



**IMPLICAÇÃO DO NÚMERO DE FAMÍLIAS NO PROCESSO SELETIVO  
NA CULTURA DO FEIJOEIRO**

**WILTON DUARTE FERREIRA**

**1998**

43071

11/11/30/58

**WILTON DUARTE FERREIRA**

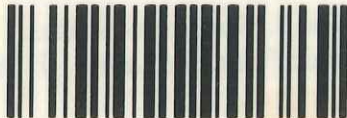
**IMPLICAÇÃO DO NÚMERO DE FAMÍLIAS NO PROCESSO SELETIVO  
NA CULTURA DO FEIJOEIRO**

Dissertação apresentada à Universidade Federal de Lavras, como parte das exigências do Curso de Mestrado em Agronomia, área de concentração em Genética e Melhoramento de Plantas, para obtenção do título de "Mestre".

Orientador

Prof. Magno Antonio Patto Ramalho

BIBLIOTECA CENTRAL - UFLA



43071

LAVRAS

MINAS GERAIS - BRASIL

1998

BIBLIOTECA CENTRAL

N.º CLAS. T635.6523

FER

N.º REGISTR. 43071

DATA 16 / 07 / 98

**Ficha Catalográfica preparada pela seção de Classificação e Catalogação  
da Biblioteca Central da UFLA**

Ferreira, Wilton Duarte

Implicação do número de famílias no processo seletivo na cultura  
do feijoeiro

/ Wilton Duarte Ferreira. – Lavras: UFLA, 1998.

66 p.: il.

Magno Antonio Patto Ramalho.

Dissertação (Mestrado) - UFLA.

Bibliografia.

1. Melhoramento Genético - Planta. 2. Número de famílias.
3. Seleção. 4. Feijão. I. Universidade Federal de Lavras. II. Título.

CCD-635.6523

**WILTON DUARTE FERREIRA**

**IMPLICAÇÃO DO NÚMERO DE FAMÍLIAS NO PROCESSO SELETIVO  
NA CULTURA DO FEIJOEIRO**

Dissertação apresentada à Universidade Federal de Lavras, como parte das exigências do Curso de Mestrado em Agronomia, área de concentração em Genética e Melhoramento de Plantas, para obtenção do título de "Mestre".

**APROVADA em 05 de fevereiro de 1998**

**Prof.<sup>a</sup> Elaine Aparecida de Souza                      UFLA**

**Pesq. Ângela de Fátima Barbosa Abreu                      EMBRAPA**

  
**Prof. Magno Antonio Patto Ramalho**  
**UFLA**  
**(Orientador)**

**LAVRAS**  
**MINAS GERAIS - BRASIL**

A Deus,

Aos meus pais, Maria José e Antônio,

Aos meus irmãos, Patrícia, Wilder e Juliana.

DEDICO

## AGRADECIMENTOS

À Universidade Federal de Lavras (UFLA) e ao Departamento de Biologia, pela oportunidade concedida.

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

Ao Professor Magno Antônio Patto Ramalho, pela orientação, dedicação e pela minha formação profissional durante o Mestrado.

Ao Moacil Alves de Souza, pela amizade e co-orientação.

Ao Dr. Jairo Silva, pela amizade, apoio e encaminhamento.

Ao Professor Daniel Ferreira Furtado, pela co-orientação, por todos os esclarecimentos, pelo auxílio estatístico e matemático e pelo algoritmo que me proporcionou a rapidez nas análises realizadas.

Aos membros da banca, Professora Elaine Aparecida de Souza e Pesquisadora Ângela de Fátima Barbosa Abreu, pela oportunidade e pelas sugestões.

Aos Professores Magno, César, João Bosco, Lisete, Samuel, Elaine, Lucimar, Vera, Nazareno e aos demais Professores da Universidade Federal de Lavras, por todos os conhecimentos transmitidos durante a pós-graduação.

Aos colegas de curso de Mestrado, Doutorado, Iniciação Científica e funcionários.

E a todos que de uma forma ou de outra contribuíram para que o objetivo deste trabalho fosse alcançado com êxito.

## SUMÁRIO

	<b>Página</b>
RESUMO.....	vi
ABSTRACT.....	vii
1 INTRODUÇÃO.....	01
2 REFERENCIAL TEÓRICO.....	03
2.1 Métodos de melhoramento empregados no feijoeiro no Brasil.....	03
2.2 Número de famílias a serem avaliadas por população segregante.....	05
2.3 Estimativas de parâmetros genéticos.....	13
3 MATERIAL E MÉTODOS.....	19
3.1 Material genético.....	19
3.2 Detalhes experimentais.....	20
3.3 Análise de variância.....	22
3.4 Estimativas dos parâmetros genéticos e fenotípicos.....	25
3.5 Simulação dos diferentes tamanhos das amostras.....	27
4 RESULTADOS E DISCUSSÃO.....	29
5 CONCLUSÃO.....	59
REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS.....	60

## RESUMO

FERREIRA, Wilton Duarte. Implicação do número de famílias no processo seletivo com a cultura do feijoeiro. Lavras: UFLA, 1998. 63p. (Dissertação - Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas)\*

O objetivo desse trabalho foi obter informações que possam auxiliar os melhoristas de feijão, na decisão sobre a escolha do número de famílias de uma população segregante que deverá ser avaliada para maior eficiência com a seleção. Para isso, foram utilizados dados experimentais de avaliação de famílias de nove populações segregantes: gerações  $F_{2;4}$  e  $F_{3;5}$  do cruzamento Carioca-MG x H4; geração  $F_{2;4}$  do cruzamento Carioca x FT-Tarumã; geração  $F_{5;7}$  do cruzamento Carioca x Flor de Mayo; geração  $F_{5;8}$  do cruzamento Carioca x Flor de Mayo (avaliados em dois locais); geração  $F_{2;4}$  do cruzamento A-285 x Esal-645; geração  $S_{0;1}$  da Seleção Recorrente e geração  $S_{0;2}$  da Seleção Recorrente (avaliados em dois locais). Esses experimentos foram conduzidos pelo programa de melhoramento do feijoeiro da Universidade Federal de Lavras, no período de 1992 a 1997, com o número de famílias variando de 169 a 295 e com a estimativa de herdabilidade ( $h^2$ ) para a produção de grãos, na média das famílias, no intervalo de 5,3 a 82,0%. Utilizando o desempenho médio das famílias, foram simulados diferentes tamanhos das amostras, variando de 10 em 10, a partir de tamanho 30, até o número total de famílias avaliadas em cada caso. Foram efetuadas 1.000 simulações para cada tamanho de amostra. Com os dados, foi estimada a variância fenotípica média, a mínima, a máxima e o erro padrão da variância. Utilizando a distribuição de  $\chi^2$  foi estimada a probabilidade de ocorrer, para cada tamanho de amostra  $h^2$  nula, ou com valores correspondentes a  $\frac{1}{4}$ ,  $\frac{1}{2}$ , ou  $\frac{3}{4}$  da herdabilidade obtida com todas as famílias sendo avaliadas. Foi estimado o ganho esperado com a seleção, considerando a escolha da melhor família para cada tamanho de amostra. Constatou-se que nas condições da precisão experimental em que são conduzidos os programas de melhoramento do feijoeiro na região, com a utilização de um número de famílias inferiores a 100, a probabilidade de sucesso com a seleção é reduzida.

---

Comitê Orientador: Magno Antonio Patto Ramalho - UFLA (Orientador), Daniel Furtado Ferreira - UFLA



## ABSTRACT

### IMPLICATIONS OF THE NUMBER OF FAMILIES ON THE SELECTIVE PROCESS IN THE COMMON BEAN CULTURE

The objective of this work was to obtain information which can be used by common bean plant breeders when deciding on the number of families in a segregant population that might be evaluated for better selection efficiency. For such purpose experimental data of family evaluation from nine segregant populations were used:  $F_{2.4}$  and  $F_{3.5}$  generations from the Carioca-MG x H4 crossing,  $F_{2.4}$  generation from the Carioca x FT-Tarumã crossing,  $F_{5.7}$  generation from the Carioca x Flor de Mayo crossing,  $F_{5.8}$  generation from the Carioca x Flor de Mayo crossing (evaluated in two locations),  $F_{2.4}$  generation from the A-285 x ESAL-645 crossing,  $S_{0.1}$  generation from the Recurrent Selection and  $S_{0.2}$  generation from the Recurrent Selection (evaluated in two locations). These experiments were carried out by the bean improvement program of the Federal University of Lavras, from 1992 to 1997, with the number of families varying from 169 to 295 and with the heritability estimate ( $h^2$ ) for grain production, in the average of families, with interval from 5.3 to 82.0%. Using the average family performance, different sample sizes were simulated, varying at every 10 sizes, starting from size 30 up to the total number of families evaluated in each case. One thousand simulations for each sample size were done. From the data, the medium, minimal and maximum phenotypical variance and the variance standard error were estimated. Using the  $\chi^2$  distribution, the probability of the following occurring was estimated, for each sample size: a null  $h^2$  or with values corresponding to  $\frac{1}{4}$ ,  $\frac{1}{2}$  or  $\frac{3}{4}$  of the heritability obtained with all the families being evaluated. The expected gain with the selection was estimated, considering the choice of the best family for each sample size. It was verified that: under the conditions of the experimental precision in which the bean improvement programs are carried out in the region, using a number of families lower than 100, the probability of a successful selection is reduced.

---

Comitê Orientador: Magno Antonio Patto Ramalho - UFLA (Orientador), Daniel Furtado Ferreira - UFLA

## 1 INTRODUÇÃO

O aumento da eficiência dos programas de melhoramento de plantas é uma necessidade imperiosa para que se contine obtendo ganhos com a seleção, na magnitude suficiente para atender a demanda sempre crescente da população. Essa eficiência pode ser conseguida por meio de várias alternativas, tais como escolha criteriosa dos genitores e do método de condução das populações segregantes e melhoria na precisão experimental durante a avaliação das famílias.

Além do mais, considerando que todos os programas de melhoramento possuem recursos limitados, uma das questões comumente formuladas é de que afeta a eficiência. E qual a melhor opção? Realizar várias hibridações anualmente e conduzir um número reduzido de famílias de cada cruzamento ou realizar poucas hibridações, avaliando um maior número de famílias para explorar ao máximo a variabilidade gerada em cada cruzamento?

Estudos visando obter informações a respeito do número ideal de famílias a serem avaliadas foram realizados em algumas oportunidades (Shebeski, 1967, Snee, 1977, Ramalho, Santos e Zimmermann, 1993). Contudo, nesses trabalhos as informações foram obtidas a partir de simulações. Fouilloux e Bannerot (1988), por exemplo, mostraram que o sucesso do melhoramento é praticamente o mesmo quando se usa um número relativamente pequeno de famílias, como 50, ou um número grande, acima de 500. A principal restrição nesse caso é que foi considerada herdabilidade igual a 100%, o que não é fato comum na prática.

No caso do feijoeiro no Brasil há uma ampla variação no número de famílias avaliadas na condução das populações segregantes (Pinto, 1996; Abreu, 1997 e Souza, 1997). Considerando que seria importante obter informações sobre

o tamanho da amostra, a ser usada nas condições em que são conduzidas as avaliações de famílias dos programas de melhoramento do feijoeiro, foi conduzido esse trabalho visando verificar o efeito dos diferentes tamanhos de amostra de algumas populações segregantes, na eficiência do processo seletivo.

## 2 REFERENCIAL TEÓRICO

### 2.1 Métodos de melhoramento empregados no feijoeiro no Brasil

O feijoeiro enquadra-se entre as plantas de autofecundação, portanto, são utilizados todos os métodos de melhoramento comuns a esse tipo de planta, como a introdução, a seleção de linhas puras e o melhoramento por hibridação (Allard, 1971 e Fehr, 1987).

A introdução tem sido um método amplamente utilizado em muitos programas de melhoramento do feijoeiro e tem gerado a recomendação de inúmeros cultivares no Brasil, especialmente de materiais provenientes do Centro Internacional de Agricultura Tropical (CIAT) (Jansen, Teixeira e Thung, 1992).

No Brasil, a cultura do feijoeiro é uma atividade bastante frequente entre os agricultores de baixa renda, que dificilmente adquirem sementes todos os anos. É prática comum a reutilização dos grãos colhidos em safras anteriores, como semente, por inúmeras gerações (Ramalho, Santos e Zimmermann, 1993). Sob tais condições é esperado que o material em uso pelos agricultores seja uma mistura de linhas, devido à ocorrência de mutação ou mistura mecânica de dois ou mais cultivares seguida da hibridação natural no campo. Esse material pode ser uma boa fonte de germoplasma, pois envolve linhagens já adaptadas. Em função deste fato, em algumas situações tem sido preconizada a sua utilização para a extração de linhas puras. Para isso são feitas coletas de sementes de um cultivar utilizado na semeadura por vários anos, em razões distintas e de diferentes produtores. Posteriormente, este material é submetido a avaliação nas

regiões de interesse, selecionando-se plantas dentro das populações com melhor performance. Este método, chamado de linhas puras, é descrito com detalhes por Ramalho, Pinto e Santa Cecília (1982).

Como ocorre com outras espécies autógamas, o procedimento mais utilizado no melhoramento do feijoeiro envolve a hibridação. Nesse caso, o que se deseja é concentrar em uma linhagem os alelos favoráveis que estejam presentes em duas ou mais linhagens diferentes (Fehr, 1987 e Borém, 1996). O sucesso do melhoramento por hibridação depende da adequada escolha dos pais e do método de condução das populações segregantes. Na identificação dos melhores parentais várias metodologias têm sido utilizadas e detalhes sobre elas são encontradas em Triller (1994) e Abreu (1997).

A condução das populações segregantes pode ser feita por vários métodos, os quais serão eficientes conforme o rigor na sua utilização e o tipo de caráter a ser melhorado. Nesse aspecto, existem algumas opções, como o método Massal ou “Bulk”, o Genealógico ou “Pedigree” e algumas derivações desses métodos como o “Single Seed Descent” (SSD) e o “Bulk” dentro de famílias (Fehr, 1987; Ramalho, Santos e Zimmermann, 1993; Borém, 1996).

Dentre os métodos preconizados, o mais empregado no melhoramento do feijoeiro na Universidade Federal de Lavras (UFLA) é o Bulk dentro de famílias. Esse método foi proposto por Frey (1954), que preconizava a condução das populações segregantes utilizando famílias já a partir da geração  $F_3$ , o que denominou de “Bulk” dentro de famílias  $F_2$ . A diferença entre o procedimento original e o conduzido na UFLA é que a abertura do “Bulk” pode ocorrer não só em  $F_2$  mas também em  $F_3$  e as famílias não são avaliadas visualmente, mas utilizando experimentos com repetição. O mérito da família é, desse modo, considerado a partir do seu desempenho na média de experimentos conduzidos

por algumas gerações (2 ou 3) e em alguns locais (Ramalho, Santos e Zimmermann, 1993).

Um dos questionamentos decorrente desse método e de todos os outros que envolvem a avaliação de famílias, é quanto ao número de famílias que deverá ser utilizado para explorar a variabilidade gerada no cruzamento, obtendo máxima eficiência na seleção. Nesse contexto, considerando que os melhoristas sempre possuem limitações quanto ao número de famílias que podem ser conduzidas anualmente, outra indagação freqüente é sobre qual a melhor estratégia a ser utilizada, isto é, deve-se empregar muitas famílias de poucas populações segregantes ou é mais viável utilizar um número restrito de famílias, porém de um grande número de cruzamentos.

Vale ressaltar que a etapa de avaliação das famílias é comum a todos os métodos, sendo que a diferença básica é o momento, isto é, a geração em que ela é conduzida. Porém, em todos eles, é a etapa mais trabalhosa e que exige maior dedicação dos melhoristas para o êxito da seleção.

## **2.2 Número de famílias a serem avaliadas por população segregante**

Como já foi mencionado, a determinação do número de famílias por população é um questionamento freqüente entre os melhoristas, não havendo também muita informação disponível na literatura a esse respeito. Uma das primeiras inferências foi realizada por Shebeski (1967) e Snee (1977), que utilizaram o trigo como referência. Os autores consideraram um gene por cromossomo, isto é, 21 locos segregando independentemente, haja vista que o trigo (*Triticum aestivum*) possui  $2n=42$  cromossomos. Nessa situação, a população  $F_2$  deve conter no mínimo 420,4 plantas  $((3/4)^{21})$  para manter os 21 alelos favoráveis, em  $F_3$ . Considerando a probabilidade de 98% de que o evento

ocorra, esse número passa para 1.643 plantas. Supondo a obtenção de famílias a partir de  $F_2$ , deverão ser avaliadas 1.643 famílias  $F_{2:3}$  com o mínimo de 228 plantas por família, perfazendo 374.604 plantas no total, para manter todos os 21 alelos favoráveis.

