



**ROXANE DO CARMO LEMOS**

**PROCEDIMENTOS PARA A IDENTIFICAÇÃO DE  
PROGÊNIES SUPERIORES EM GERAÇÕES SUCESSIVAS DE  
AVALIAÇÃO NA CULTURA DO FEIJOEIRO**

**LAVRAS - MG  
2017**

**ROXANE DO CARMO LEMOS**

**PROCEDIMENTOS PARA A IDENTIFICAÇÃO DE PROGÊNIES SUPERIORES EM  
GERAÇÕES SUCESSIVAS DE AVALIAÇÃO NA CULTURA DO FEIJOEIRO**

Dissertação apresentada à Universidade Federal de Lavras, como parte das exigências do Programa de Pós-Graduação Genética e Melhoramento de Plantas, área de concentração em Genética e Melhoramento de Plantas, para a obtenção do título de Mestre.

Prof. Dr. Magno Antonio Patto Ramalho  
Orientador  
Dra. Ângela de Fátima Barbosa Abreu  
Co-orientadora

**LAVRAS - MG  
2017**

Ficha catalográfica elaborada pelo Sistema de Geração de Ficha Catalográfica da Biblioteca  
Universitária da UFLA, com dados informados pelo(a) próprio(a) autor(a).

Lemos, Roxane do Carmo.

Procedimentos para a identificação de progênies superiores em  
gerações sucessivas de avaliação na cultura do feijoeiro / Roxane do  
Carmo Lemos. - 2017.

62 p.

Orientador(a): Magno Antonio Patto Ramalho.

Coorientador(a): Ângela de Fátima Barbosa Abreu.

Dissertação (mestrado acadêmico) - Universidade Federal de  
Lavras, 2017.

Bibliografia.

1. Phaseolus vulgaris. 2. Seleção recorrente. 3. Índice de  
seleção. I. Ramalho, Magno Antonio Patto. II. Abreu, Ângela de  
Fátima Barbosa. III. Título.

**ROXANE DO CARMO LEMOS**

**PROCEDIMENTOS PARA A IDENTIFICAÇÃO DE PROGÊNIES SUPERIORES EM  
GERAÇÕES SUCESSIVAS DE AVALIAÇÃO NA CULTURA DO FEIJOEIRO**

**PROCEDURES FOR THE IDENTIFICATION OF THE BEST PROGENIES IN  
SUCCESSFUL GENERATIONS OF EVALUATION IN COMMON BEAN**

Dissertação apresentada à Universidade Federal de Lavras, como parte das exigências do Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento de Plantas para a obtenção do título de Mestre.

APROVADA em 10 de março de 2017.  
Dr. Carlos Eduardo Pulcinelli – Souza Cruz  
Dr. José Airton Roderigues Nunes – UFLA

Prof. Dr. Magno Antonio Patto Ramalho  
Orientador  
Dr<sup>a</sup> Ângela de Fátima Barbosa Abreu  
Co-orientadora

**LAVRAS - MG  
2017**

*Aos meus pais, Dinélia e Fernando,*  
DEDICO

## AGRADECIMENTOS

À minha família, por todo apoio nesta etapa e compreensão das minhas ausências em muitos momentos nesses dois anos de intensa dedicação. Aos meus pais, Fernando e Dinélia, por me ensinarem desde sempre que a busca pelo conhecimento é a melhor forma de crescimento. Aos meus irmãos Felipe e Lucas pelo companheirismo e amizade. Ao Paulo por sempre me encorajar e acreditar no meu sucesso.

À Universidade Federal de Lavras, principalmente ao Departamento de Biologia, pelo ensino de excelência.

Ao Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento de Plantas, especialmente ao Prof. Magno pela excelente orientação, amizade e exemplo de dedicação profissional a ser seguido. À Dr. Ângela pela co-orientação, por todas as contribuições que fez a este trabalho e a amizade adquirida no dia-a-dia.

Aos professores do programa pelos ensinamentos e experiências transmitidos, que contribuíram para o meu desenvolvimento acadêmico e pessoal. Aos funcionários Lilian, Iron, Rafa, Zélia e a todos os demais, essenciais para o pleno funcionamento do departamento.

Ao grupo do feijão pelo companheirismo e por toda ajuda durante o desenvolvimento do trabalho, sem eles não seria possível realizá-lo. Aos funcionários da fazenda Vitorinha, Léo, Lindolfo e Zé Carlinhos, por todo suporte prestado na condução dos experimentos.

Ao Matheus pelo auxílio nas análises estatísticas dos dados pela abordagem de modelos mistos. À Queijinho por me ajudar a iniciar as análises e ao Getúlio pelos “salvamentos” no R.

Aos colegas e amigos do GEN, por tornarem os dias mais leves e descontraídos, que contribuíram para a minha formação acadêmica e crescimento pessoal.

Aos Apáticos, pelas amizades adquiridas nesses dois anos, que espero levar para a vida toda. Àqueles que foram companheiros nas horas de estudos, de trabalho e de descontração: Carol, Emanuel, Fernanda, Gleicy, Xupeta e Zina. Também aos agregados e não citados, que com certeza fizeram a caminhada até aqui ser mais prazerosa.

Ao CNPq, pelo apoio financeiro.

Meus sinceros agradecimentos.

## RESUMO

Um dos métodos de condução das populações segregantes do feijoeiro mais utilizados é o Bulk dentro de plantas  $F_2$  ou  $S_0$ . Quando se utiliza esse método no Brasil as progênies são avaliadas em experimentos com repetição desde  $F_{2:3}$  ou  $S_{0:1}$ . Essa avaliação continua por quatro ou cinco gerações. Normalmente, a cada geração é realizada a seleção utilizando apenas a informação da geração anterior. Contudo, alguns trabalhos publicados recentemente mostram que se a avaliação for realizada considerando todas as gerações, o ganho com a seleção pode ser maior, principalmente quando se utiliza um índice que envolve a informação da população que originou as progênies. O que não se tem informação é se utilizando os dados de campo a vantagem do índice de seleção se concretiza em gerações futuras, qual a diferença em relação ao emprego apenas das médias e de um índice que considera a herdabilidade entre as populações e a herdabilidade entre progênies dentro de populações. Assim, o objetivo do trabalho foi de comparar três procedimentos de seleção entre gerações sucessivas de avaliação e verificar a coincidência na classificação das progênies identificadas como superiores em gerações passadas e as mesmas progênies em gerações futuras. Adicionalmente, discutir as implicações da interação progênies x ambientes no sucesso com a seleção. Foram utilizadas progênies do ciclo XV de um programa de seleção recorrente do feijoeiro da Universidade Federal de Lavras. Foram avaliadas inicialmente progênies  $S_{0:1}$ , oriundas de 19 populações, sendo aproximadamente 23 progênies por população, em um total de 439. Nas geração  $S_{0:2}$  e  $S_{0:3}$  foram avaliadas 322 progênies e na geração  $S_{0:4}$ , 79. Os experimentos foram conduzidos em Lavras, MG, Brasil, no período de 2015 e 2016. Os caracteres avaliados foram a produtividade de grãos, as notas de porte e o tipo de grãos. Com os dados obtidos, por geração ou conjunto de gerações, procedeu-se a análise de variância utilizando o método dos quadrados mínimos e estimou-se as médias e os componentes de variância genética e fenotípica. As mesmas análises foram realizadas utilizando modelos mistos, considerando no modelo o efeito de populações para a obtenção dos BLUP's. Obteve-se também um índice de seleção (ISP) ponderado pela herdabilidade entre populações e herdabilidade dentro das populações. Estimou-se as correlações entre a classificação das progênies utilizando os três procedimentos: as médias, os BLUP's e o ISP, em uma mesma geração e em gerações sucessivas. Estimou-se também a coincidência das melhores progênies avaliadas em  $S_{0:4}$ , com as mesmas progênies nas gerações anteriores pelos três procedimentos. Constatou-se que a classificação das progênies pelos BLUP's e pelo ISP não diferiu expressivamente do utilizando apenas a média, mesmo quando se consideraram várias gerações na seleção. Qualquer um dos procedimentos utilizados não mitigou de modo efetivo o efeito da interação progênies x ambientes, pois a coincidência na eficiência de seleção de uma ou mais gerações com uma geração futura foi pequena e variou muito pouco entre os procedimentos adotados.

**Palavras chave:** *Phaseolus vulgaris*, seleção recorrente, índice de seleção.

## ABSTRACT

Bulk within progenies derived from  $F_2$  or  $S_0$  plants is one of the most used breeding methods for common bean. When using this method in Brazil the progenies are evaluated in experiments with replications from  $F_{2:3}$  or  $S_{0:1}$ . This assessment continues for four or five generations. Usually, the selection made by generation is done based only on previous generation information. However, some papers published recently show that if the evaluation is performed considering all the generations, the selection gain can be greater, especially when using an index that involves the original population information. What is not known is if using field data the advantage of the selection index remains in future generations, what is the difference when only the progenies means are used and when an index that considers the heritability among populations and the heritability among progenies within populations is applied. Thus, the aim with this study was to compare three selection procedures among successive generations of evaluation and to verify the coincidence in the rank of the progenies identified as the best ones in past generations and the same progenies in future generations. Additionally, we discuss the progenies x environments interaction implications selection success. Progenies of the XV cycle of Universidade Federal de Lavras common bean recurrent selection program were used.  $S_{0:1}$  progenies from 19 populations were evaluated, with approximately 23 progenies by population, in a total of 439 progenies. 322  $S_{0:2}$  and  $S_{0:3}$  progenies and 79  $S_{0:4}$  progenies were evaluated. The experiments were carried out in Lavras, MG, Brazil, in the period of 2015 and 2016. The evaluated traits were grain yield, plant architecture and grain type. With the data obtained, by generation or set of generations, we performed the analysis of variance using the least squares method and estimated the means and the components of genetic and phenotypic variance. The same analyzes were performed using mixed models, considering in the model the effect of populations to obtain the BLUP's. A selection index (ISP) was also weighted by heritability among populations and heritability within populations. The correlations between the progeny rank were estimated using the three procedures: means, BLUP's and ISP, in the same generation and in successive generations. The coincidence of the best progenies evaluated in  $S_{0:4}$ , with the same progenies in previous generations by the three procedures was also estimated. It was found that the progenies rank by BLUP's and the ISP did not differ significantly from the means only, even when considering several generations in the selection. Any of the procedures used did not effectively mitigate the effect of interaction progenies x environments, because the coincidence in the selection efficiency of one or more generations with a future generation was small and there was a little variation between the adopted procedures.

**Key words:** *Phaseolus vulgaris*, recurrent selection, selection index.



## SUMÁRIO

<b>RESUMO</b> .....	<b>7</b>
<b>1 INTRODUÇÃO</b> .....	<b>10</b>
<b>2 REFERENCIAL TEÓRICO</b> .....	<b>12</b>
2.1 A história do feijão carioca .....	12
2.2 Seleção recorrente em plantas autógamas.....	13
2.3 Estratégias de seleção de progênies em um programa de seleção recorrente .....	17
<b>3 MATERIAL E MÉTODOS</b> .....	<b>20</b>
3.1 Local.....	20
3.2 População base.....	20
3.3 Avaliação das progênies .....	20
3.4 Análise estatística dos dados.....	21
3.4.1 Método dos quadrados mínimos (MQM) .....	22
3.4.2 Abordagem de modelos mistos .....	25
3.4.3 Índice ponderado pela $h^2$ .....	26
3.5 Comparação dos procedimentos de análises .....	26
3.6 Estimativas do ganho esperado com a seleção .....	27
<b>4 RESULTADOS</b> .....	<b>29</b>
<b>5 DISCUSSÃO</b> .....	<b>44</b>
<b>6 CONCLUSÕES</b> .....	<b>52</b>
<b>REFERÊNCIAS</b> .....	<b>53</b>
<b>APÊNDICE A</b> .....	<b>59</b>

## 1 INTRODUÇÃO

O melhoramento genético do feijoeiro foi e tem sido muito eficiente visando a melhoria da produtividade de grãos. Várias pesquisas que comprovam essa observação já foram realizadas (MATOS; RAMALHO; ABREU, 2007; CHIORATO; CARBONELL, 2014). Contudo, as diferenças a serem detectadas são cada vez menores, exigindo que os melhoristas utilizem de todas as estratégias para incrementar o sucesso com a seleção. Um dos métodos de melhoramento mais empregados no melhoramento é o Bulk dentro de progênies  $F_2$  ou  $F_3$  (FREY, 1954). Por esse método, na maioria dos casos, as progênies são avaliadas desde a geração  $F_{2:3}$  ou  $S_{0:1}$  – quando se tem seleção recorrente e a frequência alélica não é  $\frac{1}{2}$  - até a  $F_{2:6}$  ou gerações mais avançadas, quando se inicia o processo de avaliação de linhagens antes de sua recomendação para os agricultores. Durante o avanço das gerações, o número de progênies é decrescente, isto é, são algumas centenas no início e no final do processo tem-se de uma a dez linhagens por ciclo seletivo. O que os melhoristas normalmente têm adotado é no final de cada ciclo, após as análises, selecionar as melhores progênies apenas naquela geração, sem considerar o que ocorreu no passado.

Na última década algumas propostas foram realizadas visando a melhoria do processo por meio de análises, sobretudo usando modelos mistos, para utilizar a informação de todas as progênies avaliadas nas gerações anteriores (BRUZI, 2008). Na mesma vertente, Resende et al. (2015) propuseram um índice de seleção que considera todas as gerações e a covariância entre gerações sucessivas com o objetivo de identificar as melhores progênies. Por meio de simulação mostraram que o processo é eficiente. Posteriormente Resende et al. (2016) complementaram o trabalho anterior propondo realizar a seleção utilizando o mérito das progênies em todas as gerações e o desempenho das populações de que elas foram obtidas. Mostraram que o processo era eficiente e que deveria ser utilizado pelos melhoristas. Contudo nos trabalhos de Resende et al. (2015 e 2016), consideraram que a frequência alélica era igual a  $\frac{1}{2}$ , o que evidentemente pode não se aplicar à seleção recorrente, pois dificilmente a frequência dos alelos é igual. Nessa situação, além da variância aditiva ( $V_A$ ) e de dominância ( $V_D$ ) ocorrem os componentes  $D_1$ , que corresponde a covariância entre os efeitos médios (aditivos) dos alelos e os efeitos de dominância dos homocigotos e  $D_2$  que é a variância genética dos efeitos de dominância dos homocigotos. Especialmente  $D_1$  por ser uma covariância pode ser negativa, como tem sido constatado em algumas oportunidades em plantas autógamas (SOUZA; RAMALHO, 1995;

MORAIS et al. 1997), conseqüentemente o seu efeito em gerações futuras pode ser contrário aos objetivos dos melhoristas.

No programa de seleção recorrente que vem sendo realizado na Universidade Federal de Lavras, a recombinação é realizada utilizando um sistema de múltiplos “*topcross*”, isto é, cada progênie selecionada é usada como fêmea, em cruzamento com as demais. Desse modo, é possível ter a informação das progênies derivadas de cada *topcross*. Sendo assim, seria possível obter um índice de seleção, utilizando a informação do desempenho da população que originou cada progênie ao longo das gerações de endogamia, como recomendado por Resende et al. (2016). Como nesse caso a frequência alélica não é  $\frac{1}{2}$ , o que poderia ser usado é um índice utilizando a herdabilidade entre populações e entre progênies dentro de populações. Nessa situação o resultado seria aplicável mesmo a frequência alélica não sendo igual.

Adicionalmente, na cultura do feijoeiro e muitas outras espécies cultivadas, a interação das progênies por ambientes é expressiva e as conseqüências no sucesso com a seleção utilizando dados de gerações sucessivas pode ser prejudicado.

Do exposto, foi realizado o presente trabalho com o objetivo de avaliar a eficiência seletiva usando as médias, a abordagem de modelos mistos, estimando os BLUP's usando o efeito de populações, e o índice de seleção ponderado (ISP) considerando a média e as herdabilidades entre populações e entre progênies/populações, utilizando as médias das avaliações de progênies de um programa de seleção recorrente. Adicionalmente procurou-se avaliar o efeito da interação progênies x ambientes na eficiência da seleção dos três procedimentos adotados, pela coincidência das melhores progênies selecionadas em uma ou mais gerações, em uma geração futura.

## 2 REFERENCIAL TEÓRICO

### 2.1 A história do feijão carioca

O Brasil se destaca mundialmente na produção da cultura do feijoeiro, sendo o maior produtor e também consumidor dessa leguminosa, com produção média anual de 2,5 milhões de toneladas (CONAB, 2017; WANDER, 2014). O estado de Minas Gerais é o segundo maior produtor do país, com área cultivada superior a 400 mil hectares por ano, com produção distribuída nas três safras: “das águas” (semeadura em novembro), “da seca” (semeadura em fevereiro), e “de outono-inverno” (semeadura em julho) (CONAB, 2017). Neste estado a produção média do feijão carioca estimada para a safra 2016/2017 é de 198,2 mil toneladas e produtividade de 1,39 tonelada/hectare (CONAB, 2017).

O principal grupo de feijão cultivado em Minas Gerais e no Brasil como um todo é o Carioca, isto é, grãos com cor creme e com estrias marrons. No início de 1966, foi levado ao Instituto Agrônomo de Campinas (IAC) uma planta de grande capacidade produtiva, identificada por um agricultor no município de Palmital/SP. O proprietário da fazenda a denominou de carioca, devido a uma raça de suínos conhecida como carioca, que também possuía listras pelo corpo (CHIORATO; CARBONELL, 2014). Após vários experimentos realizados a cultivar foi recomendada já em 1971 (ALMEIDA et al., 1971).

Almeida et al. (1971) ressaltam em seu trabalho que o hábito alimentar do povo paulista, na época de lançamento da cultivar, exigia do mercado variedades de feijão com coloração única do tegumento. Esse fato dificultaria a introdução de variedades com grãos pintados ou rajados. No entanto, a aceitação do novo cultivar pelos produtores e também pelos consumidores foi relativamente alta, devido a uma escassez dos feijões tradicionais no início da década de setenta do século passado.

Algumas características que promoveram o sucesso da cultivar foram a alta produtividade em relação as demais cultivares, a resistência às doenças que prevaleciam na época e as suas boas qualidades culinárias. No entanto, o esforço dos pesquisadores envolvidos no desenvolvimento da cultivar em divulgar as suas propriedades aos produtores e consumidores foi o fator crucial que determinou a grande aceitação do feijão carioca no mercado. De acordo com Almeida et al. (2000) foi estabelecido um plano de distribuição de amostras de semente, juntamente com um folheto demonstrando as características da nova cultivar para todos os produtores da região.

