

**COMPONENTES DA VARIÂNCIA
FENOTÍPICA EM FEIJOEIRO UTILIZANDO
O MÉTODO GENEALÓGICO**

ALEXSANDER LUÍS MORETO

2005

ALEXSANDER LUÍS MORETO

**COMPONENTES DA VARIÂNCIA FENOTÍPICA EM FEIJOEIRO
UTILIZANDO O MÉTODO GENEALÓGICO**

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

Orientador

Prof. Dr. Magno Antonio Patto Ramalho

LAVRAS
MINAS GERAIS - BRASIL
2005

ALEXSANDER LUÍS MORETO

**COMPONENTES DA VARIÂNCIA FENOTÍPICA EM FELJOEIRO
UTILIZANDO O MÉTODO GENEALÓGICO**

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

APROVADA em 15 de dezembro de 2005

Dra. Elaine Aparecida de Souza UFLA/DBI

Dr. Júlio Sílvio de Sousa Bueno Filho UFLA/DEX

Dr. Magno Antonio Patto Ramalho UFLA/DBI

Dr. Magno Antonio Patto Ramalho

DBI/UFLA

(Orientador)

LAVRAS

MINAS GERAIS - BRASIL

AGRADECIMENTOS

À DEUS

Aos meus pais João Moreto Neto e Luzia Romero Moreto pelo apoio incondicional oferecido durante meus estudos.

Aos meus irmãos Cleber José Moreto e Jenâni Cristina Moreto.

A minha avozinha Carolina do Nascimento (*in memória*).

Ao Professor Magno pela primorosa orientação e incansável dedicação.

A Pesquisadora Ângela de Fátima Barbosa Abreu pela amizade, ajuda e pelas sábias sugestões.

Ao amigo Airton por toda ajuda e esclarecimentos prestados.

Ao CNPq e CAPES pelo auxílio financeiro oferecido.

Aos membros da banca, Professores Elaine Aparecida de Souza e Júlio Sílvio de Sousa Bueno pela oportunidade e pelas valiosas sugestões.

Aos professores César Brasil, João Bosco e João Cândido pelos ensinamentos oferecidos e amizade.

Aos companheiros de república Flávio Benites, Marcelo Aguiar, Alexandre (Xande) e Helton pela boa convivência e amizade.

Aos amigos de todas as horas Livia Davide, Marcus Sena e Leonardo Bhering pela amizade e convivência durante todo o curso.

Aos funcionários do Departamento de Biologia pela ajuda e disposição oferecidas.

Aos amigos do GEN: Adriano Bruzi, Flávia Barbosa, Felipe, Francine, Isabela, Matheus, Juarez, José Ângelo, José Luiz, Aisy, Vanessa, Reginaldo, Márcio, Fabrício, Welcimar, Wilacildo, Diego.

SUMÁRIO

RESUMO	i
ABSTRACT	iii
1 INTRODUÇÃO	1
2 REFERENCIAL TEÓRICO	3
2.1 Controle genético dos caracteres.....	3
2.2 Emprego da variância visando a obtenção de informações do controle genético dos caracteres.....	4
2.3 Alternativas para obter os componentes da variância genética	6
2.3.1 Avaliação de linhas puras.....	6
2.3.2 Método de Mather	7
2.3.3 Cruzamentos dialélicos.....	8
2.3.4 Delineamentos de Comstock & Robinson	9
2.3.5 Uso de experimentos envolvendo progênes segregantes	10
2.4 Algumas estimativas dos componentes da variância genética em plantas autógamas	16
2.5 Estimativas da herdabilidade na cultura do feijoeiro	19
2.6 Ganho esperado com a seleção	22
2.7 Métodos de condução das populações segregantes em plantas autógamas	25
3 MATERIAL E MÉTODOS	28
3.1 Local.....	28
3.2 Cultivares	28
3.3 Obtenção das progênes	29
3.4 Avanço das populações segregantes pelo método genealógico ou <i>pedigree</i>	29
3.5 Avaliação das progênes	29
3.5.1 Progênes $F_{4;5}$	29
3.5.2 Progênes $F_{4;6}$	30
3.6 Análise estatística dos dados	31
3.7 Estimação dos componentes de variância e parâmetros genéticos e fenotípicos	36
3.8 Estimação dos componentes da variância genética.....	40
3.9 Estimação do ganho esperado com a seleção e herdabilidade realizada	46
4 RESULTADOS E DISCUSSÃO.....	49
5 CONCLUSÕES	63
REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS	64
ANEXO.....	74

RESUMO

MORETO, Alexander Luís. **Componentes da variância fenotípica em feijoeiro utilizando o método genealógico**. 2005. 75 p. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Universidade Federal de Lavras, MG.*

No presente trabalho foi utilizado o método genealógico de condução de população segregante visando a obtenção dos componentes da variância fenotípica dos caracteres produtividade de grãos e notas de porte na cultura do feijoeiro. Para isso foi utilizada uma população segregante proveniente do cruzamento entre a cultivar BRS Talismã, de hábito de crescimento III e grãos tipo carioca, e a cultivar BRS Valente, de hábito de crescimento II e grãos pretos. Por ocasião da colheita da geração F_2 foram amostradas aleatoriamente 64 plantas, as quais originaram as progênies $F_{2,3}$. De cada progênie $F_{2,3}$ foram tomadas duas plantas individualmente, que deram origem a 128 progênies $F_{3,4}$. O mesmo procedimento foi adotado na geração $F_{4,5}$, obtendo-se 256 progênies, que foram avaliadas na safra ‘das águas’- 2004/2005, no delineamento látice simples 16 x 16. Para produtividade de grãos os dados foram obtidos no total das parcelas e a variância dentro foi estimada tomando uma amostra aleatória de 10% das parcelas, avaliando-se as plantas individualmente. No caso do porte foi utilizada uma escala de notas variando de 1 a 5, em que 1 corresponde à planta ereta e 5, à planta prostrada. No experimento, as sementes de cada progênie foram colhidas em *bulk*, originando as progênies $F_{4,6}$, que foram novamente avaliadas de modo idêntico ao anterior, na safra ‘das secas’-2005. A partir das esperanças dos quadrados médios das análises individuais foram estimados os componentes da variância genética e ambiental pelo método dos quadrados mínimos ponderados interativos. Foram também estimados o ganho esperado com a seleção e as herdabilidades no sentido amplo e realizada para ambos os caracteres. Constatou-se que na produção de grãos por planta, a variância ambiental dentro da parcela foi o principal componente da variância fenotípica entre progênies, evidenciando a necessidade de haver maior controle experimental, visando a melhoria da eficiência do programa de melhoramento. A variância genética aditiva foi predominante para a produção de grãos e a variância de dominância para o porte. O emprego do método genealógico na estimativa dos componentes da variância fenotípica tem como restrição a

* Orientador: Magno Antonio Patto Ramalho. Universidade Federal de Lavras (UFLA)

amostragem deficiente das plantas para compor as gerações subseqüentes. O porte das plantas é prejudicados pela seleção efetuada apenas considerando a produtividade de grãos

ABSTRACT

MORETO, Aleksander Luís. **Phenotypic variance components in beans by the pedigree method.** 2005. 75 p. Dissertation (Master in Genetics and Plant Breeding) –Federal University of Lavras, MG*

In the present work the pedigree method was used to estimate the phenotypic variance components for grain yield and plant habit. A segregating population from the cross between BRS Talismã, (growing habit III, carioca grain type) and BRS Valente (growing habit II and black grain) was used. Sixty-four plants were randomly sampled from the F_2 to generate $F_{2:3}$ progenies. From each $F_{2:3}$ progeny two plants were taken individually to originate 128 $F_{3:4}$ progenies. The same procedure was adopted to generate 256 $F_{4:5}$ progenies which were assessed in the rainy season of 2004/2005, in a 16 x 16 simple lattice design. For grain yield the data were obtained as total yield of the plot and the within variance was estimated taking a random sample of 10% of the plot, evaluating the plants individually. In the case of plant habit a scale varying from 1 to 5, (1 = upright plant and 5 = prostrate plant) was used. The seeds from each progeny were harvested in *bulk* originating the $F_{4:6}$ progenies, which were evaluated in the same way as the $F_{4:5}$ progenies, during the dry season of 2005. From the expected mean square of the individual analysis, it was estimated the components of the environmental and genetic variance using the weighted interactive least square method. Genetic gains from selection and broad sense and realized heritabilities for both characters were also estimated. For grain yield per plant, the environmental variance within plots was the main component of the phenotypic variance among progenies. It was stated the need for a better experimental control aiming to improve the efficiency of the breeding program. The additive variance predominated for grain yield and the dominance variance for plant habit. The use of the pedigree method for estimating the components of phenotypic variance is limited by deficient sampling of plants for

* Guidance: Magno Antonio Patto Ramalho. Universidade Federal de Lavras (UFLA)

composing the next generations. The plant habit was prejudiced when the selection considered just grain yield.

1 INTRODUÇÃO

A obtenção de informações a respeito do controle genético dos caracteres auxilia os melhoristas na tomada de decisão. No caso dos caracteres quantitativos, essas informações podem ser obtidas utilizando componentes de média ou de variância (Ramalho et al, 2000; Cruz et al, 2004). Os componentes da variância têm a vantagem de os efeitos genéticos não se anularem, como pode ocorrer com médias, e possibilitam também estimar a herdabilidade e o ganho esperado com a seleção.

Há, na literatura, algumas informações sobre o controle genético de alguns caracteres do feijoeiro utilizando variâncias, sendo a maioria com a geração F_2 e retrocruzamentos de cruzamentos bi-parentais (Teixeira, 1999) e cruzamentos dialélicos (Santos, 1984; Otubo, 1994). O ideal, contudo, é associar o programa de melhoramento com a obtenção de estimativas que auxiliem os melhoristas na tomada de decisões. Essa estratégia tem sido relativamente pouco empregada com a cultura do feijoeiro. Além do mais, a maioria dos trabalhos existentes utilizaram o método denominado de progênies derivadas de plantas F_2 (Souza & Ramalho, 1995).

A desvantagem desse procedimento é que as progênies são avaliadas em gerações diferentes, o que dificulta as estimativas dos componentes de média ou variância devido ao efeito da interação dos genótipos x ambientes. Acrescenta-se ainda que quando se utiliza esse método o coeficiente associado à variância aditiva é sempre um; devido a isso, qualquer flutuação nos valores obtidos reflete na estimativa da variância de dominância.

A utilização de progênies no método genealógico tem a vantagem de, devido à hierarquia das progênies, apresentar várias equações simultaneamente, o que deve melhorar a confiabilidade das estimativas obtidas. Não foi

encontrado nenhum relato da utilização desse método na obtenção das estimativas dos parâmetros genéticos para a cultura do feijoeiro.

Dessa forma, esse trabalho foi realizado com o objetivo de estimar componentes da variância fenotípica empregando o método genealógico de condução de populações segregantes para alguns caracteres da cultura do feijoeiro.

2 REFERENCIAL TEÓRICO

2.1 Controle genético dos caracteres

A grande maioria dos caracteres de importância agrônômica no melhoramento de plantas autógamas, tais como porte da planta, ciclo da cultura, produção de grãos e seus componentes primários e tolerância a alguns patógenos, são exemplos típicos de caracteres quantitativos. Principalmente para estes caracteres, que são em geral muito influenciados pelo ambiente, é necessário conhecer quanto da variabilidade fenotípica é herdável e quais os principais tipos de ação gênica envolvidos para auxiliar na escolha do método de melhoramento mais adequado. O controle genético dos caracteres torna-se conhecido a partir das estimativas de parâmetros genéticos. Essas informações podem ser obtidas utilizando componentes de médias (estatísticas de primeira ordem) ou de variâncias (estatísticas de segunda ordem) (Ramalho et al, 2000; Cruz et al, 2004).

O emprego de médias tem algumas vantagens: as médias das gerações utilizadas podem ser obtidas com maior precisão que as variâncias; o modelo genético pode ser estendido incluindo, além de efeitos epistáticos, a ligação gênica, bem como apresenta um pequeno erro associado a sua estimativa. Contudo, o uso de médias pode apresentar algumas desvantagens como ocorrência do cancelamento dos desvios genéticos de sinais opostos e possíveis efeitos de borda quando as gerações têm diferentes níveis de vigor, além de não permitir estimar a herdabilidade e o ganho genético (Souza & Ramalho, 1995).

Já o emprego da variância no estudo dos caracteres quantitativos, além de possibilitar estimar a herdabilidade e ganho genético com a seleção, apresenta a vantagem adicional de obter a estimativa sem o cancelamento dos desvios genéticos de sinais opostos, pois esses são elevados ao quadrado. Contudo, o emprego da variância exige cuidados especiais, pois normalmente ela é associada a erros acentuados, exatamente pelo fato de os desvios serem elevados ao quadrado (Ramalho et al., 1993; Wricke & Weber, 1986; Bernardo, 2002). Nessa revisão a ênfase será direcionada ao emprego dos componentes da variância utilizando principalmente dados obtidos a partir de experimentos de avaliação de progênies.

2.2 Emprego da variância visando a obtenção de informações do controle genético dos caracteres

Estudando a covariância e a correlação genética entre parentes, Fisher (1918) decompôs a variância genotípica de uma população em três componentes: variância genética aditiva, que é devida aos efeitos médios dos genes; variância genética dominante, que é devida aos efeitos das interações intraalélicas; e variância genética epistática, que é devida aos efeitos das interações interalélicas.

Posteriormente, vários outros trabalhos foram realizados com o intuito de ampliar o trabalho de Fisher (1918), como os de Wright (1921), Cockerham (1954) e Kempthorne (1954,1955), Cockerham (1956) e Schnell (1963). Uma revisão detalhada a esse respeito é apresentada por Souza Junior (1989). Segundo ele a variância genética de uma população pode ser decomposta em:

$$\sigma_G^2 = (1 + I_g) \sigma_A^2 + (1 - I_g) \sigma_D^2 + 4I_g D_1 + I_g D_2 + I_g (1 - I_g) H^v$$

Em que:

I_g : coeficiente de endogamia na geração da descendência. Em plantas autógamas, sendo a população de referência a geração F_2 , ele pode ser obtido pela expressão:

$$I_g = 1 - \left(\frac{1}{2}\right)^{g-2},$$

σ_A^2 : variância genética aditiva;

σ_D^2 : variância genética de dominância;

D_1 : covariância genética entre os efeitos médios (aditivos) dos alelos e os efeitos de dominância dos homozigotos;

D_2 : variância genética dos efeitos de dominância dos homozigotos;

$\overset{v}{H}$: depressão por endogamia elevada ao quadrado.

Os parâmetros D_1, D_2 e $\overset{v}{H}$ são funções da endogamia, isto é, são funções da probabilidade da existência de indivíduos endogâmicos na população; dos cinco parâmetros, somente D_1 pode ser negativo, uma vez que é uma covariância entre os efeitos aditivos e de dominância dos homozigotos.

Considerando um loco com dois alelos, B^1 freqüência p e B^2 freqüência q , tem-se:

$$\sigma_A^2 = 2pq[\alpha + (q - p)\delta]^2,$$

$$\sigma_D^2 = (2pq\delta)^2,$$

$$D_1 = -2pq(1 - 2p)[\alpha + (1 - 2p)\delta]\delta,$$

$$D_2 = 4pq[(q - p)\delta]^2,$$

$$\overset{v}{H} = (2pq\delta)^2$$

Em que:

α : desvio dos homozigotos em relação à média;

δ : desvio dos heterozigotos em relação à média.

Veja que, nessa situação, de um loco com dois alelos $\overset{v}{H} = \sigma_D^2$. Em populações não endogâmicas e em equilíbrio de Hardy-Weimberg como a geração F_2 ou S_0 , D_1, D_2 e $\overset{v}{H}$ se anulam, pois $I_g = 0$ e, portanto, $\sigma_G^2 = \sigma_A^2 + \sigma_D^2$. Por outro lado, quando a endogamia é completa, $I_g = 1$, só há indivíduos homozigotos; assim $\sigma_G^2 = 2\sigma_A^2 + 4D_1 + D_2$.

Pode-se observar também que mesmo com endogamia $I_g \neq 0$, D_1 e D_2 podem ser nulos quando $p=q=0,5$. No caso do cruzamento de duas linhagens completamente endogâmicas, como ocorre freqüentemente em plantas autógamias, nos locos que estão segregando, $p=q=0,5$. Nessa situação, $D_1 = D_2 = 0$ e $\overset{v}{H} = \sigma_D^2$; então, $\sigma_G^2 = (1 + I_g)\sigma_A^2 + (1 - I_g)\sigma_D^2 + I_g(1 - I_g)\sigma_D^2$, ou seja, $\sigma_G^2 = (1 + I_g)\sigma_A^2 + (1 - I_g^2)\sigma_D^2$. Quando a homozigose completa é atingida, a σ_G^2 entre as linhagens conterà $2\sigma_A^2$.