O mesmo argumento pode ser adotado no caso do feijoeiro, considerando 11 locos segregando, isto é, um por cromossomo, para se ter distribuição independente. Os resultados estão apresentados na Tabela 1, onde é mostrado o número mínimo de plantas nas diferentes gerações segregantes, para se ter, pelo menos, um indivíduo com todos os alelos favoráveis, com 95% de probabilidade do evento ocorrer.

TABELA 1. Número de plantas necessário nas diferentes gerações segregantes, para manter 11 alelos favoráveis com 95% de probabilidade do evento ocorrer.

Gerações	Homozigose		Homozigose e heterozigose	
	Freq. do evento	Nº de plantas	Freq. do evento	Nº de plantas
$F_2$	$(1/4)^{11}$	12.565.993 <sup>1</sup>	$(3/4)^{11}$	69
$F_3$	$(3/8)^{11}$	145.263	$(5/8)^{11}$	525
$F_4$	$(7/16)^{11}$	26.651	$(9/16)^{11}$	1.678
$F_5$	$(15/32)^{11}$	12.477	$(17/32)^{11}$	3.148
$F_6$	$(31/64)^{11}$	8.698	$(33/64)^{11}$	4.372
$F_\infty$	$(1/2)^{11}$	6.134	$(1/2)^{11}$	6.134

Adaptado de Ramalho, Santos e Zimmermann (1993).

<sup>1</sup> - Número de indivíduos estimados pela expressão:

$$n = \frac{\log(1 - P)}{\log(1 - p)} = \frac{\log(1 - 0,95)}{\log(1 - \text{freq. do evento})}$$

Observa-se que a probabilidade de ocorrência de um indivíduo com todos os alelos favoráveis, em homozigose, é muito pequena na geração  $F_2$ , pois seria necessário avaliar uma população superior a 12,5 milhões de plantas para garantir a sua ocorrência. Considerando 250 mil plantas por hectare, seriam necessários 50ha semeados com a população  $F_2$ , sem considerar a dificuldade adicional para identificar a planta com todos os 11 alelos favoráveis. Quando se considera homozigotos e heterozigotos, esse número de plantas é drasticamente reduzido, pois com 69 plantas é possível manter uma com todos os alelos.

Com o decorrer das autofecundações, a frequência de homozigotos aumenta e a de heterozigotos diminui. Em função desse fato, o número de plantas necessário para manter todos os alelos em homozigose diminui, ao passo que o número necessário de plantas com alelos favoráveis em homozigose e heterozigose aumenta. Na  $F_\infty$  esse número se iguala, pois não mais ocorrerão heterozigotos e a frequência de indivíduos com todos os alelos favoráveis será fornecida por  $(1/2)^{11}$ . Considerando 95% de probabilidade do evento ocorrer, seria necessário uma população de 6.134 indivíduos.

Para explorar todo o potencial genético de um dado cruzamento, mesmo considerando um número restrito de genes, o tamanho da população a ser manuseada deve ser enorme, tomando-se inviável na prática. Assim, o melhoramento deva ser realizado por etapas, sendo inclusive esse um dos principais argumentos do emprego da seleção recorrente em plantas autógamias (Ramalho, 1997).

No caso de plantas alógamas, alguns estudos foram realizados visando verificar a probabilidade de fixação de determinados alelos com a seleção. Foi, inclusive, criado o conceito de tamanho efetivo populacional, que é função não só do número de indivíduos mantidos como também do tipo de família e o modo como eles foram amostrados (Vencovsky, 1987). Estudos realizados por



Rawlings (1979) evidenciam que a probabilidade de manter o sucesso com a Seleção Recorrente é alta mesmo com um tamanho efetivo ( $N_e$ ) de apenas 30.

Já Comstock (1978) mostrou que para alelos cuja frequência na população é baixa, como por exemplo 0,05 ou 0,1, seria necessário um tamanho efetivo de 200 a 400 plantas para se ter resposta com a seleção a longo prazo para esse alelo. Nessa condição, considerando uma intensidade de seleção de 25%, o tamanho da população requerido (indivíduo e/ou família) deveria ser de 800 a 1600.

Barley e Comstock (1976), considerando a Seleção Recorrente a partir do cruzamento de duas linhagens, onde a frequência dos alelos nos locos segregantes é de 0,5, afirmaram que o tamanho efetivo populacional pode ser bem pequeno. Os autores para chegarem a essa conclusão utilizaram famílias  $S_1$  na quais os indivíduos das famílias selecionadas seriam inter cruzados ao acaso. Desta forma, para uma intensidade de seleção de 10%, o número de famílias  $S_1$  deveria ser de  $10N_e$ , sendo  $N_e$  o tamanho efetivo populacional. Mostrou-se que mesmo para caracteres com baixa herdabilidade, o sucesso com a seleção, isto é, a fixação do alelo favorável, poderia ocorrer mesmo utilizando tamanho efetivo tão pequeno quanto 8 a 16. Assim, conclui o trabalho dos autores, sugere-se o emprego de 80 a 160 famílias  $S_1$  para se ter sucesso no esquema de Seleção Recorrente proposto.

Comentando a respeito desses resultados anteriormente relatados, Baker (1984) comenta que se a frequência dos alelos favoráveis na população inicial for em torno de 0,5, o tamanho efetivo de 10 a 20 seria suficiente, ao passo que para a frequência entre 0,1 a 0,5, o tamanho efetivo deve ser de 30 a 40 e quando ela for inferior a 0,1, o tamanho efetivo deve ser acima de 200. Vale ressaltar que nesses trabalhos foi recomendado uma intensidade de seleção de 10%, portanto, o número de famílias a serem avaliadas seria igual a 10 vezes o tamanho efetivo

recomendada. Segundo o autor, estudos realizados mostraram que a intensidade de seleção de 10% proporcionou ótima resposta na Seleção Recorrente.

O mesmo autor também faz comentários sobre o número de famílias a serem avaliadas em um único ciclo seletivo. Partindo-se do pressuposto de que os recursos são sempre limitados, há necessidade de se procurar a melhor alternativa entre testar um grande número de famílias ou utilizar um maior número de repetições de cada família. A Tabela 2, apresentada por Baker (1984), fornece a melhor alternativa, considerando diferentes herdabilidades ao nível de média de famílias e número de parcelas que os melhoristas podem conduzir anualmente. Os cálculos foram efetuados a partir da expressão do ganho com a seleção (GS), isto é,

$$GS = i\sigma_g h,$$

em que:

i: intensidade de seleção padronizada;  $\sigma_g$ : desvio padrão genético; h: raiz quadrada da herdabilidade ao nível de indivíduos. É possível mostrar que a herdabilidade ao nível de média de famílias provenientes de r repetições é igual:

$$h_r^2 = rh^2 / (1 + h^2(r + 1)).$$

Os resultados apresentados evidenciam que quando a herdabilidade é abaixo de 0,5, é melhor utilizar um número maior de repetições em detrimento da avaliação um número maior de famílias.

TABELA 2 - Número de famílias a serem avaliadas para se obter o máximo de eficiência com a seleção.

Total de parcelas	Nº de linhas selecionadas	Herdabilidade ao nível de média das famílias		
		0,2	0,5	0,8
5.000	5	500	1.250	5.000
	10	556	1.667	5.000
	50	1.000	2.500	5.000
3.000	5	375	1.000	3.000
	10	429	1.000	3.000
	50	600	1.500	3.000
1.000	5	167	500	1.000
	10	167	500	1.000
	50	333	1.000	1.000
100	1	20	50	100
	2	25	50	100
	3	25	100	100

Adaptado de Baker (1984)

Outro argumento, utilizando simulação, que permite fazer inferência sobre o número de famílias a serem avaliadas, foi apresentado por Fouilloux e

Bannerot (1988). Esses autores utilizaram o método "Single Seed Descent", porém comentaram que o raciocínio pode ser extrapolado para qualquer outro tipo de família. Nas suas simulações, consideraram diferentes números de locos segregando ( $n$ ) e diferentes números de famílias sendo avaliadas ( $N$ ). Como se tem duas condições, alelos favoráveis e desfavoráveis, a ocorrência deles segue a distribuição normal.

A partir de uma planta  $F_1$  com  $n$  locos segregando, com distribuição independente, tem-se que na mesma população a frequência do alelo favorável é igual à frequência do alelo desfavorável e igual a 0,5. Nessa condição, a média da distribuição binomial é fornecida por  $\mu = n/2$  e a variância  $\sigma^2 = n/4$ . Quando  $n$  é grande, a distribuição binomial se ajusta à normal. Nessa situação, utilizando as propriedades da distribuição normal, o número de alelos esperados em uma dada linhagem ( $l_i$ ) será  $l_i = \mu + z\sigma$ , isto porque em uma distribuição normal padronizada  $z = \frac{l_i - \mu}{\sigma}$ . Como já mencionado  $\mu = n/2$  e  $\sigma^2 = n/4$ , assim:  $l_i = n/2 + z\sqrt{n/4}$ , em que  $z$ : é a variável referente à distribuição normal padronizada.

Considerando essa distribuição como sendo a melhor linhagem, ou seja, aquela que concentra a maioria dos alelos favoráveis, será fornecida por  $l_1 = n/2 + z l_N \sqrt{n/4}$ , em que  $l_N$ : é referente a distribuição de máximo e fornecida pela tabela de Fischer e Yates (1949) e corresponde ao desvio esperado do melhor indivíduo em relação à média em uma amostra de tamanho  $n$  em distribuição normal.

Utilizando essa expressão, Fouilloux e Bannerot (1988) apresentaram as estimativas do número máximo de alelos favoráveis considerando diferentes números de locos segregando. Observa-se na Tabela 3 que para  $n = 10$ , a fixação

de todos os alelos seria conseguida com populações acima de 800 famílias. Contudo, a diferença entre utilizar 50 famílias ou 400 é relativamente pequena. Considerando  $n = 40$ , nota-se que dobrando o número de famílias, isto é, passando de 50 para 100 ou de 100 para 200, etc, obtém-se um ganho extra, em média, de apenas um alelo favorável. Depreende-se então que dobrar o número de famílias avaliadas não compensa o esforço adicional gasto na avaliação dessas famílias. Os autores comentam que na maioria das situações é preferível utilizar menor número de famílias, criando condições de se avaliar maior número de cruzamentos.

TABELA 3 - Número de alelos presente na melhor linhagem, com diferentes números de locos segregando ( $n$ ) e tamanho de famílias avaliadas ( $N$ ).

Nº de famílias	$n = 10$	$n = 20$	$n = 40$	$n = 100$
25	8,1	14,4	26,3	59,9
50	8,6	15,9	27,1	61,3
100	9,0	15,6	27,9	62,6
200	9,4	16,1	28,7	63,8
400	9,7	16,6	29,4	64,9
800	10,0	17,1	30,1	65,9
1.000	10,0	17,2	30,2	66,2
5.000	10,0	18,2	31,6	68,4
10.000	10,0	18,6	32,2	69,2

Adaptado de Fouilloux e Bannerot, 1988.

Todos esses trabalhos comentados anteriormente envolveram simulações. Apesar de elas fornecerem importantes informações, há algumas suposições que podem prejudicar as inferências a serem feitas. No trabalho de Fouilloux e Bannerot (1988) foi considerado, por exemplo, herdabilidade igual a 100%, o que, em se tratando de caráter quantitativo como produção de grãos, nunca ocorre. Assim, embora o resultado possa ser extrapolado, será mais difícil inferir, caso o caráter apresente herdabilidade baixa. Outro argumento é a dificuldade de inferir sobre o número de locos que estão segregando e daí então estabelecer o número de famílias a serem avaliadas.

Por essas e outras razões, é importante avaliar o efeito do número de famílias a partir de dados experimentais e associá-las com as inferências de simulação existentes. Infelizmente, há restritas informações a esse respeito. Um dos poucos trabalhos realizado com essa finalidade foi o de Pinto (1996) utilizando a cultura do milho, No qual isso ele avaliou 200 famílias  $S_1$ . Essas famílias foram dispostas em oito látices  $5 \times 5$ , podendo, o autor avaliar o efeito do número de famílias considerando múltiplos de 25. Utilizando as estimativas de parâmetros genéticos, especialmente variância genética entre as famílias, coeficiente de variação genético e herdabilidade, o autor concluiu que para o caráter peso de espiga, a estabilidade dessa estimativa só ocorreu quando se utilizou 175 famílias  $S_1$ .

### **2.3 Estimativas de parâmetros genéticos**

As estimativas dos parâmetros genéticos e fenotípicos auxiliam os melhoristas na tomada de decisões em várias etapas do programa de melhoramento. No caso específico do feijoeiro, inúmeras estimativas já foram

obtidas e revisões sobre elas são encontradas em algumas publicações (Singh, 1991 e Ramalho, Santos e Zimmerman, 1993).

Nas estimativas tem-se utilizado tanto componentes de médias como de variância. No caso da variância foi estimada principalmente a variância genética total, embora em alguns casos tenha sido obtida a variância genética aditiva ( $\sigma_A^2$ ) e de dominância ( $\sigma_D^2$ ). É necessário enfatizar que há um número restrito de relatos de estimativas dos componentes genéticos da variância quando a frequência alélica é diferente de 0,5. Neste caso, além da variância genética aditiva ( $\sigma_A^2$ ) e de dominância ( $\sigma_D^2$ ), a variância genética total contém também a covariância genética entre os efeitos médios, aditivos, dos alelos e os efeitos de dominância dos homozigotos ( $D_1$ ), a variância genética dos efeitos de dominância dos homozigotos ( $D_2$ ) e a depressão por endogamia elevado ao quadrado ( $\check{H}$ ) (Souza Júnior, 1989).

Na obtenção dessas estimativas foram utilizados diferentes procedimentos, tais como o emprego de linhas puras (Ramalho, Santos e Santa Cecília, 1979; Ramalho, Pinto e Santa Cecília, 1982; Pereira Filho, Ramalho e Ferreira, 1987), de famílias de populações segregantes da hibridação de dois ou mais parentais (Abreu, 1989; Takeda, 1990; Collicchio, 1995) e os cruzamentos dialelos analisados por diferentes procedimentos (Otubo, 1994 e Abreu, 1997).

Em praticamente todos os trabalhos, ênfase foi dada às estimativas da herdabilidade. Isso porque ela indica o potencial do material para a seleção e conseqüentemente permite ao melhorista avaliar suas chances de sucesso com a seleção na população em apreço. A herdabilidade corresponde à proporção da variação genética em relação à variância fenotípica total (Falconer, 1980), que pode ser, no sentido amplo, quando envolve no numerador da expressão, toda a variância genética, isto é, a aditiva e a dominante. E, no sentido restrito, que

contém no numerador da expressão apenas a variância genética aditiva. Vale ressaltar que ao se avaliar linhas puras ou famílias em elevado estágio de endogamia, a variância genética entre as famílias é toda aditiva. Assim, quando se avaliam linhas puras, a herdabilidade é no sentido restrito. A herdabilidade também pode variar em função da unidade seletiva a ser utilizada, isto é, indivíduos ou famílias (Teixeira, 1997).

Para a obtenção das estimativas de herdabilidade, podem ser utilizados alguns procedimentos, tais como: a) a partir das esperanças dos quadrados médios da análise de variância; b) pela regressão entre médias das famílias em geração subsequentes (Nyquist, 1991); c) a herdabilidade realizada ( $h_{ij}^2$ ), Considerado o desempenho de indivíduos e/ou famílias em gerações subsequentes e utilizando

a expressão (Fehr, 1987):  $h_{ij}^2 = \frac{GS_j / m_j}{ds_i / m_i} \times 100$ , sendo  $GS_j$ : ganho com a

seleção na geração dos descendentes (geração j) que foram identificados na geração anterior (geração i), isto é, a média dos indivíduos selecionados menos a média geral;  $ds_i$ : diferencial de seleção do pai, isto é, a média dos indivíduos selecionados menos a média geral;  $m_i$  e  $m_j$ : médias das famílias nas gerações i e j, respectivamente.

