



LIDIANE KELY DE LIMA

**IMPLICAÇÕES DA INTERAÇÃO PROGÊNIES
X AMBIENTES NO ÍNDICE DE SELEÇÃO
ENVOLVENDO ALGUNS CARACTERES NA
CULTURA DO FEIJOEIRO**

LAVRAS - MG

2010

LIDIANE KELY DE LIMA

**IMPLICAÇÕES DA INTERAÇÃO PROGÊNIES X AMBIENTES NO
ÍNDICE DE SELEÇÃO ENVOLVENDO ALGUNS CARACTERES NA
CULTURA DO FEIJOEIRO**

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

Orientador
Dr. Magno Antonio Patto Ramalho

LAVRAS - MG

2010

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

Lima, Lidiane Kely de.

Implicações da interação progênies x ambientes no índice de seleção envolvendo alguns caracteres na cultura do feijoeiro / Lidiane Kely de Lima. – Lavras: UFLA, 2010.

74 p. : il.

Dissertação (mestrado) – Universidade Federal de Lavras, 2010.

Orientador: Magno Antonio Patto Ramalho.

Bibliografia.

1. *Phaseolus vulgaris* L. 2. Melhoramento genético de plantas. 3. Seleção simultânea. 4. Interação genótipos x ambientes. 5. Genética quantitativa. I. Universidade Federal de Lavras. II. Título.

CDD – 631.53

LIDIANE KELY DE LIMA

**IMPLICAÇÕES DA INTERAÇÃO PROGÊNIES X AMBIENTES NO
ÍNDICE DE SELEÇÃO ENVOLVENDO ALGUNS CARACTERES NA
CULTURA DO FEJJOEIRO**

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

APROVADA em 16 de julho de 2010.

Dra. Ângela de Fátima Barbosa Abreu EMBRAPA

Dr. Helton Pereira dos Santos EMBRAPA

Dr. Magno Antonio Patto Ramalho
Orientador

LAVRAS - MG

2010

A Deus pela oportunidade de concluir mais uma etapa da minha vida.

*A Francisca Limeira da Silva, minha avó (in memoriam), por todo amor
que me dedicou.*

*A Francisca Enilde de Lima, minha mãe e pessoa mais importante
da minha vida, pelo sublime vínculo de amor e por estar sempre
comigo não me deixando desanimar.*

*A Everton Adriano de Lima, meu irmão, pelo apoio e
carinho em todos os momentos.*

DEDICO

AGRADECIMENTOS

A Deus, sem Ele nada disso seria possível.

À Universidade Federal de Lavras, pela oportunidade concedida.

A CAPES, pelo auxílio financeiro e pela concessão da bolsa de estudos.

Aos meus pais, Enilda e Arlindo, meu irmão Everton e toda minha família, pelo apoio e carinho em todos os momentos de minha vida.

Ao professor Magno, pela excelente orientação, pelo exemplo de dedicação, ensinamentos transmitidos e confiança em todos os momentos da pós-graduação.

A Doutora Ângela pela co-orientação, disponibilidade nas etapas da realização deste trabalho, por todo carinho e amizade.

Ao Doutor Helton pela disponibilidade e valiosas sugestões apresentadas para a melhoria do presente trabalho.

Aos professores do curso de genética e Melhoramento de Plantas, em especial aos professores João Cândido, João Bosco, José Airton, Elaine, César e Flávia Avelar pelos ensinamentos transmitidos e agradável convivência.

Aos amigos Rafaela e Ranoel companheiros de longa data, Izabel e Gheysa pela amizade e carinho.

Aos companheiros e amigos de mestrado Fernando, Monik e Danilo.

Aos amigos do “feijão”, pela colaboração nos trabalhos e momentos de descontração.

Aos amigos do GEN pela disponibilidade e convivência amigável.

Aos amigos que a UFLA me proporcionou conhecer, sem vocês até seria possível mais seria muito mais difícil e não teria graça nenhuma.

Aos funcionários de campo, Leonardo e Lindolfo, pelo auxílio na condução dos experimentos e pelo companheirismo.

Aos funcionários do DBI Heloiza, Zélia, Rafaela, Irondina e Dú, pelo carinho e convivência amigável.

RESUMO

Este trabalho teve por objetivos comparar alguns índices de seleção visando à obtenção de linhagens de feijão que apresentem boa produtividade de grãos, porte das plantas o mais ereto possível, com grãos do tipo carioca dentro do padrão comercial, além de quantificar o efeito da interação progênies x ambientes no índice de seleção envolvendo esses três caracteres. Para isso, foi utilizada uma população obtida a partir do cruzamento entre a cultivar de feijão preto e planta ereta BRS-Supremo e a linhagem com grãos tipo carioca e planta não ereta CVIII-85-11. Essa população foi conduzida em bulk até a geração F_4 . Posteriormente, nas gerações $F_{4.5}$ e $F_{4.6}$, 98 progênies foram avaliadas para produtividade e tipo de grãos e porte das plantas, utilizando-se o delineamento em látice 10 x 10, com duas repetições. As 47 melhores progênies foram novamente avaliadas na $F_{4.7}$, em um látice 7 x 7, com três repetições. Estimaram-se os parâmetros genéticos e fenotípicos para os caracteres. Para a seleção simultânea dos três caracteres, foram comparados os índices: clássico, base, soma de postos e o índice obtido por meio do somatório das variáveis padronizadas (Z). Utilizando esse último índice, efetuou-se a avaliação das progênies comuns das diferentes gerações visando estimar a interação progênies x ambientes. Verificou-se que o índice Z mostrou-se eficiente na seleção simultânea para os três caracteres, pela facilidade de obtenção, pela possibilidade de se proceder a seleção graficamente e pela viabilidade de se proceder a análise de variância do índice. Constatou-se também que a interação progênies x ambientes (gerações) reduz o sucesso com a seleção, quando se consideram os três caracteres simultaneamente.

Palavras-chave: *Phaseolus vulgaris* L. Melhoramento Genético de Plantas. Genética Quantitativa. Seleção simultânea. Interação genótipos x ambientes.

ABSTRACT

The objectives of this study were to compare some selection indices in order to obtain lines of common beans that have good grain yield, plant as erect as possible and with carioca type grains like the commercial standard, as well as quantifying the effect of progenies x environments interaction on the selection index involving these three traits. For this purpose we used a population from the cross between black bean cultivars and upright plant, BRS Supremo and CVIII 85-11, with carioca type grains and non-erect plant. This population was conducted in bulk up to F_4 generation. In the generations $F_{4.5}$ and $F_{4.6}$, 98 progenies were evaluated for yield, grain type and plant habit, using 10 x 10 lattice design, with two replications. In the $F_{4.7}$ the 47 best progenies were reevaluated in a 7 x 7 lattice design with three replications. Genetic and phenotypic parameters were estimated for all traits. Simultaneous selection for the three traits were performed using indices, the classic, base, sum of the ranks and Z. The Z index was obtained by the sum of standardized variables. This last index was used to evaluate the common progenies from different generations to estimate the progenies x environments interaction. It was found that the Z index was efficient for the simultaneous selection of all traits, due to of estimation, possibility of proceeding the selection graphically and the feasibility of carrying out analysis of variance of the index. It was also found that the progenies x environments interaction (generations) reduces the success of selection, when considering the three traits simultaneously.

Keywords: *Phaseolus vulgaris* L. Plant breeding. Quantitative Genetics. Simultaneous selection. Progenies x environments interaction.

SUMÁRIO

1	INTRODUÇÃO	10
2	REFERENCIAL TEÓRICO	12
2.1	Controle genético de alguns caracteres do feijoeiro.....	12
2.1.1	Arquitetura em plantas de feijoeiro	12
2.1.2	Aspectos comerciais do grão.....	15
2.1.3	Produtividade de grãos	19
2.2	Índice de seleção.....	22
2.3	Interação genótipos x ambientes	27
2.3.1	Herdabilidade realizada (h_R^2).....	29
3	MATERIAL E MÉTODOS	31
3.1	Locais	31
3.2	Obtenção das progênies	31
3.3	Avaliação das progênies.....	32
3.4	Análise dos dados	32
3.5	Índice de seleção.....	39
4	RESULTADOS E DISCUSSÃO.....	42
5	CONCLUSÃO	58
	REFERÊNCIAS.....	59
	APÊNDICE.....	69

1 INTRODUÇÃO

Na recomendação de uma nova cultivar, essa deve apresentar um ou mais atributos que sejam melhores do que nas pré-existentes. Por essa razão, os melhoristas necessitam observar vários caracteres durante as etapas do programa de melhoramento.

No caso do feijoeiro do tipo carioca, além da produtividade de grãos e resistência aos principais patógenos, os caracteres associados ao tipo de grãos e porte da planta têm sido considerados na seleção das linhagens que originam uma nova cultivar. Na seleção para vários caracteres existem algumas alternativas: A seleção em tandem, em que se seleciona primeiro para um dos caracteres, posteriormente para os demais em sequência; níveis independentes de eliminação em que é estabelecido um nível mínimo aceitável para cada caráter e são escolhidas as linhagens que atingem esse valor para todos os caracteres e o índice de seleção, que permite combinar em um único valor as múltiplas informações obtidas para os diferentes caracteres (BERNARDO, 2002; FALCONER; MACKAY, 1996). Vários trabalhos mostram, em diferentes espécies, que o índice de seleção é a melhor opção (BARBOSA; PINTO, 1998; MISSIO et al., 2004; VIEIRA et al., 2005).

Na literatura existem inúmeras alternativas de índices de seleção (CRUZ; CARNEIRO, 2006). A primeira delas, conhecida como índice clássico, foi proposta para o melhoramento de animais em 1936 por Smith e 1943 por Hazel, e por isso é conhecido como Índice de Smith e Hazel (BERNARDO, 2002). Essa metodologia tem como restrição as necessidades de se obter estimativas precisas de variâncias e covariâncias genéticas e fenotípicas e também do estabelecimento de pesos econômicos, que é subjetivo. Em função desse fato, como já mencionado, foram criadas outras opções que não apresentam as restrições do índice clássico. Uma dessas metodologias, que tem

sido utilizadas em programas de melhoramento no Brasil é o somatório de Z dos diferentes caracteres, obtido por meio da padronização das variáveis (MENDES; RAMALHO; ABREU, 2009). Essa metodologia é de fácil aplicação e tem a vantagem adicional de permitir a análise gráfica, que auxilia na decisão dos melhoristas. Esta contudo, ainda não foi devidamente comparada com outros métodos disponíveis de índice de seleção.

A interação progênes x ambientes é muito frequente na cultura do feijoeiro, especialmente para a produtividade de grãos (COIMBRA et al., 1999; FARIA et al., 2009). Entretanto, não se há informações de qual seria o efeito da interação progênes x ambientes, quando vários caracteres são considerados ao mesmo tempo.

Este trabalho teve por objetivos comparar alguns índices de seleção visando à obtenção de linhagens de feijão que apresentem boa produtividade de grãos, porte das plantas o mais ereto possível, com grãos do tipo carioca dentro do padrão comercial, além de quantificar o efeito da interação progênes x ambientes no índice de seleção envolvendo esses três caracteres.

2 REFERENCIAL TEÓRICO

2.1 Controle genético de alguns caracteres do feijoeiro

A obtenção de informações sobre a variabilidade genética e do tipo predominante da ação gênica que controla os caracteres é de fundamental importância para orientar os melhoristas nas estratégias a serem adotadas na seleção. Há na literatura uma gama de informações sobre o controle genético de alguns caracteres do feijoeiro. Nesse tópico o controle genético de alguns caracteres será comentado.

2.1.1 Arquitetura em plantas de feijoeiro

A arquitetura é um caráter complexo que depende da expressão de vários outros que, em conjunto, contribuem para que a planta seja ereta ou não. O conhecimento do controle genético da arquitetura do feijoeiro é de fundamental importância para os programas de melhoramento que buscam cultivares de porte ereto. Quando se considera o ideótipo da planta, vários caracteres devem ser observados, tais como: hábito de crescimento (determinado ou indeterminado), 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, 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 (KELLY, 2001; TEIXEIRA; RAMALHO; ABREU, 1999).

