

**SELEÇÃO RECORRENTE SIMULTÂNEA
PARA ALGUNS CARACTERES DO
FEIJOEIRO**

JOSÉ ÂNGELO NOGUEIRA DE MENEZES JÚNIOR

2007

JOSÉ ÂNGELO NOGUEIRA DE MENEZES JÚNIOR

**SELEÇÃO RECORRENTE SIMULTÂNEA PARA ALGUNS
CARACTERES DO FEIJOEIRO**

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

Orientador

Prof. Dr. Magno Antonio Patto Ramalho

LAVRAS
MINAS GERAIS - BRASIL
2007

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

Menezes Júnior, José Ângelo Nogueira

Seleção recorrente simultânea para alguns caracteres do feijoeiro / José
Ângelo Nogueira Menezes Júnior. - Lavras : UFLA, 2007.

65 p. : il.

Orientador: Magno Antonio Patto Ramalho.

Dissertação (Mestrado) - UFLA.

Bibliografia.

1. Feijão. 2. Regressão linear. 3. Progresso genético. I.
Universidade Federal de Lavras. II. Título.

CDD-635.65223

JOSÉ ÂNGELO NOGUEIRA DE MENEZES JÚNIOR

**SELEÇÃO RECORRENTE SIMULTÂNEA PARA ALGUNS
CARACTERES DO FEIJOEIRO**

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

APROVADA em 09 de fevereiro de 2007

Prof. Dr. Aluizio Borém - UFV

Prof. Dr. José Eustáquio de Souza Carneiro - UFV

Prof. Dr. Magno Antonio Patto Ramalho

UFLA/DBI

(Orientador)

LAVRAS

MINAS GERAIS – BRASIL

*Aos meus pais, José Ângelo Nogueira de Menezes e Zilá Benigna Lara Menezes;
Aos meus irmãos, Érica Cecília Lara Nogueira e Matheus Lara Nogueira de
Menezes e meu cunhado, Eire Salomão Barbosa Silva,
que estiveram sempre presentes e me apoiaram em todos os momentos.*

DEDICO

AGRADECIMENTOS

A Deus por tudo.

Aos meus pais, José Ângelo e Zilá, pelo amor, carinho, confiança e por compreenderem a minha vontade de estudar, mesmo apesar da distância.

Aos meus irmãos, Érica e Matheus e meu cunhado, Eire, pelo amor, amizade e incentivo.

À Universidade Federal de Lavras (UFLA), pela oportunidade de realização do curso de mestrado.

À Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado de Minas Gerais (FAPEMIG), pela concessão da bolsa de estudos.

Ao professor Magno Antonio Patto Ramalho que, em sua missão de “facilitador”, fez com que a realização deste trabalho fosse algo muito prazeroso. Sua disponibilidade, exemplo de dedicação e valiosos ensinamentos transmitidos deixam-me orgulhoso de tê-lo como orientador.

A Dra. Ângela de Fátima Barbosa Abreu, pela co-orientação, apoio, amizade e convivência.

Aos professores Aluizio Borém e José Eustáquio de Souza Carneiro, pela participação da banca e pela disponibilidade em contribuir com este trabalho.

Aos professores do curso de Genética e Melhoramento de Plantas, em especial aos professores João Cândido, João Bosco e César Brasil, pelos ensinamentos transmitidos e agradável convívio.

A Vanessa, pela companhia, prazerosa convivência, em todos os momentos e pelas sinceras demonstrações de carinho.

Aos meus irmãos de coração, Juarez e José Luis, por compartilharem tantos momentos durante o curso e pela valiosa contribuição em todas as etapas deste trabalho.

A todos os colegas e amigos do curso de Genética e Melhoramento de Plantas: Flavinha, Alex, Adriano, Aisy, Diego, Fabrício, Dheyne, Josiane, Mônica, Admilson, César Ticoná, Marcus, Helton, Paula, Isabela, Ana Luiza, Quélen, Eduardo, Graciele, Matheus, Marciane, Lívia, Francine, Ranoel, Rafael, Osnil, Marcelo, Flávio e Airton.

Aos alunos da graduação Ricardo, Flávia, Ulisses, Renato, Juliano, Breno, Lúcio, Márcio e André.

À secretária Elaine, pela amizade, eficiência e por estar sempre disposta a ajudar.

Aos funcionários, Leonardo e Lindolfo, pela disponibilidade, amizade e importante contribuição na condução dos trabalhos de campo.

A todos os funcionários do Departamento de Biologia, em especial a Irondina, Renata, Zélia e Rafaela.

Enfim, a todos aqueles que contribuíram para a realização deste trabalho, deixo aqui meu sincero MUITO OBRIGADO.

SUMÁRIO

	Página
RESUMO	i
ABSTRACT	ii
1 INTRODUÇÃO	1
2 REFERENCIAL TEÓRICO	3
2.1 Morfologia da planta e a arquitetura do feijoeiro	3
2.2 Controle genético dos caracteres associados à arquitetura da planta	7
2.3 Controle genético da cor dos grãos	9
2.4 Seleção recorrente em espécies autógamas	12
2.5 Seleção recorrente para arquitetura da planta	18
3 MATERIAL E MÉTODOS	19
3.1 Local	19
3.2 Obtenção da população base	19
3.3 Avaliação das progênies	22
3.4 Análises genético-estatísticas	23
3.5 Progresso genético	29
4 RESULTADOS	32
5 DISCUSSÃO	46
6 CONCLUSÕES	52
REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS	53
ANEXO	62

RESUMO

MENEZES JÚNIOR, José Ângelo Nogueira. **Seleção recorrente simultânea para alguns caracteres do feijoeiro**. 2007. 65p. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas)-Universidade Federal de Lavras, Lavras, MG, Brasil.*

O objetivo deste trabalho foi estimar o progresso genético (PG) após três ciclos de seleção recorrente visando à obtenção de linhagens de feijão que associem alta produtividade, boa arquitetura e grãos comercialmente aceitos. A população base foi obtida a partir do intercruzamento de dez linhagens de porte ereto. Em cada ciclo, as progênies foram avaliadas por três gerações $S_{0:1}$, $S_{0:2}$ e $S_{0:3}$, no campo experimental do Departamento de Biologia da Universidade Federal de Lavras (UFLA), em Lavras, MG. O delineamento utilizado foi o látice. Nos experimentos, avaliaram-se a produtividade de grãos, a arquitetura da planta e o tipo de grão, os dois últimos utilizando uma escala de notas. Em todas as avaliações de progênies foram realizadas as análises de variância e obtidas as estimativas de parâmetros genéticos e fenotípicos. Na seleção das melhores progênies para a recombinação ou a continuidade do processo de endogamia, os três caracteres foram considerados simultaneamente. O PG foi estimado utilizando-se as médias das dez melhores progênies $S_{0:1}$ e $S_{0:2}$ utilizadas no processo de recombinação em cada ciclo. Foi estimado o progresso por caráter e para os três caracteres, simultaneamente, após a padronização das variáveis. Como os ciclos foram obtidos em anos diferentes, utilizou-se o desempenho de duas linhagens que estiveram presentes em todas as avaliações para atenuar o efeito do ambiente nas estimativas obtidas. A diferença entre os b 's da regressão linear, do número de ciclos, variável independente (x) e o desempenho médio do caráter sob seleção, variável dependente (y), das progênies e das testemunhas, forneceu a estimativa do progresso genético. Constatou-se que, após três ciclos de seleção recorrente, o PG foi de 3,1% por ciclo, considerando os três caracteres simultaneamente. Esse resultado comprovou a eficiência da seleção recorrente para obter linhagens produtivas, de porte ereto e grãos tipo carioca com padrão comercial. A existência de variabilidade genética entre as progênies, especialmente no último ciclo, para os três caracteres, evidencia a possibilidade de se continuar obtendo sucesso com a seleção recorrente.

* Comitê de orientação: Magno Antonio Patto Ramalho - Universidade Federal de Lavras - UFLA (Orientador); Ângela de Fátima Barbosa Abreu - Embrapa Arroz e Feijão/UFLA (Co-Orientadora).

ABSTRACT

MENEZES JÚNIOR, José Ângelo Nogueira. **Simultaneous recurrent selection for some characters in common bean**. 2007. 65 p. Dissertation (Master's degree in Genetics and Plant breeding) - Federal University of Lavras, Lavras, MG, Brazil.*

The objective of this study was to estimate the genetic progress (GP) after three recurrent selection cycles to develop common bean lines that present a high yield, good architecture as well as commercially acceptable grain. The base population was derived from ten intercrossed lines of upright plant habit. The progenies in each cycle were evaluated over three generations $S_{0:1}$, $S_{0:2}$ and $S_{0:3}$ on the experimental field of the Department of Biology at the Federal University of Lavras (UFLA), in Lavras, MG, in a lattice design. The following traits were evaluated: grain yield, plant architecture and grain type, the two latter by a grade scale. Analyses of variance and the estimates of genetic and phenotypic parameters were obtained for all progeny evaluations. The three traits were considered simultaneously in the selection of the best progenies for recombination or continuity of the breeding process. The GP was estimated based on the means of the ten best $S_{0:1}$ and $S_{0:2}$ progenies used in the recombination process in each cycle. The progress per trait was estimated and, upon standardization of variables, the progress for the three traits simultaneously. Since the cycles occurred in different years, the performance of two lines that participated in all evaluations was used as base to lessen the environmental effect in the estimates. The difference between the b's of the linear regression, of the number of cycles, the independent variable (x), and the mean performance of the trait under selection, the dependent variable (y), of the progenies and of the controls, provided the estimate of the genetic progress. In conclusion, after three recurrent selection cycles the GP was 3.1% per cycle, considering the three traits simultaneously. This result proved the efficiency of the recurrent selection to obtain high-yielding lines of upright plant habit and standard carioca-type grains. The existence of genetic variability in the progenies for the three traits, especially in the last cycle, suggests the possibility of continuous success under recurrent selection.

* Advisor committee: Magno Antonio Patto Ramalho – UFLA (Advisor); Ângela de Fátima Barbosa Abreu – Embrapa Arroz e Feijão/UFLA (Co-advisor).

1 INTRODUÇÃO

Normalmente, no processo seletivo de qualquer espécie, estão envolvidos vários caracteres. No caso do feijoeiro, no Brasil, entre os caracteres mais importantes destacam-se a produtividade e o tipo de grãos e a arquitetura das plantas. Já existem informações a respeito do controle genético desses caracteres no feijoeiro. Em todos os casos há evidências de que esteja envolvido um grande número de genes e, especialmente no caso da produtividade e da arquitetura, o efeito do ambiente é expressivo (Teixeira et al., 1999; Bassett, 2004; Moreto et al., 2007).

Quando se deseja realizar o melhoramento para um ou mais caracteres, controlados por vários genes, é impossível se obter sucesso em um único ciclo seletivo. A principal alternativa é o emprego da seleção recorrente (Hallauer, 1992), isto é, um sistema cíclico e dinâmico que visa aumentar gradativamente a frequência de alelos favoráveis para uma característica quantitativa, por meio de repetidos ciclos de seleção, avaliação e recombinação (Geraldi, 2005).

O sucesso da seleção recorrente em plantas alógamas é freqüentemente relatado (Helms et al., 1989; Weyhrich et al., 1998). No caso de plantas autógamas, já existem vários resultados que comprovam a sua eficiência (Wiersma et al., 2001; Ramalho et al., 2005a). Entretanto, não foram encontrados relatos de progresso genético com a seleção recorrente quando estão envolvidos vários caracteres.

A estimativa periódica do progresso genético na seleção recorrente é fundamental para orientar os melhoristas a respeito das estratégias seletivas utilizadas e quais as alternativas que poderiam ser adotadas para ampliar sua eficiência. Mediante o exposto, foi realizado o presente trabalho com o objetivo de estimar o progresso genético, após três ciclos de seleção recorrente, visando à

obtenção de linhagens de feijão que associem alta produtividade, boa arquitetura e grãos comercialmente aceitos.

2 REFERENCIAL TEÓRICO

2.1 Morfologia da planta e a arquitetura do feijoeiro

Para se promover a seleção visando à obtenção de plantas de arquitetura mais ereta é necessário verificar quais caracteres estão envolvidos com a arquitetura da planta. Nesse contexto é fundamental ter informações a respeito da morfologia.

Embora seja esperado que as raízes afetem a arquitetura da planta, são restritas as informações disponíveis a esse respeito. A principal razão é a dificuldade de se avaliar o sistema radicular. Contudo, no caso do feijoeiro, este se assemelha ao do tipo fasciculado, em que a raiz principal se destaca pelo maior diâmetro e as raízes secundárias e terciárias se desenvolvem a partir da raiz principal. É necessário salientar que a raiz primária não é tipicamente pivotante e, assim, o feijoeiro concentra a maioria do sistema radicular nos 20 primeiros centímetros do solo. Como consequência a planta apresenta menor sustentação, tornando difícil que ela permaneça ereta. Entretanto, quando as condições são favoráveis, as raízes podem atingir maiores profundidades (Santos e Gavilanes, 2006).

A segunda estrutura que afeta a arquitetura da planta é o caule. O feijoeiro possui haste ou caule do tipo herbáceo, constituído de nós e entrenós com número variado, dependendo do hábito de crescimento. O primeiro nó é o ponto de inserção dos cotilédones; o segundo, das folhas primárias ou simples e o terceiro, da primeira folha trifoliolada ou composta. A região entre o ponto de inserção das raízes e o primeiro nó é o hipocótilo e a região entre o primeiro e o segundo nó é o epicótilo. Na axila das folhas encontram-se gemas que darão origem às ramificações laterais e inflorescências. Portanto, estas gemas podem ser vegetativas, florais ou mistas (Santos e Gavilanes, 2006).

Quanto ao tipo de planta, a classificação mais aceita é apresentada por Vieira et al. (2005). O feijoeiro foi classificado em quatro tipos, I, II, III e IV, levando em consideração o hábito de crescimento, que pode ser determinado ou indeterminado, o número e o comprimento dos internódios ao longo da haste principal, a intensidade e o ângulo de inserção das ramificações laterais e a habilidade de emitir “guia” capaz de se enrolar em um suporte.

