



MARCELA PEDROSO MENDES

**EMPREGO DE MODELOS MISTOS NA
SELEÇÃO DE INDIVÍDUOS NO
MELHORAMENTO DO FEIJOEIRO**

LAVRAS – MG

2011

MARCELA PEDROSO MENDES

**EMPREGO DE MODELOS MISTOS NA SELEÇÃO DE INDIVÍDUOS
NO MELHORAMENTO DO FEIJOEIRO**

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

Orientador
Dr. Magno Antônio Patto Ramalho

LAVRAS – MG

2011

**Ficha Catalográfica Preparada pela Divisão de Processos Técnicos da
Biblioteca da UFLA**

Mendes, Marcela Pedroso.

Emprego de modelos mistos na seleção de indivíduos no
melhoramento do feijoeiro / Marcela Pedroso Mendes. – Lavras :
UFLA, 2011.

69 p. : il.

Dissertação (mestrado) – Universidade Federal de Lavras, 2011.

Orientador: Magno Antonio Patto Ramalho.

Bibliografia.

1. Melhoramento de plantas. 2. Comparação de estratégias de
seleção. 3. Genética quantitativa. 4. Biometria. I. Universidade
Federal de Lavras. II. Título.

CDD – 631.53

MARCELA PEDROSO MENDES

**EMPREGO DE MODELOS MISTOS NA SELEÇÃO DE INDIVÍDUOS
NO MELHORAMENTO DO FEIJOEIRO**

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

APROVADA em 17 de janeiro de 2011.

Dr. Helton Santos Pereira EMBRAPA

Dr. João Bosco dos Santos UFLA

Dr. Magno Antonio Patto Ramalho
Orientador

LAVRAS – MG

2011

*Aos meus pais, Nazareno e Adriana
e ao meu irmão Flávio.*

DEDICO

AGRADECIMENTOS

Agradeço primeiramente a Deus por sua incessante presença em minha vida e por ter permitido mais essa vitória.

Trabalhos de dissertação de mestrado nunca são o resultado somente dos esforços isolados de seus autores, mas antes representam o somatório dos esforços de pessoas que colaboraram direta ou indiretamente para sua produção. Entre os colaboradores diretos merece destaque o orientador deste trabalho, Prof. Magno. A excelência intelectual e o compromisso honesto com a produção de conhecimento relevante do Prof. Magno já seriam suficientes para lhe creditar grande parte dos eventuais méritos que este trabalho possa ter. No entanto, o Prof. Magno se aparta dos orientadores convencionais não só pela extensão de suas capacidades acadêmicas, mas também por seu envolvimento e sensibilidade devotados ao ato de ORIENTAR seus alunos em todos os sentidos. Por tudo me sinto honrada por ter tido sua influência em minha formação acadêmica e pessoal. Agradeço ainda à Dra. Ângela pela atenção e disponibilidade em todos os momentos, e aos demais professores e funcionários do Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento de Plantas e do Departamento de Biologia da UFLA, que proporcionaram uma formação científica excelente, além de momentos especiais de muita descontração e amizade. Aos membros da banca, Dr. Helton e Prof. João Bosco, agradeço a disponibilidade, atenção e contribuições valiosas ao engrandecimento desse trabalho.

No meio de toda essa trajetória há uma grande participação dos colegas do mestrado, do “feijão” e demais amigos do GEN. Em especial agradeço a Carol e ao Fernando, por quem eu tenho grande admiração e carinho, pela amizade sincera e pelas horas de estudo que se tornaram bem mais leves e prazerosas. Se esta dissertação leva um pouco do meu coração, então há uma boa parte de todos vocês nela também.

As contribuições indiretas são variadas e não menos importantes, pois sem elas possivelmente estas linhas não teriam lugar neste momento. Agradeço aos meus pais, Nazareno e Adriana, e ao meu irmão, Flávio, pelo amor incondicional e pelo apoio sempre. Sem eles o desafio dessa trajetória particularmente demandante teria sido impossível de suportar. Agradeço aos meus avós, tios, primos e aos amigos de Lavras por preencherem minha vida com tanto amor e carinho.

A todos aqueles que, de alguma forma, contribuíram para a conclusão deste trabalho o meu sincero MUITO OBRIGADA!

RESUMO

Este trabalho foi realizado com o objetivo de comparar a seleção de indivíduos pelo método do BLUP com diferentes estratégias de seleção em $F_{2:4}$, e avaliar a eficiência desse método na escolha precoce das melhores linhagens de feijão. Para isso, foram utilizadas 51 progênies $F_{2:4}$ provenientes do cruzamento entre as linhagens CVIII8511 x RP-26. Utilizou-se o sistema de nove covas, sendo oito testemunhas comuns e a planta central representante de cada progênie. O delineamento foi em blocos ao acaso com 20 repetições. Foram obtidos os dados de porte e produtividade de grãos e, posteriormente, foi estimado o somatório da variável padronizada ($\sum Z$) por repetição para seleção simultânea das duas características. Foi realizada análise via modelos mistos (BLUP) e método dos quadrados mínimos (MQM), e os resultados utilizados na comparação de diferentes estratégias de seleção na geração $F_{2:4}$. As progênies selecionadas pelo BLUP foram avaliadas em gerações avançadas e em diferentes ambientes, sempre selecionando de maneira divergente, ou seja, sempre as de melhor e pior porte. Constatou-se que as análises via método dos quadrados mínimos e procedimento BLUP classificam as progênies em função das médias em $F_{2:4}$ de mesmo modo. A coincidência dos indivíduos identificados pelo BLUP e os da seleção entre e dentro de progênies é alta e de maior magnitude quando se compara o BLUP com a seleção massal. A eficiência da seleção precoce, utilizando o BLUP, em identificar um grupo de progênies superiores ou inferiores em gerações avançadas é pequena. A interação progênies x ambientes contribui para reduzir essa eficiência.

Palavras-chave: Melhoramento de Plantas. Genética Quantitativa. Biometria. Comparação de estratégias de seleção.

ABSTRACT

This study was conducted aiming to compare the selection of individuals by the BLUP procedure with different strategies of selection in $F_{2.4}$, and to evaluate the efficiency of this procedure in the early choice of the best lines of beans. It was used 51 progenies $F_{2.4}$ derived from the cross CVIII8511 x RP26. The nine hole system was used, of which eight were destined to common tester plants and the remaining to the central plant representative of each progeny. The experimental design was a random complete block with 20 replications. The architecture and grain yield data were obtained, and, furthermore, the sum of the standardized variables ($\sum Z$) was estimated through replication for simultaneous selection of both characteristics. The analysis was carried out via least squares method (MQM) and best linear unbiased prediction (BLUP) procedures and the results were used for comparing different selection strategies in $F_{2.4}$ generation. The progenies selected through BLUP were evaluated in advanced generations and different environments, always selecting according to the divergence criteria, meaning that only the individuals with the best and the worst architecture were selected. It was discovered that the least squares method and the BLUP procedure classify the progenies according to their averages in $F_{2.4}$ in the same way. The coincidence between the individuals identified through BLUP and those selected among and within progenies is high, and larger when BLUP is compared to massal selection. The efficiency of early selection, using the BLUP procedure, for identifying a group of superior or inferior progenies in advanced generations is low. The progenies x environments interaction contributes to reducing this efficiency.

Keywords: Plant breeding. Quantitative genetics. Biometrics. Selection strategies comparison.

SUMÁRIO

1	INTRODUÇÃO	10
2	REFERENCIAL TEÓRICO	12
2.1	Controle genético da arquitetura e produção de grãos do feijoeiro	12
2.2	Fatores que afetam a eficiência da seleção	20
2.3	Índice de seleção	21
2.4	Emprego dos modelos mistos no melhoramento de plantas	27
3	MATERIAL E MÉTODOS	32
3.1	Comparação das estratégias de seleção	35
3.2	Análise dos dados	37
3.3	Avaliação da eficiência do BLUP na seleção precoce visando a identificação das melhores linhagens	41
4	RESULTADOS	42
5	DISCUSSÃO	54
	CONCLUSÃO	59
	REFERÊNCIAS	60
	ANEXO A	69

1 INTRODUÇÃO

Na obtenção de cultivares de feijão que atendam aos anseios dos agricultores e consumidores várias características devem ser consideradas no processo seletivo. Entre elas o porte mais ereto das plantas associado à alta produtividade de grãos tem recebido grande atenção. As plantas mais eretas apresentam uma série de vantagens, entre elas: menor acamamento, que propicia facilidade nos tratos culturais e possibilidade de colheita mecânica; redução de perdas na colheita, devido ao menor contato das vagens com o solo; melhor qualidade dos grãos e menor incidência de algumas doenças.

Quando o objetivo é selecionar plantas mais eretas e produtivas, inicialmente, é necessário obter populações segregantes para essas características e posteriormente avaliar e selecionar as populações mais promissoras. Após a identificação das populações a etapa seguinte é a condução da população segregante. Entre as alternativas disponíveis estão o método de Bulk e do Bulk dentro de progênies F_2 . Por esses métodos, a partir da geração F_2 , as populações são avançadas por algumas gerações novamente até F_4 ou F_5 quando são selecionadas progênies para avaliação mais intensa em experimentos com repetição.

Existem várias alternativas que podem ser utilizadas na identificação dos indivíduos/progênies para a continuidade do processo seletivo. Entre eles a seleção massal e a seleção entre e dentro de progênies, esse último quando se utiliza progênies derivadas de plantas F_2 . Outra alternativa ainda pouco utilizada no melhoramento do feijoeiro é o procedimento BLUP (melhor preditor linear não tendencioso), que possui enfoque na análise de modelos mistos. Segundo Bernardo (2002), o procedimento BLUP é útil porque permite a análise de dados não balanceados, retornando, nestas condições, predições mais confiáveis do que as obtidas pelo método dos quadrados mínimos (MQM). Ele possibilita a

estimativa de valores genéticos mais próximos do verdadeiro valor genotípico (NUNES; RAMALHO; FERREIRA, 2008; RESENDE, 2002). Contudo essas alternativas de seleção ainda não foram comparadas sob condições de campo e nem foi avaliada a eficiência desses métodos na identificação dos indivíduos que irão originar as melhores linhagens. Assim, o presente estudo teve por objetivo comparar alternativas na identificação dos melhores indivíduos na condução das populações pelo método de Bulk dentro de progênies F_2 , e avaliar a eficiência da seleção realizada na identificação das melhores linhagens, posteriormente.

2 REFERENCIAL TEÓRICO

2.1 Controle genético da arquitetura e produção de grãos do feijoeiro

A arquitetura é um caráter complexo que depende de uma série de outros caracteres. Esses caracteres vão desde o sistema radicular até o hábito de crescimento. Informações a respeito do controle genético são freqüentes na literatura (CUNHA, 2005; MENDES; RAMALHO; ABREU, 2009; MENEZES JÚNIOR; RAMALHO; ABREU, 2008; TEIXEIRA; RAMALHO; ABREU, 1999).

Embora seja esperado que as raízes afetem a arquitetura da planta, são restritas as informações a esse respeito. A principal razão é a dificuldade de se avaliar o sistema radicular. No caso do feijoeiro, esse se assemelha ao tipo fasciculado, em que as raízes secundárias e terciárias se desenvolvem a partir da raiz principal. A raiz primária não é tipicamente pivotante. Assim, o feijoeiro concentra a maior parte do seu sistema radicular nos primeiros 20 centímetros de solo. Isso faz com que a planta apresente menor sustentação, tornando difícil que ela permaneça ereta. Contudo, em condições favoráveis, as raízes podem atingir maiores profundidades (SANTOS; GAVILANES, 2006).

Quanto ao hábito de crescimento, ele pode ser determinado ou indeterminado. Plantas com hábito de crescimento determinado caracterizam-se por ter o caule e os ramos laterais terminando em uma inflorescência (inflorescência terminal), número limitado de nós e a floração ocorrendo do ápice para a base da planta. O hábito de crescimento indeterminado é caracterizado por possuir um caule principal com crescimento contínuo, em uma sucessão de nós e entrenós; as inflorescências são axilares e a floração inicia-se da base para o ápice da planta (SANTOS; GAVILANES, 2006).

Com relação ao tipo de crescimento, as plantas são classificadas em tipo I, II, III e IV (VIEIRA et al., 2005). Plantas do tipo I possuem hábito de crescimento determinado, arbustivo, com ramificações eretas e fechadas. Normalmente são plantas baixas, com menor número de nós e entrenós, período de floração mais curto e maturação mais uniforme, sendo então mais precoces que aquelas com hábito de crescimento indeterminado (SANTOS; GAVILANES, 2006). Plantas dos tipos II, III e IV possuem hábito de crescimento indeterminado, mas diferem no comprimento da guia, diâmetro do caule, número e ângulo de inserção das ramificações (KELLY, 2001).

Cultivares do tipo II são denominadas de “guia curta” ou “ramo curto”. Apresentam um padrão de ramificação limitado, de ângulo agudo com a haste principal. As vagens, geralmente, se concentram na porção média da planta, formando um perfil estreito, com plantas eretas e arbustivas.

As plantas do tipo III são semitrepadoras e possuem ramificações bem desenvolvidas e abertas. Devido à falta de resistência do caule durante o enchimento de grãos e ao maior número de vagens fixadas nos nós mais baixos, as plantas se tornam prostradas. Essas plantas são mais desenvolvidas que as do tipo II, já que possuem maior número de nós e comprimento médio dos internódios ligeiramente maior (MENEZES JÚNIOR; RAMALHO; ABREU, 2008; SANTOS; GAVILANES, 2006).