A história da cultivar original carioca é um bom exemplo de se ter uma oportunidade no melhoramento e aproveitá-la. Após a adoção pelos consumidores, os melhoristas intensificaram os seus trabalhos com o tipo de grão carioca, incluindo essa cultivar como genitora em diversos programas de melhoramento. Essa cultivar originou todo o germoplasma de feijão carioca disponível no Brasil e no mundo. As linhagens existentes atualmente superam a original não só em produtividade, como no aspecto dos grãos e da planta. Mostrando assim a eficiência da seleção realizada pelos poucos programas de melhoramento do feijoeiro existentes no Brasil.

## **2.2 Seleção recorrente em plantas autógamas**

A maioria dos caracteres de importância para o melhoramento de plantas, como a produtividade de grãos, é controlada por vários genes. Assim, para se obter sucesso com a seleção faz-se necessário que o melhoramento seja feito por etapas, ou seja, em vários ciclos seletivos. O método de melhoramento que permite o aumento gradual da frequência dos alelos favoráveis e, em consequência, a melhoria da expressão do caráter de interesse é a seleção recorrente. A seleção recorrente é uma aplicação de uma frase famosa de dois melhoristas conceituados, isto é, “O melhoramento de plantas é uma acumulação de vantagens” (SIMMONDS; SMART, 1999). Ou seja, cruzando indivíduos superiores a cada ciclo, a população só tende a melhorar.

Inicialmente a seleção recorrente foi proposta para plantas alógamas, mas o seu emprego tem se intensificado em várias culturas autógamas, como no arroz (MORAIS JUNIOR, 2015), no feijão (RAMALHO; ABREU; SANTOS, 2005; AMARO et al., 2007) e no trigo (WANG et al., 1996).

A seleção recorrente é um processo cíclico de melhoramento que envolve a obtenção de progênies, a sua avaliação, a seleção e a recombinação das melhores. Os melhores indivíduos ou progênies de uma população são selecionados, posteriormente inter cruzados para formar a próxima geração (ou ciclo) e o procedimento é repetido no próximo ciclo. De outro modo, a seleção recorrente nada mais é do que o processo cíclico de seleção seguido da recombinação (BERNARDO, 2010). Dessa forma, o que se espera com a seleção recorrente é o aumento na média do caráter sob seleção, mantendo a variabilidade genética para progressos futuros com a seleção (HALLAUER, 1992). Vários trabalhos na literatura apresentam argumentos para se empregar a seleção recorrente (FOUILLOUX; BANEROT, 1988; GERALDI, 1997; BERNARDO, 2010; RAMALHO, 2012).

A avaliação e seleção dos melhores indivíduos/progênies a serem utilizados na recombinação consiste na etapa mais difícil no processo. Para caracteres com herdabilidade alta a seleção pode ser realizada visualmente nas gerações  $F_2$  ou  $S_0$ . A seleção recorrente fenotípica tem sido utilizada para alguns caracteres do feijoeiro, como resistência à mancha-angular (AMARO et al., 2007), porte da planta (PIRES et al., 2014) e dias para florescimento, precocidade (SILVA; RAMALHO; ABREU, 2007). No entanto, para caracteres com baixa herdabilidade, como a produtividade de grãos, a seleção das melhores progênies deve ser realizada com base em experimentos com repetições. No caso do feijoeiro essa avaliação tem sido realizada com progênies endogâmicas  $S_{0:1}$ ,  $S_{0:2}$ , ou até mesmo com maior endogamia (RAMALHO; ABREU; SANTOS, 2005).

A Universidade Federal de Lavras iniciou os seus trabalhos com a cultura do feijoeiro em 1968. Em 1986, com a criação do Programa de Pós-Graduação em Agronomia, área de concentração Genética e Melhoramento de Plantas ocorreu o crescimento do programa de melhoramento do feijão na UFLA. Alguns anos depois, em 1990, foi iniciado o programa de seleção recorrente com a cultura, visando principalmente a produtividade e a qualidade dos grãos do tipo carioca (RAMALHO; ABREU; SANTOS, 2005; SILVA et al. 2010). A inclusão desse método de melhoramento possibilitou maior dinamismo e continuidade ao programa de melhoramento do feijoeiro na UFLA.

A população base desse programa foi obtida a partir do cruzamento de 10 linhagens, que são detalhadas na Tabela 1. No entanto, outras linhagens com bom desempenho agrônomico foram incluídas em ciclos subsequentes (RAMALHO; ABREU; SANTOS, 2005). Nesse primeiro momento do programa, as linhagens utilizadas como genitoras apresentavam características distintas, como o aspecto dos grãos, o hábito de crescimento e até mesmo eram de diferentes raças, visando assim obter uma população com alta variabilidade. No entanto, já nos primeiros ciclos seletivos foi possível verificar que essa grande variabilidade não deveria ser o foco do programa, a partir de então apenas as progênies com alta produtividade e grãos do tipo carioca passaram a ser selecionadas.

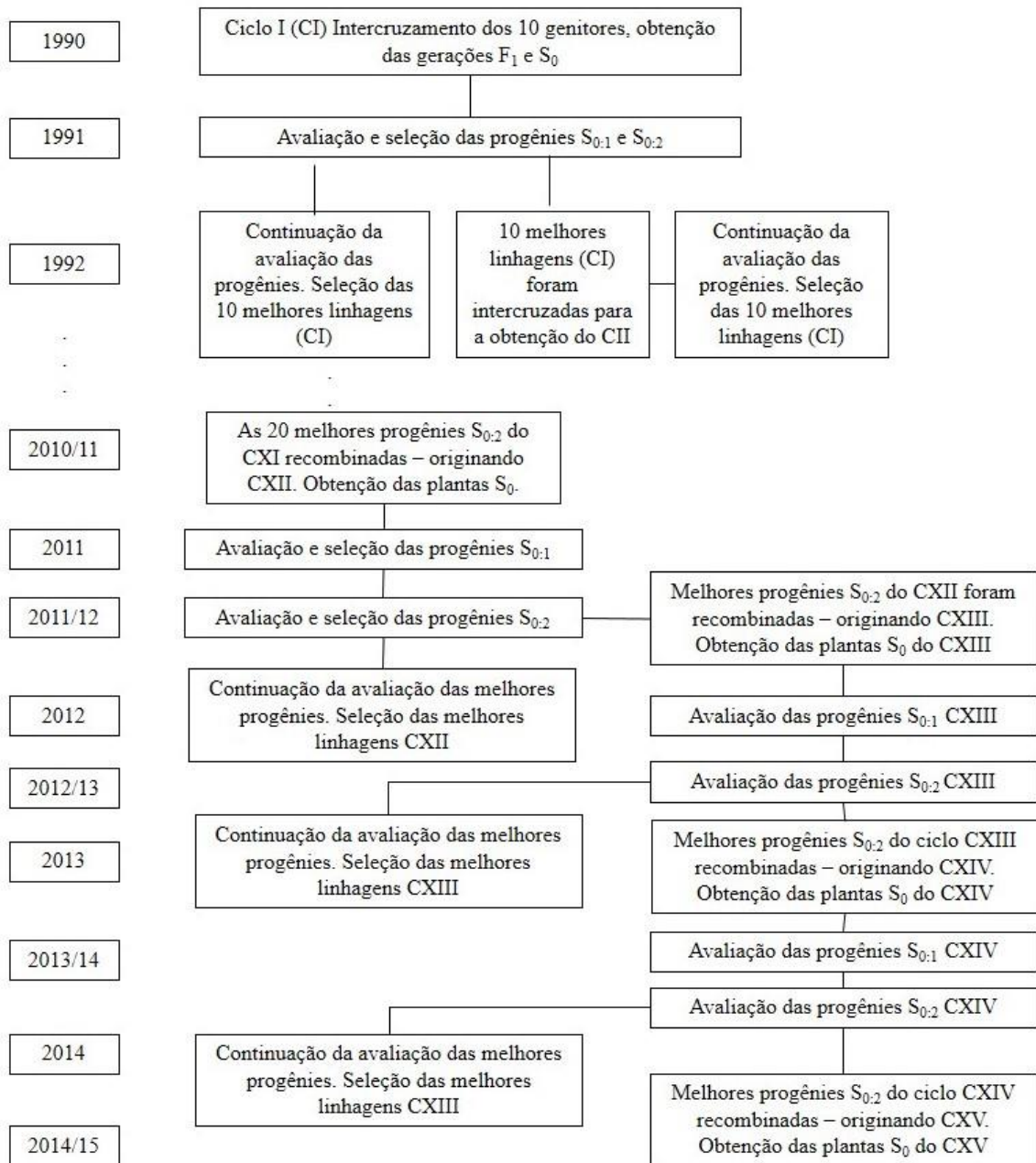
Tabela 1 – Algumas características das linhagens de feijoeiro utilizadas na obtenção da população base do programa de seleção recorrente da UFLA para produtividade de grãos.

<b>Linhagens</b>	<b>Ciclo</b>	<b>Raças</b>	<b>Hábito de crescimento<sup>1</sup></b>	<b>Tipo de grão</b>
BAT 477	C-I	Mesoamerica	II	Bege
IAPAR 14	C-I	Mesoamerica	III	Creme com rajas marrons
FT 84-292	C-I	Mesoamerica	II	Creme com rajas marrons
Jalo	C-I	Nova Granada	III	Amarelo
A-252	C-I	Mesoamerica	III	Creme com rajas marrons
A-77	C-I	Mesoamerica	I	Creme com rajas marrons
Ojo de Liebre	C-I	Durango	III	Creme com rajas marrons
ESAL 645	C-I	Mesoamerica	II	Creme com rajas marrons
Pintado	C-I	Nova Granada	III	Rajado
Carioca	C-I	Mesoamerica	III	Creme com rajas marrons

<sup>1</sup>Tipo I: Hábito determinado; Tipo II, III e IV: Hábito indeterminado. Fonte: Carvalho (2013).

Inicialmente as progênes  $S_{0:1}$  e  $S_{0:2}$  eram avaliadas e selecionadas as 20 melhores progênes  $S_{0:3}$  para serem recombinadas em um sistema de cruzamentos semelhante ao proposto por Bearzoti (1997, citado por RAMALHO et al. 2012), para a obtenção de um novo ciclo. A partir do ciclo IX a recombinação passou a ser realizada utilizando um esquema semelhante a um “*topcross*”, isto é, cada uma das 20 progênes  $S_{0:3}$  selecionadas é utilizada como fêmea no cruzamento com todas as demais (19 progênes). Um esquema da condução do programa até o ciclo XV é mostrado na Figura 1.

Figura 1 – Esquema do procedimento adotado no programa de seleção recorrente para produtividade de grãos com a cultura do feijoeiro, conduzido na Universidade Federal de Lavras, desde 1990.



Fonte: Adaptado de Carvalho (2013).

O progresso genético com a seleção recorrente deve ser obtido periodicamente para verificar a eficiência das estratégias de seleção adotadas. Após quatro ciclos seletivos desse programa Ramalho, Santos e Abreu (2005) selecionaram as cinco melhores linhagens obtidas



em cada um deles. A avaliação dessas linhagens foi realizada em duas safras e estimou-se o progresso genético para a produtividade e tipo de grãos, constataram um ganho com a seleção de 10,5% para o tipo de grãos e 5,7% para a produtividade. Em outro trabalho, Silva et al. (2010) obtiveram as estimativas de progresso genético após oito ciclos seletivos. Utilizando testemunhas comuns, estimaram as médias ajustadas das linhagens elite obtidas em cada ciclo. A partir desses dados estimaram o progresso genético para produtividade de grãos em cada ciclo, que foi de 3,3%. Vale ressaltar que não foi constatada redução na variabilidade genética entre as progênes durante esses ciclos de seleção, confirmando a possibilidade de se continuar obtendo ganho genético com a seleção para produtividade e tipo de grãos.

### **2.3 Estratégias de seleção de progênes em um programa de seleção recorrente**

A etapa mais difícil de qualquer programa de melhoramento é a identificação/seleção das melhores progênes/linhagens. Para que a seleção seja realizada de forma eficiente, os experimentos devem ser bem conduzidos, com alta precisão experimental, e com a metodologia de análise dos dados obtidos em campo adequada. A análise de variância (ANAVA), provavelmente é o método estatístico de maior repercussão na experimentação agrícola. Essa metodologia de análise, que se baseia no método dos quadrados mínimos (MQM), foi desenvolvida por Fisher na época em que trabalhou na Estação Experimental de Rothamsted, de 1919 a 1933, período em que se originaram também muitas das suas aplicações (MEMÓRIA, 2004). Outra grande contribuição de Fisher foi o estabelecimento dos princípios essenciais do planejamento experimental, que permitiu aumentar a eficiência na seleção de progênes/linhagens nos programas de melhoramento.

Outros métodos de análise estatística foram propostos após o estabelecimento da ANAVA, no entanto, apenas com o avanço das tecnologias computacionais, com o desenvolvimento de softwares estatísticos apropriados, foi possível a aplicação desses métodos no melhoramento. Dentre eles, encontra-se em destaque a metodologia dos modelos mistos, que tem o BLUP (melhor preditor linear não viesado) como método de estimação dos efeitos aleatórios do modelo. Esse método foi proposto por Henderson em 1949 (HENDERSON 1949, 1950, 1959, 1975; HENDERSON et al., 1963). Foi aplicado pela primeira vez em 1970, para avaliar touros em um programa de inseminação artificial visando à produção de leite (FREEMAN, 1991; SCHAEFFER, 1991; THOMPSON, 2008). A princípio foi desenvolvido para o melhoramento animal (HENDERSON, 1975), mas nos últimos anos vem sendo

amplamente utilizado também no melhoramento de plantas (NUNES et al. 2008; FIGUEIREDO, 2014; SILVA et al. 2014; RESENDE et al. 2015). A metodologia dos modelos mistos é considerada vantajosa em condições de desbalanceamento dos dados e/ou quando se dispõe da informação do parentesco entre os genótipos avaliados (PIEPHO; MOHRING; MELCHINGER, 2008; BERNARDO, 2010).

Vários trabalhos visando a obtenção da maior eficiência seletiva pelo uso da abordagem de modelos mistos foram desenvolvidos nos últimos anos no melhoramento. Dentre eles, o de Bruzi (2008) propôs considerar o uso das avaliações do desempenho das progênes anteriores à geração de referência, para melhorar a eficiência do processo seletivo no melhoramento do feijoeiro, utilizando a abordagem de modelos mistos. Neste trabalho, o autor comparou o procedimento tradicional adotado no programa, ou seja, as análises da variância individuais e conjunta dos locais para a seleção das melhores progênes, e a análise pelo procedimento sequencial recuperando as informações das gerações avaliadas. Concluiu-se que a análise tradicional considerando apenas a geração de referência apresenta eficiência reduzida, principalmente em gerações iniciais. Assim, a adoção da análise sequencial pelo procedimento BLUP propiciou maior acurácia seletiva.

Na mesma linha, Resende et al. (2015) propuseram uma estratégia para a melhoria da eficiência da seleção no método do bulk dentro de progênes  $F_2$ , em plantas autógamas. A proposta refere-se à utilização de um índice multigerações que considera toda a informação das gerações e a covariância entre gerações sucessivas com o objetivo de identificar as melhores progênes, melhorando a eficiência de seleção. Foi realizada a simulação e análise de dados de campo do feijoeiro comum e comparada a metodologia de seleção tradicional e o índice multigerações. A eficiência da nova estratégia conduziu a um ganho de 12% em relação a metodologia normalmente utilizada. Assim, apenas com a mudança no procedimento da identificação das melhores linhagens é possível aumentar a eficiência de seleção, sem custo adicional ao processo.

Recentemente Resende et al. (2016) mostraram um novo índice de seleção que considera os valores da informação do desempenho da população de origem das progênes para a aumentar a eficiência da seleção, denominado SIPPPG (Selection Index with Parents, Populations, Progenies and Generations). Neste estudo o autor estendeu o índice criado anteriormente, que, além de considerar os dados dos efeitos das progênes nas diferentes gerações, também inclui os efeitos das populações em que as progênes foram derivadas em

todas as gerações, os dados dos pais e as gerações  $F_1$  e  $F_2$  simultaneamente. A inclusão do efeito de populações, de  $F_1$  até  $F_\infty$ , é realizada por meio do uso das covariâncias entre gerações, a herdabilidade média dentro de população e a herdabilidade total entre e dentro de populações.

Quando se consideram as gerações de  $F_1$  a  $F_{2:6}$ , o índice completo tem 12 fontes de informações e pesos. Para a seleção usando os dados de todas as gerações simultaneamente, o SIPPPG tem a seguinte forma:

$$I = b_{Pop}(\bar{Y}_{i..} - \bar{Y}_{...})_g + b_{Prog}(Y_{.j.} - \bar{Y}_{i..})_g$$

Onde  $b_{Pop}$  é o vetor de pesos que pondera os efeitos de população nas várias gerações de endogamia e  $b_{Prog}$  é o vetor que pondera os efeitos de progênie nas várias gerações. As gerações  $F_1$  e  $F_2$  e os parentais não estão em uma estrutura de progênies, portanto apenas o efeito de populações é considerado para essas fontes de informação. Dessa forma, quando se consideram todas as gerações e as fontes de informação, o índice total é dado por:

$$\begin{aligned} \hat{a} = & \hat{b}_{pai1}P_1 + \hat{b}_{pai2}P_2 + \hat{b}_{F1}F_1 + \hat{b}_{F2}F_2 + \\ & + \hat{b}_{F2:3pop}F_{2:3pop} + \hat{b}_{F2:4pop}F_{2:4pop} + \hat{b}_{F2:5pop}F_{2:5pop} + \hat{b}_{F2:6pop}F_{2:6pop} + \\ & + \hat{b}_{F2:3prog}F_{2:3prog} + \hat{b}_{F2:4prog}F_{2:4prog} + \hat{b}_{F2:5prog}F_{2:5prog} + \hat{b}_{F2:6prog}F_{2:6prog} \end{aligned}$$

A partir do índice SIPPPG é estimado o valor genético aditivo de uma linhagem na geração  $F_\infty$ . As médias ajustadas são ponderadas pelos coeficientes do índice e são obtidos os BLUP's dos valores genéticos.