As cultivares do tipo I possuem hábito de crescimento determinado e arbustivo. As plantas iniciam o florescimento nas gemas apicais do caule e das ramificações, que diferenciam-se em inflorescências. Dessa forma, o crescimento vegetativo é interrompido com o início da fase reprodutiva. O florescimento se dá do ápice para a base, de maneira uniforme e em um período relativamente curto, sendo mais precoces que as cultivares de hábito indeterminado. São caracterizadas por apresentarem menor número de nós e internódios mais curtos (Santos e Gavilanes, 2006).

Cultivares dos tipos II, III e IV são todas de hábito de crescimento indeterminado, mas diferem no comprimento da guia, diâmetro do caule e número e ângulo de inserção das ramificações (Kelly, 2001). Nas plantas de hábito indeterminado, os meristemas apicais continuam vegetando durante o florescimento que ocorre da base para o ápice.

Plantas do tipo II são comumente denominadas de “guia curta” ou “ramo curto”. Apresentam um padrão de ramificação limitado, de ângulo agudo com a haste principal. As vagens, geralmente, não são fixadas nos nós mais baixos, concentrando na porção média da planta, formando um perfil estreito, com plantas eretas e arbustivas.

Plantas do tipo III são semitrepadoras e possuem maior número de ramificações em relação às do tipo II. 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. Estas plantas são mais

desenvolvidas que as do tipo II, por possuírem maior número de nós e internódios mais longos (Vilhordo et al., 1996; Kelly, 2001; Santos e Gavilanes, 2006).

Quanto ao tipo IV, as plantas apresentam forte dominância apical e, alta capacidade de se enrolar quando tutoradas e de emitir ramificações com guias longas, sendo, portanto, mais volúveis. Possuem entre 20 e 30 nós, podendo ultrapassar os dois metros de comprimento. O período de florescimento é prolongado, apresentando vagens maduras e flores ao mesmo tempo.

O número e o ângulo de ramificações laterais são outras características que influenciam a arquitetura do feijoeiro. Plantas do tipo III, por exemplo, apresentam muitas ramificações e ângulo aberto, o que favorece o acamamento. Já plantas do tipo II possuem o porte mais ereto, pois apresentam ramificações laterais mais fechadas e em menor número. Estas ramificações podem se originar nas gemas axilares da haste principal, no ponto de inserção dos cotilédones ou em nós de ramos laterais (Vilhordo et al., 1996).

As folhas do feijoeiro são de dois tipos, simples e compostas. As simples são apenas duas, também chamadas de primárias, que aparecem no segundo nó do caule, apresentam filotaxia oposta, formato cordiforme e acuminadas. As demais folhas são compostas, trifolioladas, constituídas por estípulas, pecíolo, raque, peciólulo, pulvínulos e lâmina foliar composta, com filotaxia geralmente alterna e predominância da disposição dística. Os folíolos possuem forma ovada ou triangular. O folíolo central ou terminal é simétrico e acuminado, enquanto que os laterais são assimétricos e também acuminados, sendo o tamanho muito influenciado pelo ambiente (Santos e Gavilanes, 2006).

É importante ressaltar a grande influência do tamanho das folhas no porte da planta, especialmente em variedades mesoamericanas. Normalmente, plantas com folhas menores têm maior probabilidade de serem 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).

O tamanho e a altura de inserção das vagens possuem grande implicação na arquitetura do feijoeiro. Plantas com vagens grandes e que toquem o solo são indesejáveis, pois aumentam as perdas na colheita e depreciam a qualidade dos grãos. Devem ser selecionadas plantas eretas com vagens tão grandes quanto possível, e que não toquem o solo.

Em síntese, os programas de melhoramento que buscam um ideótipo para arquitetura do feijoeiro devem levar em consideração várias características relacionadas ao porte da planta, tais como: altura da planta, número e comprimento de entrenós na haste principal, número de ramificações que se iniciam na haste principal, altura de inserção da primeira vagem, hábito de crescimento (determinado ou indeterminado), tendência da planta de se enrolar em um suporte, diâmetro e comprimento do hipocótilo, ângulo de ramificações, tamanho das folhas, tamanho dos grãos e distribuição de vagens na planta (Teixeira et al., 1999; Kelly, 2001).

No período de 1960 a 1990, a obtenção da planta ideal (ideótipo), recebeu grande atenção dos pesquisadores em todo o mundo (Donald, 1968; Rasmusson, 1984; Rasmusson, 1987). No caso do feijoeiro, Adams (1973) estabeleceu um modelo de planta ideal que, posteriormente, foi “aperfeiçoado” (Kelly, 2001). A planta ideal deveria ter:

- i) eixo central: haste principal com um mínimo de ramos eretos, robusto, de diâmetro grande, numerosos nós e internódios superiores de comprimento médio;
- ii) racemos: axilares, a cada nó, muitas flores, pedúnculo curto, comprimento total não muito grande;

- iii) folhas: numerosas, pequenas, de orientação vertical, numerosas e pequenas células do mesófilo e alto índice estomatal;
- iv) vagens: longas e com muitas sementes, maturação uniforme;
- v) sementes: tão grandes quanto possível, dentro do padrão comercial;
- vi) hábito de crescimento: determinado, ereto e estreito;
- vii) taxa de crescimento: rápida acumulação da área foliar ótima;
- viii) duração do crescimento: rápido estabelecimento das estruturas nutricionais e longo período do florescimento à maturação.

2.2 Controle genético dos caracteres associados à arquitetura da planta

O conhecimento do controle genético da arquitetura do feijoeiro é fundamental em programas de melhoramento que visam obter cultivares de porte ereto. Entretanto, a arquitetura é um caráter complexo que depende da expressão de alguns caracteres morfológicos que, em conjunto, contribuem para que a planta seja ereta ou prostrada.

Quanto ao hábito de crescimento, o controle genético é realizado por um único gene (Fin), cujo alelo dominante é responsável pelo hábito indeterminado (Leakey, 1988; Koinange et al., 1996; Bassett, 1997). Porém, MacClean et al. (2002) e Tar'an et al. (2002) sugerem a existência de múltiplos genes controlando o hábito de crescimento no feijoeiro, com base em mapeamento do referido gene em diferentes grupos de ligação.

A presença de guia, devido ao alelo dominante, comum em cultivares de hábito indeterminado, também é uma característica monogênica, cujo gene foi designado Tor (Basset, 2004). Kretchmer et al. (1979) caracterizaram a presença de guia quando esta se enrola a 360° em um suporte, cuja capacidade atribuíram ao efeito de um gene dominante em relação ao hábito arbustivo, que

denominaram de Cl, provavelmente o mesmo gene Tor. Instabilidade na capacidade de emitir guia foi observada, dependendo da quantidade de luz que a planta recebe.

Em estudo do controle genético do diâmetro e o comprimento de entrenós, grau de ramificação e altura de inserção da primeira vagem foi constatada a predominância de efeitos aditivos. Entre os caracteres morfológicos associados ao porte do feijoeiro, o comprimento de entrenós foi o que explicou a maior parte da variação na arquitetura da planta (Teixeira et al., 1999). As estimativas de herdabilidades, no geral, foram de pequena magnitude e associadas a erros elevados, exceto para o caráter comprimento do 4º ao 7º entrenó, com valores de herdabilidade bem superiores aos dos demais caracteres.

A predominância do efeito aditivo no controle genético da altura da planta e do comprimento da haste principal também foi observada por Nienhuis e Singh (1986) e Santos e Vencovsky (1986). Singh (1991) relatou que o comprimento da haste principal é controlado por um gene, cujo alelo dominante é responsável por haste longa, além da ação de genes modificadores. Verificou 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*”. Aguiar et al. (2000) avaliaram plantas individuais e famílias resultantes do cruzamento de duas cultivares contrastantes para *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, ou seja, os dois caracteres são independentes.

O tamanho do grão também tem sido uma característica muito relacionada à arquitetura da planta, pois é difícil associar, em uma linhagem, porte ereto e grão com tamanho comercial. A maioria das cultivares de porte ereto possui grãos pequenos, o que tem dificultado a aceitação no mercado. No entanto, os genes que controlam estes caracteres não estão ligados, apesar de grande associação entre arquitetura da planta e o tamanho da semente, sendo possível obter linhagens com arquitetura desejável e grãos com tamanho comercial (Kornegay et al., 1992; Brothers & Kelly, 1993; Collicchio et al., 1997).

2.3 Controle genético da cor dos grãos

A cor dos grãos do feijoeiro tem sido um dos principais limitantes na recomendação de uma nova cultivar, pois o mercado consumidor é muito exigente e rejeita qualquer tipo de grão que seja fora dos padrões comerciais. A fidelidade do consumidor por tipos específicos de feijão tem obrigado os programas de melhoramento a dedicar grande atenção para esta característica, que se tornou um quesito básico em todas as avaliações que visam identificar linhagens para serem recomendadas.

Porém, selecionar o tipo de grão desejado não tem sido uma tarefa muito fácil, pois o feijoeiro apresenta variabilidade muito grande para a cor dos grãos. Tal variabilidade deve-se à complexa herança do caráter, em que estão envolvidos muitos genes com presença de interações epistáticas, de efeitos pleiotrópicos, alelismo múltiplo e de ligação gênica, fatores que têm dificultado o entendimento do controle genético da cor do tegumento.

Na literatura, são encontrados inúmeros trabalhos a respeito do controle genético da cor dos grãos, o que, muitas vezes, contribui para gerar confusão, pois os autores não descrevem a cor do mesmo modo, além de utilizarem nomenclaturas diferentes para um mesmo gene. Algumas revisões foram

publicadas ao longo do tempo (Vieira, 1967; Leakey, 1988; Bassett, 1996; Bassett, 2004). Visando facilitar o entendimento sobre o controle genético da cor grãos, os genes envolvidos foram agrupados em quatro classes: i) genes fundamentais ou básicos - na condição de dominância são responsáveis pela formação de substâncias indispensáveis à produção de cor, porém, necessitam que os genes complementares estejam presentes na forma dominante; ii) genes complementares ou de coloração - seus alelos dominantes interagem com os alelos dominantes dos genes básicos produzindo as diferentes cores. Interagem também entre si, produzindo diferentes tonalidades na cor, quanto maior o número de alelos dominantes mais intensa é a cor do tegumento; iii) genes modificadores - a interação destes genes produz ampla variação de cores no tegumento da semente; iv) genes de coloração parcial - nesta classe, há, pelo menos, quatro genes independentes envolvidos na expressão dos diferentes padrões de coloração parcial do tegumento.

Entre os genes responsáveis pela coloração do tegumento da semente de feijão, Bassett (2004) relacionou os seguintes:

- i) Am - interage com Sal, produzindo cor nas flores. A cor do estandarte é expressa por Sal Am V^{wf} (ou v), e Sal am v produz tegumento vermelho (marrom mineral).
- ii) Ane - produz padrão mosqueado ao tegumento;
- iii) Arc - interagindo com o alelo Bip, fornece o padrão virgacus ao tegumento;
- iv) Asp - gene responsável pela produção de brilho no tegumento, quando recessivo o tegumento é opaco;
- v) B - responsável pela cor marron-esverdeada;
- vi) Bip - combinado com o gene Arc, é responsável por manchas coloridas nas proximidades do hilo, cujos desenhos dependem da maneira como são combinados;

- vii) C - esse gene interage com P para produzir tegumento amarelo-enzofre-claro, quando em homozigose e coloração marmórea, quando em heterozigose. É considerado um loco complexo por possuir uma série alélica, cuja expressão depende de interações com outros genes.
- viii) D - responsável pela formação de um anel pardo ao redor do hilo, na presença do genótipo jj;
- ix) diff - interagindo com o alelo exp resulta na coloração completa do tegumento, com exceção de uma das extremidades da semente;
- x) Exp - interagindo com o alelo diff, produz coloração estável ao tegumento, exceto na extremidade da semente;
- xi) Fib - interage com o alelo t produzindo arcos brancos na região halo;
- xii) G - responsável pela cor amarelo-amarronzada;
- xiii) gy - responsável pelo tegumento amarelo-esverdeado, podendo interagir com outros genes;
- xiv) iw - na presença de p produz tegumento branco, quando imaturo;
- xv) J - responsável pela formação de um anel em volta do hilo e tegumento de coloração brilhante, sempre que o genótipo for J-, e tegumento fosco quando jj;
- xvi) P - gene fundamental para presença de cor. Pleiotrópico para a cor do hipocótilo e da flor. Possui três alelos e a ordem de dominância é $P > p^{gr} > p$;
- xvii) Rk - gene responsável pela produção de tegumento vermelho arroxeadado e rajadas avermelhadas nas asas das flores. Também pode ser responsável pela coloração rosa do tegumento;
- xviii) Sal - produz flor vermelho-salmão e listras avermelhadas no tegumento;

- xix) T - possui três alelos sendo que o dominante T determina a total coloração do tegumento e o alelo recessivo t apresenta efeito pleiotrópico para flores brancas e hipocótilo verde, determina a coloração parcial do tegumento. O terceiro alelo t^{cf} permite a expressão da coloração parcial do tegumento;
- xx) V - responsável pela cor preta. Tem efeito pleiotrópico na cor das flores e hipocótilo. Possui três alelos $V > v^{lac} > v$. O alelo v^{lac} confere a cor rosa da flor e interage com P C J G B, produzindo o tegumento marrom mineral sem halo;
- xxi) Z - tem importante papel na expressão da coloração parcial do tegumento.

No caso do feijão carioca, entre outros, o genótipo deve conter: P_{-} necessário para cor; vv para tegumento colorido, não preto e flor branca; algum gene de cor propriamente dito, entre eles o gene C ; o jj para não ocorrência de hilo colorido e asp para ausência de brilho. Depreende-se que, para se obter uma linhagem com grãos dentro do padrão carioca, na descendência estarão segregando muitos genes.

2.4 Seleção recorrente em plantas autógamias

Seleção recorrente pode ser definida como um processo de ciclos sucessivos de seleção de indivíduos e ou progênies superiores de uma população, seguida pela recombinação dos(as) selecionados(as) para formar uma nova população. O processo pode ser visualizado como um sistema cíclico e dinâmico que visa aumentar gradativamente a frequência de alelos favoráveis para uma característica quantitativa, sem reduzir a variabilidade genética, por meio de repetidos ciclos de seleção, avaliação e recombinação (Geraldi, 2005).