Quanto ao tipo IV, as plantas apresentam grande dominância apical com forte capacidade trepadora, emitindo ramificações com guias longas, sendo, portanto, mais volúveis. A haste principal possui entre 20 e 30 nós, podendo alcançar mais de dois metros de comprimento. O período de florescimento é mais amplo, apresentando, ao mesmo tempo, vagens maduras e flores (VIEIRA et al., 2005).

O controle genético do hábito de crescimento no feijoeiro é realizado por um único gene, denominado *fin*, sendo o alelo dominante responsável pelo

hábito indeterminado (BASSET, 1997; KOINANGE; SINGH; GEPTS, 1996; LEAKEY, 1988). Esse gene tem efeito pleiotrópico em vários caracteres. O alelo recessivo *fin*, que confere hábito determinado, também favorece precocidade no florescimento e reduz o número de nós no caule e, conseqüentemente, o número de vagens. Esse gene também é ligado próximo com o tamanho das folhas e dos grãos. Plantas com o genótipo *finfin*, normalmente, apresentam folhas e grãos grandes.

O que os melhoristas procuram são plantas de crescimento indeterminado, porém bem eretas. Para isso, é necessário que as plantas sejam de crescimento tipo II e, adicionalmente, devem possuir guias curtas. A formação de guia, característica acentuada em plantas que possuem hábito de crescimento indeterminado, é uma característica monogênica controlada pelo gene *tor* (BASSET, 2004). Kretchmer, Laing e Wallace (1979) caracterizaram a presença de guia quando esta se enrola a 360° em um suporte, cuja capacidade atribuíram ao efeito de um alelo dominante em relação ao hábito arbustivo, que denominaram de *Cl*, provavelmente o mesmo gene *tor*. Guner e Myers (2001) relatam sobre outro gene que afeta as plantas reduzindo o número de ramos laterais, o gene *top* (*Topiary*). O alelo recessivo desse gene reduz o número de ramos, resultando em plantas com apenas uma haste.

Adicionalmente outras características associadas ao caule são importantes na expressão da arquitetura do feijoeiro. Lamprecht (1947), Nienhuis e Singh (1986), Santos e Vencovsky (1986) e Teixeira, Ramalho e Abreu (1999), avaliaram alguns caracteres. Teixeira, Ramalho e Abreu (1999) verificaram que o comprimento do entrenó foi o que explicou a maior parte da variação na arquitetura do feijoeiro. Esses autores constataram que, para os vários caracteres avaliados, as estimativas de herdabilidade, no geral, foram de pequena magnitude e associadas a erros elevados, exceto para o caráter comprimento do 4° ao 7° entrenó, com valores de herdabilidade bem superiores

aos dos demais. Singh, Gepts e Debouck (1991) constataram que o comprimento da haste principal é controlado por um gene, cujo alelo dominante é responsável pela haste longa, além da ação de genes modificadores. Verificaram também a presença de heterose para o número de nós na haste principal, nos ramos laterais e para o número total de nós por planta.

Outro importante caráter relacionado ao porte do feijoeiro é a senescência tardia do caule e das folhas em relação às vagens, fenômeno conhecido como “stay green”. No feijoeiro, observa-se que plantas mais eretas apresentam senescência tardia. Contudo, tem sido questionado se esse caráter pode dificultar a operação de trilha, pois os caules, permanecendo verdes, poderiam enroscar no cilindro das trilhadeiras reduzindo a eficiência do implemento. Aguiar, Ramalho e Marques Júnior (2000) avaliaram plantas individuais e famílias resultantes do cruzamento de duas cultivares contrastantes para o stay green. Verificaram predominância dos efeitos dominantes e que o controle genético deve ser monogênico ou oligogênico, com influência do ambiente na manifestação do caráter. A estimativa do número de genes envolvidos no controle do caráter foi de 1,4 a 5,1. As correlações entre stay green e produtividade de grãos foram de pequena magnitude, permitindo inferir que os dois caracteres devem ser independentes.

O tamanho das folhas pode influenciar o porte da planta. Normalmente, plantas com folhas menores têm maior probabilidade de serem eretas. Quando as folhas são maiores, elas exercem maior peso sobre a arquitetura da planta, provocando maior acamamento. Essas plantas são normalmente classificadas como não eretas. Sabe-se também que as cultivares de folhas grandes possuem grãos grandes e as de folhas pequenas, grãos menores. Essa é uma das razões da dificuldade de se obter plantas eretas com grãos maiores (KELLY; ADAMS, 1987). Apesar de a maioria das cultivares de porte ereto possuírem grãos pequenos, é possível obter linhagens com arquitetura desejável e grãos com

tamanho comercial (BROTHRS; KELLY, 1993; COLLICCHIO; RAMALHO; ABREU, 1997).

O tamanho e a altura de inserção das vagens possuem grande implicação no porte da planta do feijoeiro. Plantas com vagens grandes e que tocam o solo são indesejáveis, pois aumentam as perdas na colheita e depreciam a qualidade dos grãos. Devem ser selecionadas plantas eretas com vagens grandes, porém com inserção mais alta.

Fundamentado em tudo o que foi discutido, alguns autores têm estabelecido um modelo ideal de planta, um ideótipo (ADAMS, 1973; KELLY, 2001). Segundo este último autor, o ideótipo do feijoeiro deveria ser semelhante ao apresentado na Figura 1. Nesse ideótipo, os seguintes caracteres devem ser considerados:

- a) eixo central: haste principal com um mínimo de ramos eretos, robusto, de diâmetro grande, numerosos nós e internódios superiores de comprimento médio;
- b) racemos: axilares, a cada nó, muitas flores, pedúnculo curto, comprimento total não muito grande;
- c) folhas: pequenas, de orientação vertical, numerosas e pequenas células do mesófilo e alto índice estomatal;
- d) vagens: longas e com muitas sementes, maturação uniforme;
- e) sementes: tão grandes quanto possível, dentro do padrão comercial;
- f) hábito de crescimento: determinado, ereto e estreito;
- g) taxa de crescimento: rápida acumulação da área foliar ótima;
- h) duração do crescimento: rápido estabelecimento das estruturas nutricionais e longo período do florescimento à maturação.

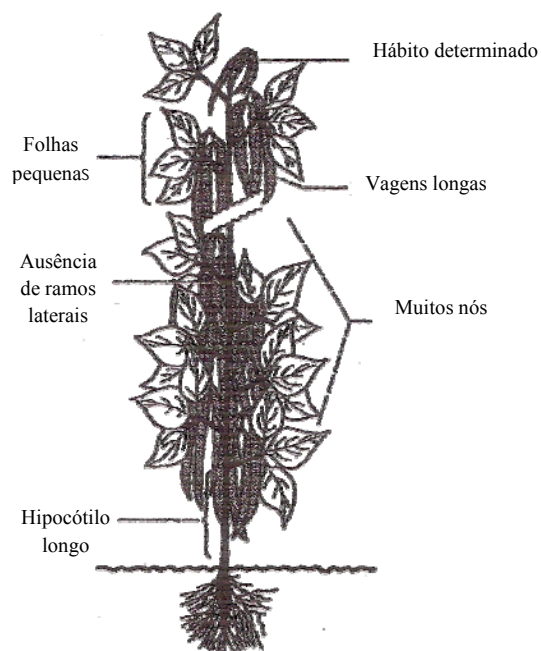


Figura 1 Diagrama do ideótipo do feijoeiro desenvolvido por Adams (1973)

Mais recentemente no Brasil, como tem ocorrido tendência crescente de mecanização da colheita, o ideótipo da planta, em princípio, é diferente. A planta deve ser bem ereta, contudo, na extremidade, deve possuir algumas guias para facilitar o recolhimento da planta pela colhedora.

A produtividade do feijoeiro, analogamente à arquitetura, é um caráter complexo. Praticamente ele depende de todos os demais caracteres da planta. Em princípio não devem existir genes específicos para a produtividade. O parâmetro genético mais utilizado para fornecer informações aos melhoristas é a herdabilidade (h^2). A h^2 possibilita ao melhorista inferir a respeito da probabilidade de sucesso ou não com a seleção. Na Tabela 1 são apresentadas algumas estimativas de h^2 para a produtividade de grãos.

Tabela 1 Estimativas da herdabilidade no sentido amplo h_a^2 e restrito h_r^2 da produtividade de grãos em feijão encontradas na literatura

Método Utilizado	h_a^2 (%)	h_r^2 (%)	Fonte
Progênie F ₅	17 - 56		Camacho, Cardona e Orozoco (1964)
Linhagens	60		Aggarwal e Singh (1973)
Dialelo		1	Chung e Stevenson (1973)
P ₁ , P ₂ , F ₁ , F ₂ , RC ₁₁ , RC ₂₁		25 - 30	Paniagua e Pinchinat (1976)
Progênie F ₄ , RC ₁₁ , RC ₂₁	34		Davis e Evans (1977)
Linhagens		4 - 46	Ramalho, Andrade e Teixeira (1979)
Linhagens		28 - 45	Ramalho et al. (1979)
Dialelo	71	52	Santos, Vencovsky e Ramalho (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	21		Zimmermann et al. (1984)
Dialélico		21	Nienhuis e Singh (1988)
Regressão F ₂ /F ₃	29		Singh, Gepts e Debouck (1991)
Progênie F ₂ , F ₃ , F ₄ e F ₅	13 - 74		Collicchio, Ramalho e Abreu (1997)
Progênie S ₂ a S ₄	10 - 45		Gonçalves (1995)
Progênie F _{2:6} , F _{3:6} e F _{4:6}	24 - 61		Raposo (2000)
Progênie F _{3:4} e F _{3:5}	40 - 53		Santos, Hagiwara e Carmo (2001)
Progênie F _{2:4}	29 - 62		Ferreira (1998)
Progênie F _{3:4} e F _{3:5}	32 - 60		Mendonça (2001)
Progênie F _{5:7} e F _{5:8}		11	Abreu, Ramalho e Santos (1990)
Progênie F _{5:7}	18 - 52		Abreu (1997)
Progênie F ₃ , RC _{11a} , RC _{21a}		35	Peternelli et al. (1994)
Progênie F _{4:6}	30 - 82		Carneiro et al. (2002)
Progênie F _{2:4}	16 - 88		Carneiro et al. (2002)
Dialelo F ₇ e F ₈		23	Takeda, Santos e Ramalho (1991)
Linhagens		24 - 50	Melo (2000)
S _{0:2} e S _{0:3} (ciclos I, II e III)	26 - 50		Aguiar et al. (2004)
Progênie F ₂ , F ₈ e F ₂₄	21 - 85		Silva et al. (2004)
Progênie F _{2:5}	18 - 27		Silva (2005)
Progênie F _{4:5} e F _{4:6}	28 - 47		Moreto, Ramalho e Abreu (2007)
S _{0:1} , S _{0:2} e S _{0:3} (ciclos I, II e III)	18 - 60		Menezes Júnior (2007)
Progênie F _{3:7}	27 - 70		Torga (2008)
Progênie F _{2:3} e F _{2:4}	65 e 66		Mendes (2009)
Progênie F _{5:6}	0,17-33		Silva (2009)

Observe na Tabela 1 que foram utilizados diferentes procedimentos para estimar a h^2 . São relatados resultados da h^2 tanto no sentido amplo como restrito. Contudo, é conveniente ressaltar que como para o feijoeiro a interação alélica de dominância tem menor importância, a estimativa da h^2 no sentido amplo deve ser semelhante àquela obtida no sentido restrito. Veja que os valores da h^2 variaram desde próximo de zero até 88%. Isso evidencia que a estimativa da h^2 varia amplamente em função da população, do tipo de progênie e sobretudo do controle ambiental. Deve ser salientado, contudo, que a maioria das estimativas é inferior a 40%. Essa condição exige maior controle ambiental para se ter sucesso com a seleção.

Como a h^2 estima a confiabilidade do valor fenotípico como indicador do valor reprodutivo ela quase sempre participa das expressões relacionadas com a predição do ganho com a seleção. Contudo, a utilização da estimativa de h^2 depende da interação genótipos por ambientes. Para quantificar o efeito da interação, sobretudo a interação de genótipos por safras ou gerações na estimativa de h^2 é necessário estimar a herdabilidade realizada (h_R^2) e comparar os dois valores.

A herdabilidade realizada, quando se avalia as mesmas progênies nas gerações F_i e F_j , é estimada pelo estimador:

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

em que:

GS: ganho com a seleção na geração j pela seleção realizada entre as progênies na geração i , obtida pelo estimador $GS = ms_{(ij)} - m_j$, em que $ms_{(ij)}$ é a média na geração j das progênies identificadas como de desempenho superior na geração i ; m_j é a média geral das progênies na geração j ;

ds: diferencial de seleção dos indivíduos e/ou progênies selecionados na geração i , obtida pelo estimador $ds = ms_i - m_i$, em que ms_i é a média das progênies selecionadas na geração i , e m_i é a média geral das progênies na mesma geração.