O novo índice de seleção proposto fornece ganhos em eficiência de seleção que variam de 5% a 28%, dependendo da variação genética existente entre populações. No entanto, vale ressaltar que nos trabalhos de Resende et al. (2015 e 2016), consideraram que a frequência alélica era igual a  $\frac{1}{2}$ , o que pode não se aplicar a seleção recorrente. Nessa situação, quando a frequência dos alelos difere de  $\frac{1}{2}$ , além da variância aditiva ( $V_A$ ) e de dominância ( $V_D$ ) a variância genética é composta também pelos componentes  $D_1$ , que corresponde a covariância entre os efeitos médios (aditivos) dos alelos e os efeitos de dominância dos homozigotos e  $D_2$  que é a variância genética dos efeitos de dominância dos homozigotos. Especialmente  $D_1$  por ser uma covariância pode ser negativa, como tem sido constatado em algumas oportunidades em plantas autógamas (SOUZA; RAMALHO, 1995; MORAIS et al. 1997), conseqüentemente o seu efeito em gerações futuras pode levar à diminuição da média do caráter sob seleção.

Em um programa de seleção recorrente, no caso da frequência alélica ser diferente de  $\frac{1}{2}$ , poderia ser utilizado um índice de seleção utilizando a herdabilidade entre populações e entre progênies dentro de populações.

### **3 MATERIAL E MÉTODOS**

#### **3.1 Local**

Os experimentos foram conduzidos no Centro de Desenvolvimento Científico e Tecnológico da Universidade Federal de Lavras (UFLA), localizado no município de Lavras na região sul do estado de Minas Gerais, a 918 m de altitude, 21°58' de latitude Sul e 42°22' de longitude Oeste.

#### **3.2 População base**

As progênes utilizadas nesse trabalho vieram do ciclo XV do programa de seleção recorrente do feijoeiro que está sendo conduzido na UFLA desde 1990 e cujos detalhes das etapas anteriores podem ser encontrados em Ramalho et al. (2005) e Silva et al. (2010).

Na geração  $S_{0:3}$  do ciclo XIV foram selecionadas as 19 progênes com melhor desempenho. Essas progênes foram recombinadas utilizando um esquema semelhante a um “top cross”, isto é, cada progênie foi utilizada como fêmea no cruzamento com todas as demais (18 progênes). As sementes “ $F_1$ ” obtidas de cada genitor fêmea foram misturadas e multiplicadas para a obtenção da população  $S_0$  do ciclo XV. Dessa forma, foram obtidas 19 populações, com o número de progênes dentro de cada população variando de 14 a 29, totalizando 439 progênes.

#### **3.3 Avaliação das progênes**

As 439 progênes  $S_{0:1}$  obtidas foram avaliadas juntamente com duas testemunhas, as cultivares Pérola e Carioca, no delineamento látice simples 21 x 21, com semeadura em julho de 2015. As parcelas nessa geração foram constituídas de 1 linha de 2m, com espaçamento entre linhas de 0,6m. Foram semeadas 15 sementes por metro e o experimento foi irrigado. O manejo adotado foi semelhante ao que é recomendado para a cultura na região (RAMALHO; ABREU; GUILHERME, 2014). Não foi realizada nenhuma pulverização para o controle de patógenos e/ou pragas.

Os caracteres avaliados foram:

- a) Nota de porte das plantas: a avaliação foi realizada em campo, por dois avaliadores simultaneamente, por meio de escala de notas proposta por Collicchio, Ramalho e

Abreu (1997) modificada, em que a nota 1 foi atribuída às plantas prostradas e a nota 9, às plantas completamente eretas;

- b) Tipo de grãos: a avaliação foi realizada logo após a colheita, uma amostra de cada progênie foi colocada em saco plástico transparente, de tamanho 4 x 23 cm, e identificadas. A classificação quanto ao aspecto geral dos grãos foi realizada por três avaliadores, em uma escala de notas de 1 a 9, modificada de Ramalho, Pirola e Abreu (1998), em que 1 refere-se ao grão tipo carioca com a cor do grão creme escuro e rajas marrom-escuras, com halo, peso médio de 100 sementes menor que 22 g, grãos achatados e a nota 9 indica grão tipo carioca com cor creme claro, rajas marrom-claras, sem halo, peso médio de 100 sementes em torno de 27 g, grãos não achatados. No entanto, foi realizada apenas a avaliação visual das progênies para esse caráter.
- c) Produtividade de grãos em Kg/ha.

Utilizando as médias de produtividade de grãos, nota de porte das plantas e nota de tipo de grãos foram selecionadas 322 progênies  $S_{0:2}$ . Essas progênies foram semeadas em novembro de 2015, juntamente com as duas testemunhas. As mesmas progênies, agora  $S_{0:3}$ , foram avaliadas novamente, com semeadura em fevereiro de 2016. Nessas duas gerações o delineamento experimental adotado foi o látice simples 18 x 18 e as parcelas foram constituídas de 2 linhas de 2m, com espaçamento entre linhas de 0,6m.

Utilizando o mesmo procedimento anterior foram selecionadas as 79 progênies mais produtivas. Essas progênies  $S_{0:4}$  e as testemunhas foram novamente avaliadas, com semeadura em julho de 2016. O delineamento experimental foi látice triplo 9 x 9 e as parcelas também foram constituídas de 2 linhas de 2m, com espaçamento entre linhas de 0,6m. Em todos os experimentos o manejo e os caracteres avaliados foram os mesmos da geração  $S_{0:1}$ .

### **3.4 Análise estatística dos dados**

Os dados de produtividade de grãos, nota de porte das plantas e nota de tipo de grãos foram analisados utilizando dois procedimentos, pelo método dos quadrados mínimos (MQM) e abordagem de modelos mistos.

### 3.4.1 Método dos quadrados mínimos (MQM)

Os dados de cada característica avaliada foram submetidos à análise de variância por geração/ambiente utilizando o seguinte modelo:

$$y_{ijl} = m + t_i + r_j + b_{l(j)} + e_{ijl}$$

em que:

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

$m$ : média geral do experimento;

$t_i$ : efeito do tratamento  $i$ , sendo  $i = 1, 2, 3, \dots, q$ , em que  $q$  é o número de progênes/testemunhas, avaliadas em cada ambiente/geração, sendo  $t_i \sim N(0, \sigma_t^2)$ ;

$r_j$ : efeito da repetição  $j$ , sendo  $r_j \sim N(0, \sigma_r^2)$ ;

$b_{l(j)}$ : efeito do bloco  $l$  dentro da repetição  $j$ , sendo  $b_{l(j)} \sim N(0, \sigma_b^2)$ ;

$e_{ijl}$ : erro experimental associado à observação  $y_{ijl}$ , assumindo que os erros são independentes e normalmente distribuídos, com média zero e variância  $\sigma_e^2$ .

Posteriormente foi realizada a análise de variância conjunta utilizando as médias ajustadas das 322 progênes comuns e as duas testemunhas, nas gerações S<sub>0:1</sub>, S<sub>0:2</sub> e S<sub>0:3</sub>. Também foi realizada a análise conjunta considerando os 81 tratamentos comuns avaliados em todas as gerações, S<sub>0:1</sub>, S<sub>0:2</sub>, S<sub>0:3</sub> e S<sub>0:4</sub>. O modelo adotado nas análises conjuntas considerando todos os efeitos aleatórios, exceto a média e gerações/ambientes, foi o seguinte:

$$\bar{y}_{ik} = m + t_i + a_k + ta_{ik} + \bar{e}_{ik}$$

em que:

$\bar{y}_{ik}$ : valor observado da média da progênie  $i$ , no ambiente/geração  $k$ ;

$m$ : média geral do experimento;

$t_i$ : efeito do tratamento  $i$ , em que  $i = 1, 2, 3, \dots, q$ , em que  $q$  é o número de progênes/testemunhas avaliadas, sendo  $t_i \sim N(0, \sigma_t^2)$ ;

$a_k$ : efeito do ambiente/geração  $k$ ;

$ta_{ik}$ : efeito da interação entre o tratamento  $i$  e o ambiente/geração  $k$ , sendo  $ta_{ik} \sim N(0, \sigma_{ta}^2)$ ;

$\bar{e}_{ik}$ : erro médio associado à observação  $\bar{y}_{ik}$ , sendo  $\bar{e}_{ik} \sim N(0, \sigma_e^2)$ .

Nas análises de variâncias individuais e na conjunta a fonte de variação de tratamentos foi decomposta em: efeito de progênies, entre populações, progênies dentro de cada população, entre testemunhas e o contraste progênies vs testemunhas.

A partir das esperanças dos quadrados médios das análises individuais e conjuntas, foram estimados os seguintes parâmetros:

- a) Variância genética entre todas as progênies ( $\hat{\sigma}_P^2$ ) na geração  $k$ :

$$\hat{\sigma}_{P_k}^2 = \frac{QMP_k - QME_k}{r}$$

em que,

$QMP_k$ : é o quadrado médio entre progênies na geração  $k$ ;

$QME_k$ : é o quadrado médio do erro na geração  $k$ ;

$r$ : é o número de repetições.

- b) Variância fenotípica entre médias de todas as progênies ( $\hat{\sigma}_{\bar{F}}^2$ ) na geração  $k$ :

$$\hat{\sigma}_{\bar{F}_k}^2 = \frac{QMP_k}{r}$$

$QMP_k$  e  $r$  já foram definidos anteriormente.

- c) Variância genética entre populações ( $\hat{\sigma}_{Pop}^2$ ) na geração  $k$ :

$$\hat{\sigma}_{Pop_k}^2 = \frac{QMPop_k - QME_k}{r}$$

$QMPop_k$ : é o quadrado médio entre populações na geração  $k$ ;

$QME_k$  e  $r$  já foram definidos anteriormente.

- d) Variância genética entre progênies dentro da população  $n$  ( $\hat{\sigma}_{P_n}^2$ ) na geração  $k$ :

$$\hat{\sigma}_{P_{nk}}^2 = \frac{QMP_{nk} - QME_k}{r}$$

$QMP_{nk}$ : é o quadrado médio entre progênies dentro da população  $n$ ;

$QME_k$  e  $r$  já foram definidos anteriormente.

- e) Variância fenotípica entre progênies dentro da população  $n$  ( $\hat{\sigma}_{\bar{F}_n}^2$ ) na geração  $k$ :

$$\hat{\sigma}_{\bar{F}_{nk}}^2 = \frac{QMP_{nk}}{r}$$

$QMP_{nk}$  e  $r$  já foram definidos anteriormente.

- f) Variância genética entre todas as progênes ( $\hat{\sigma}_P^2$ ) considerando todas as gerações/ambientes:

$$\hat{\sigma}_P^2 = \frac{QMP - QMI_{PA}}{ra}$$

em que,

QMP: é o quadrado médio entre progênes considerando todas as gerações/ambientes;

$QMI_{PA}$ : é o quadrado médio da interação progênes x ambientes;

$a$ : é o número de gerações/ambientes;

$r$ : já foi definido.

- g) Variância fenotípica entre média das progênes ( $\hat{\sigma}_F^2$ ) considerando todas as gerações:

$$\hat{\sigma}_F^2 = \frac{QMP}{ra}$$

QMP,  $a$  e  $r$  já foram definidos anteriormente.

- h) Variância genética entre populações ( $\hat{\sigma}_{Pop}^2$ ) considerando todas as gerações:

$$\hat{\sigma}_{Pop}^2 = \frac{QMPop - QMI_{PopA}}{ra}$$

$QMI_{PopA}$ : é o quadrado médio da interação populações x ambientes;

QMPop,  $a$  e  $r$  já foram definidos anteriormente.

- i) Variância da interação progênes x ambientes ( $\hat{\sigma}_{PA}^2$ ) considerando todas as gerações:

$$\hat{\sigma}_{PA}^2 = \frac{QMI_{PA} - QME}{r}$$

$QMI_{PA}$ , QME e  $r$  já foram definidos anteriormente.

Os intervalos de confiança das estimativas dos componentes de variância foram obtidos, utilizando a expressão apresentada por Ramalho et al. (2012):

$$P\left(\frac{v_u \sigma_u^2}{\chi_{\alpha/2}^2} < \sigma_u^2 < \frac{v_u \sigma_u^2}{\chi_{1-\alpha/2}^2}\right) = (1-\alpha)100\%$$



Em que:

$\sigma_u^2$  é a estimativa do componente da variância;

$v_u$  é o número de graus de liberdade associados a estimativa, obtido pela aproximação de Satterthwaite (1946).

$\chi_{\alpha/2}^2$  e  $\chi_{1-\alpha/2}^2$  são os valores na distribuição teórica de  $\chi^2$  (Qui-quadrado) para  $v_u$  graus de liberdade.

j) Herdabilidade para a seleção na média de todas as progênes ( $h_p^2$ ) na geração  $k$ :

$$h_{P_k}^2 = \frac{\hat{\sigma}_{P_k}^2}{\hat{\sigma}_{F_k}^2}$$

k) Herdabilidade para a seleção na média das populações ( $h_{Pop}^2$ ) na geração  $k$ :

$$h_{Pop_k}^2 = \frac{\hat{\sigma}_{Pop_k}^2}{\hat{\sigma}_{F_{Pop_k}}^2}$$

l) Herdabilidade para a seleção na média das progênes dentro da população  $n$  ( $h_{P_n}^2$ ) na geração  $k$ :

$$h_{P_k}^2 = \frac{\hat{\sigma}_{P_{n_k}}^2}{\hat{\sigma}_{F_{n_k}}^2}$$

Os intervalos de confiança das herdabilidades foram obtidos utilizando as expressões apresentadas por Knapp et al. (1985), com  $\alpha = 0,05$ .

### 3.4.2 Abordagem de modelos mistos

Nas análises pelo método dos modelos mistos, considerou-se o efeito da população no modelo e em cada geração de avaliação a análise foi realizada de acordo com o modelo:

$$y = X\beta + Z_1p + Z_2t + Z_3b + e$$

em que,

$y$ : vetor dos dados fenotípicos médios;

$\beta$ : vetor dos efeito fixos, média e repetição;

$p$ : efeito aleatório de população, sendo  $p \sim N(0, I\sigma_p^2)$ ;

$t$ : efeito aleatório de progênie dentro de população, sendo  $t \sim N(0, I\sigma_t^2)$ ;

$b$ : efeito aleatório de bloco dentro de repetição, sendo  $b \sim N(0, I\sigma_b^2)$ ;

$X, Z_1, Z_2$  e  $Z_3$ : matrizes de incidência para  $\beta, p, g$  e  $b$ , respectivamente;

$e$ : vetor dos efeitos residuais (aleatórios), sendo  $e \sim N(0, I\sigma_e^2)$ .

Foi realizada também a análise pelo procedimento sequencial recuperando as informações das gerações avaliadas. Para isso foram consideradas as gerações  $S_{0:1}, S_{0:2}, S_{0:3}$ , com todas as progênies avaliadas. As análises com recuperação da informação foram realizadas utilizando o *PROC MIXED* do SAS (SAS Institute, 2015), adotando como efeito fixo a média, a repetição e o efeito de gerações. Para a estimação dos componentes de variância utilizou-se o método da máxima verossimilhança restrita (REML). Foram obtidas as estimativas BLUE dos efeitos fixos e as predições BLUP dos efeitos aleatórios.

### 3.4.3 Índice ponderado pela $h^2$

Utilizando as médias ajustadas das análises individuais e posteriormente conjunta das gerações/ambientes, foi estimado um índice de seleção ponderado (ISP). Esse índice foi obtido pelo seguinte estimador:

$$ISP = \bar{Y}_{Pop_n} h_{Pop}^2 + \bar{Y}_{Pi/Pop_n} h_P^2$$

em que:

$\bar{Y}_{Pop_n}$ : é a média da população  $n$  que originou a progênie  $i$ ;

$\bar{Y}_{Pi/Pop_n}$ : é a média da progênie  $i$  oriunda da população  $n$ ;

$h_{Pop}^2$ : herdabilidade entre médias das populações;

$h_P^2$ : herdabilidade entre médias das progênies dentro da população  $n$ . Esse valor foi considerado a média obtida nas  $n$  populações envolvidas.

### 3.5 Comparação dos procedimentos de análises

Os três procedimentos adotados, as médias, os BLUP's com a inclusão do efeito da população e o ISP, foram comparados considerando os três caracteres separadamente. Inicialmente foi estimada a correlação de Spearman desses métodos dois a dois. Posteriormente foi estimada a coincidência entre 10 ou 20% das melhores progênies selecionadas na geração  $k$ , para cada caráter, considerando as gerações sucessivas  $k+1$  e  $k+2$ . Esse mesmo

procedimento foi adotado considerando as progênes comuns nas gerações  $S_{0:1}$ ,  $S_{0:2}$  e  $S_{0:3}$  e as mesmas progênes na geração  $S_{0:4}$ .

### 3.6 Estimativas do ganho esperado com a seleção

Considerando todas as progênes, independente da população, foi estimado o ganho esperado com a seleção (GS) com os diferentes métodos de seleção e para cada uma das características, pela seleção das 20% melhores progênes. Para a obtenção dessa estimativa, nos casos da média e do ISP, foi utilizado o seguinte estimador:

$$GS(\%) = \frac{(ds \times h^2)}{\bar{Y}} * 100$$

em que,

$ds$ : é o diferencial de seleção ( $ds = M_s - M_o$ ), em que  $M_s$  é a média das 20% melhores progênes e  $M_o$  é a média geral;

$h^2$ : é a herdabilidade do caráter na média das progênes na geração ou gerações sob seleção;

$\bar{Y}$ : é a média geral das progênes na geração  $k$  ou em todas as gerações.

Considerando a abordagem de modelos mistos, as estimativas do ganho esperado com a seleção em porcentagem da média (GS %), foram obtidas pelo seguinte estimador:

$$GS(\%) = \frac{\overline{BLUP's}}{\bar{Y}} * 100$$

em que,

$\overline{BLUP's}$ : média dos BLUP's das progênes selecionadas;

$\bar{Y}$ : média geral das progênes na geração  $k$  ou em todas as gerações.

Foi realizada também a seleção simultânea para a produtividade, nota de porte das plantas e tipo de grãos. Para isso, apenas os dados das médias das progênies e do ISP, para cada característica (W), foram padronizados, obtendo-se o valor  $Z_{ij}$  pelo seguinte estimador:

$$Z_{iw} = \frac{Y_{iw} - \bar{Y}_{.w}}{s_{.w}}$$

em que,

$Z_{iw}$ : valor da variável padronizada correspondente a progênie  $i$  para o caráter  $w$ , por geração ou nas análises conjuntas das gerações;

$Y_{ij}$ : média da progênie  $i$  para o caráter  $w$ ;

$\bar{Y}_{.w}$ : média geral do caráter  $w$ , por geração ou nas análises conjuntas;

$s_{.w}$ : desvio padrão entre médias das progênies para o caráter  $w$ .