A maioria das características de importância para o melhoramento de plantas possui distribuição contínua; além disso, os alelos de interesse estão

presentes em genitores diferentes. Um complicador adicional está no fato de que os melhoristas, geralmente, trabalham com mais de uma característica no processo de seleção, portanto, é praticamente impossível obter uma linhagem que reúna todos os alelos favoráveis para as características de interesse em apenas uma etapa ou ciclo de seleção. Nessa condição, a seleção recorrente é a principal alternativa no melhoramento.

Na literatura são descritos alguns argumentos clássicos para se realizar a seleção recorrente (Fouilloux & Bannerot, 1988; Ramalho et al., 2001 e Geraldi, 2005), apontando como vantagens: a obtenção de maior variabilidade genética oriunda dos inter cruzamentos; a oportunidade para a ocorrência de recombinações, devido aos inter cruzamentos sucessivos; o aumento das frequências dos alelos favoráveis, devido a um processo repetitivo de seleção e a facilidade para incorporação de germoplasma exótico na população.

O processo de seleção recorrente é constituído de três etapas básicas: obtenção de progênies, avaliação e recombinação das progênies selecionadas para formar o próximo ciclo. Um programa de seleção recorrente inicia com a escolha dos parentais, etapa que merece máxima atenção do melhorista, pois dela depende todo o sucesso futuro.

A população base deve ter média alta para o(s) caráter(es) de interesse e variabilidade genética suficiente para obtenção de ganho com a seleção. Nesse sentido devem ser escolhidas as linhagens e ou cultivares mais adaptadas e de diferentes origens. Linhagens exóticas ou pouco adaptadas podem aumentar a variabilidade, porém, reduzem a média populacional. Caso seja necessário a inclusão de linhagens mal adaptadas, um programa de retrocruzamento deve ser conduzido à parte e só depois que seus descendentes apresentarem níveis satisfatórios de adaptação é que devem ser incluídos no inter cruzamento.

O número de genitores a serem envolvidos na formação da população base é um dilema para os melhoristas. Inicialmente, imagina-se que quanto

maior, melhor, porém, se esse número for grande, a contribuição alélica de cada parental será pequena, com grandes chances de se perder logo no início do processo. Quando pequeno, associar os alelos de interesse para a maioria dos locos é pouco provável. Para plantas autógamas, o número de genitores recomendado tem sido de 10 a 20 genitores (Vieira et al., 2005). Nesse caso, obter boa variabilidade e manter na população os alelos de todos os genitores, é relativamente fácil, principalmente se a recombinação for bem feita.

A etapa de recombinação em plantas autógamas pode ser feita manualmente ou utilizando macho esterilidade, quando for possível. Em espécies como o feijoeiro a utilização da macho esterilidade é possível, porém, algumas dificuldades são encontradas, como o pólen que não se dispersa naturalmente e a difícil identificação e manutenção das plantas macho estéreis. Devido a estas dificuldades e considerando que a recombinação é feita de forma direcionada, o que constitui uma vantagem para o feijoeiro e outras espécies autógamas, a recombinação manual é a melhor opção. Nesse sentido, existem algumas alternativas, como a realização de cruzamentos múltiplos. Outra alternativa que tem sido utilizada com sucesso é a metodologia proposta por Bearzoti, descrita por Ramalho et al. (2001). Nesse esquema, os genitores são cruzados segundo um esquema de dialelo circulante, em que cada um deles participa de dois cruzamentos. Eles são direcionados de forma que, nos sucessivos intercruzamentos, a contribuição de cada genitor seja a mesma. Considerando 20 genitores, por exemplo, em cada intercruzamento, 20 populações híbridas serão obtidas.

Há várias opções de se proceder a seleção. Em princípio, ela pode ser massal ou utilizando algum tipo de progênie. A seleção massal, individual, é normalmente visual. Já com o uso de progênies, pode ser em experimentos com repetições ou, até mesmo, sem repetições. Diferentes tipos de progênies podem ser utilizadas, tais como: $S_{0:1}$, $S_{0:2}$ ou, até mesmo, mais endogâmicas.

Nas Tabelas 1 e 2 é apresentada uma relação de trabalhos com a seleção recorrente em várias espécies autógamas. Veja que numerosos caracteres foram considerados na seleção, tais como: produtividade de grãos, resistência a patógenos, fixação de nitrogênio e arquitetura da planta, entre outros.

Chama a atenção a unidade seletiva empregada. Para a produtividade de grãos, por exemplo, característica de baixa herdabilidade, na maioria das situações utilizaram-se progênies $S_{0.1}$ ou $S_{0.2}$, embora outros tipos de progênies fossem também utilizadas. A seleção massal para produtividade de grãos também foi adotada, porém geralmente com ganhos menores.

Já para características de alta herdabilidade, como teor de óleo e proteína, resistência a doenças e florescimento precoce, a seleção massal foi predominantemente usada. Contudo, em todos os casos, a recombinação foi realizada posteriormente, ou seja, a seleção não foi efetuada antes do florescimento, exceto para florescimento precoce (Silva, 2006).

TABELA 1. Resultados de programas de seleção recorrente com feijoeiro comum, para vários caracteres.

Caráter selecionado	Unidade seletiva	Nº de ciclos	Progresso genético por ciclo	Fonte
Produtividade de grãos	“progênie” F ₂ e F ₅	3	30%	Beaver & Kelly (1994)
Produtividade de grãos	Progênie S _{0:1}	1	7,9 a 13,2%	Singh et al. (1999)
Produtividade de grãos	Progênie S _{0:1}	2	3 a 4%	Singh et al. (1999)
Produtividade de grãos	Progênie S _{0:2}	2	55%	Ranalli (1996)
Produtividade de grãos	Progênie S _{0:2}	3	25%	Ranalli (1996)
Produtividade de grãos	Progênie S _{0:1}	3	11%	Barron et al. (1999)
Produtividade de grãos	Progênie S _{0:1} e S _{0:2}	4	5,7%	Ramalho et al., (2005a)
Produtividade de grãos	Indivíduos S ₀	6	2,1%	Amaro (2006)
Porte, Produção e tipo de grão	Progênie S _{0:1} e S _{0:2}	2	3,1%	Cunha (2005)
Tipo de grão	Progênie S _{0:1} e S _{0:2}	4	10,5%	Ramalho et al., (2005a)
Teor proteína	Indivíduos S ₀	2	21,9 a 24,6%	Sullivan & Bliss (1983)
Número de nódulos	Indivíduos F ₁	3	211%	Pereira et al. (1993)
Fixação de N	Progênie S _{0:1}	3	13%	Barron et al. (1999)
Patógenos do solo	Progênie	6	9%	Garcia et al. (2003)
Resistência ao mofo branco	“progênie” F ₃	3	31 a 50%	Lyons et al. (1987)
Reação à mancha angular	Indivíduos S ₀	6	6,3%	Amaro (2006)
Florescimento precoce	Indivíduos S ₀	6	0,73%	Silva (2006)

TABELA 2. Resultados de programas de seleção recorrente em espécies autógamas, para vários caracteres.

Cultura	Caráter selecionado	Unidade seletiva	Nº de ciclos	Progresso genético/ciclo	Fonte
Trigo	Resistência a <i>Gibberella</i>	Indivíduos S ₀	3	9,8%	Jiang, et al. (1994)
Trigo	Resistência a <i>Fusarium</i>	Indivíduos F ₁	4	25%	Yang et al. (2000)
Trigo	Produtividade de grãos	Indivíduos S ₀	8	4,5%	Wiersma et al.(2001)
Trigo	Produtividade de grãos	Indivíduos S ₀	7	0,94%	Solis-Moya et al. (2002)
Soja	Teor de proteína	Progênes S _{0:1}	2	43,1%	Miller & Fehr (1979)
Soja	Teor de proteína	Indivíduos S ₀	8	5,8 g Kg ⁻¹	Wilcox (1998)
Soja	Produtividade de grãos	Progênes S _{0:1}	3	5,3%	Kenworthy & Brim, (1979)
Soja	Produtividade de grãos	Progênes S _{0:4} e S _{0:5}	3	4,2%	Sumarno & Fehr (1982)
Soja	Produtividade de grãos	Progênes S _{0:1}	4	4,2%	Burton et al. (1990)
Soja	Produtividade de grãos	Indivíduos S ₀	3	5,4 g/planta	Werner & Wilcox (1990)
Aveia	Produtividade de grãos	Progênes F ₄	5	26,8% e 55,3%	De Koyer et al. (1993)
Aveia	Produtividade de grãos	Progênes S _{0:1}	3	2,6% por ano	Holland et al. (2000)
Aveia	Teor de proteína	Progênes S _{0:1}	5	2,2%	Moser & Frey (1994)
Aveia	Teor de óleo	Indivíduos S ₀	9	6,7%	Frey e Holland (1999)
Aveia	Tolerância a BYDV	Indivíduos S ₀	2	14,4%	Baltenberger et al. (1988)
Arroz	Ciclo precoce e médio	Progênes S _{0:2}	1	4,9% e 6,0%	Rangel et al. (1998)
Cevada	Produtividade de grãos	Progênes S _{0:1} e S _{0:2}	3	0,78 e 1,09 t/ha	Marocco et al. (1992)
Ervilha	Resistência a <i>Aphanomyces</i>	Indivíduos S ₀	3	22 % e 115%	Lewis & Gritton (1992)
Ervilha	Produtividade de grãos	Indivíduos S ₀	3	32 % e 68%	Lewis & Gritton (1992)

2.5 Seleção recorrente para arquitetura da planta

A seleção recorrente também tem sido empregada com sucesso no melhoramento do porte do feijoeiro. Kelly & Adams (1987), visando obter plantas do tipo II, de porte ereto e sementes de tamanho, formato e cor do tipo comercial, realizaram quatro ciclos de seleção recorrente. A população base foi obtida a partir de genitores de conjuntos gênicos diferentes. Os autores utilizaram a seleção recorrente fenotípica, que permitiu conduzir um ciclo de seleção por ano. O ganho com a seleção foi gradativo, no entanto, apenas no terceiro ciclo plantas do tipo II e grão comercial foram encontrados. Dois ciclos de seleção recorrente foram necessários para quebrar os blocos de ligação, permitindo o aparecimento de indivíduos recombinantes. É improvável que outro método de melhoramento tivesse quebrado esses blocos de ligação. Uma linhagem com plantas do tipo II e grãos comerciais, foi identificada e utilizada como ponte para transferir a característica para outras linhagens (Kelly, 2001).

Visando à obtenção de linhagens de feijoeiro com alta produtividade, tipo de grão carioca e porte ereto, Cunha et al. (2005) conduziram um ciclo de seleção recorrente. A população base foi obtida a partir de dez linhagens de porte ereto, sendo nove do tipo carioca e uma do tipo preto. Elas foram cruzadas no esquema dialélico completo, sem os recíprocos. As populações obtidas foram avaliadas quanto à produtividade de grãos e identificadas as mais promissoras para a condução do programa de seleção recorrente. Considerando os três caracteres em conjunto, o progresso genético estimado após um ciclo de seleção foi de 3,1%, mostrando a eficiência da seleção realizada. O presente trabalho é uma continuação deste programa de seleção recorrente, que foi conduzido por três ciclos de seleção.

3 MATERIAL E MÉTODOS

3.1 Local

Os experimentos do programa de melhoramento de feijão tipo carioca para porte ereto e alta produtividade da Universidade Federal de Lavras (UFLA) foram conduzidos no campo experimental do Departamento de Biologia da UFLA, no município de Lavras, estado de Minas Gerais, situado a 918 metros de altitude, 21°14' S de latitude e 45°00' W de longitude.

3.2 Obtenção da população base

Para dar início ao programa de seleção recorrente, dez linhagens de feijão de porte ereto (Tabela 3) foram intercruzadas no esquema dialélico completo, sem os recíprocos. Os cruzamentos foram realizados em casa de vegetação segundo o procedimento sem a emasculação, conforme descrito por Peternelli e Borém (1999).

Das 45 combinações possíveis, foram obtidas 42. As sementes da geração F_1 foram semeadas no campo experimental do Departamento de Biologia da UFLA para a obtenção das populações F_2 (S_0). As 42 populações F_2 foram avaliadas na safra da seca de 2002, conforme descrito por Cunha et al. (2005). Dentre estas, foram selecionadas onze mais promissoras para a condução do programa de seleção recorrente. Destas, foram selecionadas 190 plantas que originaram as progênies $S_{0.1}$ do ciclo zero (C_0). Elas foram avaliadas em experimentos com repetições, cujos detalhes constam na Tabela 4. Dentre essas, 134 foram selecionadas e novamente avaliadas na safra seguinte, geração $S_{0.2}$. As dez progênies de melhor desempenho, para os três caracteres simultaneamente, foram identificadas para serem intercruzadas e para se obter a população do ciclo um (C_1). Foram obtidas 41 combinações e as sementes F_1 semeadas no campo,

visando à obtenção da geração F_2 . Trezentos e noventa plantas foram retiradas das populações F_2 para constituir as progênies $S_{0.1}$ e serem avaliadas em experimentos com repetições (Tabela 4). Na geração $S_{0.2}$ foram avaliadas 186 progênies e as quinze melhores identificadas para serem utilizadas como pais do ciclo seguinte. Na recombinação para se obter a população do ciclo dois (C_{II}), além das já mencionadas, foram adicionadas cinco linhagens do C_0 , que não haviam sido incluídas na recombinação anterior. O esquema utilizado para recombinar os vinte genitores foi o proposto por Bearzoti, descrito por Ramalho (2001). Novamente, das vinte populações obtidas foram retiradas 390 plantas que constituíram as progênies $S_{0.1}$. Para avaliação na geração seguinte, foram selecionadas 186 progênies $S_{0.2}$.

TABELA 3. Descrição dos dez genitores utilizados no programa de seleção recorrente.

Linhagem	Origem	Tipo de grão	Peso de cem sementes	Porte
Carioca MG	UFLA	Carioca	20,88	Ereto
CNFC 9454	Embrapa	Carioca	25,00	Ereto
CNFC 9455	Embrapa	Carioca	26,08	Ereto
CNFC 9458	Embrapa	Carioca	25,36	Ereto
CNFC 9466	Embrapa	Carioca	20,78	Ereto
CNFC 9471	Embrapa	Carioca	25,78	Ereto
CNFC 9484	Embrapa	Carioca	23,04	Ereto
IAPAR 81	IAPAR	Carioca	24,83	Ereto
LP 9876	IAPAR	Carioca	22,08	Ereto
IPR Uirapuru	IAPAR	Preto	-	Ereto

TABELA 4. Detalhes experimentais da avaliação das progênies segregantes, nos três ciclos de seleção recorrente.