O hábito de crescimento do feijoeiro tem uma característica monogênica controlada pelo gene [*Fin*], sendo o alelo dominante responsável pelo hábito indeterminado (BASSETT, 1997; KOINANGE; SINGH; GEPTS, 1996). Outros

trabalhos sugerem a existência de múltiplos genes controlando essa característica (MACCLEAN et al., 2002; TAR'NA; MICHAELS; PAULS, 2002) O gene *Fin* foi mapeado e se localiza no grupo de ligação B1 (PEDROSA et al., 2003), constatando-se, ainda, que ele apresenta efeito pleiotrópico em vários caracteres. O alelo recessivo *fin* também favorece o florescimento precoce, menor número de nós no caule e menor número de vagens, apresenta ainda, ligação próxima ou pleiotropia com o tamanho das folhas e do grão. Campa, Perez e Ferreira (2005) verificaram a ligação entre esse gene e o *Sp*, responsável pela proteína da semente.

O tipo de planta na cultura do feijoeiro é dividido em quatro tipos: I – Hábito de crescimento determinado, arbustivo e porte da planta ereto. II – Hábito de crescimento indeterminado, arbustivo, porte da planta ereto e caule pouco ramificado. III – Hábito de crescimento indeterminado, prostrado ou semi-prostrado, com ramificação bem desenvolvida e aberta. IV – Hábito de crescimento indeterminado, trepador, caule com forte dominância apical e número reduzido de ramos laterais, pouco desenvolvidos.

No controle genético do diâmetro e do comprimento de entrenós, grau de ramificação e altura de inserção da primeira vagem foi encontrado predominância de efeitos aditivos (NIENHUIS; SINGH, 1986; SANTOS; VENCOVSKY, 1986). Dentre esses caracteres o que explicou maior parte da variação na arquitetura da planta foi o comprimento de entrenós (TEIXEIRA; RAMALHO; ABREU, 1999).

Já Norton em 1915, verificou que haveria um gene determinando o tamanho do entrenó, que foi denominado *l* (*length*). Mais tarde, Lamprecht (1947) identificou dois genes em que os alelos recessivos determinavam plantas anãs, estes receberam os nomes de *cry* e *la*. Singh (1991) relatou que o comprimento da haste principal apresenta herança monogênica com dominância

do alelo para haste longa e a presença de heterose para o número de nós na haste principal, nos ramos laterais e para o número total de nós por planta.

A presença de guia, caracterizada quando esta se enrola a 360° em um suporte, é controlada por um único gene denominado *Tor* (BASSET, 2004), sendo dominante o alelo para sua formação (KRETCHMER; LAING; WALLACE, 1979).

As cultivares de porte mais ereto, normalmente possuem grãos pequenos (KELLY; ADAMS, 1987). No entanto, Collichio, Ramalho e Abreu (1997) inferiram que os genes envolvidos no controle genético do porte da planta e do tamanho dos grãos não são ligados ou pleiotrópicos, sendo assim, possível a obtenção de plantas de porte ereto e grãos no padrão comercial. Exemplo disso são as cultivares BRS-Horizonte e BRS-Estilo.

Um outro caráter importante nas plantas eretas é o *stay green*, senescência tardia do caule e das folhas em relação às vagens. Segundo Aguiar, Ramalho e Marques Júnior (2000) o controle genético desse caráter é oligogênico e a estimativa do número de genes o controlam é de 1,4 a 5,1, com dominância do alelo que condiciona maior *stay green*. Também constataram pronunciada influência do ambiente na expressão do caráter e verificaram que as correlações entre produtividade de grãos e *stay green* foram de pequena magnitude, concluindo que há independência entre os caracteres.

É propalado que as plantas de porte ereto não apresentam o mesmo potencial produtivo das não eretas. No entanto, Silva (2009) utilizando populações segregando para os tipos de plantas, obteve progênies de porte ereto com produtividade equivalente a das não eretas. Por meio das estimativas das correlações genéticas observou que as mesmas foram na sua maioria não significativas, indicando que é possível selecionar progênies que sejam eretas e produtivas.

2.1.2 Aspectos comerciais do grão

O aspecto comercial do grão é decisivo na aceitação de uma nova cultivar pelos agricultores e consumidores. No tipo de grão estão envolvidos vários caracteres, tais como: a cor, o tamanho, o formato e propriedades nutritivas e culinárias.

Estima-se que haja pelo menos 18 genes controlando a cor do grão, vários deles com alelos múltiplos, epistasia, pleiotropia ou ligação gênica (BALDONI; TEIXEIRA; SANTOS, 2002; BASSETT, 1996). O controle genético da cor do grão tem despertado a atenção dos pesquisadores há vários anos. A principal dificuldade é a grande diversidade de cores que ocorre na maioria dos cruzamentos. Adicionalmente, a caracterização das cores é muito difícil devido à inexistência de um padrão de cor empregado nas diferentes pesquisas. Mesmo assim, inúmeros trabalhos já foram publicados (BASSETT, 1996, 2004; LEAKEY, 1988; VIEIRA, 1967).

Visando facilitar o entendimento sobre o controle genético da cor dos grãos, os genes envolvidos foram agrupados em quatro classes:

- a) 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;
- b) genes complementares ou de coloração - seus alelos dominantes interagem com os alelos dominantes dos genes básicos, produzindo as diferentes cores. Interação também entre si, produzindo diferentes tonalidades na cor. Quanto maior o número de alelos dominantes, mais intensa é a cor do tegumento;
- c) genes modificadores - a interação destes genes produz ampla variação de cores no tegumento da semente;

d) 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, Basset (2004) relacionou os seguintes:

- a) Am - interage com Sal, produzindo cor nas flores. A cor do estandarte é expressa por Sal Am Vwf (ou v) e Sal am v produz tegumento vermelho (marrom mineral).
- b) Ane - produz padrão mosqueado ao tegumento;
- c) Arc - interagindo com o alelo Bip, fornece o padrão virgatus ao tegumento;
- d) Asp - gene responsável pela produção de brilho no tegumento, quando recessivo, o tegumento é opaco;
- e) B - responsável pela cor marron-esverdeada;
- f) Bip - combinado com o gene Arc, é responsável por manchas coloridas nas proximidades do hilo, cujos desenhos dependem da maneira como são combinados;
- g) C - esse gene interage com P para produzir tegumento amarelo enxofre-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.
- h) D - responsável pela formação de um anel pardo ao redor do hilo, na presença do genótipo jj;
- i) diff - interagindo com o alelo exp resulta na coloração completa do tegumento, com exceção de uma das extremidades da semente;
- j) Exp - interagindo com o alelo diff, produz coloração estável ao tegumento, exceto na extremidade da semente;

- k) Fib - interage com o alelo t, produzindo arcos brancos na região do halo;
- l) G - responsável pela cor amarelo-amarronzada;
- m) gy - responsável pelo tegumento amarelo-esverdeado, podendo interagir com outros genes;
- n) iw - quando imaturo, produz tegumento branco na presença de p;
- o) J - responsável pela formação de um anel em volta do hilo e pelo tegumento de coloração brilhante, sempre que o genótipo for J_, e tegumento fosco, quando jj;
- p) 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 $P > p^{gr} > p$;
- q) 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;
- r) Sal - produz flor vermelho-salmão e listras avermelhadas no tegumento;
- s) 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 tcf permite a expressão da coloração parcial do tegumento;
- t) V - responsável pela cor preta. Tem efeito pleiotrópico na cor das flores e hipocótilo. Possui três alelos $V > v_{lae} > v$. O alelo v_{lae} confere a cor rosa da flor e interage com P C J G B, produzindo o tegumento marrom mineral sem halo;
- u) Z - tem importante papel na expressão da coloração parcial do tegumento.

Leakey (1988) inferiu que o gene *j* é simultaneamente responsável pela cor do halo e brilho das sementes e afeta a qualidade culinária por acelerar o processo de escurecimento dos grãos, aumentando, conseqüentemente, o tempo de cozimento e reduzindo a digestibilidade.

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 halo 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 (MENEZES JÚNIOR; RAMALHO; ABREU, 2008).

Bassett (1982) concluiu que o tamanho do grão apresenta herança monogênica, o gene *ds* (*dwarf seed*) determina a redução do tamanho da semente e da vagem quando em homozigose recessiva (*dsds*). Outros autores relataram a presença de poucos genes no controle de caráter (PETERNELLI, 1992; SANTOS; VENCOSKY; RAMALHO, 1985). Quanto à ação gênica, alguns autores relataram a predominância de genes de efeito aditivos (MESQUITA, 1989; SOUZA; RAMALHO, 1995), outro pronunciado efeito de dominância (CHUNG; STEVERSON, 1973; SARAFI, 1978). Também são encontradas na literatura várias estimativas de herdabilidade elevadas para o caráter, no sentido amplo e restrito, mostrando que apesar da ampla variação, é um caráter de fácil seleção.

Leakey (1988) agrupou 12 tipos de diferentes formas de sementes de feijão, no entanto, a base genética que explica tal variabilidade ainda é desconhecida. Apenas dois formatos foram descritos geneticamente: *fastigate* que apresenta superfície plana inclinada em apenas uma das pontas (LAMPRECHT, 1934) e *truncata* que apresenta as duas extremidades da semente com superfícies planas inclinadas (LAMPRECHT, 1952). O primeiro é determinado pelo homozigoto recessivo *fastfast* e o segundo, determinado pelo

homozigoto recessivo *mivmiv*. Sabe-se também que algumas características que determinam o formato do grão, como comprimento, largura e espessura possuem herança quantitativa (NIENHUIS; SINGH, 1988; PARK et al., 2000).

Quanto ao valor nutritivo, o feijão é um alimento muito importante já que é substituto da proteína animal, apresenta baixo teor de gordura e sódio e não contém colesterol. É um acumulado de proteínas, fibras, complexo de carboidratos, vitaminas do complexo B e minerais – potássio (cerca de 1%, corresponde a 25-30% do conteúdo total de minerais), fósforo (cerca de 0,4%), ferro (cerca de 0,0007%), cálcio, cobre, zinco e manganês, entre outros.

O tempo de cocção é mais uma característica importante para a aceitação do produto pelo consumidor. Já se sabe que o tegumento é o principal constituinte que afeta esse caráter e que o mesmo está em uma geração e os cotilédones em outra, havendo assim efeito materno na expressão do caráter e valor nutritivo.

Paula (2004) verificou que no controle genético do tempo de cocção devem estar envolvidos genes com alelos que expressam dominância no sentido de aumentar o tempo de cocção e Asensio et al. (2005) verificaram correlação positiva entre o tempo de cocção e a capacidade de absorção de água.

2.1.3 Produtividade de grãos

A produtividade de grãos é um caráter cujo ganho normalmente é pequeno a cada ciclo de seleção.

Como será visto, o caráter é poligênico e muito influenciado pelo ambiente. As estimativas da herdabilidade (h^2) relacionadas na literatura confirmam essa observação (Tabela 1). Mesmo que em algumas situações essa estimativa seja baixa, a herdabilidade é uma das estimativas mais importantes

para o melhorista, pois representa a proporção da variância fenotípica que é herdável.

Essa h^2 pode ser expressa no sentido amplo (h_a^2) ou restrito (h_r^2). No primeiro caso, o numerador da expressão envolve apenas a parte da variância genética que é utilizada na seleção por meio sexuado.

Na tabela 1, estão apresentadas algumas estimativas de h^2 para produtividade de grãos obtidas no Brasil e também em outros países. Diversas metodologias de obtenção também foram utilizadas.

Veja que tanto as estimativas de (h_a^2) como (h_r^2) variaram amplamente. Foram obtidos valores variando de 1% a 85,9%. É oportuno salientar que a h^2 foi considerada no sentido restrito, especialmente quando progênies foram empregadas. Isto porque há evidências de que variância de dominância σ_D^2 tem menor importância do que a variância aditiva no feijoeiro (RAMALHO; ABREU; SANTOS, 1993). Além do mais, a proporção de σ_D^2 em gerações avançadas é muito pequena (RAMALHO; ABREU; SANTOS, 2001). Assim, a maior parte da variância entre progênies deve ser aditiva.