Em seguida estimou-se o índice de seleção padronizado envolvendo os três caracteres ( $Z_i$ ). Na obtenção do índice de seleção foram atribuídos os pesos de 0,6 para a produtividade de grãos ( $g$ ), 0,2 para a nota de porte das plantas ( $z$ ) e 0,3 para a nota de tipo de grãos ( $t$ ).

$$Z_i = 0,5Z_{ig} + 0,2Z_{iz} + 0,3Z_{it}$$

Posteriormente, foi estimado o ganho com a seleção em cada característica (W) pela seleção efetuada pelo índice  $Z_i$ .

$$GS_w = ds_w \times h_w^2$$

em que,

$GS_w$ : é o ganho com a seleção no caráter  $w$  pela seleção realizada pelo índice  $Z_i$ ;

$ds_w$ : é o diferencial de seleção do caráter  $w$ ;

$h_w^2$ : é a herdabilidade do caráter  $w$ .

## 4 RESULTADOS

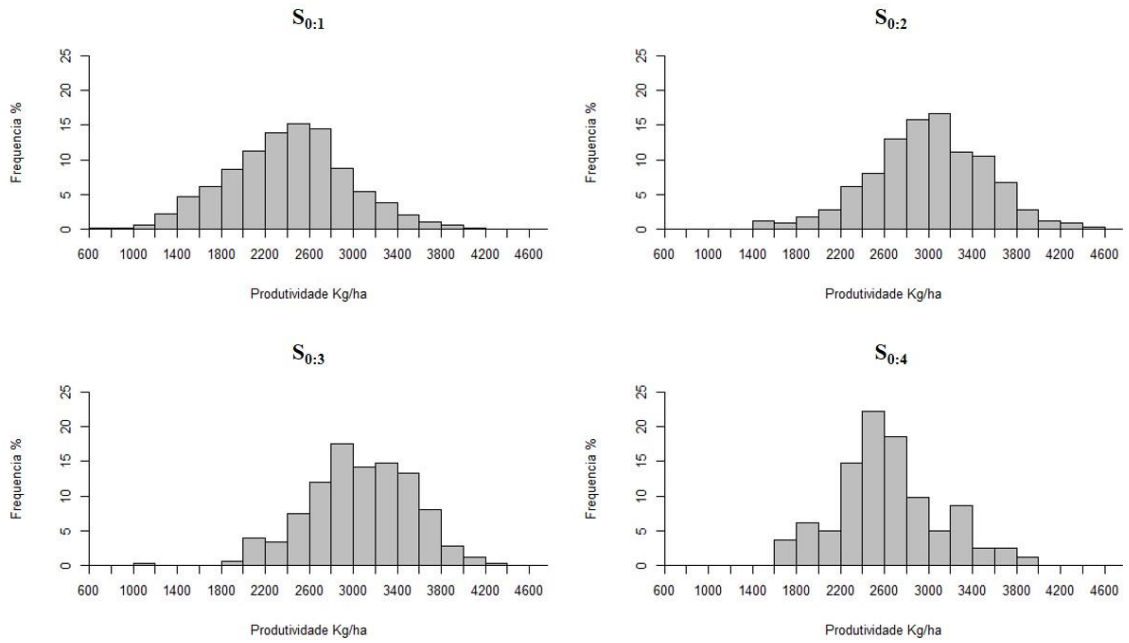
Os resumos das análises de variância das avaliações por geração/ambientes são apresentados nas Tabelas 1, 2, 3 e 4, do Apêndice A. Constatou-se de modo geral que as estimativas da acurácia dos experimentos foram semelhantes para a produtividade de grãos e o porte das plantas e de maior magnitude para o tipo de grãos. No entanto, a acurácia obtida na geração  $S_{0:4}$  para o porte das plantas foi nula.

Pode-se observar que ocorreu diferença significativa entre os tratamentos ( $P \leq 0,05$ ) em todas as gerações para todos os caracteres avaliados, exceto para o porte das plantas na geração  $S_{0:4}$ . Na decomposição da fonte de variação tratamentos, constatou-se que não ocorreu diferença significativa entre testemunhas para nenhum dos três caracteres avaliados nas gerações  $S_{0:1}$ ,  $S_{0:2}$  e  $S_{0:3}$ . A significância da fonte de variação progênes vs testemunhas variou com o caráter. Em nenhuma das gerações para produtividade de grãos ela foi significativa. O contrário ocorreu para as notas de tipo de grãos (TABELAS 3 e 4, APÊNDICE A). Contudo, ocorreu diferença significativa ( $P \leq 0,01$ ) entre as populações do topcross que geraram as progênes em todas as gerações.

A fonte de variação (FV) progênes foi significativa em todas as populações para o caráter tipo de grãos, exceto na geração  $S_{0:2}$  onde os efeitos das progênes dentro das populações 3 e 10 não foram significativos (TABELA 3, APÊNDICE A). O mesmo não foi observado para a produtividade de grãos e nota de porte das plantas (TABELAS 1 e 2, APÊNDICE A). Constatou-se diferença significativa entre os tratamentos para produtividade e tipo de grãos ( $P \leq 0,05$ ), na geração  $S_{0:4}$  (TABELA 4, APÊNDICE A). Já para o caráter porte das plantas não houve diferença significativa entre os tratamentos.

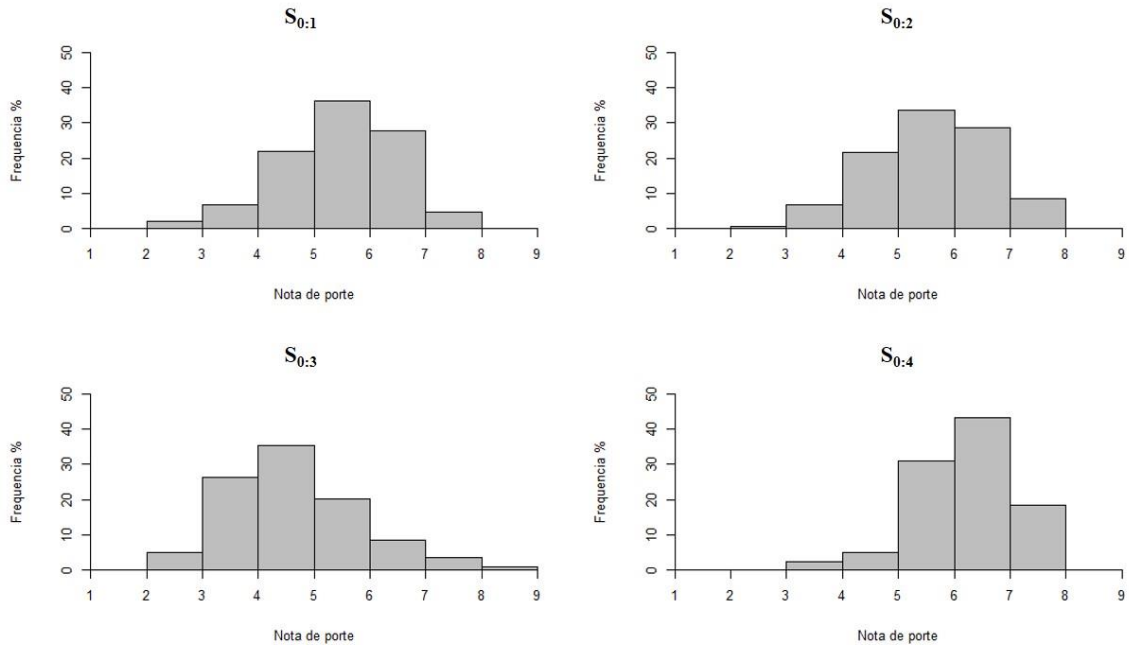
Nas Figuras 2, 3 e 4 podem ser observadas as distribuições das frequências para a produtividade, nota de porte das plantas e nota de tipo de grãos em todas as gerações ( $S_{0:1}$ ,  $S_{0:2}$ ,  $S_{0:3}$  e  $S_{0:4}$ ). Pode-se observar que foi detectada ampla variabilidade entre as progênes em todas as gerações, especialmente para os caracteres produtividade e tipo de grãos. Esse fato é comprovado pela amplitude de variação das médias das progênes que foi alta na maioria das situações (TABELAS 1, 2, 3 e 4, APÊNDICE A).

Figura 2 – Distribuição de frequências das médias das progênes para a produtividade de grãos (Kg/ha) nas gerações  $S_{0:1}$ ,  $S_{0:2}$ ,  $S_{0:3}$  e  $S_{0:4}$ .



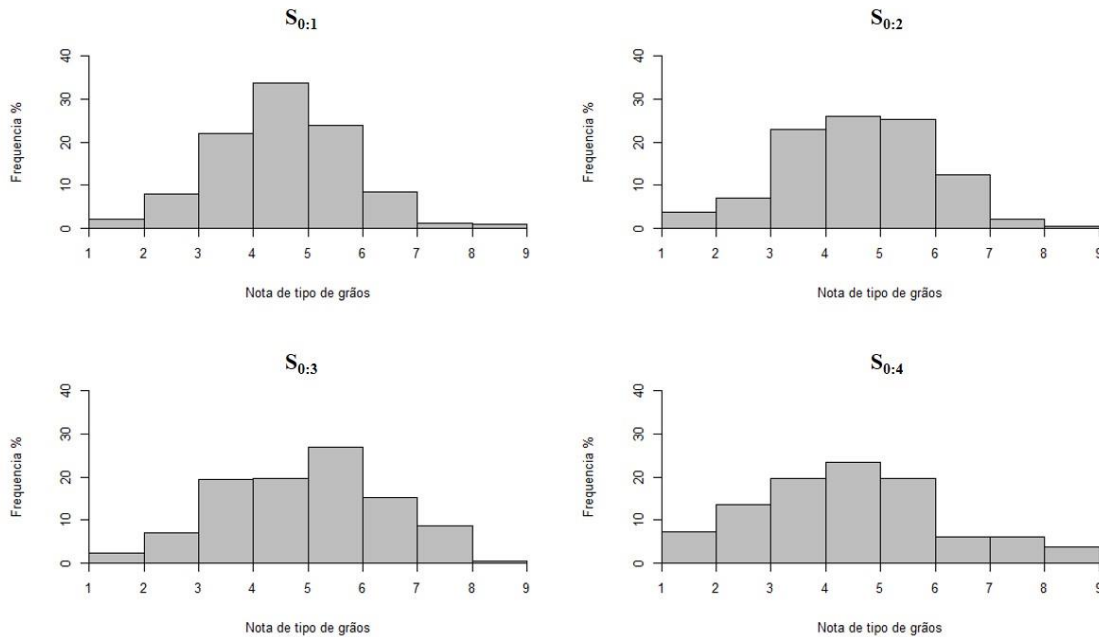
Fonte: Do Autor (2017).

Figura 3 – Distribuição de frequências das médias das progênes para a nota de porte das plantas nas gerações  $S_{0:1}$ ,  $S_{0:2}$ ,  $S_{0:3}$  e  $S_{0:4}$ .



Fonte: Do Autor (2017).

Figura 4 – Distribuição de frequências das médias das progênes para a nota de tipo de grãos nas gerações S<sub>0:1</sub>, S<sub>0:2</sub>, S<sub>0:3</sub> e S<sub>0:4</sub>.



Fonte: Do Autor (2017).

Foram realizadas as análises de variâncias conjuntas considerando os tratamentos comuns nas gerações S<sub>0:1</sub>, S<sub>0:2</sub> e S<sub>0:3</sub> (TABELA 2). Quando se considerou a fonte de variação ambiente (geração/safra) foram detectadas diferenças significativas para todos os caracteres ( $P \leq 0,01$ ). A média geral das progênes variou entre os ambientes avaliados. Para os caracteres produtividade e nota de tipo de grãos os maiores valores da média foram obtidos na geração S<sub>0:3</sub> (TABELA 1 e 3, APÊNDICE A). Já para a nota de porte a maior média foi encontrada na geração S<sub>0:4</sub> (TABELA 4, APÊNDICE A).

Pode-se observar pela análise de variância conjunta, que houve diferença significativa para os efeitos de progênes para produtividade e tipo de grãos ( $P \leq 0,05$ ), confirmando que ocorreu diferença entre as progênes oriundas das diversas populações para essas características. No entanto, para o porte não constatou-se diferença significativa para essa fonte de variação. O contraste entre progênes vs testemunhas foi não significativo para produtividade e porte das plantas, indicando que a média das progênes e das testemunhas foi similar para essas duas características.

Tabela 2 – Resumo das análises de variâncias conjunta para os caracteres produtividade (Kg/ha), nota de porte das plantas e nota de tipo de grãos (TG) dos tratamentos comuns nas gerações S<sub>0:1</sub>, S<sub>0:2</sub> e S<sub>0:3</sub>.

FV	GL	QM		
		Produtividade	Porte	TG
<b>Ambiente/Geração (A)</b>	2	43079757,70**	142,72**	13,11**
<b>Tratamentos (T)</b>	323	558830,58*	2,23 <sup>ns</sup>	9,28**
<b>Progênes (P)</b>	321	561545,94*	2,24 <sup>ns</sup>	8,87**
<b>Entre Populações</b>	18	1844816,72 <sup>ns</sup>	10,66 <sup>ns</sup>	24,50**
<b>Testemunhas (Test)</b>	1	106106,46 <sup>ns</sup>	0,23 <sup>ns</sup>	10,12**
<b>Test vs Progênes</b>	1	139930,38 <sup>ns</sup>	0,01 <sup>ns</sup>	141,09**
<b>A*T</b>	646	452522,89**	2,51**	2,99**
<b>A*P</b>	642	452727,57**	2,49**	3,01**
<b>A*Populações</b>	36	1366763,5**	10,76**	5,04**
<b>A*Test</b>	2	753900,128 <sup>ns</sup>	0,48 <sup>ns</sup>	0,14 <sup>ns</sup>
<b>A*Test vs P</b>	2	85442,64 <sup>ns</sup>	0,29 <sup>ns</sup>	2,86*
<b>Erro médio</b>		372190,32 (1012) <sup>1</sup>	1,36 (978)	0,84 (1083)
<b>Média Geral</b>		2881,05	5,17	4,97
<b>Média Testemunhas</b>		2773,40	5,15	1,97
<b>Média Progênes</b>		2881,72	5,17	4,99
<b>Amplitude de variação da média das progênes</b>		2180,90	3,67	6,67

\*\* , \* e ns: significativo (P<0,01), significativo (P<0,05) e não significativo (P>0,05) pelo teste F, respectivamente.

<sup>1</sup> Valor entre parênteses é o GL do erro médio.

Fonte: Do Autor (2017).

Os efeitos das interações ambientes x tratamentos, ambientes x progênes e ambientes x populações também foram significativos ( $P \leq 0,01$ ) em todos os casos, evidenciando que o comportamento das linhagens/progênes avaliadas não foi coincidente nos diferentes ambientes (TABELA 2). Não foram detectadas diferenças significativas entre populações que originaram as progênes para os caracteres avaliados, exceto para o caráter tipo de grãos (TABELA 3). A significância da fonte de variação progênes/população variou conforme o caráter.



Tabela 3 – Resumo da decomposição dos efeitos de progênies nas análises de variâncias conjuntas para os caracteres produtividade (Kg/ha), nota de porte das plantas e nota de tipo de grãos (TG) dos tratamentos comuns nas gerações S<sub>0:1</sub>, S<sub>0:2</sub> e S<sub>0:3</sub>.

FV	GL	QM			GL	QM		
		Progênie (P)				P*Ambiente		
		Produtividade	Porte	TG		Produtividade	Porte	TG
<b>Progênies (P)</b>	321	561545,94*	2,24 <sup>ns</sup>	8,87**	642	452727,57*	2,49**	3,01**
<b>Entre Populações</b>	18	1844816,72 <sup>ns</sup>	10,66 <sup>ns</sup>	24,50**	36	1366763,5**	10,76**	5,04**
<b>P/pop 1</b>	16	442242,61 <sup>ns</sup>	2,04 <sup>ns</sup>	2,18 <sup>ns</sup>	32	400845,08 <sup>ns</sup>	1,77 <sup>ns</sup>	2,54**
<b>P/pop 2</b>	16	769417,68*	2,08 <sup>ns</sup>	6,69 <sup>ns</sup>	32	327319,61 <sup>ns</sup>	2,38*	3,99**
<b>P/pop 3</b>	16	189422,69 <sup>ns</sup>	1,08 <sup>ns</sup>	6,72*	32	421437,81 <sup>ns</sup>	1,26 <sup>ns</sup>	2,87**
<b>P/pop 4</b>	16	358401,18 <sup>ns</sup>	1,41 <sup>ns</sup>	4,79 <sup>ns</sup>	32	440188,31 <sup>ns</sup>	2,95 <sup>ns</sup>	3,77**
<b>P/pop 5</b>	16	272646,66 <sup>ns</sup>	0,89 <sup>ns</sup>	3,07 <sup>ns</sup>	32	272875,83 <sup>ns</sup>	1,36 <sup>ns</sup>	4,03**
<b>P/pop 6</b>	16	433816,83 <sup>ns</sup>	1,99 <sup>ns</sup>	6,14*	32	437054,64 <sup>ns</sup>	2,86 <sup>ns</sup>	2,76**
<b>P/pop 7</b>	16	313293,16 <sup>ns</sup>	1,28 <sup>ns</sup>	3,04 <sup>ns</sup>	32	290035,13 <sup>ns</sup>	1,38 <sup>ns</sup>	1,94**
<b>P/pop 8</b>	16	478021,31 <sup>ns</sup>	2,79 <sup>ns</sup>	5,27 <sup>ns</sup>	32	343293,03 <sup>ns</sup>	1,92 <sup>ns</sup>	3,04**
<b>P/pop 9</b>	16	643109,99 <sup>ns</sup>	2,66 <sup>ns</sup>	13,16**	32	342370,63 <sup>ns</sup>	1,29 <sup>ns</sup>	1,82**
<b>P/pop 10</b>	16	463940,49 <sup>ns</sup>	2,07 <sup>ns</sup>	1,91 <sup>ns</sup>	32	384300,63 <sup>ns</sup>	1,88 <sup>ns</sup>	2,49**
<b>P/pop 11</b>	16	711464,90 <sup>ns</sup>	1,44 <sup>ns</sup>	5,08 <sup>ns</sup>	32	395026,00 <sup>ns</sup>	1,61 <sup>ns</sup>	2,56**
<b>P/pop 12</b>	16	523918,33 <sup>ns</sup>	1,81 <sup>ns</sup>	1,35 <sup>ns</sup>	32	381692,60 <sup>ns</sup>	1,94 <sup>ns</sup>	2,43**
<b>P/pop 13</b>	16	482295,48 <sup>ns</sup>	1,31 <sup>ns</sup>	8,45**	32	434568,55 <sup>ns</sup>	2,28*	2,75**
<b>P/pop 14</b>	18	400929,77 <sup>ns</sup>	1,16 <sup>ns</sup>	14,69**	36	524789,02 <sup>ns</sup>	1,41 <sup>ns</sup>	2,51**
<b>P/pop 15</b>	18	229970,42 <sup>ns</sup>	2,32 <sup>ns</sup>	7,21*	36	375484,34 <sup>ns</sup>	1,68 <sup>ns</sup>	2,78**
<b>P/pop 16</b>	17	914177,85 <sup>ns</sup>	2,37 <sup>ns</sup>	18,15**	34	486728,19 <sup>ns</sup>	2,80**	3,30**
<b>P/pop 17</b>	15	448958,21 <sup>ns</sup>	0,77 <sup>ns</sup>	19,55**	30	353825,78 <sup>ns</sup>	2,37*	2,29**
<b>P/pop 18</b>	14	567053,82 <sup>ns</sup>	2,07 <sup>ns</sup>	13,79**	28	468651,60 <sup>ns</sup>	1,67 <sup>ns</sup>	5,01**
<b>P/pop 19</b>	13	628256,22 <sup>ns</sup>	1,33 <sup>ns</sup>	10,06**	26	495374,83 <sup>ns</sup>	3,51**	2,11**
<b>Erro médio</b>		372190,32 (1012) <sup>1</sup>	1,36 (978)	0,84 (1083)				

\*\* , \* e ns: significativo (P<0,01), significativo (P<0,05) e não significativo (P>0,05) pelo teste F, respectivamente.