	Ciclo C ₀			Ciclo C _I			Ciclo C _{II}		
	S _{0:1}	S _{0:2}	S _{0:3}	S _{0:1}	S _{0:2}	S _{0:3}	S _{0:1}	S _{0:2}	S _{0:3}
Progênies	190	134	60	390	186	54	390	186	62
Testemunhas	10	10	4	10	10	10	10	10	2
Ano Agrícola	2002	2002/2003	2003	2004	2004	2005	2005/2006	2006	2006
Safra	Inverno	Águas	Seca	Seca	Inverno	Seca	Águas	Seca	Inverno
Delineamento	DBC	Látice	Látice	Látice	Látice	Látice	Látice	Látice	Látice
Repetições	2	3	3	2	2	3	2	3	3
Parcela	1 linha de 1m	2 linhas de 2m	2 linhas de 2m	1 linha de 2m	2 linhas de 2m	2 linhas de 2m	1 linha de 2m	2 linhas de 2m	2 linhas de 2m
Caracteres avaliados	Produção	Produção	Produção	Produção	Produção	Produção	Produção	Produção	Produção
	Porte	Porte	Porte	Porte	Porte	Porte	Porte	Porte	Porte
			Grão	Grão	Grão	Grão	Grão	Grão	Grão

3.3 Avaliação das progênies

Detalhes sobre o número de progênies e testemunhas avaliadas, ano agrícola, safra, delineamento utilizado, número de repetições e tamanho da parcela dos experimentos realizados nos três ciclos de seleção recorrente encontram-se na Tabela 4.

Todos os experimentos foram submetidos aos mesmos tratos culturais. Na semeadura, a adubação utilizada foi de 400 kg/ha do formulado 8-28-16 e, aos 20 dias após a emergência, 200 kg/ha de sulfato de amônia, em cobertura. A irrigação foi realizada por aspersão, sempre que houve escassez de chuvas, principalmente na semeadura de julho, denominada safra de inverno. Os demais tratos culturais foram os normalmente utilizados para a cultura do feijoeiro na região.

As progênies segregantes foram avaliadas quanto à produtividade de grãos, porte e tipo de grão. A avaliação do porte foi realizada por meio de uma escala de notas, modificada de Collicchio (1995). Essa escala varia de 1 a 5, em que: nota 5 refere-se à planta do tipo II, ereta, com uma haste e com inserção alta das primeiras vagens; nota 4, à planta do tipo II, ereta e com algumas ramificações; nota 3, à planta do tipo II ou III, ereta, com muitas ramificações e tendência a prostrar-se; nota 2, à planta do tipo III, semi-ereta e medianamente prostrada, e nota 1, à planta do tipo III, com entrenós longos e muito prostrada.

A avaliação quanto ao tipo de grãos também foi realizada por meio de uma escala de notas, modificada de Ramalho et al. (1998), em que: nota 5 refere-se ao grão típico carioca, de cor creme com estrias marrom-claras, fundo claro, halo creme, peso médio de 100 sementes de 22 a 24g e não achatado; nota 4 ao grão tipo carioca com deficiência em uma das características mencionadas no padrão; nota 3 ao grão tipo carioca com deficiência em duas características mencionadas no padrão; nota 2 ao grão tipo carioca com deficiência em três

características mencionadas no padrão e nota 1, refere-se ao grão de cor creme com estrias marrom-escuras, fundo escuro, com halo não creme, peso médio de 100 sementes menor que 22g e achatado. Apenas nas gerações S_{0:1} e S_{0:2} de ciclo C₀ não foram obtidas as notas de tipo de grão.

A cada geração, as progênies de melhor desempenho quanto aos três caracteres simultaneamente foram identificadas e avançadas pelo método do *bulk* dentro de famílias.

3.4 Análises genético-estatísticas

As observações relativas à produtividade de grãos, em kg/ha e notas de porte (notas de 1 a 5) foram submetidas à análise de variância (ANAVA) por geração, considerando todos os efeitos do modelo como aleatório, exceto a média, conforme o modelo estatístico:

$$Y_{ijl} = m + t_i + b_j + p_{l(j)} + e_{ijl}$$

em que:

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

m : média geral do experimento;

t_i : efeito do tratamento i , sendo $i = 1, 2, 3, \dots, n$, sendo n o número de tratamentos avaliadas em cada geração (Tabela 4);

b_j : efeito da repetição j , sendo $j = 1$ e 2 nas gerações S_{0:1} e S_{0:2} do C₁ e S_{0:1} do C₀ e C_{II} e $j = 1, 2$ e 3 nas demais gerações (Tabela 4);

$p_{l(j)}$: efeito do bloco l dentro da repetição j ;

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

As análises de variância para tipo de grão (notas de 1 a 5) e para produtividade de grãos, em kg/ha, na geração S_{0:1} do ciclo zero, foram realizadas utilizando-se o modelo de blocos casualizados, considerando todos os efeitos do modelo como aleatório, exceto a média.

Posteriormente, foi realizada a análise de variância conjunta utilizando as médias ajustadas dos tratamentos comuns às três gerações em cada ciclo de seleção, de acordo com Ramalho et al. (2005b). O modelo adotado considerando todos os efeitos como aleatório, exceto a média, foi o seguinte:

$$Y_{ijk} = m + t_i + b_{j(k)} + a_k + (ta)_{ik} + \bar{e}_{ijk}$$

em que:

Y_{ijk} : valor observado na parcela que recebeu o tratamento i , na repetição j , na safra (geração) k ;

m : média geral do experimento;

t_i : efeito do tratamento i , sendo $i = 1, 2, 3, \dots, n$, sendo n igual ao número de tratamentos comuns às três gerações;

$b_{j(k)}$: efeito da repetição j dentro da safra (geração) k , sendo $j = 1, 2$ e 3 ;

a_k : efeito da safra (geração) k , sendo $k = 1, 2$ e 3 ;

$(ta)_{ik}$: efeito da interação entre o tratamento i e a safra (geração) k ;

\bar{e}_{ijk} : erro médio associado à observação Y_{ijk} .

Para realizar as análises de variância, foi utilizado o programa estatístico MSTAT-C Michigan State University (1991).

O esquema das análises de variância, por geração e conjunta, para os três caracteres, com as esperanças matemáticas dos quadrados médios, é apresentado na Tabela 5.

TABELA 5. Esquema da análise de variância por geração e conjunta das gerações S_{0:1}, S_{0:2} e S_{0:3}, nos três ciclos de seleção recorrente, com as esperanças dos quadrados médios - E(QM).

Análises individuais		
FV	QM	E(QM)
Tratamentos		
Progênieis (P)	Q_1	$\sigma_{e_{kq}}^2 + r\sigma_{P_{kq}}^2$
Testemunhas (T)		
P vs. T		
Erro	Q_2	$\sigma_{e_{kq}}^2$
Análises conjuntas		
Gerações (G)		
Tratamentos		
Progênieis (P)	Q_3	$\sigma_{e_q}^2 + r\hat{\sigma}_{(PxG)_q}^2 + rk\hat{\sigma}_{P_q}^2$
Testemunhas (T)		
P vs. T		
Gerações x Tratamentos		
G x P	Q_4	$\sigma_{e_q}^2 + r\hat{\sigma}_{(PxG)_q}^2$
G x T		
G x P vs. T		
Erro Médio	Q_5	$\sigma_{e_q}^2$

$\sigma_{e_{kq}}^2$: variância ambiental da geração k no ciclo q; $\sigma_{P_{kq}}^2$: variância genética entre progênieis da geração k no ciclo q; $\sigma_{e_q}^2$: variância ambiental no ciclo q; $\hat{\sigma}_{(PxG)_q}^2$: variância da interação progênieis x gerações no ciclo q; $\hat{\sigma}_{P_q}^2$: variância genética entre progênieis no ciclo q; r : número de repetições; k : número de gerações.

A partir das esperanças matemáticas dos quadrados médios da análise conjunta, apresentados na Tabela 5, foram estimadas, em cada ciclo de seleção recorrente, a variância genética entre as médias das progênies no ciclo q ($\hat{\sigma}_{Pq}^2$), a variância fenotípica entre as médias das progênies no ciclo q ($\hat{\sigma}_{\bar{F}q}^2$), a variância da interação progênies x gerações no ciclo q ($\hat{\sigma}_{(PxG)q}^2$) e a herdabilidade (h_q^2 %) no sentido amplo para a seleção na média das progênies do ciclo q , com seus limites inferior (LI) e superior (LS), pelos seguintes estimadores:

a) variância genética entre as médias das progênies, obtida na ANAVA conjunta do ciclo q :

$$\hat{\sigma}_{Pq}^2 = \frac{(Q_3 - Q_4)}{\bar{r}3}$$

em que: \bar{r} é a média harmônica do número de repetições e 3 o número de gerações.

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

$$IC : P\left(\frac{Vp\hat{\sigma}_{Pq}}{X_{\alpha/2}^2} < \sigma_{Pq}^2 < \frac{Vp\hat{\sigma}_{Pq}^2}{X_{1-\alpha/2}^2}\right) = (1 - \alpha)100\%$$

em que:

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

$\hat{\sigma}_{Pq}^2$: estimativa da variância genética entre as progênies do ciclo q ;

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

$X^2_{\alpha/2}$ e $X^2_{1-\alpha/2}$: valores tabelados na distribuição de X^2 (Qui-quadrado) para Vp graus de liberdade;

b) variância fenotípica entre as médias das progênes obtida na ANAVA conjunta do ciclo q :

$$\hat{\sigma}_{\bar{F}q}^2 = \frac{Q_3}{\bar{r}3};$$

c) variância da interação progênes x gerações obtida na ANAVA conjunta do ciclo q :

$$\hat{\sigma}_{(PxG)q}^2 = \frac{(Q_4 - Q_5)}{\bar{r}};$$

d) herdabilidade h_q^2 (%) no sentido amplo para a seleção na média das progênes do ciclo q :

$$h_q^2 = \frac{Q_3 - Q_4}{Q_3} \times 100$$

Os limites inferiores (LI) e superiores (LS) das estimativas foram obtidos pelas expressões apresentadas por Knapp et al. (1985), com $\alpha = 0,05$:

$$LI = \left\{ 1 - \left[\left(\frac{Q_3}{Q_4} \right) \times F_{1-\frac{\alpha}{2}; gl_4, gl_3} \right]^{-1} \right\}$$

$$LS = \left\{ 1 - \left[\left(\frac{Q_3}{Q_4} \right) \times F_{\frac{\alpha}{2}; gl_4, gl_3} \right]^{-1} \right\}$$

em que:

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

Q_3 e Q_4 : quadrado médio obtido na avaliação de variação do ciclo q da fonte de variação progênies e quadrado médio obtido na avaliação de variação do ciclo q da fonte de variação progênies x gerações (safra).

gl_3 e gl_4 : graus de liberdade de Q_3 e Q_4 .

As estimativas da herdabilidade no sentido amplo para a seleção na média das progênies na geração k do ciclo q foram obtidas a partir das esperanças matemáticas dos quadrados médios (Tabela 5), utilizando-se o seguinte estimador:

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

em que:

Q_1 : quadrado médio obtido na avaliação de variação da geração k do ciclo q da fonte de variação progênies;

Q_2 : quadrado médio obtido na avaliação de variação da geração k do ciclo q da fonte de variação resíduo.

Os limites inferiores (LI) e superiores (LS) das estimativas da herdabilidade, ou seja, os intervalos de confiança, foram obtidos pelas expressões apresentadas por Knapp et al. (1985), com $\alpha = 0,05$:

$$LI = \left\{ 1 - \left[\left(\frac{Q_1}{Q_2} \right) \times F_{1-\frac{\alpha}{2}; g^l_2, g^l_1} \right]^{-1} \right\}$$

$$LS = \left\{ 1 - \left[\left(\frac{Q_1}{Q_2} \right) \times F_{\frac{\alpha}{2}; g^l_2, g^l_1} \right]^{-1} \right\}$$

em que:

F : Quantil superior da distribuição F de Snedecor 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 : quadrado médio de progênies e quadrado médio do erro

g^l_1 e g^l_2 : graus de liberdade de Q_1 e Q_2 .

3.5 Progresso genético

O progresso genético com a seleção recorrente foi obtido utilizando-se as médias das dez melhores progênies que foram utilizadas no processo de recombinação. Como os ciclos foram obtidos em anos diferentes e há o efeito ambiental e da interação na expressão dos caracteres envolvidos, utilizou-se como medida desse efeito, o desempenho de duas testemunhas, linhagens, que estiveram presentes em todas as avaliações.

Para se obter o progresso genético, inicialmente, foram estimadas as equações de regressão linear entre o número de ciclos, variável independente (x) e, como variável dependente (y), o desempenho médio das dez progênies utilizadas na recombinação, para cada caráter avaliado. As equações de regressão linear, do desempenho médio das testemunhas comuns a todos experimentos, também foram obtidas de modo semelhante.

Posteriormente, foi possível obter o progresso genético (%) para cada caráter, utilizando-se o seguinte estimador:

$$PG(\%) = \left(\frac{b_{1p} - b_{1t}}{b_{0p}} \right) \times 100$$

em que:

b_{1p} : coeficiente de regressão linear do desempenho médio das dez progênies utilizadas na recombinação, em função dos diferentes ciclos de seleção;

b_{1t} : coeficiente de regressão linear do desempenho médio das testemunhas comuns nos diferentes ciclos de seleção;

b_{0p} : intercepto da equação de regressão linear do desempenho médio das dez progênies utilizadas na recombinação, em função dos diferentes ciclos de seleção;

Como o objetivo principal foi obter linhagens produtivas, de porte ereto e grão tipo carioca, o que interessa, realmente, é estimar o progresso genético para os três caracteres simultaneamente. Como a produtividade de grãos é medida em kg/ha e o porte e o tipo de grão por meio de uma escala de notas que varia de 1 a 5, foi necessário padronizar os dados, visando torná-los diretamente comparáveis (Steel et al., 1997). A variável Z foi estimada pelo seguinte estimador:

$$Z = \frac{x - m}{s}$$

em que:

x : média do caráter considerado, da progênie i ;

m : média de todas as progênies e testemunhas;

s : desvio padrão.

