, enquanto para PROD, por exemplo, esse valor foi de 0,39. Como a acurácia do ISPPPG para AG foi superior à de BDP-BLUP, conclui-se que há variabilidade entre as progênies dentro de população, cuja importância relativa foi levada em consideração pelo  $F_{ISg}$ .

Tabela 9 - Acurácias dos índices de seleção BDP-BLUP e ISPPPG e pesos referentes às gerações F<sub>4</sub> e F<sub>5</sub>, estabelecidos pelo ISPPPG, para as características produtividade de grãos (PROD), arquitetura de plantas (ARQ), resistência à mancha-angular (ARQ) e aspecto comercial de grãos (AG), avaliados em progênies de feijoeiro nas safras da seca e do inverno de 2015

| Caracteres  | Acurácia              |                     | Peso                   |                        |
|-------------|-----------------------|---------------------|------------------------|------------------------|
|             | BDP-BLUP <sup>1</sup> | ISPPPG <sup>2</sup> | Geração F <sub>4</sub> | Geração F <sub>5</sub> |
| <b>PROD</b> | 0,70                  | 0,87                | 0,26                   | 0,34                   |
| <b>ARQ</b>  | 0,80                  | 0,93                | 0,31                   | 0,46                   |
| <b>MA</b>   | 0,77                  | 0,85                | 0,30                   | 0,42                   |
| <b>AG</b>   | 0,78                  | 0,85                | 0,31                   | 0,44                   |

<sup>1</sup> BDP-BLUP – Índice de multigerações (RESENDE et al., 2015b).

<sup>2</sup> ISPPPG – Índice de Seleção com Eito de Progenitores, Populações, Progênies e Gerações (RESENDE et al., 2015a).

Na Tabela 9 também são apresentados os pesos referentes às gerações F<sub>3:4</sub> e F<sub>3:5</sub>, considerando o índice ISPPPG. Foram observados pesos de maior magnitude para a geração F<sub>3:5</sub> em todas as características, comparados aos pesos da geração F<sub>3:4</sub>. Isso se deve ao fato de que, à medida que avançam as gerações de endogamia, maior será a correlação do valor genético das progênies na geração avaliada com a geração F<sub>∞</sub>, uma vez que os efeitos atribuídos aos desvios de dominância se reduzem à metade a cada geração de autofecundação. Além disso, é importante mencionar que as estimativas desses pesos, no índice ISPPPG, também levam em consideração as variações entre e dentro de populações. Assim, esse índice foi eficaz em prever o valor genético de cada progênie de feijoeiro avaliada quanto às características produtividade de grãos, arquitetura de plantas, severidade de mancha-angular e aspecto comercial de grãos, capitalizando o efeito de geração e de população.

As estimativas de ganhos direto e indireto para cada característica são apresentadas na Tabela 10, considerando-se a seleção das 40 progênies (≈ 10%), independentemente da população de origem, com maior potencial para a extração de linhagens superiores. Utilizaram-se como unidade de seleção os valores genéticos preditos pelo ISPPPG. Os ganhos diretos foram em torno de 10% para cada uma das quatro características, superando os ganhos indiretos, obtidos com base em resposta correlacionada. A seleção com base em qualquer uma das quatro

Tabela 10 - Ganhos direto (negrito) e indireto, em porcentagem, com a seleção das 40 melhores progênes por característica. Também são apresentadas as estimativas de ganho indireto para cada característica, pelo índice aditivo

| Seleção                      | Resposta                          |                      |                      |                      |
|------------------------------|-----------------------------------|----------------------|----------------------|----------------------|
|                              | PROD                              | ARQ                  | MA                   | AG                   |
| <b>PROD</b>                  | <b>9,71 (2.867,9)<sup>a</sup></b> | 3,49                 | -2,46                | 0,15                 |
| <b>ARQ</b>                   | -6,23                             | <b>-10,97 (2,79)</b> | 2,40                 | 0,13                 |
| <b>MA</b>                    | 2,56                              | 2,88                 | <b>-11,11 (4,57)</b> | -1,90                |
| <b>AG</b>                    | -0,12                             | -0,21                | -0,58                | <b>-10,80 (2,17)</b> |
| <b>Índice</b> <sup>(1)</sup> | 5,43                              | 0,63                 | -7,63                | -5,59                |
| <b>Índice</b> <sup>(2)</sup> | 4,37                              | -3,51                | -2,31                | -4,46                |

<sup>(1)</sup>: Índice aditivo ponderado por pesos correspondentes a 0,25 para as quatro características.