<sup>1</sup> Valor entre parênteses é o GL do erro médio.

Fonte: Do Autor (2017).

As estimativas dos componentes de variância genética e fenotípica corroboraram os resultados da análise de variância. Veja que a estimativa da variância genética entre as médias das progênies foi diferente de zero, para a produtividade e nota de tipos de grãos. Observou-se também que o componente da interação progênies x ambientes ( $V_{PA}$ ) especialmente para produtividade foi alto (TABELA 4). A estimativa de  $V_{PA}$  correspondeu a 2,2 vezes a obtida para  $V_P$ , evidenciando o pronunciado efeito da interação para esse caráter.

Tabela 4 – Estimativas da variância genética entre progênies ( $V_P$ ), variância fenotípica ( $V_F$ ), variância da interação progênies x ambientes ( $V_{PA}$ ), herdabilidade ( $h^2$ ), limite inferior (LI) e limite superior (LS) da  $h^2$  para os caracteres produtividade (Kg/ha), nota de porte das plantas e nota de tipo de grãos, nas gerações  $S_{0:1}$ ,  $S_{0:2}$  e  $S_{0:3}$ .

	$V_P$	$V_F$	$V_{PA}$	$h^2(\%)$	LI	LS
<b>Produtividade</b>	18136,39	93590,99	40268,62	19	2	33
<b>Porte</b>	0	0,37	0,19	0	-	-
<b>Tipo de Grão</b>	0,81	1,19	0,28	68	61	73

Fonte: Do Autor (2017).

Como era esperado a estimativa de  $h^2$  foi superior para a nota de tipo de grãos em relação a produtividade (TABELA 4). Contudo, os intervalos de confiança (IC) obtidos possibilitam inferir que a  $h^2$  tem probabilidade acima de 95% de ser diferente de zero. Para o porte o componente da variação genética entre as progênies foi nulo, em função dos resultados já relatados para a análise conjunta desse caráter.

Foram realizadas as análises de variâncias conjuntas dos 81 tratamentos nas quatro gerações de avaliação,  $S_{0:1}$ ,  $S_{0:2}$ ,  $S_{0:3}$  e  $S_{0:4}$  (TABELA 5). Novamente observou-se diferença significativa entre os ambientes ( $P \leq 0,01$ ). Constatou-se nesse caso diferença significativa entre os tratamentos somente para o caráter tipo de grão ( $P \leq 0,01$ ). O mesmo foi constatado para as fontes de variação entre progênies e entre testemunhas. O contraste progênies vs testemunhas foi significativo ( $P \leq 0,01$ ) apenas para a produtividade, indicando que as médias das progênies e testemunhas foram diferentes para esse caráter. As interações ambientes x tratamentos e ambientes x progênies também foram significativas para todas as características avaliadas.

Tabela 5 – Resumo das análises de variâncias dos caracteres produtividade (Kg/ha), nota de porte das plantas e nota de tipo de grãos (TG) dos tratamentos comuns nas gerações S<sub>0:1</sub>, S<sub>0:2</sub> e S<sub>0:3</sub> e S<sub>0:4</sub>.

FV	GL	QM		
		Produtividade	Porte	TG
<b>Ambiente/Geração (A)</b>	3	17167735,78**	59,03**	11,29**
<b>Tratamentos (T)</b>	80	714351,80 <sup>ns</sup>	2,19 <sup>ns</sup>	13,02**
<b>Progênes (P)</b>	78	712750,10 <sup>ns</sup>	2,23 <sup>ns</sup>	9,29**
<b>Testemunhas (Test)</b>	1	2083,48 <sup>ns</sup>	0,88 <sup>ns</sup>	10,21*
<b>Test vs P</b>	1	1551552,90**	0,79 <sup>ns</sup>	206,10**
<b>A X T</b>	240	628292,04**	2,24**	4,56**
<b>A x P</b>	234	635250,36**	2,17**	4,66**
<b>A x Test</b>	3	674553,17 <sup>ns</sup>	0,47 <sup>ns</sup>	0,41 <sup>ns</sup>
<b>A x Test vs P</b>	3	39282,26 <sup>ns</sup>	90,94**	1,13 <sup>ns</sup>
<b>Erro médio (GLE)</b>		386858,73 (1012) <sup>1</sup>	1,456 (1042)	0,85 (1569)
<b>Média Geral</b>		2961,41	5,49	4,86
<b>Média Testemunhas</b>		2668,19	5,27	1,81
<b>Média Progênes</b>		2968,84	5,49	4,94
<b>Amplitude de variação da média das progênes</b>		1182,83	2,30	6,96

\*\* , \* e ns: significativo (P<0,01), significativo (P<0,05) e não significativo (P>0,05) pelo teste F, respectivamente.

<sup>1</sup> Valor entre parênteses é o GL do erro médio.

Fonte: Do Autor (2017).

Como as interações progênes x ambientes foram todas significativas, optou-se por apresentar as estimativas de herdabilidade por ambiente/geração (TABELAS 6, 7 e 8). Embora as estimativas de  $h^2$  envolvendo todas as progênes para a produtividade diferissem entre as gerações, elas podem ser consideradas semelhantes, devido a sobreposição dos intervalos de confiança (IC). Deve ser salientado que o IC das  $h^2$  não foram de grande magnitude, indicando boa precisão nas estimativas de  $h^2$  obtidas. Já as estimativas das  $h^2$  médias das populações que originaram as progênes foram de menor magnitude e em algumas delas nulas ou provavelmente podem ser nulas, devido ao limite inferior de  $h^2$  ser negativo. Para as estimativas de  $h^2$  do porte das plantas os resultados obtidos foram semelhantes. Já para o caráter tipo de grãos os valores encontrados foram de maior magnitude.

Tabela 6 – Estimativas das herdabilidades entre progênies ( $h^2_P$ ), entre populações ( $h^2_{Pop}$ ), das progênies/populações ( $h^2_{Pn}$ ), limite inferior (LI) e limite superior (LS) da  $h^2$  para o caráter produtividade (Kg/ha) referentes às progênies avaliadas nas gerações  $S_{0:1}$ ,  $S_{0:2}$  e  $S_{0:3}$ .

	$S_{0:1}$			$S_{0:2}$			$S_{0:3}$		
	$h^2$ (%)	LI	LS	$h^2$ (%)	LI	LS	$h^2$ (%)	LI	LS
$h^2_P$	22	6	36	48	35	59	21	1	37
$h^2_{Pop}$	63	33	83	84	72	93	72	50	87
$h^2_{P1}$	21	-29	57	25	-38	68	21	1	37
$h^2_{P2}$	45	11	71	26	-37	68	28	-34	69
$h^2_{P3}$	4	-55	48	24	-41	67	0	-	-
$h^2_{P4}$	19	-31	56	0	-	-	0	-	-
$h^2_{P5}$	38	-2	67	5	-76	59	0	-	-
$h^2_{P6}$	2	-63	49	26	-37	68	0	-	-
$h^2_{P7}$	14	-43	56	0	-	-	39	-12	74
$h^2_{P8}$	0	-	-	40	-11	74	0	-	-
$h^2_{P9}$	29	-19	64	66	37	85	23	-42	67
$h^2_{P10}$	56	26	78	46	0	77	0	-	-
$h^2_{P11}$	21	-35	61	61	29	84	0	-	-
$h^2_{P12}$	5	-64	54	58	22	82	9	-69	61
$h^2_{P13}$	13	-51	59	56	19	81	0	-	-
$h^2_{P14}$	0	-	-	58	24	81	15	-57	64
$h^2_{P15}$	0	-	-	0	-	-	16	-52	62
$h^2_{P16}$	18	-49	64	46	2	76	9	-64	59
$h^2_{P17}$	0	-	-	35	-22	73	55	18	80
$h^2_{P18}$	28	-36	71	33	-29	73	0	-	-
$h^2_{P19}$	12	-71	66	60	23	85	14	-65	66

Fonte: Do Autor (2017).

Tabela 7 – Estimativas das herdabilidades entre progênies ( $h^2_P$ ), entre populações ( $h^2_{Pop}$ ), das progênies/populações ( $h^2_{Pn}$ ), limite inferior (LI) e limite superior (LS) da  $h^2$  para a nota de porte das plantas, referentes às progênies avaliadas nas gerações  $S_{0:1}$ ,  $S_{0:2}$  e  $S_{0:3}$ .

	$S_{0:1}$			$S_{0:2}$			$S_{0:3}$		
	$h^2$ (%)	LI	LS	$h^2$ (%)	LI	LS	$h^2$ (%)	LI	LS
$h^2_P$	49	38	58	35	18	48	47	34	58
$h^2_{Pop}$	84	71	93	87	76	94	90	83	96
$h^2_{P1}$	0	-	-	32	-27	71	32	-25	71
$h^2_{P2}$	35	-6	65	0	-	-	62	30	84
$h^2_{P3}$	47	15	72	0	-	-	0	-	-
$h^2_{P4}$	63	41	80	0	-	-	62	30	84
$h^2_{P5}$	0	-	-	0	-	-	0	-	-
$h^2_{P6}$	62	38	81	14	-58	64	42	-8	75
$h^2_{P7}$	36	-6	67	0	-	-	0	-	-
$h^2_{P8}$	31	-15	64	38	-15	73	48	4	78
$h^2_{P9}$	42	4	71	5	-75	60	23	-43	67
$h^2_{P10}$	44	5	72	47	2	77	0	-	-
$h^2_{P11}$	38	-5	70	4	-92	56	29	-32	70
$h^2_{P12}$	35	-12	69	45	-2	76	0	-	-
$h^2_{P13}$	43	1	73	0	-	-	44	-4	76
$h^2_{P14}$	45	3	74	0	-	-	0	-	-
$h^2_{P15}$	64	35	83	10	-61	60	0	-	-
$h^2_{P16}$	43	-4	75	52	12	79	50	9	78
$h^2_{P17}$	58	21	83	0	-	-	0	-	-
$h^2_{P18}$	27	-39	71	0	-	-	39	-16	76
$h^2_{P19}$	47	-3	80	58	18	84	46	-6	79

Fonte: Do Autor (2017).

Tabela 8 – Estimativas das herdabilidades entre progênies ( $h^2_P$ ), entre populações ( $h^2_{Pop}$ ), das progênies/populações ( $h^2_{Pn}$ ), limite inferior (LI) e limite superior (LS) da  $h^2$  para a nota de tipo de grãos, referentes às progênies avaliadas nas gerações  $S_{0:1}$ ,  $S_{0:2}$  e  $S_{0:3}$ .

	$S_{0:1}$			$S_{0:2}$			$S_{0:3}$		
	$h^2(\%)$	LI	LS	$h^2(\%)$	LI	LS	$h^2(\%)$	LI	LS
$h^2_P$	84	80	86	73	66	78	87	84	90
$h^2_{Pop}$	91	85	96	90	81	95	92	86	96
$h^2_{P1}$	80	68	89	50	7	79	73	51	89
$h^2_{P2}$	85	75	92	15	-57	64	90	82	96
$h^2_{P3}$	82	72	91	56	19	81	83	69	93
$h^2_{P4}$	82	71	90	76	55	90	81	64	92
$h^2_{P5}$	81	69	90	49	5	78	84	70	93
$h^2_{P6}$	70	51	85	66	38	86	85	72	94
$h^2_{P7}$	61	35	80	43	-5	76	73	51	89
$h^2_{P8}$	89	82	94	43	-6	76	83	68	93
$h^2_{P9}$	86	77	93	69	42	87	87	76	95
$h^2_{P10}$	68	46	84	36	-18	73	66	37	85
$h^2_{P11}$	81	68	91	53	14	80	83	68	93
$h^2_{P12}$	42	1	72	50	7	79	60	27	83
$h^2_{P13}$	72	52	87	68	41	86	89	80	95
$h^2_{P14}$	85	74	93	81	66	91	89	81	95
$h^2_{P15}$	76	58	89	72	50	87	84	71	93
$h^2_{P16}$	93	88	97	77	58	90	91	83	96
$h^2_{P17}$	88	77	95	87	76	95	90	81	96
$h^2_{P18}$	91	83	96	86	73	94	87	75	95
$h^2_{P19}$	78	58	92	69	39	88	88	77	95

Fonte: Do Autor (2017).

Um dos objetivos desse trabalho foi o de comparar as análises realizadas utilizando o método dos quadrados mínimos (MQM) e considerando modelos mistos, nesse caso tendo como fonte adicional o efeito da população de origem das progênies. As comparações foram inicialmente realizadas envolvendo os componentes de variância (TABELA 9). Veja que tanto as estimativas das variâncias entre progênies ( $V_P$ ) como a entre populações ( $V_{Pop}$ ) foram de maior magnitude no método dos quadrados mínimos, como era esperado. Já a comparação entre as  $h^2$  variou em função das gerações. Na  $S_{0:1}$  e  $S_{0:2}$  foi muito semelhante nos dois casos, porém na geração  $S_{0:3}$  e na conjunta a magnitude da estimativa de  $h^2$  foi de maior magnitude no MQM.

Tabela 9 - Estimativas da variância genética entre progênies ( $V_P$ ), variância fenotípica ( $V_F$ ), variância entre populações ( $V_{Pop}$ ), variância da interação progênies x ambientes ( $V_{PA}$ ), herdabilidade entre progênies ( $h^2$ ), para a produtividade de grãos (Kg/ha), estimados pelo método dos quadrados mínimos (MQM) e pelos modelos mistos, nas gerações  $S_{0:1}$ ,  $S_{0:2}$ ,  $S_{0:3}$  e nas três gerações.

<b>S<sub>0:1</sub></b>		
	<b>MQM</b>	<b>Modelos Mistos</b>
<b>V<sub>F</sub></b>	311562,09	294894,00
<b>V<sub>P</sub></b>	69988,33 (61647,03-73371,09) <sup>1</sup>	60642,00
<b>V<sub>Pop</sub></b>	19277,16 (16979,68 - 20208,89)	13262,00
<b>h<sup>2</sup>(%)</b>	22 (6-36)	21
<b>S<sub>0:2</sub></b>		
	<b>MQM</b>	<b>Modelos Mistos</b>
<b>V<sub>F</sub></b>	281179,85	240172,00
<b>V<sub>P</sub></b>	136489,62 (118094,79-144597,91)	98994,00
<b>V<sub>Pop</sub></b>	46106,25 (39892,47 – 48845,24)	35330,00
<b>h<sup>2</sup>(%)</b>	48 (35-59)	41
<b>S<sub>0:3</sub></b>		
	<b>MQM</b>	<b>Modelos Mistos</b>
<b>V<sub>F</sub></b>	218214,51	187983,50
<b>V<sub>P</sub></b>	46098,81 (39886,03 - 48837,35)	25150,00
<b>V<sub>Pop</sub></b>	26001,99 (22497,68 – 27546,66)	22082,00
<b>h<sup>2</sup>(%)</b>	21 (1-36)	13
<b>S<sub>0:1</sub>, S<sub>0:2</sub> e S<sub>0:3</sub></b>		
	<b>MQM</b>	<b>Modelos Mistos</b>
<b>V<sub>F</sub></b>	93590,99	52401,08
<b>V<sub>P</sub></b>	18136,39 (15692,13 – 19213,80)	23711,00
<b>V<sub>pop</sub></b>	4686,79 (4055,15 – 4965,21)	0,00
<b>V<sub>PA</sub></b>	40268,63	38677,00
<b>h<sup>2</sup>(%)</b>	19 (3 - 33)	23

<sup>1</sup> Valores entre parênteses correspondem aos intervalos de confiança para os componentes de variância e  $h^2$ .

Fonte: Do Autor (2017).

Foi estimado um índice de seleção ponderado (ISP) considerando a média da população multiplicada pela correspondente  $h^2$  e a média das progênies/populações multiplicada pela  $h^2$  média obtida entre progênies dentro de cada população. Na Tabela 10 são mostradas as estimativas das correlações envolvendo os dados obtidos com as médias, os BLUP's e o ISP.

Veja que as estimativas foram todas de grande magnitude exceto no caso da nota de porte na geração  $S_{0:2}$ , envolvendo a média e o ISP. Depreendeu-se que de modo geral, independente do caráter, a classificação das progênes foi semelhante nas três metodologias consideradas.

Tabela 10 – Correlação entre os BLUPs e as médias, os valores ponderados pela herdabilidade (ISP) e as médias e entre os BLUP's e os valores ponderados (ISP), para a produtividade (Prod.) (Kg/ha), nota de porte das plantas e nota de tipo de grãos (TG).