2.3 Alternativas para obter os componentes da variância genética.

2.3.1 Avaliação de linhas puras

Esse procedimento envolve a avaliação de linhagens de uma ou mais populações em experimentos com repetições e permite estimar, entre outros parâmetros, a variância genética, que nesse caso é toda aditiva e a herdabilidade. É muito utilizado para orientar a seleção das linhagens superiores no final do programa de melhoramento e tem sido empregado em diversos trabalhos com feijão (Aggarwal & Singh, 1973; Ramalho et al., 1979a; Scully et al., 1991).

2.3.2 Método de Mather

Essa metodologia, em princípio, pressupõe a utilização das populações P_1 , P_2 , F_1 , F_2 e os dois retrocruzamentos. Contudo, outros tipos de populações podem ser empregados. Se forem utilizadas as populações em experimentos conduzidos em casa de vegetação ou no campo, tem-se a seguinte composição da variância fenotípica das populações:

$$\text{Variância fenotípica do pai 1 (P}_1\text{)} = \sigma_{P_1}^2 = \sigma_E^2,$$

$$\text{Variância fenotípica do pai 2 (P}_2\text{)} = \sigma_{P_2}^2 = \sigma_E^2,$$

$$\text{Variância fenotípica da geração F}_1 = \sigma_{F_1}^2 = \sigma_E^2,$$

$$\text{Variância fenotípica da geração F}_2 = \sigma_{F_2}^2 = \sigma_A^2 + \sigma_D^2 + \sigma_E^2$$

$$\text{Variância fenotípica da soma dos dois retrocruzamentos } \sigma_{RC.1}^2 = \sigma_A^2 + 2\sigma_D^2 + 2\sigma_E^2,$$

Em que:

σ_E^2 : variância ambiental.

A partir dessa informação pode-se utilizar o método dos quadrados mínimos para estimar os componentes σ_E^2 , σ_A^2 e σ_D^2 . Como normalmente o número de dados é diferente e as variâncias fenotípicas diferem muito, Cavalli (1952) propôs o emprego de um método de escala ponderado pelo número de plantas que originou cada variância. Rowe & Alexander (1980) propuseram um sistema de matrizes (N,S,Y,C e M) para estimação dos efeitos do modelo pelo seguinte estimador: $M = (C'NS^{-1}C)^{-1} \cdot (C'NS^{-1}Y)$,

Em que:

M : vetor de parâmetros;

Y : vetor das médias observadas;

N : matriz diagonal do número de plantas por população;

S : matriz diagonal das variâncias associadas a cada população;

C : matriz do modelo.

Esse método de Mather é um dos que têm sido mais utilizado para estimativa dos componentes da variância utilizando vários caracteres do feijoeiro (Sarafi, 1978; Santos et al, 1986; Mesquita, 1989; Teixeira et al, 1999).

2.3.3 Cruzamentos dialélicos

Um sistema de cruzamento dialélico corresponde ao intercruzamento de n genitores, gerando n^2 combinações possíveis que correspondem aos n genitores, $n(n-1)/2$ híbridos simples e $n(n-1)/2$ recíprocos dos híbridos simples. Uma restrição ao uso dos cruzamentos dialélicos para a estimativa dos componentes da variância genética é que os genitores sejam uma amostra representativa de uma população de referência, isto é, o efeito de genitores deve ser aleatório (Backer, 1978; Ramalho et al, 1993). Sendo aleatório pode-se estimar os componentes da variância genética por meio de duas metodologias, a de Jinks & Hayman (1953) e a de Griffing (1956).

A metodologia de Jinks & Hayman (1953) é uma das mais empregadas (Santos, 1984; Bonato, 1999). Detalhes a respeito de sua aplicação são fornecidos por Cruz et al (2004).

A metodologia de Griffing (1956) estima a capacidade geral de combinação (CGC) e a capacidade específica de combinação (CEC). A CGC está associada aos efeitos aditivos, variância aditiva, e a CEC, aos de

dominância, variância de dominância. Detalhes a respeito da aplicação desse método são encontrados em Ramalho et al (1993) e Cruz et al (2004). Vários trabalhos foram realizados utilizando essa metodologia (Ariél et al, 1990; Spehar, 1999; Franco et al, 2001; Kurek et al, 2001; Mebrahtu & Mohamed, 2003).

2.3.4 Delineamentos de Comstock & Robinson

Visando obter informações a respeito da contribuição da variância aditiva e de dominância na expressão dos caracteres, especialmente em milho, para orientar os trabalhos de melhoramento, Comstock & Robinson (1948) e Comstock & Robinson (1952) propuseram metodologias de cruzamentos com essa finalidade, denominadas de Delineamentos I, II e III ou Delineamentos da Carolina do Norte.

O delineamento I envolve a obtenção das progênies do cruzamento entre plantas tomadas aleatoriamente na população. Algumas plantas consideradas como machos são cruzadas com determinado grupo específico de fêmeas, obtendo-se, assim, progênies de meio-irmãos e irmãos germanos. Nesse modelo, o componente de variância associado ao efeito de macho, σ_m^2 , representa a covariância entre meio-irmãos, e na ausência de endogamia, corresponde a $1/4$ da variância aditiva (σ_A^2), ou seja, $\sigma_A^2 = 4\sigma_m^2$. O componente de variância associado aos efeitos de fêmeas dentro de macho, $\sigma_{f/m}^2$, corresponde à diferença entre a covariância de irmãos germanos ($1/2\sigma_A^2 + 1/4\sigma_D^2$) e a covariância de meio-irmãos ($1/4\sigma_A^2$), ou seja, $\sigma_{f/m}^2 = C_{IG} - C_{MI}$. Assim,

pode-se obter a estimativa da variância de dominância (σ_D^2) pela expressão

$$\sigma_D^2 = 4\sigma_{f/m}^2 - 4\sigma_m^2 = 4[(C_{IG} - C_{MI}) - C_{MI}].$$

O Delineamento II segue um esquema fatorial (dialelo parcial) em que um grupo de plantas escolhidas aleatoriamente de uma população, designado como genitor macho, é cruzado com outro grupo designado genitor fêmea. A estrutura genética das progênies inclui irmãos germanos e meio-irmãos. Nesse modelo o componente de variância associado aos efeitos de machos (σ_m^2) e de fêmeas (σ_f^2) representa a covariância entre meio-irmãos (C_{MI}) e é equivalente à capacidade geral de combinação (CGC) da análise dialélica. Na ausência de endogamia, corresponde a $\frac{1}{4}\sigma_A^2$, ou seja, $\sigma_A^2 = 4\sigma_m^2 = 4\sigma_f^2$. O componente de variância associado ao efeito de machos x fêmeas é equivalente à capacidade específica de combinação (CEC) da análise dialélica, e corresponde a diferença entre a covariância de irmãos germanos e meio-irmãos. Assim,

$$\sigma_D^2 = 4\sigma_{f/m}^2 = [(C_{IG} - C_{MI}) - 2C_{MI}].$$

O Delineamento III foi desenvolvido para estimar o grau médio de dominância. Nesse caso p plantas da geração F_2 , do cruzamento de duas linhagens, são retrocruzadas com ambos os genitores (testadores). Este é um teste especial, pois a geração F_2 é segregante para todos os locos em que os testadores diferem e não segregante para os demais locos. Já nesse modelo, o efeito de progênies F_2 (σ_p^2) corresponde a $\frac{1}{4}$ da variância aditiva (σ_A^2), ou seja, $\sigma_A^2 = 4\sigma_p^2$. O componente de variância associado ao efeito de progênies x linhagens genitoras corresponde à variância de dominância ($\sigma_D^2 = \sigma_{PT}^2$).

2.3.5 Uso de experimentos envolvendo progênies segregantes

Na condução das populações segregantes de plantas autógamas conduzidas por qualquer método, em um dado momento são avaliadas progênies, normalmente em experimentos com repetições. Com esses dados é possível obter informações a respeito dos componentes da variância genética. A grande vantagem é que em plantas autógamas a contribuição dos diferentes componentes da variância é previsível nas sucessivas gerações de endogamia. O modo de prever os componentes da variância genética foi desenvolvido por Cockerham (1963), tendo como referência a covariância entre indivíduos aparentados (C_{tgg}). Considerando uma população segregante a partir do cruzamento de dois genitores, isto é, frequência alélica de 0,5 e sem epistasia, tem-se:

$$C_{\text{tgg}} = z\sigma_A^2 + w\sigma_D^2.$$

Os coeficientes z e w são fornecidos pelos seguintes estimadores (Cockerham, 1963) :

$$z = (1 + I_t)$$

$$w = \frac{1 + I_t}{1 - I_t} \times (1 - I_g)^2,$$

Em que:

I_t : coeficiente de endogamia na geração do genitor;

I_g : coeficiente de endogamia na geração da descendência.

Os melhoristas têm diferentes alternativas na condução das populações segregantes. Com todas elas é possível estimar os componentes da variância genética. Ramalho e Vencovsky (1978) apresentam algumas das situações que podem ocorrer. No presente trabalho a ênfase será direcionada ao método

genealógico, por meio do qual as progênes são hierarquicamente identificadas.

Seja por exemplo:

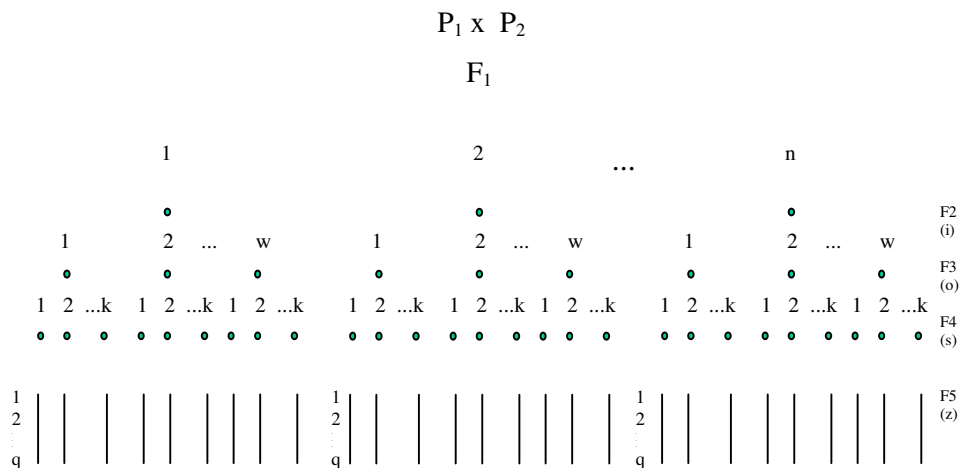


FIGURA 1. Esquema de condução de famílias segregantes pelo método genealógico-hierárquico

Se forem avaliados nwk progênes F_5 , com q plantas por parcela, no delineamento de blocos casualizados com r repetições, tem-se a seguinte tabela de análise de variância (Ramalho et al, 2005):

TABELA 1. Esquema da análise de variância do experimento para avaliação de famílias $F_{4:5}$

F.V.	G.L.	Q.M.	E(Q.M)
Blocos	$r-1$	Q1	$\sigma_d^2 + q\sigma_e^2 + nwkq\sigma_b^2$
Entre F_2	$n-1$	Q2	$\sigma_d^2 + q\sigma_e^2 + rq\sigma_{F_{3:4}}^2 +$ $rqk\sigma_{F_{2:3}}^2 + rqnw\sigma_{F_2}^2$
Entre F_3 dentro da F_2	$n(w-1)$	Q3	$\sigma_d^2 + q\sigma_e^2 + rq\sigma_{F_{3:4}}^2 +$ $rqk\sigma_{F_{2:3}}^2$
Entre F_4 dentro da F_3	$n w (k-1)$	Q4	$\sigma_d^2 + q\sigma_e^2 + rq\sigma_{F_{3:4}}^2$
Erro	$(n w k-1) (r-1)$	Q5	$\sigma_d^2 + q\sigma_e^2$
Dentro da progênie F_5	$n w k r (q-1)$	Q6	σ_d^2

Considerando essa análise de variância pode-se obter as seguintes estimativas:

i) Variância genética entre progênies F_5 de plantas F_2 ($\sigma_{F_2}^2$) pelo estimador: $\sigma_{F_2}^2 = \frac{Q_2 - Q_3}{rqkw}$

Essa variância genética utilizando a expressão de Cockerham, (1963) conterà:

$$\sigma_{F_2}^2 = C_{255} = z\sigma_A^2 + w\sigma_D^2$$

No exemplo: $z = (1 + I_t)$, como a planta de referência é a planta na geração F_2 , $I_t = I_2 = 0$. Já a estimativa de w depende da geração da descendência I_g , no caso a geração sob avaliação, isto é, $I_g = I_5 = 7/8$.

$$w = \frac{1 + I_t}{1 - I_t} \times (1 - I_g)^2.$$

Desse modo, tem-se $w = 1/64$; assim, a variância genética entre plantas F_2 avaliadas na geração F_5 conterà:

$$\sigma_{F_2}^2 = \sigma_A^2 + (1/64) \sigma_D^2.$$

ii) Variância genética entre progênies F_5 de plantas F_3 dentro de F_2 ($\sigma_{F_{2,3}}^2$) pelo estimador $\sigma_{F_{2,3}}^2 = \frac{Q_3 - Q_4}{rpk}$.

Nesse caso, a variância genética utilizando a expressão de Cockerham, (1963) conterà:

$$\sigma_{F_{2,3}}^2 = C_{355} - C_{255};$$

$$C_{355} = z\sigma_A^2 + w\sigma_D^2.$$

No exemplo: $I_t = I_3 = 1/2$ e $I_g = I_5 = 7/8$;

então: $C_{355} = (3/2) \sigma_A^2 + (3/64) \sigma_D^2$, como $C_{255} = \sigma_A^2 + (1/64) \sigma_D^2$;

portanto, $\sigma_{F_{2,3}}^2 = (1/2) \sigma_A^2 + (2/64) \sigma_D^2$.

iii) Variância genética entre progênies F_5 de plantas F_4 dentro de F_3 ($\sigma_{F_{3,4}}^2$)

pelo estimador $\sigma_{F_{3,4}}^2 = \frac{Q_4 - Q_5}{rq}$.

Essa variância genética conterá:

$$\sigma_{F_{3,4}}^2 = C_{455} - C_{355};$$

$$C_{455} = (7/4) \sigma_A^2 + (7/64) \sigma_D^2, \text{ pois } I_t = I_4 = 3/4 \text{ e } I_g = I_5 = 7/8$$

Como, $C_{355} = (3/2) \sigma_A^2 + (3/64) \sigma_D^2$, então

$$\sigma_{F_{3,4}}^2 = (1/4) \sigma_A^2 + (4/64) \sigma_D^2.$$

iv) Variância fenotípica dentro das parcelas (σ_d^2) que corresponde à Q_6

e conterá:

$$\sigma_d^2 = \sigma_{GD}^2 + \sigma_W^2 = (1/8) \sigma_A^2 + (8/64) \sigma_D^2 + \sigma_W^2,$$

em que:

σ_W^2 : variância ambiental dentro das parcelas;

σ_{GD}^2 : variância genética dentro das progênies F_5 . Os componentes desta

variância genética podem ser obtidos do seguinte modo:

$$\sigma_{GD}^2 = C_{555} - C_{455};$$

$C_{555} = (15/8) \sigma_A^2 + (15/64) \sigma_D^2$. Desse modo;

$$\sigma_{GD}^2 = (1/8) \sigma_A^2 + (8/64) \sigma_D^2.$$

Embora essa metodologia permita utilizar várias equações para estimar σ_A^2 e σ_D^2 , o que é uma grande vantagem, ela praticamente não tem sido utilizada com essa finalidade.

Segundo Hayman (1960), o método genealógico pode ser utilizado como alternativa para reduzir o erro amostral entre gerações. Contudo, o uso desse método apresenta algumas restrições de ordem prática que dificultam sua utilização e devem ser consideradas. As famílias a serem avaliadas são normalmente descendentes de uma planta, e no caso do feijoeiro, o número de sementes por planta torna-se uma limitação para a condução de um experimento na densidade recomendada e com número de repetições e tamanho de parcelas suficientes para se obter uma boa precisão experimental.

O emprego de progênies derivadas de famílias F_2 , método do *bulk* dentro de F_2 , já foi utilizado para estimar os componentes da variância genética em feijoeiro (Souza & Ramalho, 1995). Questionou-se contudo, o emprego desse método para estimar os componentes da variância genética, comentando que: “Quando se utiliza esse método o coeficiente de σ_A^2 nas sucessivas gerações é sempre um, isto é, aquele presente na geração de referência, que é sempre a F_2 . Entretanto, os coeficientes de σ_D^2 variam amplamente com as gerações, sendo fácil visualizar, assim, que qualquer flutuação das variâncias fenotípicas estimadas terá um efeito mais pronunciado em σ_D^2 do que em σ_A^2 , inferindo-se, que provavelmente, nesse caso, σ_D^2 possa estar superestimado.”