<sup>(2)</sup>: Índice aditivo ponderado por pesos correspondentes a 0,30, 0,35, 0,20 e 0,15 para PROD, ARQ, MA e AG, respectivamente.

<sup>a</sup> : Valores entre parênteses referem-se às médias das 40 progênes contempladas pela seleção direta.

características não resultou em ganhos satisfatórios, tanto em direção quanto em magnitude, para as demais, ou seja, não foi possível obter ganhos positivos em PROD e negativos em ARQ, MA e AG. Assim, para a obtenção de ganhos desejados nas quatro características, simultaneamente, é recomendado o uso de índice de seleção (CRUZ et al., 2012). As estimativas de ganhos indiretos para as quatro características com base no índice de seleção aditivo também podem ser observadas na Tabela 10. Considerando pesos iguais para as quatro características, foram observadas estimativas de ganho de 5,43%, 0,63%, -7,63% e -5,59% para PROD, ARQ, MA e AG, respectivamente. Esses resultados indicam a necessidade de adotar pesos diferenciados para as quatro características visando às estimativas de ganhos satisfatórios para essas características. Assim, com pesos de 0,30, 0,35, 0,20 e 0,15 correspondentes às características PROD, ARQ, MA e AG, respectivamente, foram obtidas estimativas de ganhos mais equilibrados para as quatro características, cujos valores foram de 4,37% (PROD), -3,51% (ARQ), -2,31% (MA) e -5,46% (AG).

A magnitude dos ganhos pelo índice aditivo foi inferior aos ganhos diretos para todas as características (Tabela 10). Mesmo reduzindo o número de progênes selecionadas para 10, não houve aumento das estimativas de ganho para as quatro características simultaneamente de forma que os ganhos pudessem ser próximos dos ganhos diretos (Tabela 11). Esses resultados indicam a necessidade de recombinação de progênes, visando à piramidação de genes envolvidos no

Tabela 11 - Ganho, em porcentagem, com a seleção de 10, 20, 30 e 40 melhores progênies, com base no índice aditivo para as quatro características. Entre parênteses, encontra-se a média acumulada

| Seleção            | GS (%)          |              |              |              |
|--------------------|-----------------|--------------|--------------|--------------|
|                    | PROD            | ARQ          | MA           | AG           |
| 10+                | 2,76 (2.686,21) | -2,60 (3,05) | -0,77 (5,10) | -3,84 (2,33) |
| 20+                | 3,04 (2.693,36) | -2,19 (3,06) | -0,46 (5,11) | -3,91 (2,33) |
| 30+                | 4,21 (2.724,04) | -3,38 (3,02) | -1,85 (5,04) | -5,15 (2,30) |
| 40+                | 4,37 (2.728,18) | -3,51 (3,02) | -2,31 (5,02) | -5,46 (2,29) |
| <b>Média geral</b> | 2613,98         | 3,13         | 5,13         | 2,43         |

controle genético das características PROD, ARQ, MA e AG. Esse processo pode ser obtido com os sucessivos ciclos de recombinação em um programa de seleção recorrente, o que justifica a condução do programa de melhoramento do feijão-preto por esse método, com vistas à extração de linhagens superiores quanto à produtividade, aspecto comercial de grãos, arquitetura de plantas e resistência a doenças.

Alguns trabalhos relataram o progresso genético obtido com o uso da estratégia de seleção recorrente no feijoeiro. Ramalho et al. (2005), após avaliar quatro ciclos de seleção recorrente, por meio das cinco melhores linhagens obtidas no final de cada ciclo, obtiveram progresso genético de 5,7% para produtividade de grãos e 10,5% para notas de aspecto comercial de grãos. Singh et al. (1999), avaliando populações de diferentes centros de origem, estimaram ganhos para produtividade de grãos em torno de 3% entre o ciclo 0 ( $C_0$ ) e o ciclo 1 ( $C_1$ ) e em torno de 11% entre  $C_1$  e  $C_2$ . Anjos (2015) obteve ganhos indiretos de 1,79% em arquitetura de plantas entre  $C_0$  e  $C_1$ , com base na seleção de plantas pelo diâmetro do hipocótilo, no melhoramento do feijoeiro de grãos do tipo carioca. Seleção recorrente fenotípica também foi realizada por Amaro et al. (2007) no melhoramento do feijoeiro para resistência à mancha-angular, durante cinco ciclos de seleção. Esses autores obtiveram ganhos diretos por ciclo de 6,4% e ganhos indiretos por ciclo de 8,9%, em produtividade de grãos. No quinto ciclo, a média das notas de severidade de mancha-angular avaliada nas progênies foram inferiores a 3.