	BLUP			ISP			BLUP/ISP		
	Prod.	Porte	TG	Prod.	Porte	TG	Prod.	Porte	TG
<b>S<sub>0:1</sub></b>	0,99	0,93	0,96	0,81	0,89	0,96	0,79	0,71	0,91
<b>S<sub>0:2</sub></b>	0,94	0,89	0,96	0,86	0,46	0,88	0,81	0,22	0,75
<b>S<sub>0:3</sub></b>	0,96	0,88	0,97	0,82	0,72	0,94	0,78	0,72	0,81

Fonte: Do Autor (2017).

Como as progênes foram avaliadas simultaneamente por três gerações, foi estimada a coincidência na classificação das 10 ou 20% melhores progênes considerando a média, os BLUP's e o índice ponderado. Veja na Tabela 11 que a coincidência, em todos os casos, foi de pequena magnitude. Como por exemplo, das 10% melhores progênes identificadas pela média em  $S_{0:1}$  (10% de 324) apenas três seriam selecionadas nas duas gerações. Mesmo quando se considerou a média das gerações  $S_{0:1}$ ,  $S_{0:2}$  e a resposta em  $S_{0:3}$  a coincidência foi pequena. Deve ser salientado que a magnitude da coincidência variou entre os caracteres e como era esperado foi maior para a nota de tipo de grãos. Contudo em nenhum dos casos quando se considerou 10% das melhores progênes ela foi superior a 50%, o que é uma coincidência muito pequena. Quando se diminuiu a intensidade de seleção, de 10% para 20% a coincidência quase sempre foi de maior magnitude, mas mesmo assim ela não foi muito expressiva.



Tabela 11 – Coincidência (%) das 10 e 20% melhores progênies selecionadas pelas médias per se das progênies, pelos BLUPs e pelo ISP para os caracteres produtividade (Kg/ha), porte das plantas e tipo de grãos (TG), na mesma geração de avaliação e em uma geração posterior.

Gerações	Coincidência (10%)								
	Produtividade			Porte			TG		
	Média	BLUP	ISP	Média	BLUP	ISP	Média	BLUP	ISP
S <sub>0:1</sub> /S <sub>0:2</sub>	9,09	11,36	4,55	6,82	4,55	0,00	20,45	20,45	18,18
S <sub>0:1</sub> /S <sub>0:3</sub>	6,82	6,82	2,27	2,27	2,27	9,09	18,18	20,45	15,91
S <sub>0:2</sub> /S <sub>0:3</sub>	12,12	9,09	15,15	24,24	18,18	27,27	18,18	21,21	42,42
S <sub>0:1</sub> e S <sub>0:2</sub> /S <sub>0:3</sub>	9,09	-	12,12	6,06	-	42,42	21,21	-	36,36

Gerações	Coincidência (20%)								
	Produtividade			Porte			TG		
	Média	BLUP	ISP	Média	BLUP	ISP	Média	BLUP	ISP
S <sub>0:1</sub> /S <sub>0:2</sub>	17,05	20,45	14,77	6,82	6,82	6,82	28,41	21,59	28,41
S <sub>0:1</sub> /S <sub>0:3</sub>	9,09	14,77	2,27	6,82	6,82	10,23	29,54	31,82	26,14
S <sub>0:2</sub> /S <sub>0:3</sub>	25,76	24,24	27,27	35,38	30,77	46,15	35,38	35,38	49,23
S <sub>0:1</sub> e S <sub>0:2</sub> /S <sub>0:3</sub>	27,27	-	21,21	20,00	-	60,00	33,85	-	44,62

Fonte: Do Autor (2017).

Na S<sub>0:4</sub> foram avaliadas 79 progênies e duas testemunhas e assim foi possível verificar o efeito combinado das gerações (S<sub>0:1</sub>, S<sub>0:2</sub> e S<sub>0:3</sub>) para ampliar a coincidência com o desempenho com as mesmas progênies em S<sub>0:4</sub>. Veja na Tabela 12 que considerando a coincidência das 10 melhores progênies novamente ela foi de pequena magnitude, independente de usar apenas os dados de cada geração individualmente ou a análise conjunta das gerações duas a duas ou três a três. Nesse caso também os resultados foram semelhantes independentemente do método de análise.

Tabela 12 – Coincidência (%) das dez melhores progênies entre as gerações de seleção e a geração final S<sub>0:4</sub> para o caráter produtividade (Kg/ha).

	Coincidência (%)		
	Média	BLUP	ISP
S <sub>0:1</sub>	20	20	10
S <sub>0:2</sub>	10	10	10
S <sub>0:3</sub>	20	10	0
S <sub>0:1</sub> e S <sub>0:2</sub>	10	-	10
S <sub>0:2</sub> e S <sub>0:3</sub>	10	-	10
S <sub>0:1</sub> , S <sub>0:2</sub> e S <sub>0:3</sub>	10	20	0

Fonte: Do Autor (2017).

Estimou-se o ganho esperado com a seleção das 20% melhores progênies nas gerações  $S_{0:1}$ ,  $S_{0:2}$ ,  $S_{0:3}$  e considerando todas as gerações simultaneamente (TABELA 13). Novamente os valores obtidos considerando a seleção pelo método ponderado, a média das progênies e os BLUP's foram muito semelhantes. Como era esperado o ganho estimado para a nota de tipo de grãos foi de maior magnitude que os demais caracteres em todos os casos. Embora os ganhos em cada geração tenham sido elevados, quando se considerou a análise conjunta foram de menor magnitude, em função das menores estimativas de  $h^2$  nas análises envolvendo as três gerações. Nesse caso, o ganho esperado para a nota de porte das plantas foi nulo.

Tabela 13 – Ganho esperado, em porcentagem da média, com a seleção pelo ISP, pelas médias per se das progênies e pelos BLUP's para a produtividade (Prod.) (Kg/ha), nota de porte das plantas e nota de tipo de grãos (TG), nas gerações  $S_{0:1}$ ,  $S_{0:2}$  e  $S_{0:3}$ , com a intensidade de seleção 20%.

	ISP			Média			BLUP		
	Prod.	Porte	TG	Prod.	Porte	TG	Prod.	Porte	TG
<b>S<sub>0:1</sub></b>	6,16	10,45	28,41	7,19	12,16	30,00	6,31	8,23	28,75
<b>S<sub>0:2</sub></b>	10,53	6,73	25,17	11,65	8,72	26,63	8,97	3,33	23,30
<b>S<sub>0:3</sub></b>	3,43	15,53	30,92	4,24	18,39	34,35	2,43	8,81	31,93
<b>S<sub>0:1</sub>, S<sub>0:2</sub> e S<sub>0:3</sub></b>	2,28	0,00	17,16	2,75	0,00	18,64	3,76	-	-

Fonte: Do Autor (2017).

Foi realizada a seleção simultânea para as três características pelo índice Z e obtido o ganho de seleção ( $GS_w$ ) em cada característica ( $w$ ) pela seleção por este índice, nas gerações isoladas e na conjunta das três gerações. Pode-se observar que os ganhos de seleção utilizando o método ponderado e a seleção pelas médias não diferiram expressivamente para os caracteres produtividade e nota de tipo de grãos (TABELA 14). No entanto, para o porte das plantas o  $GS_w$  (%) foi de menor magnitude para o método ponderado na geração  $S_{0:2}$  e  $S_{0:3}$ . Considerando a seleção feita na média das três gerações os resultados foram semelhantes, ou seja,  $GS_w$  (%) obtidos para todos os caracteres não diferiram expressivamente nas duas metodologias adotadas. Deve ser enfatizado que as estimativas dos ganhos nesse caso são menores do que as apresentadas na tabela 12, pois no índice Z utilizado na seleção os caracteres participam em proporções diferentes.

Tabela 14 – Ganho de seleção ( $GS_w$ ) em porcentagem para os caracteres produtividade (Kg/ha), nota de porte das plantas e nota de tipo de grãos (TG) com a seleção das 20% melhores progênies pelo índice Z, pelo ISP e a seleção pelas médias das progênies, nas gerações  $S_{0:1}$ ,  $S_{0:2}$  e  $S_{0:3}$  e nas três gerações.

	ISP			Média		
	Produtividade	Porte	TG	Produtividade	Porte	TG
<b>S<sub>0:1</sub></b>	5,28	1,13	15,27	6,16	1,16	16,57
<b>S<sub>0:2</sub></b>	8,38	0,15	15,30	8,33	2,18	14,17
<b>S<sub>0:3</sub></b>	2,56	0,00	20,12	3,39	1,87	21,32
<b>S<sub>0:1</sub>, S<sub>0:2</sub> e S<sub>0:3</sub></b>	1,84	0,00	9,43	1,15	0,00	7,59

Fonte: Do Autor (2017).

## 5 DISCUSSÃO

A exigência do mercado atual de feijão é de cultivares que associem alta produtividade de grãos, boa arquitetura de planta e grãos dentro do padrão comercial. A produtividade de grãos tem sido ao longo do tempo o caráter mais importante em todas as espécies que comercializam os grãos, por razões óbvias. Já a arquitetura da planta é uma demanda dos agricultores para facilitar o manejo da cultura, especialmente no momento da colheita. É um caráter que nos últimos quarenta anos tem recebido grande atenção dos melhoristas (COLLICCHIO; RAMALHO; ABREU, 1997; MENEZES JÚNIOR; RAMALHO; ABREU, 2008; MENDES; RAMALHO; ABREU, 2009; PIRES et al., 2014; VIEIRA, 2015). Por outro lado, o tipo de grãos é uma exigência dos atacadistas e consumidores. No caso do Brasil o tipo de grão mais consumido é o feijão carioca, que é caracterizado por apresentar grãos com o tom da cor bege e das rajas marrons. O feijão carioca original foi obtido/recomendado em 1970 (ALMEIDA et al., 1971). Poucos anos depois, após a sua adoção pelos consumidores, os melhoristas intensificaram os seus trabalhos nesse tipo de grão. Inclusive esse programa de seleção recorrente que originou as progênes avaliadas nesse trabalho iniciou em 1990, com foco apenas na produtividade do feijão carioca (RAMALHO; ABREU; SANTOS, 2005; SILVA et al. 2010). Contudo, principalmente mais recentemente a atenção para o aspecto do tipo de grão carioca tem se intensificado. Nesse contexto, não só a cor base do grão é observada, mas também o formato, tamanho, ausência de brilho e também a cor bege dos grãos deve ser o mais claro possível e que permaneça com esse aspecto por mais tempo, principalmente porque esse fenótipo é associado à idade dos grãos e conseqüentemente de uma possível demora no cozimento (COUTO et al., 2010; ARAÚJO; RAMALHO; ABREU, 2012; SILVA et al. 2014).

Em função desses comentários esses três caracteres é que receberam maior atenção durante a avaliação e seleção das progênes. A arquitetura/porte e a nota de grãos são avaliadas por meio de escala de notas. Vale salientar, entretanto, que no caso do aspecto dos grãos, a avaliação é realizada em laboratório por dois ou três avaliadores e a precisão normalmente é alta, como ocorreu nas avaliações realizadas nesse trabalho. A menor estimativa da acurácia para esse caráter foi de 85% (TABELA 3, APÊNDICE A), comprovando o que foi comentado.

Com relação ao porte, a avaliação é também visual, como ocorre com o tipo de grãos, porém, é muito mais complicado. Esse fato foi constatado no presente trabalho, pois as acurácias foram de menor magnitude que para o tipo de grãos. A avaliação é realizada no campo e normalmente a precisão não é alta. Veja por exemplo, que na geração  $S_{0.4}$  a acurácia foi zero

(TABELA 4, APÊNDICE A). O porte da planta é influenciado por uma série de outros caracteres, tais como o diâmetro do caule, a presença de gavinhas, o número de internódios entre outros (TEIXEIRA et al., 1999; MOURA et al., 2013; OLIVEIRA et al. 2015). Embora sejam muitos caracteres o número de genes envolvidos não deve ser grande. Entretanto, é um caráter muito influenciado pelo ambiente, sobretudo a época de semeadura, nas condições de fertilidade do solo, temperatura e umidade. A ocorrência de acurácia de baixa magnitude para esse caráter é normalmente frequente na literatura (SILVA; ABREU; RAMALHO, 2009; BOREL et al., 2013; PIRES et al., 2014; VIEIRA, 2015).

A obtenção de linhagens mais produtivas, como já salientado, é o principal foco dos programas de melhoramento. A produtividade de grãos é um caráter resultante do somatório de todas as características da planta, como arquitetura da planta, número de flores e vagens, número de grãos por vagens, entre outras. Devido a isso um grande número de genes está envolvido no controle do caráter e ele é altamente influenciado pelo ambiente. As estimativas de acurácia para a produtividade variaram de 45 a 70% (TABELAS 1 e 4, APÊNDICE A). Assim, a precisão na avaliação desse caráter pode ser considerada de moderada a alta (RESENDE; DUARTE, 2007). Precisão dessa magnitude é frequente na avaliação de progênies de feijão na região (SILVA; ABREU; RAMALHO, 2009; CARVALHO et al., 2017).

As progênies foram avaliadas em quatro gerações, ou seja, quatro épocas de semeadura distintas. Desse modo o efeito de geração é confundido com o ambiente da época de semeadura. Essas épocas envolvem meses dentro do ano e até a variação entre anos. Assim, a significância da fonte de variação ambiente/geração, nas análises conjunta era esperada (TABELAS 2 e 5). A maior produtividade média foi obtida na geração  $S_{0:3}$ , semeadura realizada em fevereiro. Nessa época a cultura foi irrigada e assim não ocorreu deficiência hídrica expressiva, além disso a colheita coincidiu com um período sem precipitação, o que deve ter contribuído para a maior média das progênies.

Deve ser enfatizado que não há consenso a respeito da ocorrência de dominância do controle dos caracteres do feijoeiro, especialmente para a produtividade (SOUZA JUNIOR, 1989; MORETO et al., 2007). Contudo, mesmo que a dominância fosse predominante no sentido de aumentar a produtividade, nas gerações mais avançadas, como a  $S_{0:3}$ , era para a média decrescer e não aumentar. Depreende-se como já salientado que o efeito de ambiente/gerações deve ser atribuído predominantemente ao efeito da diferença das condições ambientais entre as safras. No caso da nota de qualidade dos grãos praticamente não ocorreu

diferença expressiva na média das progênies entre as safras (TABELAS 3 e 4, APÊNDICE A). O mesmo ocorreu com a nota de porte (TABELAS 2 e 4, APÊNDICE A).

Diferenças significativas entre as progênies, para os três caracteres, exceto para o porte na geração  $S_{0:4}$ , foram detectadas (TABELAS 1, 2, 3 e 4, APÊNDICE A). A distribuição das frequências das médias das progênies comprovam a existência de variação (FIGURAS 1, 2 e 3). As estimativas das herdabilidades entre a média de todas as progênies variou entre as gerações e entre os caracteres, como inclusive já comentado para as acurácias. Considerando a produtividade de grãos, as estimativas de  $h^2$  variaram de 21% (geração  $S_{0:3}$ ) a 48% (geração  $S_{0:2}$ ) entre as gerações. Ramalho et al. (2012) apresentam uma compilação dos resultados das estimativas de  $h^2$  para a produtividade obtidas em diversos experimentos na cultura do feijoeiro até o ano de 2004, os valores de  $h^2$  variaram de 10,6 a 88%. Outros trabalhos mais recentes apresentam estimativas de  $h^2$  na média das progênies entre 1 e 86% (BOREL et al. 2013; PIRES et al., 2014; PEREIRA et al., 2017). Como se pode observar as estimativas obtidas se encontram nesse intervalo (TABELA 1, APÊNDICE A).

As estimativas de  $h^2$ , entre médias de progênies, para o porte das plantas variaram de 35 a 49%, nas gerações  $S_{0:2}$  e  $S_{0:1}$ , respectivamente. Essas estimativas são também semelhantes às obtidas, para o mesmo caráter, em alguns trabalhos disponíveis na literatura (MORETO et al., 2007; MENEZES JÚNIOR; RAMALHO; ABREU, 2008; PIRES et al., 2014). Para as notas de tipo de grãos todas as  $h^2$  foram acima de 90%, valores equivalentes ou superiores aos encontrados na literatura (MENEZES JUNIOR; RAMALHO; ABREU, 2008; SILVA et al. 2014; CARVALHO; RAMALHO; ABREU, 2017).

A recombinação utilizada no programa de seleção recorrente que originou as progênies avaliadas, foi por meio de “topcross”. Isto é, cada progênie foi utilizada como fêmea no cruzamento com as demais (18 progênies). Assim, as progênies foram provenientes de 19 populações. Dessa forma, elas diferem na capacidade geral de combinação das fêmeas, haja vista que a contribuição dos machos foi praticamente a mesma em todas as populações. As sementes híbridas obtidas, “mistura de  $F_{1s}$ ”, correspondem praticamente a geração  $S_0$ . Assim, após a primeira multiplicação já se obtêm as progênies  $S_{0:1}$ .

A existência de variação entre as médias das populações, ou seja, dos topcrosses, também diferiu com as gerações, para todos os caracteres. As estimativas de  $h^2$ , para a produtividade de grãos por exemplo, variaram de 63 a 84%, ou seja, valores em princípio superiores aos envolvendo todas as progênies. É mencionado, em princípio, porque ocorreu

casos em que houve sobreposição dos intervalos de confiança das estimativas (TABELA 6). Adicionalmente, dentro de uma mesma geração a variação entre progênies dentro de cada população foi variável. Em muitas situações elas foram diferentes de zero (TABELA 6). No caso de populações naturais, que possuem situação diferente da encontrada em plantas cultivadas, a variação dentro das populações é maior do que a variação entre populações. Existem poucos relatos comparando a variação entre e dentro de populações em plantas autógamas. Um dos casos relatados na literatura foi o de Lima et al. (2015) com a cultura do feijoeiro também conduzido no estado de Minas Gerais. No trabalho foram avaliadas 496 progênies, sendo 31 de cada uma das 16 populações biparentais. Para a produtividade de grãos a estimativa de  $h^2$  entre populações obteve valores, na média dos dois ambientes, de 91% e dentro das populações a estimativa média foi de 51%. Outro relato, também com a cultura do feijão, envolveu os caracteres de nota de porte, nota de tipo de grãos e produtividade (RESENDE et al., 2016). Observaram que para a produtividade de grãos a  $h^2$  entre médias das 20 populações utilizadas foi muito semelhante à obtida para a  $h^2$  entre progênies/população ( $h^2$  média de 0,24). Para a nota de grãos a estimativa de  $h^2$  foi muito mais acentuada entre populações ( $h^2=0,80$ ) do que entre as progênies/populações ( $h^2=0,10$ ). Embora não haja consenso, ao que tudo indica pelo menos com a cultura do feijoeiro, utilizando um número de progênies equivalente de populações e entre progênies/populações a  $h^2$  entre tem sido maior que a dentro, como ocorreu com as diferentes estimativas obtidas nesse trabalho (TABELAS 6, 7 e 8).