Tabela 1 Estimativas de herdabilidade no sentido amplo (h_a^2) e restrito (h_r^2) da produtividade de grãos em feijão

Método Utilizado	(h_a^2)	(h_r^2)	Fonte
Progênes F ₅	17 a 56		Camacho, Cardona e Orozoco (1964)
Regressão F ₂ e F ₃	11		Coyne e Steadman (1977)
Linhagens	60		Aggarwal e Singh (1973)
P ₁ , P ₂ , F ₁ , F ₂ , RC ₁₁ , RC ₂₁		25 a 30	Paniagua e Pinchinat (1976)
Progênes F ₄ , RC ₁₁ , RC ₂₁	34		Davis e Evans (1977)
Linhagens		4 a 46	Ramalho, Andrade e Teixeira (1979)
Dialélico	46	24	Santos, Vencovsky e Ramalho (1985)
Dialélico	71	52	Santos, Vencovsky e Ramalho (1985)
P ₁ , P ₂ , F ₁ , F ₂ , RC ₁₁ , RC ₂₁	23		Zimmermann et al. (1984)
P ₁ , P ₂ , F ₁ , F ₂ , RC ₁₁ , RC ₂₁	21		Zimmermann et al. (1984)
Dialélico		21	Nienhuis e Singh (1988)
Regressão F ₂ /F ₃	29		Singh (1991)
Progênes F ₂ , F ₃ , F ₄ e F ₅	13 a 74		Collichio, Ramalho e Abreu (1997)
Progênes F _{2:6} , F _{3:6} e F _{4:6}	24 a 61		Raposo, Ramalho e Abreu (2000)
Progênes F _{3:4} e F _{3:5}	40 a 53		Santos, Hagiwara e Carmo (2001)
Progênes F _{5:7} e F _{5:8}	45 a 50	11	Ferreira (1998)
Progênes F _{2:4}	29 a 62		Ferreira (1998)
Progênes F _{3:4} e F _{3:5}	32 a 60		Mendonça (2001)
Progênes F _{5:7} e F _{5:8}			Abreu, Ramalho e Santos (1990)
Progênie F _{5:7}	18,5 a 52,4		Abreu (1997)
Progênes F ₃ , RC _{11a} e RC _{21a}		35	Peternelli et al. (1994)
Progênie F _{2:5}	28 a 73		Carneiro et al. (2002)
Progênie F _{4:6}	30 a 82		Carneiro et al. (2002)
Progênie F _{2:4}	16 a 88		Carneiro et al. (2002)
Dialelo F ₇ e F ₈		23	Takeda, Santos e Ramalho (1991)
Linhagens		24,8 a 50,3	Melo (2000)
S _{0:2} e S _{0:3} (ciclos I, II e III)		26,6 a 50,1	Aguiar, Ramalho e Marques Júnior (2000)
Progênes F ₂ , F ₈ e F ₂₄		21,2 a 85,9	Silva et al. (2004)
Progênes F _{2:5}	18,7 e 27,2		Silva (2005)
Progênes F _{4:5} e F _{4:6}	28,98 e 47,9		Moreto, Ramalho e Abreu (2007)
S _{0:1} , S _{0:2} e S _{0:3} (ciclos I, II, III)	18,7 a 60,1		Menezes Júnior, Ramalho e Abreu (2008)
Progênes F _{3:7}	27,0 a 70,7		Torga (2008)
Progênes F _{2:3} e F _{2:4}	65 e 66		Mendes, Ramalho e Abreu (2009)
Progênes F _{5:6}	0,17 a 33,63		Silva (2009)

Por que ocorre tanta variação nas estimativas de h^2 ? Há pelo menos duas razões para isso. A primeira é que a variação genética varia entre os cruzamentos. Quando uma população F_1 apresenta maior número de locos em heterozigose, espera-se que a segregação seja maior nas gerações mais avançadas – variação genética menor que quando a população F_1 tem maior número de locos em homozigose. No contexto do melhorista, diz-se que a população com maior variabilidade é aquela em que os genitores são mais contrastantes. A segunda razão deve-se a uma função da variação ambiental, por exemplo: a qualidade dos experimentos irá contribuir para aumentar ou diminuir as estimativas de h^2 .

Independente do que foi comentado, a maioria das estimativas de h^2 foi inferior a 50%. Numa situação como essa, pode-se inferir que o sucesso com a seleção deve ser pequeno.

2.2 Índice de seleção

Normalmente, os melhoristas selecionam para vários caracteres simultaneamente a fim de obter cultivares que reúnam uma série de atributos que atendam as exigências do produtor e do consumidor. Nesse caso, três opções podem ser adotadas, visando à obtenção de ganhos genéticos em todos os caracteres de interesse: Seleção em tandem, níveis independentes de eliminação e índice de seleção (BERNARDO, 2002; FALCONER; MACKAY, 1996).

Na seleção em tandem, seleciona-se por algumas gerações para um dos caracteres de interesse até atingir o objetivo almejado. Em seguida, seleciona-se para um segundo caráter e assim por diante. A seleção de uma variável i em uma ou algumas gerações conduzirá ao ganho genético na própria variável e também em outras a ela correlacionadas. Como desvantagens nesse tipo de seleção, tem-se a possibilidade de esgotamento da variabilidade para os caracteres que serão

selecionados posteriormente e o grande tempo necessário para o melhoramento de todos os caracteres.

No sistema de níveis independentes de eliminação, estabelece-se um padrão aceitável para a expressão fenotípica de cada característica. Todos os indivíduos abaixo desse padrão são eliminados. Esse método tem como inconveniente a dificuldade de seleção dos caracteres na intensidade desejada, sobretudo quando não há variabilidade genética suficiente para todos os caracteres, ou seja, são eliminados indivíduos excelentes em alguns caracteres, mas que não atingiram o nível mínimo desejado em outros. Assim, dependendo das herdabilidades, correlações genéticas e fenotípicas e do peso econômico das características, é possível que alguns dos indivíduos eliminados sejam mais adequados do que outros que foram mantidos (RESENDE, 2002).

A terceira opção é o índice de seleção, que permite combinar em um único valor as múltiplas informações obtidas para os diferentes caracteres. O índice de seleção constitui-se num caráter adicional que resulta da ponderação dos caracteres por meio de coeficientes estimados com base nos valores econômicos, variâncias e covariâncias genéticas e/ou informações de interesse dos melhoristas.

Conhecido como índice clássico, o primeiro índice de seleção foi proposto por Hazel (1943) e Smith (1939) para ser utilizado em animais. Este índice consiste numa combinação linear dos valores fenotípicos dos vários caracteres de interesse. Para estimativa desse índice de seleção (I), adota-se a seguinte equação:

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

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

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

em que:

n: número de caracteres avaliados;

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

x: matriz de dimensão $n \times p$ de valores (ou médias) fenotípicos dos caracteres;

a' : vetor de dimensão $1 \times n$ de pesos econômicos previamente estabelecidos;

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

P^{-1} : inversa da matriz, de dimensão $n \times n$, de variâncias e covariâncias fenotípicas entre os caracteres;

Portanto, a estimação de índices de seleção fidedignos é dependente da disponibilidade de matrizes de variâncias e covariâncias genéticas e fenotípicas bem estimadas e de pesos econômicos, relativos aos vários caracteres, bem estabelecidos. Uma vez estabelecido o índice, o interesse é quantificar o ganho de seleção em cada caráter avaliado e, ou, no conjunto. O ganho esperado para o caráter j, quando a seleção é praticada sobre o índice, é expresso por:

$$\Delta g_{(I)} = DS_{(I)} h_j^2$$

em que:

$\Delta g_{(I)} = g_{(I)}$: ganho esperado para o caráter j, com a seleção baseada no índice I;

$DS_{(I)}$: diferencial de seleção do caráter j, com a seleção baseada no índice I;

h_j^2 : herdabilidade do caráter j.

A teoria básica apresentada por Hazel (1943) e Smith (1936) tem o índice de seleção como um caráter adicional que, quando utilizado para a seleção, possibilita maximizar os ganhos simultaneamente em todos os

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

Para eliminar essas limitações, foram desenvolvidos outros índices de seleção. Resende (2002, 2007) apresentam descrição detalhada de vários desses índices. Aqui, serão considerados apenas alguns deles, sobretudo aqueles que não envolvem a obtenção de variâncias e covariâncias genéticas, bem como dos pesos econômicos.

Um deles é o índice base de Williams (1962), proposto mediante a combinação linear dos valores fenotípicos médios dos caracteres, os quais são ponderados diretamente pelos seus respectivos pesos econômicos. Algebricamente, tem-se:

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

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

Outro índice muito utilizado é o de soma de postos ou “ranks” proposto por Mulamba e Mock (1978), consiste em classificar os genótipos em relação a cada um dos caracteres, posteriormente são somadas as ordens de cada genótipo referente a cada caráter, resultando numa medida adicional tomada como índice de seleção.

O índice conhecido como “Bola cheia ou murcha” permite uma visualização do desempenho de cada progênie para todos os caracteres (MENDES; RAMALHO; ABREU, 2009; MENEZES JÚNIOR; RAMALHO; ABREU, 2008). Esse índice tem como fundamento a padronização das variáveis

(Z_{ij}), visando torná-las diretamente comparáveis pelo seguinte estimador $Z_i = (y_i - \bar{y}_{.j}) / s$, em que: Z_i é o valor da variável padronizada i ($i = 1, 2, \dots, n$) na repetição j ($j = 1, 2, \dots, n$); y_i é a observação da variável i ; $\bar{y}_{.j}$ é a média geral da variável i e s é o desvio-padrão fenotípico da variável. Como a variável Z_{ij} assume valores negativos e positivos, é somada uma constante (k) às suas estimativas, para que não ocorram valores negativos. Nesse caso, a média populacional, em vez de zero, passa a ser a constante (k). O índice Z é o somatório de Z_i de todas as variáveis envolvidas, ou seja, $Z = \sum_{i=1}^n Z_i$. Se a padronização for realizada por parcela é possível realizar a análise de variância. A partir das análises pode-se estimar parâmetros genéticos e fenotípicos, inclusive o ganho esperado com a seleção com o índice, e com as médias obtidas pode-se realizar a seleção, nas quais os maiores valores correspondem ao índice favorável e os menores valores, ao índice desfavorável à seleção, de acordo com o caráter avaliado.

Menezes Júnior, Ramalho e Abreu (2008) utilizaram a padronização dos dados, índice Z , para estimar o progresso genético após três ciclos de seleção recorrente na cultura do feijoeiro para três caracteres: produtividade de grãos, porte da planta e tipo de grão. Concluíram que o progresso genético foi de 3,1% por ciclo após três ciclos de seleção recorrente. Mendes, Ramalho e Abreu (2009) utilizaram esse índice na análise de um cruzamento dialélico, visando identificar as populações segregantes mais promissoras em produtividade de grãos, porte das plantas e resistência ao acamamento, simultaneamente.

2.3 Interação genótipos x ambientes

O fenótipo de um caráter, como a produtividade de grãos, depende do genótipo (G), do ambiente (E) e da interação dos genótipos x ambientes (GE). Esse último componente é o foco principal desse tópico. A interação GE ocorre sempre que o comportamento de dois ou mais genótipos não é coincidente em dois ou mais ambientes avaliados. É um dos principais complicadores do trabalho dos melhoristas e tem sido amplamente discutido na literatura (BERNARDO, 2002; CHAVES, 2001; KANG; GAUCH JÚNIOR, 1966).