A estimativa de ganho direto das 40 progênies com médias superiores para MA foi de 11,11%, correspondendo a uma média acumulada de 4,57 (Tabela 10). Contudo, segundo Pastor-Corrales e Van Schoonhoven (1987), cultivares com notas de severidade acima de 3 são

consideradas suscetíveis. Assim, os resultados obtidos para MA indicam baixa concentração de genes de resistência nas progênies avaliadas. Dos 12 genitores utilizados nos cruzamentos dialélicos, dois foram caracterizados como resistentes à mancha-angular (MAI 1813 e VC 16), de forma que apenas um quarto das populações selecionadas tinha a possibilidade de terem genes de resistência (Tabela 2). A média da linhagem VC 16 foi de 6,35 na safra da seca e 3,11 na safra de inverno, indicando diferentes níveis de severidade entre as safras. Moura (2013) obteve média de nota de severidade de mancha-angular de 6,33 para a linhagem VC 16, ao avaliá-la na safra de inverno de 2014, em Coimbra. Há relatos de grande variabilidade patogênica do fungo *P. griseola*, dificultando a obtenção de linhagens resistentes a esse fungo na cultura do feijoeiro (GUZMAN et al., 1995; PASTOR-CORRALES et al., 1998; CORREA et al., 2001). Dessa forma, a inclusão de outros genes de resistência nas populações é necessária.

A genealogia das 40 progênies superiores, apontadas pelo índice aditivo, pode ser visualizada na Tabela 12, e, suas médias, na Tabela 13. Destacaram-se as populações oriundas dos cruzamentos BRS Valente/BRS Estilo, BRS Valente/VC16 e TB 9401/BRS Estilo, contribuindo com 20%, 15% e 10% das progênies, respectivamente, entre as 40 selecionadas. Entretanto, sete das 20 populações não foram contempladas com progênies entre as 40 superiores, apontadas pelo índice aditivo. As linhagens BRS Valente e TB 9401, de grãos pretos, e BRS Estilo e VC16, de grãos carioca, destacaram-se como genitores das populações com maior potencial para a extração de linhagens superiores quanto às características PROD, ARQ, MA e AG.

A estratégia para a recombinação, proposta por Bearzoti (1997), possibilita realizar o intercruzamento dos genitores de forma organizada, de modo que cada genitor ou população participe de dois cruzamentos a cada ciclo de seleção recorrente. Essa estratégia parte de 20 populações que são recombinadas conforme esquema de dialelo circulante, permitindo que, a cada ciclo de recombinação, 20 novas populações são produzidas. Caso a recombinação para um novo ciclo de seleção fosse baseada em 20 progênies, selecionadas independentemente de população pelo índice aditivo (Tabela 11), a contribuição de alguns genitores seria bem maior do que de outros, uma vez que nem todas as 20 populações deram origem a progênies apontadas como superiores pelo índice aditivo. Isso poderia levar à redução da variabilidade genética com poucos ciclos de seleção. A alternativa proposta por Bearzoti (1997) é que a recombinação seja

Tabela 12 - Número e porcentagem de progênies selecionadas por população com a seleção de 40 progênies pelo índice aditivo

| <b>População</b> | <b>Genealogia</b>      | <b>Número de progênies selecionadas</b> | <b>% progênies selecionadas</b> |
|------------------|------------------------|-----------------------------------------|---------------------------------|
| 1                | L20/RP1                | 0                                       | 0                               |
| 2                | L20/BRS Estilo         | 0                                       | 0                               |
| 3                | L20/VC12               | 3                                       | 7,5                             |
| 4                | L20/CNFC 10720         | 0                                       | 0                               |
| 5                | L20/MAI1813            | 0                                       | 0                               |
| 6                | L20/VC16               | 2                                       | 5,0                             |
| 7                | Xamego/RP1             | 0                                       | 0                               |
| 8                | Xamego/BRS Estilo      | 3                                       | 7,5                             |
| 9                | Xamego/CNFC 10720      | 0                                       | 0                               |
| 10               | Xamego/MAI1813         | 0                                       | 0                               |
| 11               | Xamego/VC16            | 2                                       | 5,0                             |
| 12               | TB 9401/RP1            | 1                                       | 2,5                             |
| 13               | TB 9401/BRS Estilo     | 4                                       | 10,0                            |
| 14               | TB 9401/CNFC 10720     | 3                                       | 7,5                             |
| 15               | TB 9401/MAI1813        | 2                                       | 5,0                             |
| 16               | BRS Valente/RP1        | 1                                       | 2,5                             |
| 17               | BRS Valente/BRS Estilo | 8                                       | 20,0                            |
| 18               | BRS Valente/CNFC 10720 | 2                                       | 5,0                             |
| 19               | BRS Valente/MAI1813    | 3                                       | 7,5                             |
| 20               | BRS Valente/VC16       | 6                                       | 15,0                            |