2.4 Algumas estimativas dos componentes da variância genética em plantas autógamas

Na Tabela 2 estão apresentadas algumas estimativas dos componentes da variância genética para diferentes caracteres em soja, trigo, arroz e feijão relatados na literatura.

Pode-se notar que foram utilizados diferentes métodos para estimação dos componentes e, obviamente, vários tipos de populações, e apesar da diferença na amplitude das estimativas, os efeitos aditivos são predominantes para maioria dos caracteres estudados.

TABELA 2. Estimativas dos componentes da variância genética para alguns caracteres em soja, trigo, arroz e feijão.

Espécie	Caráter	$\hat{\sigma}_A$	$\hat{\sigma}_D$	Método	Fonte
Soja	Tempo para o florescimento	159,1012	48,0301	Ferreira, (1985)	Bonato & Vello, (1999)
Trigo	Altura de planta(cm)	57,2 a 88,4	-49,1 a -16,6	Dialelo	Novoselovic et al., (2004)
	Número de cabeça por planta	0,48 a 21,6	-12,6 a -0,494		
	Número de grãos por espiga do maior colmo	13,22 a 198,1	-96,7 a 23,88		
	Peso de grãos por espiga do colmo maior(g)	0,056 a 0,611	-0,372 a 0,006		
	Produção de grãos por planta(g)	5,79 a 140,3	-75,3 a -5,72		
	Peso de grão(mg)	9,3 a 39,59	-20,1 a 0,3		
Arroz	Produção de grãos	8,082	7,524	Progênieis	Morais, (1992)
	Altura de planta	180,225	-170,296		
	Comprimento de panícula	3,7455	-7,610		
	Número de panículas por planta	2,339	-0,2763	Progênieis	Shi, et al., (2002)
	Peso de 100 grãos	0,0726	-0,0460		
	Expressão de genes do endosperma triploide	0,0 a 0,1904	0,0 a 0,0275		
	Expressão de genes da planta maternal diploide	0,0 a 0,2255	0,0 a 0,0056		

...continua...

TABELA 2. Cont.

Feijão	Número de vagens por planta	104,30	9,95	Dialelo	Sarafi, (1976)
	Número de sementes por vagem	0,524	0,352		
	Peso de 100 sementes	21,78	17,05		
	Número de vagens por planta	52,74	4,61	Progênies	Souza & Ramalho, (1995)
	Número de sementes por planta	973,86	199,71		
	Peso de grãos por planta	48,33	9,75		
	Peso de 100 sementes	22,10	-1,66		
	Grau de ramificações	-0,008	0,026	Mather and Jinks, (1984)	Teixeira et al., (1999)
	Comprimento de 4° ao 7° entre-nó	0,089 a 3,210	1,936		
	Diâmetro do 5° entre-nó	0,090 e 0,096	-		
	Nota de porte	0,425	0,079		
	Altura de inserção da 1° vagem	1,363	5,539		
	Número de vagens por planta	0,8356 a 22,9599	4,9031 a 13,021	Dialelo	Santos, (1984)
	Número de sementes por vagem	0,4086 a 0,4545	0,2664 a 1,0537		
	Peso de 100 sementes	205,186 a 429,335	90,153 a 96,026		

2.5 Estimativas da herdabilidade na cultura do feijoeiro

A herdabilidade é um dos parâmetros genéticos mais importantes para o trabalho do melhorista. Ela fornece a proporção da variância fenotípica que pode ser perpetuada via seleção, ou seja, a proporção da variância genética presente na variância fenotípica total. Desta forma, a herdabilidade possui um papel preditivo expressando a confiança do valor fenotípico como um indicador do valor reprodutivo. Por esta razão, a herdabilidade participa em quase todas as fórmulas relacionadas com métodos de melhoramento, e muitas decisões práticas sobre procedimentos a serem usados pelos melhoristas dependem de sua magnitude.

É importante salientar que a herdabilidade não é apenas uma propriedade do caráter, mas também da população e das condições de ambiente às quais os indivíduos estão sujeitos. Dentre os fatores que podem interferir na sua estimativa estão a população sob seleção, o efeito ambiental, o tipo de propagação da espécie (sexuada ou assexuada), o nível de endogamia da população e a unidade seletiva (indivíduo ou família). Por tudo isso, a herdabilidade de uma certa característica não é imutável.

Vários são os métodos utilizados para estimar a herdabilidade de um caráter relatados na literatura (Warner, 1952; Nei, 1960; Falconer & Mackay, 1996). Detalhes sobre alguns desses métodos são fornecidos por Ramalho et al (1993).

Existem três tipos de herdabilidade que podem ser estimadas: no sentido amplo (h_a^2), no sentido restrito (h_r^2) e a herdabilidade realizada (h_R^2). A herdabilidade no sentido restrito (h_r^2), que considera somente a variância aditiva da variância genética em relação à variância fenotípica, $h_r^2 = \frac{\sigma_A^2}{\sigma_F^2}$, é

considerada um dos parâmetros genéticos mais importantes para os caracteres quantitativos pelo seu papel preditivo e por expressar a confiança do valor fenotípico como guia para selecionar um valor genético (Falconer & Mackay. 1996). A herdabilidade no sentido amplo (h_a^2) considera a variância genética total em relação à variância fenotípica, $h_a^2 = \sigma_G^2 / \sigma_F^2$ (Falconer & Mackay. 1996). Já a herdabilidade realizada, aquela que efetivamente seria utilizada no processo seletivo, pode se obtida pelo estimador:

$$h_R^2 = \frac{GS/m_i}{ds/m_j},$$

em que:

h_R^2 : herdabilidade realizada;

GS : ganho com a seleção;

ds : diferencial de seleção;

m_i : média das progênies em F_i ;

m_j : média das progênies em F_j .

Na Tabela 3 estão apresentadas algumas estimativas obtidas com a cultura do feijoeiro para o caráter produtividade de grãos. Como se constata, há ampla variação para as estimativas, como era esperado.

TABELA 3. Estimativas de herdabilidade no sentido amplo (h_a^2) e restrito (h_r^2) da produtividade de grãos em feijão.

Método Utilizado	(h_a^2)	(h_r^2)	Fonte
Progênie F ₅	17 a 56		Camacho et al. (1964)
Regressão F ₂ , F ₃	11		Coyne (1977)
Linhagens	60		Aggarwal e Singh (1973)
Dialélico		1	Chung e Stevenson (1973)
P ₁ , P ₂ , F ₁ , F ₂ , RC ₁₁ , RC ₂₁		25 a 30	Paniagua e Pinchinat (1976)
Progênie F ₄ , RC ₁₁ , RC ₂₁	34		Davis e Evans (1977)
Linhagens		4 a 46	Ramalho et al. (1979a)
Linhagens		28 a 45	Ramalho et al. (1979b)
Dialélico	46	24	Santos et al. (1985)
Dialélico	71	52	Santos et al. (1985)
P ₁ P ₂ , F ₁ , F ₂ , RC ₁₁ , RC ₂₁		60	Santos et al. (1986)
P ₁ P ₂ , F ₁ , F ₂ , RC ₁₁ , RC ₂₁	23		Zimmermann et al (1984)
P ₁ P ₂ , F ₁ , F ₂ , RC ₁₁ , RC ₂₁	21		Zimmermann et al (1984)
Dialélico		21	Nienhuis e Singh (1988)
Regressão F ₂ /F ₃	29		Singh et al. (1990)
Progênie F ₂ , F ₃ , F ₄ , F ₅	13 a 74		Collicchio et al (1995)
Progênie S ₂ a S ₄	10,6 a 45,3		Gonçalves (1995)
Progênie F _{2:6} , F _{3:6} e F _{4:6}	24 a 61		Raposo et al (2000)
Progênie F _{3:4} e F _{3:5}	40 a 53		Santos (2001)
Progênie F _{5:7} e F _{5:8}	45 a 50		Fereira (1998)
Progênie F _{2:4}	29 a 62		Ferreira (1998)
Progênie F _{3:4} e F _{3:5}	32 a 60		Mendonça (2001)
Progênie F _{5:7} e F _{5:8}		11	Abreu (1990)
Progênie F _{5:7}	18,5 a 52,4		Abreu (1997)
Progênie F ₃ , RC _{11a} e RC _{21a}		35	Peternelli et al. (1994)
Progênie F _{2:5}	28 a 73		Carneiro et al (2002)
Progênie F _{4:6}	30 a 82		Carneiro et al (2002)
Progênie F _{2:4}	16 a 88		Carneiro et al (2002)
Dialelo F ₇ e F ₈		23	Takeda et al (1991)
Linhagens		24,8 a 50,3	Melo (2000)
S _{0:2} e S _{0:3} (ciclos I, II e III)	26,6 a 50,1		Aguiar et al (2004)
Progênie F ₂ , F ₈ e F ₂₄	21,2 a 85,9		Silva et al (2004)

Observou-se que várias metodologias têm sido utilizadas para estimar a herdabilidade, tanto no sentido amplo como restrito. Contudo, ficou evidenciado que a maioria das estimativas são inferiores a 40% para a h_r^2 , indicando que o caráter é de difícil seleção e que devem ser utilizadas alternativas visando ampliar esse valor, tais como população com maior variabilidade genética e/ou avaliando os indivíduos e/ou progênes com maior precisão experimental.

2.6 Ganho esperado com a seleção

Predizer a resposta à seleção antes de sua realização possibilita aos melhoristas procurar alternativas para melhorar a eficiência do processo. Por isto a estimativa do ganho esperado com a seleção é muito importante nos programas de melhoramento de qualquer espécie.

O ganho esperado com a seleção nada mais é do que o emprego de uma regressão entre genitores e seus descendentes. (Figura 2).

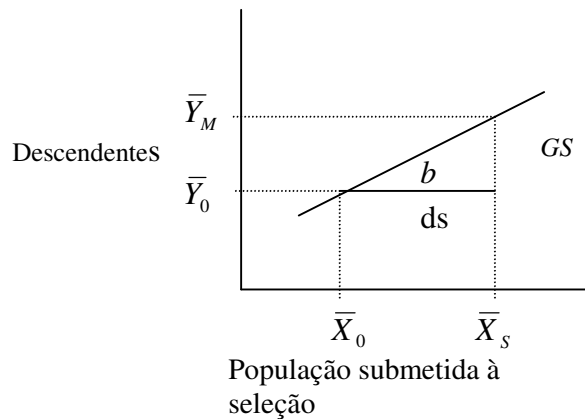


FIGURA 2. Resposta esperada à seleção mostrando a média dos pais (X) e o desempenho dos respectivos descendentes (Y)

Na Figura 2, \bar{X}_0 representa a média da população sob seleção e \bar{X}_S , a média dos indivíduos selecionados. A diferença $\bar{X}_S - \bar{X}_0 = ds$, ou seja, o diferencial de seleção, \bar{Y}_0 , é a média dos descendentes, e \bar{Y}_M é a média da população melhorada se apenas os indivíduos \bar{X}_S originarem os descendentes. A diferença $\bar{Y}_M - \bar{Y}_0$ é o ganho com a seleção (GS). Veja que o ganho é função do ângulo de inclinação da reta do triângulo retângulo formado. A tangente desse ângulo (b) é igual ao cateto oposto dividido pelo cateto adjacente. No esquema, $b = GS/ds$; assim, $GS = b \times ds$. O b é também o coeficiente de regressão linear entre os genitores (X) e os seus descendentes (Y) e pode ser obtido por $b = C_{XY}/\sigma_x^2$ (Ramalho et al., 2005). Já a covariância é função da variância genética, ou seja, $C_{XY} = \sigma_G^2$. Desse modo, $b = \sigma_G^2/\sigma_x^2$, em que σ_x^2 é a variância fenotípica (σ_F^2) entre os indivíduos e/ou progênieis sob seleção, genitores.

Como já salientado, a herdabilidade é $h^2 = \sigma_G^2/\sigma_x^2$; assim, $h^2 = b$.

Desse modo, o estimador do ganho esperados com a seleção é:

$$GS = ds \times h^2.$$

Para tornar a estimativa do ganho comparável em qualquer situação, Falconer & Mackay (1996) propuseram o emprego da intensidade de seleção estandardizada ou padronizada i . Segundo eles, $i = ds/\sigma_x$, ou seja, $ds = i \times \sigma_x$.

Substituindo na expressão do ganho com a seleção, tem-se:

$$GS = i\sigma_x \frac{C_{XY}}{\sigma_x^2};$$

$$GS = i \frac{C_{XY}}{\sigma_x}.$$

Nessa expressão, o i é o diferencial de seleção padronizado, e como já mencionado, é um valor tabelado, e portanto, independente do caráter. É função apenas da porcentagem de indivíduos e/ou progênies submetidos à seleção. σ_x é o desvio padrão da unidade seletiva. O que pode alterar de um método seletivo para outro é a C_{xy} . No caso da seleção envolvendo progênies em plantas autógamias, essa C_{xy} é, na realidade, uma covariância entre as progênies na geração F_g , e numa geração futura, que pode ser F_{g+1} , F_{g+2} ou, o que realmente interessa, a F_∞ , isto é, a geração em que a homozigose completa é atingida. Desse modo, o estimador do ganho passa a ser:

$$GS = i \frac{C_{F_g / F_\infty}}{\sigma_x};$$

em que $\sigma_x = \sqrt{\sigma_{F_g}^2}$, o desvio fenotípico entre média das progênies na geração F_g .

Estimativas do ganho com a seleção na cultura do feijoeiro, utilizando populações segregantes são freqüentes na literatura. Uma compilação de resultados percentuais obtidos é apresentada na Tabela 4.

TABELA 4. Estimativas do Ganho com a Seleção para produtividade de grãos em feijão

Tipos de progênies	Nº de progênies na unidade seletiva	% selecionada	Ganho esperado com a seleção (%)	Fonte
F ₇	97	14	3,35	Abreu (1989)
F ₃ , F ₄ , F ₅	93 e 186	10,7 e 5	-11,44 a 20,42	Souza (1993)
F ₆ ciclo normal	79	5,1	1,8	Nunes (1997)
F _{2:3} , F _{2:4} , F _{2:5} , F _{2:6}	192	10	2,6 a 3,15	Aguiar (1999)
F _{3:5}	398	1,76	9,2	Santos (2001)
F _{2:4} , F _{2:5}	394	2,5	1 a 30,8	Carneiro et al (2002)
Linhagens	289 e 98	1,73 e 5,1	12,82 e 8,37	Santos et al (2002)
Linhagens	48	10	6,0	Pereira (2003)
S _{0:2} , S _{0:3}	390	3,3	1,49 a 3,38	Aguiar et al (2004)
S _{0:2} ciclo I e II	134	7,5	12,2 e 18,3	Cunha (2005)
F ₄	480	5	8,87	Borges et al (2005)
F ₄	480	10	8,39	Borges et al (2005)

Nota-se que houve uma grande amplitude de variação para as estimativas do ganho com a seleção variando de -11,44 a 30,8%.

2.7 Métodos de condução das populações segregantes em plantas autógamas

No feijoeiro, a taxa de fecundação cruzada normalmente é inferior a 1% e, por isso, são utilizados os métodos de melhoramento comuns as plantas autógamas. Esses métodos estão detalhados em várias publicações (Fehr, 1987; Borém, 1998; Ramalho et al., 2001).

O método mais freqüente é o da hibridação, que envolve basicamente a geração da variabilidade por meio do cruzamento de dois ou mais genitores. Posteriormente é obtida a geração F₂ e inicia-se o processo seletivo.

Existem vários métodos de condução das populações segregantes. Fouilloux & Bannerot (1988) classificaram esses métodos em duas classes: a

primeira, que separa as fases de endogamia da seleção, e a segunda, quando a endogamia e a seleção são realizadas juntas.

No primeiro caso estão o método da população (*bulk*), descendência de uma única semente (*SSD*) e o método do *bulk* dentro de famílias. No segundo estão o método massal e o método genealógico (*pedigree*).

Desses métodos, o que mais interessa nesse trabalho é o genealógico ou pedigree, que foi proposto no final do século XIX, na Suécia (Ramalho et al., 2001). Por esse método, na geração F_2 , as melhores plantas são visualmente selecionadas e darão origem às progênies $F_{2,3}$ da geração seguinte. Nessa geração, também visualmente, são identificadas as melhores progênies e posteriormente, os indivíduos superiores nessas progênies. O processo se repete por algumas gerações até a maioria dos locos estarem em homozigose. A partir de então as progênies, agora linhagens, passam a ser avaliadas em experimentos com repetições.