A resposta relativa dos genótipos a variação dos ambientes pode ser dividida em dois tipos: previsível e imprevisível (ALLARD; BRADSHAW, 1964). A primeira categoria inclui todos os fatores permanentes do ambiente, como as características gerais de clima e solo, as características do ambiente que variam de uma maneira sistemática, como o comprimento do dia e ainda os aspectos determinados pelo homem, como data de plantio, densidade, método de preparo de solo e colheita, entre outros. Esse tipo de variação em relação à sua interação com os genótipos pode ser avaliada individualmente, ou de forma conjunta. Assim, estudos individualizados como genótipos x épocas de semeadura e genótipos x níveis de adubação, ou estudos envolvendo todos esses fatores podem ser feitos por intermédio de uma interação generalizada genótipos x ambientes.

A segunda categoria inclui as flutuações variáveis do ambiente, como quantidade e distribuição de chuvas, variações na temperatura, entre outros (CRUZ; CARNEIRO, 2006). As variações imprevisíveis são as que mais contribuem para as interações, do tipo genótipos x anos e genótipos x locais, bem como interações mais complexas como a interação tripla genótipos x locais x anos (FEHR, 1987).

Nesse t3pico o que se pretende discutir 3 a natureza da intera33o GE e suas implica33es no trabalho dos melhoristas. Ela pode ser decomposta em simples ou complexa. A intera33o simples tamb3m 3 denominada de efeito de escala por alguns autores (LYNCH; WALSH, 1998), pois ela depende apenas da amplitude do desempenho dos gen3tipos nos diferentes ambientes. Quando ela predomina, h3 pequena implica33o no trabalho dos melhoristas, pois ela n3o altera a classifica33o das prog3nies e/ou linhagens.

J3 a intera33o complexa 3 devida a aus3ncia ou baixa correla33o gen3tica entre os comportamentos dos gen3tipos nos ambientes dois a dois. Quando a magnitude da correla33o 3 pequena ocorre mudan3a na classifica33o dos gen3tipos.

Do exposto, a quantifica33o da intera33o auxilia os melhoristas na estrat3gia de sele33o mais apropriada. Para essa quantifica33o 3 utilizada a express3o proposta por Robertson (1942 citado por CRUZ; CARNEIRO, 2006), ou seja:

$$\sigma_{GE}^2 = \frac{1}{2}(\sigma_{E1} - \sigma_{E2})^2 + (1 - r_{G12})\sigma_{E1}\sigma_{E2}$$

em que: σ_{E1} e σ_{E2} correspondem ao desvio padr3o nos ambientes 1 e 2, respectivamente; $\frac{1}{2}(\sigma_{E1} - \sigma_{E2})^2$ corresponde a parte simples da intera33o; e $(1 - r_{G12})\sigma_{E1}\sigma_{E2}$ refere-se a parte complexa da intera33o. Veja que, quanto menor a contribui33o da estimativa de r_{G12} , maior a contribui33o da parte complexa. De modo an3logo, quando r_{G12} 3 alto, tendendo para 1 a intera33o simples predomina.

Como h3 dificuldade na interpreta33o dos resultados em v3rias situa33es, Cruz e Castoldi (1991) propuseram uma outra express3o para a decomposi33o da intera33o. Essa nova express3o 3 aconselh3vel quando a

correlação genética assumir valores entre 0,12 a 0,78. A expressão proposta por Cruz e Castoldi (1991) foi a seguinte:

$$\sigma_{GE}^2 = \frac{1}{2}(\sigma_{E_1} - \sigma_{E_2})^2 + k\sigma_{E_1}\sigma_{E_2} + \sqrt{(1-r_{G_{12}})^3}\sigma_{E_1}^2\sigma_{E_2}^2$$

sendo $k = 1 - r_{G_{12}} - \sqrt{(1 - r_{G_{12}})^3}$.

Em mais de um local, praticamente todos os experimentos de avaliação de progênies de feijoeiro conduzidos no Brasil apresentam estimativas de grande magnitude do componente da variação dos genótipos x ambientes, tanto para a produtividade de grãos (COIMBRA et al., 1999; FARIA et al., 2009), como para outros caracteres como porte (COLLICHIO; RAMALHO; ABREU, 1997; MORETO; RAMALHO; ABREU, 2007). A contribuição relativa da parte simples ou complexa é variável, mas a parte da interação complexa é expressiva em várias situações (MELO et al., 2007; MENDES; RAMALHO; ABREU, 2009; ROSAL et al., 2000). No caso de avaliação de dois ou mais caracteres por meio de qualquer índice de seleção, não foram encontrados relatos da ocorrência de interação GE.

2.3.1 Herdabilidade realizada (h_r^2)

A herdabilidade é conceituada como a proporção da variância genética presente na variância total. Portanto, ela estima a confiabilidade do valor fenotípico como indicador de valor reprodutivo. Por essa razão, a h^2 quase sempre participa das expressões relacionadas com a predição de ganho dos diferentes métodos de melhoramento e, conseqüentemente, das decisões que os melhoristas tomam na condução de seus programas de seleção. Contudo, a utilização da estimativa de h^2 depende da interação GE. Para quantificar o efeito da interação, em particular a interação dos genótipos por safras ou gerações na

estimativa de h^2 , é necessário estimar a herdabilidade realizada (h_R^2) e comparar os dois valores.

Quando as mesmas progênes nas gerações F_i e F_j são avaliadas, a herdabilidade realizada é estimada pelo seguinte estimador:

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

em que:

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

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

3 MATERIAL E MÉTODOS

3.1 Locais

Os experimentos foram conduzidos na área experimental do Departamento de Biologia e na Fazenda Experimental da Universidade Federal de Lavras (UFLA) e em Patos de Minas na Fazenda Experimental da Empresa de Pesquisa Agropecuária de Minas Gerais (EPAMIG). Lavras situa-se a 24°14' de latitude Sul e 45° de longitude Oeste, numa altitude média de 910 m. Patos de Minas situa-se a 18°34'44" de latitude Sul e 46°31'04" de longitude Oeste, numa altitude média de 815 m.

3.2 Obtenção das progênies

Foi utilizada a população do cruzamento CVIII-85-11 x BRS Supremo, identificada em um dialelo realizado por Mendes, Ramalho e Abreu (2009) como mais promissora entre 36 populações avaliadas. A linhagem CVIII-85-11 proveniente da UFLA, é de porte semiereto a prostrado e tipo de grão carioca e a cultivar BRS-Supremo de porte ereto e grãos preto, proveniente da Embrapa Arroz e Feijão.

As sementes da geração F_1 foram obtidas por Mendes, Ramalho e Abreu (2009) em 2007, em Lavras. As gerações F_2 até F_4 foram conduzidas em bulk. Por meio de seleção mais intensa para o tipo de grão e porte ereto, 98 plantas foram selecionadas visualmente na geração F_4 .

3.3 Avaliação das progênies

As 98 progênies da geração $F_{4,5}$ foram avaliadas juntamente com os genitores, na safra “das águas”, com semeadura em novembro de 2008, em Lavras, no delineamento látice simples 10 x 10, com parcelas de duas linhas de 2 m espaçadas de 0,50 m. Obteve-se a produtividade de grãos e o porte das plantas. A avaliação de porte foi realizada por meio da escala de notas, semelhante à apresentada por Collicchio, Ramalho e Abreu (1997) em que a nota 1 foi atribuída à parcela cujas plantas estavam todas prostradas e a nota 9, às plantas completamente eretas .

A geração $F_{4,6}$ foi conduzida de modo semelhante à geração $F_{4,5}$, na safra “da seca”, com semeadura em fevereiro de 2009. Nesse caso, além da avaliação da produção de grãos e do porte da planta, o tipo de grão também foi avaliado por meio de escala de notas, variando de 1 (fora do padrão comercial) a 5 (dentro do padrão comercial) .

As 47 melhores progênies identificadas na safra anterior foram avaliadas na geração $F_{4,7}$, juntamente com os genitores na safra de inverno/primavera, semeadura em julho de 2009, em Lavras e Patos de Minas, em látice triplo 7X7, com parcelas de duas linhas de 2 m, espaçadas de 0,50 m. Em Patos de Minas, Foram avaliados os mesmos caracteres citados anteriormente, com exceção do tipo de grão.

3.4 Análise dos dados

Os dados referentes à produtividade de grãos, notas para o porte e tipo de grão inicialmente foram submetidos à análise de variância por ambiente/geração. Para a análise dos dados, todos os efeitos foram considerados aleatórios, exceto a média, bloco e ambiente. O modelo estatístico foi o seguinte:

$$Y_{ijl} = m + p_i + b_j + q_{l(j)} + e_{ijl}$$

Em que:

Y_{ijl} : Valor observado na parcela que recebeu a progênie i, no bloco j, dentro da repetição j;

m : média geral do experimento;

p_i : efeito da progênie i, sendo $i = 1, 2, \dots, 98$ nas gerações $F_{4:5}$ e $F_{4:6}$ e $i = 1, 2, \dots, 47$ na geração $F_{4:7}$;

b_j : efeito da repetição j, sendo $j = 1$ e 2 nas gerações $F_{4:5}$ e $F_{4:6}$ e $j = 1, 2$ e 3 na geração $F_{4:7}$;

$q_{l(j)}$: 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 .

Foi realizada a análise conjunta dos ambientes, considerando os 49 tratamentos comuns e utilizando as médias ajustadas. O modelo estatístico adotado foi:

$$Y_{ik} = m + p_i + s_k + (ps)_{ik} + e_{ik}$$

Em que:

Y_{ik} : valor observado da média ajustada da progênie i, no ambiente k;

m : média geral do experimento;

p_i : efeito da progênie i, sendo $i = 1, 2, \dots, 49$;

s_k : efeito da safra (ambiente) k, sendo $k = 1$ a 4 ;

$(ps)_{ik}$: efeito da interação da progênie i e safra (ambiente) k;

e_{ik} : erro experimental associado à observação Y_{ik} , assumindo que os erros são independentes e normalmente distribuídos com média zero e com uma variância comum, simbolizado por $e_{ij} \cap N(0, \sigma^2)$.

O esquema das análises de variância, por geração e conjunta, para os três caracteres, com as respectivas esperanças matemáticas dos quadrados médios é apresentado na tabela 2.

Estimou-se a acurácia seletiva (\hat{r}_{gg}), para as características produtividade de grãos, notas de porte e tipo de grão, pela seguinte expressão (RESENDE, 2007):

$$\hat{r}_{gg} = \sqrt{1 - \frac{1}{F}}$$

em que:

F: valor do teste F de Snedecor para o efeito de progênie associado à ANAVA.

As análises foram realizadas utilizando o programa estatístico SAS (STATISTICAL ANALYSIS SOFTWARE INSTITUTE - SAS INSTITUTE, 2000).