feita a partir da melhor progênie de cada população. Assim, foi selecionada a melhor progênie de cada uma das 20 populações, com base no índice aditivo, para o primeiro ciclo de seleção recorrente, visando ao melhoramento do feijão-preto. A cada ciclo de seleção recorrente, as populações obtidas são representadas por maior número de genitores, de maneira que os cruzamentos seguem até que todos contribuem, de forma igualitária, em cada população. Isso permite a introdução gradativa de alelos favoráveis de todos os genitores, além de manter a variabilidade genética ao longo dos ciclos. O esquema proposto por Bearzoti (1997) também permite a substituição ou a inclusão de genitores sem retirar nenhuma progênie (RAMALHO et al., 2012), não comprometendo o esquema de cruzamentos durante os ciclos de seleção recorrente.

Tabela 13 - Média genética das 40 progênie selecionadas pelo índice aditivo, quanto à produtividade de grãos (PROD), arquitetura de plantas (ARQ), severidade de mancha-angular (MA) e aspecto comercial de grãos (AG)

| Progênie     | População | Valor genético |       |       |       |
|--------------|-----------|----------------|-------|-------|-------|
|              |           | PROD           | ARQ   | MA    | AG    |
| 314          | 17        | 2.990,98       | 3,24  | 4,54  | 2,29  |
| 110          | 6         | 2.392,33       | 2,62  | 5,17  | 2,17  |
| 367          | 20        | 2.598,33       | 2,83  | 5,37  | 2,09  |
| 377          | 20        | 2.735,62       | 2,77  | 5,43  | 2,48  |
| 312          | 17        | 2.979,13       | 3,24  | 4,71  | 2,34  |
| 350          | 19        | 2.797,67       | 3,01  | 5,28  | 2,21  |
| 229          | 13        | 2.685,55       | 2,93  | 5,04  | 2,29  |
| 208          | 11        | 2.487,45       | 2,66  | 4,81  | 2,59  |
| 357          | 19        | 2.794,01       | 3,02  | 5,09  | 2,31  |
| 207          | 11        | 2.524,33       | 2,64  | 5,02  | 2,62  |
| 307          | 17        | 2.893,29       | 3,22  | 4,81  | 2,24  |
| 273          | 15        | 2.746,40       | 3,20  | 4,50  | 2,21  |
| 234          | 13        | 2.662,37       | 3,23  | 4,33  | 2,09  |
| 261          | 14        | 2.789,98       | 3,07  | 4,74  | 2,44  |
| 362          | 20        | 2.641,55       | 2,75  | 5,28  | 2,54  |
| 371          | 20        | 2.682,24       | 2,89  | 5,28  | 2,34  |
| 318          | 17        | 2.970,98       | 3,26  | 4,38  | 2,57  |
| 315          | 17        | 2.880,75       | 3,15  | 4,67  | 2,51  |
| 144          | 8         | 2.632,91       | 3,05  | 4,70  | 2,27  |
| 335          | 18        | 2.687,71       | 3,08  | 5,11  | 2,10  |
| 352          | 19        | 2.907,06       | 3,21  | 4,64  | 2,47  |
| 308          | 17        | 2.860,41       | 3,07  | 5,37  | 2,31  |
| 236          | 13        | 2.736,57       | 3,23  | 4,50  | 2,23  |
| 137          | 8         | 2.545,36       | 3,06  | 4,72  | 2,12  |
| 279          | 15        | 2.716,98       | 3,13  | 4,92  | 2,18  |
| 100          | 6         | 2.346,52       | 2,62  | 5,33  | 2,34  |
| 289          | 16        | 2.828,37       | 3,10  | 5,24  | 2,28  |
| 313          | 17        | 2.816,42       | 3,07  | 5,12  | 2,41  |
| 152          | 8         | 2.776,61       | 3,25  | 4,58  | 2,25  |
| 42           | 3         | 2.618,00       | 2,86  | 5,34  | 2,39  |
| 265          | 14        | 2.821,29       | 3,30  | 4,66  | 2,22  |
| 306          | 17        | 2.889,63       | 3,24  | 5,05  | 2,28  |
| 260          | 14        | 2.737,61       | 2,98  | 5,12  | 2,47  |
| 368          | 20        | 2.608,49       | 2,82  | 5,53  | 2,38  |
| 53           | 3         | 2.584,96       | 2,79  | 5,30  | 2,50  |
| 48           | 3         | 2.627,63       | 2,82  | 5,70  | 2,33  |
| 373          | 20        | 2.684,43       | 3,03  | 5,10  | 2,32  |
| 224          | 12        | 2.833,43       | 3,14  | 5,40  | 2,21  |
| 328          | 18        | 2.779,08       | 3,11  | 5,16  | 2,30  |
| 240          | 13        | 2.657,87       | 3,22  | 4,59  | 2,14  |
| <b>Média</b> |           | 2.728,18       | 3,025 | 5,019 | 2,298 |