2.2 Fatores que afetam a eficiência da seleção

O sucesso de um programa de melhoramento depende, primeiramente, da capacidade do melhorista em identificar os indivíduos e/ou progênies de genótipos superiores pelo fenótipo. Em uma dada condição, a variação fenotípica dos indivíduos e/ou progênies depende da variação genotípica e do ambiente. Assim, todos os esforços devem ser realizados para reduzir o efeito da variância ambiental na expressão fenotípica. Existem algumas alternativas para reduzir a variância ambiental. Discussão sobre algumas delas são comuns na literatura (BERNARDO, 2002; FEHR, 1987; RAMALHO; FERREIRA; OLIVEIRA, 2005).

Para se ter uma melhor visão dos fatores que afetam a eficiência da seleção, é interessante observar a expressão do ganho com a seleção, ou seja:

$$GS = ic \frac{V_A}{V_F}$$

Nessa expressão, o i é um valor tabelado que depende da proporção de progênies selecionadas. Assim, para aumentar o valor de i , conseqüentemente, o ganho com a seleção, deve-se avaliar o maior número de progênies possível. O c depende do tipo de progênie e da geração sob seleção. Por exemplo, se forem progênies $F_{2,3}$, o c será 1 para seleção entre progênies. Por outro lado, se forem progênies $F_{5,6}$, o c passa a ser de $15/8$. V_A é a variância genética aditiva, ou seja,

aquela que é fixada com a seleção. Ela depende primordialmente da variabilidade genética existente na população. V_F é a variância fenotípica da unidade de seleção e depende de vários fatores. É essa variância que é possível ser manipulada, pelo menos em parte, pelos melhoristas. A variância fenotípica entre progênies avaliadas em a ambientes, k plantas por parcela e r repetições, contém:

$$V_F = \frac{V_d}{akr} + \frac{V_e}{ar} + \frac{V_{PE}}{a} + V_P$$

V_P é a variância genética entre progênies e V_{PE} a variância da interação progênies x ambientes. V_d é a variância fenotípica entre plantas dentro da parcela, e V_e é a variância do erro entre parcelas que receberam a mesma progênie.

Para se ter maior eficiência na seleção, o valor de V_F deve ter a menor magnitude possível. Isso pode ser obtido aumentando os valores de k , a e r . Contudo, isso nem sempre é possível, devido às limitações de custo da implantação do experimento e na área experimental disponível. A partir de uma dada quantidade de recurso, é mais importante aumentar o número de ambientes que o número de repetições ou o número de plantas por parcela.

2.3 Índice de seleção

O objetivo final dos programas de melhoramento é a obtenção de cultivares superiores às já existentes. Para isso, a nova cultivar deve reunir, simultaneamente, uma série de atributos que atendam as exigências do produtor e consumidor. Por esse motivo, os melhoristas devem manusear vários caracteres ao mesmo tempo. Esse processo não é fácil, pois a maioria dos caracteres podem ser correlacionados e, muitas vezes, em direções diferentes.

Para a obtenção de ganhos genéticos em todos os caracteres de interesse, três opções podem ser adotadas. A primeira delas é a seleção em Tandem, que se baseia na seleção de uma característica por vez, ignorando o efeito indireto desta seleção sobre as demais, até que a principal característica considerada atinja o nível desejado. Só depois uma segunda característica é considerada para seleção e, assim, o processo vai ocorrendo para todas as outras características de interesse. A seleção de uma variável qualquer, por uma ou algumas gerações, conduzirá ao ganho genético na própria variável e em outras a ela correlacionadas. Contudo, nesse tipo de seleção, tem-se a possibilidade de esgotamento da variabilidade para os caracteres que serão selecionados posteriormente, além do grande tempo necessário para o melhoramento de todas as características.

Outra opção seria o método dos níveis independentes de eliminação (Independent Culling Levels). Ele consiste em estabelecer um padrão aceitável para a expressão fenotípica de cada característica, sendo que todos os indivíduos abaixo desse padrão são eliminados. Esse método tem como desvantagem a não possibilidade de selecionar os caracteres na intensidade de seleção desejada, sobretudo quando não há variabilidade genética suficiente para todos os caracteres. Dessa forma, são eliminados indivíduos excelentes em alguns caracteres, mas que não atingiram o nível mínimo desejado para outros. Além disso, dependendo da magnitude das herdabilidades, correlações genéticas, fenotípicas e pesos econômicos das características, é possível que alguns dos indivíduos eliminados sejam mais vantajosos que alguns que foram mantidos (RESENDE, 2002). Contudo, esse método ainda é muito utilizado na seleção linhagens em ensaios de VCU.

A terceira opção, e a mais eficiente, é o índice de seleção, que permite combinar em um único valor as múltiplas informações obtidas para os diferentes caracteres, de modo que seja possível a seleção fundamentada em um valor,

envolvendo todos os demais (CRUZ; CARNEIRO, 2006). O índice de seleção nada mais é que uma função linear das diferentes características, e constitui-se num caráter adicional, resultado da ponderação dos caracteres por meio de coeficientes estimados com base nos valores econômicos, variâncias e covariâncias genéticas e/ou informações de interesse dos melhoristas.

Existem várias opções de índices de seleção. O primeiro deles, conhecido como índice clássico ou ótimo, foi proposto por Hazel (1943) e Smith (1936), inicialmente para o melhoramento animal. Ele consiste na combinação linear das características ponderadas por coeficientes determinados em função das covariâncias genéticas e fenotípicas existentes entre os caracteres envolvidos na seleção simultânea. Considerando n caracteres, esse índice de seleção (I_{SH}) tem o seguinte estimador:

$$I_{SH} = b_1x_1 + b_2x_2 + \dots + b_nx_n = \sum_{i=1}^n b_i x_i = b'x$$

Para se estimar b' , utiliza-se a seguinte expressão:

$$b' = P^{-1}Ga$$

em que:

n : número de caracteres avaliados;

b' : vetor dos coeficientes de ponderação do índice de seleção a ser estimado, com dimensão $1 \times n$;

x : matriz dos valores fenotípicos dos caracteres, com dimensão $n \times p$;

a : vetor dos pesos econômicos previamente estabelecidos, com dimensão $1 \times n$;

G: matriz de variâncias e covariâncias genéticas entre os caracteres, com dimensão $n \times n$;

P⁻¹: inversa da matriz de variâncias e covariâncias fenotípicas entre os caracteres, com dimensão $n \times n$.

Pode-se inferir que a eficiência desse índice está associada à obtenção de estimativas fidedignas de variâncias e covariâncias genéticas e fenotípicas dos diferentes caracteres, e de pesos econômicos bem estabelecidos para cada caráter. Uma vez estabelecido o índice, o interesse é quantificar o ganho de seleção em cada caráter avaliado e/ou no conjunto. O ganho esperado para o caráter j , quando a seleção é praticada pelo índice, é expresso por:

$$GS_{j(I_{SH})} = ds_{j(I_{SH})} h_j^2$$

em que:

GS_{j(I_{SH})}: ganho esperado para o caráter j , com seleção baseada no índice I_{SH} ;

ds_{j(I_{SH})}: diferencial de seleção do caráter j , com seleção baseada no índice I_{SH} ;

h_j²: herdabilidade do caráter j ;

A estimativa do ganho total pode ser feita por meio do somatório dos ganhos dos caracteres individuais ($\sum_j GS_j$), sem levar em consideração o peso econômico previamente estabelecido. Esse procedimento possibilita a comparação mais apropriada com a seleção direta.

A teoria básica apresentada por Hazel (1943) e Smith (1936) tem o índice de seleção como um caráter adicional que, quando utilizado para a

seleção, possibilita maximizar os ganhos simultaneamente em todos os caracteres avaliados. No entanto, esse índice apresenta duas grandes limitações, a primeira é que o ganho genético para um determinado caráter não pode ser particularizado, uma vez que a função de maximização é derivada sem nenhuma restrição; a segunda é que podem ocorrer respostas indesejáveis nos caracteres individuais dentro do agregado fenotípico, principalmente quando esses caracteres são geneticamente correlacionados com caracteres que têm valores econômicos altos, alta herdabilidade ou alta variância genética.

Para eliminar essas limitações foram desenvolvidos outros índices de seleção que não envolvem a obtenção de variâncias e covariâncias genéticas. Um deles é índice base de Willians (1962), que propõe uma combinação linear entre os valores fenotípicos médios dos caracteres, ponderados pelos seus respectivos pesos econômicos. Algebricamente, tem-se:

$$I_b = a_1x_1 + a_2x_2 + \dots + a_nx_n = a'x$$

Em que a e x são vetores $n \times 1$, cujos elementos são as médias e os pesos econômicos dos caracteres avaliados, respectivamente.

Outro índice muito utilizado é o de soma de postos ou “ranks” proposto por Mulamba e Mock (1978). O cálculo desse índice é simples, e depende exclusivamente das médias fenotípicas. É feita a transformação das médias fenotípicas ajustadas dos genótipos em postos, para cada caráter, de acordo com o interesse do melhorista, ou seja, no sentido de aumentar ou diminuir a expressão fenotípica. O posto ou rank refere-se à posição ou ordem depois de efetuado o ordenamento. A partir dos postos das progênes para cada característica, procede-se a soma desses por genótipo, obtendo-se os valores do índice para cada progênie.

O índice baseado na soma das variáveis padronizadas (Índice Z) tem como fundamento a padronização das variáveis (Z_{ij}) pelo estimador:

$$Z_{ij} = \frac{Y_{ij} - \bar{Y}_j}{s_j}$$

Em que Z_{ij} é o valor fenotípico padronizado da parcela que recebeu a j -ésima repetição do genótipo i ; \bar{Y}_j é a média fenotípica da repetição j ; s_j é o desvio padrão fenotípico associado à repetição j . Como a variável Z_{ij} assume valores negativos e positivos, é somada uma constante (c) às suas estimativas. Nesse caso, a média populacional, em vez de zero, passa a ser a constante (c).

A partir da soma desses valores padronizados dos caracteres de cada parcela ij , obtêm-se os valores do somatório do índice Z, pela expressão:

$$\sum_{k=1}^n Z_{ijk} = Z_{ij1} + Z_{ij2} + \dots + Z_{ijn}$$

Se a padronização for realizada por parcela é possível realizar análise de variância. A partir das análises, podem-se estimar parâmetros genéticos e fenotípicos, inclusive o ganho esperado com a seleção com o índice. Com as médias obtidas, pode-se realizar a seleção, nas quais os maiores valores correspondem ao índice favorável, e os menores valores, ao índice desfavorável à seleção, de acordo com o caráter avaliado. Além disso, os valores padronizados permitem uma visualização gráfica, conhecida como “bola cheia e bola murcha”, do desempenho de cada progênie para todos os caracteres (MENDES, 2009; MENEZES JÚNIOR; RAMALHO; ABREU, 2008).

2.4 Emprego dos modelos mistos no melhoramento de plantas

Como foi comentado anteriormente, o efeito do ambiente dificulta o trabalho dos melhoristas. Isto porque a seleção é realizada pelo fenótipo na esperança que o genótipo seja o melhor possível. Como a seleção fenotípica nem sempre é eficaz, algumas alternativas têm sido propostas. A principal delas é a melhoria das condições dos experimentos de avaliação das progênes, como será comentado posteriormente. Outra alternativa seria o emprego dos marcadores moleculares. Neste caso devem-se identificar marcas moleculares associadas ao caráter de interesse. Uma terceira alternativa, cujo emprego tem se intensificado, é analisar os dados utilizando a metodologia dos modelos mistos, especialmente o Best Linear Unbiased Predictor – BLUP. O fundamento do BLUP é que ele gera a estimativa que mais se aproxima do valor genotípico do indivíduo. Sendo verdadeira essa pressuposição é o que os melhoristas desejam.

O BLUP foi originalmente proposto por Henderson em 1949 para o melhoramento animal. No início, devido às dificuldades de avaliação, seu uso foi pequeno. Com as facilidades computacionais dos últimos anos seu emprego se intensificou (RESENDE, 2002).

No melhoramento vegetal, a sua utilização tem crescido (BRUZI, 2008; MENDES; RAMALHO; ABREU, 2009; NUNES, 2006; PIEPHO, 1994; PIEPHO et al., 2008). A menor utilização no melhoramento vegetal ocorre porque os experimentos com plantas geralmente são balanceados. Quando o balanceamento é completo, o BLUP e o método dos quadrados mínimos (MQM) fornecem as mesmas informações (BERNARDO, 2002).

O modelo misto geral para avaliação de progênes na sua forma matricial é dado por:

$$y = X\beta + Za + e, \quad (1)$$

em que:

y : vetor de observações ou fenótipos, de dimensões $n \times 1$;

X : matriz do modelo referente aos efeitos fixos β , de dimensões $n \times p$;

β : vetor dos efeitos fixos, de dimensões $p \times 1$;

Z : matriz do modelo referente aos efeitos aleatórios a , de dimensões $n \times q$;

a : vetor dos efeitos aleatórios ou valores genéticos aditivos das progênies, de dimensões $q \times 1$;

e : vetor de erros, de dimensões $n \times 1$, com $e \sim N_n(0, R)$, sendo $R = IV_e$.

Para esse modelo, assume-se que os efeitos aleatórios de progênies são normalmente distribuídos, ou seja, $a \sim N_q(0, G)$, sendo $G = AV_a$ a matriz de covariância genéticas aditivas dos valores genotípicos reais das progênies. A matriz A corresponde à matriz de parentesco genético aditivo entre progênies, também denominada, no melhoramento animal, como numerator relationship matrix. O componente de variância V_a denota, neste exemplo, a variância genética aditiva na geração F_2 .