A partir das esperanças matemáticas dos quadrados médios das análises por ambiente e conjunta, apresentadas na tabela 2, foram obtidas as seguintes estimativas:

a) Variância genética entre progênies no ambiente k, pelo seguinte estimador:

$$\sigma_{P_k}^2 = \frac{Q_2 - Q_3}{r}$$

b) Covariância genética ($COV_{G_{kk'}}$) entre média de progênie nos ambientes dois a dois. Essa covariância corresponde à variância genética entre médias de progênes sem interação,

$$COV_{G_{kk'}} = \frac{Q_5 - Q_7}{rl}$$

Em que r é a média harmônica do número de repetições nos dois ambientes e l é o número de locais.

c) Variância genética da interação progênes x ambientes (σ_{PA}^2), nos ambientes dois a dois,

$$\sigma_{PA}^2 = \frac{Q_7 - Q_9}{r}$$

d) Estimativas dos coeficientes de correlação entre o porte das plantas e a produtividade de grãos ($r_{X,Y}$),

$$r_{X,Y} = \frac{COV_{X,Y}}{\sqrt{\sigma_X^2 \cdot \sigma_Y^2}}$$

Tabela 2 Esquema das análises individuais por geração e conjunta envolvendo as gerações F_{4:5}, F_{4:6}, e F_{4:7} com as respectivas esperanças dos quadrados médios

Fonte de variação	Análises individuais		
	GL	QM	E(QM)
Repetição	1		
Tratamentos	99	Q1	
Entre progênes(P)	97	Q2	$\sigma_e^2 + r\sigma_p^2$
Entre testemunhas(T)	1		
T vs P	1		
Erro	81	Q3	σ_e^2
Análises conjuntas			
Ambiente(A)	3		
Tratamentos	48	Q4	
Entre progênes(P)	46	Q5	$\sigma_e^2 + rl\sigma_p^2$
Entre testemunhas(T)	1		
T vs P	1		
Tratamentos x ambiente	144	Q6	
Entre P x A	94	Q7	$\sigma_e^2 + r\left(\frac{l}{l-1}\right)\sigma_{PI}^2$
Entre T x A	3	Q8	
T vs P x A	3		
Erro médio	318	Q9	σ_e^2

e) Herdabilidades ($h^2\%$) para a seleção na média das progênes, em cada ambiente (h_k^2).

$$h_k^2(\%) = \frac{Q_2 - Q_3}{Q_2} \cdot 100$$

Para estimar o intervalo de confiança das herdabilidades, foram obtidos os limites inferiores (LI) e superiores (LS) das estimativas de h^2 , utilizando as seguintes expressões, com $\alpha=0,05$ (KNAPP; STOUP; ROSS, 1985):

$$LI = \left\{ \left[\left(\frac{Q_2}{Q_3} \right) F_{1-\frac{\alpha}{2}; GL_2, GL_3} \right] \right\}$$

$$LS = \left\{ \left[\left(\frac{Q_2}{Q_3} \right) F_{\frac{\alpha}{2}; GL_2, GL_3} \right] \right\}$$

em que:

F: valor tabelado a $1-\alpha/2$ e $\alpha/2$;

Q_2 e Q_3 : quadrado médio entre progênies e quadrado médio do erro, respectivamente;

GL_2 e GL_3 : graus de liberdade associados a Q_2 e Q_3 , respectivamente.

f) Estimativas de h^2 para as análises conjuntas dos ambientes dois a dois, obtidas pela seguinte expressão:

$$h^2 = \frac{COV_{K,K'}}{\sigma_{F_{kk'}}^2}$$

Em que:

$\sigma_{F_{kk'}}^2$: Variância fenotípica entre médias de progênies dos ambientes k e k' .

g) Ganho com a seleção (RAMALHO; ABREU; SANTOS, 2003):

$$GS = i \frac{\sigma_{P_k}^2}{\sqrt{\sigma_{F_k}^2}}$$

Em que:

i : valor da intensidade de seleção padronizada para populações acima de 50 indivíduos;

$\sigma_{P_k}^2$: Variância genética de progênies na geração k ;

$\sigma_{F_k}^2$: Variância fenotípica entre média de progênies na geração k.

É importante salientar que quando o número de indivíduos é pequeno, inferior a 50, deve-se utilizar a expressão apresentada por Wricke e Weber (1986) para estimar o

valor de i:

$$i_N \cong i - \frac{1-f}{2if(N+1)}$$

Em que:

f: proporção selecionada;

N: número de indivíduos da população sob seleção.

h) Herdabilidade realizada (h_R^2):

$$h_R^2 = \frac{GS_{k'} / m_{k'}}{ds_k / m_k}$$

em que:

$GS_{k'}$: ganho com a seleção observado no ambiente k' pela seleção realizada das 15% melhores progênies no ambiente k;

ds_k : diferencial de seleção. Média das 15% melhores progênies no ambiente k menos a média de todas as progênies no ambiente k;

m_k : média das progênies no ambiente k;

$m_{k'}$: média das progênies no ambiente k'.

i) Estimativa da resposta correlacionada na produtividade de grãos (Y) pela seleção no porte (X):

$$RC_{X|Y} = ds_X \frac{COV_{G(X,Y)}}{\sigma_{F_X}^2}$$

Em que:

$RC_{X|Y}$: é a resposta correlacionada em Y pela seleção praticada no caráter X;

ds_X : diferencial de seleção do caráter X;

$COV_{G(X,Y)}$: Covariância genética entre os caracteres X e Y;

$\sigma_{F_X}^2$: Variância fenotípica do caráter X.

3.5 Índice de seleção

Para a obtenção dos índices de seleção, foram utilizados dados de produtividade, em $\text{kg}\cdot\text{ha}^{-1}$; notas para o porte das plantas e notas para tipo de grão, nas safras F_{4:6} e F_{4:7}, em Lavras.

As seguintes metodologias foram utilizadas:

a) Índice clássico de seleção de Hazel (1943) e Smith (1936), pelo seguinte estimador (BERNARDO, 2002):

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

Os valores de b' foram estimados pela seguinte expressão:

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

em que:

n: número de caracteres avaliados;

b': vetor de dimensão 1 x n dos coeficientes de ponderação do índice de seleção a ser estimado;

x: matriz de dimensão n x p de valores (ou médias) fenotípicos dos caracteres;

a' : vetor de dimensão $1 \times n$ de pesos econômicos. No caso, o peso foi o mesmo para os três caracteres;

g : matriz de dimensão $n \times p$ de valores genéticos desconhecidos dos n caracteres considerados.

P^{-1} : inversa da matriz, de dimensão $n \times n$, de variâncias e covariâncias fenotípicas entre os caracteres;

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

b) Índice base de Williams (1962):

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

em que a corresponde aos pesos econômicos, no caso foi considerado constante de 1 e o x , já foi definido

c) Índice com base na soma de postos ou “ranks” proposto por Mulamba e Mock (1978). Em função da média, as progênes foram classificadas em relação a cada um dos caracteres. Posteriormente, foram somadas as ordens de cada progênie referente a cada caráter (CRUZ; CARNEIRO, 2006).

d) Somatório das variáveis padronizadas (Z).

Os dados dos caracteres: produtividade de grãos, nota para o porte e tipo de grão, de todas as progênes foram padronizados por parcela, utilizando o seguinte estimador:

$$Z_{ijq} = \frac{y_{ijq} - \bar{y}_{.qj}}{s_{.qj}} \quad \text{em que:} \quad y_{ijq} : \text{ é a observação}$$

da progênie i na repetição j , para o caráter q ;

$\bar{y}_{.qj}$: é a média geral do caráter q na repetição j ;

$s_{.qj}$: é o desvio-padrão fenotípico do caráter q na repetição j .

Como a variável Z_{ijq} assume valores negativos e positivos, o valor três às estimativas foi somado, para que não ocorressem valores negativos. A média populacional em vez de zero, passou a ser três. Após a padronização das variáveis, foi obtido o somatório de $Z_{i.q}$ por parcela, constituindo o índice Z_i somatório das variáveis padronizadas dos três caracteres.

O Z_i foi submetido à análise de variância, por ambiente e conjunta. Nesse caso, a análise de variância foi realizada considerando o delineamento em blocos casualizados. De modo semelhante ao comentado para os outros caracteres, foram estimados os componentes da variância fenotípica e genética, por geração e na análise conjunta das duas gerações.

4 RESULTADOS E DISCUSSÃO

As tabelas 1, apêndice A e tabela 2, apêndice B apresentam, respectivamente, as análises de variância individuais referentes à produtividade de grãos e notas de porte, nas gerações F_{4:5}, F_{4:6}, e F_{4:7}, nos quatros ambientes avaliados. No caso das notas para tipo de grão, foram utilizados apenas dois ambientes (TABELA 3, APÊNDICE C). Foram constatadas diferenças significativas ($P \leq 0,05$) entre progênies para todas as safras-ambientes e para todos os caracteres avaliados, inferindo-se que há variabilidade genética entre as progênies.

Os resultados das análises conjuntas das 47 progênies comuns a todas as gerações e as duas testemunhas são apresentados na tabela 3. A precisão experimental nos experimentos com o feijoeiro tem sido normalmente avaliada por meio do coeficiente de variação (CV). As estimativas do CV para os caracteres foram semelhantes às encontradas em experimentos conduzidos com a cultura na região (ALVES; RAMALHO; ABREU, 2001; MENDES; RAMALHO; ABREU, 2009; MORETO; RAMALHO; ABREU, 2007).

A estimativa de CV como medida de precisão experimental tem sido questionada por alguns autores (BRUZI, 2006; CARGNELUTTI; STORK, 2007; RESENDE; DUARTE, 2007). Por esta razão, foi estimada também a acurácia (\hat{r}_{g_g}), que reflete a correlação entre o valor genotípico verdadeiro do tratamento genético e aquele predito a partir de informações dos experimentos (COSTA et al., 2005), podendo variar de 0 a 1. É classificada como muito alta ($\hat{r}_{g_g} > 0,90$), alta ($0,70 \leq \hat{r}_{g_g} < 0,90$), moderada ($0,50 \leq \hat{r}_{g_g} < 0,70$) e baixa ($\hat{r}_{g_g} < 0,50$). No presente trabalho, as estimativas de acurácia para a

produtividade de grãos e para notas de porte foram em torno de 80%, sendo, portanto, consideradas altas, o que reflete em alta precisão.

Verificou-se que o efeito de ambiente foi significativo para todos os caracteres. Deve-se salientar que o efeito de ambiente envolve os efeitos de gerações - épocas de semeadura e locais, sendo a geração $F_{4.5}$ avaliada com semeadura em novembro, na denominada safra “das águas”, com maiores temperaturas e umidade, fatores que favorecem o desenvolvimento vegetativo das plantas, as quais apresentam pior porte. A geração $F_{4.6}$ foi semeada em fevereiro, safra “da seca”, que apresenta normalmente temperaturas e precipitação inferiores a safra anterior, no entanto, o experimento foi mantido sob irrigação para que não houvesse falta de água para a cultura. Nessa condição, espera-se que as plantas apresentem melhor porte. Entretanto, a média nessa geração foi inferior a média da geração $F_{4.5}$.

Na geração $F_{4.7}$, a maior média para a nota de porte ocorreu em Patos de Minas. Essa geração foi conduzida na época denominada inverno/primavera, com semeadura em julho. Nessa condição, a cultura é sempre irrigada e as condições climáticas -- principalmente baixa umidade relativa -- reduzem a ocorrência de patógenos e as plantas apresentam normalmente menor desenvolvimento vegetativo, o que contribuiu para o porte mais ereto.

Com relação à produtividade, a maior média foi obtida na geração $F_{4.7}$ e a menor, na avaliação da geração $F_{4.6}$, ambas em Lavras. Os aspectos ambientais -- já comentados com relação ao porte -- explicam a variação na produtividade entre as épocas. Isto porque com relação ao efeito de gerações seria esperado redução na produtividade da geração $F_{4.7}$ em relação a $F_{4.6}$, na ocorrência de dominância. Contudo, a dominância para produtividade de grãos do feijoeiro não é expressiva (MORETO; RAMALHO; ABREU, 2007) e além do mais a redução na contribuição da dominância de $F_{4.6}$ para $F_{4.7}$ é muito pequena (RAMALHO; SANTOS; ZIMMERMANN, 1993; VENCOVSKY, 1978).

Constatou-se diferença significativa entre as progênies para os três caracteres. A distribuição de frequência das médias das progênies realça essas diferenças (Figura 1). Verifica-se que, para a produtividade de grãos, a amplitude de variação foi de 65% do valor da média, para o porte, foi de 49% e, para o tipo de grão, a amplitude de variação em relação à média foi de 62%. Verifica-se que o contraste testemunhas vs progênies foi significativo para produtividade e tipo de grão ($P \leq 0,01$) (Tabela 3). Vale salientar que no caso da nota de grão, essa comparação não tem muito significado porque uma testemunha possui grãos pretos. Portanto, a comparação deve ser feita com a média do genitor CVIII-85-11, esse de grão tipo carioca, para o qual as progênies apresentaram média 70,9% superior. Quando a produtividade de grãos foi considerada, as progênies apresentaram uma média 17,5% superior à das testemunhas, indicando o potencial de produtividade de grãos dessas progênies. Com relação ao porte, a comparação mais apropriada é com a média da BRS-Supremo, genitor de porte mais ereto. Nesse caso, a média do genitor foi 20,8% superior à média das progênies. Entretanto, é oportuno salientar que seis progênies apresentaram média semelhante a esse genitor.