Como já mencionado em plantas autógamas, o que ocorre com os componentes da variância genética no decorrer da endogamia é previsível. No caso do método do pedigree, a composição da variância genética entre e dentro das progênies é mostrada na Tabela 5. Veja que nas gerações iniciais há considerável participação da σ_A^2 dentro das progênies. Contudo, ela é dissipada rapidamente. Desse modo, a seleção de indivíduos dentro das progênies só se justifica até F_4 ou F_5 . A σ_D^2 reduz a cada geração, tanto entre como dentro das progênies. A contribuição da variância de dominância é praticamente nula a partir da geração F_6 . Na F_∞ tem-se duas vezes a variância aditiva presente na geração F_2 (Tabela 5).

TABELA 5. Coeficientes da variância genética aditiva (σ_A^2) e de dominância (σ_D^2) total entre e dentro das famílias nas sucessivas gerações de endogamia

Gerações		σ_A^2	σ_D^2
F ₂		1,0000	1,0000
F _{2:3}	Total	1,5000	0,7500
	Entre	1,0000	0,2500
	Dentro	0,5000	0,5000
F _{3:4}	Total	1,7500	0,4375
	Entre	1,5000	0,0625
	Dentro	0,2500	0,3750
F _{4:5}	Total	1,8750	0,2344
	Entre	1,7500	0,0156
	Dentro	0,1250	0,2188
F _{5:6}	Total	1,9375	0,1211
	Entre	1,8750	0,0039
	Dentro	0,0625	0,4172
F _{6:7}	Total	1,9688	0,0615
	Entre	1,9375	0,0009
	Dentro	0,0313	0,0605
F _∞	Total	2,0000	0,0000
	Entre	2,0000	0,0000
	Dentro	0,0000	0,0000

Fonte: Ramalho et al, 2001

3 MATERIAL E MÉTODOS

3.1 Local

Os experimentos foram conduzidos na área experimental do Departamento de Biologia da Universidade Federal de Lavras (UFLA), no município de Lavras, Estado de Minas Gerais, situado a 918 metros de altitude, 21°14'S de latitude e 45°00'W de longitude.

3.2 Cultivares

Os genitores utilizados na obtenção da população segregante foram as cultivares BRS Talismã e BRS Valente. Detalhes das principais características dessas cultivares estão apresentadas na Tabela 6.

TABELA 6. Linhagens de feijoeiro utilizadas para a obtenção da população segregante e algumas de suas características.

Cultivares	Origem	Hábito de crescimento	Tipo de grão	Reação a patógenos
BRS Talismã	UFLA	Tipo III	Carioca, creme com rajadas marrom-claras, sem halo.	Resistente à antracnose (patótipos 65, 67, 73, 75, 81, 83, 89, 95, 117), mosaico comum e resistência intermediária à mancha angular.
BRS Valente	Embrapa	Tipo II	Preto	Resistente à antracnose (patótipos 89, 585, 95 e 453), mosaico comum e resistência intermediária à mancha angular.

3.3 Obtenção das progênies

A geração F_1 foi obtida a partir do cruzamento entre BRS Talismã e BRS Valente em casa-de-vegetação, de acordo com metodologia proposta por Ramalho et al (1993). Posteriormente foram obtidas as plantas da geração F_1 e F_2 sob condição de campo. O avanço das demais gerações foi realizado de acordo com o preconizado pelo método genealógico ou *pedigree*.

3.4 Avanço das populações segregantes pelo método genealógico ou *pedigree*.

Por ocasião da colheita da geração F_2 foram amostradas aleatoriamente 64 plantas, as quais originaram as progênies $F_{2:3}$. As mesmas foram semeadas em parcelas de uma linha de um metro. De cada progênie $F_{2:3}$ foram tomadas duas plantas individualmente, que deram origem a 128 progênies $F_{3:4}$. O processo se repetiu até a obtenção de 256 progênies $F_{4:5}$.

3.5 Avaliação das progênies

3.5.1 Progênies $F_{4:5}$

As progênies da geração $F_{4:5}$ foram avaliadas na safra ‘das águas’- (2004/2005). Foi utilizado o delineamento em látice simples 16 x 16. Cada parcela foi constituída por uma linha de um metro de comprimento, espaçadas em 50 cm, sendo a densidade de plantio de 20 sementes por metro.

O experimento foi instalado sob área de plantio direto e a adubação de plantio foi equivalente a 300 kg/ha do formulado 8-28-16 de N, P_2O_5 e K_2O . Aos 25 dias após a semeadura foram aplicados, em cobertura, 150 kg/ha de sulfato de

amônio. O controle das plantas invasoras foi realizado por meio de herbicidas de pré e pós-emergência.

Foram obtidos dados referentes à produtividade de grãos e do porte das plantas. A avaliação do porte foi obtida na média da parcela e realizada de acordo com a escala de notas (variando de 1 a 5) utilizada por Collicchio (1995), em que a nota 1 refere-se à planta de hábito II, ereta, com uma haste e com inserção alta das primeiras vagens; a nota 2, à planta de hábito II, ereta e com algumas ramificações; a nota 3, à planta de hábito II ou III, ereta e com muitas ramificações e tendência a prostrar-se; a nota 4, à planta de hábito III, semi-ereta e mediantemente prostrada; e a nota 5, à planta de hábito III, com entrenós longos e muito prostrada.

3.5.2 Progênies F_{4:6}

As sementes colhidas da etapa anterior de cada progênie foram misturadas para obter a geração F_{4:6}. Estas, por sua vez, foram avaliadas na safra 'das secas'-(2005). Foi utilizado o delineamento látice simples 16 x 16. Cada parcela foi constituída por uma linha de dois metros de comprimento, espaçadas de 50 cm, sendo a densidade de plantio de 20 sementes por metro.

O experimento também foi instalado em área sob plantio direto e a adubação de semeadura foi o equivalente a 300 kg/ha do formulado 8-28-16 de N, P₂O₅ e K₂O. Aos 25 dias após a semeadura foram aplicados, em cobertura, 150 kg/ha de sulfato de amônio. O controle das plantas invasoras foi realizado por meio de herbicidas de pré e pós-emergência. Irrigações por aspersão foram realizadas sempre que necessárias.

Os caracteres avaliados foram os mesmos da geração F_{4:5}. No caso do porte foi utilizada a mesma escala de notas proposta anteriormente.

3.6 Análise estatística dos dados

Os dados relativos à produtividade de grãos, em cada geração, foram submetidos a uma análise de variância, considerando todos os efeitos do modelo como aleatório, exceto a média, conforme o modelo estatístico:

$$Y_{j(ios)z} = m + r_j + b_{(l)j} + a_i + t_{(i)o} + c_{(io)s} + e_{(ios)jl} + d_{(ijost)z}$$

em que:

$Y_{j(ios)z}$: observação referente à planta z na geração F_5 , dentro da planta s da geração F_4 , dentro da planta o da geração F_3 e da planta i da geração F_2 , na repetição j ;

m : média geral do experimento;

r_j : efeito da repetição j , em que $j = 1, 2, 3, \dots, u$;

$b_{(l)j}$: efeito do bloco l dentro da repetição j , em que $j = 1, 2, 3, \dots, r$;

a_i : efeito da planta i na geração F_2 , com $i = 1, 2, 3, \dots, n$;

$t_{(i)o}$: efeito da planta o da geração F_3 dentro da planta i da geração F_2 com $o = 1, 2, 3, \dots, w$;

$c_{(io)s}$: efeito da planta s da geração F_4 , dentro da planta o da geração F_3 e dentro da planta i da geração F_2 com $s = 1, 2, 3, \dots, k$;

$e_{(ios)jl}$: erro experimental associado à observação $Y_{j(ios)z}$, assumindo que os erros são independentes e normalmente distribuídos, com média zero e variância σ^2 ;

$d_{(ijosl)_z}$: efeito da planta z da geração F_5 , dentro a planta s da geração F_4 , dentro da planta o da geração F_3 , dentro da planta i da geração F_2 , e dentro do bloco j , sendo $z = 1,2,3,\dots,q$.

O modelo da análise de variância e as respectivas esperanças dos quadrados médios são apresentados na Tabela 7.

TABELA 7. Esquemas das análises de variância dos experimentos das gerações $F_{4:5}$ e $F_{4:6}$, com as respectivas esperanças dos quadrados médios, utilizados na análise, para produtividade de grãos e notas de porte.

Produtividade de grãos				
F.V.	G.L	Q.M	E(QM)	
Repetição	-	Q_1	-	
Progênie	v_1	Q_2	$\sigma_{d_f}^2 + q\sigma_{e_f}^2 + rq\sigma_{P_f}^2$	
Entre F_2	v_2	Q_3	$\sigma_{d_f}^2 + q\sigma_{e_f}^2 + rq\sigma_{P_{F_3:4f}}^2 + r q k \sigma_{P_{F_2:3f}}^2 + r q k w \sigma_{P_{F_2f}}^2$	
Entre F_3 dentro de F_2	v_3	Q_4	$\sigma_{d_f}^2 + q\sigma_{e_f}^2 + rq\sigma_{P_{F_3:4f}}^2 + r q k \sigma_{P_{F_2:3f}}^2$	
Entre F_4 dentro de F_3	v_4	Q_5	$\sigma_{d_f}^2 + q\sigma_{e_f}^2 + rq\sigma_{P_{F_3:4f}}^2$	
Erro	v_5	Q_6	$\sigma_{d_f}^2 + q\sigma_{e_f}^2$	
Dentro da progênie F_5	v_6	Q_7	$\sigma_{d_f}^2$	
Notas de porte				
Bloco/repetições	-	Q_1	-	
Progênie	v_1	Q_2	$\sigma_f^2 + r\sigma_{P_f}^2$	
Entre F_2	v_2	Q_3	$\sigma_f^2 + r\sigma_{P_{F_3:4f}}^2 + rk\sigma_{P_{F_2:3f}}^2 + rkw\sigma_{P_{F_2f}}^2$	
Entre F_3 dentro de F_2	v_3	Q_4	$\sigma_f^2 + r\sigma_{P_{F_3:4f}}^2 + rk\sigma_{P_{F_2:3f}}^2$	
Entre F_4 dentro de F_3	v_4	Q_5	$\sigma_f^2 + r\sigma_{P_{F_3:4f}}^2$	
Erro	v_5	Q_6	σ_f^2	

As estimativas das variâncias fenotípicas dentro das parcelas em cada geração ($\sigma_{d_f}^2$) para o caráter produtividade de grãos, foram estimadas a partir da média ponderada das variâncias dentro de 10% das parcelas.

De maneira análoga, os dados de nota de porte foram analisados em conformidade com o modelo estatístico já mencionado, excetuando a presença do efeito referente a variação dentro de parcelas. O esquema da análise de variância é apresentado na Tabela 7.

Posteriormente foi feita a análise conjunta das gerações F_{4:5} e F_{4:6} para ambos os caracteres avaliados, de acordo com o seguinte modelo estatístico:

$$Y_{ijosfz} = m + g_f + b_{(f)j} + a_i + t_{(i)o} + c_{(io)s} + ag_{if} + tg_{(i)of} + cg_{(io)sf} + e_{(iosif)} + d_{(iosif)z}$$

em que:

Y_{ijosfz} : observação referente à planta z , dentro da planta s da geração F₄, dentro da planta o da geração F₃ e da planta i da geração F₂, na repetição j da geração f ;

m : média geral do experimento;

g_f : efeito da geração f , em que $f = 1, 2, 3, \dots, a$;

$b_{(f)j}$: efeito do bloco j dentro da geração f , em que $j = 1, 2, 3, \dots, r$

a_i : efeito da planta i na geração F₂, com $i = 1, 2, 3, \dots, n$;

$t_{(i)o}$: efeito da planta o da geração F₃ dentro da planta i da geração F₂ com $o = 1, 2, 3, \dots, w$;

$c_{(io)s}$: efeito da planta s da geração F₄ dentro da planta o da geração F₃ e dentro da planta i da geração F₂, com $s = 1, 2, 3, \dots, k$;

ag_{if} : efeito da interação das plantas i da geração F₂ com a geração f ;

- $tg_{(i)of}$: efeito da interação das plantas o da geração F_3 dentro das plantas i da geração F_2 com a geração f ;
- $cg_{(io)sf}$: efeito da interação das plantas s da geração F_4 , dentro das plantas o da geração F_3 e dentro das plantas i da geração F_2 com a geração f ;
- $e_{(iosjf)}$: erro experimental associado à observação Y_{ijosfz} , assumindo que os erros são independentes e normalmente distribuídos, com média zero e variância σ^2 ;
- $d_{(iosif)_z}$: efeito da planta z , dentro a planta s da geração F_4 , dentro da planta o da geração F_3 , dentro da planta i da geração F_2 , e dentro do bloco j da geração f , sendo $z = 1,2,3,\dots,q$.

O modelo da análise de variância e as respectivas esperanças dos quadrados médios obtido pelo programa SAS são apresentados na Tabela 8.

TABELA 8. Esquema da análise de variância do com as respectivas esperanças dos quadrados médios, utilizado na análise conjunta dos experimentos para o caráter produtividade de grãos.

F.V.	Q.M.	E(QM)
Geração(A)	-	-
Progênie (P)	Q ₈	$\sigma_d^2 + q\sigma_e^2 + rq\sigma_{AP}^2 + raq\sigma_P^2$
Entre F ₂ (F ₂)	Q ₉	$\sigma_d^2 + q\sigma_e^2 + raq\sigma_{(AP_{F_{3:4}})}^2 + rkaq\sigma_{(AP_{F_{2:3}})}^2 + rkwaq\sigma_{(AP_{F_2})}^2 + rgq\sigma_{P_{F_{3:4}}}^2 +$ $+ rkgq\sigma_{P_{F_{2:3}}}^2 + rkwgq\sigma_{P_{F_2}}^2$
Entre F ₃ dentro de F ₂ (F _{3:2})	Q ₁₀	$\sigma_d^2 + q\sigma_e^2 + raq\sigma_{(AP_{F_{3:4}})}^2 + rkaq\sigma_{(AP_{F_{2:3}})}^2 + rgq\sigma_{P_{F_{3:4}}}^2 + rkgq\sigma_{P_{F_{2:3}}}^2$
Entre F ₄ dentro de F ₃ (F _{4:3})	Q ₁₁	$\sigma_d^2 + q\sigma_e^2 + raq\sigma_{(AP_{F_{3:4}})}^2 + rgq\sigma_{P_{F_{3:4}}}^2$
A x P	Q ₁₂	$\sigma_d^2 + q\sigma_e^2 + rq\sigma_{AP}^2$
A x F ₂	Q ₁₃	$\sigma_d^2 + q\sigma_e^2 + rq\sigma_{(AP_{F_{3:4}})}^2 + rkq\sigma_{(AP_{F_{2:3}})}^2 + rkwq\sigma_{(AP_{F_2})}^2$
A x F _{3:2}	Q ₁₄	$\sigma_d^2 + q\sigma_e^2 + rq\sigma_{(AP_{F_{3:4}})}^2 + rkq\sigma_{(AP_{F_{2:3}})}^2$
A x F _{4:3}	Q ₁₅	$\sigma_d^2 + q\sigma_e^2 + rq\sigma_{(AP_{F_{3:4}})}^2$
Erro	Q ₁₆	$\sigma_d^2 + q\sigma_e^2$
Dentro	Q ₁₇	σ_d^2

3.7 Estimação dos componentes de variância e parâmetros genéticos e fenotípicos

A partir das esperanças matemáticas dos quadrados médios (Tabelas 7, 8), foram estimadas as variâncias genéticas e fenotípicas por meio de estimadores apresentados na Tabela 9 e 10.

TABELA 9. Estimadores dos componentes da variância das análises individuais.