Como a variável Z assume valores negativos e positivos, foi adicionado o valor três, de modo a se ter todos os valores positivos. Nesse caso, a média populacional, em vez de zero, passa a ser três.

Após a padronização das variáveis foi possível somá-las e, a partir do somatório, foram obtidas as equações de regressão linear para as dez progênies utilizadas na recombinação e para as testemunhas comuns, de modo semelhante ao descrito para cada caráter separadamente.

4 RESULTADOS

Nas Tabelas 1A, 2A e 3A são apresentados os resumos das análises de variância da produtividade de grãos, notas de porte da planta e tipo de grão, obtidas na avaliação das progênies $S_{0,1}$, $S_{0,2}$ e $S_{0,3}$ nos diferentes ciclos de seleção recorrente. Os maiores valores do coeficiente de variação (CV) foram para produtividade de grãos, entretanto, em quase todas as situações, o CV foi menor que 20%, indicando boa precisão nas avaliações. Foi detectada diferença significativa ($P \leq 0,01$) entre os tratamentos em praticamente todos os experimentos, mostrando existir variação entre as progênies para os três caracteres, nos três ciclos seletivos.

A existência de variação entre as progênies de modo a permitir sucesso com a seleção pode ser confirmada por meio das estimativas da herdabilidade (h^2). Deve-se observar que, na maioria das situações, a estimativa de h^2 foi diferente de zero, para todos os caracteres, pois, o limite inferior, com 95% de probabilidade, foi positivo (Tabelas 1A, 2A, 3A).

Nas análises conjuntas das progênies comuns às três gerações, em cada ciclo seletivo, também constatou-se boa precisão experimental (Tabelas 6, 7 e 8). Diferença significativa ($P \leq 0,05$) para a fonte de variação progênies foi detectada em todas as análises, para os três caracteres avaliados, exceto para nota de porte no ciclo zero. Constatou-se, para produtividade de grãos e nota de porte, que a interação progênies x gerações foi não significativa nos dois primeiros ciclos seletivos; já no terceiro ciclo de seleção, constatou-se interação significativa ($P \leq 0,05$). Para nota do tipo de grão, a interação progênies x gerações foi não significativa no ciclo um e altamente significativa no ciclo dois.

Foi detectada diferença significativa para a fonte de variação gerações, em todos os ciclos e caracteres. É preciso enfatizar que o efeito de gerações é

confundido com o de safras, épocas de semeadura, já que as gerações, evidentemente, foram avaliadas em épocas diferentes.

Constatou-se que a produtividade média das progênies variou entre os ciclos e o intervalo de confiança do ciclo zero ficou fora do limite de variação dos ciclos um e dois. Contudo, em princípio, essa variação não pode ser atribuída apenas ao efeito de seleção, pois, o efeito de ambiente está incluído. Chama a atenção, contudo, a amplitude de variação na média geral das gerações, que foi sempre superior a 40% da produtividade média, evidenciando a existência de variação entre as progênies (Tabela 9).

No caso da nota de porte, ocorreu o contrário da produtividade de grãos; a média foi superior no ciclo zero. Aqui, a amplitude de variação, independente do ciclo, foi superior a 30% da média, mostrando a existência de variação para esse caráter.

Para a nota de tipo de grão, as análises conjuntas só puderam ser realizadas nos ciclos um e dois. Nesse caso, a amplitude de variação foi de 40% da média no ciclo um e 29% no ciclo dois, confirmando a existência de variação também para esse caráter.

As estimativas dos parâmetros genéticos e fenotípicos apresentados na Tabela 10 confirmam todas as observações anteriores, isto é, as estimativas da variância genética entre progênies, para um mesmo caráter, foram semelhantes entre os ciclos. No caso da herdabilidade (h^2), para a produtividade de grãos elas foram muito semelhantes entre os ciclos e, com 95% de probabilidade, devem ser diferentes de zero. No caso da nota de porte, a estimativa de h^2 variou entre os ciclos. Ela foi inferior no ciclo zero, inclusive com chance de assumir valor nulo, limite inferior da estimativa negativo.

A estimativa do componente da variação genética da interação progênies x gerações ($\hat{\sigma}_{P \times G}^2$) diferiu entre os ciclos. Ela foi nula na produtividade de grãos

para o ciclo zero e muito expressiva nos ciclos um e dois, com estimativa de magnitude não inferior a 50% de σ_p^2 . Com a nota de porte ocorreu flutuação de $\hat{\sigma}_{PxG}^2$ entre os ciclos, sendo proporcionalmente maior no zero (Tabela 10).

As médias da produtividade de grãos, notas de porte e tipo de grão e os valores da variável padronizada (Z) das dez progênes selecionadas para o inter cruzamento nos três ciclos de seleção recorrente são apresentados nas Tabelas 11, 12 e 13. As progênes foram selecionadas considerando-se os três caracteres simultaneamente. Também como critério de seleção, visando manter a variabilidade, as progênes foram escolhidas de modo que todos os genitores estivessem representados em proporções iguais. Observa-se que, para produtividade de grãos, a média das progênes aumentou com a seleção. Para nota de porte ocorreu o contrário da produtividade de grãos, entretanto a média das progênes foi superior a 3,46, nos três ciclos, o que permite classificá-las como de porte ereto. Para nota de tipo de grão, as progênes nos ciclos um e dois apresentaram notas superiores às do ciclo zero.

As equações de regressão linear entre o número de ciclos de seleção, variável independente (x) e, como variável dependente (y), a média do caráter sob seleção das progênes utilizadas na recombinação estão apresentadas na Figura 1. Pode-se observar que, para produtividade de grãos, a média tendeu a aumentar com a seleção, pois a estimativa de b_1 foi positiva e diferente de zero. Entretanto, o efeito ambiental está incluído. Resultado semelhante foi observado para nota de grão. Já para notas de porte, a estimativa de b_1 foi negativa e diferente de zero, mostrando uma tendência na redução das notas.

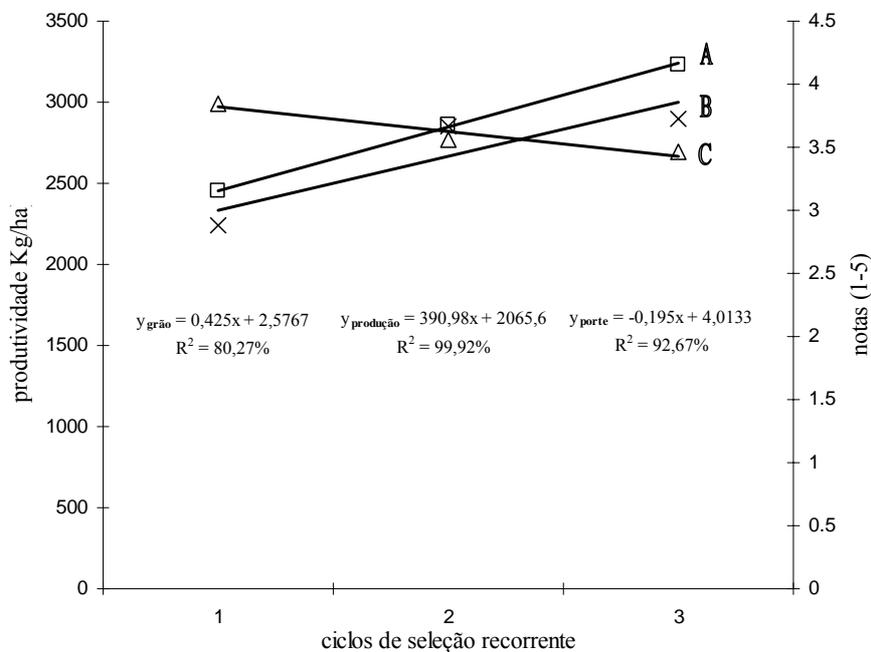


FIGURA 1. Regressão linear entre o número de ciclos (x) e a média do caráter sob seleção das progênes utilizadas na recombinação (y), após três ciclos de seleção recorrente [$b \neq 0$ ($P \leq 0,01$)]. A- produtividade de grãos (kg/ha); B-nota de grão; C-nota de porte.

Para se estimar o progresso genético com a seleção, foi necessário incluir as testemunhas. Como elas foram comuns a todas as avaliações, as flutuações do desempenho nos diferentes ciclos são apenas ambientais, genótipo comum. Já no caso das progênes, pelas razões já mencionadas, tem efeito do genótipo e do ambiente. A diferença nas estimativas do coeficiente de regressão linear (b_1), das dez progênes utilizadas na recombinação e das testemunhas, estima o valor do progresso genético. As estimativas obtidas estão apresentadas

na Tabela 14. Com relação a produtividade de grãos, a estimativa de b_1 para as dez progênes utilizadas na recombinação foi de 390,97 kg/ha/ciclo e das testemunhas, 326,35 kg/ha/ciclo. Assim, o progresso genético foi de 64,62kg/ha/ciclo, valor correspondente a 3,13% de ganho com a seleção recorrente. Utilizando o mesmo raciocínio para nota de grão, o progresso também foi positivo e relativamente alto, 11,24% por ciclo. No caso da nota de porte, o progresso genético foi negativo (-5,11%), isto é, as progênes selecionadas para recombinação nos ciclos um e dois tiveram notas inferiores às progênes do ciclo zero.

O que interessa realmente é estimar o progresso genético envolvendo os três caracteres simultaneamente. Para isso, foi necessário padronizar as variáveis, isto é, obter o valor de Z . Nessa condição, elas são diretamente comparáveis. É preciso salientar que, como a variável Z assume valores negativos e positivos, foi adicionado o valor três, de modo a se ter todos os valores de Z positivos. Nesse caso, a média populacional, em vez de zero, passa a ser três.

Para estimar o progresso genético para os três caracteres simultaneamente, foi obtido o somatório dos valores de Z , que representa um índice de seleção em que as três variáveis têm peso igual. Aqui, as testemunhas comuns também foram incluídas porque as médias e as variâncias utilizadas na obtenção de Z variou entre os ciclos, possível efeito ambiental. Nesse caso, o procedimento foi semelhante ao utilizado para cada caráter separadamente, em que a diferença entre a estimativa do coeficiente de regressão linear (b_1), para as dez progênes utilizadas na recombinação, e das testemunhas estima o valor do progresso genético. Portanto, após três ciclos de seleção recorrente, o progresso genético foi de 3,1% por ciclo, indicando que, considerando-se os três caracteres, a seleção recorrente foi eficiente (Tabela 15).

TABELA 6. Resumos das análises de variância conjunta da produtividade de grãos (kg/ha) e nota de porte obtidas na avaliação das progênes comuns nas gerações S_{0.1}, S_{0.2} e S_{0.3} do ciclo zero de seleção recorrente.

FV	Produtividade (kg/ha)			Nota de porte		
	GL	QM	P	GL	QM	P
Gerações (G)	2	42160339,5	0,000	2	9,04	0,000
Tratamentos	61	587402,3	0,002	61	0,44	0,067
Progenies (P)	59	583146,4	0,002	59	0,45	0,063
Testemunhas (T)	1	270867,9	0,357	1	0,55	0,194
P vs. T	1	1155034,3	0,058	1	0,09	0,589
Gerações x tratamentos	122	316888,3	0,568	122	0,32	0,071
G x P	118	296778,9	0,732	118	0,32	0,074
G x T	2	439736,2	0,260	2	0,58	0,112
G x P vs. T	2	1380498,5	0,014	2	0,08	0,747
Erro médio	557	326179,5		557	0,26	
CV (%)		14,8			9,15	
Média dos tratamentos		2379,5			3,86	
Média das progênes		2388,4			3,86	
Média das testemunhas		2110,3			3,94	

TABELA 7. Resumos das análises de variância conjunta da produtividade de grãos (kg/ha) e notas de porte e tipo de grão obtidas na avaliação das progênies comuns nas gerações S_{0,1}, S_{0,2} e S_{0,3} do ciclo um de seleção recorrente.

FV	Produtividade (kg/ha)			Nota de porte			Nota de tipo de grão		
	GL	QM	P	GL	QM	P	GL	QM	P
Gerações (G)	2	23929461,9	0,000	2	17,25	0,000	2	7,06	0,000
Tratamentos	55	732799,9	0,002	55	0,66	0,000	55	0,68	0,000
Progenies (P)	53	737306,7	0,002	53	0,48	0,005	53	0,56	0,000
Testemunhas (T)	1	182858,6	0,494	1	0,12	0,506	1	0,19	0,149
P vs. T	1	1043879,4	0,104	1	10,74	0,000	1	7,53	0,000
Gerações x tratamentos	110	388415,5	0,112	110	0,27	0,384	110	0,09	1,000
G x P	106	389925,6	0,110	106	0,27	0,385	106	0,08	1,000
G x T	2	265327,7	0,445	2	0,21	0,446	2	0,06	0,800
G x P vs. T	2	431471,1	0,269	2	0,33	0,282	2	0,65	0,090
Erro médio	635	328047,6		635	0,26		657	0,27	
CV (%)		14,1			10,2			5,86	
Média dos tratamentos		2951,7			3,38			3,57	
Média das progênies		2961,8			3,35			3,60	
Média das testemunhas		2678,7			4,25			2,81	

TABELA 8. Resumos das análises de variância conjunta da produtividade de grãos (kg/ha) e notas de porte e tipo de grão obtidas na avaliação das progênes comuns nas gerações S_{0,1}, S_{0,2} e S_{0,3} do ciclo dois de seleção recorrente.

FV	Produtividade (kg/ha)			Nota de porte			Nota de tipo de grão		
	GL	QM	P	GL	QM	P	GL	QM	P
Gerações (G)	2	25465283,6	0,000	2	5,310	0,000	2	14,91	0,000
Tratamentos	63	741734,8	0,006	63	0,470	0,000	63	0,50	0,012
Progenies (P)	61	751164,2	0,005	61	0,410	0,000	61	0,47	0,026
Testemunhas (T)	1	36266,9	0,774	1	0,060	0,575	1	0,79	0,113
P vs. T	1	872004,3	0,160	1	4,540	0,000	1	1,92	0,014
Gerações x tratamentos	126	438006,9	0,018	126	0,190	0,046	126	0,31	0,000
G x P	122	422781,1	0,036	122	0,190	0,049	122	0,31	0,000
G x T	2	788797,9	0,095	2	0,004	0,974	2	0,13	0,481
G x P vs. T	2	1015984,1	0,048	2	0,380	0,084	2	0,62	0,033
Erro médio	817	334513,4		817	0,153		1314	0,18	
CV (%)		16,8			7,89			8,80	
Média dos tratamentos		2996,9			3,41			3,67	
Média das progênes		3004,5			3,39			3,68	
Média das testemunhas		2762,9			3,95			3,35	

TABELA 9. Médias e amplitudes de variação da produtividade de grãos (kg/ha) e das notas de porte e tipo de grão das progênies avaliadas nos diferentes ciclos de seleção recorrente.