Tabela 3 Resumo da análise de variância conjunta das 49 progênes comuns a todas as safras, acurácia, herdabilidades e intervalo de confiança para os caracteres produtividade de grãos, nota de porte e tipo de grão

FV	GL	QM			
		Produtividade	Porte	GL	Grão
Ambiente	3	53565736,56**	47,36**	1	346,44**
Trat.	48	1440239,62**	6,39**	48	3,47**
Entre progênes	46	1446717,31**	6,13**	46	2,25**
Entre test.	1	10922,31 ^{NS}	24,66**	1	14,84**
Test. vs prog.	3	2571582,96**	0,30 ^{NS}	1	48,26**
Trat x ambiente	144	896881,92**	1,80**	48	1,73**
Entre prog x amb	138	922489,68**	1,87**	46	1,58*
Entre test x amb	3	211912,12 ^{NS}	0,21 ^{NS}	1	5,75*
Test vs prog x amb	3	403899,05 ^{NS}	0,17 ^{NS}	1	4,68*
Erro médio	318	297995,20	1,04	159	0,28
Média		2487,92	6,11		2,89
F		4,85	5,91		2,25
CV(%)		1,94	16,69		18,31
Acurácia (%)		89,10	91,15		74,54
h ² (%)		36,24	69,49		29,78
Int. de confiança (%)		(0,00 – 59,26)	(49,44 – 80,51)		(0,00 – 56,79)

¹ Intervalo de confiança da h², utilizando a expressão de Knapp et al. (1985) ao nível de (p≤0,05). ^{NS}, ^{**}, ^{***} Não significativo, significativo a 1 e 5%, respectivamente.

Constatou-se também a significância da interação progênes x ambientes para os três caracteres, indicando que o comportamento das progênes não foi coincidente nos ambientes avaliados. A interação genótipos por ambientes é frequentemente relatada nos experimentos de avaliação de progênes com a cultura do feijoeiro (CARNEIRO, 2002; COLLICCHIO; RAMALHO; ABREU, 1997; MORETO; RAMALHO; ABREU, 2007).

As estimativas de herdabilidades das análises individuais estão apresentadas nas tabelas 1 apêndice A, 2 apêndice B, 3 apêndice C. Quase todas as estimativas foram superiores a 50%. Já a estimativa de h^2 para a seleção na média das progênes foi de 36,2% para a produtividade, 69,5% para nota de porte e 23,0% para nota de grão (Tabela 3). Na avaliação de progênes, esses valores das estimativas de h^2 são semelhantes à média das estimativas de h^2 , obtidos no levantamento de estimativas de h^2 apresentado por Moreto, Ramalho e Abreu (2007). Menezes Júnior, Ramalho e Abreu (2008) obtiveram estimativas de herdabilidades para notas de porte variando entre 28 a 53% e para notas de grão de 42 a 64%. Outros trabalhos relatam estimativas semelhantes para esses caracteres (COLLICCHIO et al., 1997; CUNHA et al., 2005).

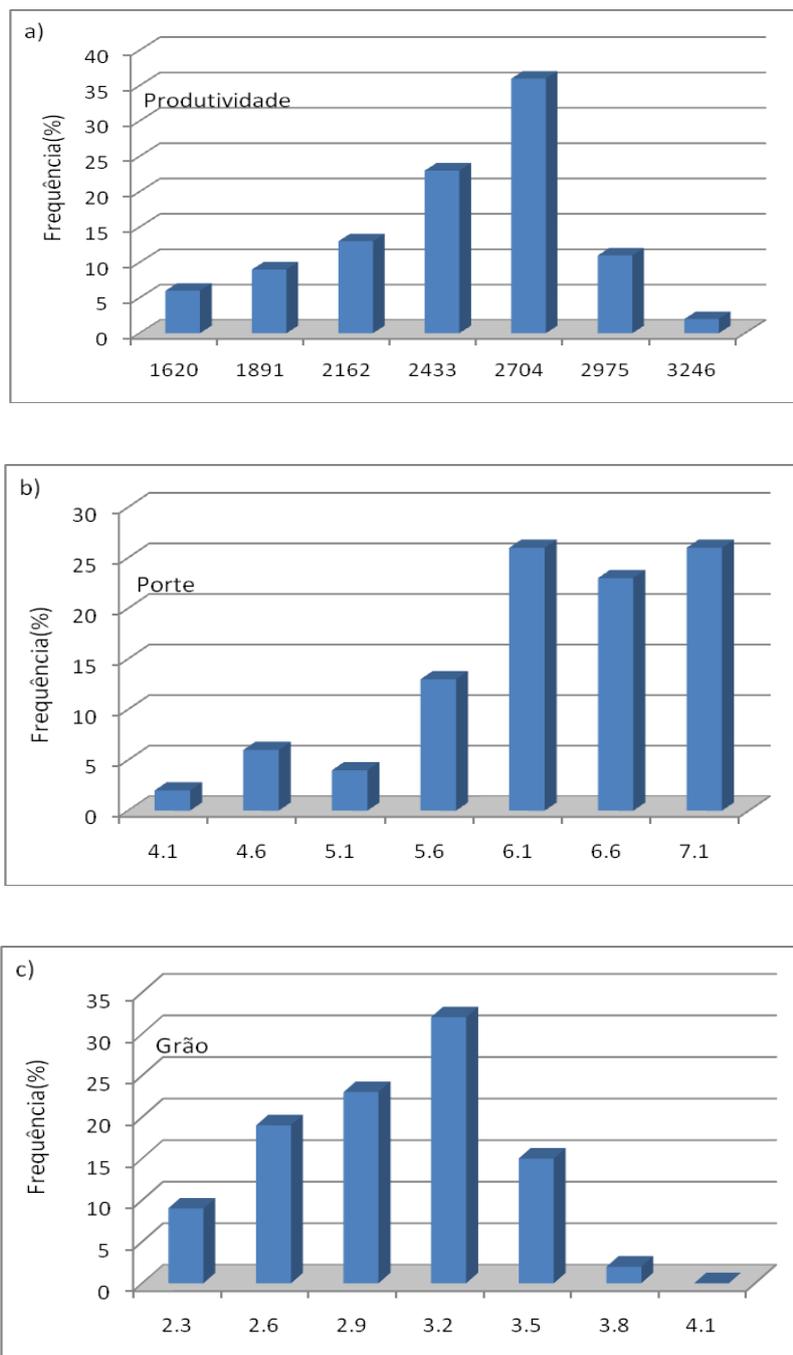


Figura 1 Distribuição de frequência da produtividade de grãos (a), notas de porte (b) e notas para tipo de grão (c) na média das 47 progênes comuns às gerações $F_{4:5}$, $F_{4:6}$ e $F_{4:7}$

Outros trabalhos relatam estimativas semelhantes para esses caracteres (COLLICHIO; RAMALHO; ABREU, 1997; CUNHA; RAMALHO; ABREU,

2005). Essas estimativas de h^2 são a princípio, no sentido amplo. Contudo, quando se considera que a variância genética entre progênies derivadas de plantas da geração F_4 contém $1,75V_A + 7/64V_D$, que nas demais gerações a proporção de V_D é ainda menor (RAMALHO; SANTOS; ZIMMERMANN, 1993) e que a contribuição de V_D para a maioria dos caracteres é normalmente pequena (MORETO; RAMALHO; ABREU, 2007; SANTOS; VENCOVSKY; RAMALHO, 1985), as estimativas de h^2 podem ser considerada no sentido restrito.

Utilizando os dados das 47 progênies comuns a todos os ambientes, foi estimada a herdabilidade realizada (h_R^2) (Tabela 4). Para o porte, os valores foram altos. No caso da produtividade, verificou-se que h_R^2 foi de pequena magnitude envolvendo as progênies $F_{4:5}$ e $F_{4:6}$ e nula nas demais gerações. Estimativas de h_R^2 menor que herdabilidade na geração de referência ocorrem em função da interação das progênies x ambientes. Veja na tabela 5 que as estimativas da variância da interação dos ambientes dois a dois foram de magnitude bem superior à covariância genética entre os dois ambientes, em todos os caracteres avaliados, correspondendo à variância genética entre as progênies e desconsiderando a interação progênies x gerações. Para reforçar essa observação, a correlação genética entre as médias das progênies nos ambientes dois a dois foi de pequena magnitude para a produtividade, evidenciando que a interação contribui para a mudança de classificação das progênies nos ambientes dois a dois (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2004; VENCOVSKY; BARRIGA, 1992).

Em termos percentuais, as estimativas dos ganhos esperados com a seleção apresentaram valores expressivos, especialmente para a produtividade de grãos em todos os ambientes. Esses resultados são consequência da grande variabilidade entre as progênies e a boa precisão com que elas foram avaliadas (Tabela 6).

Tabela 4 Estimativas de herdabilidade realizada (%), considerando a seleção de 15% das melhores progênies em cada safra e resposta na safra seguinte, para o caráter produtividade de grãos e notas de porte e grão

Gerações	F _{4:6}		F _{4:7}		Grão
	Produtividade	Porte	Produtividade	Porte	
F _{4:5}	6,7	66,6	0,0	58,5	-
F _{4:6}	-	-	0,0	32,1	10,4

Estimou-se também a resposta correlacionada na produtividade de grãos pela seleção na nota de porte (Tabela 7). Verifica-se que as estimativas variaram com as gerações. No caso da geração F_{4:5}, o ganho esperado na produtividade pela seleção no porte, embora positiva, foi de pequena magnitude. Nas outras duas gerações, a seleção das plantas mais eretas acarretaram redução na produtividade de grãos. Contudo, comparando-se os resultados das tabelas 6 e 7, verifica-se que a resposta correlacionada foi muito pequena em relação à seleção direta na produtividade de grãos. Segundo Falconer e Mackay (1996), a resposta correlacionada só é expressiva se a herdabilidade do caráter (X) sob seleção for alta, como ocorre com o porte e a herdabilidade do caráter da resposta correlacionada (Y) for baixa. Porém, isto não ocorreu, visto que a h^2 da produtividade de grãos foi de média a alta. Além do mais, é necessário que a correlação genética entre os dois caracteres seja alta, isto é, o produto $r_{G_{XY}} \cdot h_X^2$ deve ser maior que a h_Y^2 . Observou-se também que as estimativas da $r_{G_{XY}}$ (Tabela 8) também foram baixas.

Na literatura, há informações de que a associação entre a nota de porte e a produtividade de grãos é negativa (SILVA, 2009), o que explica os resultados obtidos nas duas últimas gerações. No entanto, há relatos que demonstram ser essa associação de pequena magnitude e que, conseqüentemente, a seleção de plantas eretas não reduzirá a produtividade de grãos (COLLICHIO; RAMALHO; ABREU, 1997; SILVA, 2009). Depreende-se que é possível selecionar plantas eretas e com boa produtividade de grãos, desde que a seleção não seja direcionada apenas para plantas de boa arquitetura.