Nas Tabelas 4 e 5 são apresentadas algumas estimativas de herdabilidades relacionadas na literatura. Como se constata, há uma ampla variação para as estimativas obtidas e esta variação era esperada em função das condições ambientais em que as estimativas foram obtidas, da variabilidade genética presente nos materiais utilizados e também do método utilizado para a obtenção da estimativa. Observa-se que a amplitude de variação das estimativas de herdabilidade obtidas em trabalhos conduzidos na Universidade Federal de Lavras foram semelhantes às relatadas em outras condições. Sendo que na



Universidade Federal de Lavras a herdabilidade no sentido amplo variou de 3 a 66% (Tabela 5), enquanto que em outras condições a variação de 5 a 71% (Tabela 4).

TABELA 4 - Estimativas de herdabilidade no sentido amplo ( $h_a^2$ ) e restrito ( $h_r^2$ ) da produção de grãos (Adaptado de Ramalho, Santos e Zimmermann, 1993).

Local	Método utilizado	$\hat{h}_a^2$ (%)	$\hat{h}_r^2$ (%)	Fonte
Colômbia	Progênes F <sub>5</sub>	17 a 56	-	Camacho, Cardona e Orozco, 1965.
Estados Unidos	Regressão F <sub>2</sub> , F <sub>3</sub>	11	-	Coyne, 1968.
Índia	Linhagens	60	-	Aggarwal e Singh, 1973.
Nova Zelândia	Dialélico	-	1	Chung e Stevenson, 1973.
Costa Rica	P <sub>1</sub> , P <sub>2</sub> , F <sub>1</sub> , F <sub>2</sub> , RC <sub>11</sub> , RC <sub>21</sub>	-	25 e 30	Paniagua e Pinchinat, 1976.
Inglaterra	Progênes F <sub>4</sub> , RC <sub>11</sub> , RC <sub>21</sub>	34	-	Davis e Evans, 1977.
Itália	-	-	37	Poligano, 1983.
Estados Unidos	P <sub>1</sub> , P <sub>2</sub> , F <sub>1</sub> , F <sub>2</sub> , RC <sub>11</sub> , RC <sub>21</sub>	23	-	Zimmermann, Rosielle, Waines e Foster, 1984 <sup>1</sup> .
Estados Unidos	P <sub>1</sub> , P <sub>2</sub> , F <sub>1</sub> , F <sub>2</sub> , RC <sub>11</sub> , RC <sub>21</sub>	21	-	Zimmermann, Rosielle, Waines e Foster, 1984 <sup>2</sup> .

continua

TABELA 4, Continuação

Patos de Minas - MG	Dialélico	71	52	Santos, Vencovsky e Ramalho, 1985.
Viçosa - MG	P <sub>1</sub> , P <sub>2</sub> , F <sub>1</sub> , F <sub>2</sub> , RC <sub>11</sub> , RC <sub>21</sub>	-	60	Santos, Cardoso, Vieira e Silva, 1986.
Colômbia	Dialélico	-	21	Nienhuis e Singh, 1988.
Colômbia	Regressão F <sub>2</sub> /F <sub>3</sub>	29	-	Singh et al, 1990.
Estados Unidos	Linhagens	90	-	Scully, Wallace e Viands, 1991.
Colômbia	Regressão F <sub>2</sub> /F <sub>3</sub>	5 a 23	-	Kornegay, White e Cruz, 1992.
Espanha	Linhagens	12	-	Escribano, De Ron e Amurrio, 1994.
Viçosa - MG	F <sub>3</sub> , RC <sub>1a</sub> e RC <sub>2a</sub> <sup>3</sup>	-	35	Peternelli, Cardoso, Cruz Vieira e Furtado, 1994 <sup>1</sup> .
Viçosa - MG	F <sub>3</sub> , RC <sub>1a</sub> e RC <sub>2a</sub> <sup>3</sup>	-	52	Peternelli, Cardoso, Cruz Vieira e Furtado, 1994 <sup>2</sup> .
Itália	Progênes S <sub>2</sub> (C <sub>0</sub> , C <sub>1</sub> e C <sub>2</sub> )	62 a 65	-	Ranalli, 1996.

<sup>1</sup> - Em monocultivo<sup>2</sup> - Em consórcio<sup>3</sup> - Retrocruzamentos autofecundados

TABELA 5. Estimativas de herdabilidade no sentido amplo ( $\hat{h}_a^2$ ) e restrito ( $\hat{h}_r^2$ ) da produção de grãos, obtidas na Universidade Federal de Lavras -MG.

Método utilizado	$\hat{h}_a^2$ (%)	$\hat{h}_r^2$ (%)	Fonte
Linhagens	04 a 46	-	Ramalho, Santos, Santa Cecília e Andrade, 1979.
Linhagens	28 a 45	-	Ramalho, Andrade e Teixeira, 1979.
Dialélico	46	24	Santos, Vencovsky e Ramalho, 1985.
Dialelo (F <sub>7</sub> e F <sub>8</sub> )	-	23	Takeda, Santos e Ramalho, 1991.
Covariância F <sub>3</sub> /F <sub>4</sub>	10	-	Souza, 1993.
Covariância F <sub>3</sub> /F <sub>5</sub>	3	-	Souza, 1993.
Covariância F <sub>4</sub> /F <sub>5</sub>	23	-	Souza, 1993.
Progênes S <sub>1</sub> e S <sub>2</sub>	37	-	Gonçalves, 1995.
Regressão S <sub>1</sub> /S <sub>2</sub>	26	-	Gonçalves, 1995.
Regressão F <sub>2</sub> /F <sub>3</sub>	12	-	Collicchio, 1995.
Regressão F <sub>2</sub> /F <sub>4</sub>	0	-	Collicchio, 1995.
Regressão F <sub>3</sub> /F <sub>4</sub>	3	-	Collicchio, 1995.
Progênes F <sub>5</sub>	66	-	Collicchio, 1995.
Dialelo F <sub>3</sub> e F <sub>4</sub>	31	-	Melo, 1996.
Progênes S <sub>1</sub>	19 a 45	-	Souza, 1997.
Progênes F <sub>5:7</sub>	18 a 52	-	Abreu, 1997.

### 3 MATERIAL E MÉTODOS

Para a realização do presente trabalho utilizou-se dados de experimentos de avaliações de famílias de feijão conduzidos nos últimos anos pelo programa de melhoramento do feijoeiro da Universidade Federal de Lavras (UFLA).

#### 3.1 Material genético

Ao todo foram utilizados 9 experimentos, seis deles oriundos de cruzamentos biparentais, cujas principais características dos genitores envolvidos estão relacionados na Tabela 6. Os demais são famílias provenientes de um programa de Seleção Recorrente, cuja população contém apenas grãos com tipo carioca, isto é, creme com estrias marrons.

TABELA 6 - Genitores de feijão e algumas de suas características utilizadas nas hibridações.

Genitores	Características				
	Origem <sup>1</sup>	Tamanho	Tipo de grão	Hábito de crescimento	Ciclo
Carioca	IAC	Pequeno	Creme com estrias marrons	III	90
Carioca-MG	UFLA	Pequeno	Creme com estrias marrons	II	90
H-4	UFLA	Pequeno	Creme com estrias marrons	III	90
FT-Tarumã	FT-Pesquisa	Pequeno	Preto	II	90
Flor de Mayo	CIAT	Médio	Creme com estrias vermelhas	III	90
A-252	CIAT	Médio	Amarelo	III	90
Esal-645	UFLA	Médio	Creme com estrias marrons	I	60

<sup>1</sup> - IAC: Instituto Agronômico de Campinas; UFLA: Universidade Federal de Lavras; CIAT: Centro Internacional de Agricultura Tropical.

### 3.2 Detalhes experimentais

As principais informações relativas aos nove experimentos utilizados estão apresentadas na Tabela 7. Os tratos culturais foram praticamente os mesmos em todos os experimentos e são os normais para a cultura do feijoeiro. Todos os experimentos foram submetidos a irrigação suplementar por aspersão, quando necessário.

TABELA 7 - Identificação dos cruzamentos e algumas especificações dos experimentos utilizados nas simulações.

Cruzamentos	Especificações						
	Geração	Época	Local	Nº de fam.	Nº de rep.	Delineamento	Tamanho da parcela
1-Carioca-MG x H-4	F <sub>2:4</sub> e F <sub>3:5</sub>	Fev/97	Lavras	225	2	Látice	1 Linha de 1,0m
2 - Carioca x FT-Tarumã	F <sub>2:4</sub>	Fev/97	Lavras	196	2	Látice	1 Linha de 1,0m
3 - Carioca x Flor de Mayo	F <sub>5:7</sub>	Jul/96	Lavras	196	2	Látice	2 Linha de 2,0m
4 - Carioca x Flor de Mayo	F <sub>5:8</sub>	Fev/97	Lavras	196	2	Látice	2 Linha de 2,0m
5 - Carioca x Flor de Mayo	F <sub>5:8</sub>	Fev/97	Patos de Minas	196	2	Látice	2 Linha de 2,0m
6 - A-252 x Esal-645	F <sub>2:4</sub>	Fev/92	Lavras	169	2	Látice	1 Linha de 1,0m
7 - Seleção Recorrente Ciclo 0	S <sub>0:1</sub>	Fev/92	Lavras	225	3	Látice	1 Linha de 2,0m
8 - Seleção Recorrente Ciclo I	S <sub>0:2</sub>	Jul/93	Lavras	295	1	Bl. <sup>1/</sup> Aument.	1 Linha de 2,0m
9- Seleção Recorrente Ciclo I	S <sub>0:2</sub>	Jul/93	Patos de Minas	190	1	Bl. <sup>1/</sup> Aument.	1 Linha de 2,0m

<sup>1/</sup> - Foram utilizadas duas testemunhas comuns.

### 3.3 Análise de variância

Os dados de produção de grãos (kg/ha) de todos os experimentos foram submetidos a análise de variância. Nos casos em que o delineamento foi látice, o modelo estatístico, considerando como fixo apenas a média, foi:

$$Y_{ijk} = \mu + t_i + r_j + b_{k(j)} + e_{k(ij)},$$

em que:

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

$\mu$ : média geral;

$t_i$ : efeito dos tratamentos ( $i = 1, 2, \dots, 225$ , nos experimentos 1 e 7;  $i = 1, 2, \dots, 196$ , nos experimentos 2, 3, 4, e 5; e  $i = 1, 2, \dots, 169$ , no experimento 6.);

$r_j$ : efeito das repetições ( $k = 1, 2$ : nos experimentos 1, 2, 3, 4 e 5; e  $k = 1, 2, 3$ : nos experimentos 6 e 7.);

$b_{k(j)}$ : efeito do bloco  $j$  dentro da repetição  $k$  e

$e_{k(ij)}$ : erro experimental associado à observação  $Y_{ijk}$ ,  $e_{i(jk)} \cap \text{NID}(0, \sigma^2)$ .

O modelo da análise de variância em látice com as respectivas esperanças dos quadrados médios encontra-se na Tabela 8.

Quando o delineamento utilizado foi em blocos aumentados, como nos experimentos 8 e 9, o modelo estatístico adotado, considerando como fixo os efeitos da média e dos tratamentos comuns (testemunhas), foi o seguinte:

$$Y_{ij} = \mu + t_i + t_{(j)i} + b_j + e_{ij},$$

em que:

$Y_{ij}$ : valor observado na parcela do bloco  $j$  que recebeu o tratamento comum  $i'$  ou o tratamento regular  $i$  dentro do bloco  $j$ ;

$\mu$ : média geral;

$t_i$  : efeito do tratamento comum (testemunha),  $i' = 1, 2$ ;

$t_{(j)i}$  : efeito do tratamento regular (família)  $i$  dentro do bloco  $j$ , sendo  $i = 1, 2, \dots, 295$ : no experimento 8 e  $i = 1, 2, \dots, 190$ : no experimento 9;

$b_j$ : efeito do bloco  $j$ , sendo  $j = 1, 2, \dots, 30$ : no experimento 8 e  $j = 1, 2, \dots, 19$ : no experimento 9; e

$e_{ij}$ : erro experimental associado à parcela do bloco  $j$  que recebeu tratamento comum  $i'$  ou o tratamento regular  $i$  dentro do bloco  $j$ ,  $e_{ij} \cap \text{NID}(0, \sigma^2)$ .

O modelo da análise de variância em blocos aumentado com as respectivas esperanças dos quadrados médios encontra-se na Tabela 8.



TABELA 8. Esquema das análises de variância para produção de grãos do feijoeiro.

Fonte de Variação	GL	QM	E(QM) <sup>1</sup>	E(QM) <sup>2</sup>
Famílias	gl <sub>1</sub>	Q <sub>1</sub>	$\sigma_e^2 + r\sigma_f^2$	$\sigma_e^2 + \sigma_f^2$
Erro efetivo	gl <sub>2</sub>	Q <sub>2</sub>	$\sigma_e^2$	$\sigma_e^2$

em que:

$\sigma_e^2$ : variância do erro experimental;

$\sigma_f^2$ : variância genética entre famílias;

<sup>1</sup>: para o delineamento em látice;

<sup>2</sup>: para o delineamento em blocos aumentados.

Nos experimentos 8 e 9, as análises de variâncias intrablocos só permitem comparações entre tratamentos regulares do mesmo bloco. Assim, para efetuar as comparações entre progênies de blocos diferentes é necessário compor uma nova análise de variância, a partir das médias ajustadas de tratamentos regulares obtidas da análise de variância intrabloco.

Para a realização desta análise com base nas médias ajustadas de tratamentos regulares, Ferreira, citado por Barbosa (1996), desenvolveu um testador adequado, o qual foi denominado erro efetivo, que é obtido pela seguinte expressão:

$$QME_e = \left[ 1 + \frac{1}{r+t-1} + \frac{r}{t(r+t-1)} + \frac{r \sum_{k=1}^b n_k^2}{m^2(r+t-1)} - \frac{2 \sum_{k=1}^b n_k^2}{m(r+t-1)} + \frac{b \sum_{k=1}^b n_k^2}{n^2(n+t-1)} \right] QME_t$$

em que:

$QME_e$ : quadrado médio do erro efetivo;

r: número de tratamentos regulares;

t: número de tratamentos comuns;

b: número de blocos;

$n_k$ : número de tratamentos (regulares + comuns) no bloco k;

n: número total de parcelas,  $n = \sum_{k=1}^b n_k$ ; e

$QME_t$ : quadrado médio do erro da análise intrabloco.

### 3.4 Estimativas dos parâmetros genéticos e fenotípicos

A partir das esperanças dos quadrados médios foram obtidas as seguintes estimativas:

- Variância genética entre famílias:  $\hat{\sigma}_G^2 = (Q_1 - Q_2)/r$ , no caso de delineamento em látice. No caso de blocos aumentados, estimou-se a  $\hat{\sigma}_G^2$  pela expressão  $\hat{\sigma}_G^2 = Q_1 - Q_2$ ;

- Variância fenotípica entre média de famílias  $\hat{\sigma}_F^2 = Q_1/r$ , no delineamento de látice e  $\hat{\sigma}_F^2 = Q_1$  nos blocos aumentado;

- Herdabilidade no sentido amplo para seleção entre médias de famílias ( $h^2$ ):

$$h_a^2 = \frac{\sigma_g^2}{\sigma_f^2} \times 100$$

Estimou-se também os limites inferior (LI) e superior (LS) das estimativas de  $h^2$  ao nível de média das famílias pelas expressões apresentadas por Knapp, Stroup e Ross (1985), ou seja,

$$LI = \left\{ 1 - \left[ \left( \frac{Q_1}{Q_2} \right) \cdot F_{1-\alpha/2: g_2 g_1} \right]^{-1} \right\}$$

em que:

$F_{1-\alpha/2: g_2 g_1}$ : valor da distribuição de F para os graus de liberdade  $g_2$  e  $g_1$ , tal que a probabilidade de exceder este valor é de  $1-\alpha/2$ .

$$LS = \left\{ 1 - \left[ \left( \frac{Q_1}{Q_2} \right) \cdot F_{\alpha/2: g_2 g_1} \right]^{-1} \right\}$$

em que:

$F_{\alpha/2: g_2 g_1}$ : valor da distribuição de F para os graus de liberdade  $g_2$  e  $g_1$ , tal que a probabilidade de exceder este valor é de  $\alpha/2$ .

### 3.5 Simulação dos diferentes tamanho das amostras

As simulações foram efetuadas a partir de um algoritmo elaborado pelo professor Daniel Furtado Ferreira, do Departamento de Ciência Exatas da UFLA. De posse das médias ajustadas, foram simuladas amostras de diferentes tamanhos para cada experimento, a partir de 30, com intervalo de 10 famílias. Essas simulações foram efetuadas considerando, em cada caso, 1.000 possibilidades, isto é, foram geradas mil amostras de mesmo tamanho. Em cada tamanho amostral foram obtidas as variâncias fenotípicas entre as médias das famílias. Posteriormente foi estimada a variância média, identificado o valor mínimo e máximo e o erro padrão da variância.