O efeito da interação progênies x ambientes foi altamente significativo para todos os caracteres avaliados (TABELAS 2 e 5), indicando que o comportamento das progênies/testemunhas não foi coincidente nos ambientes (gerações/safras). O componente de variância associado à interação ( $V_{PA}$ ) na análise conjunta foi superior a estimativa de variância entre progênies ( $V_P$ ) para a produtividade de grãos e porte das plantas (TABELA 4). Para a produtividade  $V_{PA}$  foi 2,2 vezes maior que o efeito de  $V_P$ , evidenciando assim o pronunciado efeito da interação para esse caráter. Em muitos trabalhos realizados com a cultura do feijoeiro o efeito da interação também tem sido expressivo (MORETO et al., 2007; MENDES; RAMALHO; ABREU, 2009; LIMA, ABREU, RAMALHO, 2012; LIMA et al., 2015).

Um dos objetivos desse trabalho foi o de comparar as estimativas obtidas pelo método dos quadrados mínimos e os modelos mistos e também por meio de um índice envolvendo o efeito de populações e de progênies dentro de populações. Nas análises individuais as

estimativas das correlações entre as médias das progênies e os BLUP's (sem considerar o efeito de populações) foi praticamente de 100% (dados não apresentados). Esse fato é comumente relatado na literatura. Isto é, em experimentos balanceados, não há diferença entre o uso do método dos quadrados mínimos e os modelos mistos (THOMPSON 2008; BERNARDO, 2010). Contudo, neste trabalho houve desbalanceamento entre o número de progênies avaliadas dentro de cada população, que variou entre populações. Apesar disso, os resultados obtidos pelos dois métodos de análise foram semelhantes, como pode-se observar pela alta correlação entre as médias das progênies e os BLUP's (TABELA 10). Em outros trabalhos, com a cultura do eucalipto (REIS et al, 2011) e com o feijoeiro (MENDES; RAMALHO; ABREU, 2012), também ocorrendo pequeno desbalanceamento, foram encontrados resultados similares ao deste trabalho.

Deve ser salientado também que quando se considera o efeito das populações que originaram as progênies pode contribuir para que ocorra diferença na análise de modelos mistos, como foi apregoado por Resende et al. (2016). Ou seja, se utiliza nas ponderações para obter os BLUP's as informações entre populações e também entre progênies dentro das populações. Mesmo nessa situação as estimativas das correlações entre as médias e os BLUP's, considerando o efeito de populações como realizado nesse trabalho, foram ligeiramente inferiores, mas ainda de grande magnitude (TABELA 10). As estimativas de  $r$  entre a média e os BLUP's na maioria dos casos foram superiores a 0,90.

Quando se analisa os dados utilizando modelos mistos é esperado que as estimativas dos componentes de variância sejam mais robustas (LYNCH; WALSH, 1998; THOMPSON, 2008). Isso porque é utilizado o método de máxima verossimilhança restrita (do inglês residual maximum likelihood/REML) e o processo é iterativo. Ou seja, as variâncias são estimadas, colocadas novamente no modelo e o processo é repetido, até as estimativas dos componentes não diferirem acentuadamente nas iterações sucessivas (THOMPSON, 2008). Nesse trabalho as estimativas obtidas com os métodos dos quadrados mínimos e com os modelos mistos com a inclusão do efeito de populações foram comparadas (TABELA 9). Veja por exemplo, a estimativa de  $h^2$  foi praticamente a mesma nas gerações  $S_{0:1}$  e  $S_{0:2}$  e na análise conjunta, utilizando os dois procedimentos para a produtividade de grãos. Na geração  $S_{0:3}$  embora a estimativa pontual da  $h^2$  seja diferente nos dois métodos, o intervalo de confiança de  $h^2$  do método dos quadrados mínimos permite inferir que elas podem ser iguais. É relatado na literatura, que no caso ideal de completo balanceamento, as estimativas dos componentes de



variância obtidas pelo REML (método da máxima verossimilhança restrita) serão idênticas às obtidas pela análise de variância clássica (LYNCH; WALSH, 1998; THOMPSON, 2008).

Uma nova estratégia de seleção em que o mérito da progênie é avaliado não somente pelo desempenho “per se” na geração avaliada, como também pela população em que foi derivada e os coeficientes de parentesco das diferentes gerações de endogamia utilizadas para construir esse índice foi apresentado por Resende et al. (2016). Utilizando esse procedimento simularam várias situações e mostraram que usar as informações de populações e gerações passadas aumenta a eficiência do processo seletivo, tendo como referência o que é normalmente utilizado que são apenas as médias da última geração avaliada. A metodologia de Resende et al. (2016) coloca no modelo o parentesco considerando uma frequência alélica de  $\frac{1}{2}$ , o que pode não ser apropriado quando se tem populações oriundas de um programa de seleção recorrente, em que dificilmente a frequência alélica seria  $\frac{1}{2}$ . Neste caso além da variância genética aditiva ( $V_A$ ) e a variância genética de dominância ( $V_D$ ), ocorrem também os componentes  $D_1$ , que corresponde a covariância entre os efeitos médios (aditivos) dos alelos e os efeitos de dominância dos homozigotos,  $D_2$  que é a variância genética dos efeitos de dominância dos homozigotos e  $H$ , a depressão por endogamia elevada ao quadrado (SOUZA JUNIOR, 1989). Principalmente o  $D_1$ , por ser uma covariância, pode ser negativa. Inclusive as poucas estimativas de  $D_1$  disponíveis em plantas autógamas foram negativas (SOUZA; RAMALHO, 1995; MORAIS et al. 1997). Para utilizar um procedimento semelhante ao proposto por Resende et al. (2016) para uma condição em que a frequência alélica não é  $\frac{1}{2}$ , optou-se por obter um índice ponderado, utilizando a  $h^2$  média entre as populações e  $h^2$  entre as médias das progênies/populações. Desse modo, refletem o que realmente ocorreu independente da frequência alélica ser  $\frac{1}{2}$  ou não.

Observou-se que as correlações entre as médias e o ISP proposto foram de elevada magnitude, especialmente para a produtividade ( $r \geq 0,81$ ) e as notas de tipo de grãos ( $r \geq 0,88$ ). Já para o porte as correlações foram acima de 0,46. Dessa forma, a classificação das progênies foi semelhante nas três metodologias adotadas na maioria dos casos (TABELA 10). As correlações entre as médias ponderadas e os BLUP's também foram altas para a produtividade ( $r \geq 0,78$ ) e para as notas de tipo de grãos ( $r \geq 0,75$ ). Para a nota de porte os valores foram maiores que 0,22.

As medidas de eficiência dos índices multigerações relatados na literatura (RESENDE et al., 2015; RESENDE et al.; 2016) são pertinentes e também a eficiência dos BLUP's por geração ou envolvendo várias gerações (NUNES; RAMALHO; FERREIRA, 2008; BRUZI, 2008; PIEPHO; MOHRING; MELCHINGER, 2008). No entanto, pouco tem sido avaliado da efetiva contribuição desses índices quando se considera gerações futuras, sob condições de cultivo. Por isso, neste trabalho procurou-se estimar a coincidência das melhores progênies na geração de referência e nas gerações futuras, utilizando sempre os dados das avaliações das mesmas progênies nas diferentes gerações. Observou-se que em todos os métodos adotados a coincidência foi baixa (TABELA 11). Para a nota de tipo de grãos a coincidência foi ligeiramente superior devido a herdabilidade de maior magnitude do caráter. No entanto, ainda assim a coincidência foi inferior a 50% em quase todos os casos. Mesmo quando se considerou as três gerações de avaliação ( $S_{0:1}$ ,  $S_{0:2}$  e  $S_{0:3}$ ) em relação a  $S_{0:4}$ , a coincidência na identificação das melhores progênies foi baixa (TABELA 12). A mais provável explicação para a baixa coincidência nas melhores progênies identificadas nas sucessivas gerações é a ocorrência de interação das progênies x ambientes que, como já enfatizado, foi expressiva (TABELA 4). Depreende-se que o possível benefício de adotar o índice multigerações ou procedimento semelhante pode ser dissipado pela interação.

Do exposto, é preciso salientar que o maior desafio do melhorista é identificar as melhores progênies/linhagens ou híbridos para continuar sendo as melhores nas condições de manejo diferentes das obtidas nas estações experimentais e anos futuros, cujas condições climáticas são sempre imprevisíveis. Fato inclusive que foi comprovado com a cultura do feijoeiro (LIMA; ABREU; RAMALHO, 2012; FERREIRA et al., 2015). Com milho em trabalho conduzido pela empresa Pioneer, nos EUA, envolvendo a avaliação de 78 híbridos tolerantes a seca (AQUAMAX) (GAFFNEY, 2015). Observaram que esses híbridos na média de 2006 ambientes foram superiores em 6,5% a outros 4287 em condições de seca e na média de 8725 ambientes favoráveis foram superiores em 1,9%. Fica evidente que para se ter segurança na decisão de qual linhagem/híbrido recomendar, considerando que as diferenças a serem detectadas são cada vez menores, o número de repetições/ambientes deve ser o maior possível. Um outro comentário pertinente e que foi apresentado por Fisher no início do século XX é: "NUMBERS FIRST, MATHEMATICS LATER" (SIMMONDS, 2000). Os resultados obtidos nesse trabalho realçam o que Fisher mencionou há praticamente 100 anos. As metodologias modernas de biometria podem melhorar a eficiência do processo seletivo como

tem sido mostrado, mas elas só serão realmente eficazes se os dados a serem analisados forem de boa qualidade e com o efeito da interação mitigado a partir do maior número de repetições/ambientes possíveis. Deve ser enfatizado também que o emprego dos modelos mistos são vantajosos quando os dados são desbalanceados, o que não deve ser frequente no melhoramento de plantas, sobretudo quando os experimentos forem bem delineados e conduzidos. É possível melhorar a eficiência usando modelos mistos com informações adicionais de parentesco e de genômica, como alguns trabalhos de simulação mostram (RESENDE et al., 2008; NUNES; RAMALHO; FERREIRA, 2008; RAMALHO; CARVALHO; NUNES, 2013). Contudo, esses trabalhos devem ser validados considerando gerações futuras para verificar se mesmo com a interação eles continuam sendo mais eficientes.

O interesse dos melhoristas da cultura do feijoeiro é obter progênies/linhagens que associem as características de alta produtividade, boa arquitetura de planta e grãos carioca de boa qualidade, como já salientado. Dessa forma, neste trabalho também se optou por realizar a seleção simultâneas para os três caracteres, pelo somatório das variáveis padronizadas pelo índice Z. Esse índice tem sido empregado em várias situações com a cultura do feijoeiro (MENEZES JUNIOR; RAMALHO; ABREU, 2008; MENDES; RAMALHO; ABREU, 2009; LIMA; RAMALHO; ABREU, 2012; LIMA, et al., 2015). O ganho em porcentagem da média em cada característica com a seleção das 20% melhores progênies pelo índice Z, foi positivo na maioria dos casos (TABELA 14). Deve ser enfatizado que as estimativas obtidas foram de menor magnitude do que o ganho com a seleção de cada característica individualmente (TABELA 13), isso porque os caracteres participaram em proporções diferentes no índice de seleção utilizado. Quando se comparou a seleção pelo ISP e pelas médias das progênies, as estimativas do ganho com a seleção em cada característica e o ganho com a seleção pelo índice Z não diferiram expressivamente, especialmente para a produtividade e nota de tipo de grãos.

## 6 CONCLUSÕES

A classificação das progênes pelos BLUP's e pelo ISP não diferiu expressivamente do utilizando apenas a média, mesmo quando se considerou várias gerações na seleção.

Qualquer um dos procedimentos utilizados não mitigou de modo efetivo o efeito da interação progênes x ambientes, pois a coincidência na eficiência de seleção de uma ou mais gerações com uma geração futura foi pequena e variou muito pouco entre os três procedimentos adotados.

## REFERÊNCIAS

- ALMEIDA, L. D'A.; LEITÃO FILHO, H. F.; MIYASAKA, S. Características do feijão carioca, um novo cultivar. **Bragantia**, Campinas, v. 30, n.4, p. 33-38, Abr. 1971. Nota 7.
- ALMEIDA, L. D'A. **O feijão Carioca**: reflexos de sua adoção. Campinas: IAC, 2000. Não paginado.
- AMARO, G. B. et al. Phenotypic recurrent selection in the common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) with carioca-type grains for the resistance to the fungi *Phaeoisariopsis griseola*. **Genetics and Molecular Biology**, Ribeirão Preto, v. 30, n. 3, p. 584-588, set. 2007.
- ARAÚJO, L. C. A.; RAMALHO, M. A. P.; ABREU, A. F. B. Estimates of genetics parameters of late seed-coat darkening of carioca type dry beans. **Ciência e Agrotecnologia**, Lavras, v. 36, p. 156-162, 2012.
- BEARZOTI, E.; **Simulação de Seleção Recorrente Assistida por Marcadores Moleculares em Espécies Autógamas**. 1997. 230 p. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Escola Superior de Agricultura Luíz de Queiroz, Piracicaba, SP.
- BERNARDO, R. **Breeding for quantitative traits in plants**. Woodbury: Stemma, 390 p., 2010.
- BOREL, J. C. et al. Genetic and phenotypic parameters in common bean segregant populations from intra and inter-gene pool crosses of elite lines. **Euphytica**, (Wageningen), Holanda, v. 193, p. 39-47, 2013.
- BRUZI, A.T. **Aplicações da análise de modelos mistos em programa de seleção recorrente do feijoeiro comum**. 2008. 71 p. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Universidade Federal de Lavras, Lavras, MG.
- CARVALHO, B. L. **Estratégia para avaliação do cozimento dos grãos de progênes de feijoeiro e estimativas de parâmetros genéticos e fenotípicos**. 2013. 77 p. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas) - Universidade Federal de Lavras, Lavras, MG.
- CARVALHO, B. L. et al. New strategy for evaluating grain cooking quality of progenies in dry bean breeding programs. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, 2017. No prelo.
- CHIORATO, A. F.; CARBONELL, S. A. M. O melhoramento genético de feijoeiro no Instituto Agrônomo IAC (1932 a 2014). **O Agrônomo**, Campinas, SP. v. 64-66, p. 6-13, 2014.
- 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, mar. 1997.

COMPANHIA NACIONAL DE ABASTECIMENTO – CONAB. **Acompanhamento da safra brasileira**: grãos, 5º levantamento safra 2016/2017, Brasília, DF, 2017. Disponível em: [http://www.conab.gov.br/OlalaCMS/uploads/arquivos/17\\_02\\_16\\_11\\_51\\_51\\_boletim\\_graos\\_fevereiro\\_2017.pdf](http://www.conab.gov.br/OlalaCMS/uploads/arquivos/17_02_16_11_51_51_boletim_graos_fevereiro_2017.pdf)>. Acesso em: 21 fev. 2017.

COUTO, K. R. et al. Identificação de marcadores microssatélites relacionados ao escurecimento de grãos em feijão. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 45, p. 1268-1274, 2010.

FERREIRA, R. A. D. C. et al. Implications of the number of years assessment on recommendation of common bean cultivars. **Plant Breeding**, v. 134, n. 5, p. 599-604, 2015.

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

FREEMAN, A. E. C. R. Henderson: Contributions to the dairy industry. **J. Dairy Sci.** v. 74, p. 4045-4051, 1991.

FREY, K. J. The use of F<sub>2</sub> lines in predicting the performance of F<sub>3</sub> selections in two barley crosses. **Agronomy Journal**, v. 46, p. 541-544, 1954.

GAFFNEY, J. et al. Industry-scale evaluation of maize hybrids selected for increased yield in drought-stress conditions of the US Corn Belt. **Crop Science**, v. 55, n. 4, p. 1608-1618, 2015.

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

HALLAUER, A. R. Recurrent selection in maize. **Plant Breeding Reviews**, New York, v. 9, n.1, p.115-179,1992.

HENDERSON, C. R. Estimation of changes in herd environment. **Journal of Dairy Science**, 32, 709. 1949. (Abstract).

HENDERSON, C. R. Estimation of genetic parameters. **Annals Mathematical Statistics**, 21, 309.1950.

HENDERSON, C.R.; KEMPTHORNE, O.; SEARLE, S.R.; VON KROSIGK, C.M . The estimation of environmental and genetic trends from records subject to culling. **Biometrics** 13:192-218. 1959.

HENDERSON, C. R. Selection index and expected genetic advance. In: HANSON, W. D.; ROBINSON, H. F. **Statistical genetics and plant breeding**. Washington: National Academy of Science, 1963. p.141-163. (Publication, 982).

HENDERSON, C. R. Best linear unbiased estimation and prediction under a selection model. **Biometrics**, Raleigh, v. 31, n. 2, p. 423-447, June 1975.

KNAPP, S. J.; STROUP, W. W.; ROSS, W. M. Exact confidence intervals for heritability on a progeny mean basis. **Crop Science**, Madison, v. 25, p. 192-194, Jan. 1985.

LIMA, D. C. et al. Breeding common bean populations for traits using selection index. **Scientia Agricola**, Piracicaba, v. 72, n. 2, p. 132-137, Feb. 2015.

LIMA, L. K.; ABREU, A. F. B.; RAMALHO, M. A. P. Implications of the progeny x environment interaction in selection index involving characteristics of the common bean. **Genetic and Molecular Research**, v. 11, p. 4093-4099, 2012.

LYNCH, M.; WALSH, B. **Genetics and analysis of quantitative traits**. Sunderland, MA: Sinauer, 980p., 1998.

MATOS, J. W.; RAMALHO, M. A. P.; ABREU, A. F. B. Trinta e dois anos do programa de melhoramento do feijoeiro comum em Minas Gerais. **Ciência e Agrotecnologia**, Lavras, v. 31, n. 6, nov./dez. 2007.

MEMÓRIA, J. M. P. **Breve História da Estatística**. Brasília: EMBRAPA. 111 p., 2004.

MENDES, F. F.; RAMALHO, M. A. P.; ABREU, A. F. B. Índice de seleção para escolha de populações segregantes de feijoeiro-comum. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 44, n. 10, p. 1312-1318, out. 2009.

MENDES, M. P.; RAMALHO, M. A. P.; ABREU, A. F. B. Strategies in identifying individuals in a segregant population of common bean and implications of genotype x environment interaction in the success of selection. **Genetics and Molecular Research**, v. 11, p. 872-880, 2012.