Componente	Estimador p/ produtividade de grãos	Estimador p/ notas de porte
$\hat{\sigma}_{P_f}^2$: variância genética entre as progênies	$\frac{Q_2 - Q_6}{rq}$	$\frac{Q_2 - Q_6}{r}$
$\hat{\sigma}_{F_f}^2$: variância fenotípica das progênies	$\frac{Q_2}{rq}$	$\frac{Q_2}{r}$
$\hat{\sigma}_{P_{F_2f}}^2$: variância genética entre plantas F_2	$\frac{Q_3 - Q_4}{rqkw}$	$\frac{Q_3 - Q_4}{rkw}$
$\hat{\sigma}_{P_{F_2:3f}}^2$: variância genética entre progênies F_3 dentro de F_2	$\frac{Q_4 - Q_5}{rpk}$	$\frac{Q_4 - Q_5}{rk}$
$\hat{\sigma}_{P_{F_3:4f}}^2$: variância genética entre progênies F_4 dentro de F_3	$\frac{Q_5 - Q_6}{rq}$	$\frac{Q_5 - Q_6}{r}$

TABELA 10. Estimadores dos componentes da variância da análise conjunta

Componente	Estimador p/ produtividade de grãos	Estimador p/ notas de porte
$\hat{\sigma}_{P}^2$: variância genética entre progênes	$\frac{Q_8 - Q_{12}}{raq}$	$\frac{Q_8 - Q_{12}}{ra}$
$\hat{\sigma}_{F}^2$: variância fenotípica das progênes	$\frac{Q_8}{raq}$	$\frac{Q_8}{ra}$
$\hat{\sigma}_{P_{F_2}}^2$: variância genética entre progênes derivadas de plantas F ₂	$\left[\frac{(Q_9 + Q_{14}) - (Q_{10} + Q_{13})}{arkwq} \right]$	$\left[\frac{(Q_9 + Q_{14}) - (Q_{10} + Q_{13})}{arkw} \right]$
$\hat{\sigma}_{P_{F_{2,3}}}^2$: variância genética entre progênes F ₃ dentro de F ₂	$\left[\frac{(Q_{10} + Q_{15}) - (Q_{11} + Q_{14})}{arkq} \right]$	$\left[\frac{(Q_{10} + Q_{15}) - (Q_{11} + Q_{14})}{ark} \right]$
$\hat{\sigma}_{P_{F_{3,4}}}^2$: variância genética entre progênes F ₄ dentro de F ₃	$\frac{Q_{11} - Q_{15}}{arq}$	$\frac{Q_{11} - Q_{15}}{ar}$
$\hat{\sigma}_{AP}^2$: variância da interação gerações x progênes	$\left[\frac{Q_{12} - Q_{16}}{rq} \right]$	$\left[\frac{Q_{12} - Q_{16}}{r} \right]$
$\hat{\sigma}_{AP_{F_2}}^2$: variância da interação gerações x entre progênes F ₂	$\left[\frac{Q_{13} - Q_{14}}{rkwq} \right]$	$\left[\frac{Q_{13} - Q_{14}}{rkw} \right]$
$\hat{\sigma}_{AP_{F_{2,3}}}^2$: variância da interação gerações x entre progênes F ₃ dentro de F ₂	$\left[\frac{Q_{14} - Q_{15}}{rkq} \right]$	$\left[\frac{Q_{14} - Q_{15}}{rk} \right]$

...continua...

$\hat{\sigma}_{AP_{F_{3,4}}}^2$: variância da interação gerações x entre progênies F ₄ dentro de F ₃	$\left[\frac{Q_{15} - Q_{16}}{rq} \right]$	$\left[\frac{Q_{15} - Q_{16}}{r} \right]$
---------------------------------	--	---	--

Os intervalos de confiança (IC) associados às estimativas dos componentes de variância foram estimados a partir da expressão apresentada por Ramalho et al. (2005).

$$IC = P \left[\frac{V_p \hat{\sigma}_p^2}{\chi_{\alpha/2}^2} < \sigma_p^2 < \frac{V_p \hat{\sigma}_p^2}{\chi_{1-\alpha/2}^2} \right] = (1 - \alpha) 100\% ;$$

em que:

α : nível de significância pré estabelecido (no caso 0,05);

$\hat{\sigma}_p^2$: estimativa da variância genética entre as progênies;

V_p : número de graus de liberdade associado ao componente da variância genética, o qual foi obtido segundo Satterthwaite (1946);

$\chi_{\alpha/2}^2$ e $\chi_{1-\alpha/2}^2$: Quantis superiores tabelados na distribuição de χ^2

(Qui-quadrado) para V_p graus de liberdade.

A herdabilidade no sentido amplo para a seleção na média das progênies na geração f (h_f^2) foi estimada utilizando a expressão citada por Ramalho et al. (1993):

$$h_f^2 = \frac{\hat{\sigma}_{P_f}^2}{\hat{\sigma}_{F_f}^2} \times 100 ;$$

em que:

$\hat{\sigma}_{P_f}^2$ e $\hat{\sigma}_{F_f}^2$: já definidos anteriormente.

Pelas seguintes expressões apresentadas por Knapp et al (1985) com confiança de $1 - \alpha = 0,95$, foram obtidos os limites inferiores (*L.I.*) e superiores (*L.S.*) das estimativas de herdabilidade (h^2).

$$LI = \left\{ 1 - \left[\left(\frac{QMprogênieis}{QMErro} \right) \times F_{1-\alpha/2;v_1;v_5} \right]^{-1} \right\},$$

$$LS = \left\{ 1 - \left[\left(\frac{QMprogênieis}{QMErro} \right) \times F_{\alpha/2;v_1;v_5} \right]^{-1} \right\},$$

em que:

$F_{\alpha/2}$ e $F_{1-\alpha/2}$: Quantis superiores tabelados da distribuição F , com v_1 e v_5 graus de liberdade, sendo $\alpha = 0,05$;

v_1 e v_5 : graus de liberdade associados a $QMprogênieis$ e $QMErro$, respectivamente.

A estimativa da herdabilidade (h^2) para seleção na média das gerações foi obtida pela expressão:

$$h^2 = \frac{C_{4,5/4,6}}{\sigma_F^2} \times 100;$$

em que:

$C_{4.5/4.6}$: covariância entre os desempenhos médios das progênes $F_{4.5}$ e

$$F_{4.6} = \sigma_p^2$$

$\hat{\sigma}_F^2$: variância fenotípica das médias de progênes envolvendo as gerações $F_{4.5}$ e $F_{4.6}$.

Estimou-se também o LI e o LS de h^2 pela expressão de Knapp et al (1985), apresentada anteriormente considerando as respectivas esperanças dos quadrados médios

$$LI = \left\{ 1 - \left[\left(\frac{QM_{progênes}}{QM_{AP}} \right) \times F_{1-\alpha/2; v_8; v_{12}} \right]^{-1} \right\};$$

$$LS = \left\{ 1 - \left[\left(\frac{QM_{progênes}}{QM_{AP}} \right) \times F_{\alpha/2; v_8; v_{12}} \right]^{-1} \right\};$$

em que:

v_8 e v_{12} : graus de liberdade associados a $QM_{progênes}$ e QM_{AP} , respectivamente.

3.8 Estimação dos componentes da variância genética

A variância genética foi decomposta em função da covariância genética entre parentes utilizando o procedimento semelhante ao apresentado por Souza Junior (1989). Foi considerada frequência alélica igual a 0,5.

De acordo com a notação de Cockerham (1963), a covariância entre parentes em uma geração qualquer de endogamia, em um esquema de autofecundações sucessivas relacionando os indivíduos das gerações g e g' descendentes de um ancestral comum t ($C_{tgg'}$), é:

$$C_{tgg'} = (1 + I_t)\sigma_A^2 + \left[\frac{1 + I_t}{1 - I_t} (1 - I_g)(1 - I_{g'}) \right] \sigma_D^2; \quad (1)$$

em que:

I_t : coeficiente de endogamia na geração do genitor, obtido por :

$$I_t = 1 - \left(\frac{1}{2}\right)^{t-2}$$

I_g : coeficiente de endogamia na geração da descendência;

$I_{g'}$: coeficiente de endogamia na geração F_{g+1} .

Os componentes da variância genética para cada tipo de progênie, obtidos a partir da expressão (1) para ambas as gerações, são apresentados na Tabelas 11:

TABELA 11. Componentes da variância genética referentes às progênies $F_{4:5}$ e $F_{4:6}$

Componente	$F_{4:5}$	$F_{4:6}$
$\sigma_{P_{F_2}}^2$	$\sigma_A^2 + \frac{1}{64}\sigma_D^2$	$\sigma_A^2 + \frac{1}{256}\sigma_D^2$
$\sigma_{P_{F_{2:3}}}^2$	$\frac{1}{2}\sigma_A^2 + \frac{1}{32}\sigma_D^2$	$\frac{1}{2}\sigma_A^2 + \frac{1}{128}\sigma_D^2$
$\sigma_{P_{F_{3:4}}}^2$	$\frac{1}{4}\sigma_A^2 + \frac{1}{16}\sigma_D^2$	$\frac{1}{4}\sigma_A^2 + \frac{1}{64}\sigma_D^2$
$\sigma_{G_d}^2$	$\frac{1}{8}\sigma_A^2 + \frac{1}{8}\sigma_D^2$	$\frac{3}{16}\sigma_A^2 + \frac{3}{32}\sigma_D^2$

Para obtenção das estimativas dos componentes de variâncias genéticas e ambientais foram utilizadas as variâncias fenotípicas médias de progênies a partir das esperanças dos quadrados médios apresentados na Tabela 7. Tomando como referência a produtividade de grãos, e desconsiderando a ocorrência de interação, tem-se, para cada geração:

$$\sigma_{F_{2:f}}^2 = \frac{Q_3}{qrkw} = \frac{\sigma_{d_f}^2}{qrkw} + \frac{\sigma_{e_f}^2}{rkw} + \frac{\sigma_{P_{F_{3:4f}}}^2}{kw} + \frac{\sigma_{P_{F_{2:3f}}}^2}{w} + \sigma_{P_{F_{2f}}}^2 ;$$

$$\sigma_{F_{2:3f}}^2 = \frac{Q_4}{qrk} = \frac{\sigma_{d_f}^2}{qrk} + \frac{\sigma_{e_f}^2}{rk} + \frac{\sigma_{P_{F_{3:4f}}}^2}{k} + \sigma_{P_{F_{2:3f}}}^2 ;$$

$$\sigma_{F_{3:4f}}^2 = \frac{Q_5}{qr} = \frac{\sigma_{d_f}^2}{qr} + \frac{\sigma_{e_f}^2}{r} + \sigma_{P_{F_{3:4f}}}^2 ;$$

$$\sigma_{E_f}^2 = \frac{Q_6}{q} = \frac{\sigma_{d_f}^2}{q} + \sigma_{e_f}^2 ;$$

$$\sigma_{d_f}^2 = Q_5 = \sigma_{G_{df}}^2 + \sigma_{w_f}^2 ;$$

em que:

q : média harmônica do número de plantas por parcela utilizadas na estimação da variância dentro, sendo 16,24 para geração $F_{4:5}$ e 24,12 para geração $F_{4:6}$; $r = 2$; $k = 2$; $w = 2$

$\sigma_{e_f}^2$: variância ambiental entre as parcelas;

$\sigma_{w_f}^2$: variância ambiental dentro das parcelas.

No caso da nota de porte, como foi obtida uma nota média da parcela, não foi possível estimar σ_e^2 e σ_w^2 , e sim a variância do erro (σ^2) que envolve as duas variâncias. Nas Tabelas 12 e 13 estão apresentados os coeficientes associados às diferentes variâncias obtidas a partir das informações contidas nas variâncias fenotípicas anteriormente mencionadas.

TABELA 12. Matriz dos coeficientes associados aos componentes da variância genética e ambiental, considerando o caráter produtividade de grãos

	σ_A^2	σ_D^2	σ_e^2	σ_w^2
Geração F _{4:5}				
$\sigma_{F_{F_2}}^2$	1,313462	0,047837	0,125	0,00769704
$\sigma_{F_{F_{2:3}}}^2$	0,0626924	0,0644243	0,25	0,015394
$\sigma_{F_{F_{3:4}}}^2$	0,25385	0,06635	0,5	0,030788
σ_E^2	0,0076971	0,0076971	1	0,061576
σ_d^2	0,125	0,125	0	1
Geração F _{4:6}				
$\sigma_{F_{F_2}}^2$	1,31347	0,01221	0,125	0,00518
$\sigma_{F_{F_{2:3}}}^2$	0,62694	0,016597	0,25	0,0103648
$\sigma_{F_{F_{3:4}}}^2$	0,253887	0,01757	0,5	0,020729
σ_E^2	0,00777	0,003887	1	0,04146
σ_d^2	0,1875	0,093756	0	1

TABELA 13. Matriz dos coeficientes associados aos componentes da variância genética e ambiental, considerando o caráter notas de porte

	σ_A^2	σ_D^2	σ^2
Geração F _{4:5}			
$\sigma_{F_{F_2}}^2$	1,3125	0,046875	0,125
$\sigma_{F_{F_2:3}}^2$	0,625	0,0625	0,25
$\sigma_{F_{F_3:4}}^2$	0,25	0,0625	0,5
σ^2	0	0	1
Geração F _{4:6}			
$\sigma_{F_{F_2}}^2$	1,3125	0,01171875	0,125
$\sigma_{F_{F_2:3}}^2$	0,625	0,015625	0,25
$\sigma_{F_{F_3:4}}^2$	0,25	0,015625	0,5
σ^2	0	0	1

As estimativas dos parâmetros foram obtidas a partir dos coeficientes apresentados nas Tabelas 12 e 13 empregando o método dos quadrados mínimos ponderados iterativos, de modo semelhante ao realizado por Souza & Ramalho (1995). As estimativas foram obtidas pelo programa MAPGEN (Ferreira et al, 1997), a partir da equação:

$$\hat{\beta} = (X'W^{-1}X)^{-1} X'W^{-1}Y,$$

em que;

β : vetor dos parâmetros;

X : matriz de coeficientes do modelo;

Y : vetor das variâncias fenotípicas observadas;

W : matriz diagonal de ponderação ou de pesos, em que os elementos da diagonal da matriz W foram compostos pela variância das variâncias observadas pela fórmula de Mode & Robinson (1959), em que $V\hat{a}r(\hat{\sigma}^2) = 2(\hat{\sigma}^2)^2 / \nu + 2$, sendo que ν refere-se aos graus de liberdade associados às variâncias.

A seguir é apresentado um exemplo das matrizes e vetores referentes à estimação dos parâmetros para produtividade de grãos.

β : vetor dos parâmetros

$${}_4\beta_1 = \begin{bmatrix} \sigma_A^2 \\ \sigma_D^2 \\ \sigma_e^2 \\ \sigma_w^2 \end{bmatrix}$$

X : matriz de coeficientes do modelo. Das Tabelas 12 e 13, tem-se:

$${}_{10}X_4 = \begin{bmatrix} 1,313462 & 0,04783 & . & . & . & 0,00769704 \\ 0,626924 & 0,0644243 & . & . & . & 0,015394 \\ . & . & . & . & . & . \\ . & . & . & . & . & . \\ . & . & . & . & . & . \\ 0,1875 & 0,093756 & . & . & . & 1 \end{bmatrix}$$

Y : vetor das variâncias fenotípicas observadas

$${}_{10}Y_1 = \begin{bmatrix} Q_{2_{F_{4:5}}} / 8q_{F_{4:5}} \\ Q_{3_{F_{4:5}}} / 4q_{F_{4:5}} \\ \cdot \\ \cdot \\ \cdot \\ Q_{7_{F_{4:6}}} \end{bmatrix}$$

W : matriz diagonal de ponderação ou de pesos.

$${}_{10}W_{10} = \begin{bmatrix} 2\left(\hat{\sigma}_{F_{F_2}}^2\right)^2 / v_{1_{F_{4:5}}} + 2 & 0 & \cdot & \cdot & \cdot & 0 \\ 0 & 2\left(\hat{\sigma}_{F_{F_{2,3}}}^2\right)^2 / v_{2_{F_{4:5}}} + 2 & \cdot & \cdot & \cdot & 0 \\ \cdot & \cdot & \cdot & \cdot & \cdot & \cdot \\ \cdot & \cdot & \cdot & \cdot & \cdot & \cdot \\ 0 & 0 & \cdot & \cdot & \cdot & 2\left(\hat{\sigma}_d^2\right)^2 / v_{6_{F_{4:6}}} + 2 \end{bmatrix}$$

3.9 Estimação do ganho esperado com a seleção, herdabilidade realizada e resposta correlaciona

Foi estimado o ganho esperado com a seleção na geração $F_{4:5}$ e resposta na geração $F_{4:6}$, pela expressão:

$$GS = i \frac{C_{4:5/4:6}}{\sigma_{F_{4:5}}} \times 100,$$

em que:

i : intensidade de seleção standardizada de 6%, ou seja, seleção das 15 melhores progênies entre as 256 avaliadas;

$C_{4.5/4.6}$: covariância entre as progênies da geração F_{4.5} e F_{4.6} = σ_P^2 ;

σ_F : desvio padrão fenotípico na geração F_{4.5}.

A estimativa da herdabilidade realizada (h_R^2), segundo procedimento apresentado por Ramalho et al (1993), ou seja:

$$h_R^2 = \frac{GS/m_i}{ds/m_j} = \frac{\frac{m_{is} - m_i}{m_i}}{\frac{m_{js} - m_j}{m_j}},$$

em que:

GS : ganho com a seleção na geração F_{4.6} considerando as progênies avaliadas em F_{4.5};

ds : diferencial de seleção. Médias das progênies selecionadas em F_{4.5} menos média geral das progênies F_{4.5}.

m_j e m_i : média das progênies nas gerações F_{4.5} e F_{4.6}.

m_{js} e m_{is} : média das 15 progênies selecionadas em F_{4.5} e das mesmas progênies em F_{4.6}.