Como a variância segue a distribuição de  $\chi^2$ , foi estimada a probabilidade de ocorrência de um dado valor da variância fenotípica entre médias das famílias, pela expressão apresentada por Chase e Bown (1992):

$$\chi^2 = \frac{(n-1)s_i^2}{\sigma^2} = \frac{(n-1)s_i^2}{\sigma_F^2},$$

em que:

n: é o tamanho da amostra;

$s_i^2$ : valor da variância fenotípica almejada;

$\sigma^2$ : valor da variância fenotípica populacional.

O valor de  $s_i^2$  foi estabelecido considerando-se a probabilidade de se obter estimativas da herdabilidade no mínimo igual a 0%, 25%, 50% e 75% da estimativa da herdabilidade obtida, considerando todas as famílias avaliadas, para cada população. Para a obtenção do valor de  $s_i^2$  foram utilizados os seguintes procedimentos: Considerando a herdabilidade ao nível de médias de famílias

( $h_i^2$ ), para os diferentes tamanhos da amostra, as proporções da herdabilidade com todas as famílias são fornecida por:

$$h_i^2 = xh^2 = \frac{\sigma_{G_i}^2}{s_i^2} = \frac{\sigma_{G_i}^2}{\sigma_{G_i}^2 + \sigma_e^2 / r},$$

em que:

$\sigma_{G_i}^2$ : é a estimativa da variância genética entre famílias para os diferentes tamanhos da amostra, e ela corresponde a  $\sigma_{G_i}^2 = xh^2\sigma_F^2$ , sendo  $x$  a proporção da herdabilidade considerada no cálculo, ou seja,  $x$  pode assumir os valores de 0, 1/4, 1/2 ou 3/4, como já mencionado anteriormente;  $h^2$  corresponde à estimativa da herdabilidade, considerando todas as famílias avaliadas; e  $\sigma_F^2$  a variância fenotípica entre as médias de famílias, que corresponde ao QM entre famílias dividido pelo número de repetições do experimento.  $s_i^2$ : variância fenotípica entre as médias das famílias, para os diferentes tamanhos da amostra e considerando as diferentes proporções desejadas da estimativa de herdabilidade.

Sendo assim,  $\hat{s}_i^2 = \sigma_{G_i}^2 + \sigma_e^2 / r$ , onde  $\sigma_e^2 / r$  foi considerado constante e correspondente ao quadrado médio do erro das análises de variância dividido pelo número de repetições.

#### 4 RESULTADOS E DISCUSSÃO

Os principais resultados obtidos nos experimentos utilizados neste trabalho estão relacionados na Tabela 9. Observa-se que o número de famílias avaliadas variou de 169 a 295. A precisão experimental, avaliada pelo coeficiente de variação (CV), foi maior na avaliação das famílias  $F_{5:8}$  do cruzamento Carioca x Flor de Mayo (CV = 14,1%) e menor nas famílias  $F_{2:4}$  do cruzamento Carioca x FT-Tarumã (CV = 28,2%).

A precisão desses experimentos, embora tenha sido avaliado um grande número de famílias, foi semelhante a que é normalmente obtida em experimentos com a cultura do feijoeiro na região. Marques Júnior (1997) fez um levantamento de 61 experimentos de avaliação de linhas puras e 28 ensaios de avaliação de famílias, obtendo coeficiente de variação médio de 20,7%, quando avaliou linhagens em fase de recomendação, e de 27,2% para os casos em que foram avaliadas famílias segregantes, como neste trabalho.

As estimativas das herdabilidades no sentido amplo variaram de 5,3% na avaliação das famílias  $S_{0:2}$  do experimento com Seleção Recorrente e 82% quando se avaliou as famílias  $S_{0:1}$ . Vale ressaltar que a precisão das estimativas de herdabilidade também foi variável, como pode ser constatada pelo limite inferior (LI) e limite superior (LS) relacionados na Tabela 9. Observa-se também que a maior amplitude foi constatada nos experimentos conduzidos em blocos aumentados, ou seja, onde foram avaliadas famílias oriundas da Seleção Recorrente. É preciso salientar que as populações segregantes utilizadas nessas simulações apresentaram variabilidade dentro do que é normalmente relatado pelo feijoeiro na literatura, cuja síntese dos resultados das estimativas de herdabilidade

foram apresentadas nas Tabela 4 e 5. Portanto, os resultados devem refletir uma amplitude de situações que é comum aos melhoristas de feijão.

Na literatura há alguns trabalhos de simulação visando identificar o melhor número de famílias a ser avaliado. Essas simulações partiram de um modelo com um certo número de genes e herdabilidade igual a 1,0 (Fouilloux e Bannerot, 1988), e os trabalhos, embora forneçam informações importantes especialmente no que se refere a restrição da herdabilidade, estão fora da realidade. Outra estratégia adotada foi aplicada à cultura do milho (Pinto, 1996). Quando autor estimou o número ideal a partir de experimentos conduzidos com um pequeno número de famílias, sendo que, posteriormente, eles foram agrupados para gerarem os diferentes tamanhos. Para isso foram avaliadas 200 famílias  $S_1$ , as quais foram dispostas em oito látices 5 x 5. Dessa forma, o autor pode avaliar o efeito do número de famílias considerando múltiplos de 25. Utilizando as estimativas de parâmetros genéticos, especialmente a variância genética entre as famílias, coeficiente de variação genético e herdabilidade, concluiu-se que para o caráter peso de espiga a estabilidade dessa estimativa só ocorreu quando se utilizou 175 famílias  $S_1$ . Esse procedimento tem a restrição de limitar-se àquela condição e grupo de famílias avaliadas.

Ao contrário da metodologia relatada anteriormente, neste trabalho partiu-se de situações reais com herdabilidade variável e simulado-se as diferentes alternativas que poderiam ocorrer, caso fosse avaliado um número menor de famílias. A principal limitação refere-se ao fato de haverem sido considerados experimentos cujos números de famílias variaram de 169 a 295 como referência. Seria importante ter valores bem superiores a esses, contudo, no feijoeiro, o número de famílias normalmente utilizado é inferior (Marques Júnior, 1997). Assim, os resultados obtidos devem refletir o que normalmente ocorre na maioria dos programas de melhoramento com essa cultura.

As simulações das estimativas das variâncias fenotípicas entre médias das famílias estão apresentadas nas Tabelas de 10 a 18. Inicialmente é preciso enfatizar que as médias das variâncias dos diferentes tamanhos das amostras foram praticamente as mesmas e semelhante à variância estimada com todas as famílias. Esse resultado era esperado, pois como foram simuladas 1.000 amostras de cada tamanho amostral, evidentemente foi possível envolver todas as famílias. Como esperado, em média as variâncias fenotípicas foram semelhantes.

Foi interessante o que ocorreu com a variância fenotípica mínima e máxima: com a redução do tamanho da amostra a amplitude da variância fenotípica foi ampliada. Considerando-se a percentagem da variância nos diferentes tamanhos em relação ao obtido com todas as famílias avaliadas, o comportamento foi semelhante para as nove populações. No caso, por exemplo, de amostras de tamanho 30, a variância fenotípica mínima foi, em média, 63,8% inferior a da variância populacional. Já a variância máxima foi de 101,6% superior a esse valor. Constatou-se que a partir de amostras de tamanho 100 a amplitude de variação foi se reduzindo, e para esse tamanho de amostra, na média das nove populações, a variância fenotípica mínima foi inferior a 33% da populacional e a máxima foi cerca de 35% acima desse valor.

Merecem ser comentadas também as estimativas obtidas para o erro padrão da variância, nos diferentes tamanhos das amostras e nas nove populações (Tabelas de 10 a 18). Como era esperado, o erro associado às variâncias cresceu com a diminuição do tamanho da amostra. Novamente considerando amostras de tamanho 30, o erro padrão da variância, em média, foi de 26,6% do valor da variância fenotípica populacional, enquanto que com o tamanho 100 esse valor foi de apenas 11% da variância.

Utilizando-se a distribuição de  $\chi^2$ , foi estimada a probabilidade de se obter diferentes proporções da estimativa da herdabilidade obtida quando se



avaliou todas as famílias de uma dada população (Figuras de 1 a 9). Observa-se que a probabilidade de se obter herdabilidade nula decresceu com o aumento do tamanho da amostra, sendo que a partir do tamanho 100 a probabilidade foi praticamente zero. A exceção ocorre quando se consideram as famílias da Seleção Recorrente  $S_{0,1}$  em Lavras, cuja probabilidade foi de 4,8%, e na Seleção Recorrente na geração  $S_{0,2}$  em Patos de Minas, em que a probabilidade foi superior a 10,0%. Nota-se que com o menor tamanho da amostra, 30 famílias, a probabilidade de se obter herdabilidade nula variou de 0%, nas famílias da Seleção Recorrente na geração  $S_{0,1}$ , em Lavras (Figura 7), a 27,1%, também obtida na avaliação de famílias da Seleção Recorrente na geração  $S_{0,2}$ , em Patos de Minas (Figura 9).

A mesma tendência foi observada quando se considerou a probabilidade de se obter herdabilidades de 25% e 50% da estimativa populacional. É oportuno salientar que a probabilidade de não se obter a herdabilidade de 75% do valor populacional foi bem acentuada com a redução do tamanho da amostra em todos os casos. Para amostras de tamanho 30, por exemplo, esse valor variou de 20,6%, na geração  $S_{0,1}$  da Seleção Recorrente em Lavras (Figura 7), a 47,5% no cruzamento Carioca-MG x H4, gerações  $F_{2,4}$  e  $F_{3,5}$ , também em Lavras (Figura 1). Nessa mesma situação, com amostras de tamanho 100, a probabilidade foi inferior, mas mesmo assim expressiva, variando de 5,1% na Seleção Recorrente na geração  $S_{0,1}$ , em Lavras (Figura 7), a 39,9% nas famílias da Seleção Recorrente na geração  $S_{0,2}$ , em Patos de Minas (Figura 9).

Nas simulações, foram obtidas também as amplitudes de variação nas produtividades médias de grãos das famílias amostradas, isto é, a diferença entre a maior e menor média em cada tamanho de amostra. Considerando as 1.000 simulações, foi estimada a amplitude média (AM), cujos resultados estão

relacionados nas Tabelas 19, 20 e 21. Constatou-se, como era esperado, que com a redução do tamanho da amostra foi menor a amplitude média de variação.

A partir dos valores da amplitude média de variação e das herdabilidades já mencionados é possível prever o ganho esperado com a seleção. Segundo Falconer (1980), o ganho com a seleção é fornecido por  $GS = ds \cdot h^2$ . Considerando-se a seleção de apenas uma família de maior média para cada tamanho da amostra, o diferencial de seleção (ds) será fornecido por  $ds = AM/2 + m - m$ , sendo m a média geral, então  $ds = AM/2$ . Como a variância fenotípica média foi a mesma para todos os tamanhos das amostras (Tabelas de 10 a 18) e a variância ambiental foi constante, pode-se considerar a herdabilidade entre média das famílias constante para todos os tamanhos da amostra. Então, a diferença no ganho esperado com a seleção será função apenas de  $AM/2$ . É fácil visualizar então (Tabelas 19, 20 e 21) que com o aumento no número de famílias avaliadas maior será o ganho com a seleção. Considerando-se, por exemplo, o cruzamento Carioca-MG x H4 (Tabela 19), a amplitude média com 220 famílias foi de 235,6 kg/ha, já com 30, foi de 159,5 kg/há. Assim o ganho com a seleção, utilizando 220 famílias ( $GS_{220}$ ), será 1,48 vezes superior ao obtido com a utilização de 30 famílias ( $GS_{30}$ ), isto é,  $GS_{220}/GS_{30} = (AM_{220}/2)h^2/(AM_{30}/2)h^2 = 235,6/159,5 = 1,48$ .

Para facilitar o entendimento, pode-se utilizar o diferencial de seleção estandardizado (i), fornecido pela expressão apresentada por Falconer (1980), que é igual a  $i \cdot ds/\sigma_F = AM/2\sigma_F$ . Como já mencionado, considerando o desvio fenotípico entre as médias das famílias constante, foram obtidas as estimativas da intensidade de seleção padronizada para as diferentes populações avaliadas (Tabelas 19, 20 e 21). Novamente fica evidente, que com o aumento do tamanho da amostra o i aumenta.

Utilizando o diferencial de seleção estandardizado, a expressão do ganho com a seleção passa a ser  $GS = i \cdot \sigma_G^2 / \sigma_F^2$ . Como  $\sigma_G^2 / \sigma_F^2$  é constante, o ganho passa ser função apenas da estimativa de  $i$ . Veja que utilizando o mesmo exemplo anterior, do cruzamento Carioca-MG x H4,  $GS_{220} / GS_{30} = i_{220} / i_{30} = 3,1/2,1 = 1,48$ , ou seja, o mesmo valor já referenciado anteriormente.

Registra-se, novamente que quando se considera 100 ou mais famílias, as diferenças na intensidade de seleção estandardizada é pequena. No cruzamento Carioca-MG x H4, o  $i_{100} = 2,7$  e  $i_{220} = 3,1$ , assim a seleção  $GS_{220} / GS_{100} = 1,15$ , ou seja, ao passar de 100 famílias para 220, o acréscimo médio no ganho esperado com a seleção é de apenas 15%. Nessa situação, é questionável se um aumento de 2,2 vezes no número de famílias é compensador.

Vale ressaltar que esse valor de  $i$  pode ser obtido como já mencionado, ou então a partir das tabelas apresentadas por Fisher e Yates (1949). Uma comparação entre os valores obtidos de  $i = AM / 2\sigma_F^2$  e o tabelado é apresentada na Tabela 22, mostrando que a discrepância não é grande. Isso era esperado, pois, com a simulação de 1.000 amostras de cada tamanho, os valores obtidos ajustam a distribuição normal.

Contudo, alguns trabalhos mostram que a partir de uma quantidade fixa de parcelas experimentais, que podem ser manuseadas pelo melhorista, é preferível avaliar um maior número de cruzamentos em detrimento do número de famílias de cada cruzamento. Cooper (1988) apresenta uma proposta de melhoramento com a cultura da soja, que reforça essa observação. Segundo o mesmo autor, deveriam ser realizados 100 cruzamentos por ano e a partir da geração  $F_{2.3}$  seriam avaliadas 30 famílias por cruzamentos sendo a seleção efetuada entre e dentro das famílias.

Propostas como essas e trabalhos de simulação tais como os realizados por Fouilloux e Bannerot (1988) mostram que com pequeno número de famílias pode-se ter sucesso com a seleção. Entretanto, os resultados obtidos nesse trabalho evidenciaram que quando se utiliza um número pequeno de famílias, inferior a 100, a chance de se ter herdabilidade nula, portanto ausência do ganho com a seleção, pode atingir valores expressivos. Na média das nove populações, avaliando-se 30 famílias, esse valor foi de 8,14%. Essa porcentagem cresce quando se considera a probabilidade de não se obter herdabilidade equivalente a  $\frac{1}{2}$  ou  $\frac{3}{4}$  do valor populacional. As observações com relação ao ganho com a seleção também realçam esse fato, o que em princípio, mostra que quando se utiliza um número pequeno de famílias, a probabilidade de sucesso com a seleção é menor, especialmente quando a variabilidade não é grande.

Uma observação que corrobora com esses resultados foi apresentada por Comstock (1964), comentando a respeito do número de famílias e/ou indivíduos a serem autofecundados para se ter sucesso na extração de linhagens de milho. Este autor afirma que não existe nenhuma vantagem em fazer sucessivas amostras de linhagens na mesma população, isto porque a probabilidade de obter valores extremos é a mesma se forem efetuadas amostragens sucessivas de mesmo tamanho. A chance de se obter linhagens superiores aumenta com o incremento no tamanho da amostra.

É necessário enfatizar também que há procedimentos que possibilitam a escolha precoce das populações segregantes mais promissoras (Jinks e Pooni, 1976 e Abreu, 1997). Nesse caso trabalhando-se com um número restrito de cruzamentos pode-se explorar com maior intensidade a variabilidade disponível. Para que isso possa ser feito é necessário maior número de famílias. Pelos resultados obtidos nesse trabalho, esse número deve ser superior a 100.