## 5. CONCLUSÕES

A metodologia baseada em modelos mistos foi equivalente à metodologia de Jinks e Pooni (1976) em predizer o potencial das populações segregantes de feijoeiro para a extração de linhagens superiores, quanto ao diâmetro do hipocótilo e à produção de grãos.

O índice de seleção considerando efeitos de população, geração e progênie (ISPPPG) é promissor na seleção de progênies de feijoeiro.

O índice de seleção aditivo permitiu obter estimativas ganhos desejados simultâneos para as características produtividade, arquitetura de plantas, aspecto comercial de grãos e resistência à mancha-angular, visando ao melhoramento do feijão-preto.

As linhagens BRS Valente, TB 9401, BRS Estilo e VC16 destacaram-se como genitores das populações com maior potencial para extração de linhagens superiores.

O uso de modelos mistos mostrou-se promissor no melhoramento da cultura do feijoeiro.

## REFERÊNCIAS

- ABREU, A. F. B.; RAMALHO, M. A. P.; SANTOS, J. B. Prediction of seed-yield potential of common bean populations. **Genetics and Molecular Biology**, Ribeirão Preto, SP, v. 25, n. 3, p. 323-327, 2002.
- AMARO, G. B.; ABREU, A. D. 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**, Ribeirão Preto, SP, v. 30, n. 3, p. 584-588, 2007.
- ANJOS, R. S. R. **Seleção recorrente fenotípica pelo diâmetro do hipocótilo no melhoramento da arquitetura do feijoeiro**. 2015. 63 f. Dissertação (Mestrado) – Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, MG, 2015.
- ARAÚJO, L. C. A.; RAMALHO, M. A. P.; ABREU, A. F. B. Estimates of genetic parameters of late seed-coat darkening of carioca type dry beans. **Ciência e Agrotecnologia**, v. 36, n. 2, p. 156-162, 2012.
- BARBOSA, F. R.; GONZAGA, A. C. O. **Informações técnicas para o cultivo do feijoeiro-comum na Região Central-Brasileira: 2012-2014**. [S.l.]: Embrapa Arroz e Feijão (Documentos – INFOTECA-E), 2012.
- BATISTA, L. G. **Índice multigerações na seleção de famílias de feijoeiro**. 31 f. Dissertação (Mestrado) – Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, MG, 2015.
- BEARZOTI, E. **Simulação de Seleção Recorrente Assistida por Marcadores Moleculares em Espécies Autógamas**. 230 f. Tese (Doutorado) – Escola Superior de Agronomia Luís de Queiros, Piracicaba, SP, 1997.
- BERNARDO, R. **Breeding for quantitative traits in plants**. Woodbury: Stemma Press, 369 p., 2007.
- BERNARDO, R. Parental selection, number of breeding populations, and size of each population in inbred development. **Theoretical and Applied Genetics**, v. 107, n. 7, p. 1252-1256, 2003.
- BORÉM, A.; MIRANDA, G. V. **Melhoramento de plantas**. 6. ed. Viçosa, MG: Editora UFV, 529 p., 2013.
- BORÉM, A.; CARNEIRO, J. E. S. A cultura. In: CARNEIRO, J. E. S.; PAULA JR., T. J.; BORÉM, A. (Ed.). **Feijão do plantio à colheita**. Viçosa, MG: Editora UFV, p. 9-15, 2015.

BROUGHTON, W. J. et al. Beans (*Phaseolus* spp.) - Model food legumes. **Plant and Soil**, v. 252, n. 1, p. 55-128, 2003.

BRUZI, A. T. **Aplicações da análise de modelos mistos na seleção recorrente do feijoeiro comum**. 2008. Tese (Doutorado) – Universidade Federal de Lavras, Lavras, MG, 2008.

CARGNELUTTI FILHO, A.; STORCK, L. Estatísticas de avaliação da precisão experimental em ensaios de cultivares de milho. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 42, n. 1, p. 17-24, 2007.