A resposta correlacionada no porte (Y) pela seleção efetuada na produtividade de grãos (X), considerando a média das duas gerações, foi obtida pela expressão:

$$RC_{xy} = ih_x h_y r_{xy} \sigma_y$$

em que:

i : intensidade de seleção estandarizada;

h_x : raiz quadrada da herdabilidade para o caráter (X);

h_y : raiz quadrada da herdabilidade para o caráter (Y);

r_{xy} : correlação genética entre os caracteres X e Y. Foi obtida utilizando procedimento semelhante ao apresentado por Cruz et al., (2004);

σ_y : desvio padrão fenotípico do caractere Y.

4 RESULTADOS E DISCUSSÃO

Os resumos das análises de variâncias relativos à avaliação das progênies nas gerações F_{4:5} e F_{4:6} para os caracteres produtividade de grãos e notas de porte são apresentados nas Tabelas 1A e 2A. Foram observadas diferenças significativas ($P \leq 0,01$) entre as progênies em ambas as gerações avaliadas.

Constatou-se, na análise conjunta, que o efeito de gerações foi significativo apenas para a produtividade de grãos (Tabela 14). Na geração F_{4:6} a produtividade de grãos, em g/planta, foi 11,9% acima da observada na geração F_{4:5}. É oportuno enfatizar que com o efeito de gerações está incluído também o efeito de safras. Em ocorrendo dominância na expressão do caráter, esperava-se que na geração F_{4:5} a média fosse superior à da geração F_{4:6}. Na ausência de dominância elas deveriam ser iguais. No entanto, para produtividade de grãos isso não foi verificado, como já comentado anteriormente. Depreende-se que isto só pode ter ocorrido devido à influência ambiental. A geração F_{4:5} foi avaliada na denominada safra ‘das águas’, semeadura em novembro. As temperaturas são maiores, as plantas se desenvolvem mais vegetativamente, em detrimento da parte reprodutiva, e há maiores perdas na colheita. Por outro lado, o experimento em que foram avaliadas as progênies da geração F_{4:6} foi conduzido na safra ‘das secas’, semeadura em fevereiro. O fator limitante nessa época é a falta de água. Contudo, como o experimento foi irrigado a produtividade média foi maior. Maiores produtividades médias em experimentos conduzidos na safra ‘das secas’ em relação à ‘das águas’ são comuns na região (Valério et al., 1999, Silva et al., 2004).

Já para nota de porte os valores foram não significativos entre gerações (Tabela 14). Para esse caráter era esperado que a média fosse superior na geração F_{4:5}. Isto porque, como já mencionado, ela foi avaliada na safra ‘das

águas', em que o desenvolvimento vegetativo das plantas é maior e a planta dificilmente permanece ereta. Isso não foi detectado na análise de variância, provavelmente porque as notas são atribuídas comparativamente entre as progênies em cada geração separadamente (Collicchio et al., 1997).

Como ocorreu nas análises individuais, na conjunta também foi detectada diferença significativa ($P \leq 0,01$) entre progênies. Na decomposição dessa fonte de variação, de acordo com a genealogia, para ambos os caracteres o teste de F foi significativo entre progênies F_2 , entre F_3 dentro de F_2 e entre F_4 dentro de F_3 , exceto para notas de porte nesse último contraste, evidenciando a existência de variação genética entre as progênies avaliadas (Tabela 14).

A existência de variação pode ser comprovada por meio da amplitude de variação entre progênies para ambos os caracteres (Tabela 15). Considerando a produtividade de grãos em ambas as gerações, a amplitude de variação entre as progênies foi superior à média em mais de 63%. No caso da nota de porte, embora não seja proporcionalmente de mesma magnitude da produção, a amplitude de variação foi também expressiva.

Os genitores que deram origem à população segregante são ambos da raça Mesoamericana (Singh et al., 1991), bem adaptados e diferindo na arquitetura da planta (Tabela 6). Além do mais, foram obtidos em condições bem distintas. Isso explica a variação genética entre as progênies observadas para ambos os caracteres.

A interação gerações x progênies (AxP) foi significativa ($P \leq 0,01$) apenas para o caráter produtividade de grãos. Decompondo a interação de acordo com a genealogia, verificou-se significância ($P \leq 0,05$) apenas para interação gerações x progênies F_3 dentro de F_2 (Tabela 14). A variância da interação gerações x progênies ($\hat{\sigma}_{AP}^2$) foi de magnitude semelhante à variância

genética entre as progênies no caso da produtividade de grãos. Já para nota de porte, a estimativa da interação $\hat{\sigma}_{AP}^2$ foi praticamente nula (Tabelas 16 e 17).

Veja que quando se decompôs o componente σ_{AP}^2 , a maior estimativa para o caso da produtividade de grãos foi quando se consideraram as progênies F_3 dentro de F_2 . No caso do porte foi entre progênies F_2 , o que está de acordo com a significância do teste de F apresentado na Tabela 14. O relato de ocorrência de interação genótipos x ambientes é freqüente na literatura com a cultura do feijoeiro (Abreu et al., 1990; Takeda et al., 1991; Rosal et al., 2000; Carneiro et al., 2002; Pereira, 2003; Aguiar et al., 2004;), o que corrobora os resultados obtidos no presente trabalho.

TABELA 14. Resumo da análise de variância conjunta da produtividade de grãos (g/planta) e notas de porte, referente às avaliações das progênies nas gerações $F_{4;5}$ e $F_{4;6}$. Lavras, MG.

FV	GL	QM	
		Produção	Porte x 10 ²
Geração(A)	1	5343,95**	65,96
Progênies (P)	255	250,18**	81,46**
Entre F_2 (F_2)	63	394,16*	199,36**
Entre F_3 dentro de F_2 ($F_{2;3}$)	64	255,89*	55,99*
Entre F_4 dentro de F_3 ($F_{3;4}$)	128	176,47**	36,17
A x P	255	163,62**	35,92
A x F_2	63	207,74	60,99**
A x $F_{2;3}$	64	188,10*	33,61
A x $F_{3;4}$	128	129,66	24,73
Erro	510	126,85	34,58
Dentro	19640	39,00	-
Média		9,02	2,98
CV(%)		22,33	19,75

* e ** Significativo pelo teste de F, a 5% e 1% de probabilidade, respectivamente

TABELA 15. Produtividade média de grãos (g/planta) e nota média de porte nas gerações F_{4:5} e F_{4:6}. Limites inferiores e superiores das médias das progênes avaliadas.

Progênes	Produção (gramas/planta)	$\left(\frac{A}{m}\right)\%$ ^{3/}	Notas de porte	$\left(\frac{A}{m}\right)\%$ ^{3/}
F _{4:5}	8,51 (3,02 – 16,93) ^{1/}	163	2,95 (1,59 – 4,65) ^{2/}	103
F _{4:6}	9,52 (2,80 – 18,45) ^{1/}	164	3,00 (1,56 – 4,20) ^{2/}	88

^{1/} Limites superiores e inferiores para produtividade de grãos (g/planta)

^{2/} Limites superiores e inferiores para nota de porte

^{3/} Amplitude de variação sobre a média dados em porcentagem.

As estimativas dos parâmetros genéticos e fenotípicos também evidenciaram a existência de variação entre as progênes. Em todas as situações a estimativa de $\hat{\sigma}_p^2$ foi diferente de zero (Tabelas 16 e 17).

É interessante observar o que ocorreu com as estimativas da variância genética considerando a genealogia. Os coeficientes dos componentes da variância genética entre as progênes F_{4:5}, considerando a genealogia, contêm:

$$\hat{\sigma}_{P_{F_2}}^2 = \sigma_A^2 + \left(\frac{1}{64}\right)\sigma_D^2, \quad \hat{\sigma}_{P_{F_{2:3}}}^2 = \left(\frac{1}{2}\right)\sigma_A^2 + \left(\frac{2}{64}\right)\sigma_D^2 \quad e$$

$$\hat{\sigma}_{P_{F_{3:4}}}^2 = \left(\frac{1}{4}\right)\sigma_A^2 + \left(\frac{4}{64}\right)\sigma_D^2. \text{ Assim, a magnitude dessas variâncias irá depender}$$

da contribuição de σ_A^2 e σ_D^2 . Se não ocorrer dominância, deveria ocorrer a

seguinte ordem de magnitude $\hat{\sigma}_{P_{F_2}}^2 > \hat{\sigma}_{P_{F_{2:3}}}^2 > \hat{\sigma}_{P_{F_{3:4}}}^2$. Com a dominância,

dependendo de sua participação, ocorreria o contrário. No caso do porte, observe

que, $\hat{\sigma}_{P_{F_2}}^2 > \hat{\sigma}_{P_{F_{2:3}}}^2 > \hat{\sigma}_{P_{F_{3:4}}}^2$ (Tabela 17). Já para produção, nenhuma dessas

relações foram constatadas, pois $\hat{\sigma}_{P_{F_{2:3}}}^2 > \hat{\sigma}_{P_{F_2}}^2 > \hat{\sigma}_{P_{F_{3:4}}}^2$. Esse resultado pode ter

ocorrido devido a erro associado à estimativa, já que na ‘abertura’ da progênie foram utilizados apenas dois indivíduos.

Não foi encontrado nenhum relato do número de indivíduos para representar uma progênie nas gerações sucessivas de endogamia com a cultura do feijoeiro. No caso da cultura do milho, verificou-se que seis plantas seriam suficientes para representar uma progênie $S_{0:2}$ (Bahia et al., 2003). Assim, parte da não consistência das estimativas da variância genética nas diferentes genealogias pode ser atribuída também a um problema de tamanho da amostra, pois de cada progênie foram avançados apenas dois indivíduos para geração seguinte. Essa é, talvez, a principal restrição no emprego do método genealógico. Se o número de indivíduos amostrados para compor a geração seguinte for grande, o número de progênies a serem avaliadas irá tornar inviável o emprego da metodologia. Apenas para exemplificar, partindo de 64 plantas F_2 , e amostrando apenas seis plantas dentro de $F_{2:3}$ e seis em $F_{3:4}$, seria necessário avaliar 2304 progênies em $F_{4:5}$.

TABELA 16. Estimativas das variâncias fenotípicas (σ_F^2), variâncias genéticas (σ_P^2) e herdabilidade (h^2) e respectivos intervalos de confiança referentes às avaliações para produtividade de grãos (g/planta) das progênies nas gerações F_{4:5}, F_{4:6} e na análise conjunta.

Produtividade de grãos (g/planta)	Gerações		Conjunta
	F _{4:5}	F _{4:6}	
$\hat{\sigma}_F^2$	5,0017 -	5,2510 -	3,0994 -
$\hat{\sigma}_P^2$	1,4493 (0,7768 – 3,6048) ^{2/}	2,5176 (1,7385 – 3,9715) ^{2/}	1,0723 (0,7554 – 1,6415) ^{2/}
$\hat{\sigma}_{P_{F_2}}^2$	0,5164 (0,1657 – 7,1789) ^{2/}	0,4617 (0,1482 – 6,4184) ^{2/}	0,3674 (0,1179 – 5,1075) ^{2/}
$\hat{\sigma}_{P_{F_{2:3}}}^2$	1,1476 (0,5429 – 3,8249) ^{2/}	0,5603 (0,1518 – 22,412) ^{2/}	0,1299 (0,0259 – 129,90) ^{2/}
$\hat{\sigma}_{P_{F_{3:4}}}^2$	-0,2041 (-0,2650 – -0,1621) ^{2/}	1,5031 (0,7899 – 3,9012) ^{2/}	0,5799 (0,2408 – 2,8121) ^{2/}
$\hat{\sigma}_{AP}^2$	-	-	0,9110 (0,4448 – 2,8057) ^{2/}
$\hat{\sigma}_{AP_{F_2}}^2$	-	-	0,1218 (0,0242 – 121,80) ^{2/}
$\hat{\sigma}_{AP_{F_{2:3}}}^2$	-	-	0,7204 (0,2807 – 4,3335) ^{2/}
$\hat{\sigma}_{AP_{F_{3:4}}}^2$	-	-	0,0696 (0,0139 – 69,600) ^{2/}
h^2 (%)	28,98 (9,17 – 44,47) ^{1/}	47,94 (33,42 – 59,30) ^{1/}	34,58 (16,35 – 48,86) ^{1/}

^{1/} L.I. e L.S – limites inferiores e superiores do intervalo de confiança para h^2 com 5% de probabilidade

^{2/} L.I e L.S. – limites inferiores e superiores do intervalo de confiança para as variâncias com 5% de probabilidade

TABELA 17. Estimativas das variâncias fenotípicas (σ_F^2), variâncias genéticas (σ_P^2) e herdabilidade (h^2) e respectivos intervalos de confiança referentes às avaliações para notas de porte das progênes nas gerações F_{4:5}, F_{4:6} e à análise conjunta das mesmas.

Notas de porte	Gerações		Conjunta
	F _{4:5}	F _{4:6}	
$\hat{\sigma}_F^2$	0,3845	0,2024	0,2037
$\hat{\sigma}_P^2$	0,1576	0,0835	0,1139
	(0,1165 – 0,2786) ^{2/}	(0,0540 – 0,1461) ^{2/}	(0,0850 – 0,1606) ^{2/}
$\hat{\sigma}_{P_{F_2}}^2$	0,1460	0,0674	0,0725
	(0,0905 – 0,2742) ^{2/}	(0,0395 – 0,1406) ^{2/}	(0,04139 – 0,1586) ^{2/}
$\hat{\sigma}_{P_{F_{2,3}}}^2$	0,0376	0,0341	0,0137
	(0,01350 – 0,3105) ^{2/}	(0,0161 – 0,1137) ^{2/}	(0,0037 – 0,5480) ^{2/}
$\hat{\sigma}_{P_{F_{3,4}}}^2$	-0,0241	0,0171	0,0297
	(-0,0313 – -0,0191) ^{2/}	(0,0046 – 0,6840) ^{2/}	(0,0141 – 0,0989) ^{2/}
$\hat{\sigma}_{AP}^2$	-	-	0,0067
			(0,0013 – 6,700) ^{2/}
$\hat{\sigma}_{AP_{F_2}}^2$	-	-	0,0342
			(0,0167 – 0,1053) ^{2/}
$\hat{\sigma}_{AP_{F_{2,3}}}^2$	-	-	0,0232
			(0,0083 – 0,1916) ^{2/}
$\hat{\sigma}_{AP_{F_{3,4}}}^2$	-	-	-0,0493
			(-0,1424 – -0,0218) ^{2/}
h^2 (%)	40,99	41,26	55,92
	(24,54 – 53,87) ^{1/}	(24,90 – 54,09) ^{1/}	(43,60 – 65,52) ^{1/}

^{1/} L.I. e L.S – limites inferiores e superiores do intervalo de confiança para h^2 com 5% de probabilidade

^{2/} L.I e L.S. – limites inferiores e superiores do intervalo de confiança para as variâncias com 5% de probabilidade

A contribuição da variância genética aditiva (σ_A^2); variância de dominância (σ_D^2); variância ambiental entre parcelas (σ_e^2) e variância

ambiental dentro das parcelas (σ_w^2) para variação fenotípica total da produtividade de grãos é mostrada na Tabela 19. Deve ser mencionado que, para a obtenção da estimativa da variância fenotípica dentro das parcelas para a produtividade de grãos, foi tomada uma amostra de 10% das progênies, avaliando todas as plantas da parcela. Segundo Souza & Ramalho (1995), uma amostra de 10% é suficiente para representar a variância fenotípica dentro das parcelas na cultura do feijoeiro. Veja que para produtividade de grãos a contribuição de σ_e^2 e σ_w^2 é superior a σ_A^2 e σ_D^2 , e que a estimativa de σ_D^2 foi nula.

Observou-se que a contribuição da variação ambiental dentro da parcela (σ_w^2) foi 8,38 vezes superior à variância ambiental entre parcelas (σ_e^2) (Tabelas 19). Esse fato evidencia que o erro é mais acentuado dentro do que entre as parcelas.

Existem poucas referências a esse respeito na literatura. Na cultura do milho é que se têm mais informações. A relação entre a variância ambiental dentro da parcela é superior à variância entre parcelas em magnitude, semelhante à observada nesse trabalho com a cultura do feijoeiro (Pacheco, 1984). Contudo, os resultados foram discrepantes dos obtidos por Souza & Ramalho, (1995), segundo os quais para a produção de grãos, a variância ambiental dentro da parcela foi praticamente nula. A se confirmarem os resultados obtidos no presente trabalho, fica evidente a necessidade de maior rigor na condução dos experimentos para reduzir a variação ambiental dentro das parcelas.