Finalmente, há alguns relatos na literatura que mostram que a maioria do sucesso dos melhoristas foi obtido quando se cruzou linhagens boas com boas (Rasmusson e Phillips, 1997). Nessa situação, a média das populações segregantes é alta porque envolve linhagens já adaptadas, porém a variabilidade liberada deve ser pequena, já que a divergência entre elas é restrita. Assim, para que a seleção tenha sucesso, os melhoristas devem ser capazes de explorar parcial ou totalmente a pequena variabilidade disponível. Para que isso ocorra, além dos experimentos de avaliação das famílias serem o mais preciso possível, é necessário avaliar um maior número de famílias pelas razões já apresentadas.

TABELA 9 - Coeficiente de variação (C.V.%) e estimativa das herdabilidades ao nível de médias de famílias e de seus respectivos intervalos de confiança da produção de grãos (kg/ha) do feijoeiro.

Material genético	Nº de famílias	Média	C.V. (%)	h <sup>2</sup> (%)	L.I. (%)	L.S. (%)
1 - F <sub>2:4</sub> e F <sub>3:5</sub> . Carioca-MG x H4 inv/97, Lavras-MG	225	1.781,7	24,5	35,5	15,2	50,8
2 - F <sub>2:4</sub> Carioca x FT-Tarumã sec/97, Lavras-MG	196	1.182,9	28,2	28,8	4,5	46,8
3 - F <sub>5:7</sub> . Carioca x Flor de Maio inv/96, Lavras-MG	196	2.547,0	19,0	44,6	25,7	58,6
4 - F <sub>5:8</sub> . Carioca x Flor de Maio sec/97, Lavras-MG	196	2.636,2	14,1	50,3	33,3	62,8
5 - F <sub>5:8</sub> . Carioca x Flor de Maio sec/97, Patos-MG	196	1.319,9	21,8	47,8	30,0	61,0
6 - F <sub>2:4</sub> . A-285 x Esal-645 sec/92, Lavras-MG	169	1.520,1	24,8	62,0	47,7	72,2
7 - S <sub>0:1</sub> Seleção Recorrente sec/92, Lavras-MG	225	1.518,0	26,0	82,0	77,4	85,8
8 - S <sub>0:2</sub> Seleção Recorrente inv/93, Lavras-MG	295	1.898,3	26,7	5,3	-74,2	41,8
9 - S <sub>0:2</sub> Seleção Recorrente inv/93, Patos-MG	190	1.418,0	26,7	17,2	-84,6	54,6

Tabela 10 - Estimativas das variâncias fenotípicas (média, mínima e máxima) da produção de grãos (kg/ha) ao nível de média das famílias para os diferentes tamanhos de amostra, obtidas na avaliação de famílias F<sub>2,4</sub> e F<sub>3,5</sub> do cruzamento Carioca-MG e H-4, no inverno de 1997, em Lavras - MG.

Tamanho da amostra	Variância fenotípica					Erro padrão da variância
	Média ( $\sigma_F^2$ )	Mínima ( $\sigma_{F_{MIN}}^2$ )		Máxima ( $\sigma_{F_{MAX}}^2$ )		
30	149133,7	58389,8	39,4 <sup>1</sup>	322026,0	217,3 <sup>1</sup>	41254,0
40	147657,9	63839,6	43,1	259023,7	174,8	33512,4
50	147671,3	72737,4	49,1	266655,8	179,9	30399,3
60	148771,2	64957,9	43,8	226154,4	152,6	26441,6
70	148122,3	87769,2	59,2	239363,3	161,5	23372,7
80	148567,7	92618,5	62,5	215942,8	145,7	21300,7
90	148347,0	89397,0	60,3	209604,4	141,4	19952,6
100	148547,5	106364,4	71,8	200190,9	135,1	17064,6
110	147515,1	103810,0	70,0	194211,8	131,0	16268,6
120	148190,0	106227,9	71,7	193578,3	130,6	14934,6
130	149281,6	105048,8	70,9	185107,3	124,9	13897,3
140	148129,2	101771,1	68,7	180623,9	121,9	12525,8
150	147506,9	111602,7	75,3	180876,2	122,0	11250,3
160	148213,7	117494,8	79,3	172974,5	116,7	9758,8
170	148264,7	113841,6	76,8	170205,1	114,8	8965,6
180	148307,0	113660,8	76,7	167875,3	113,3	8098,2
190	148376,6	124471,8	84,0	164081,6	110,7	6508,9
200	148301,5	124532,7	84,0	160431,1	108,3	5504,4
210	148516,4	126322,4	85,2	157009,0	105,9	4136,5
220	148166,4	133133,2	89,8	151540,8	102,3	2440,7
225	148200,1	148200,1	100,0	148200,1	100,0	-

<sup>1</sup> - Porcentagem em relação ao maior tamanho da amostra.

Tabela 11 - Estimativas das variâncias fenotípicas (média, mínima e máxima) da produção de grãos (kg/ha) ao nível de média das famílias para os diferentes tamanhos de amostra, obtidas na avaliação de famílias F<sub>3:4</sub> do cruzamento Carioca e FT - Tarumã, na seca 1997, em Lavras - MG.

Tamanho da amostra	Variância fenotípica					Erro padrão da variância
	Média ( $\sigma_F^2$ )	Mínima ( $\sigma_{F_{MN}}^2$ )		Máxima ( $\sigma_{F_{MAX}}^2$ )		
30	198820,2	82171,4	41,5 <sup>1</sup>	449111,6	226,7 <sup>1</sup>	66357,5
40	200006,8	83551,2	42,2	406247,0	205,1	57749,2
50	197460,0	102653,4	51,8	339652,8	171,5	46420,4
60	198679,8	114753,3	57,9	327063,0	165,1	43590,6
70	197262,5	114846,8	58,0	297192,7	150,0	36987,8
80	198404,5	119005,0	60,1	289072,8	145,9	33804,7
90	197361,0	120918,6	61,0	286886,0	144,8	30446,8
100	199413,3	132437,8	66,9	272595,6	137,6	26642,2
110	197076,3	133827,0	67,6	260520,7	131,5	23940,4
120	198252,2	140372,8	70,9	248644,2	125,5	22631,3
130	197530,8	140331,5	70,8	240612,1	121,5	20089,9
140	198627,9	145390,0	73,4	232932,6	117,6	17805,3
150	196732,5	150754,3	76,1	231341,6	116,8	15707,3
160	197675,1	146684,6	74,1	226371,0	114,3	14011,6
170	198273,3	155511,0	78,5	218155,4	110,1	10560,7
180	197913,3	161292,6	81,4	212006,3	107,0	8646,2
190	198259,7	168431,6	85,0	204035,0	103,0	4632,0
196	198083,2	198083,2	100,0	198083,2	100,0	-

<sup>1</sup> - Porcentagem em relação ao maior tamanho da amostra.



Tabela 12 - Estimativas das variâncias fenotípicas (média, mínima e máxima) da produção de grãos (kg/ha) ao nível de média das famílias para os diferentes tamanhos de amostra, obtidas na avaliação de famílias F<sub>5;7</sub> do cruzamento Carioca e Flor de Mayo, no inverno de 1996, em Lavras - MG.

Tamanho da amostra	Variância fenotípica			Erro padrão da variância		
	Média ( $\sigma_F^2$ )	Mínima ( $\sigma_{F_{MN}}^2$ )	Máxima ( $\sigma_{F_{MAX}}^2$ )			
30	213022.9	79826.8	37.6 <sup>1</sup>	392567.4	184.7 <sup>1</sup>	47206.3
40	210874.5	84403.4	39.7	321596.5	151.3	40017.2
50	214476.0	112405.1	52.9	328026.6	154.3	34536.9
60	213016.1	115927.3	54.5	317225.5	149.2	30776.2
70	214191.2	135256.0	63.6	320319.4	150.7	27393.0
80	212827.3	120954.5	56.9	294511.1	138.6	25022.7
90	211829.9	145434.3	68.4	274958.5	129.4	22442.2
100	212438.4	162426.2	76.4	276684.5	130.2	19006.4
110	212933.5	148983.5	70.1	267037.4	125.6	17419.4
120	213099.6	158957.7	74.8	255159.6	120.0	16491.9
130	211746.0	160421.2	75.5	253254.8	119.1	14504.2
140	212158.9	160294.5	75.4	253835.7	119.4	12467.2
150	212883.6	180119.0	84.7	248245.3	116.8	10699.3
160	212307.7	177347.5	83.4	236690.6	111.4	9175.6
170	212762.0	185007.5	87.0	233318.6	109.8	7764.7
180	212422.7	192009.7	90.3	225603.3	106.1	6056.4
190	212525.9	197990.5	93.1	219010.4	103.0	3582.3
196	212552.5	212552.5	100.0	212552.5	100.0	-

<sup>1</sup> - Porcentagem em relação ao maior tamanho da amostra.

Tabela 13 - Estimativas das variâncias fenotípicas (média, mínima e máxima) da produção de grãos (kg/ha) ao nível de média das famílias para os diferentes tamanhos de amostra, obtidas na avaliação de famílias F<sub>5:8</sub> do cruzamento Carioca e Flor de Mayo, na seca de 1997, em Lavras - MG.

Tamanho da amostra	Variância fenotípica					Erro padrão da variância
	Média ( $\sigma_F^2$ )	Mínima ( $\sigma_{F_{MIN}}^2$ )		Máxima ( $\sigma_{F_{MAX}}^2$ )		
30	138873.5	54631.3	39.1 <sup>1</sup>	300770.0	215.5 <sup>1</sup>	36727.6
40	138194.1	62873.4	45.0	247079.4	177.0	30639.4
50	140633.2	75377.4	54.0	245423.8	175.8	27086.2
60	139013.9	68839.4	49.3	223186.7	159.9	24138.5
70	138903.4	80632.8	57.8	213304.7	152.8	20801.8
80	138249.4	90233.4	64.7	189570.1	135.8	18299.7
90	139795.1	91989.8	65.9	193552.8	138.7	17953.6
100	140234.1	83301.6	59.7	182574.4	130.8	15915.8
110	139950.4	95571.9	68.5	181523.2	130.1	13979.2
120	139436.1	102954.3	73.8	171723.4	123.0	12312.0
130	139975.3	102067.9	73.1	172925.3	123.9	11051.2
140	139476.6	111747.8	80.1	167533.9	120.0	10250.9
150	139414.8	103595.4	74.2	159072.3	114.0	8828.5
160	139863.7	111396.8	79.8	156529.4	112.2	7463.4
170	139755.6	113343.4	81.2	153679.5	110.1	6165.5
180	139548.3	118795.2	85.1	148055.9	106.1	4736.7
190	139445.5	125141.9	89.7	143634.0	102.9	2910.5
196	139564.7	139564.7	100.0	139564.7	100.0	-

<sup>1</sup> - Porcentagem em relação ao maior tamanho da amostra.

Tabela 14 - Estimativas das variâncias fenotípicas (média, mínima e máxima) da produção de grãos (kg/ha) ao nível de média das famílias para os diferentes tamanhos de amostra, obtidas na avaliação de famílias F<sub>5:8</sub> do cruzamento Carioca e Flor de Mayo, na seca de 1997, em Patos de Minas - MG.

Tamanho da amostra	Variância fenotípica					Erro padrão da variância
	Média ( $\sigma_F^2$ )	Mínima ( $\sigma_{F_{MIN}}^2$ )		Máxima ( $\sigma_{F_{MAX}}^2$ )		
30	79911,2	28025,1	35,2 <sup>1</sup>	157284,0	197,6 <sup>1</sup>	17934,6
40	79156,9	29060,7	36,5	127486,3	160,2	14841,1
50	80155,3	47726,6	60,0	123622,1	155,3	12615,7
60	79507,7	40775,0	51,2	111624,8	140,3	10948,6
70	79982,2	51616,4	64,9	110652,0	139,0	9917,9
80	79834,7	49650,3	62,4	108697,1	136,6	8847,0
90	79429,8	52504,9	66,0	105675,8	132,8	8152,3
100	79562,9	55594,6	69,9	105072,2	132,0	7492,8
110	79758,5	57511,1	72,3	98169,8	123,3	6542,8
120	79489,2	57616,5	72,4	98685,0	124,0	5897,0
130	79678,3	64626,6	81,2	94418,6	118,6	5142,4
140	79601,2	63226,3	79,4	91700,2	115,2	4740,2
150	79658,7	66716,1	83,8	90112,9	113,2	4084,2
160	79579,1	67975,4	85,4	90335,9	113,5	3488,1
170	79518,2	68911,9	86,6	87510,3	110,0	2981,5
180	79535,3	70950,0	89,1	84520,7	106,2	2323,7
190	79540,3	74930,3	94,1	81916,3	102,9	1295,3
196	79589,9	79589,9	100,0	79589,9	100,0	-

<sup>1</sup> - Porcentagem em relação ao maior tamanho da amostra.

Tabela 15 - Estimativas das variâncias fenotípicas (média, mínima e máxima) da produção de grãos (kg/ha) ao nível de média das famílias para os diferentes tamanhos de amostra, obtidas na avaliação de famílias F<sub>2:4</sub> do cruzamento A-285 e ESAL-645, na seca de 1992, em Lavras - MG.

Tamanho da amostra	Variância fenotípica			Erro padrão da variância		
	Média ( $\sigma_F^2$ )	Mínima ( $\sigma_{F_{MN}}^2$ )	Máxima ( $\sigma_{F_{MAX}}^2$ )			
30	185336,3	62290,3	33,2 <sup>1</sup>	376338,1	200,6 <sup>1</sup>	52056,7
40	189156,0	81797,2	43,6	328595,7	175,1	43055,7
50	188569,2	70193,0	37,4	313538,5	167,1	37671,9
60	188807,3	91979,2	49,0	285417,9	152,1	32052,2
70	186286,6	100480,1	53,5	276337,9	147,3	27302,3
80	189640,3	106210,7	56,6	275361,3	146,7	26436,4
90	187557,9	124734,0	66,5	258162,8	137,6	23617,8
100	188193,9	125079,3	66,7	251381,9	134,0	20197,9
110	188272,1	138071,5	73,6	237111,0	126,4	17584,0
120	188181,8	139210,0	74,2	225081,7	120,0	15271,8
130	187794,7	142170,3	75,8	225988,4	120,4	13285,7
140	187900,9	148838,0	79,3	212610,4	113,3	10748,1
150	187750,5	154893,2	82,5	206218,8	109,9	8720,1
160	187453,2	160271,7	85,4	197060,9	105,0	5977,7
169	187641,5	187641,5	100,0	187641,5	100,0	-

<sup>1</sup> - Porcentagem em relação ao maior tamanho da amostra.

Tabela 16 - Estimativas das variâncias fenotípicas (média, mínima e máxima) da produção de grãos (kg/ha) ao nível de média das famílias para os diferentes tamanhos de amostra, obtidas na avaliação de famílias  $S_{0:1}$  (seleção recorrente), na seca 1992, em Lavras - MG.

Tamanho da amostra	Variância fenotípica			Erro padrão da variância		
	Média ( $\sigma_F^2$ )	Mínima ( $\sigma_{F_{MIN}}^2$ )	Máxima ( $\sigma_{F_{MAX}}^2$ )			
30	287502,0	105021,8	36,5 <sup>1</sup>	536923,7	186,4 <sup>1</sup>	72077,6
40	286456,7	136740,8	47,5	494262,6	171,6	58180,3
50	286704,6	156978,2	54,5	426700,5	148,1	49311,9
60	287085,3	150117,6	52,1	413154,5	143,4	44884,3
70	288575,7	155028,7	53,8	425063,5	147,6	41017,0
80	289910,0	176966,8	61,4	399805,4	138,8	35379,9
90	290408,0	198526,8	68,9	397786,3	138,1	32947,1
100	288320,0	205859,8	71,5	391520,2	135,9	29535,2
110	288429,3	188813,1	65,6	364817,6	126,7	28332,3
120	288553,0	210946,6	73,2	399812,6	138,8	25601,5
130	288427,7	199700,3	69,3	352742,7	122,5	23531,3
140	289090,4	210189,6	73,0	354230,5	123,0	21340,8
150	288002,1	226153,3	78,5	350124,9	121,6	18489,4
160	288408,2	222745,5	77,3	334417,9	116,1	16723,9
170	288465,8	231201,1	80,3	328228,7	114,0	15434,8
180	287778,0	231566,7	80,4	323221,4	112,2	13637,9
190	287417,9	250707,7	87,0	317627,6	110,3	11661,2
200	288091,3	254857,4	88,5	310774,2	107,9	9186,7
210	287613,9	255323,3	88,6	303773,6	105,5	7590,5
220	287941,3	271857,8	94,4	294288,4	102,2	4084,8
225	288039,0	288039,0	100,0	288039,0	100,0	-

<sup>1</sup> - Porcentagem em relação ao maior tamanho da amostra.