Tabela 5 Estimativas de covariância genética (COV), variância da interação progênes x ambientes (σ_{PA}^2), correlação genética (r_G) da análise de variância conjunta nos ambientes dois a dois e variância de progênie (σ_p^2) por ambiente, para os caracteres produtividade de grãos e notas para porte

	Produtividade					
	F _{4:5} /F _{4:6}	F _{4:5} / F _{4:7} (Lavras)	F _{4:5} / F _{4:7} (Patos)	F _{4:6} / F _{4:7} (Lavras)	F _{4:6} / F _{4:7} (Patos)	F _{4:7} (Lavras)/ F _{4:7} (Patos)
COV	74134,46	-39169,51	102722,25	-52623,16	36277,96	49807,75
σ_{PA}^2	285790,65	401771,98	290986,26	156199,28	98408,36	93628,64
(σ_{PA}^2 /COV)	3,86	-10,30	2,83	-2,97	2,71	1,88
r_G	0,31	-0,31	0,34	-1,12	0,32	0,84
σ_p^2 - F _{4:5}		655741,91				
σ_p^2 - F _{4:6}		88320,07				
σ_p^2 - F _{4:7} (Lavras)		24931,95				
σ_p^2 - F _{4:7} (Patos)		142566,01				
	Porte					
	F _{4:5} /F _{4:6}	F _{4:5} / F _{4:7} (Lavras)	F _{4:5} / F _{4:7} (Patos)	F _{4:6} / F _{4:7} (Lavras)	F _{4:6} / F _{4:7} (Patos)	F _{4:7} (Lavras)/ F _{4:7} (Patos)
COV	0,40	0,08	0,46	0,03	0,56	0,06
σ_{PA}^2	0,01	0,30	0,60	0,06	0,46	0,93
(σ_{PA}^2 /COV)	0,03	3,68	1,31	1,89	0,82	14,78
r_G	1,27	0,78	0,60	0,43	0,83	0,28
σ_p^2 - F _{4:5}		0,35				
σ_p^2 - F _{4:6}		0,28				
σ_p^2 - F _{4:7} (Lavras)		0,03				
σ_p^2 - F _{4:7} (Patos)		1,62				

Nessa situação, opta-se por realizar a seleção simultânea para os caracteres envolvidos. Nesse trabalho, isso foi feito por meio do uso de índices de seleção. Apenas as 47 progênes comuns -- incluída também a nota de grãos -- foram consideradas no estabelecimento do índice. Foram considerados quatro índices de seleção: o índice clássico (HAZEL, 1943; SMITH, 1936), índice base (WILLIAMS, 1962), soma de postos (MULAMBA; MOCK, 1978) e somatório das variáveis padronizadas (Z).

Tabela 6 Estimativas do ganho esperado com a seleção (%), para as 47 progênes comuns, considerando a seleção das 15% melhores progênes por safra

Gerações	Produtividade	Porte	Grão
F _{4:5}	44,67 ¹	6,61	-
F _{4:6}	16,73	22,04	17,06
F _{4:7 (Lavras)}	20,38	17,80	13,79
F _{4:7 (Patos)}	17,19	22,89	-

¹ Dados em porcentagem da média.

A tabela 9 mostra o número de identificação das sete melhores e piores progênes, considerando os diferentes índices. Veja que a coincidência maior -- como era esperada -- ocorreu entre o Z e o somatório da classificação, ou seja, cinco progênes entre as sete selecionadas. A coincidência do Z com o índice clássico foi muito pequena, apenas uma em sete. Já com o índice base, foi intermediária. Na literatura, há vários trabalhos em que foram comparados índices de seleção em diferentes espécies (GRANETE; CRUZ; PACHECO, 2002; MISSIO et al., 2004; OLIVEIRA et al., 2008; PEDROZO et al., 2009). Todavia, comparações envolvendo o índice Z só foram encontradas em eucalipto (REIS et al., 2010). Nesse último caso, a concordância entre as progênes selecionadas pelo índice clássico com o Z foi superior à deste trabalho. Deve ser enfatizado que o índice clássico produz resultados fidedignos se as estimativas de variâncias e covariâncias genéticas são obtidas sem erro. No caso desses experimentos, as estimativas devem ter apresentado erros medianos e a concordância com o índice foi prejudicada.

Tabela 7 Resposta correlacionada (%) na produtividade de grãos com seleção realizada nas 15% melhores progênes para nota de porte, por safra

F _{4:5}	F _{4:6}	F _{4:7(Lavras)}	F _{4:7(Patos)}
1,03	-2,18	-6,22	-1,79

Tabela 8 Estimativas da correlação genética (r_G), fenotípica (r_F) e ambiental (r_E) entre os caracteres produtividade de grãos e notas de porte, por geração/ambiente

F _{4:5}	Produtividade			F _{4:6}	Produtividade		
	r_G	r_F	r_E		r_G	r_F	r_E
Porte	0,09	-0,08	-0,14	Porte	-0,13	-0,07	0,00

F _{4:7} Lavras	Produtividade			F _{4:7} Patos	Produtividade		
	r_G	r_F	r_E		r_G	r_F	r_E
Porte	-0,37	-0,17	0,09	Porte	-0,08	-0,11	-0,24

Além da facilidade de obtenção, entre outras vantagens, o índice Z oferece a possibilidade de ser estimado por parcela e assim possibilitar a análise de variância. Esse procedimento foi utilizado, sobretudo, para verificar a possível influência da interação progênes x gerações (ambientes) no índice. Nas análises por geração, verificou-se que ocorreu diferença significativa entre as progênes ($P \leq 0,01$). Constatou-se também que as estimativas de h^2 para o índice podem ser consideradas de média a alta, superiores a 50% (Tabela 4A).

Tabela 9 Número de identificação das sete progênes de melhor e pior desempenho, pelos índices: clássico (IC), soma de postos (ISP), base (IB) e somatório das variáveis padronizadas (Z), na média dos ambientes

Classificação	IC	ISP	IB	Z
1	22	30	22	30
2	28	34	34	34
3	11	36	11	35
4	20	6	28	36
5	4	40	30	12
6	34	43	20	6
7	18	20	36	43
⋮	⋮	⋮	⋮	⋮
41	33	42	29	27
42	5	24	13	42
43	7	45	32	22
44	32	7	5	41
45	45	39	45	45
46	13	5	7	39
47	42	29	42	5

Na análise conjunta do índice Z, o efeito de progênie foi novamente significativo ($P \leq 0,01$) (Tabela 10). Na média dos ambientes, a diferença entre as progênes pode também ser observada por meio da distribuição de frequência das estimativas de Z (Figura 2). Valores de Z variaram de 7,5 a 11,1 e considerando que a média geral foi 9,0, a amplitude de variação foi de 40 % do valor da média.

Tabela 10 Resumo da análise de variância conjunta das progênes comuns nas gerações F_{4:6} e F_{4:7} (Lavras) para o índice de seleção obtido por meio do somatório das variáveis padronizadas (Z)

FV	GL	QM
Ambiente	1	0,00 ^{NS}
Progênes	46	3,32 ^{**}
Progênes x ambientes	46	3,90 ^{**}
Erro médio	159	1,91
Média		9,00
CV		15,30
h ²		0,00

Constatou-se também diferença significativa para a interação progênes x ambientes ($P \leq 0,01$), indicando que, com relação ao índice Z, o comportamento das progênes não foi coincidente nos ambientes avaliados. Observe que o quadrado médio da fonte de variação progênes x ambientes foi superior ao quadrado médio da fonte de variação progênes. Isso indica que a variância da interação progênes x ambientes (0,83) foi superior à covariância genética do desempenho das progênes nos dois ambientes (-0,12), valor esse que corresponde à variância genética na análise conjunta sem a interação.

Estimou-se a correlação genética entre as médias das progênes nos dois ambientes e o valor foi próximo de zero ($r_G = -0,39$). Essa pequena estimativa da correlação evidencia a presença da interação progênes x ambientes e que ela deve ser predominantemente complexa (CRUZ; CARNEIRO, 2006; VENCOVSKY; BARRIGA, 1992). Ou seja, não ocorreu coincidência na classificação das progênes nos dois ambientes. Fica evidente que a interação progênes x ambientes dificulta o sucesso da seleção para os três caracteres simultaneamente, quando foram consideradas as duas gerações ao mesmo tempo.

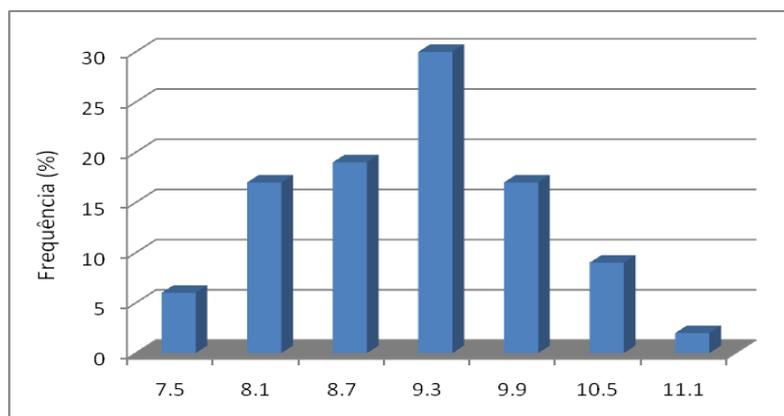


Figura 2 Distribuição de frequência do índice Z obtido pelas progênes considerando a média das gerações $F_{4,6}$ e $F_{4,7}$ em Lavras

A interação progênes x ambientes fica evidenciada quando observa-se a coincidência entre as progênes de melhor desempenho nos dois ambiente (Tabela 11). Pode-se observar que apenas uma progênie entre as superiores (34) e entre as inferiores (39) foram coincidentes nos dois ambientes, confirmando o que já foi citado anteriormente, que a interação genótipos x ambientes altera a classificação das progênes.

Outra vantagem do índice Z é a de que permite verificar, por meio de uma análise gráfica, em quais caracteres a progênie tem alguma deficiência (Figuras 3 e 4). Assim, quando cada caráter é considerado separadamente, pode-se observar que as progênes com maiores valores de Z (30, 34 e 35) apresentam sempre valores superiores à média (linha pontilhada) para todos os caracteres. Veja o desempenho das progênes 45 e 5, que apresentaram os menores valores do índice Z. Isso ocorreu devido ao desempenho inferior para produtividade e tipo de grãos. Já para a progênie 39, a deficiência foi na produtividade de grãos e notas de porte.

Tabela 11 Número das progênies identificadas como de melhor e pior desempenho, pelo índice Z, por ambiente e na média dos ambientes

Classificação	Ambiente 1	Ambiente 2	Média dos ambientes
1	43	30	30
2	10	6	34
3	35	36	35
4	13	12	36
5	1	34	12
6	29	38	6
7	34	15	43
⋮	⋮	⋮	⋮
41	42	39	27
42	11	24	42
43	39	31	22
44	15	46	41
45	41	7	45
46	22	1	39
47	5	29	5

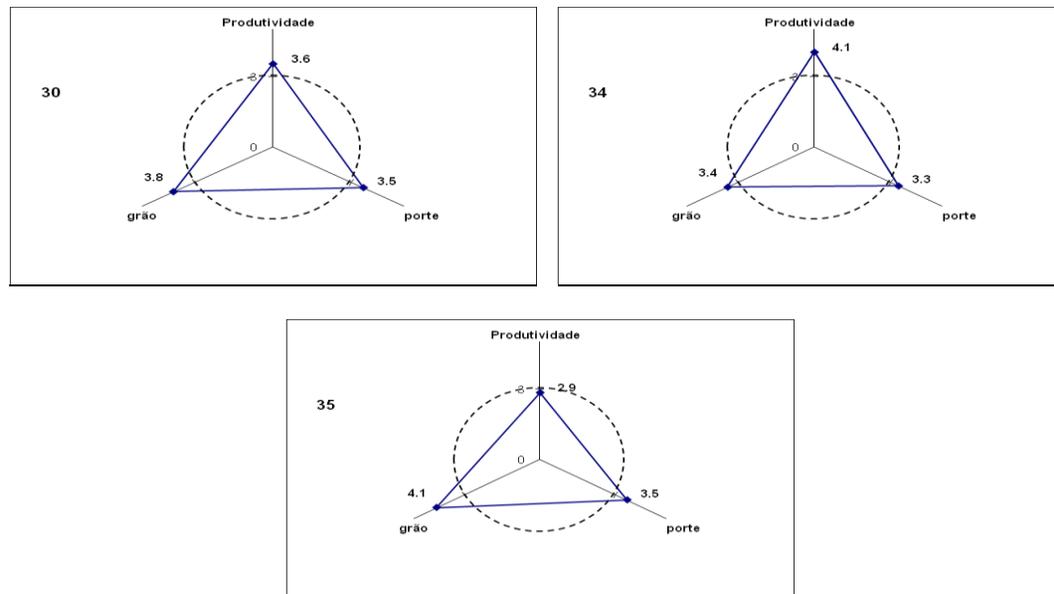


Figura 3 Representação gráfica dos valores padronizados de produtividade de grãos, notas de porte e notas para tipo de grão das progênies que apresentaram maiores estimativas de Z