CARGNIN, A. **Seleção recorrente no melhoramento genético de plantas autógamas**. Planaltina, DF: Embrapa Cerrados, 24 p. (Documentos), 2007.

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

CONAB. **Companhia Nacional de Abastecimento**. Brasília. Disponível em: <<http://www.conab.gov.br>>. Acesso em: 2 Jun. 2016.

CORREA, R. X. et al. Inheritance of resistance to the common bean angular leaf spot and identification of molecular markers flanking the resistance locus. **Fitopatologia Brasileira**, v. 26, n. 1, p. 27-32, 2001.

COYNE, D. P. et al. Contributions of the Bean/Cowpea CRSP to management of bean diseases. **Field Crops Research**, v. 82, n. 2, p. 155-168, 2013.

CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. D.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. 4. ed. Viçosa, MG: Editora UFV, 390 p., 2012.

FERREIRA, C. F. et al. Identificação de marcador RAPD ligado ao gene de resistência à raça 63.39 da mancha-angular do feijoeiro. **Bragantia**, v. 58, n. 2, p. 247-252, 1999.

FOUILLOUX, G.; BANNEROT, H. Selection methods in common bean (*Phaseolus vulgaris* L.). In: GEPTS, P. (Ed.). **Genetic resources of Phaseolus beans**. Dordrecht, Netherlands: Kluwer Academic Publishers, 1988. p. 503-541.

FUSCALDI, K. C.; PRADO. Análise econômica da cultura do feijão. **Revista de Política Agrícola**, v. 14, n. 1, p. 17-30, 2005.

GONÇALVES-VIDIGAL, M. C. et al. Combining ability and heterosis in common bean cultivars. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 43, n. 9, p. 1143-1150, 2008.

GUZMAN, P. et al. Characterization of variability in the fungus *Phaeoisariopsis griseola* suggests coevolution with the common bean (*Phaseolus vulgaris*). **Phytopathology**, v. 85, n. 5, p. 600-607, 1995.

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

HENDERSON, C. R. **Application of linear models in animal breeding**. Guelph: University of Guelph, 433 p., 1984.

HUEHN, M. Optimum number of crosses and progeny per cross in breeding self-fertilizing crops. I. General approach and first numerical results. **Euphytica**, Wageningen, v. 91, n. 3, p. 365-374, 1996.

HULL, F. H. Recurrent selection for specific combining ability in corn. **Agronomy Journal**, v. 37, n. 2, p. 134-145, 1945.

JINKS, J. L.; POONI, H. S. Predicting the properties of recombinant inbred lines derived by single seed descent. **Heredity**, v. 36, n. 2, p. 253-260, 1976.

JINKS, J. L.; POONI, H. S. Comparing predictions of mean performance and environmental sensitivity of recombinant inbred lines based upon F 3 and triple test cross families. **Heredity**, v. 45, n. 3, p. 305-312, 1980.

LÚCIO, A. D.; STORCK, L.; BANZATTO, D. A. Classificação dos experimentos de competição de cultivares quanto a sua precisão. **Pesquisa Agropecuária Gaúcha**, v. 5, n. 1, p. 99-103, 1999.

MALUF, R. S.; SPERANZA, J. S. **Preços dos alimentos, modelos de agricultura e abastecimento alimentar no Brasil: os casos da soja e do feijão**. Rio de Janeiro: Centro de Referência em Segurança Alimentar e Nutricional, (Relatório Técnico, nº. 7), 2014.

MAPA. **Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento**. Brasília. Disponível em: <<http://www.agricultura.gov.br/vegetal/culturas/feijao/saiba-mais>>. Acesso em: 2 Jun. 2016.

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

MENDONÇA, H. A.; SANTOS, J. B.; RAMALHO, M. A. P. Selection of common bean segregating populations using genetic and phenotypic parameters and RAPD markers. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, Viçosa, MG, v. 2, p. 219-226, 2002.

MENEZES JÚNIOR, J. A. N. et al. Progresso genético em dois ciclos de seleção recorrente no melhoramento de feijão vermelho. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, Viçosa, MG, v. 13, n. 1, 2013.

MIKLAS, P. N. et al. Common bean breeding for resistance against biotic and abiotic stresses: from classical to MAS breeding. **Euphytica**, Wageningen, v. 147, n. 1-2, p. 105-131, 2006.

MORETO, A. L. et al. Estimação dos componentes da variância fenotípica em feijoeiro utilizando o método genealógico. **Ciência e agrotecnologia**, v. 31, n. 4, p. 1035-1042, 2007.