	Ciclo 0	Ciclo I	Ciclo II
Gerações	Produtividade (kg/ha)		
S _{0.1}	2528,7	2620,4	2604,6
S _{0.2}	2824,5	3439,9	3050,0
S _{0.3}	1812,2	2825,1	3359,0
Média	2388,4	2961,8	3004,5
LI	2314,4	2871,6	2925,3
LS	2459,5	3052,0	3083,8
Amplitude	1159,8	1437,1	1335,1
	Nota de porte		
S _{0.1}	4,04	3,29	3,46
S _{0.2}	3,59	3,74	3,54
S _{0.3}	3,95	3,01	3,19
Média	3,86	3,35	3,39
LI	3,80	3,28	3,33
LS	3,92	3,42	3,45
Amplitude	1,31	1,17	1,08
	Nota de tipo de grão		
S _{0.1}	-	3,86	3,91
S _{0.2}	-	3,34	3,73
S _{0.3}	3,04	3,60	3,37
Média	3,04	3,60	3,68
LI	2,93	3,52	3,62
LS	3,15	3,68	3,74
Amplitude	2,00	1,44	1,05

LI-limite inferior e LS-limite superior do intervalo de confiança, a 5% de probabilidade.

TABELA 10. Estimativas da variância genética entre médias de progênes ($\hat{\sigma}_p^2$), variância fenotípica na média das progênes ($\hat{\sigma}_F^2$), variância da interação progênes x gerações ($\hat{\sigma}_{PxG}^2$) e herdabilidade (h^2) na média das progênes, obtidas para produtividade de grãos (kg/ha) e notas de porte e tipo de grão nos diferentes ciclos de seleção recorrente.

Estimativas	Produtividade (kg/ha)			Nota de porte			Nota de tipo de grão		
	C ₀	C _I	C _{II}	C ₀	C _I	C _{II}	C ₀	C _I	C _{II}
$\hat{\sigma}_p^2$	37121,7	51463,9	42568,2	0,016	0,031	0,029	-	0,080	0,018
LI	29238,5	40130,3	33827,7	0,013	0,024	0,023	-	0,059	0,015
LS	48704,6	68409,6	55214,9	0,021	0,041	0,038	-	0,115	0,023
$\hat{\sigma}_F^2$	75593,0	109230,6	97373,1	0,058	0,071	0,053	-	0,093	0,053
$\hat{\sigma}_{PxG}^2$	-11433,6	27501,3	34326,4	0,022	0,004	0,014	-	-0,095	0,043
h^2 (%)	49,1	47,1	43,7	28,2	43,8	53,7	-	85,7	34,4
LI	21,9	16,9	14,2	-10,2	11,6	29,3	-	77,6	-0,04
LS	68,2	67,6	64,3	54,8	65,5	70,6	-	91,2	58,4

LI - limite inferior e LS - limite superior dos intervalos de confiança, a 5% de probabilidade.

TABELA 11. Médias da produtividade de grãos (kg/ha), das notas de porte e tipo de grãos e valor da variável padronizada Z das 10 progênes utilizadas na recombinação do ciclo zero, entre as 60 avaliadas nas gerações S_{0:1}, S_{0:2} e S_{0:3}.

Progênes	Produtividade média	Z ¹	Nota de porte	Z	Tipo de grão ²	Z	Σ Z
1	2744,0	4,15	3,93	2,98	2,33	1,33	8,46
2	2164,5	2,26	4,01	3,41	2,50	1,73	7,40
3	2808,5	4,21	4,37	4,16	3,33	3,70	12,07
4	2281,8	2,50	3,95	3,23	3,17	3,31	9,04
5	2370,8	3,04	3,59	2,37	3,33	3,70	9,11
6	2541,7	3,43	3,33	1,74	3,33	3,70	8,87
7	2202,8	2,78	3,94	3,38	2,33	1,33	7,49
8	2146,3	2,28	4,08	3,52	3,67	4,49	10,29
9	2622,6	3,64	3,65	2,43	3,00	2,91	8,98
10	2620,2	3,66	3,65	2,54	1,83	0,14	6,34
CNFC - 9455	1977,8	1,88	4,13	3,62	2,67	2,13	7,63
CNFC - 9466	2242,8	3,12	3,75	2,85	3,50	4,10	10,07
Média das progênes	2450,3	3,20	3,85	2,98	2,88	2,63	8,81
Média das testemunhas	2110,3	2,50	3,94	3,23	3,08	3,11	8,84

¹Valor de Z foi acrescido de três unidades

²Notas de tipo de grão médias apenas da geração S_{0:3}

TABELA 12. Médias da produtividade de grãos (kg/ha), das notas de porte e tipo de grãos e valor da variável padronizada Z das 10 progênes utilizadas na recombinação do ciclo um, entre as 54 avaliadas nas gerações S_{0.1}, S_{0.2} e S_{0.3}.

Progênes	Produtividade média	Z ¹	Nota de porte	Z	Tipo de grão	Z	Σ Z
1	2569,2	2,16	3,75	4,02	4,37	5,21	11,39
2	2832,2	2,71	3,50	3,30	3,31	2,30	8,31
3	2910,3	2,85	3,32	2,97	3,31	2,30	8,12
4	2484,5	1,99	3,34	3,00	3,5	2,80	7,79
5	3418,9	4,01	3,92	4,29	3,62	3,10	11,4
6	2747,7	2,57	3,7	3,79	4,00	4,10	10,46
7	3099,9	3,30	3,42	3,13	4,19	4,81	11,24
8	3266,4	3,67	3,59	3,46	3,44	2,70	9,83
9	2218,1	1,46	3,54	3,60	3,44	2,60	7,66
10	3051,9	3,19	3,56	3,60	3,56	3,10	9,89
CNFC - 9455	2795,0	2,65	4,35	5,56	2,69	0,70	8,91
CNFC - 9466	2562,3	2,21	4,16	4,96	2,94	1,29	8,46
Média das progênes	2859,9	2,79	3,56	3,52	3,67	3,30	9,61
Média das testemunhas	2678,7	2,43	4,25	5,26	2,81	0,99	8,68

¹Valor de Z foi acrescido de três unidades

TABELA 13. Médias da produtividade de grãos (kg/ha), das notas de porte e tipo de grãos e valor da variável padronizada Z das 10 progênes utilizadas na recombinação do ciclo dois, entre as 62 avaliadas nas gerações S_{0.1}, S_{0.2} e S_{0.3}.

Progênes	Produtividade média	Z ¹	Nota de porte	Z	Tipo de grão	Z	Σ Z
1	3572,4	4,17	3,37	2,70	3,72	3,49	10,36
2	2889,4	2,74	3,68	3,79	3,97	3,81	10,34
3	2766,7	2,57	3,99	4,75	3,92	3,75	11,07
4	3476,2	4,04	3,7	3,94	3,36	1,93	9,91
5	3279,4	3,58	3,27	2,60	3,39	2,22	8,40
6	3167,8	3,49	3,14	2,15	3,67	3,29	8,93
7	3428,8	3,94	3,13	2,15	3,58	2,68	8,77
8	3406,0	4,02	3,12	1,98	3,89	3,58	9,58
9	3342,2	3,62	3,63	3,78	3,97	3,87	11,27
10	2993,8	3,01	3,58	3,47	3,86	3,32	9,80
CNFC - 9455	2714,5	2,36	4,01	4,78	3,14	1,64	8,78
CNFC - 9466	2811,5	2,79	3,89	4,38	3,56	2,77	9,94
Média das progênes	3232,3	3,52	3,46	3,13	3,73	3,20	9,85
Média das testemunhas	2762,0	2,58	3,95	4,58	3,35	2,20	9,36

¹Valor de Z foi acrescido de três unidades

TABELA 14. Médias da produtividade de grãos, notas de porte e tipo de grão das dez progênes utilizadas na recombinação (\bar{P}_i) e das testemunhas (\bar{t}_i) nos três ciclos de seleção recorrente, com seus respectivos valores de b_0 , b_1 e R^2 .

Ciclo	Produtividade (kg/ha)		Nota de porte		Nota de tipo de grão	
	\bar{P}_i	\bar{t}_i	\bar{P}_i	\bar{t}_i	\bar{P}_i	\bar{t}_i
C ₀	2450,32	2110,29	3,85	3,94	2,88	3,08
C _I	2859,92	2678,65	3,56	4,25	3,67	2,81
C _{II}	3232,27	2762,98	3,46	3,95	3,73	3,35
b_0	2065,55	1864,62	4,01	4,04	2,58	2,81
b_1	390,97	326,35	-0,20	0,005	0,43	0,14
$R^2(\%)$	99,92	84,50	92,67	0,08	80,25	25,00
PG(%)	3,13		-5,11			11,24

TABELA 15. Valores do somatório da variável Z para produtividade de grãos (kg/ha) e notas de porte e tipo de grão, referentes às dez progênes utilizadas na recombinação e às testemunhas nos diferentes ciclos de seleção recorrente, com seus respectivos valores de b_0 , b_1 e R^2 .

Ciclo	Z (produtividade + porte + grão)	
	Progênes	Testemunhas
C ₀	8,81	8,84
C _I	9,61	8,68
C _{II}	9,84	9,36
b_0	8,39	8,44
b_1	0,52	0,26
$R^2(\%)$	90,7	53,5
PG(%)	3,10	

5 DISCUSSÃO

Em um programa de melhoramento utilizando a seleção recorrente, a obtenção da população base é primordial para se ter sucesso a curto, médio ou longo prazo. Nesse caso, como a ênfase foi na obtenção de plantas mais eretas, a população base foi obtida a partir do inter cruzamento de dez genitores, todos com porte ereto. Contudo, os genitores apresentam restrições quanto ao tipo de grão, não só na cor, como também no formato e tamanho. Com relação à produtividade, alguns dos genitores já foram ou são atualmente recomendados aos agricultores e, portanto, apresentam boa produtividade. Contudo, na maioria, eram linhagens experimentais.

O segundo ponto na seleção recorrente é utilizar estratégias que possibilitem a identificação mais precisa possível dos indivíduos e ou progênies a serem recombinados. No presente caso, a seleção das melhores progênies foi realizada a partir de experimentos conduzidos com as gerações $S_{0.1}$ e $S_{0.2}$. A precisão experimental foi evidenciada pelas estimativas dos coeficientes de variação (CV) que, na maioria dos casos, foi inferior a 20%. Para os três caracteres considerados, a precisão experimental avaliada pelo CV foi de média a boa (Matos, 2005).

Dentre os três caracteres avaliados, o mais problemático foi o porte da planta. Especialmente quando se associam alta umidade e temperatura e solo rico em matéria orgânica, a planta do feijoeiro tende a vegetar mais. Nessa condição, mesmo plantas do tipo II, geralmente mais eretas, se tornam prostradas. Outro problema relacionado com as avaliações realizadas em condições de alta temperatura e umidade é que o desenvolvimento vegetativo das plantas é maior e aquelas que não são eretas caem sobre as vizinhas, formando um emaranhado de plantas que dificulta, inclusive, a circulação do avaliador. Uma possível solução para esse problema seria aumentar o tamanho

da parcela. Porém, quando o número de progênies é grande, a área experimental se torna o fator limitante (Teixeira, 1997). Entretanto, é recomendado que as avaliações sejam realizadas sob essas condições, que normalmente ocorrem na denominada safra “das águas”, com a finalidade de identificar as progênies que realmente são eretas. Isso porque as plantas que permanecerem eretas nessa condição, certamente, apresentarão boa arquitetura em qualquer ambiente (Collicchio, 1995).

Em relação à avaliação do porte utilizando progênies $S_{0:1}$ ou $S_{0:2}$, outro ponto chama a atenção, uma vez que as testemunhas, por serem linhagens, apresentam um padrão muito uniforme, como um todo na parcela. Portanto há uma tendência em atribuir melhores notas em relação às progênies que, por estarem segregando, podem apresentar um padrão desuniforme.

Tanto o porte como o tipo de grão, foram avaliados por meio de uma escala de notas, variando de 1 a 5. Essa avaliação é dependente do avaliador e dos padrões de referência. Para atenuar esse problema, sempre foram utilizados dois avaliadores e a média é que foi submetida à análise. Algumas vezes, tem sido questionado também se esse tipo de caráter atende às pressuposições básicas da análise da variância. Há relatos, na literatura, de que esse tipo de dado, especialmente com média de mais de um avaliador, pode ser submetido à análise de variância sem maiores restrições (Marques Júnior, 1997).

O sucesso de qualquer processo seletivo, e especialmente da seleção recorrente, é dependente da existência de variabilidade na população base. Neste trabalho, a variação para os três caracteres ficou evidenciada em várias oportunidades. A primeira delas foi por meio da diferença significativa ($P \leq 0,01$) entre as progênies, na maioria das situações (Tabelas 1A, 2A e 3A).

A variabilidade entre as progênies também foi confirmada pelas estimativas da herdabilidade (h^2) que, em quase todos os experimentos, foi diferente de zero, a 95% de probabilidade, limite inferior da h^2 positivo. A

estimativa da h^2 para produtividade de grãos variou de 18,7% a 60,1%. Para notas de porte, variou entre 9% e 66,2% e, para notas de tipo de grão, entre 41,1% e 87,9% (Tabelas 1A, 2A e 3A). Convém mencionar que essas estimativas da h^2 são no sentido amplo, pois a variância genética entre progênies contém: $S_{0:1} = 1 \sigma_A^2 + 1/4 \sigma_D^2$, $S_{0:2} = 1 \sigma_A^2 + 1/16 \sigma_D^2$ e $S_{0:3} = 1 \sigma_A^2 + 1/64 \sigma_D^2$. Contudo, como a dominância para esses caracteres não é expressiva (Moreto, 2005), infere-se que grande parte da variância presente no numerador da h^2 deve ser aditiva. A comparação das estimativas de herdabilidade nem sempre é válida porque ela depende da população considerada, das condições ambientais, do número de progênies, da geração, do tamanho da parcela, da precisão experimental, entre outros (Cordeiro, 2001). Contudo, os valores obtidos são semelhantes aos relatados na literatura (Teixeira, 2004; Moreto, 2005).