A predominância dos efeitos aditivos no controle genético da produtividade de grãos tem sido relatada em várias oportunidades (Abreu, 1989; Takeda, 1990; Vizgarra, 1991); contudo, há relatos também da ocorrência de dominância (Chung & Stevenson, 1973; Foolad & Bassari, 1983).

Com as notas de porte não foram obtidos os dados por planta; nesse caso, σ_e^2 e σ_w^2 se confundem, sendo representados por σ^2 . A contribuição de σ_D^2 foi superior a σ_A^2 e também a σ^2 , permitindo inferir que para esse caráter a contribuição da variância de dominância foi expressiva (Tabela 18). O que se observa na literatura é que há inconsistência na estimativa desses componentes para este caráter. Teixeira (1999), estudando o controle genético do porte na cultura do feijoeiro, constatou a predominância do efeito aditivo no cruzamento das cultivares Carioca MG x H4, ao passo que, no cruzamento das cultivares Carioca x FT-Tarumã, os efeitos de dominância prevaleceram.

Observe que a herdabilidade da produtividade de grãos em ambas as gerações foi diferente de zero, evidenciando a possibilidade de sucesso com a seleção (Tabela 16). A estimativa de herdabilidade (h^2) na geração F_{4.5} foi inferior à observada na F_{4.6}. Isso ocorreu devido à menor precisão experimental nessa geração. A parcela era menor e, além disso, como a semeadura foi realizada em novembro, safra ‘das águas’, como já mencionado, as condições experimentais foram piores, especialmente na colheita. É oportuno enfatizar que como a contribuição de σ_D^2 foi praticamente nula para esse caráter, a estimativa de h^2 pode ser considerada no sentido restrito e envolve no numerador da expressão $1,75 \sigma_A^2$ existente entre plantas da geração F₂.

Há na literatura diversos relatos de estimativas de herdabilidade do caráter produtividade de grãos. Uma compilação das estimativas obtidas com a cultura do feijão é apresentada na Tabela 3. Veja que as estimativas apresentadas variam de 10,6% a 64,9%. Como se observa, as estimativas obtidas no presente trabalho estão dentro do intervalo de variação das encontradas nos demais trabalhos. Contudo, é importante enfatizar que a comparação de estimativas da herdabilidade, utilizando progênies, normalmente é dificultada devido às

diferenças do número de progênies testadas, dos tamanhos de parcelas, das gerações de avaliação e das condições ambientais.

No caso das notas de porte, a estimativa de herdabilidade (h^2) entre gerações e na análise conjunta foram semelhantes e também evidenciam a possibilidade de sucesso com a seleção (Tabela 17). Como para esse caráter as estimativas de herdabilidade (h^2) foram ligeiramente superiores à herdabilidade da produtividade de grãos, provavelmente o ambiente tenha menor influência na manifestação desse caráter, como já comentado. Deve ser mencionado que como σ_D^2 foi expressivo na nota de porte (Tabela 18), a herdabilidade (h^2) não pode ser considerada de sentido restrito. Resultados semelhantes às estimativas da herdabilidade para este caráter foram verificados por Teixeira (1999) e Cunha (2005).

As estimativas da herdabilidade realizada (h_R^2), ou seja, aquelas obtidas pela seleção efetuada na geração F_{4:5} e o ganho em F_{4:6}, foram de magnitude inferior à estimativa de $h_{F_{4:5}}^2$ para produtividade de grãos (Tabela 20). Isso ocorreu, provavelmente, porque o efeito da interação gerações x progênies foi significativo para esse caráter. No caso do porte, as estimativas foram muito semelhantes, realçando mais uma vez que a interação gerações x progênies não foi expressiva para esse caráter.

TABELA 18. Estimativas dos componentes da variância genética e ambiental, com os respectivos limites inferiores e superiores e coeficiente de determinação da nota de porte

Modelo	Porte			R^2
	$\hat{\sigma}_A^2$	$\hat{\sigma}_D^2$	$\hat{\sigma}^2$	
$\sigma_e^2, \sigma_A^2, \sigma_D^2$	0,0618 (0,0501 – 0,0782) ^{1/}	0,5264 (0,4522 – 0,6205) ^{1/}	0,3104 (0,2796 – 0,3467) ^{1/}	0,898
σ_e^2, σ_D^2	-	2,0549 (1,7718 – 2,4120) ^{1/}	0,3153 (0,2840 – 0,3522) ^{1/}	0,857
σ_e^2	-	-	0,4684 (0,4302 – 0,5118) ^{1/}	0,621

^{1/} L.I. e L.S. – limites inferiores e superiores do intervalo de confiança das estimativas dos componentes da variância fenotípica com 5% de probabilidade.

Uma das grandes contribuições da genética quantitativa é a predição de ganho a ser obtido por uma estratégia de seleção a ser aplicada em uma população, para um determinado caráter. Uma vez estimado o ganho a ser obtido por seleção, o melhorista poderá avaliar a eficácia da estratégia adotada, promovendo modificações quando for necessário. Também poderá ser avaliada a potencialidade da população trabalhada para fins de melhoramento (Cruz, 2005).

Foram obtidas estimativas do ganho esperado considerando a seleção na geração $F_{4.5}$ e o ganho na geração $F_{4.6}$. O ganho percentual médio para produtividade de grãos foi superior a 11%. Na nota de porte das plantas, o ganho percentual foi semelhante ao da produtividade.

Na ausência de dominância, a covariância entre progênes $F_{4.5}$ e $F_{4.6}$ é a mesma ($C_{4.5/\infty}$ e $C_{4.6/\infty}$) e corresponde a $1,75\sigma_A^2$ (Ramalho et al., 1993). Nesse caso, o ganho poderia ser estimado considerando a média das duas gerações avaliadas e a resposta esperada na F_∞ . Veja na Tabela 20 que o valor do ganho para ambos os caracteres foi superior aos anteriores, isto porque a variância

fenotípica na média das gerações foi menor que a estimativa em $F_{4.5}$ (Tabela 16). Uma compilação de valores obtidos para o ganho com a seleção em experimentos realizados com a cultura do feijão para o caráter produtividade de grãos é apresentado na Tabela 4. Foram obtidos valores que variam de $-11,44\%$ a $20,42\%$. Como observado, as estimativas estão dentro do intervalo de variação encontrado nos demais trabalhos.

Não houve boa concordância das quinze progênies que seriam selecionadas considerando as gerações $F_{4.5}$, $F_{4.6}$ e na média (Tabela 21). Veja que na média haveria concordância de seis progênies entre as quinze com a geração $F_{4.5}$ e oito com a geração $F_{4.6}$, reforçando o que já foi comentado com relação a estimativa da herdabilidade realizada.

Observou-se também que a média do porte das 15 progênies selecionadas para produtividade de grãos (3,21) é 8% superior à média geral desse caráter (2,98) (Tabela 20). A estimativa da correlação genética entre os dois caracteres foi de $r_{xy} = 0,32$. Como essa estimativa foi relativamente pequena, a resposta correlacionada no porte pela seleção efetuada na produtividade foi também de pequena magnitude $RC_{xy} = 0,1778$, ou seja, $5,96\%$ da média do porte. Collicchio (1997) constatou, em seu trabalho, que as correlações para esses dois caracteres, ainda que de pequena magnitude, foram na maioria das vezes positivas, o que corrobora os resultados do presente trabalho.

Ficou também evidenciado que a seleção efetuada apenas considerando a produtividade de grãos contribui para obtenção de plantas menos eretas, maiores notas, o que é prejudicial. Contudo, como a estimativa da correlação foi de pequena magnitude, é possível selecionar plantas que sejam produtivas e mais eretas, sobretudo se for utilizado algum índice de seleção.

TABELA 19. Estimativas dos componentes da variância genética e ambiental, com os respectivos limites inferiores e superiores e coeficientes de determinação da produtividade de grãos (g/parcela)

Modelo	Produção				R^2
	$\hat{\sigma}_A^2$	$\hat{\sigma}_D^2$	$\hat{\sigma}_e^2$	$\hat{\sigma}_w^2$	
$\sigma_e^2, \sigma_w^2, \sigma_A^2, \sigma_D^2$	1,1999 (0,9875 – 1,4894) ^{1/}	-6,5104 (-5,6304 - -7,6153) ^{1/}	4,7790 (4,3225 – 5,3122) ^{1/}	40,0641 (36,2924 – 44,4592) ^{1/}	0,994
$\sigma_e^2, \sigma_w^2, \sigma_A^2$	0,9879 (0,8143 – 1,2241) ^{1/}	-	4,6221 (4,2054 – 5,1043) ^{1/}	39,4190 (37,9183 – 41,0110) ^{1/}	0,994
σ_e^2, σ_w^2	-	-	6,2671 (5,7561 – 6,8496) ^{1/}	39,5839 (38,0769 – 41,1826) ^{1/}	0,984

^{1/} L.I. e L.S. – limites inferiores e superiores do intervalo de confiança das estimativas dos componentes da variância fenotípica com 5% de probabilidade.

TABELA 20. Estimativas do ganho esperado com a seleção (GS) e herdabilidade realizada para produtividade de grãos (g/planta) e notas de porte.

		GS	Média	GS (%)	h_R^2 %
Produção	Resposta na $F_{4;6}$	0,95	8,51 ^{1/}	11,16	8,1
	Resposta na F_{∞}	1,21	9,02 ^{2/}	13,41	
Porte	Resposta na $F_{4;6}$	-0,36	2,95 ^{1/}	-12,20	32,8
	Resposta na F_{∞}	-0,50	2,98 ^{2/}	-16,78	

^{1/} médias das progênies na geração $F_{4;5}$

^{2/} médias das gerações

TABELA 21. Médias de produtividade de grãos (g/planta) das 15 progênies com melhor desempenho nas gerações $F_{4;6}$, $F_{4;6}$ e análise conjunta

Geração $F_{4;5}$		Geração $F_{4;6}$		Média		
Progênies	Produção (g/planta)	Progênies	Produção (g/planta)	Progênies	Produção (g/planta)	Notas de porte
125	16,93	79	18,45	79	14,35	2,53
241	13,64	77	14,82	125	14,14	3,63
215	13,61	29	14,72	214	13,62	3,88
214	13,42	87	14,30	77	13,24	2,85
162	13,11	44	13,99	29	12,76	3,27
242	12,93	39	13,79	23	12,73	3,25
150	12,81	60	13,79	236	12,56	3,53
23	12,81	214	13,79	150	12,53	4,04
123	12,75	136	13,47	36	12,45	2,56
256	12,62	84	13,37	87	12,30	3,25
93	12,40	236	13,33	239	12,21	3,52
36	12,39	56	13,27	162	12,19	2,42
191	12,12	102	13,27	56	12,02	2,94
6	12,12	166	13,27	39	12,00	3,53
149	12,07	168	13,16	78	11,94	2,9
Média	13,05		14,06		12,74	3,21

5 CONCLUSÕES

Na produção de grãos por planta, a variância ambiental dentro da parcela é o principal componente da variância fenotípica entre progênies. Portanto, há necessidade de haver maior controle experimental visando a melhoria da eficiência do programa de melhoramento.

A variância genética aditiva é predominante para a produção de grãos e a variância de dominância, para o porte.

O emprego do método genealógico na estimativa dos componentes da variância fenotípica tem como restrição a amostragem das plantas para comporem as gerações subseqüentes.

O porte das plantas é prejudicado pela seleção efetuada apenas considerando a produtividade de grãos.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

ABREU, A. de F. B. **Avaliação de progênies de feijoeiro do cruzamento ‘Carioca 80’ x ‘Rio Tibagi’ em diferentes densidades de plantio.** 1989. 63 p. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Escola Superior de Agricultura de Lavras, Lavras, MG.

ABREU, A. de F. B. **Predição do potencial genético de populações segregantes de feijoeiro utilizando genitores inter-raçiais.** 1997. 80 p. Tese (Doutorado em Genética e melhoramento de Plantas) – Universidade Federal de Lavras, Lavras, MG.

ABREU, A. F. B.; RAMALHO, M. A. P.; ANDRADE, M. J. B.; PEREIRA FILHO, I. A. Estabilidade de Linhagens de Feijão Em Algumas Localidades do Estado de Minas Gerais No Período de 1994 A 1995. **Ciência e Agrotecnologia**, Lavras, v. 22, n. 3, p. 308-312, jul./set. 1998.

ABREU, A. F. B.; RAMALHO, M. A. P.; FERREIRA, D. F. Selection potential for seed yield from intra and inter racial populations in common bean. **Euphytica**, Wageningen, v. 108, n. 2, p. 121-127, 1999.

ABREU, A. F. B.; RAMALHO, M. A. P.; SANTOS, J. B. Seleção de Progenies de Feijoeiro de Porte Ereto e Resistente Antracnose Provenientes do Cruzamento das Cultivares Carioca 80 X Rio Tibagi. **Revista Brasileira de Genética**, Ribeirão Preto, v. 14, n. 1, p. 83-90, mar. 1990.

ABREU, A. F. B.; RAMALHO, M. A. P.; SANTOS, J. B.; MARTINS, L. A. Progresso do Melhoramento Genético do Feijoeiro Nas Décadas de Setenta e Oitenta Nas Regiões Sul e Alto Paranaíba Em Minas Gerais. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 29, n. 1, p. 105-112, jan. 1994.

ABREU, A. F. B. T.; RAMALHO, M. A. P.; SANTOS, J. B. Prediction of seed-yield potential of common bean populations. **Genetics and Molecular Biology**, Ribeirão Preto, v. 25, n. 3, p. 323-328, Sept. 2002.

AGGARWAL, V. D.; SINGH, T. P. Genetic variability and interrelation in agronomic traits in kidney-bean (*Phaseolus vulgaris* L.). **The Indian Journal Agricultural Science**. New Delhi, v. 43, n. 9, p. 845-848, Sept. 1973.

AGUIAR, M. S. de; RAMALHO, M. A. P.; ABREU, A. F. B. T.; CARNEIRO, J. E. de S. Effect of the number of intermatings on genetic properties of a segregant common bean population. **Crop breeding and applied biotechnology**, Londrina, v. 4, n. 2, p. 234-240, Apr./June 2004.

AGUIAR, A M ; RAMALHO, M. A. P.; MARQUES JÚNIOR, O. G. Controle genético do stay green no feijoeiro (*Phaseolus vulgaris* L.). **Revista Ceres**, Viçosa, MG, v. 47, n. 270, p. 155-167, mar./abr. 2000.

ARIEL, E. F.; RAMALHO, M. A. P.; SANTOS, J. B. Análise dialélica do número de dias para o florescimento do feijoeiro. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 25, n. 5, p. 759-763, maio 1990.

BACKER, R. J. Issues in diallel analysis. **Crop Science**, Madison, v. 18, p. 533-536, 1978

BAHIA, G. S.; RAMALHO, M. A. P.; SOUZA, J. C. de; FERREIRA, D. F. Número de plantas para representar famílias na obtenção de híbridos S2 x S2 de milho. **Revista Brasileira de Milho e Sorgo**, Sete Lagoas, v. 2, n. 1, p. 87-96, 2003.

BERNARDO, R. **Breeding for quantitative traits in Plants**. Woodbury, Minnesota, 2002. 368 p.

BONATO, R. E.; VELLO, N. A. Aspectos do tempo para o florescimento em variantes naturais de soja. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 34, n. 6, p. 989-993, jun. 1999.

BORÉM, A. **Melhoramento de plantas**. 2. ed. Viçosa: UFV, 1998. 453 p.

CAMACHO, L. H.; CARDONA, C.; OROZOCO, S. H. Genotypic and phenotypic correlation of components of yield in kidney beans. **Annual Report Bean Improvement Cooperative**, Cali, v. 7, p. 8-9, Jan. 1964.

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

CAVALLI, L. L. An analysis of linkage in quantitative inheritance. In: REVE, E. C. R.; WADDINGTON, C. H. (Ed.). **Quantitative inheritance**. London: HMSO, 1952. p. 135-144.

CHUNG, J. H.; STEVENSON, E.; Diallel analyses of the genetic variation in some quantitative characters in dry beans. **New Zealand Journal of Agricultural Research**, Wellington, v. 16, n. 2, p. 223-231, May 1973.

COCKERHAM, C. C. Estimation of genetic variance. In: HANSON, W. D.; ROBINSON, H. F. (Ed.). **Statistical genetics and plant breeding**. Washington: NAS/NRS, 1963.

COCKERHAM, C. C. An extension of the concept of partitioning hereditary variance for analysis of covariances among relatives when epistasis is present. **Genetics**, Baltimore, v. 39, n. 6, p. 859-882, 1954.

COCKERHAM, C. C. Effects of linkage on the covariance between relatives. **Genetics**, Baltimore, v. 41, n. 2, p. 138-141, 1956.

COLLICCHIO, E. **Associação entre o porte da planta do feijoeiro e o tamanho dos grãos**. 1995. 98 p. Dissertação (Mestrado em Genética e melhoramento de Plantas) – Universidade Federal de Lavras, Lavras, MG.