O elemento a_{ij} da matriz A corresponde ao parentesco genético aditivo entre as progênies i e j , equivalente ao coeficiente de parentesco de Wrigth (relationship coefficient), sendo igual a duas vezes o coeficiente de parentesco ou de coancestria de Malecot (r_{ij}) (LYNCH; WALSH, 1998). O coeficiente de parentesco de Malecot entre i e j corresponde à probabilidade de um alelo tomado ao acaso em i ser idêntico por descendência a outro alelo tomado ao acaso em j (SOUZA JUNIOR, 1989), o qual é, geralmente, determinado a partir da informação de genealogia decorrente do método de condução. Por ocasião da análise, informações sobre a similaridade genética existente podem ser incorporadas ao modelo (1), permitindo a obtenção de resultados com maior acurácia (pela consideração da informação de parentesco) e não viciados (pela

consideração da correlação entre os valores genéticos na estimação dos efeitos fixos) (RESENDE, 2002).

No modelo (1) é assumido, ainda, não existir covariância entre os desvios residuais (e) e efeitos genéticos (a), ou seja, $Cov(a,e) = 0$. A partir disso, Henderson (1975), derivou o sistema de equações de modelo misto (EMM) que permitiu obter simultaneamente o preditor para os efeitos aleatórios (\hat{a}) e o estimador dos efeitos fixos ($\hat{\beta}$)

$$\begin{bmatrix} X'X & X'Z \\ Z'X & Z'Z + A^{-1}V_e/V_a \end{bmatrix} \begin{bmatrix} \hat{\beta} \\ \hat{a} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X'y \\ Z'y \end{bmatrix} \quad (2)$$

Henderson et al. (1959) mostraram que o estimador dos efeitos fixos ($\hat{\beta}$), em (2), é o melhor estimador linear não tendencioso de β , ou seja, BLUE ($\hat{\beta}$), sendo igual à solução de quadrados mínimos generalizados, dada por:

$$\text{BLUE } (\hat{\beta}) = (X'V^{-1}X)^{-1} X'V^{-1}y, \quad (3)$$

$$\text{em que: } V = V(y) = ZGZ' + R.$$

Em seguida, Henderson (1975), provou que o preditor (\hat{a}), em (2), corresponde ao BLUP (\hat{a}) dado por:

$$\text{BLUP } (\hat{a}) = GZ'V^{-1}(y - X\hat{\beta}), \quad (4)$$

sendo: $\hat{\beta}$ igual a (3) e $GZ' = Cov(y,a)$.

Observa-se, pelo preditor (4), que as predições dos efeitos aleatórios são ajustadas para os efeitos não genéticos presentes (efeitos fixos) e que o termo

$GZ'V^{-1}$ promove o chamado efeito de encolhimento (do inglês shrinkage) dessas predições, fazendo com que essas estejam menos dispersas em torno da $E(a)$ (ROBINSON, 1991). Sob condições de dados balanceados e na ausência de informação de parentesco Bernardo (2002) mostrou que o BLUP (\hat{a}) (2) é determinado por:

$$\text{BLUP } (\hat{a}) = H(y - X\hat{\beta}), \quad (5)$$

Em que H é uma matriz de ordem $q \times n$, cujos elementos não nulos, relativos à incidência dos níveis do fator aleatório, correspondem às contribuições das parcelas individuais na herdabilidade para seleção entre médias de progênies. Logo é facilmente visto que, sob as condições supracitadas, o ranqueamento realizado por meio do preditor (5) será o mesmo obtido com as médias fenotípicas.

A obtenção das soluções $\hat{\beta}$ e \hat{a} por meio de (2) é, em geral, computacionalmente mais vantajosa, pois, para obtê-las por (3) e (4), é necessário inverter a matriz V , de dimensões $n \times n$, enquanto que, por (2), a dimensão da matriz a ser invertida é normalmente reduzida, da ordem $(p+q) \times (p+q)$ (HENDERSON, 1975, 1984).

Uma questão importante para que (3) e (4) detenham a propriedade de mínimo erro quadrático médio é que os componentes de variância genéticos e não genéticos sejam conhecidos. Na prática, esses componentes são desconhecidos, tendo, portanto, de serem estimados por algum método de estimação (ROBINSON, 1991). Estudo realizado por Lynch e Walsh (1998) mostrou que as predições BLUP permaneceram não viesadas, quando estimativas dos componentes foram utilizadas em lugar dos valores reais.

Uma outra aplicação é quando se conduz a avaliação de progênies durante várias gerações e é realizada a seleção. Na análise dos dados envolvendo

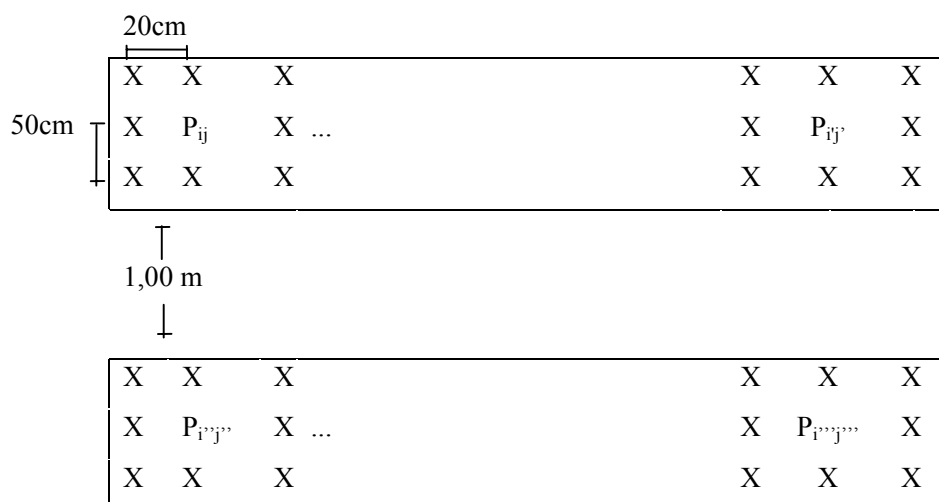
todas as gerações é evidente que o número de progênies não é o mesmo. Numa condição como essa, a análise seqüencial pelo BLUP é vantajosa (BRUZI, 2008; PIEPHO et al., 2008).

3 MATERIAL E MÉTODOS

Os experimentos foram conduzidos em Lavras-MG, na área experimental do Departamento de Biologia da UFLA, situada a 21°14'S de latitude, 44°59'W de longitude e 919 m de altitude; em Lambari-MG, na área experimental da EPAMIG, situada a 21°58'S de latitude, 45°21'W de longitude e 887 m de altitude; e em Patos de Minas-MG, também na Fazenda Experimental da EPAMIG, situada a 18°34'S de latitude, 46°31'W de longitude e 832 m de altitude.

Essa pesquisa é continuidade do trabalho realizado por Mendes, Ramalho e Abreu (2009). Desta forma, será comentado sucintamente o que foi realizado no referido trabalho. Inicialmente foi realizado um dialelo parcial 6 x 6, sendo seis genitores de porte não ereto com boa produtividade, resistência a alguns patógenos e boas qualidades culinárias, e seis genitores de porte ereto (Tabela 2).

Após a avaliação das progênes F_2 do dialelo, foi identificada como mais promissora a população CVIII8511 x RP-26. Dessa população foram obtidas progênes $F_{2,3}$, que foram avaliadas na safra da seca de 2008 em Lavras. Posteriormente, as progênes 51 $F_{2,4}$ foram avaliadas na safra de inverno do mesmo ano com semeadura em julho. Utilizou-se o delineamento em blocos casualizados com 20 repetições e parcelas de uma planta, sendo cada planta rodeada por oito plantas de uma testemunha comum, a cultivar Supremo, que apresenta porte ereto e grãos pretos. O esquema adotado foi o seguinte:



X – testemunha comum (cultivar Supremo)
P_{ij} – planta i da progênie j.

Tabela 2 Descrição dos genitores utilizados no cruzamento dialélico para escolha da população segregante

Genitores	Procedência	Tipo de grão	Tipo de planta	Porte
Grupo I				
VC3	UFV	Carioca	III	Prostrado
BRSMG Majestoso	UFLA/Embrapa /UFV/ Epamig	Carioca	II/III	Semi-ereto a Prostrado
CVIII 8511	UFLA	Carioca	II/III	Semi-ereto a Prostrado
MAII-2	UFLA/Embrapa	Carioca	III	Prostrado
MAII-22	UFLA/Embrapa	Carioca	III	Prostrado
MAII-16	UFLA/Embrapa	Carioca	III	Prostrado
Grupo II				
BRS Supremo	Embrapa	Preto	II	Ereto
BRS Valente	Embrapa	Preto	II	Ereto
Meia Noite	UFV/Epamig	Preto	II	Ereto
RP 26	UFLA	Carioca	II	Ereto
RP 133	UFLA	Carioca	II	Ereto
RP 166	UFLA	Carioca	II	Ereto

A distância entre covas foi de 20 cm. Foram utilizadas três sementes por cova. Quinze dias após a emergência, foi realizado o desbaste deixando-se uma planta por cova. Os caracteres avaliados foram: 1) porte, avaliado por meio de uma escala de notas; 2) produtividade de grãos (g/parcela). Para avaliação do porte, tomou-se como referência a testemunha (cultivar Supremo), pois essa apresenta porte bem ereto. Os dados referentes a cada caráter foram padronizados, obtendo-se índice Z e, posteriormente, o $\sum Z$, para possibilitar a avaliação das duas características simultaneamente.

Empregando a metodologia dos modelos mistos (BLUP), foram identificadas as 100 melhores e as 100 piores plantas em função do $\sum Z$, originando as progênies F_{4.5}. Estas progênies foram semeadas em novembro de 2009 para ampliação da quantidade de sementes e obtenção das progênies F_{4.6}. Oitenta e uma progênies F_{4.6} do grupo das melhores, e igual número do grupo das piores, foram avaliadas em função das notas de porte e produtividade de grãos. Essas progênies foram avaliadas na safra da seca de 2009, semeadura em fevereiro, em Lavras. Os delineamentos experimentais foram dois látices simples 9x9.

Na safra de inverno de 2009, semeadura em julho, as progênies F_{4.7} foram avaliadas em um experimento, contendo as 71 melhores e 71 piores progênies selecionadas em função das notas de porte, mais as duas testemunhas. O experimento foi conduzido também em Lavras utilizando-se o delineamento látice triplo 12x12.

Após análise de variância, foram selecionadas as 24 melhores e 23 piores progênies F_{4.8}. Essas foram avaliadas juntamente com as duas testemunhas, na safra das águas, semeadura em novembro de 2009, em Lavras e Lambari. O delineamento experimental foi o látice triplo 7 x 7.

As mesmas progênies F_{4.9} foram avaliadas novamente na safra da seca, semeadura em fevereiro de 2010 em três locais: Lavras, Lambari e Patos de

Minas. O experimento foi realizado de modo análogo ao anterior, utilizando-se o delineamento látice triplo 7x7. Da mesma forma, as 12 melhores e 11 piores progênies $F_{4:10}$ foram avaliadas na safra de inverno de 2010 em látice 5 x 5 somente em Lavras.

Em todos os experimentos as parcelas foram constituídas de duas linhas de dois metros de comprimento. A adubação foi equivalente a 400 kg/ha do formulado 8-28-16 de N, P_2O_5 e K_2O , respectivamente e, aos 20 dias após a emergência, 200 kg/ha de sulfato de amônio em cobertura. Os demais tratamentos culturais foram os recomendados para a cultura do feijoeiro na região.

Os dados de porte foram obtidos utilizando-se uma escala de notas modificada de Collicchio et al. (1997), variando de 1 a 9, em que a nota 9 refere-se à planta do tipo II, ereta, com uma haste e com inserção alta das primeiras vagens, e a nota 1 à planta do tipo III, com entrenós longos e completamente prostrada. A produtividade de grãos foi medida em gramas por parcela.

Para se ter informação dos dois caracteres simultaneamente optou-se, novamente, pela padronização dos dados e obtenção do $\sum Z$ (MENDES; RAMALHO; ABREU, 2009). Como a variável Z pode assumir tanto valores positivos como negativos, foi adicionada uma constante de valor três, de modo a tornar todos os valores positivos. Nesse caso, a média populacional por caráter, ao invés de zero, assumiu o valor três. O emprego desse índice na seleção simultânea dos dois caracteres parte do pressuposto que quanto maior o valor de Z , melhor.