Enfim, esses resultados mostram que, mesmo a população base tendo envolvido apenas linhagens com porte ereto, ainda assim foi detectada variação para esse caráter na população, indicando que, no controle da expressão da arquitetura da planta devem estar envolvidos vários genes. Isso porque muitos caracteres, tais como hábito de crescimento, número e comprimento de internódio, diâmetro do hipocótilo, inserção da primeira vagem, número de ramificações, altura da planta, ângulo de ramificações, distribuição das vagens e presença de *stay green*, afetam a arquitetura da planta (Leakey, 1988; Acqaah et al., 1991; Kornegay et al., 1992; Brothers e Kelly, 1993; Teixeira et al., 1999; Aguiar et al., 2000). No caso da produtividade de grãos, a existência de variação era esperada, uma vez que os genitores envolvidos são de várias origens e com diferente potencial em termos de produtividade de grãos. A variação no tipo dos grãos também era esperada, pois esse caráter depende da expressão de vários outros, todos controlados por vários genes (Basset, 2004). Além do mais os grãos dos genitores eram muito divergentes em tamanho, forma e cor.

Vale salientar que, de modo geral, não ocorreu diferença expressiva nas estimativas dos parâmetros de variabilidade comparando o primeiro e o último ciclo seletivo (Tabela 10). Isso indica que ela foi sendo liberada a cada ciclo de recombinação e, sobretudo, que ainda há variabilidade para se continuar efetuando a seleção recorrente.

A presença de interação genótipos x ambientes é um grande problema no dia-a-dia dos melhoristas. No caso do feijoeiro que é cultivado em, pelo menos, três safras por ano, é necessário que as cultivares recomendadas sejam adaptadas a todas essas condições de cultivo. Assim, é importante quantificar a interação progênies x safras. A interação progênies x gerações (safras) foi obtida por meio das análises de variância envolvendo as gerações $S_{0:1}$, $S_{0:2}$ e $S_{0:3}$ de cada ciclo. Para a produtividade de grãos e notas de porte, nos dois primeiros ciclos de seleção as progênies tiveram comportamento coincidente, nas três gerações avaliadas. No terceiro ciclo, o mesmo fato não ocorreu (Tabela 8).

A contribuição da variância da interação progênies x gerações ($\hat{\sigma}_{PxG}^2$) em relação à variância genética entre progênies variou entre os ciclos, sendo nula para produtividade no C_0 e para nota de tipo de grão no C_1 . Como já mencionado, contudo, nos demais ciclos foi muito expressiva. Para notas de porte, a $\hat{\sigma}_{PxG}^2$ foi sempre positiva e proporcionalmente mais expressiva no ciclo zero (Tabela 10).

Na maior parte dos trabalhos realizados na região para produtividade de grãos a interação progênies x safras tem sido expressiva (Santos, 2001; Carneiro, 2002; Silva, 2003; Moreto, 2005). O mesmo tem sido observado para notas de porte (Collicchio et al., 1997; Teixeira et al., 1999; Cunha et al., 2005).

Em um programa de seleção recorrente, é indispensável periodicamente avaliar a eficiência do processo. Para isso, é necessário estimar o progresso genético (PG) obtido. No caso de plantas autógamas, várias estratégias têm sido

utilizadas para se estimar o PG (Tabelas 1 e 2). Uma das mais utilizadas é a comparação do desempenho das progênies $S_{0.1}$, $S_{0.2}$ e $S_{0.3}$, como foi realizado no presente trabalho.

Como os ciclos foram obtidos em anos diferentes e há o efeito ambiental e da interação na expressão dos caracteres envolvidos, utilizou-se como medida desse efeito o desempenho de duas testemunhas, linhagens, que estiveram sempre presentes em todas as avaliações. Em trabalho realizado na região, para estimar o progresso genético, Amaro (2006) também utilizou o desempenho de testemunhas como medida do efeito ambiental.

No presente trabalho, inicialmente, procurou-se estimar o progresso genético por caráter. Veja que, para a produtividade de grãos, o PG foi de 3,13% por ciclo (Tabela 14). Estimativas do PG para produtividade de grãos com a cultura do feijoeiro, utilizando a seleção recorrente, são apresentadas na Tabela 1, na qual podem-se observar estimativas variando de 2,1% a 55%. Portanto, o progresso genético apresentou magnitude comparável à de outros trabalhos. Com relação à nota de grão, o PG foi mais expressivo que para produtividade, porque, pelas razões já apresentadas, havia grande variabilidade e o caráter é de mais fácil seleção, menos influenciado pelo ambiente (Tabela 10).

Já para notas de porte, o progresso foi negativo (-5,11%). Isso ocorreu porque a seleção foi efetuada para os três caracteres ao mesmo tempo, ou seja, entre as dez progênies selecionadas, não necessariamente estavam as de melhor arquitetura, pois a produtividade e o tipo de grãos também foram considerados. Vale salientar que a população base foi obtida do intercruzamento de genitores todos com bom porte. Apesar do ganho ter sido negativo, as progênies selecionadas receberam notas médias superiores a 3,5, o que permite classificá-las como de porte ereto. Esse fato também indica a necessidade de maior peso na seleção para este caráter em ciclos futuros, uma vez que a produtividade e o tipo

de grão apresentaram ganhos positivos, atingindo um bom nível de melhoramento.

Como o objetivo principal é obter linhagens produtivas, de porte ereto e grãos tipo carioca, como já enfatizado, o que interessa realmente é estimar o progresso genético para os três caracteres simultaneamente. Para isso, foi necessária a padronização das variáveis, o que tornou os valores diretamente comparáveis. Portanto, o progresso genético foi obtido a partir do somatório dos valores de Z da distribuição normal para cada caráter, ou seja, um índice em que cada variável tem peso igual. Dessa forma, foi possível verificar que o progresso genético foi de 3,1% por ciclo (Tabela 15), indicando que a seleção recorrente foi eficiente na obtenção de progênies produtivas, de porte ereto e com grão tipo carioca. Infelizmente, não foram encontrados, na literatura, relatos de pesquisas que possibilitassem a comparação com as estimativas do presente trabalho.

6 CONCLUSÕES

O progresso genético obtido comprovou a eficiência da seleção recorrente para obter linhagens produtivas, de porte ereto e grãos tipo carioca com padrão comercial. Após três ciclos de seleção recorrente, o progresso genético foi de 3,1% por ciclo, considerando os três caracteres simultaneamente.

A existência de variabilidade genética entre as progênes, especialmente no último ciclo, para os três caracteres, evidencia a possibilidade de se obter sucesso com a seleção nos ciclos seguintes.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

ACQUAAH, G.; ADAMS, M. W.; KELLY, J. D. Identification of effective indicators of erect plant architecture in dry bean. **Crop Science**, Madison, v. 31, n. 2, p. 261-264, Mar./Apr. 1991.

ADAMS, M. W. Plant architecture and physiological efficiency. In: CENTRO INTERNACIONAL DE AGRICULTURA TROPICAL. **Potentials of field beans and other food legumes in Latin America**. Cali, Colombia, 1973. p. 226-278.

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

AMARO, G. B. **Seleção recorrente fenotípica no feijoeiro visando a resistência a *Phaeoisariopsis griseola***. 2006. 90 p. Tese (Doutorado em genética e Melhoramento de Plantas) – Universidade Federal de Lavras, Lavras, MG.

BALTENBERGER, D. E.; OHM, H. W.; FOSTER, J. E. Recurrent selection for tolerance to Barley Yellow Dwarf Virus in oat. **Crop Science**, Madison, v. 28, n. 3, p. 477-480, May/June 1988.

BARRON, J.E.; PASINI, R. J.; DAVIS, D. W.; STUTHMAN, D. D.; GRAHAM, P. H. Response to selection for seed yield and nitrogen (N₂) fixation in common bean (*Phaseolus vulgaris* L.). **Field Crops Research**, Amsterdam, v. 62, n. 2/3, p. 119-128, June 1999.

BASSET, M. J. List of genes - *Phaseolus vulgaris* L. **Annual Report of the Bean Improvement Cooperative**, Fort Collins, v. 39, p. 1-19, 1996.

BASSET, M. J. List of genes - *Phaseolus vulgaris* L. **Annual Report of the Bean Improvement Cooperative**, Forte Collins, v. 47 p. 1-24, 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.

BEAVER, J. S.; KELLY, J. D. Comparison of selection methods for dry bean populations derived from crosses between gene pools. **Crop science**, Madison, v. 34, n. 1, p. 34-37, Jan./Feb. 1994.

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.

BURTON, J. W.; KOINANGE, E. M. K.; BRIM, C. A. Recurrent selfed progeny selection for yield in soybean using genetic male sterility. **Crop Science**, Madison, v. 30, n. 6, p. 1222-1226, Nov./Dec. 1990.

CARNEIRO, J. E. S. **Alternativas para obtenção e escolha de populações segregantes no feijoeiro**. 2002. 134 p. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) - Universidade Federal de Lavras, Lavras, MG.

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

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

CORDEIRO, A. C. C. **Número de intercruzamentos na eficiência da seleção recorrente na cultura do arroz**. 2001. 149 p. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) - Universidade Federal de Lavras, Lavras, MG.

CUNHA, W. G. **Seleção recorrente em feijão do tipo carioca para porte ereto**. 2005. 130 p. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas) - Universidade Federal de Lavras, Lavras, MG.

CUNHA, W. G.; RAMALHO, M. A. P.; ABREU, A. F. B. Selection aiming at upright growth habit common bean with carioca type grains. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, Londrina, v. 5, n. 4, p. 379-386, Dec. 2005.

DE KOEYER, D. L.; STUTHMAN, D. D.; FULCHER, R. G.; POMERANKE, G. J. Effects of recurrent selection for grain yield on oat kernel morphology. **Crop Science**, Madison, v. 33, n. 5, p. 924-928, Sep./Oct. 1993.

DONALD, C. M. The breeding of crop ideotypes. **Euphytica**, Wageningen, v. 17, n. 2, p. 385-403, Oct. 1968.

FOUILLOUX, G.; BANNEROT, H. Selection Methods in the common bean (*Phaseolus vulgaris* L.). In: GEPTS, P. (Ed). **Genetic Resources of Phaseolus beans: their maintenance, domestication, evolution, and utilization**. Dordrecht: Kluwer Academic Publishers, 1988. p 503-541.

FREY, K. J.; HOLLAND, J. B. Nine cycles of recurrent selection for increased groat-oil content in oat. **Crop Science**, Madison, v. 39, n. 6, p. 1636-1641, Nov./Dec. 1999.

GARCIA, R. E.; ROBINSON, R. A.; AGUILAR, J. A. P.; SANDOVAL, S. S.; GUZMAN, R. P. Recurrent selection for quantitative resistance to soil borne diseases in beans in the Mixteca region, México. **Euphytica**, Wageningen, v. 130, n. 2, p. 241-247, 2003.

GERALDI, I. O. Por que realizar seleção recorrente? In: SIMPÓSIO DE ATUALIZAÇÃO EM GENÉTICA E MELHORAMENTO DE PLANTAS, 9., 2005, Lavras. **Anais...** Lavras: UFLA, 2005. 97 p.

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

HELMS, T. C.; HALLAUER, A. R.; SMITH, O. S. Genetic drift and selection evaluated from recurrent selection programs in maize. **Crop Science**, Madison, v. 29, n. 3, p. 602-607, May/June 1989.

HOLLAND, J. B.; BJØRNSTAD, Å.; FREY, K. J.; GULLORD, M.; WESENBERG, D. M.; BURAAAS, T. Recurrent selection in oat for adaptation to diverse environments. **Euphytica**, Wageningen, v. 113, n. 1, p. 195-205, 2000.

JIANG, G.; WU, Z.; HUANG, D. Effects of recurrent selection for resistance to scab (*Gibberella zeae*) in wheat. **Euphytica**, Wageningen, v. 72, n. 1, p. 107-113, 1994.

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 pinto beans. **Euphytica**, Wageningen, v. 36, n. 1, p. 69-80, 1987.

KENWORTHY, W. J.; BRIM, C. A. Recurrent selection in soybeans. I. Seed yield. **Crop Science**, Madison, v. 19, n. 3, p. 315-318, May/June 1979.

- KNAPP, S. J.; STROUP, W. W.; ROSS, W. M. Exact confidence intervals for heritability on a progeny mean basis. **Crop Science**, Madison, v. 25, n. 1, p. 192-194, 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.
- KORNEGAY, J.; WHITE, J. W.; CRUZ, O. O. Growth habit and gene pool effects on inheritance of yield in common bean. **Euphytica**, Wageningen, v. 62, n. 3, p. 171-180, 1992.
- 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, Sep./Oct. 1979.
- 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 Publishers, 1988. p 245-327.
- LEWIS, M. E.; GRITTON, E. T. Use of one cycle of recurrent selection per year for increasing resistance to *Aphanomyces* root rot in peas. **Journal of the American Society for Horticultural Science**, Alexandria, v. 117, n. 4, p. 638-642, July 1992.
- LYONS, M. E.; DICKSON, M. H.; HUNTER, J. E. Recurrent selection for resistance to white mold in *Phaseolus species*. **Journal of the American Society for Horticultural Science**, Alexandria, v. 112, n. 1, p. 149-152, Jan. 1987.
- MACCLEAN, P. E.; LEE, R. K.; OTTO, C.; GEPTS, P.; BASSETT, M. J. Molecular and phenotypic mapping of genes controlling seed coat pattern and color in common bean (*Phaseolus vulgaris* L.). **The Journal of Heredity**, Oxford, v. 93, n. 2, p. 148-152, Mar./Apr. 2002.
- MAROCCO, A.; CATTIVELL, L.; DTLOOU, G.; LORENZONI, C.; SIANCA, A. M. Performance of S₂ winter barley progenies from original and improved populations developed via recurrent selection. **Plant Breeding**, Berlin, v. 108, n. 3, p. 250-255, Apr. 1992.

MATOS, J. W. de. **Análise crítica do programa de melhoramento genético do feijoeiro da UFLA no período de 1974 a 2004**. 2005. 116 p. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Universidade Federal de Lavras, Lavras, MG.