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

COMSTOCK, R. E.; ROBINSON, H. F. The components of variance in populations of biparental progenies and their use in estimating the average degree of dominance. **Biometrics**, Washington, v. 4, n. 4, p. 254-266, 1948.

COMSTOCK, R. E.; ROBINSON, H. F. **Estimation of average dominance of genes**. Ames: Heterosis, Iowa State College Press, 1952. p. 494-516.

CONEY, D. P.; STEADMAN, J. R. Inheritance and association of some traits in a *Phaseolus Vulgaris* L. cross. **The Journal of Heredity**, Baltimore, v. 68, n. 1, p. 60-62, Jan. 1977.

CRUZ, C. D. **Princípios de genética quantitativa**. Viçosa: UFV, 2005. 394 p.

CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicados as melhoramento genético**. 3. ed. Viçosa: UFV, 2004. v. 1, 480 p.

CUNHA, W. G. **Seleção recorrente em feijão do tipo carioca para porte ereto**. 2005. 52 p. Dissertação (Mestrado em Agronomia (Genética e Melhoramento de Plantas)) - Universidade Federal de Lavras, Lavras, MG.

DAVIS, J. H. C.; EVANS, A. M. Selection indices using type characteristics in navy beans (*Phaseolus Vulgaris L.*). **The Journal of Agricultural Science**, Cambridge, v. 89, n. 2, p. 341-348, Oct. 1977.

FALCONER, D. S.; MACKAY, T. F. **Introduction to quantitative genetics**. Malaysia: Longman, 1996. 463 p.

FEHR, W. R. **Principles of cultivar development**. New York: Macmillan Publishing Company, 1987. v. 1, 536 p.

FERREIRA, D. F.; ZAMBALDE, A. L. Simplificação dos análises de algumas técnicas especiais da experimentação agropecuária no Mapgen e softwars correlatos. In: CONGRESSO DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE INFORMÁTICA APLICADA A AGROPECUÁRIA E AGROINDÚSTRIA, 1., 1997, Belo Horizonte. **Anais...** Belo Horizonte, 1997. p. 285-291.

FERREIRA, W. D. **Implicações do número de famílias no processo seletivo na cultura do feijoeiro**. 1998. 68 p. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas) -Universidade Federal de Lavras, Lavras, MG.

FISHER, R. A. The correlation between relatives on the supposition of Mendelian inheritance. **Transactions of the Royal Society**, London, v. 52, p. 399-433, 1918.

FOOLAD, M. R.; BASSIRI, A. Estimates of combining ability, reciprocal effects and heterosis for yield and yield components in a common bean diallel cross. **The Journal of Agricultural Science**, Cambridge, v. 100, n. 1, p. 103-108, Feb. 1983.

FOUILLOUX, G.; BANNEROT, H. Selection methods in common beans (*Phaseolus Vulgaris L.*). In: GEPS, P. (Ed.) **Genetic Resources of Phaseolus Beans: their maintenance, domestication, evolution and utilization**. Netherlands: Kluwer Academic Publisher, 1988. p. 503-542.

FRANCO, M. C.; CASSINI, S. T.; OLIVEIRA, V. R.; VIEIRA, S. M. T.; CRUZ, C. D. Combining ability for nodulation in common bean (*Phaseolus Vulgaris L.*) genotypes from Andean and Middle American gene pools. **Euphytica**, Wageningen, v. 118, n. 3, p. 265-270, 2001.

GRIFFING, B. Concept of general and specific combining ability in relation to diallell crossing systems. **Australian Journal of Biological Science**, East Melbourn, v. 9, n. 3, p. 463-493, 1956.

HAYMAN, B. I. The separation of epistatic from additive and dominance variation in generation means II. **Genetica**, Dordrecht, v. 31, p. 133-146, 1960.

JINKS, J. L.; HAYMAN, B. I. The analysis of diallel crosses. **Maize Genetics Cooperatin Newsletter**, Baltimore, v. 27, p. 48-54, 1953.

KEMPTHORNE, O. The correlation between relatives in a random mating population. **Proceedings of the Royal Society of London Serie B Biological Science**, London, v. 143, n. 910, p. 103-113, 1954.

KEMPTHORNE, O. The theoretical values of correlations between relatives in random mating populations. **Genetics**, Baltimore, v. 40, n. 2, p. 153-167, 1955.

KNAPP, S. J.; STROUP, W. W.; ROSS, W. M. Exact Confidence intervals for heriability on a progeny mean basis. **Crop Science**, Madison, v. 25, n. 1, p. 192-194, Jan./Feb. 1985.

KUREK, A. J.; CARVALHO, F. I. F.; ASSMANN, I. C.; CRUZ, P. J. Capacidade combinatória como critério de eficiência na seleção de genitores em feijão. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 36, n. 4, p. 645-651, abr. 2001.

MATHER, K.; JINKS, J. L. **Biometrical genetics**. 2. ed. London: Chapman & Hall, 1971. 382 p.

MEBRAHTU, T.; MOHAMED, A. A seven-parental diallel analysis of nutritional composition of common beans. **Plants Foods for Human Nutrition**, Dordrecht, v. 58, n. 1, p. 1-11, 2003.

MENDONÇA, H. A. de. **Escolha de populações segregantes de feijoeiro utilizando parâmetros genéticos, fenotípicos e marcadores RAPD**. 2001. 100 p. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) - Universidade Federal de Lavras, Lavras, MG.

MELO, L. C. **Mapeamento de QTLs em feijoeiro, por meio de marcadores RAPD, em diferentes ambientes**. 2000. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) - Universidade Federal de Lavras, Lavras, MG.

MESQUITA, I. A. **Efeito materno na determinação do tamanho da semente do feijão. (*Phaseolus vulgaris* L.)**. 1989. 70 p. Dissertação (Mestrado) – Escola Superior de Agricultura de Lavras, Lavras, MG.

MODE, C. J.; ROBINSON, H. F. Pleiotropism and the genetic variance and covariance. **Biometrics**, Washington, v. 15, n. 4, p. 518-537, Dec. 1959.

MORAIS, O. P. **Análise Multivariada da divergência genética dos progenitores, índices de seleção e seleção combinada numa população de arroz oriunda de inter cruzamentos, usando macho-esterilidade.** 1992. 251 p. Tese (Doutorado) – Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, MG.

NEI, M. **Studies of the applications of biometrical genetics to plant breeding.** Japan: Kyoto University, 1960. p. 100. (Memories of the College of Agriculture, Kyoto University, 82).

NIENHUS, J.; SINGH, S. P. Combining ability analyses and relationships among yield, yield components and architectural traits in dry bean. **Crop Science**, Madison, v. 26, n. 1, p. 21-27, Jan/Feb. 1986.

NIENHUS, J.; SINGH, S. P. Genetics of seed yield and its components in common bean (*Phaseolus Vulgaris L*) of Middle-American origins. I General combiningability. **Plant Breeding**, Cambridge, v. 101, n. 2, p. 143-154, June 1988.

NOVOSELOVIC, D.; BARIC, M.; DREZNER, G.; GUNJACA, J.; LALIC, A. Quantitative inheritance of some wheat plant traits. **Genetics and Molecular Biology**, Ribeirão Preto, v. 27, n. 1, p. 92-98, Mar. 2004.

OTUBO, S. T. **Controle genético da tolerância do feijoeiro (*Phaseolus vulgaris L.*) a baixas temperaturas na fase de germinação.** 1994. 50 p. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas) - Universidade Federal de Lavras, Lavras, MG.

PANIAGUA, C. V.; PINCHINAT, A. M. Ritérios de seleccion para mejorar el rendimento de grano en frijol (*Phaseolus Vulgaris L*). **Turrialba**, San Jose, Costa Rica, v. 26, n. 2, p. 126-131, abr./jun. 1976.

PEREIRA, H. S. **Seleção de linhagens de feijão tipo Carioca com pirâmide de alelos de resistência à antracnose e outros fenótipos favoráveis** 2003. 78 p. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Universidade Federal de Lavras, Lavras, MG.

PETERNRLLI, L. A.; CARDOSO, A. A.; CRUZ, C. D.; VIEIRA, C.; FURTADO, M. R. Herdabilidade e correlações do rendimento do feijão e seus componentes primários no monocultivo e no consórcio com milho. **Revista Ceres**, Viçosa, v. 41, n. 235, p. 306-316, maio/jun. 1994.

RAMALHO, M. A. P.; ABREU, A. B. F.; SANTOS, J. B. **Melhoramento de espécies autógamas.** In: NASS, L. L.; VALOIS, A. C. C; MELO, I. S. :

INGLIS, M. C. V. (Org.). **Recursos genéticos & melhoramento de plantas**. Rondonópolis, 2001, v. 1, p. 201-230.

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.; FERREIRA, D. F.; OLIVEIRA, A. C. **Experimentação em genética e melhoramento de plantas**. Lavras: UFLA, 2000. 326 p.

RAMALHO, M. A. P.; FERREIRA, D. F.; OLIVEIRA, A. C. **Experimentação em genética e melhoramento de plantas**. 2. ed. Lavras: UFLA, 2005. 326 p.

RAMALHO, M. A. P.; SANTOS, J. B. dos; SANTA CECÍLIA, F. C.; ANDRADE, M. A. Seleção de progênies 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.; ZIMMERMANN, M. J. O. **Genética quantitativa em plantas autógamas**: aplicações ao melhoramento do feijoeiro. Goiânia: UFG, 1993. 271p.

RAMALHO, M. A. P.; VENCOSKY, R. Estimação dos componentes da variância genética em plantas autógamas. **Ciência e Prática**, Lavras, v. 2, n. 2, p. 117-40, jul./dez. 1978.

RAPOSO, F. V. **Comparação de métodos de condução de populações segregantes de feijoeiro**. 1999. 72 p. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Universidade Federal de Lavras, Lavras, MG.

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

ROSAL, C. J. S.; RAMALHO, M. A. P.; GONCALVES, F. M. A.; ABREU, A. B. F. Seleção precoce para a produtividade de grãos de feijão. **Bragantia**, Campinas, v. 59, n. 2, p. 189-195, 2000.

ROWE, K. E.; ALEXANDER, W. L. Computations for estimating the genetic parameters in joint-scaling test. **Crop Science**, Madison, v. 20, n. 1, p. 109-110, Jan./Feb. 1980.

SANTOS, J. B. **Controle genético de caracteres agrônômicos e potencialidades de cultivares de feijão (*Phaseolus vulgaris* L.) para o**

melhoramento genético. 1984. 223 p. Tese (Doutorado) – Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz, Piracicaba.

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, out. 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. 404-412, set./out. 1986.

SANTOS, J. B. ; HAGIWARA, W. E. ; CARMO, S. L. . Viabilidade do RAPD para auxiliar na seleção em programa de retrocruzamento em feijão. In: CONGRESSO BRASILEIRO DE MELHORAMENTO DE PLANTAS, 1., 2001, Goiânia. **Resumos...** Brasília: VGC Produções, 2001. v. 1.

SARAFI, A. A yield component selections experiment involving american and iranian cultivars of the common bean. **Crop Science**, Madison, v. 18, n. 1, p. 5-15, Jan./Feb. 1978.

SATTERTWAITE, F. E. An aproximate distribution of estimates of variance components. **Biométries**, Raleigh, v. 2, n. 6, p. 110-114, Dec. 1946.

SCHELL, F. W. The covariance between relatives in the presence of linkage. In: HANSON, W. D.; ROBINSON, E. H. F. (Ed.) **Statistical genetics and plant breeding**. Washington: NAS-RNC, 1963. n. 982, p. 468-483.

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. **Journal of American Society Horticultural Science**, Mount, v. 116, n. 1, p. 127-30, Jan. 1991.

SHI, C. H.; WU, J. G.; WU, P. Development behavior of gene expression for brown rice thickness under different environments. **Genesis**, New York, v. 33, n. 2, p. 185-190, 2002.

SILVA, N. O.; RAMALHO, M. A. P.; ABREU, A. B. F.; CARNEIRO, J. E. DE S. Performance of common bean families after different generations under natural selection. **Genetics and Molecular Biology**, Ribeirão Preto, v. 27, n. 4, p. 574-578, Dec. 2004.

SINGH, S. P. GEPTS, P. DEBOUCK, D. G. Races of common bean (*Phaseolus vulgaris* L.). **Economic Botany**, Bronx, v. 45, n. 3, p. 379-396, July/Sept. 1991.

SOUZA, E. A. **Controle genético de alguns caracteres do feijoeiro**. 1993. 105 p. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Universidade Federal de Lavras, Lavras, MG.

SOUZA, E. A.; RAMALHO, M. A. P. Estimates of genetic and phenotypic variance of some traits of dry bean using a segregant population from the cross Jalo x Small White. **Revista Brasileira de Genética**, Ribeirão Preto, v. 18, n. 1, p. 87-91, mar. 1995.

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

TAKEDA, C. **Avaliação de progenies de feijoeiro do cruzamento ESAL 501 x A 354 em diferentes ambientes**. 1990. 82 p. Dissertação (Mestrado) – Escola Superior de Agricultura de Lavras, Lavras, MG.

TAKEDA, C.; SANTOS, J. B. dos ; RAMALHO, M. A. P. Choice of parental lines for common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) breeding. II. Reaction of cultivars and of their segregant populations to variations in different environments. **Brazilian Journal of Genetics**, Ribeirão Preto, v. 14, n. 2, p. 455-465, June 1991.

TEIXEIRA, F. F.; RAMALHO, M. A. P.; ABREU, A. B. F. Estimativa do número de genes envolvidos no controle da floração do feijoeiro (*Phaseolus vulgaris* L.) usando a metodologia de Jinks e Towey. **Ciência e Prática**, Lavras, v. 19, n. 3, p. 335-338, jul./set. 1995.

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

VALÉRIO, C. R.; ANDRADE, M. J. B.; FERREIRA, D. F. Comportamento das cultivares de feijão Aporé, Carioca e Pérola em diferentes populações de plantas e espaçamento entre linhas. **Ciência e Agrotecnologia**, Lavras, v. 23, n. 3, p. 515-528, jul./set. 1999.

VIZGARRA, O. N. **Capacidade de combinação de algumas cultivares de feijoeiro com diferentes mecanismos de resistência ao vírus do mosaico dourado**. 1991. 78 p. Dissertação (Mestrado) – Escola Superior de Agricultura de Lavras, Lavras, MG.

WARNER, D. N. A. A method for estimating heritability. **Agronomy Journal**, Madison, v. 44, n. 8, p. 427-430, Aug. 1952.

WRICKE, G.; WEBER, E. **Quantitative genetics and selection in plant breeding**. Berlin: Walter de Gruyter, 1986. 406 p.

WRIGHT, S. Systems of mating. **Genetics**, Baltimore, v. 6, p. 11-178, 1921.

ZIMMERMANN, M. J. O.; ROSIELLE, A. A.; WAINES, J. G.; FOSTER, K. W. A heritability and correlation study and harvest index of common bean in soil crop and intercrop. **Field Crops Research**, Amsterdam, v. 9, n. 1, p. 109-118, Jan. 1984.

ANEXO

ANEXO	Página
TABELA 1A Resumo da análise de variância das progênieis na geração F _{4:5} , referente à produtividade de grãos (g/planta) e às notas de porte (1 a 5). Lavras, MG, águas-2004/2005.....	75
TABELA 2A Resumo da análise de variância das progênieis na geração F _{4:6} , referente à produtividade de grãos (g/planta) e às notas de porte (1 a 5). Lavras, MG, seca/2005.....	75

TABELA 1A. Resumo da análise de variância das progênes na geração F_{4:5}, referente à produtividade de grãos (g/planta) e às notas de porte (1 a 5). Lavras, MG, águas-2004/2005.

FV	GL	QM	
		Produção	Porte x 10 ²
Progênes	255	162,46**	76,899**
F ₂	63	250,39	172,40**
F _{2:3}	64	183,30**	55,59
F _{3:4}	128	108,75	40,55
Erro	255	115,38	45,37
Dento	7803	36,14	-
Média		8,51	2,95
CV(%)		31,33	22,82

** Significativo pelo teste de F, a 1% de probabilidade, respectivamente

TABELA 2A. Resumo da análise de variância das progênes na geração F_{4:6}, referente à produtividade de grãos (g/planta) e às notas de porte (1 a 5). Lavras, MG, seca/2005.

FV	GL	QM	
		Produção	Porte x 10 ²
Progênes	255	253,31**	40,48**
F ₂	63	347,53	87,95**
F _{2:3}	64	258,44	34,00**
F _{3:4}	128	204,37**	20,36
Erro	255	131,86	23,77
Dento	11837	41,86	-
Média		9,52	3,00
CV(%)		24,54	16,23

** Significativo pelo teste de F, a 1% de probabilidade, respectivamente