MENEZES JÚNIOR, J. A. N.; RAMALHO, M. A. P.; ABREU, A. F. B. Seleção recorrente para três caracteres do feijoeiro. **Bragantia**, Campinas, v. 67, n. 4, p. 833-838, 2008.

MORAIS JUNIOR, O. P. et al. Genetic progress after cycles of upland rice recurrent selection. **Scientia Agricola**, Piracicaba, v. 72, p. 297-305, 2015.

MORAIS, O. P. et al. Estimação dos parâmetros genéticos da população de arroz irrigado CNA-IRAT 4/0/3. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 32, n. 4, p. 421-433, 1997.

MORETO, A. L. et al. Estimation of phenotypic variance components in common bean by the pedigree method. **Ciência e Agrotecnologia**, Lavras, v. 31, n. 4, p.1035-1042, jul./ago. 2007.

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

NUNES, J. A. R.; RAMALHO, M. A. P.; FERREIRA, D. F.; Inclusion of genetic relationship information in the pedigree selection method using mixed models. **Genetics and Molecular Biology**, Ribeirão Preto, n. 31, v. 1, p. 73-78, 2008.

OLIVEIRA, A.M.C et al. Potential of hypocotyl diameter in family selection aiming at plant architecture improvement of common bean. **Genetics and Molecular Research**, v. 14, p. 11515-11523, 2015.

PEREIRA et al. Genetic progress estimation strategy for upright common bean plants using recurrent selection. **Genetics and Molecular Research**, Ribeirão Preto, 2017. No prelo.

PIEPHO, H. P.; MOHRING, J.; MELCHINGER, A. E. BLUP for phenotypic selection in plant breeding and variety testing. **Euphytica**, (Wageningen), Holanda, v. 161, April, p. 209-228, 2008.

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

RAMALHO, M. A. P. et al. **Aplicações da Genética Quantitativa no Melhoramento de Plantas Autógamas**. UFLA. 522p. 2012.

RAMALHO, M. A. P.; ABREU, A. F. B.; GUILHERME, S. R. **Informações técnicas para o cultivo do feijoeiro-comum na Região Central Brasileira: 2015-2017**. Universidade Federal de Lavras, Lavras, 168p., 2014.

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), Holanda, v. 144, p. 23-29, 2005.

RAMALHO, M. A. P.; CARVALHO, B. L.; NUNES, J. A. R. Perspectives for the use of quantitative genetics in breeding of autogamous plants. **ISRN Genetics**, v. 2013, 2012.

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.

REIS, C. A. F. et al. Seleção de Progênies de eucalipto pelo índice Z por MQM e BLUP. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 46, p. 517-523, 2011.

RESENDE, M. D. V.; DUARTE, J. B. Precisão e controle de qualidade em experimentos de avaliação de cultivares. **Pesquisa Agropecuária Tropical**, Goiânia, v. 37, n. 3, p. 182-194, set. 2007.

RESENDE, M. D. V. et al. Seleção genômica ampla (GWS) e maximização da eficiência do melhoramento genético. **Pesquisa Florestal Brasileira**, n. 56, p. 63, 2008.

RESENDE, M. D. V. et al. Multigeneration index in the within-progenies bulk method for breeding of self-pollinated plants. **Crop Science**, v. 55, p. 1202, 2015.



RESENDE, M.D.V. et al. Selection index with parents, populations, progenies and generations effects in autogamous plant breeding. **Crop Science**, v. 56, p. 530-546, 2016.

SATTERTHITE, F. E. An approximate distribution of estimates of variance componentes. **Biometrics**, Raleigh, v.2, p. 110-114, 1946.

SAS Institute Inc. **SAS/IML®14.1 User's Guide**. Cary, NC: SAS Institute Inc. 2015.

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

SILVA, F.C. et al. Genetic control and estimation of genetic parameters for seed-coat darkening of carioca beans. **Genetics and Molecular Research**, v. 13, p. 6486-6496, 2014.

SILVA, G. S. et al. Estimation of genetic progress after eight cycles of recurrent selection for common bean grain yield. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 10, p. 351-356, 2010.

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, abr. 2007.

SILVA, E. N. et al. Seleção da matriz de variância-covariância residual na análise de ensaios varietais com medidas repetidas em cana-de-açúcar. **Ciência Rural**, v. 45, n. 6, p. 993-999, 2015.

SIMMONDS, N. R. An informal history of statistics. **Plant Breeding Reviews**, v. 17, p. 259-314, 2000.

SIMMONDS, N. R.; SMARTT. **Principles of crop improvement**. Wiley-Blackwell, 1999, 412 p.

SHAEFFER, L. R. C. R., Henderson: contributions to predicting genetic merit. **Journal of Dairy Science**, Champaign, v. 74, n. 11, p. 4052-4066, Nov. 1991.

SOUZA, E. A., RAMALHO, M. A. P. Estimates of genetic and phenotypic variance of some traits of dry bean using a segregant population from the cross Jalox Small White. **Revista Brasileira de Genética**, Ribeirão Preto - SP, v. 18, p. 87-91, n. 1995.

SOUZA JÚNIOR, C.L. Componentes da variância genética e suas implicações no melhoramento vegetal. Piracicaba: **FEALQ**. 1989. 134p.

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, v.22, p.577-582, 1999.

THOMPSON, R. Estimation of quantitative genetic parameters. **Proceedings of the Royal Society of London B: Biological Sciences**, v. 275, n. 1635, p. 679-686, 2008.

VIEIRA, I. C. **Novas estratégias na avaliação do porte do feijoeiro**. 2015. 70 p. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Universidade Federal de Lavras, Lavras, 2015.

WANDER, A. E. Socioeconomia. In: RAMALHO, M. A. P.; ABREU, A. F. B.; GUILHERME, S. R. **Informações técnicas para o cultivo do feijoeiro-comum na região Central-Brasileira: 2015-2017**. Lavras: Ed. UFLA, 2014, cap. 1, p. 15-35.

WANG, X. W. et al. Effects of recurrent selection on populations of various generations in wheat by using the Tai Gu single dominant male-sterile gene. **The Journal of Agricultural Science**, v. 126, n. 04, p. 397-402, 1996.

## APÊNDICE A

Tabela 1 - Resumo das análises de variância individuais e acurácias obtidas para o caráter produtividade (Kg/ha) na avaliação de progênies nas gerações S<sub>0:1</sub>, S<sub>0:2</sub> e S<sub>0:3</sub>.

FV	S <sub>0:1</sub>		S <sub>0:2</sub>		S <sub>0:3</sub>	
	GL	QM	GL	QM	GL	QM
<b>Tratamentos (T)</b>	440	622979,15**	323	560504,36**	323	433819,96*
<b>Testemunhas (Test)</b>	1	1174373,18 <sup>ns</sup>	1	422500,00 <sup>ns</sup>	1	17033,64 <sup>ns</sup>
<b>Test vs Progênies</b>	1	8068,81 <sup>ns</sup>	1	102946,60 <sup>ns</sup>	1	13065,85 <sup>ns</sup>
<b>Progênies (P)</b>	438	623124,17**	321	562359,69**	321	436429,03**
<b>Entre Populações</b>	18	1292788,30*	18	1856993,11**	18	1228298,94**
<b>P/pop 1</b>	28	610724,86 <sup>ns</sup>	16	388315,72 <sup>ns</sup>	16	476389,19 <sup>ns</sup>
<b>P/pop 2</b>	28	885510,48**	16	391622,24 <sup>ns</sup>	16	342640,29 <sup>ns</sup>
<b>P/pop 3</b>	28	505769,44 <sup>ns</sup>	16	379209,56 <sup>ns</sup>	16	236263,57 <sup>ns</sup>
<b>P/pop 4</b>	28	597183,98 <sup>ns</sup>	16	188474,27 <sup>ns</sup>	16	591472,53*
<b>P/pop 5</b>	27	774429,24*	16	303630,52 <sup>ns</sup>	16	259912,07 <sup>ns</sup>
<b>P/pop 6</b>	25	491591,74 <sup>ns</sup>	16	389926,47 <sup>ns</sup>	16	566450,91 <sup>ns</sup>
<b>P/pop 7</b>	25	563167,50 <sup>ns</sup>	16	277067,28 <sup>ns</sup>	16	195289,37 <sup>ns</sup>
<b>P/pop 8</b>	25	215007,08 <sup>ns</sup>	16	483010,11 <sup>ns</sup>	16	447700,74 <sup>ns</sup>
<b>P/pop 9</b>	24	678718,18 <sup>ns</sup>	16	844005,06**	16	232789,80 <sup>ns</sup>
<b>P/pop 10</b>	23	1110343,76**	16	536330,42*	16	340376,16 <sup>ns</sup>
<b>P/pop 11</b>	22	612319,63 <sup>ns</sup>	16	748534,01**	16	377736,33 <sup>ns</sup>
<b>P/pop 12</b>	21	507512,11 <sup>ns</sup>	16	689159,01**	16	269012,83 <sup>ns</sup>
<b>P/pop 13</b>	20	558095,93 <sup>ns</sup>	16	659873,621**	16	404725,84 <sup>ns</sup>
<b>P/pop 14</b>	19	365146,06 <sup>ns</sup>	18	687267,91**	18	408557,82 <sup>ns</sup>
<b>P/pop 15</b>	18	440805,79 <sup>ns</sup>	18	163422,88 <sup>ns</sup>	18	376710,42 <sup>ns</sup>
<b>P/pop 16</b>	17	586164,86 <sup>ns</sup>	17	538272,06*	17	763197,63**
<b>P/pop 17</b>	15	380538,76 <sup>ns</sup>	15	444786,46 <sup>ns</sup>	15	331284,36 <sup>ns</sup>
<b>P/pop 18</b>	14	674950,62 <sup>ns</sup>	14	429693,69 <sup>ns</sup>	14	399712,63 <sup>ns</sup>
<b>P/pop 19</b>	13	547295,73 <sup>ns</sup>	13	728806,66**	13	342904,05 <sup>ns</sup>
<b>Erro</b>	400	483147,50	323	289380,46	289	344231,41
<b>Acurácia</b>		0,47		0,70		0,45
<b>Média Geral</b>		2410,35		2997,43		3060,19
<b>Média Testemunhas</b>		2365,53		2837,50		3117,16
<b>Média Progênies</b>		2410,55		2998,42		3059,83
<b>Amplitude de variação da média das progênies</b>		3473,37		3000,00		3155,94

\*\* , \* e ns: significativo (P<0,01), significativo (P<0,05) e não significativo (P>0,05) pelo teste F, respectivamente.

Tabela 2 - Resumo das análises de variância individuais e acurácias obtidas para o caráter porte das plantas na avaliação de progênes nas gerações S<sub>0:1</sub>, S<sub>0:2</sub> e S<sub>0:3</sub>.

FV	S <sub>0:1</sub>		S <sub>0:2</sub>		S <sub>0:3</sub>	
	GL	QM	GL	QM	GL	QM
<b>Tratamentos (T)</b>	440	2,24**	323	2,24**	323	2,81**
<b>Testemunhas (Test)</b>	1	0,12 <sup>ns</sup>	1	0,02 <sup>ns</sup>	1	1,06 <sup>ns</sup>
<b>Test vs Progênes</b>	1	14,44**	1	4,68 <sup>ns</sup>	1	4,29**
<b>Progênes (P)</b>	438	2,21**	321	2,24**	321	2,81**
<b>Entre Populações</b>	18	6,99**	18	11,04**	18	15,39*
<b>P/pop 1</b>	28	1,10 <sup>ns</sup>	16	2,14 <sup>ns</sup>	16	2,19**
<b>P/pop 2</b>	28	1,74*	16	1,26 <sup>ns</sup>	16	3,93**
<b>P/pop 3</b>	28	2,16**	16	0,72 <sup>ns</sup>	16	1,08 <sup>ns</sup>
<b>P/pop 4</b>	28	3,11**	16	0,78 <sup>ns</sup>	16	3,90**
<b>P/pop 5</b>	27	0,94 <sup>ns</sup>	16	1,39 <sup>ns</sup>	16	1,31*
<b>P/pop 6</b>	25	3,03**	16	1,71 <sup>ns</sup>	16	2,54**
<b>P/pop 7</b>	25	1,78*	16	0,97 <sup>ns</sup>	16	1,16 <sup>ns</sup>
<b>P/pop 8</b>	25	1,64 <sup>ns</sup>	16	2,36 <sup>ns</sup>	16	2,86**
<b>P/pop 9</b>	24	1,97*	16	1,55 <sup>ns</sup>	16	1,92**
<b>P/pop 10</b>	23	2,02*	16	2,75*	16	1,37*
<b>P/pop 11</b>	22	1,84**	16	1,41 <sup>ns</sup>	16	2,08**
<b>P/pop 12</b>	21	1,75 <sup>ns</sup>	16	2,64*	16	1,19*
<b>P/pop 13</b>	20	1,99*	16	1,44 <sup>ns</sup>	16	2,65**
<b>P/pop 14</b>	19	2,07*	18	0,83 <sup>ns</sup>	18	1,00 <sup>ns</sup>
<b>P/pop 15</b>	18	3,11**	18	1,63 <sup>ns</sup>	18	0,95 <sup>ns</sup>
<b>P/pop 16</b>	17	1,98*	17	3,03**	17	2,96**
<b>P/pop 17</b>	15	2,69**	15	1,46 <sup>ns</sup>	15	1,35**
<b>P/pop 18</b>	14	1,55 <sup>ns</sup>	14	1,42 <sup>ns</sup>	14	2,44**
<b>P/pop 19</b>	13	2,14*	13	3,49**	13	2,73**
<b>Erro</b>	400	1,14	289	1,47	289	1,48
<b>Acurácia</b>		0,70		0,59		0,69
<b>Média Geral</b>		5,43		5,58		4,66
<b>Média Testemunhas</b>		7,33		4,50		3,63
<b>Média Progênes</b>		5,42		5,59		4,67
<b>Amplitude de variação da média das progênes</b>		6,27		5,74		6,85

\*\* , \* e ns: significativo (P<0,01), significativo (P<0,05) e não significativo (P>0,05) pelo teste F, respectivamente.

Tabela 3 - Resumo das análises de variância individuais e acurácias obtidas para o caráter tipo de grãos na avaliação de progênies nas gerações S<sub>0:1</sub>, S<sub>0:2</sub> e S<sub>0:3</sub>.

FV	S <sub>0:1</sub>		S <sub>0:2</sub>		S <sub>0:3</sub>	
	GL	QM	GL	QM	GL	QM
<b>Tratamentos (T)</b>	440	3,27**	323	3,89**	323	6,96**
<b>Testemunhas (Test)</b>	1	4,00**	1	2,25 <sup>ns</sup>	1	2,67 <sup>ns</sup>
<b>Test vs Progênies</b>	1	20,41**	1	38,30**	1	46,90**
<b>Progênies (P)</b>	438	3,23**	321	3,79**	321	6,77**
<b>Entre Populações</b>	18	6,17**	18	10,14**	18	11,38**
<b>P/pop 1</b>	28	2,72**	16	2,12*	16	3,42**
<b>P/pop 2</b>	28	3,48**	16	1,25 <sup>ns</sup>	16	9,42**
<b>P/pop 3</b>	28	3,05**	16	2,43**	16	5,41**
<b>P/pop 4</b>	28	3,03**	16	4,41**	16	4,72**
<b>P/pop 5</b>	27	2,82**	16	2,07**	16	5,53**
<b>P/pop 6</b>	25	1,81**	16	3,16**	16	6,09**
<b>P/pop 7</b>	25	1,37**	16	1,88*	16	3,43**
<b>P/pop 8</b>	25	5,00**	16	1,86*	16	5,34**
<b>P/pop 9</b>	24	3,96**	16	3,38**	16	7,09**
<b>P/pop 10</b>	23	1,67**	16	1,67 <sup>ns</sup>	16	2,66**
<b>P/pop 11</b>	22	2,85**	16	2,28**	16	5,27**
<b>P/pop 12</b>	21	0,93*	16	2,12*	16	2,30**
<b>P/pop 13</b>	20	1,93**	16	3,36**	16	8,62**
<b>P/pop 14</b>	19	3,62**	18	5,59**	18	8,65**
<b>P/pop 15</b>	18	2,27**	18	3,84**	18	5,59**
<b>P/pop 16</b>	17	7,85**	17	4,60**	17	9,89**
<b>P/pop 17</b>	15	4,31**	15	8,27**	15	8,97**
<b>P/pop 18</b>	14	6,06**	14	7,56**	14	7,06**
<b>P/pop 19</b>	13	2,45**	13	3,39**	13	7,71**
<b>Erro</b>	439	0,53	322	1,06	322	0,91
<b>Acurácia</b>		0,91		0,85		0,93
<b>Média Geral</b>		4,75		4,83		5,08
<b>Média Testemunhas</b>		2,50		1,75		1,67
<b>Média Progênies</b>		4,76		4,85		5,10
<b>Amplitude de variação da média das progênies</b>		8,00		7,50		7,33

\*\* , \* e ns: significativo (P<0,01), significativo (P<0,05) e não significativo (P>0,05) pelo teste F, respectivamente.

Tabela 4 - Resumo da análise de variância individual e acurácias obtidas para os caracteres produtividade, nota do porte das plantas e nota do tipo de grãos, na avaliação de progênies na geração S<sub>0:4</sub>.

FV	Produção		Porte		Tipo de Grão	
	GL	QM	GL	QM	GL	QM
<b>Tratamentos (T)</b>	80	654377,63*	80	1,65 <sup>ns</sup>	80	9,39**
<b>Progênies (P)</b>	78	660719,54*	78	1,66 <sup>ns</sup>	78	8,78**
<b>Testemunhas (Test)</b>	1	341516,77 <sup>ns</sup>	1	1,09 <sup>ns</sup>	1	0,67 <sup>ns</sup>
<b>Test vs Progênies</b>	1	472576,44 <sup>ns</sup>	1	1,16 <sup>ns</sup>	1	65,18**
<b>Erro</b>	136	430675,54	136	1,74	80	0,91
<b>Acurácia</b>	0,58		0		0,95	
<b>Média Geral</b>		2629,732568		6,154346		4,588469
<b>Média Testemunhas</b>		2352,572		5,6215		1,3335
<b>Média Progênies</b>		2636,749291		6,167835		4,670873
<b>Amplitude de variação da média das progênies</b>		2090,397		4,486		8

\*\* , \* e ns: significativo (P<0,01), significativo (P<0,05) e não significativo (P>0,05) pelo teste F, respectivamente.