MARQUES JÚNIOR, O. G. **Eficiência de experimentos com a cultura do feijão**. 1997. 80 p. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) - Universidade Federal de Lavras, Lavras, MG.

MILLER, J. E.; FEHR, W. R. Direct and indirect recurrent selection for protein in soybeans. **Crop Science**, Madison, v. 19, n. 1, p. 101-106, Jan./Feb. 1979.

MORETO, A. L. **Estimação dos componentes da variância fenotípica em feijoeiro utilizando método genealógico**. 2005. 76 p. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas) - Universidade Federal de Lavras, Lavras, MG.

MORETO, A.; RAMALHO, M. A. P.; NUNES, J. A. R.; ABREU, A. F. B. Estimação dos componentes da variância fenotípica em feijoeiro utilizando o método genealógico. **Ciência e Agrotecnologia**, Lavras, 2007. (No prelo).

MOSER, H. S.; FREY, K. J. Direct and correlated responses to three S₁-recurrent selection strategies for increasing protein yield in oat. **Euphytica**, Wageningen, v. 78, n. 1, p. 123-132, 1994.

MSTAT-C. **A software program for the design, management and analysis of agronomic research experiments**. [S.1]: Michigan State University, 1991. p. ir.

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

PEREIRA, P. A. A.; MIRANDA, B. D.; ATTEWELL, J. R.; KMIECIK, K. A.; BLISS, F. A. Selection for increased nodule number in common bean (*Phaseolus vulgaris* L.). **Plant and Soil**, Dordrecht, v. 148, n. 2, p. 203-209, Jan. 1993.

PETERNELLI, L. A.; BORÉM, A. Hibridação em Feijão. In: BORÉM, A. (Ed.) **Hibridação Artificial de Plantas**. Viçosa: UFV, 1999. p. 269-294.

RAMALHO, M. A. P.; ABREU, A. F. B.; SANTOS, J. B. Genetic progress after four cycles of recurrent selection for yield and grain traits in common bean. **Euphytica**, Wageningen, v. 144, n. 1/2, p. 23-29, July 2005a.

RAMALHO, M. A. P.; ABREU, A. de F. B.; SANTOS, J. B. dos. Melhoramento de espécies autógamas. In: NASS, L. L.; VALOIS, A. C. C.; MELO, I. S. de; VALADARES-INGLIS, M. C. (Ed.). **Recursos genéticos e melhoramento de plantas**. Rondonópolis: Fundação MT, 2001. p. 201-230.

RAMALHO, M. A. P.; FERREIRA, D. F.; OLIVEIRA, A. C. **Experimentação em genética e melhoramento de plantas**. Lavras: UFLA, 2005b. 322 p.

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

RANALLI, P. Phenotypic recurrent selection in common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) based on performance of S₂ progenies. **Euphytica**, Wageningen, v. 87, n. 2, p. 127-132, 1996.

RANGEL, P. H. N.; ZIMMERMANN, F. J. P.; NEVES, P. C. F. Estimativas de parâmetros genéticos e resposta à seleção nas populações de arroz irrigado CNA – IRAT 4 PR e CNA – IRAT 4 ME. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 33, n. 5, p. 905-912, maio 1998.

RASMUSSEN, D. C. An evaluation of ideotype breeding. **Crop Science**, Madison, v. 27, n. 6, p. 1140-1146, Nov./Dec. 1987.

RASMUSSEN, D. C. Ideotype research and plant breeding. In: GUSTAFSON, J. P. (Ed.). **Gene manipulation in plant breeding: Proceedings of the 16th Stadler Genetics Symposium**. New York: Plenum Press, 1984. p. 95-119.

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

SANTOS, J. B.; VENCOSKY, 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, V. S. **Implicações da seleção precoce para tipo de grão no melhoramento genético do feijoeiro comum.** 2001. 57 p. Tese (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Universidade Federal de Lavras, Lavras, MG.

SATTERTHWAITE, R. E. An approximate distribution of estimates of variance components. **Biometrics**, Raleigh, v. 2, p. 110-114, 1946.

SILVA, F. B. **Seleção recorrente fenotípica para florescimento precoce de feijoeiro tipo carioca.** 2006. 61 p. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Universidade Federal de Lavras, Lavras, MG.

SILVA, N. O. **Seleção natural e a decisão do melhorista sobre a melhor momento de abrir o “bulk” na cultura do feijoeiro.** 2003. 56 p. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Universidade Federal de Lavras, Lavras, MG.

SINGH, S. P. Bean genetics. In: SCHOONHOVEN, A. V.; VOYSEST, O. (Ed.) **Common beans: research for crop improvement.** CIAT: Cali, 1991. p. 55-118.

SINGH, S. P.; TERÁN, H.; MUÑOZ, C. G.; TAKEGAMI, J. C. Two cycles of recurrent selection for seed yield in common bean. **Crop Science**, Madison, v. 39, n. 2, p. 391-397, Mar./Apr. 1999.

SOLIS-MOYA, E.; VILLASEÑOR-MIR, H. E.; MOLINA-GALÁN, J. D.; ESPITIA-RANGEL, E.; CERVANTES-SANTANA, T.; MARTÍNEZ-GARZA, A. Selección masal visual recorrente para rendimento de grano em una población androestéril de trigo harinero. **Agrociencia**, México, v. 36, n. 2, p. 191-200, Mar./Abr. 2002.

STEEL, R. G. D.; TORRIE, J. H.; DICKEY, D. A. **Principles and procedures of statistics a biometrical approach.** 3. ed. 1997. 666 p.

SULLIVAN, J. G.; BLISS, F. A. Recurrent mass selection for increase seed yield and seed protein percentage in the common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) using a selection index. **Journal of the American Society for Horticultural Science**, Alexandria, v. 108, n. 1, p. 42-46, 1983.

SUMARNO, ; FEHR; W. R. Response to recurrent selection for yield in soybeans. **Crop Science**, Madison, v. 22, n. 2, p. 295-299, Mar./Apr. 1982.

TAR'AN, B.; MICHAELS, T. E.; PAULS, K. P. Genetic mapping of agronomic traits in common bean. **Crop Science**, Madison, v. 42, n. 2, p. 544-556, Mar./Apr. 2002.

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

TEIXEIRA, F. F. **Controle genético do porte do feijoeiro**. 1997. 86 p. Dissertação (Mestrado em genética e Melhoramento de Plantas) – Universidade Federal de Lavras, Lavras, MG.

TEIXEIRA, F. F. **Uso de marcadores microssatélites no mapeamento e identificação de QTL para caracteres de importância agrônômica do feijão**. 2004. 170 p. Tese (Doutorado em genética e Melhoramento de Plantas) – Universidade Federal de Lavras, Lavras, MG.

VIEIRA, C. **O feijão comum: cultura, doenças e melhoramento**. Viçosa: UFV, 1967. 220 p.

VIEIRA, C.; BORÉM, A.; RAMALHO, M. A. P.; CARNEIRO, J. E. de S. Melhoramento do feijão. In: BORÉM, A., (Ed.). **Melhoramento de espécies cultivadas**. Viçosa: UFV, 2005. p. 301-392.

VILHORDO, B. W.; MIZUSINSKI, O. M. F.; BURIN, M. E.; GANDOLFI, V. H. Morfologia. In: ARAÚJO, R. S.; RAVA, C. A.; STONE, L. F.; ZIMMERMANN, M. J. de O. **Cultura do feijoeiro comum no Brasil**. Piracicaba: POTAFOS, 1996. p.79-99.

WERNER, B. K.; WINCOX, J. R. Recurrent selection for yield in *Glucine max* using genetic male-sterility. **Euphytica**, Wageningen, v. 50, n. 1, p. 19-26, 1990.

WEYHRICH, R. A.; LAMKEY, K. R.; HALLAUER, A. R. Responses to seven methods of recurrent selection in the BS11 maize population. **Crop Science**, Madison, v. 38, n. 2, p. 308-321, Mar/Apr. 1998.

WIERSMA, J. J.; BUSCH, R. H.; FULCHER, G. G.; HARELAND, G. A. Recurrent selection for kernel weight in spring wheat. **Crop Science**, Madison, v. 41, n. 4, p. 999-1005, July/Aug. 2001.

WILCOX, J. R. Increasing seed protein in soybean with eight cycles of recurrent selection. **Crop Science**, Madison, v. 38, n. 6, p.1536-1540, Nov./Dec. 1998.

YANG, Z. P.; YANG, X. Y.; HUANG, D. C. Improvement of resistance to *Fusarium* head blight by recurrent selection in an intermating breeding spring wheat population using the dominant male-sterile gene *ms₂*. **Euphytica**, Wageningen, v. 112, n. 1, p. 79-88, 2000.

ANEXOS

ANEXO A	Página
TABELA 1A Resumos das análises de variância da produtividade de grãos, porte e tipo de grãos, obtidas na avaliação das progêneses $S_{0.1}$, $S_{0.2}$ e $S_{0.3}$ do ciclo zero (C_0) de seleção recorrente.....	63
TABELA 2A Resumos das análises de variância da produtividade de grãos, porte e tipo de grãos, obtidas nas avaliações das progêneses $S_{0.1}$, $S_{0.2}$ e $S_{0.3}$ do ciclo um (C_I) de seleção recorrente.....	64
TABELA 3A Resumos das análises de variância da produtividade de grãos, porte e tipo de grãos, obtidas nas avaliações das progêneses $S_{0.1}$, $S_{0.2}$ e $S_{0.3}$ do ciclo dois (C_{II}) de seleção recorrente.....	65

TABELA 1A. Resumos das análises de variância da produtividade de grão, notas de porte e tipo de grãos e estimativa de herdabilidade, obtidas nas avaliações das progênes S_{0:1}, S_{0:2} e S_{0:3} do ciclo zero (C₀) de seleção recorrente.

FV	Produtividade (kg/ha)			Nota de porte			Nota de tipo de grão			
	GL	QM	P	GL	QM	P	GL	QM	P	
S _{0:1}	Tratamentos	199	632495,3	0,032	199	0,35	0,273	-	-	-
	Erro	199	485558,9		199	0,32		-	-	-
	Média		2458,1			3,86		-	-	-
	CV(%)		28,4			14,7		-	-	-
	h ² (%)		18,7			9,00		-	-	-
	LI		-7,9			-20,7		-	-	-
	LS		38,6			31,4		-	-	-
S _{0:2}	Tratamentos	143	417600,6	0,001	143	0,59	0,000	-	-	-
	Erro	253	264982,2		253	0,28		-	-	-
	Média		2618,3			3,49		-	-	-
	CV(%)		19,7			15,3		-	-	-
	h ² (%)		36,0			52,6		-	-	-
	LI		13,2			35,4		-	-	-
	LS		52,2			64,4		-	-	-
S _{0:3}	Tratamentos	63	353603,8	0,001	63	0,25	0,000	63	0,56	0,000
	Erro	105	171573,8		105	0,11		126	0,23	
	Média		1818,5			3,96		3,03		
	CV(%)		22,8			8,39		15,7		
	h ² (%)		53,5			58,3		57,7		
	LI		25,7			33,4		33,1		
	LS		70,1			73,2		72,3		

TABELA 2A. Resumos das análises de variância da produtividade de grão, notas de porte e tipo de grãos e estimativa de herdabilidade, obtidas nas avaliações das progênes $S_{0:1}$, $S_{0:2}$ e $S_{0:3}$ do ciclo um (C_1) de seleção recorrente.

FV	Produtividade (kg/ha)			Nota de porte			Nota de tipo de grão			
	GL	QM	P	GL	QM	P	GL	QM	P	
$S_{0:1}$	Tratamentos	399	687650,1	0,000	399	0,40	0,002	399	0,83	0,000
	Erro	361	284868,6		361	0,30		399	0,35	
	Média		2550,8			2,97			3,33	
	CV(%)		20,9			18,3			17,8	
	h^2 (%)		58,2			16,9			56,8	
	LI		48,8			-1,7			47,4	
	LS		65,9			32,2			64,6	
$S_{0:2}$	Tratamentos	195	623109,9	0,023	195	0,53	0,000	195	0,37	0,000
	Erro	169	462362,8		169	0,14		195	0,17	
	Média		3470,0			3,31			3,04	
	CV(%)		19,6			11,2			13,6	
	h^2 (%)		25,3			63,5			52,5	
	LI		-0,3			51,0			36,8	
	LS		44,5			72,9			64,3	
$S_{0:3}$	Tratamentos	63	548946,1	0,000	63	0,92	0,000	63	0,41	0,000
	Erro	105	260317,7		105	0,32		63	0,09	
	Média		2785,3			3,13			3,47	
	CV(%)		18,3			17,9			8,49	
	h^2 (%)		54,5			57,8			52,2	
	LI		28,4			33,7			19,9	
	LS		72,1			74,2			71,8	

TABELA 3A. Resumos das análises de variância da produtividade de grão, notas de porte e tipo de grãos e estimativa de herdabilidade, obtidas nas avaliações das progênes S_{0:1}, S_{0:2} e S_{0:3} do ciclo dois (C_{II}) de seleção recorrente.

FV	Produtividade (kg/ha)			Nota de porte			Nota de tipo de grão			
	GL	QM	P	GL	QM	P	GL	QM	P	
S _{0:1}	Tratamentos	399	940089,7	0,000	399	0,40	0,000	399	0,42	0,000
	Erro	361	375359,6		361	0,19		798	0,21	
	Média		2336,6			3,14			3,62	
	CV(%)		26,2			13,9			12,6	
	h ² (%)		60,1			48,1			46,5	
	LI		51,1			36,4			36,6	
	LS		67,4			57,6			55,0	
S _{0:2}	Tratamentos	195	527093,4	0,000	195	0,33	0,000	195	1,14	0,000
	Erro	351	308004,4		351	0,10		390	0,13	
	Média		2834,4			3,40			3,29	
	CV(%)		19,6			9,14			10,9	
	h ² (%)		38,9			66,2			87,9	
	LI		21,8			56,7			84,6	
	LS		52,8			73,9			90,6	
S _{0:3}	Tratamentos	63	489083,8	0,006	63	0,38	0,002	63	0,31	0,004
	Erro	105	282695,8		105	0,20		126	0,18	
	Média		3364,5			3,21			3,37	
	CV(%)		15,8			13,9			12,5	
	h ² (%)		43,7			44,4			41,1	
	LI		12,9			13,9			10,5	
	LS		64,6			65,0			62,6	