3.1 Comparação das estratégias de seleção

Utilizando os dados por planta da geração $F_{2:4}$ foi efetuada a análise de variância pelo método dos modelos mistos, BLUP. Para essa análise, utilizou-se o software Seleção Genética Computadorizada - SELEGEN (RESENDE, 2007),

modelo 59, o que permitiu obter os valores genotípicos individuais. A análise da geração $F_{2:4}$ também foi efetuada pelo método dos quadrados mínimos (MQM) considerando o delineamento de blocos ao acaso, com 20 repetições e parcelas de uma planta. Com os dados dos valores genotípicos individuais, obtidos pelo BLUP, foram comparadas as seguintes estratégias de seleção na geração $F_{2:4}$:

a) Seleção massal

Na seleção massal efetuou-se a seleção dos 100 melhores e piores indivíduos na geração $F_{2:4}$ em função do $\sum Z$, notas de porte e produtividade, independente da progênie ou repetição a que pertenciam.

b) Seleção massal estratificada

As plantas foram divididas em estratos sendo cada estrato uma repetição. Assim, cada estrato continha uma planta de cada progênie, havendo um total de 51 plantas por estrato. Foram selecionados os cinco melhores e piores indivíduos de cada repetição em função do $\sum Z$, notas de porte e produtividade. Como haviam 20 repetições, totalizaram-se 100 progênies de cada grupo.

c) Seleção entre e dentro de progênies

A partir da análise de variância utilizando o método dos quadrados mínimos (MQM), foram obtidas as medias das 51 progênies para porte, produção e $\sum Z$. A partir dessas médias foram selecionadas as seis melhores progênies (intensidade de seleção entre progênies de 11,7%) e, dentro dessas, as 16 melhores plantas das 20 existentes. O mesmo foi feito para o grupo das piores, totalizando 96 plantas de cada grupo.

As estratégias de seleção foram comparadas com o BLUP observando a coincidência dos indivíduos selecionados para cada caráter avaliado, e também por meio do diferencial de seleção em cada estratégia de seleção.

3.2 Análise dos dados

Os dados da produção, nota de porte e ΣZ das gerações F_{4:6}, F_{4:7}, F_{4:8}, F_{4:9} e F_{4:10} foram submetidos à análise de variância utilizando-se o método dos quadrados mínimos. Foram feitas análises por geração, considerando o efeito de progênes, repetição e o erro como aleatórios. Os demais foram considerados fixos conforme modelo estatístico:

$$y_{ijk} = m + r_j + p_i + b_{k(j)} + e_{ijk}$$

em que:

y_{ijk} : valor observado na parcela que recebeu o tratamento i no bloco k na repetição j ;

m : média geral do experimento;

r_j : efeito da repetição j , $j = 1 \dots r$;

p_i : efeito da progênie i , $i = 1, 2 \dots p$;

$b_{k(j)}$: efeito do bloco k dentro da repetição j , $k = 1, 2 \dots b$;

e_{ijk} : erro experimental, sendo $e_{ijk} = N \sim (0, V_e)$.

Posteriormente foi realizada análise conjunta das progênes comuns nos diferentes ambientes. O modelo estatístico para análise conjunta foi:

$$y_{ijkq} = m + a_q + r_{j(q)} + p_i + b_{k(jq)} + al_{(iq)} + e_{ijkq}$$

em que:

y_{ijkq} : valor observado na parcela que recebeu o tratamento i no bloco k na repetição j no local q ;

m : média geral do experimento;

a_q : efeito do ambiente q , $q = 1, 2, \dots, a$;

$r_{j(q)}$: efeito da repetição j dentro do ambiente q , $j = 1, \dots, r$;

p_i : efeito da progênie i , $i = 1, 2, \dots, p$;

$b_{k(qj)}$: efeito do bloco k dentro da repetição j no ambiente q , $k = 1, 2, \dots, b$;

$al_{(iq)}$: efeito da interação entre a progênie i e o ambiente q ;

e_{ijkq} : erro experimental, sendo $e_{ijkq} = N(0, \sigma_e^2)$.

Para realizar as análises de variância, foi utilizado o programa estatístico MSTAT-C Michigan State University. O esquema das análises de variância por geração e conjunta, para os dois caracteres, com as esperanças dos quadrados médios, é apresentado na Tabela 3.

Tabela 3 Esquema das análises de variância por geração e conjunta das gerações $F_{4:6}$, $F_{4:7}$, $F_{4:8}$, $F_{4:9}$ e $F_{4:10}$, com as esperanças dos quadrados médios

Análises individuais			
FV	GL	QM	E(QM)
Repetições	$r - 1$		
Progênes	$p - 1$	Q_1	$Ve_q + rV_{Pq}$
Erro efetivo		Q_2	Ve_q
Análise conjunta			
FV	GL	QM	E(QM)
Ambientes	$a - 1$		
Progênes	$p - 1$	Q_3	$Ve + raV_p$
Progênes x Ambientes	$(a-1)(p-1)$	Q_4	$Ve + r V_{(Pxa)}$
Erro médio		Q_5	Ve

Ve_q : variância ambiental no ambiente q; V_{Pq} : variância genética entre progênes no ambiente q; Ve : variância ambiental na análise conjunta; $V_{(Pxa)}$: variância da interação progênes x ambientes; V_p : variância genética entre progênes na análise conjunta; r: número de repetições; a: número de ambientes

A partir das esperanças dos quadrados médios foram realizadas as estimativas dos parâmetros genéticos e fenotípicos nas q gerações/ambientes de avaliação das progênes:

- a) variância genética entre as progênes no ambiente q;

$$V_{Pq} = \frac{Q_1 - Q_2}{r}$$

- b) herdabilidade h^2 (%) no sentido amplo no ambiente q:

$$h^2 = \frac{Q_1 - Q_2}{Q_1} \times 100$$

Os limites inferior (LI) e superior (LS) das estimativas foram obtidos pelas expressões apresentadas por Knapp, Stoup e Ross (1985), com $\alpha = 0,05$:

$$LI = \left\{ \left(\frac{Q_1}{Q_2} \right) \times F_{(1-\alpha/2), gl_1, gl_2} \right\}$$

$$LS = \left\{ \left(\frac{Q_1}{Q_2} \right) \times F_{(\alpha/2), gl_1, gl_2} \right\}$$

em que:

F: Quantil superior da distribuição de F de Snedocor a $1-\alpha/2$ e $\alpha/2$. É obtido invertendo-se os graus de liberdade e tomando-se o recíproco do valor tabelado;

Q_1 e Q_2 : Quadrados médios de progênie e erro, obtidos na análise de variância individual para cada ambiente;

gl_1 e gl_2 : graus de liberdade de progênie e erro.

c) Variância da interação progênie x ambientes:

$$V_{(Pxa)} = \frac{Q_1 - Q_2}{r}$$

d) Variância genética entre as progênie nas análises envolvendo vários ambientes (V_p)

V_p = covariância entre a média das progênie nos ambientes dois a dois.

Foi estimada, também, a herdabilidade realizada (h_R^2) considerando as progênie comuns das gerações $F_{2:4}$ e $F_{4:6}$, e $F_{2:4}$ e $F_{4:7}$, pelo seguinte estimador:

$$h_R^2 = \frac{\left(\bar{m} \text{ dos 10 melhores indivíduos na } F_{4,6} - \bar{m} \text{ na } F_{4,6} \right) / \bar{m} \text{ na } F_{4,6}}{\left(\bar{m} \text{ dos 10 melhores indivíduos na } F_{2,4} - \bar{m} \text{ na } F_{2,4} \right) / \bar{m} \text{ na } F_{2,4}}$$

3.3 Avaliação da eficiência do BLUP na seleção precoce visando a identificação das melhores linhagens

A eficiência do BLUP foi avaliada por meio das seguintes alternativas:

- por meio da média das progênie identificadas com maior e menor estimativa do $\sum Z$ na $F_{2,4}$ em relação as demais gerações;
- porcentagem de coincidência na classificação entre as progênie consideradas como melhores ou piores em $F_{2,4}$ nas diferentes gerações;
- número de progênie comuns entre as 15 com maior ou menor $\sum Z$ nas gerações $F_{4,6}$ e $F_{4,7}$.

4 RESULTADOS

Inicialmente, utilizando os dados da geração F_{2:4}, foram comparadas as análises utilizando o procedimento BLUP e o método dos quadrados mínimos (MQM). Veja na Tabela 4 que quando se considerou as dez melhores progênes identificadas pelos dois procedimentos de análise, a coincidência foi de 100%, considerando as notas de porte e o somatório das variáveis padronizadas (ΣZ), e de 90% para a produtividade de grãos. Em princípio, esses resultados evidenciam que os dois procedimentos forneceram a mesma classificação das progênes.

Tabela 4 Melhores progênes F_{2:4} identificadas pelo índice Z, porte e produção, utilizando o método dos quadrados mínimos (MQM) e melhor predição linear não viesada (BLUP)

Classificação	Índice Z		Porte		Produção	
	BLUP	MQM	BLUP	MQM	BLUP	MQM
1	47	47	15	15	35	35
2	15	15	47	47	29	29
3	14	14	14	14	25	25
4	43	43	7	7	26	26
5	23	23	23	23	49	49
6	7	32	5	5	51	51
7	32	7	19	19	46	46
8	5	5	43	43	44	44
9	24	24	32	32	13	13
10	4	4	12	12	48	50

Como os melhoristas possuem outras opções para efetuar a seleção, essas foram comparadas com a classificação fornecida pelo BLUP. Na Tabela 5, verificou-se que os resultados foram semelhantes para os três caracteres. Por essa razão, a ênfase na apresentação dos resultados será direcionada ao ΣZ . Como era esperado, a maior coincidência ocorreu quando se aplicou a seleção

entre e dentro de progênies, de 83%. As estratégias de seleção massal e massal estratificada tiveram menor eficiência em relação ao BLUP.

Tabela 5 Coincidência (em %) das plantas selecionadas na geração $F_{2:4}$ por diferentes estratégias de seleção em relação ao BLUP

Estratégia	100 Melhores		
	Porte	Produção	ΣZ
Massal	38	31	44
Massal Estratificada	33	33	42
Entre e Dentro de progênies	80	66	83
Estratégia	100 Piores		
	Porte	Produção	ΣZ
Massal	42	28	36
Massal Estratificada	41	32	39
Entre e Dentro de progênies	79	76	84

Outra alternativa para se avaliar as estratégias de seleção é por meio do diferencial de seleção (ds). Isto porque pode ser que não seja identificado o mesmo indivíduo/progênie por duas ou mais estratégias de seleção, mas indivíduos bem semelhantes em termos de comportamento. Assim, o valor do 'ds' seria um indicador do sucesso com a seleção. Na Tabela 6 estão estimados os 'ds' para as diferentes estratégias de seleção. Veja que o 'ds' do ΣZ foi maior para a seleção massal e menor para o BLUP.

Tabela 6 Estimativas do diferencial de seleção (ds) considerando o ΣZ na geração $F_{2:4}$ para as diferentes estratégias de seleção

Estratégia	Média Geral da $F_{2:4}$ (m_o)	Médias dos indivíduos selecionados na $F_{2:4}$ (m_s)	$ds = m_s - m_o$
BLUP	8,47	11,07	2,6
Massal	8,47	12,1	3,63
Massal Estratificada	8,47	11,97	3,5
Entre e Dentro de progênies	8,47	11,61	3,14

Os resumos das análises de variância da avaliação das progênes F_{4.6}, F_{4.7}, F_{4.8}, F_{4.9} e F_{4.10} estão apresentados na Tabela 1A. Observe que ocorreu diferença significativa ($P \leq 0.01$) entre as progênes para produtividade apenas nas gerações F_{4.6}, F_{4.7} e F_{4.8}. Já para a nota de porte e o $\sum Z$, foi detectada diferença significativa entre as progênes em todas as gerações e locais de avaliação, indicando que há variabilidade entre as progênes. A precisão experimental avaliada pelo coeficiente de variação pode ser considerada boa, variando de 13,65%, na geração F_{4.9} em Lavras, e 26,8%, na geração F_{4.8} em Lambari.

Na análise conjunta envolvendo as 49 progênes F_{4.9}, nos dois locais de avaliação, só houve diferença significativa ($P \leq 0.01$) entre as progênes para a nota de porte e o $\sum Z$. Houve interação progênes x locais para os três caracteres, mostrando que o comportamento das progênes foi não coincidente nos dois locais de avaliação. Resultado semelhante foi obtido para as progênes F_{4.8}, também avaliadas em Lavras e Lambari. Contudo, não observou-se interação progênes x locais para a nota de porte e para o $\sum Z$ (Tabela 7). Na análise envolvendo as 47 progênes comuns as gerações F_{4.6}, F_{4.7}, F_{4.8} e F_{4.9}, avaliadas em Lavras, e F_{4.8} e F_{4.9} avaliadas em Lambari, também só não houve diferença significativa para produtividade de grãos (Tabela 8).

Tabela 7 Análises de variância conjunta para os caracteres nota de porte, produção e somatório das variáveis padronizadas ($\sum Z$) das gerações F_{4,8} e F_{4,9} avaliadas em Lavras e Lambari

FV	GL	F _{4,9}		
		QM porte	QM produção	QM $\sum Z$
Locais	1	0,87	154224529,7*	0,0001
Progênes	48	12,819*	234351,75	5,85*
Locais x Progênes	48	1,722*	283687,8*	2,21*
Erro médio	234	1,564	195243,125	1,28
CV (%)		13,82	10,6	18,91
FV	GL	F _{4,8}		
		QM porte	QM produção	QM $\sum Z$
Locais	1	73,5*	12476596,5*	0,0001
Progênes	48	14,046*	204034,5	6,13*
Locais x Progênes	48	1,815	162554,25*	1,92
Erro médio	234	1,463	110560,0	1,29
CV (%)		13,77	12,11	18,96

*Teste de t significativo, a 5%

Tabela 8 Análise de variância conjunta para as características nota de porte, produtividade e $\sum Z$ das progênes comuns (24 melhores e 23 piores) das quatro gerações F_{4,6} e F_{4,7}, avaliadas em Lavras, F_{4,8} e F_{4,9}, avaliadas em Lavras e Lambari

FV	GL	QM produção	QM porte	QM $\sum Zi$
Ambientes	5	74074823,0*	22,19*	1,206
Progênes	46	578565,5	5,75*	17,22*
Locais x Progênes	230	343933,0*	1,62	1,93*
Erro médio	831	330697,75	1,16	1,288
CV (%)		16,88	16,97	13,84
V _P ^{1/}		14117,5	0,276	0,92
V _(Pxa) ^{1/}		4778,1	0,166	0,23

*Teste de t significativo, a 5%; ^{1/}V_P: variância entre progênes; V_(Pxa): variância da interação progênes x ambientes

A produtividade média das progênes, nas diferentes gerações/ambientes, variou de 1716 Kg.ha⁻¹ na geração F_{4,8} em Lavras e 4040 Kg.ha⁻¹ na geração F_{4,9} também em Lavras (Gráfico 1). Os menores valores obtidos na geração F_{4,8} ocorreram porque essa geração foi conduzida na safra

das águas de 2009/2010, em que a grande quantidade de chuvas que ocorreram, principalmente no momento da colheita, prejudicaram a produção de grãos.