Tabela 17 - Estimativas das variâncias fenotípicas (média, mínima e máxima) da produção de grãos (kg/ha) ao nível de média das famílias para os diferentes tamanhos de amostra, obtidas na avaliação de famílias S<sub>0:2</sub> (seleção recorrente), no inverno de 1993, em Lavras - MG.

Tamanho da amostra	Variância fenotípica					Erro padrão da variância
	Média ( $\sigma_F^2$ )	Mínima ( $\sigma_{F_{MIN}}^2$ )		Máxima ( $\sigma_{F_{MAX}}^2$ )		
30	400810,6	129566,1	32,0 <sup>1</sup>	726635,1	179,4 <sup>1</sup>	95786,6
40	406152,5	195224,4	48,2	655818,9	161,9	80809,1
50	404453,7	191893,9	47,4	608245,9	150,2	72783,4
60	405948,0	220497,2	54,4	632584,0	156,2	62310,6
70	404361,5	231913,0	57,2	601035,7	148,4	61401,4
80	406677,0	247632,9	61,1	590631,3	145,8	54992,6
90	406891,8	262587,1	64,8	579980,0	143,2	51470,6
100	403887,3	261988,6	64,7	571722,0	141,1	46559,3
110	403630,7	254804,0	62,9	527990,2	130,3	41904,6
120	406133,4	279985,3	69,1	537556,7	132,7	40433,9
130	404368,5	276798,5	68,3	503986,3	124,4	35707,5
140	404577,9	300508,1	74,2	511435,1	126,3	35661,1
150	405424,0	303750,0	75,0	514207,6	126,9	32802,0
160	404617,4	316930,4	78,2	486006,3	120,0	29467,5
170	403136,0	309652,4	76,4	486748,7	120,2	28581,0
180	406498,6	327760,6	80,9	493881,4	121,9	25565,6
190	406127,1	314150,7	77,6	473189,2	116,8	25763,3
200	405116,1	329312,6	81,3	487749,7	120,4	22575,1
210	405269,9	334255,5	82,5	468558,9	115,7	20990,0
220	406179,2	351230,6	86,7	459818,3	113,5	18868,9
230	405107,3	348591,4	86,1	451996,4	111,6	17645,2
240	404495,6	340910,7	84,2	450513,2	111,2	15759,1
250	405702,4	355497,2	87,8	448577,6	110,7	14191,9
260	404788,2	346485,4	85,5	436298,6	107,7	11776,3
270	405524,4	373996,1	92,3	429006,5	105,9	9818,4
280	404967,4	373190,0	92,1	421546,3	104,1	7823,2
290	405084,1	384418,2	94,9	411784,4	101,7	4521,7
295	405089,5	405089,5	100,0	405089,5	100,0	-

<sup>1</sup> - Porcentagem em relação ao maior tamanho da amostra.

Tabela 18 - Estimativas das variâncias fenotípicas (média, mínima e máxima) da produção de grãos (kg/ha) ao nível de média das famílias para os diferentes tamanhos de amostra, obtidas na avaliação de famílias S<sub>0:2</sub> (seleção recorrente), no inverno 1993, em Patos de Minas - MG.

Tamanho da amostra	Variância fenotípica					Erro padrão da variância
	Média ( $\sigma_F^2$ )	Mínima ( $\sigma_{F_{MIN}}^2$ )		Máxima ( $\sigma_{F_{MAX}}^2$ )		
30	260022,5	78186,8	30,9 <sup>1</sup>	520773,0	205,9 <sup>1</sup>	78060,7
40	263643,3	73070,5	28,9	514076,9	203,2	64929,0
50	258977,5	98192,9	38,8	425669,4	168,3	54995,2
60	264236,2	113463,3	44,9	421906,8	166,8	49487,8
70	261885,2	150718,9	59,6	412371,1	163,0	42966,1
80	263033,6	165100,9	65,3	380670,9	150,5	40041,6
90	261454,5	160017,5	63,3	357567,1	141,4	35147,1
100	262488,6	160103,8	63,3	360893,7	142,7	31189,8
110	261906,6	176580,7	69,8	349274,4	138,1	28317,6
120	260949,0	187183,3	74,0	331848,0	131,2	26190,9
130	261911,9	181944,0	71,9	325444,4	128,7	23709,2
140	262889,9	192269,3	76,0	309067,3	122,2	19911,6
150	262871,1	206006,3	81,4	306619,8	121,2	16395,2
160	261218,4	188578,5	74,6	294968,2	116,6	14912,1
170	261512,3	226427,5	89,5	286949,5	113,4	11310,6
180	262058,4	231270,3	91,4	275187,1	108,8	7713,8
190	252931,2	252931,2	100,0	252931,2	100,0	-

<sup>1</sup> - Porcentagem em relação ao maior tamanho da amostra.

Tabela 19. Amplitudes médias (AM), produção de grãos (kg/ha) e a intensidade de seleção padronizada, considerando a seleção do indivíduo extremo para os diferentes tamanhos da amostra.

Tamanho da amostra	Progênes					
	Carioca-MG x H4		Carioca x FT-Tarumã		A-285 x Esal-645	
	A M	$i_{cal.}^1$	A M	$i_{cal.}^1$	A M	$i_{cal.}^1$
30	159,5	2,1	187,7	2,1	188,9	2,2
40	169,6	2,2	204,0	2,3	205,7	2,4
50	179,1	2,3	213,5	2,4	215,4	2,5
60	187,7	2,4	228,0	2,6	222,6	2,6
70	193,0	2,5	235,0	2,6	230,9	2,7
80	199,9	2,6	247,5	2,8	239,4	2,8
90	203,9	2,6	251,2	2,8	244,0	2,8
100	210,0	2,7	266,1	3,0	248,8	2,9
110	211,8	2,8	268,0	3,0	253,7	2,9
120	216,0	2,8	278,4	3,1	256,7	3,0
130	220,3	2,9	282,1	3,2	259,9	3,0
140	222,4	2,9	291,7	3,3	264,6	3,1
150	224,7	2,9	294,6	3,3	266,5	3,1
160	228,4	3,0	301,6	3,4	268,8	3,1
170	229,5	3,0	310,0	3,5	-	-
180	231,0	3,0	314,9	3,5	-	-
190	232,6	3,0	321,7	3,6	-	-
200	233,8	3,0	-	-	-	-
210	234,9	3,1	-	-	-	-
220	235,6	3,1	-	-	-	-

<sup>1</sup> -  $i_{cal.}$  - Índice de seleção calculado.



Tabela 20. Amplitudes médias (AM), produção de grãos (kg/ha) e a intensidade de seleção padronizada, considerando a seleção do indivíduo extremo para os diferentes tamanhos da amostra.

Tamanho da amostra	Progênes					
	Carioca x Flor de Mayo <sup>1</sup>		Carioca x Flor de Mayo <sup>2</sup>		Carioca x Flor de Mayo <sup>3</sup>	
	A M	i <sub>cal.</sub> <sup>4</sup>	A M	i <sub>cal.</sub> <sup>4</sup>	A M	i <sub>cal.</sub> <sup>4</sup>
30	1847,3	2,0	1574,5	2,1	1119,4	2,0
40	1932,3	2,1	1694,3	2,3	1160,7	2,1
50	1999,4	2,2	1806,2	2,4	1208,2	2,1
60	2028,9	2,2	1878,3	2,5	1221,2	2,2
70	2064,9	2,2	1940,8	2,6	1241,8	2,2
80	2082,8	2,3	1991,8	2,7	1264,0	2,2
90	2101,3	2,3	2052,6	2,7	1272,0	2,3
100	2120,1	2,3	2116,4	2,8	1287,0	2,3
110	2138,9	2,3	2142,1	2,9	1300,1	2,3
120	2148,0	2,3	2180,7	2,9	1307,9	2,3
130	2156,2	2,3	2222,9	3,0	1320,5	2,3
140	2166,3	2,3	2232,6	3,0	1331,3	2,4
150	2175,6	2,4	2263,3	3,0	1342,0	2,4
160	2181,2	2,4	2284,2	3,1	1349,5	2,4
170	2190,4	2,4	2300,0	3,1	1357,8	2,4
180	2194,3	2,4	2313,5	3,1	1367,5	2,4
190	2202,0	2,4	2323,9	3,1	1375,9	2,4

<sup>1</sup> - Geração F<sub>5:7</sub> plantio em Lavras - MG.

<sup>2</sup> - Geração F<sub>5:8</sub> plantio em Lavras - MG.

<sup>3</sup> - Geração F<sub>5:8</sub> plantio em Patos de Minas - MG.

<sup>4</sup> - i<sub>cal</sub> - Índice de seleção calculado.

Tabela 21. Amplitudes médias (AM), produção de grãos (kg/ha) e a intensidade de seleção padronizada, considerando a seleção do indivíduo extremo para os diferentes tamanhos da amostra.

Tamanho da amostra	Progênes						
	S <sub>0:1</sub> Lavras/92		S <sub>0:1</sub> Lavras/93		S <sub>0:1</sub> Patos de Minas/93		
	A M	i <sub>cal.</sub> <sup>1</sup>	A M	i <sub>cal.</sub> <sup>1</sup>	A M	i <sub>cal.</sub> <sup>1</sup>	i <sub>tab.</sub> <sup>1</sup> (%)
30	215,7	2,0	257,4	2,0	228,2	2,2	2,02
40	224,9	2,1	273,3	2,1	245,6	2,4	2,13
50	232,8	2,2	282,0	2,2	255,0	2,5	2,34
60	237,7	2,2	291,5	2,3	267,4	2,6	2,42
70	241,7	2,3	297,9	2,3	273,3	2,7	2,49
80	244,8	2,3	301,8	2,4	280,3	2,7	2,54
90	247,8	2,3	306,2	2,4	286,0	2,8	2,59
100	248,9	2,3	310,3	2,4	292,7	2,9	2,63
110	250,8	2,3	312,0	2,5	296,8	2,9	2,66
120	252,7	2,4	315,7	2,5	301,3	2,9	2,70
130	254,5	2,4	318,7	2,5	304,5	3,0	2,73
140	255,7	2,4	322,1	2,5	308,1	3,0	2,75
150	256,9	2,4	323,9	2,5	312,9	3,1	2,78
160	257,6	2,4	325,5	2,6	314,5	3,1	2,80
170	258,5	2,4	326,5	2,6	318,1	3,1	2,82
180	259,5	2,4	330,2	2,6	321,7	3,1	2,84
190	260,0	2,4	330,2	2,6	325,0	3,2	2,86
200	260,7	2,4	333,3	2,6	-	-	2,88
210	261,2	2,4	333,8	2,6	-	-	2,89
220	261,9	2,4	335,5	2,6	-	-	2,91
230	-	-	336,6	2,6	-	-	2,92
240	-	-	337,6	2,7	-	-	2,94
250	-	-	339,6	2,7	-	-	2,95
260	-	-	340,2	2,7	-	-	2,96
270	-	-	341,8	2,7	-	-	2,97
280	-	-	343,2	2,7	-	-	2,99
290	-	-	344,4	2,7	-	-	3,00
295	-	-	364,0	2,9	-	-	3,01

<sup>1</sup> - i<sub>cal.</sub> e i<sub>tab.</sub> (%) - Índice de seleção calculado e índice de seleção tabelado.

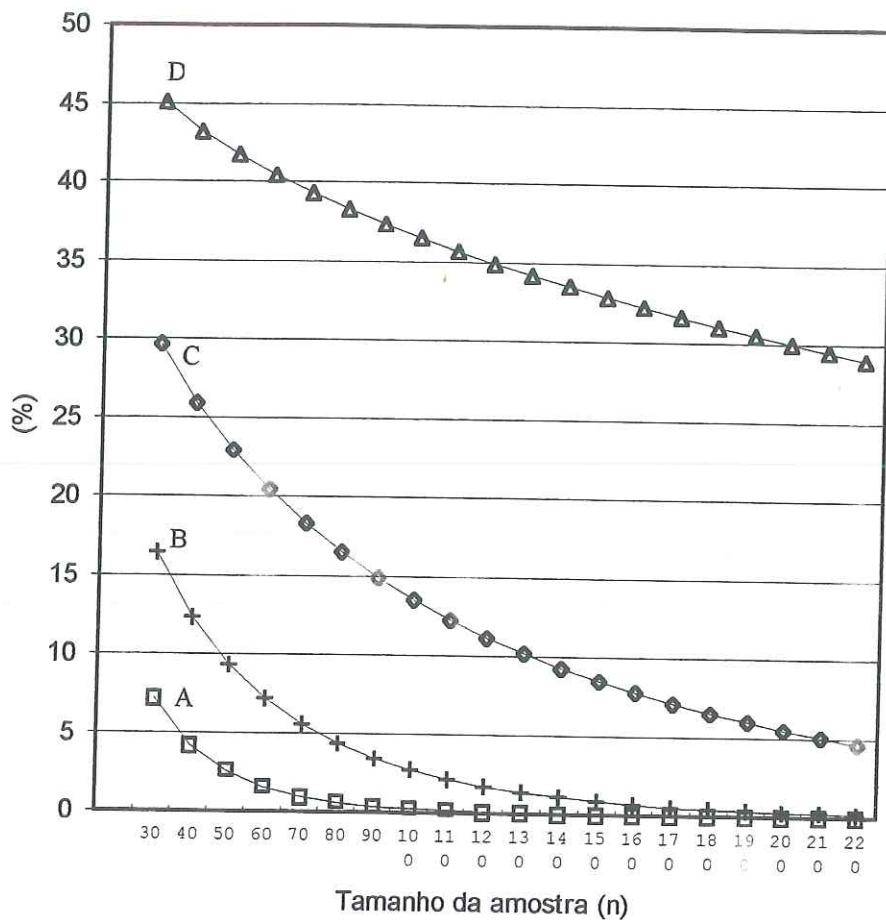


FIGURA 1 - Probabilidade de se obter diferentes proporções da herdabilidade ( $h^2$ ) obtida com a avaliação de 225 famílias  $F_{2,4}$  e  $F_{3,5}$  cruzamento Carioca-MG x H4, no inverno de 1997, em Lavras-MG, para os diferentes tamanhos de amostra (A = 0%  $h^2$ , B = 25%  $h^2$ , C = 50%  $h^2$  e D = 75%  $h^2$ ).

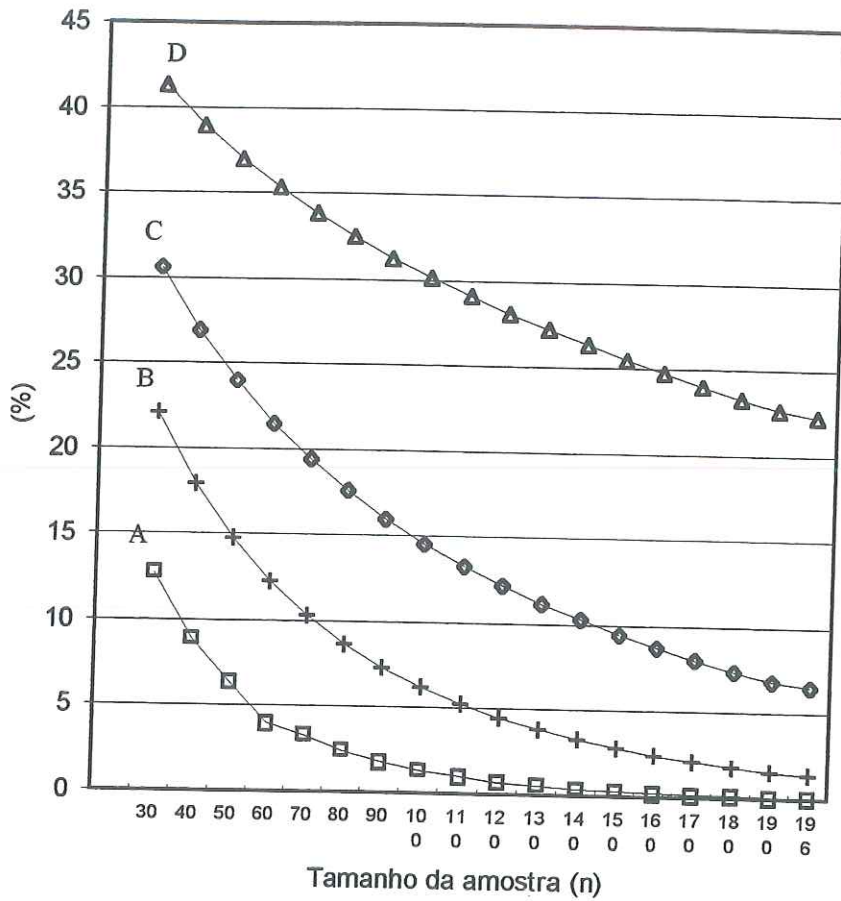


FIGURA 2 - Probabilidade de se obter diferentes proporções da herdabilidade ( $h^2$ ) obtida com a avaliação de 196 famílias  $F_{2,4}$  do cruzamento Carioca x FT-Tarumã, na seca de 1997, em Lavras-MG, para os diferentes tamanhos de amostra (A = 0%  $h^2$ , B = 25%  $h^2$ , C = 50%  $h^2$  e D = 75%  $h^2$ ).