MOURA, L. M. **Cruzamentos dialélicos visando à escolha de genitores no melhoramento de feijão preto**. 2013. 30 f. Dissertação (Mestrado) – Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, MG, 2013.

MOURA, M. M. et al. Potencial de caracteres na avaliação da arquitetura de plantas de feijão de feijão. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 48, n. 4, p. 417-425, 2013.

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

NUNES, J. A. R.; MORETO, A. L.; RAMALHO, M. A. P. Using genealogy to improve selection efficiency of pedigree method. **Scientia Agricola**, v. 65, n. 1, p. 25-30, 2008.

OLIVEIRA, A. M. C. **Estratégias de seleção visando melhoramento da arquitetura do feijoeiro**. 2012. 56 f. Dissertação (Mestrado) – Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, MG, 2012.

PASTOR-CORRALES, M. A.; VAN SCHOONHOVEN, A. **Standard system for the evaluation of bean germplasm**. [S.l.]: CIAT, 54 p, 1987.

PASTOR-CORRALES, M. A.; JARA, C. E.; SINGH, S. Pathogenic variation in, source of, and breeding for resistance to *Phaeoisariopsis griseola* causing angular leaf spot in common bean. **Euphytica**, Wageningen, v. 103, p. 161-171, 1998.

PAULA JÚNIOR, T. J. et al. Doenças do feijoeiro: estratégias integradas de manejo. In: CARNEIRO, J. E.; PAULA JÚNIOR, T. J.; BORÉM, A. (Ed.). **Feijão: do plantio à colheita**. Viçosa, MG: Editora UFV, p. 270-299, 2015.

PIEPHO, H. P. et al. BLUP for phenotypic selection in plant breeding and variety testing. **Euphytica**, Wageningen, v. 161, n. 1-2, p. 209-228, 2008.

PETERNELLI, L. A.; RESENDE, M. D. V. Delineamentos experimentais para fenômica. In: BORÉM, A.; FRITSCHÉ-NETO, R. **Fenômica: como a fenotipagem de próxima geração está revolucionando o melhoramento de plantas**. Viçosa, MG: Editora UFV, p. 30-55, 2015.

PIMENTEL, A. J. B. et al. Comparação de métodos de seleção de genitores e populações segregantes aplicados ao melhoramento de trigo. **Bragantia**, v. 72, n. 2, p. 113-121, 2013.

PIMENTEL, A. J. B. et al. Estimação de parâmetros genéticos e predição de valor genético aditivo de trigo utilizando modelos mistos. **Pesquisa agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 49, n. 11, p. 882-890, 2014.

PIRES, L. P. M. et al. Recurrent mass selection for up right plant architecture in common bean. **Scientia Agricola**, v. 71, n. 3, p. 240-243, 2014.

POERSCH, N. L. **Diâmetro do hipocótilo como caráter auxiliar no melhoramento da arquitetura do feijoeiro**. 2013. 40 f. Tese (Doutorado) – Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, MG, 2013.

RAMALHO, M. A. P.; ABREU, A. F. B.; RIGHETTO, G. U. Interação de cultivares de feijão por épocas de semeadura em diferentes localidades do Estado de Minas Gerais. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 28, n. 10, p. 1183-1189, 1993.

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

RAMALHO, M. A. P.; ABREU, A. de F. B.; SANTOS, J. B. Melhoramento de espécies autógamas. In: NASS, L. L. et al. (Ed.). **Recursos genéticos e melhoramento de plantas**. Rondonópolis, MT: Fundação MT, p. 201-230, 2001.

RAMALHO, M. A. P. **Experimentação em genética e melhoramento de plantas**. Lavras, MG: Universidade Federal de Lavras, 304 p., 2005.

RAMALHO, M. A. P.; ABREU, A. 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, n. 12, p. 23-29, 2005.

RAMALHO, M. A. P. et al. Melhoramento genético: contribuições e desafios. **Aplicações da Genética Quantitativa no Melhoramento de Plantas Autógamas**, Lavras, MG, 2012. 522 p.

RAMALHO, M. A. P.; ABREU, A. F. B. Obtenção de cultivares. In: CARNEIRO, J. E.; PAULA JR., T. J.; BOREM, A. (Ed.). **Feijão: do plantio à colheita**. Viçosa, MG: Universidade Federal de Viçosa, p. 96-114, 2015.

RESENDE, M. D. V. et al. Estimativas de parâmetros genéticos e predição de valores genotípicos no melhoramento do cafeeiro pelo procedimento REML/BLUP. **Bragantia**, v. 60, n. 3, p. 185-193, 2001.