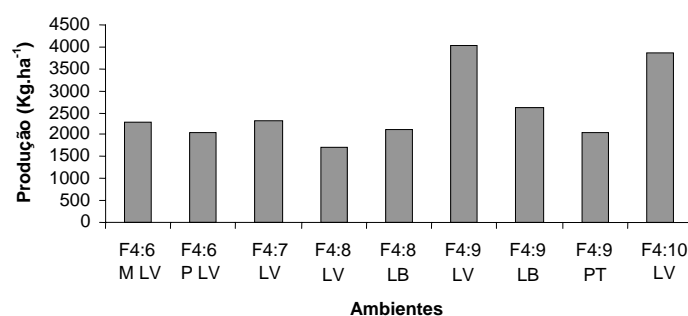
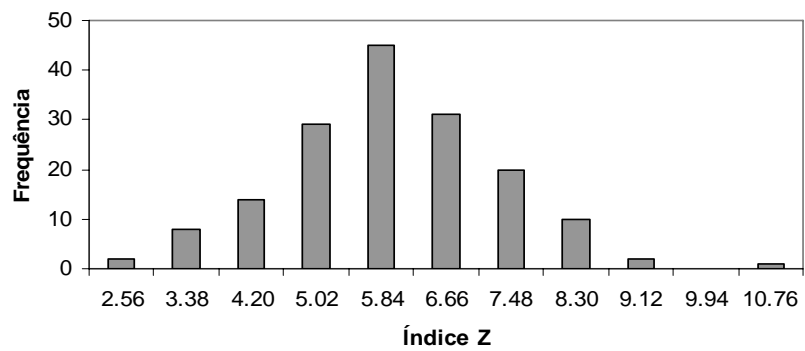


Gráfico 1 Produtividade médias das progênies avaliadas nas gerações F_{4:6}, F_{4:7}, F_{4:8}, F_{4:9} e F_{4:10} nos diferentes locais de avaliação (M = Melhores; P = Piores; LV = Lavras; LB = Lambari; PT = Patos de Minas)

Considerando que na seleção efetuada entre as plantas na geração F_{2:4} foi utilizado o índice Z envolvendo os dois caracteres (MENDES; RAMALHO; ABREU, 2009), optou-se também para concentrar a maioria das observações a partir dos resultados referentes a esse índice. A existência de variabilidade entre as progênies pode ser constatada no Gráfico 2, em que é apresentada a distribuição de frequência das médias nas diferentes gerações. Na geração F_{4:6}, por exemplo, a amplitude de variação do $\sum Z$ correspondeu a 136% do valor da média. Com o avanço das gerações, a amplitude da variação diminuiu, porém mesmo assim foi alta.

a)



b)

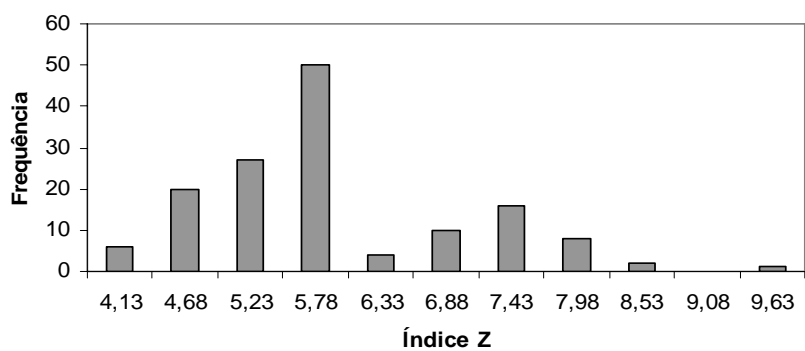
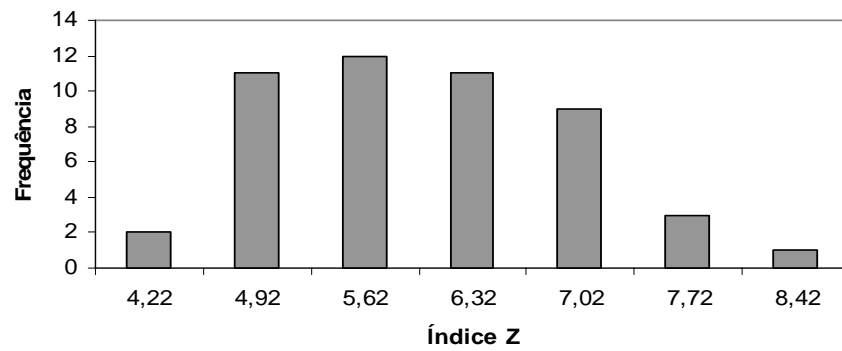


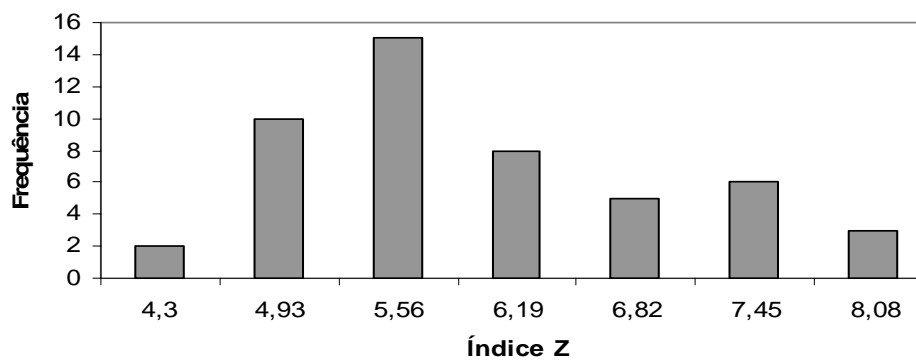
Gráfico 2 Distribuição de frequência do $\sum Z$ das diferentes gerações de avaliação: a) geração F_{4:6}; b) geração F_{4:7}; c) geração F_{4:8}; d) geração F_{4:9}; e) geração F_{4:10}

(...continua...)

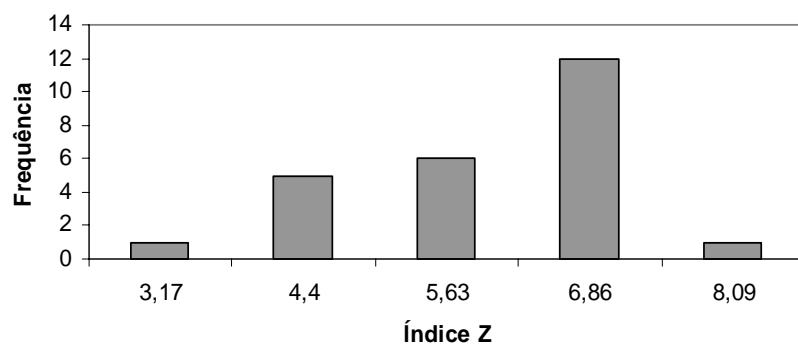
c)



d)



e)



As estimativas da variância genética e de herdabilidade apresentadas na Tabela 9 estão coerentes com as informações obtidas nas análises de variância. Vale ressaltar que mesmo que em algumas gerações/locais o efeito de progênes tenha sido não significativo, especialmente para produtividade de grãos, em todos os casos o limite inferior de h^2 foi positivo, indicando existência de variabilidade entre as progênes. Novamente a ênfase será dada ao (ΣZ), que reflete o efeito combinado da produtividade e do porte. Pode-se inferir que as estimativas da h^2 foram semelhantes, exceto na geração $F_{4.7}$ /Lavras. Isso porque nos demais ambientes o valor da estimativa de h^2 está contido nos intervalos de confiança das diferentes gerações. As estimativas obtidas podem ser consideradas altas, superiores a 60%.

O que interessa mais é verificar qual o desempenho dos indivíduos/progênes selecionados em $F_{2.4}$ nas sucessivas gerações. Esse desempenho pode ser avaliado de alguns modos. O primeiro seria comparando a média geral das melhores e piores progênes selecionadas em $F_{2.4}$ em gerações avançadas. Veja na Tabela 10 que houve uma grande variação entre as progênes consideradas como melhores e piores na geração $F_{4.6}$. Novamente a ênfase será direcionada ao ΣZ . Observe que o ΣZ foi sempre maior para as progênes consideradas melhores. Em termos percentuais o incremento foi de 26% aproximadamente, mostrando, em princípio, que a seleção realizada em $F_{2.4}$ foi eficiente.

Tabela 9 Estimativas da variância genética entre progênies (σ^2_p) e da herdabilidade para seleção na média das progênies (h^2), considerando diferentes gerações e locais de avaliação

Geração/Locais		σ^2_p	h^2 (%)	LI ^{1/}	LS ^{1/}
F _{4:6} Lavras	Porte	0,975	58,73	56,73	62,03
	Produção	6271,69	57,28	55,15	60,47
	ΣZ	1,27	71,55	68,92	76,34
F _{4:7} Lavras	Porte	0,766	54,32	52,69	57,23
	Produção	1637,78	25,84	24,83	27,63
	ΣZ	1,045	57,42	55,67	60,52
F _{4:8} Lavras	Porte	1,975	85,47	81,41	96,79
	Produção	635,697	27,78	26,95	30,00
	ΣZ	0,78	67,05	65,24	71,93
F _{4:8} Lambari	Porte	2,336	78,51	75,77	86,17
	Produção	1368,44	52,62	51,37	56,09
	ΣZ	1,04	68,42	66,53	73,51
F _{4:9} Lavras	Porte	2,364	82,45	79,09	91,79
	Produção	1938,231	32,34	31,47	34,77
	ΣZ	1,18	70,03	68,04	75,39
F _{4:9} Lambari	Porte	1,439	72,73	70,57	78,76
	Produção	878,01	29,29	28,45	31,61
	ΣZ	0,65	64,90	63,20	69,48
F _{4:10} Lavras	Porte	1,69	84,74	81,13	97,07
	Produção	1070,69	20,29	19,64	22,75
	ΣZ	1,17	74,47	72,68	81,85

1/ LI, LS. Limites inferior e superior de h^2 considerando o nível de probabilidade de $\alpha=0,05$

Tabela 10 Média das notas de porte, produtividade (Kg. ha⁻¹) e ΣZ nas diferentes gerações considerando o grupo de progênies identificadas em F_{2:4} como melhores (M) e piores (P)

	Nota de Porte		Produção (g/parcela)		ΣZ	
	M	P	M	P	M	P
F _{4:6}	5,88	4,19	2363	1969	6,64 (126)*	5,29 (100)*
F _{4:7}	5,49	3,96	2488	2144	6,68 (126)*	5,31 (100)*
F _{4:8}	5,12	4,94	2118	2352	6,71 (127)*	5,30 (100)*
F _{4:9}	6,10	5,42	3254	3357	6,60 (124)*	5,32 (100)*

*porcentagem do ΣZ que as melhores plantas superam as piores

Um segundo argumento para se avaliar o sucesso da seleção seria verificar qual a porcentagem de coincidência na classificação entre as melhores ou piores progênies nas diferentes gerações. Foram avaliadas 158 progênies na geração $F_{4:6}$, sendo 79 provenientes das selecionadas como melhores e 79 selecionadas como piores na $F_{2:4}$. Classificando essas progênies de acordo com o ΣZ na $F_{4:6}$, verifica-se que das 79 progênies com pior ΣZ , 21 eram provenientes das plantas ditas como melhores, e 58 eram provenientes das piores. Da mesma forma foi realizado para as demais gerações (Tabela 11). Veja que a proporção de progênies de origem diferente daquela da classificação na geração de avaliação foi diminuindo, sendo de apenas uma planta para pior e melhor na geração $F_{4:10}$.

Outra alternativa seria comparar a classificação das quinze melhores ou piores progênies, por exemplo nas diferentes gerações. Utilizando novamente o ΣZ como referência, observe que a coincidência na identificação apenas das quinze melhores ou piores progênies não é grande (Tabela 12). Quando se considera a geração $F_{4:6}$ em relação à $F_{2:4}$, coincidiram apenas três entre as quinze melhores e uma entre as quinze piores. É interessante salientar que das progênies coincidentes entre as melhores, nas duas gerações, todas seriam identificadas por qualquer um dos processos de seleção. Na comparação da geração $F_{4:7}$ com a $F_{2:4}$, a coincidência foi semelhante à anterior, duas entre as quinze melhores ou piores. Novamente, as duas melhores foram identificadas por todas as alternativas de seleção.