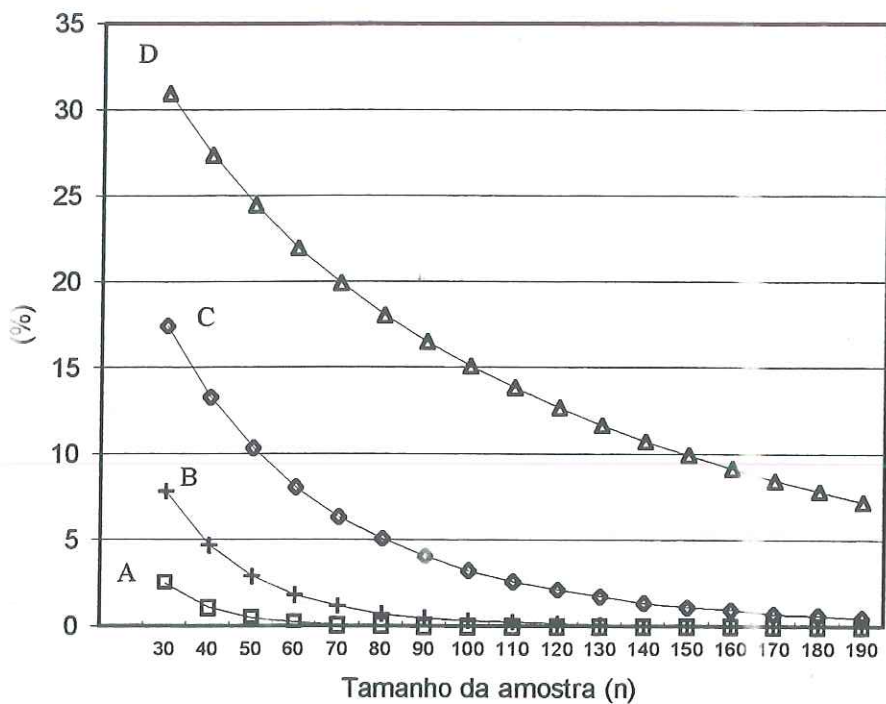


FIGURA 3 - Probabilidade de se obter diferentes proporções da herdabilidade ( $h^2$ ) obtida com a avaliação de 196 famílias  $F_{5,7}$  do cruzamento Carioca x Flor de Mayo, no inverno de 1996, em Lavras-MG, para os diferentes tamanhos de amostra (A = 0%  $h^2$ , B = 25%  $h^2$ , C = 50%  $h^2$  e D = 75%  $h^2$ ).

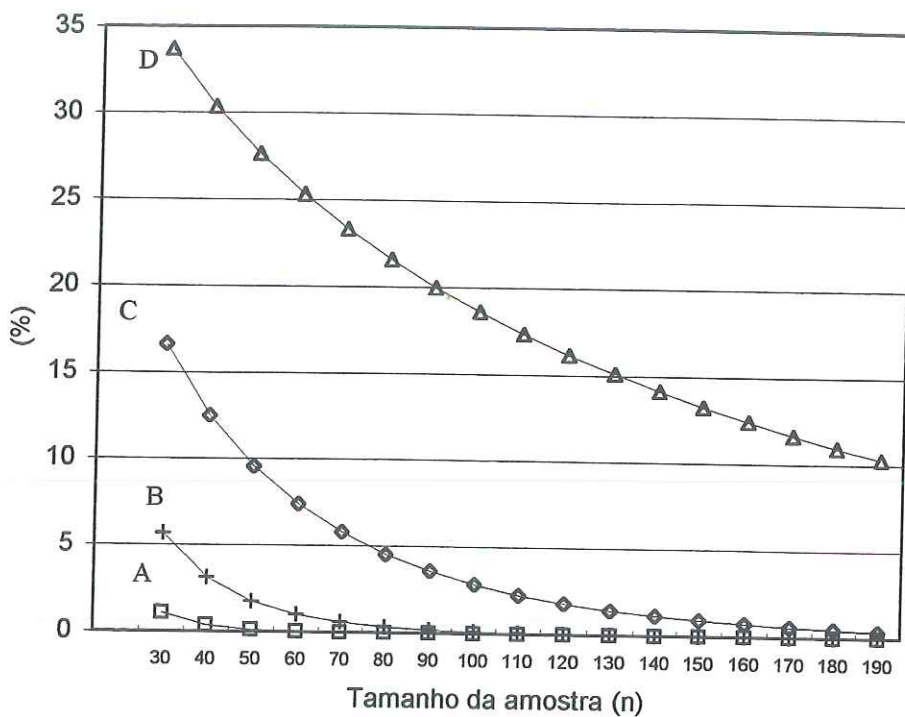


FIGURA 4 - Probabilidade de se obter diferentes proporções da herdabilidade ( $h^2$ ) obtida com a avaliação de 196 famílias  $F_{5,8}$  do cruzamento Carioca x Flor de Mayo, na seca de 1996, em Lavras-MG, para os diferentes tamanhos de amostra (A = 0%  $h^2$ , B = 25%  $h^2$ , C = 50%  $h^2$  e D = 75%  $h^2$ ).

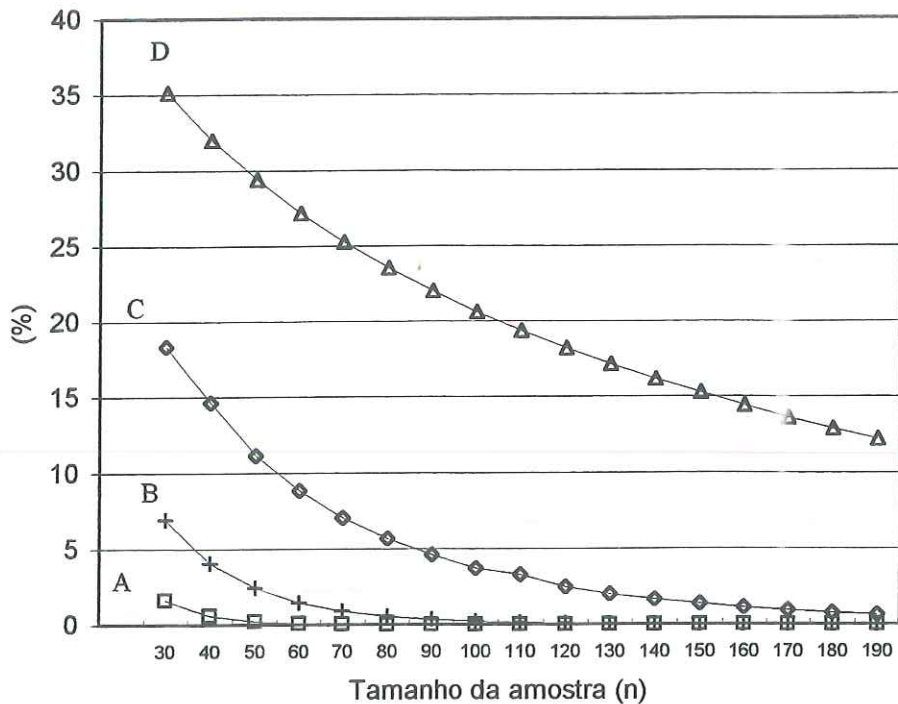


FIGURA 5 - Probabilidade de se obter diferentes proporções da herdabilidade ( $h^2$ ) obtida com a avaliação de 196 famílias  $F_{5:8}$  do cruzamento Carioca x Flor de Mayo, na seca de 1996, em Patos de Minas - MG, para os diferentes tamanhos de amostra (A = 0%  $h^2$ , B = 25%  $h^2$ , C = 50%  $h^2$  e D = 75%  $h^2$ ).

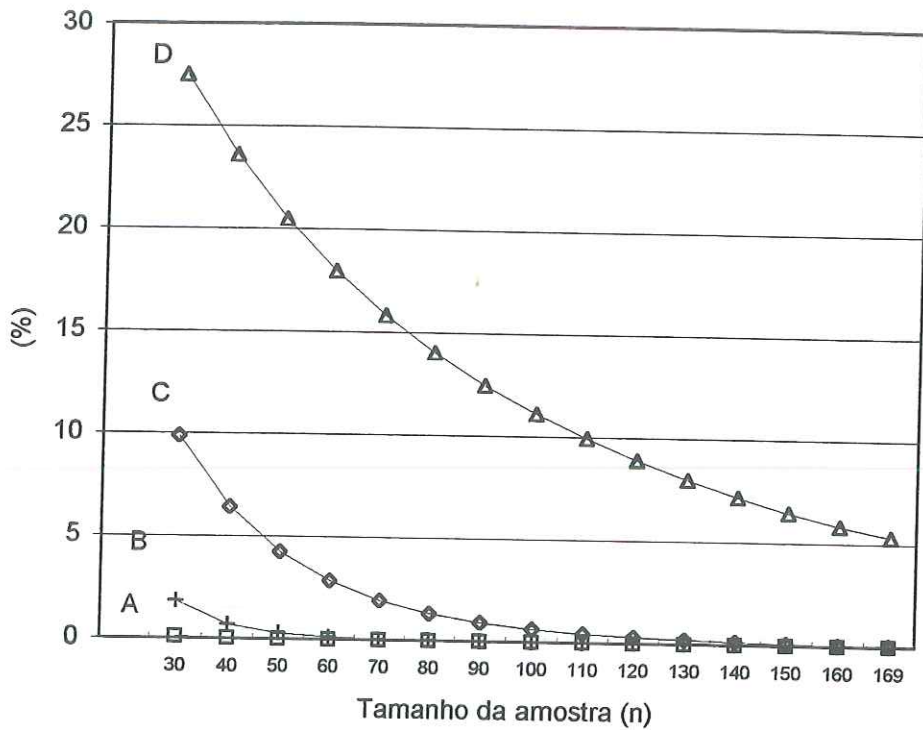


Figura 6 - Probabilidade de se obter diferentes proporções da herdabilidade ( $h^2$ ) obtida com a avaliação de 169 famílias  $F_{2:4}$  do cruzamento A-285 x Esal-645, na seca de 1992, em Lavras-MG, para os diferentes tamanhos de amostra (A = 0%  $h^2$ , B = 25%  $h^2$ , C = 50%  $h^2$  e D = 75%  $h^2$ ).



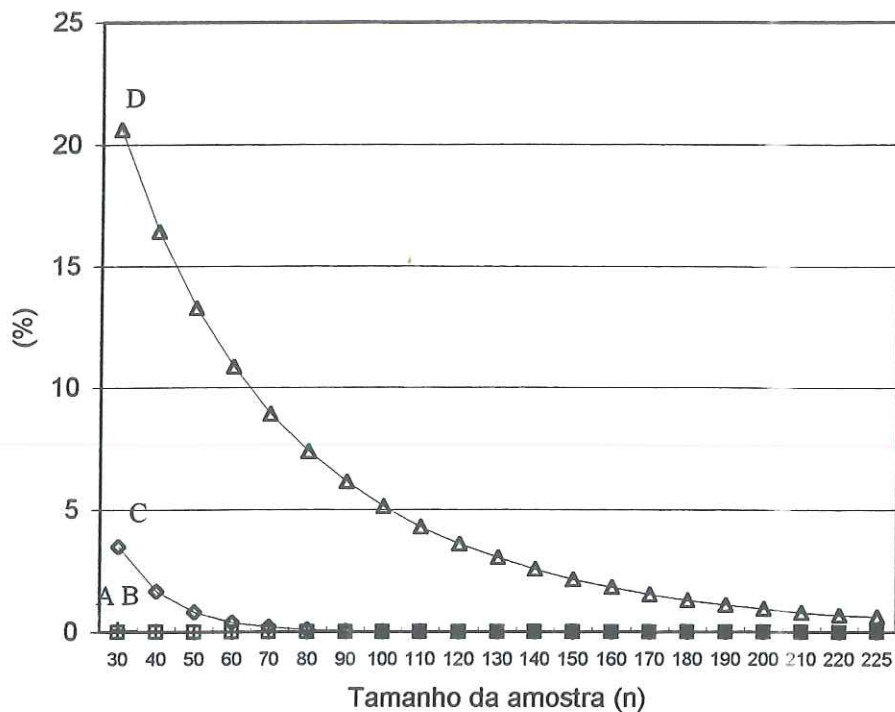


Figura 7 - Probabilidade de se obter diferentes proporções da herdabilidade ( $h^2$ ) obtida com a avaliação de 225 famílias  $S_{0.1}$  da Seleção Recorrente, na seca de 1992, em Lavras-MG, para os diferentes tamanhos de amostra (A = 0%  $h^2$ , B = 25%  $h^2$ , C = 50%  $h^2$  e D = 75%  $h^2$ ).

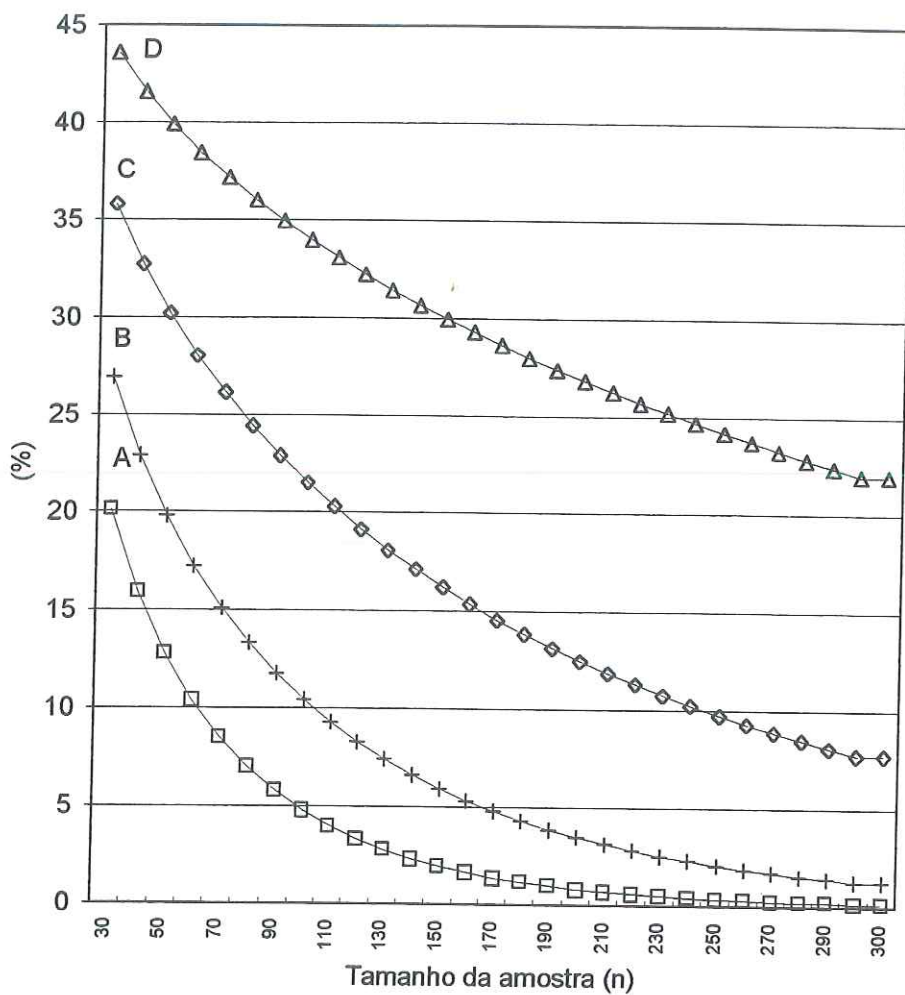


Figura 8 - Probabilidade de se obter diferentes proporções da herdabilidade ( $h^2$ ) obtida com a avaliação de 295 famílias  $S_{0.2}$  da Seleção Recorrente, no inverno de 1993, em Lavras-MG, para os diferentes tamanhos de amostra (A = 0%  $h^2$ , B = 25%  $h^2$ , C = 50%  $h^2$  e D = 75%  $h^2$ ).