RESENDE, M. D. V. **Software SELEGEN-REML/BLUP**. [S.l.]: Embrapa Florestas, 2002.

RESENDE, M. D. V. **Matemática e estatística na análise de experimentos e no melhoramento genético**. Colombo, PR: Embrapa Florestas, 2007. 362 p.

RESENDE, M. D. V.; DUARTE, J. B. Precisão e controle de qualidade em experimentos de avaliação de cultivares. **Pesquisa Agropecuária Tropical**, v. 37, p. 182-194, 2007.

RESENDE, M. D. V. et al. Selection index with parentes, population, progenies and generations effects in autogamous plant breeding. **Crop Science**, Madison, 2015a.

RESENDE, M. D. V. et al. Multigeneration index in the within progenies bulk method for breeding of self-pollinated plants. **Crop Science**, Madison, 2015b.

ROBINSON, G. K. That BLUP is a good thing: the estimation of random effects. **Statistical Science**, v. 6, n. 1, p. 15-32, 1991.

ROCHA, G. S. D. et al. Common bean breeding for resistance to anthracnose and angular leaf spot assisted by SCAR molecular markers. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, Viçosa, MG, v. 12, n. 1, p. 34-42, 2012.

ROCHA, G. S. et al. Effect of environments on the estimated genetic potential of segregating common bean populations. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, Viçosa, MG, v. 13, n. 4, p. 241-248, 2013.

SANTOS, P. G.; SOARES, A. A.; RAMALHO, M. A. P. Predição do potencial genético de populações segregantes de arroz de terras altas. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 36, n. 4, p. 659-670, 2001.

SANTOS, J. B.; VENCOVSKY, R. Controle genético de alguns componentes do porte da planta em feijoeiro. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 21, n. 9, p. 957-963, 1986.

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.

SILVA, N. O. et al. Performance of common bean families after different generations under natural selection. **Genetics and Molecular Biology**, Ribeirão Preto, SP, v. 27, n. 4, p. 574-578, 2004.

SILVA, F. B.; RAMALHO, M. A. P.; ABREU, A. F. B. Seleção recorrente fenotípica para florescimento precoce de feijoeiro 'Carioca'. **Pesquisa agropecuária brasileira**, Brasília, v. 42, n. 10, p. 1437-1442, 2007.

SILVA, J. G.; AIDAR, H.; KLUTHCOUSKI, J. Colheita direta de feijão com colhedora automotriz axial. **Pesquisa Agropecuária Tropical**, v. 39, n. 4, 2009.

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

SILVA, O. F.; WANDER, A. E. **O feijão-comum no Brasil passado, presente e futuro**. Santo Antônio de Goiás, GO: Embrapa Arroz e Feijão, 63 p. (Documentos), 2013.

SILVA, J. G.; WANDER, A. E. Colheita de feijão. In: CARNEIRO, J. E.; PAULA JÚNIOR, T. J.; BORÉM, A. (Ed.). **Feijão do plantio à colheita**. Viçosa, MG: Universidade Federal de Viçosa, p. 327-355, 2015.

SINGH, A. K.; SAINI, S. S. Inheritance of resistance to angular leaf spot (*Isariopsis griseola* Sacc.) in French bean (*Phaseolus vulgaris* L.). **Euphytica**, Wageningen, v. 29, n. 1, p. 175-176, 1980.

SINGH, S. P. et al. Two cycles of recurrent selection for seed yield in common bean. **Crop Science**, Madison, v. 39, n. 2, p. 391-397, 1999.

TEIXEIRA, F. F.; RAMALHO, M. A. P.; ABREU, A. F. B. Genetic control of plant architecture in the common bean (*Phaseolus vulgaris* L.). **Genetics and Molecular Biology**, Ribeirão Preto, SP, v. 22, n. 4, p. 577-582, 1999.

TRILLER, C.; TOLEDO, J. F. F. Using the F3 generation for predicting the breeding potential of soybean crosses. **Brazilian Journal of Genetics**, v. 19, 1996.

VELLO, N. A.; VENCOVSKY, R. Variâncias associadas às estimativas de variância genética e coeficiente de herdabilidade. In: **Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz**. 1974. p. 238-248. (Relatório Científico de 1974).

VIEIRA, C. et al. Melhoramento do Feijão. In: BORÉM, A. **Melhoramento de espécies cultivadas**. Viçosa, MG: Universidade Federal de Viçosa, p. 301-392, 2005.

WHITE, T. L.; HODGE, G. R. **Predicting breeding values with applications in forest tree improvement**. Dordrecht, Netherlands: Kluwer Academic Publishers, p. 363, 1989.