Tabela 11 Classificação das melhores (M) e piores (P) progênies e suas origens nas diferentes gerações de avaliação

Geração	Número de progênies avaliadas e sua origem na geração F _{2:4}	Ranking na geração de avaliação para o ΣZ	Origem na F _{2:4}
F _{4:6}	79 M e 79 P	79 Piores	21 M 58 P
		79 Melhores	21 P 58 M
F _{4:7}	71 P e 71 M	71 Piores	14 M 57 P
		71 Melhores	14 P 57 M
F _{4:8}	23 P e 24 M	23 Piores	5 M 18 P
		24 Melhores	5 P 19 M
F _{4:9}	23 P e 24 M	23 Piores	6 M 17 P
		24 Melhores	6 P 18 M
F _{4:10}	11 P e 12 M	11 Piores	1 M 10 P
		11 Melhores	1 P 11 M

Tabela 12 Progênies que coincidiram entre as 15 Melhores e 15 Piores plantas das gerações $F_{2.4}$, $F_{4.6}$ e $F_{4.7}$ e estratégia utilizada na sua seleção

Gerações	Progênies coincidentes	Estratégias de seleção
$F_{2.4} / F_{4.6}$	M21	Todas
	M34	Todas
	M9	Todas
	P55	BLUP e Entre/Dentro
$F_{2.4} / F_{4.7}$	M18	Todas
	M36	Todas
	P46	BLUP
	P47	BLUP, Massal Estratificada e Entre/Dentro
$F_{4.6} / F_{4.7}$	M8	Todas
	M75	BLUP e Entre/Dentro
	M67	BLUP
	P35	Todas
	P27	BLUP, Massal e Entre/Dentro

5 DISCUSSÃO

O emprego dos modelos mistos, especialmente BLUP, no melhoramento vegetal tem sido estimulado em algumas publicações (NUNES; RAMALHO; FERREIRA, 2008; PIEPHO et al., 2008; RESENDE, 2007). A vantagem do emprego do BLUP só se justifica quando há perdas de parcelas e/ou número diferente de progênies, ou seja, quando se tem dados desbalanceados (BERNARDO, 2002). Nesse trabalho, o método dos quadrados mínimos (MQM) e o BLUP classificaram as mesmas progênies de modo idêntico. Como na geração F_{2:4} cada parcela era constituída de uma planta, e houve perda de 88 parcelas, ou seja, 8,6% do total, pode-se inferir que com esse nível de perda não há vantagem do BLUP em relação ao MQM. Resultados semelhantes têm sido obtidos em algumas culturas, como é o caso do eucalipto (REIS, 2010).

Como são dois caracteres para serem considerados simultaneamente na seleção, produtividade e nota de grãos, a melhor opção é o emprego de um índice de seleção. Na literatura há inúmeras opções de índices (BERNARDO, 2002; CRUZ; CARNEIRO, 2006). Neste trabalho, foi utilizado o índice obtido por meio do somatório das variáveis padronizadas ($\sum Z$). Esse índice, além da facilidade de estimação, é de fácil interpretação (MENDES; RAMALHO; ABREU, 2009). Na discussão a ênfase será direcionada a esse índice em detrimento das variáveis isoladas.

Não foram encontrados relatos do emprego do BLUP visando a estimativa do valor genotípico individual a ser utilizado na seleção do feijoeiro. Alguns artigos apontam que o BLUP estima o verdadeiro valor genotípico (RESENDE, 2002). Esse fato, contudo, só é válido se a herdabilidade do caráter é muito alta (NUNES; RAMALHO; FERREIRA, 2008). Se a h^2 é baixa, a estimativa pode ser considerada como o melhor preditor genotípico, mas não necessariamente o verdadeiro valor genotípico.

O BLUP individual fornece estimativa que envolve todas as variáveis do modelo, por exemplo o mérito da progênie, do indivíduo na progênie, e até da repetição que ele está (RESENDE, 2007). Assim, a seleção entre e dentro de progênies, sobretudo porque o MQM e o BLUP identificaram as mesmas progênies, deve apresentar grande coincidência nos indivíduos a serem selecionados e de fato isso ocorreu. Tendo como referência o ΣZ , a coincidência foi superior a 80% (Tabela 5).

O procedimento que os melhoristas de feijoeiro adotam na escolha dos indivíduos que irão originar progênies para avaliação em gerações avançadas é a seleção massal, que, normalmente, é realizada visualmente. Contudo, a eficiência da seleção visual é constantemente questionada (CUTRIM; RAMALHO; CARVALHO, 1997; SILVA et al., 1994). Nesse trabalho a seleção visual não foi considerada, pois foram obtidos os dados da produtividade e nota de grãos das plantas $F_{2.4}$. Quando se compara a coincidência dos indivíduos que seriam selecionados massalmente em relação ao BLUP, a proporção foi inferior a 40%. Considerando que existiam 20 repetições no experimento, foi efetuada também a seleção massal estratificada, tendo em cada estrato 51 plantas, uma de cada progênie. Essa estratégia também não aumentou a coincidência em relação a seleção massal (Tabela 5).

Os resultados obtidos, em um primeiro momento, possibilitam inferir que a seleção massal foi de baixa eficiência em relação ao BLUP. Contudo, já foi argumentado que as seleções por diferentes estratégias não necessariamente identificaram a mesma progênie/indivíduo, mas sim indivíduos semelhantes em termos de comportamento. Nessa condição, a eficiência das estratégias de seleção massal estariam subestimadas. Para evidenciar esse fato foi estimado o diferencial de seleção (ds) das diferentes estratégias (Tabela 6). Observou-se que o 'ds' foi maior na estratégia de seleção massal. Poder-se-ia argumentar, por esse ângulo, que a seleção massal foi mais eficiente. Deve ser enfatizado,

entretanto, que no BLUP ocorre o efeito “shrinkage”, o que reduz os valores extremos e, assim, a estimativa do ‘ds’ fica menor. Além do mais, na expressão do ganho de seleção (GS), o ‘ds’ deve ser multiplicado pela herdabilidade (h^2). No caso do BLUP, $h^2 = 1,0$. Então, a estimativa do ganho com a seleção seria a estimativa do ‘ds’. Já na seleção entre e dentro de progênies, deveria ser ponderada a h^2 entre e a h^2 dentro. Especialmente essa última deve ser de menor magnitude. No caso da seleção massal, seria $GS = ds \times h_1^2$, em que h_1^2 é a herdabilidade para seleção em nível de indivíduo, valor esse que normalmente não é alto (MORETO; RAMALHO; ABREU, 2007). Pode-se inferir que o ganho esperado da seleção massal e do BLUP seria semelhante se h_1^2 fosse de 71,6%, ou seja, $2,6/3,63=0,7162$. Embora essa estimativa de h_1^2 não tenha sido obtida, dificilmente atingiria essa magnitude. Contudo, a eficiência da seleção massal em relação ao BLUP não deve ser considerada apenas de 40% em função da coincidência dos indivíduos selecionados.

Um outro enfoque desse trabalho era verificar qual a eficiência da seleção individual na geração $F_{2:4}$ em gerações mais avançadas. Nesse contexto, algumas alternativas foram empregadas. Como na $F_{2:4}$ foi aplicada a seleção divergente, isto é, os indivíduos com melhor e pior desempenho, maior e menor $\sum Z$, foi possível, em $F_{4:6}$, verificar qual a eficiência dessa seleção. Na média das 79 progênies de cada grupo, as progênies com maior $\sum Z$ em $F_{2:4}$ apresentaram $\sum Z$ 26% superior às de menor $\sum Z$ na geração $F_{4:6}$ (Tabela 10). Observando por esse prisma, a seleção foi eficiente. Essa mesma constatação foi observada nas demais gerações. Vale salientar, no entanto, que ela não reflete apenas a eficiência da seleção em $F_{2:4}$, pois a cada geração foi efetuada seleção novamente de modo divergente. É esperado inclusive que, proporcionalmente, a porcentagem de superioridade das progênies com maior $\sum Z$ aumentasse, o que não ocorreu.

Outro modo de avaliar a eficiência da seleção em $F_{2:4}$ seria por meio da classificação das progênies em $F_{4:6}$, ou seja, verificar qual a proporção de plantas identificadas com maior $\sum Z$ no grupo das melhores em $F_{4:6}$. Das 79 plantas classificadas com maior $\sum Z$ em $F_{2:4}$, 58 mantiveram a classificação. O mesmo resultado foi observado entre as piores (Tabela 11). Nas demais gerações, a proporção não foi alterada. Na última geração, a coincidência aumentou. Deve ser salientado que o efeito da seleção bidirecional foi cumulativo, como já mencionado. Novamente, fica evidente que a seleção precoce foi eficiente.

Considerando que no programa de melhoramento o que interessa é identificar um grupo pequeno de progênies superiores e, assim, reduzir o trabalho de avaliação, foi considerada para avaliar a eficiência da seleção precoce a concordância na classificação das 15 melhores ou piores progênies nas diferentes gerações. Nesse caso, a coincidência foi muito pequena. Entre $F_{2:4}$ e $F_{4:6}$ apenas três entre as melhores e uma entre as 15 piores (Tabela 12). Nesse caso, a seleção precoce foi de pequena eficiência.

A eficiência da seleção precoce, em outros contextos, já foi avaliada inclusive com a cultura do feijoeiro (PATIÑO; SINGH, 1989; ROSAL et al., 2000; SILVA et al., 1994). Os resultados mostraram que a eficiência da seleção precoce variou com a geração, mas normalmente foi baixa. Bernardo (1991) mostrou que a correlação entre o desempenho fenotípico da planta ou progênie na geração F_i e o respectivo desempenho genotípico na geração G_j é função de $r_{F_i G_j} = r_{G_i G_j} \sqrt{h_i^2}$, sendo $r_{G_i G_j}$ a correlação entre o desempenho genotípico das gerações G_i e G_j , e h_i^2 a herdabilidade do caráter no momento da seleção. Como $r_{G_i G_j}$ é função apenas do coeficiente de endogamia e essa correlação é geralmente alta (ROSAL et al., 2000), a correlação $r_{F_i G_j}$ é função predominantemente da herdabilidade do caráter no momento da seleção.

A h^2 para seleção na média das progênies para o $\sum Z$ em $F_{2,4}$ foi estimada por Mendes (2009) como sendo de 67%, ou seja, valor relativamente alto e favorável para a seleção precoce. Contudo, deve ser salientado que a seleção foi efetuada ao nível de indivíduo e, portanto, é esperado que o valor seja inferior a esse.

Foi estimada a herdabilidade realizada (h^2_R) para o $\sum Z$ pela seleção de 15% das plantas $F_{2,4}$ e repostas em $F_{4,6}$. O valor obtido foi de 15,8% entre as de maior $\sum Z$ e 33% entre as de menor $\sum Z$, ou seja, valores menores ao relatado por Mendes (2009). A razão da diferença entre as estimativas de h^2 pode, em princípio, ser função predominantemente da interação progênies x ambientes. A interação não foi considerada na expressão de Bernardo (1991), o que diminui a eficiência da seleção precoce. A h^2_R entre $F_{2,4}$ e $F_{4,7}$ considerando as 15% de maior $\sum Z$ foi ainda menor, apenas 8,7%. Novamente a interação progênies x ambientes/gerações contribuiu para a redução de h^2_R . A existência da interação progênies x ambientes é frequentemente relatada na literatura para a cultura do feijoeiro na região (BRUZI; RAMALHO; ABREU, 2007; NUNES; RAMALHO; ABREU, 2005; PIROLA et al., 2002), o que reduz a eficiência da seleção precoce.

É oportuno salientar que todas as três progênies $F_{4,6}$ que estiveram entre as 15 melhores plantas $F_{2,4}$ seriam selecionadas por todas as estratégias de seleção. De modo geral, o mesmo fato foi observado nos outros casos em que houve coincidência. Depreende-se que, embora o BLUP seja o melhor estimador do valor genotípico, a sua eficiência na resposta à seleção a longo prazo não é diferente de qualquer dos outros métodos, pois ele também não tem como prever o efeito futuro da interação das progênies x ambientes. Infere-se que o sucesso da seleção sempre irá depender da avaliação das progênies com maior precisão possível, além da utilização de alternativas para reduzir o efeito da interação progênies x ambientes.

CONCLUSÃO

As análises via método dos quadrados mínimos e procedimento BLUP classificaram as progênies em função das médias em $F_{2:4}$ de mesmo modo.

A coincidência dos indivíduos identificados pelo BLUP e os da seleção entre e dentro de progênies é alta e de maior magnitude quando se compara o BLUP com a seleção massal.

A eficiência da seleção precoce, utilizando o BLUP, em identificar um grupo de progênies superiores ou inferiores em gerações avançadas é pequena. A interação progênies x ambientes contribui para reduzir essa eficiência.