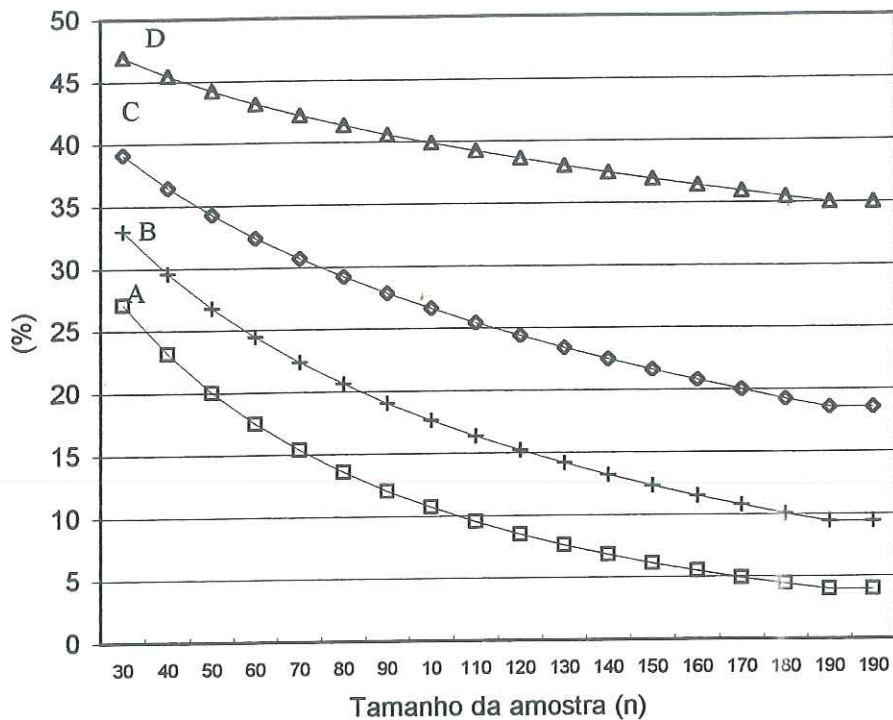


Figura 9 - Probabilidade de se obter diferentes proporções da herdabilidade ( $h^2$ ) obtida com a avaliação de 190 famílias  $S_{0.2}$  da Seleção Recorrente, no inverno de 1993, em Patos de Minas - MG, para os diferentes tamanhos de amostra (A = 0%  $h^2$ , B = 25%  $h^2$ , C = 50%  $h^2$  e D = 75%  $h^2$ ).

## CONCLUSÃO

Nas condições da precisão experimental em que são conduzidos os programas de melhoramento do feijoeiro na região, com a utilização de um número de famílias inferiores a 100, a probabilidade de sucesso com a seleção é reduzida.

## REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- ABREU, A. de F.B. Avaliação de progênies de feijoeiro do cruzamento "Carioca 80 x Rio Tibagi" em diferentes densidades de plantio. Lavras: UFLA, 1989. 63p. (Dissertação - Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas).
- ABREU, A. de F.B. Predição do potencial genético de populações segregantes do feijoeiro utilizando genitores inter-raciais. Lavras: UFLA, 1997. 80p. (Tese - Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas).
- AGGARWAL, V.D.; SINGH, T.P. Genetic variability and interrelation in agronomic traits in kidney-bean *Phaseolus vulgaris* L. *Indian Journal of Agricultural Science*, New Delhi, v.43, n.9, p.845-848, 1973.
- ALLARD, R.W. Princípios do melhoramento genético das plantas. Rio de Janeiro, Edgard Blücher, 1971. 381p.
- BAILEY, T.B. JR.; COMSTOCK, R.E. Linhage and the synthesis of better genotypes in self-fertilizing species. *Crop Science*, Madison, v.16, p.363-370, 1976.
- BAKER, R.J. Quantitative genetic principles in plant breeding. In: GUSTAFSON, J.P. (ed.). Gene manipulation in plant improvement. Columbia: Universidade of Missouri, 1984, p.147-176.
- BARBOSA, M.H.P. Capacidade combinatória e comparação entre critérios de seleção de clones de batata (*Solanum tuberosum* L.). Lavras:UFLA, 1996. 141p. (Tese - Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas).
- BORÉM, A. Melhoramento de plantas. Viçosa: UFV, 1997. 547p.
- CAMACHO, L.H.; CARDONA, C.; OROZCO, S.H. Variâncias genéticas y heredabilidad en caracteres quantitativos del frijol. In: CONGRESSO NACIONAL DE INGENIEROS AGRONOMOS, 3, Manizales, 1965. Memórias... Manizales: Ministério da Agricultura, 1965. p.86-87.

- CHASE, W.; BOWN, F. *General statistics*. John Wiley e Sons In, New York. 2.ed. 1992. 645p.
- CHUNG, S.H.; STEVENSON, E. Diallel analysis of the genetic variation in some quantitative traits in dry beans. *New Zeland Journal of Agricultural Research*, Wellington, v.16, p.223-231, 1973.
- COLLICCHIO, E. *Associação entre o porte da planta do feijoeiro e o tamanho dos grãos*. Lavras: UFLA, 1995. 98p. (Dissertação - Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas).
- COMSTOCK, R.E. Selection procedures in corn improvement. In: \_\_\_\_\_. St. Paul: 1964. p.87-94.
- COMSTOCK, R.E. Quantitative genetics in maize breeding. In: WALDEW, O.B., ed. *Maize breeding and genetics*. New York: Wiley and Sons, 1978. p.191-206.
- COOPER, R.L. Mejoramento por rendimento en soya: prueba de generacion temprana y adaptacion especifica a ambientes de alto rendimiento versus ambientes de bajo rendimiento. In: \_\_\_\_\_. 1988.
- COYNE, D.P. Correlation, heritability and selection of yield components in field beans, *Phaseolus vulgaris* L. *Proceedings of the American Society for Horticultural Science*, Maryland, v.93, n.5, p.388-396, 1968.
- DAVIS, J.H.C.; EVANS, A.M. Selection indices using plant type characteristics in navy beans (*Phaseolus vulgaris* L.). *The Journal of Agricultural Sciences*, Cambridge, v.89, n.2, p.341-348, 1977.
- ESCRIBANO, M.R.; RON, A.M. de.; AMURRIO, J.M.; DE, RON A.M. Diversity in agronomical traits in common bean populations from Northwestern Spain. *Euphytica*, Wageningen, v.76, n.1-2, p.1-6, 1994.
- FALCONER, D.S. *Introdução à genética quantitativa*. Viçosa: UFV, 1980. 279p.
- FEHR, W.R. Heritability. In: \_\_\_\_\_. *Principles of cultivar development: theory and technique*. New York: Macmillan Publishing Company, 1987. v.1, 279p.

- FISHER, R.A.; YATES, F. **Statistical tables for biological research**. London: Oliver and Boyd, 1949. 112p.
- FOUILLOUX, G.; BANNEROT, H. Selection methods in common bean (*Phaseolus vulgaris* L.). In: GEPTS, P. (ed.). **Genetic resources of Phaseolus bean**. Dordrecht: Klüner Academic Publishers, 1988. 611p.
- 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**, Madison, v.46, p.541-544, 1954.
- GONÇALVES, P.R. **Obtenção de linhagens de feijoeiro (*Phaseolus vulgaris* L.) com grão tipo Carioca resistente a antracnose e mancha angular**. Lavras: UFLA, 1995. 65p. (Dissertação - Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas).
- JANSSEN, W.; TEIXEIRA, S.M.; THUNG, M. Adoção de cultivares melhoradas de feijão em estados selecionados no Brasil. **Revista de Economia Rural**, Brasília, v.30, n.4, p.321-338, out./dez. 1992.
- JINKS, J.L.; POONI, H.S. Predicting the properties of recombinant inbred lines derived by single seed descent. **Heredity**, Edinburgh, v.36, n.2, p.253-266, 1976.
- ✓ KNAPP, S.J.; STROUP, W.W.; ROSS, W.M. Exact confidence intervals for heritability on a progeny mean basis. **Crop Science**, Madison, v.25, n.1 p.192-194, 1985.
- ✓ KORNEGAY, J.; WHITE, J.W.; DE-LA-CRUZ, O.O.; DE-LA-CRUZ O. O. Growth habit and gene pool effects on inheritance of yield in common bean. **Euphytica**, Wageningen, v.62, n.3, p.171-180, 1992.
- MARQUES JR., O.G. **Eficiência de experimentos com a cultura do feijão**. Lavras: UFLA, 1997. 80p. (Tese - Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas).
- MELO, L.C. **Escolha de genitores visando a obtenção de cultivares de feijoeiro tolerantes à baixa temperatura na fase adulta**. Lavras: UFLA, 1996. 86p. (Dissertação - Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas).

- ✓ NIENHUIS, J.; SINGH, S.P. Genetics of seed yield and its components in common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) of middle american origin. II. Genetic variance heritability and expected response from selection. **Plant Breeding**, Berlin, v.101, p.105-106, 1988.
- ✓ NYQUIST, N.E. Estimation of heritability and prediction of selection response in plant populations. **Critical Reviews in Plant Sciences**, Boca Raton, v.10, n.3, p.295-308, 1991.
- ✓ OTUBO, S.T. Controle genético da tolerância do feijoeiro (*Phaseolus vulgaris* L.) a baixas temperaturas na fase de germinação. Lavras: UFLA, 1994. 50p. (Dissertação - Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas).
- ✓ PANIAGUA, C.V.; PINCHINAT, A.M. Criterios de selección para mejorar el rendimiento de grano en frijol (*Phaseolus vulgaris* L.). **Turrialba**, San José, v.26, n.2, p.126-131, 1976.
- ✓ PEREIRA FILHO, I.A.; RAMALHO, M.A.P.; FERREIRA, S. Avaliação de progênies de feijão e estimativas de parâmetros genéticos na região do Alto São Francisco em Minas Gerais. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v.22, p.987-993, 1987.
- ✓ PETERNELLI, L.A.; CARDOSO, A.A.; CRUZ, C.D.; VIEIRA, C.; FURTADO, M.R. Heritability and correlation of grain yield and yield components of common bean in sole crop and intercropped with maize. **Revista Ceres**, Viçosa, v.41, n.235, p.306-316, 1994.
- PINTO, R.M.C. **Tamanho da amostra para seleção recorrente com progênies S<sub>1</sub> em milho**. Piracicaba: USP/ESALQ, 1996. 92p. (Dissertação - Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas).
- ✓ POLIGNANO, G.B. Heritable variation of some agronomic traits in *Phaseolus vulgaris* L. **Genética Agrária**, Roma, v.87, n.1, p.69-82, 1983.
- RAMALHO, M.A.P. Melhoramento do Feijoeiro In: **SIMPÓSIO SOBRE ATUALIZAÇÃO EM GENÉTICA E MELHORAMENTO DE PLANTAS**. n.1, Lavras, 1997. **Anais...** Lavras: UFLA-GEN, 1997. p167-196.



- ✓ RAMALHO, M.A.P.; ANDRADE, L.A.B.; TEIXEIRA, N.C.S. Correlações genéticas e fenotípicas entre caracteres do feijão (*Phaseolus vulgaris* L.). *Ciência e Prática*, Lavras, v.3, n.1, p.63-70, jan/jun, 1979.
- ✓ RAMALHO, M.A.P.; PINTO, C.A.B.P.; SANTA CECÍLIA, F.C. Avaliação de amostras de cultivares de feijão roxo e seleção de progênes. *Ciência e Prática*, Lavras, v.6, n.1, p.35-43, jan/jun, 1982.
- ✓ RAMALHO, M.A.P.; SANTOS, J.B. dos; CECÍLIA, F.C.S.; ANDRADE, M.A. Seleção de progênes no feijão "Pintado" e estimativas dos parâmetros genéticos e fenotípicos. *Ciência e Prática*, Lavras, v.3, n.1, p.51-57, jan/jun, 1979.
- ✓ RAMALHO, M.A.P.; SANTOS, J.B. dos; SANTA CECÍLIA, F.C. Seleção de progênes no feijão pintado e estimativa dos parâmetros genéticos e fenotípicos. *Ciência e Prática*, Lavras, v.3, n.1, p.51-57, jan/jun, 1979.
- ✓ RAMALHO, M.A.P.; SANTOS, J.B. dos; ZIMMERMANN, M.J. de O. **Genética quantitativa aplicada em plantas autógamas: Aplicações ao melhoramento do feijoeiro.** Goiânia: UFG, 1993. 271p.
- ✓ RANALLI, P. Phenotypic recurrent selection in common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) based on performance of S<sub>2</sub> progenies. *Euphytica*, Wageningen, v.87, n.2, p.127-132, 1996.
- RASMUSSEN, D.C.; PHILLIPS, R.L. Plant breeding progress and genetic diversity from de novo variation and elevated epistasis. *Crop Science*, Madison, v.37, p.303-310, 1997.
- RAWLINGS, J.O. Long - and short-term recurrent selection in finite populations - choice of population size. In: PROCEEDING WORLD SOYBEAN RESEARCH CONFERENCE, 2, Raleigh, 1979. *Anais...* Raleigh, 1979. p.201-215.
- ✓ SANTOS, J.B. dos; VENCOVSKY, R.; RAMALHO, M.A.P. Controle genético da produção de grãos e seus componentes primários em feijoeiro. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, Brasília, v.20, n.10, p.1203-1211, 1985.

- SANTOS, P.C. dos; CARDOSO, A.A.; VIEIRA, C.; SILVA, J.C. Herdabilidade e correlações do rendimento com seus componentes em dois cruzamentos de feijão. *Revista Ceres*, Viçosa, v.33, n.189, p.404-417, 1986.
- SCULLY, B.T.; WALLACE, D.H.; VIANDS, D.R. Heritability and correlation of biomass, growth rates, harvest index, and phenology to the yield of common beans. *J. Am. Soc. Hortic. Sci.*, Maryland, v.116, n.1, p.127-130, 1991.
- SHEBESKI, L.H. Wheat and breeding. In: PROCEEDING CANADIAN CENTENNIAL WHEAT SYMPOSIUM. Calgary, 1967. *Anais...* Calgary, 1967, p.253-272.
- SINGH, S.P. Bean genetics. In: A. VAN SCHOONHOVEN; O. VOYSEST. *Common beans, research for crop improvement*. Mexico: C.A.B. CIAT, 1991. 981 p.
- SINGH, S.P.; LEPIZ, R.; GUTIERREZ, S.A.; URREA, C.; MOLINA, A.; TERAN, H. Yield testing of early generation population of common bean. *Crop Science*, Madison, v.30, p.874-878, 1990.
- SNEEP, J. Selection for yield in early generations of self-fertilizing crops. *Euphytica*, Wageningen, v.26, p.27-30, 1977.
- SOUZA, E.A. Controle genético de alguns caracteres do feijoeiro. Lavras: ESAL, 1993. 105p. (Dissertação - Mestrado em Agronomia).
- SOUZA, E.A. Alternativas experimentais na avaliação de progênes em programas de melhoramento genético vegetal. Piracicaba: ESALQ, 1997. 122p. (Tese - Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas).
- SOUZA JÚNIOR, C.L. Componentes da variância genética e suas implicações no melhoramento vegetal. Piracicaba: FEALQ, 1989. 139p.
- TAKEDA, C. Avaliação de progênes de feijoeiro do cruzamento "ESAL 501" x "A 354" em diferentes ambientes. Lavras: ESAL, 1990. 82p. (Dissertação - Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas).
- TAKEDA, C.; SANTOS, J.B. dos; RAMALHO, M.A.P. Progeny test for the "ESAL-501" x "A 354" common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) hybrid at

different locations. *Revista Brasileira de Genética*, Ribeirão Preto, v.14, n.3, p.771-779, Jan./Mar. 1991.

TEIXEIRA, F.F. **Controle genético do porte do feijoeiro**. Lavras: UFLA, 1997. 86p. (Dissertação - Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas).

TRILLER, C. **Precisão do potencial genético de cruzamentos em soja pela geração F<sub>3</sub>**. Londrina: UEL/EMBRAPA/IAPAR, 1994. 133p. (Dissertação - Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas).

VENCOVSKY, R. **Herança Quantitativa**. In: PATERNIANI, E.; VIEGAS, G.P. **Melhoramento e produção de milho**. 2.ed. Campinas: Cargill, 1987. cap.5, v.1, p.137-214.

ZIMMERMANN, M.J. de O.; ROSIELLE, A.A.; WAINES, J.G.; FOSTER, K.W. **A heritability and correlation study of grain yield, yield components, and harvest index of common bean in sole crop and intercrop**. *Field Crops Research*, v.9, p.109-118, 1984.