REFERÊNCIAS

- ABREU, A. de F. B. **Predição do potencial genético de populações segregantes de feijoeiro utilizando genitores inter-raciais**. 1997. 80 p. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) - Universidade Federal de Lavras, Lavras, 1997.
- ABREU, A. de F. B.; RAMALHO, M. A. P.; SANTOS, J. B. Seleção de progênies de feijoeiro de porte ereto e resistente a 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.
- ADAMS, M. W. Plant architecture and physiological efficiency. In: CENTRO INTERNACIONAL DE AGRICULTURA TROPICAL. **Potentials of field beans and others food legumes in Latin America**. Cali: CIAT, 1973. p. 226-278.
- 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, A. M.; RAMALHO, M. A. P.; MARQUES JÚNIOR, O. G. M. Controle genético do stay green no feijoeiro (*Phaseolus vulgaris* L.). **Revista Ceres**, Viçosa, MG, v. 47, n. 270, p. 155-167, 2000.
- AGUIAR, M. S. de et al. Effect of the number of intermatings on genetic properties on a segregant common bean populations. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, Londrina, v. 4, n. 2, p. 234-240, Apr./June 2004.
- BASSET, M. J. List of genes *Phaseolus vulgaris* L. **Annual Report of the Bean Improvement Cooperative**, Fort Collins, v. 47, p. 1-24, Sept. 2004.
- BASSET, M. J. Tight linkage between the Fin locus for plant habit and the Z locus for partly colored seedcoat patterns in common bean. **Journal of the American Society for Horticultural Science**, Alexandria, v. 122, n. 5, p. 656-658, Sept. 1997.
- BERNARDO, R. **Breeding for quantitative traits in plants**. Woodbury: Stemma, 2002. 368 p.

BERNARDO, R. Correlation between tests cross performance of lines at early at last selfing generation. **Theoretical Applied Genetics**, Berlin, v. 82, n. 5, p. 17-21, May 1991.

BROTHERS, M. E.; KELLY, J. D. Interrelationship of plant architecture and yield components in the pinto bean ideotype. **Crop Science**, Madison, v. 33, n. 6, p. 1234-1238, Nov./Dec. 1993.

BRUZI, A. T. **Aplicações da análise de modelos mistos em programas de seleção recorrente do feijoeiro comum**. 2008. 83 p. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) - Universidade Federal de Lavras, Lavras, 2008.

BRUZI, A. T.; RAMALHO, M. A. P.; ABREU, A. de F. B. Desempenho de famílias de cruzamento entre linhagens de feijões andinos e mesoamericanos em produtividade e resistência a *Phaeoisariopsis guiseola*. **Ciência e Agrotecnologia**, Lavras, v. 31, n. 2, p. 650-655, mar./abr. 2007.

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. et al. Breeding potential of single, double and multiple crosses in common bean. **Crop Breeding and Applied Technology**, Londrina, v. 2, n. 2, p. 515-524, Apr./June 2002.

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.

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

CRUZ, C. D.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. Viçosa, MG: UFV, 2006. v. 2, 585 p.

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

CUTRIM, V. A.; RAMALHO, M. A. P.; CARVALHO, A. M. Eficiência da seleção visual na produtividade de grãos de arroz (*Oryza sativa* L.) irrigado. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 32, n. 6, p. 601-606, jun. 1997.

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.

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

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, 1998.

GONÇALVES, P. R. **Obtenção de linhagens de feijoeiro (*Phaseolus vulgaris*) com grãos tipo Carioca e resistente à antracnose e mancha angular**. 1995. 65 f. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas) - Universidade Federal de Lavras, Lavras, 1995.

GUNER, N.; MYERS, J. R. Characterization of topiary (top) an architectural mutant of common bean. **Journal of the American Society for Horticultural Science**, Alexandria, v. 126, n. 2, p. 105-109, Mar. 2001.

HAZEL, L. N. The genetic basics for constructing selections indexes. **Genetics**, New York, v. 28, n. 6, p. 476-490, 1943.

HENDERSON, C. R. **Applications of linear models in animal breeding**. Guelph: University of Guelph, 1984. 462 p.

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

HENDERSON, C. R. et al. The estimation of environmental and genetic trends from records subject to culling. **Biometrics**, Raleigh, v. 12, n. 4, p. 404-414, Dec. 1959.

KELLY, J. D. Remaking bean plant architecture for efficient production. **Advances in Agronomy**, New York, v. 7, n. 1, p. 109-143, 2001.

KELLY, J. D.; ADAMS, M. W. Phenotypic recurrent selection in ideotype breeding of plant beans. **Euphytica**, Wageningen, v. 36, n. 1, p. 69-80, Jan. 1987.

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

KOINANGE, E. M. K.; SINGH, S. P.; GEPTS, P. Genetic control of the domestication syndrome in common bean. **Crop Science**, Madison, v. 36, n. 4, p. 1037-1045, July/Aug. 1996.

KRETCHMER, P. J.; LAING, D. R.; WALLACE, D. H. Inheritance and morphological traits of a phytochrome-controlled single gene in bean. **Crop Science**, Madison, v. 19, n. 5, p. 605-607, Sept./Oct. 1979.

LAMPRECHT, H. The inheritance of the slender-type of *Phaseolus vulgaris* and some other results. **Agri Hortique Genetica**, Landskrone, v. 5, n. 2, p. 72-84, Jan./Feb. 1947.

LEAKEY, C. L. A. Genotypic and phenotypic markers in common bean. In: GEPTS, P. (Ed.). **Genetic resources of phaseolus beans: their maintenance, domestication, evolution, and utilization**. Dordrecht: Kluwer Academic, 1988. p. 245-327.

LYNCH, M.; WALSH, B. **Genetics and analysis of quantitative traits**. Sunderland: Sinauer, 1998. 948 p.

MELO, L. C. **Mapeamento de QTL's em feijoeiro, por meio de marcadores RAPD, em diferentes ambientes**. 2000. 148 p. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) - Universidade Federal de Lavras, Lavras, 2000.

MENDES, F. F. **Estratégia de seleção de plantas eretas de feijão tipo carioca**. 2009. 92 p. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas) - Universidade Federal de Lavras, Lavras, 2009.

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

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, 2001.

MENEZES JÚNIOR, J. A. N. **Seleção recorrente simultânea para alguns caracteres do feijoeiro**. 2007. 75 p. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas) - Universidade Federal de Lavras, Lavras, 2007.

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

MORETO, A. L.; RAMALHO, M. A. P.; ABREU, A. de F. B. Estimativa de componentes de variância fenotípica em feijoeiro utilizando o método genealógico. **Ciência e Agrotecnologia**, Lavras, v. 31, n. 4, p. 1035-1042, ago./set. 2007.

MULAMBA, N. N.; MOCK, J. J. Improvement of yield potential of the Eto Blanco maize (*Zea mays* L.) population by breeding for plant traits. **Egypt Journal of Genetics and Cytology**, Alexandria, v. 7, p. 40-51, 1978.

NIENHUIS, 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.

NIENHUIS, 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.

NUNES, J. A. R. **Incorporação da informação de parentesco no método genealógico pelo enfoque de modelos mistos**. 2006. 113 p. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) - Universidade Federal de Lavras, Lavras, 2006.

NUNES, J. A. R.; RAMALHO, M. A. P.; ABREU, A. de F. B. Graphical method in studies of adaptability and stability of cultivars. **Annual Report of the Bean Improvement Cooperative**, Fort Collins, v. 48, p. 182-183, Nov. 2005.

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

PANIAGUA, C. V.; PINCHINAT, A. M. Ritérios de seleccion para mejorar el rendimiento de grano en frijol (*Phaseolus vulgaris* L.). **Turrialba**, San Jose, v. 26, n. 2, p. 126-131, 1976.

PATERNELLI, L. A. et al. Herdabilidade e correlações do rendimento do feijão e seus componentes primários no monocultivo e no consórcio com milho. **Revista Ceres**, Viçosa, MG, v. 41, n. 235, p. 306-316, maio/jun. 1994.

PATINO, H.; SINGH, S. P. **Respuesta a la selección visual para rendimiento en generations F₂ e F₃ en frijol, Phaseolus vulgaris L.** Cali: CIAT, 1989. 417 p. (Documento, 47).

PIEPHO, H. P. Best linear unbiased prediction (BLUP) for regional yield trials: a comparison to additive main effects and multiplicative interaction (AMMI) analysis. **Theoretical and Applied Genetics**, Berlin, v. 89, n. 5, p. 647-654, Nov. 1994.

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

PIROLA, L. H. et al. Natural selection and family x location interaction in the common (dry) bean plant. **Genetics and Molecular Biology**, Ribeirão Preto, v. 25, n. 3, p. 343-347, 2002.

RAMALHO, M. A. P.; ANDRADE, L. A. B.; TEIXEIRA, N. C. S. Correlações genética 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. et al. 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.; FERREIRA, D. F.; OLIVEIRA, A. C. **Experimentação em genética e melhoramento de plantas**. 2. ed. Lavras: UFLA, 2005. 326 p.

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, 1999.

REIS, C. A. F. **Proposta de índice de seleção no melhoramento genético do eucalipto**. 2010. 89 p. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) - Universidade Federal de Lavras, Lavras, 2010.

RESENDE, M. D. V. **Genética biométrica e estatística no melhoramento de plantas perenes**. Brasília: EMBRAPA Informação Tecnológica, 2002. 975 p.

RESENDE, M. D. V. **Matemática e estatística na análise de experimentos e no melhoramento genético**. Colombo: EMBRAPA Florestas, 2007. 561 p.

ROBINSON, G. K. That BLUP is a good thing: the estimation of random effects. **Statistical Science**, Hayward, v. 6, n. 1, p. 15-51, Feb. 1991.

ROSAL, C. J. S. et al. Seleção precoce para a produtividade de grãos no feijoeiro. **Bragantia**, Campinas, v. 59, n. 2, p. 189-195, 2000.

SANTOS, J. B.; GAVILANES, M. L. Botânica. In: VIEIRA, C.; PAULA JÚNIOR, T. J. de; BORÉM, A. (Ed.). **Feijão**. 2. ed. Viçosa, MG: UFV, 2006. p. 41-65.

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, 2001. 1 CD-ROM.

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

SANTOS, J. B.; 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. et al. Herdabilidade e correlações do rendimento com seus componentes em dois cruzamento de feijão. **Revista Ceres**, Viçosa, MG, v. 33, n. 189, p. 404-412, set./out. 1986.

SILVA, C. A. **Associação entre arquitetura da planta e a produtividade do feijoeiro do mesmo “pool” gênico.** 2009. 59 p. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas) - Universidade Federal de Lavras, Lavras, 2009.

SILVA, H. D. et al. Efeito da seleção visual para produtividade de grãos em populações segregantes do feijoeiro: II., seleção entre famílias. **Ciência e Prática**, Lavras, v. 18, n. 2, p. 181-185, abr./jun. 1994.

SILVA, M. G. M. **Seleção de famílias superiores de feijoeiro com resistência à antracnose e mancha angular.** 2005. 80 p. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas) - Universidade Federal de Lavras, Lavras, 2005.

SILVA, N. O. et al. 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.

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

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

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. 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. 577-588, Dec. 1999.

TORGA, P. P. **Seleção de famílias de feijoeiro baseada na produtividade e tipo de grãos e informações de QTL's**. 2008. 73 p. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas) - Universidade Federal de Lavras, Lavras, 2008.

VIEIRA, C. et al. Melhoramento do feijão. In: BORÉM, A. (Ed.). **Melhoramento de espécies cultivadas**. Viçosa, MG: UFV, 2005. p. 301-392.

WILLIAMS, J. S. The evaluation of a selection index. **Biometrics**, Bethesda, v. 18, p. 375-393, 1962.

ZIMMERMANN, M. J. O. et al. 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 A

Tabela 1A Análises de variância para os caracteres nota de porte, produção em gramas por parcela e somatório das variáveis padronizadas (ΣZ) das gerações F_{4:6}, F_{4:7}, F_{4:8}, F_{4:9} e F_{4:10} avaliadas em Lavras, e F_{4:8} e F_{4:9} também avaliadas em Lambari

FV	GL	F _{4:6}		
		QM porte	QM produção	QM ΣZ
Progênieis	161	3,33*	547446,67*	3,55*
Erro	161	1,37	233862,5	1,01
CV (%)		23,40	22,31	16,80
FV	GL	F _{4:7}		
		QM porte	QM produção	QM ΣZ
Progênieis	143	5,125*	19008,123*	3,64*
Erro	253	1,953	14094,782	1,55
CV (%)		23,29	25,59	20,76
FV	GL	F _{4:8} Lavras		
		QM porte	QM produção	QM ΣZ
Progênieis	48	6,934*	6862,944*	3,49*
Erro	78	1,007	4955,853	1,15
CV (%)		16,31	20,50	17,87
FV	GL	F _{4:8} Lambari		
		QM porte	QM produção	QM ΣZ
Progênieis	48	8,926*	7800,61*	4,56*
Erro	78	1,918	3695,28	1,44
CV (%)		26,89	14,27	20,00
FV	GL	F _{4:9} Lavras		
		QM porte	QM produção	QM ΣZ
Progênieis	48	8,602*	17981,154	5,04*
Erro	78	1,51	12166,461	1,51
CV (%)		22,19	13,65	20,5
FV	GL	F _{4:9} Lambari		
		QM porte	QM produção	QM ΣZ
Progênieis	48	5,94*	8993,02	3,02*
Erro	78	1,62	6358,98	1,06
CV (%)		23,44	15,27	17,20
FV	GL	F _{4:10}		
		QM porte	QM produção	QM ΣZ
Progênieis	24	6,002*	15834,21	4,75*
Erro	48	0,932	12622,13	1,25
CV (%)		14,09	14,51	18,64