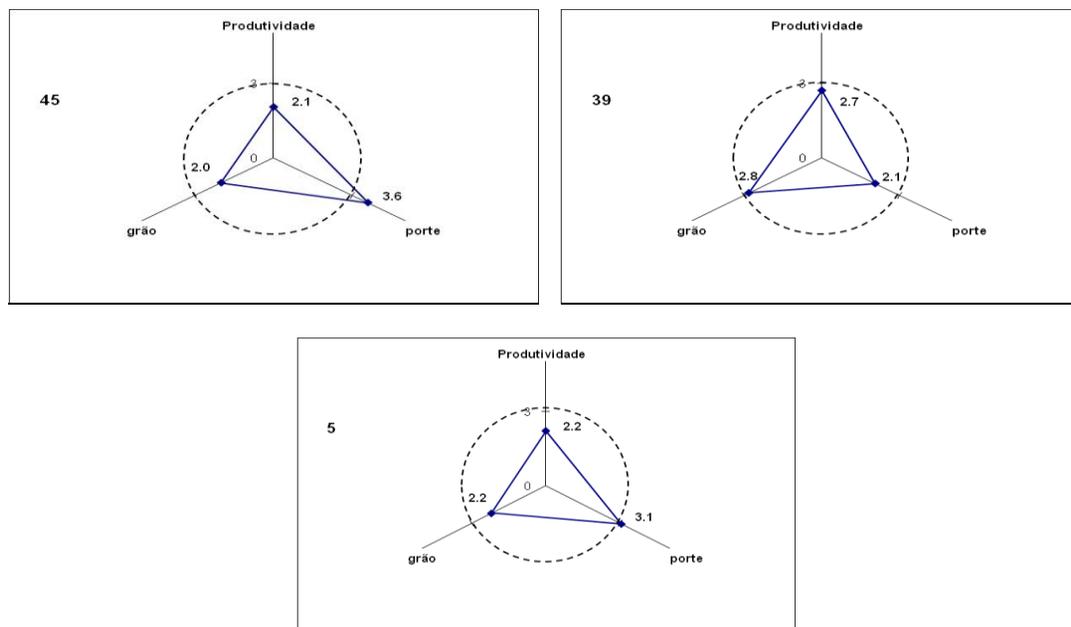


Figura 4 Representação gráfica dos valores padronizados de produtividade de grãos, notas de porte e notas para tipo de grão das progênes que apresentaram menores estimativas de Z

5 CONCLUSÃO

É possível selecionar os caracteres produtividade de grãos, planta ereta e grãos tipo carioca com padrão comercial, utilizando-se o índice de seleção obtido por meio do somatório das variáveis padronizadas (Z).

A interação progênies x ambientes (gerações) reduz o sucesso com a seleção quando os caracteres produtividade de grãos, porte da planta e tipo de grão são considerados simultaneamente. Por ambiente, a herdabilidade para o somatório de Z é alta, superior a 50%. Contudo, na média dos caracteres é nula.

REFERÊNCIAS

- ABREU, A. de F. B. **Predição do potencial genético de populações segregantes de feijoeiro utilizando genitores inter-raciais**. 1997. 80 p. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) - Universidade Federal de Lavras, Lavras, 1997.
- ABREU, A. de F. B.; RAMALHO, M. A. P.; SANTOS, J. B. Seleção de progênies de feijoeiro de porte ereto e resistente a antracnose provenientes do cruzamento das cultivares Carioca 80 x Rio Tibagi. **Revista Brasileira de Genética**, Ribeirão Preto, v. 14, n. 1, p. 83-90, mar. 1990.
- AGGARWAL, V. D.; SINGH, T. P. Genetic variability and interrelation in agronomic traits in kidney-bean (*Phaseolus vulgaris* L.). **The Indian Journal Agricultural Science**, New Delhi, v. 43, n. 9, p. 845-848, Sept. 1973.
- AGUIAR, A. M.; RAMALHO, M. A. P.; MARQUES JÚNIOR, O. G. M. Controle genético do stay green no feijoeiro (*Phaseolus vulgaris* L.). **Revista Ceres**, Viçosa, MG, v. 47, n. 270, p. 155-167, 2000.
- ALLARD, R. W.; BRADSHAW, A. D. Implications of genotype-by-environment interactions in applied plant breeding. **Crop Science**, Madison, v. 4, n. 5, p. 503-508, Sept./Oct. 1964.
- ALVES, G. F.; RAMALHO, M. A. P.; ABREU, A. de F. B. Desempenho de cultivares antigas e modernas de feijão avaliadas em diferentes condições ambientais. **Ciência e Agrotecnologia**, Lavras, v. 25, n. 4, p. 863-870, jul./ago. 2001.
- ASENSIO, S. et al. Environmental influence on cooking time. **Annual Report of the Bean Improvement Cooperative**, Fort Collins, v. 48, p. 44-45, Nov. 2005.
- BALDONI, A. B.; TEIXEIRA, F. F.; SANTOS, J. B. dos. Controle genético de alguns caracteres relacionados à cor da semente de feijão no cruzamento Rozinha x ESAL 693. **Acta Scientiarum**, Maringá, v. 24, n. 5, p. 1427-1431, set./out. 2002.
- BARBOSA, M. H. P.; PINTO, C. A. B. P. Eficiência de índices de seleção na identificação de clones superiores de batata. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 33, n. 2, p. 149-156, fev. 1998.

BASSETT, M. J. A dwarfing gene that reduces seed weight and pod length in common bean. **Journal American Society for Horticultural Science**, Alexandria, v. 107, n. 6, p. 1058-1061, Nov. 1982.

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

_____. _____. **Annual Report of the Bean Improvement Cooperative**, Fort Collins, v. 47, p. 1-24, Nov. 2004.

_____. Tight linkage between the *Fin* locus for plant habit and the *Z* locus for partly colored seedcoat patterns in common bean. **Journal of the American Society for Horticultural Science**, Alexandria, v. 122, n. 5, p. 656-658, Sept. 1997.

BERNARDO, R. **Breeding for quantitative traits in plants**. Woodbury: Stemma, 2002. 368 p.

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

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

CAMPA, A.; PEREZ, E.; FERREIRA, J. J. Linkage relationship between a common bean seed protein and *Fin/fin*, a gene involved in the genetic control of growth habit. **Annual Report of the Bean Improvement Cooperative**, New York, v. 48, p. 36-37, Mar. 2005.

CARGNELUTTI FILHO, A.; STORCK, L. Estatísticas de avaliação da precisão experimental em ensaios de cultivares de milho. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 42, n. 1, p. 17-24, jan. 2007.

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

_____. Interação de genótipos com ambientes. In: _____. **Recursos genéticos e melhoramento**. Rondonópolis: Fundação MT, 2001. p. 201-230.

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

COIMBRA, J. L. M. et al. Reflexos da interação genótipo x ambiente e suas implicações nos ganhos de seleção em genótipos de feijão (*Phaseolus vulgaris* L.). **Ciência Rural**, Santa Maria, v. 29, n. 3, p. 433-439, maio/jun. 1999.

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

COSTA, R. B. et al. Variabilidade genética e estimativas de herdabilidade para o caráter germinação em matrizes de *Hevea brasiliensis*. **Floresta e Ambiente**, Rio de Janeiro, v. 12, n. 1, p. 74-75, 2005.

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

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

CRUZ, C. D.; CASTOLDI, F. Decomposição da interação genótipos x ambientes em partes simples e complexa. **Revista Ceres**, Viçosa, MG, v. 38, n. 211, p. 422-430, 1991.

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

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

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

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

FARIA, A. P. et al. Interação genótipo x ambiente na produtividade de grãos de linhagens e cultivares de feijão. **Acta Scientiarum Agronomy**, Maringá, v. 31, n. 4, p. 579-585, 2009.

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

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

GRANETE, M. J.; CRUZ, C. D.; PACHECO, C. A. P. Predição de genhos genéticos com diferentes índices de seleção no milho pipoc CMS-43. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 37, n. 7, p. 1001-1008, jul. 2002.

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

KANG, M. S.; GAUCH JUNIOR, H. G. **Genotype by environment interaction**. New York: CRC, 1966. 416 p.

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

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

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

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

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

LAMPRECHT, H. Ein gen fur truncate-samen bei *Phaseolus vulgaris*. **Agri Hortique Genetica**, Landskrone, v. 10, n. 1, p. 105-112, 1952.

_____. Genetik von *Phaseolus vulgaris*: VII., zwei weitere gene für die same neigenschaft, *Cor* und *Fast*. **Hereditas**, Lund, v. 19, p. 163-176, 1934.

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

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

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

MACCLEAN, P. E. et al. 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.

MELO, L. C. **Mapeamento de QTL's em feijoeiro, por meio de marcadores RAPD, em diferentes ambientes**. 2000. 186 p. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) - Universidade Federal de Lavras, Lavras, 2000.

MELO, L. C. et al. Interação com ambientes e estabilidade de genótipos de feijoeiro-comum na região Centro-Sul do Brasil. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 42, n. 5, p. 715-723, maio 2007.

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

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

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

MESQUITA, I. A. **Efeito materno na determinação do tamanho da semente do feijão (*Phaseolus vulgaris* L.)**. 1989. 70 f. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas) - Escola Superior de Agricultura de Lavras, Lavras, 1989.

MISSIO, R. F. et al. Seleção simultânea de caracteres em progênies de *Pinus caribaea* Morelet var. *bahamensis*. **Scientia Forestalis**, Piracicaba, n. 66, p. 161-168, dez. 2004.

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

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

NIENHUIS, J.; SINGH, S. P. Genetics of seed yield and its components in common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) of Middle-American origins: I, general combining ability. **Plant Breeding**, Cambridge, v. 101, n. 2, p. 143-154, June 1988.

NORTON, J. B. Inheritance of habit in the common beans. **American Naturalist**, Chicago, v. 49, p. 547-561, 1915.

OLIVEIRA, E. J. de et al. Seleção em progênies de maracujazeiro-amarelo com base em índices multivariados. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 43, n. 11, p. 1543-1549, nov. 2008.

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

PARK, S. O. et al. Mapping of qtl for seed and shape traits in common bean. **Journal of the American Society for Horticultural Science**, Alexandria, v. 125, n. 4, p. 466-475, July 2000.

PAULA, S. R. **Efeito materno associado à capacidade de cozimento do feijoeiro**. 2004. 53 p. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas) - Universidade Federal de Lavras, Lavras, 2004.

PEDROSA, A. et al. Integration of common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) linkage and chromosomal maps. **Theoretical and Applied Genetics**, Berlin, v. 106, n. 2, p. 205-212, Jan. 2003.

PEDROZO, C. A. et al. Eficiência de índices de seleção utilizando a metodologia REML/BLUP no melhoramento da cana-de-açúcar. **Scientia Agraria**, Curitiba, v. 10, n. 1, p. 31-36, 2009.

PETERNELLI, L. A. **Herdabilidades, ganhos devidos à seleção e correlações do rendimento do feijoeiro com seus componentes primários, no monocultivo e no consórcio com o milho**. 1992. 63 f. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas) - Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, MG, 1992.

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

RAMALHO, M. A. P.; ABREU, A. de F. B.; SANTOS, J. B. dos. Genetics progress in common bean after four cycles of recurrent selection. **Annual Report of the Bean Improvement Cooperative**, East Lansing, v. 46, p. 47-48, 2003.

_____. Melhoramento de espécies autógamas. In: _____. **Recursos genéticos e melhoramento**. Rondonópolis: Fundação MT, 2001. p. 201-230.

RAMALHO, M. A. P.; ANDRADE, L. A. B.; TEIXEIRA, N. C. S. Correlações genética e fenotípicas entre caracteres do feijão (*Phaseolus vulgaris* L.). **Ciência e Prática**, Lavras, v. 3, n. 1, p. 63-70, jan./jun. 1979.

RAMALHO, M. A. P.; SANTOS, J. B.; ZIMMERMANN, M. J. O. **Genética quantitativa e plantas autógamas**: aplicações ao melhoramento do feijoeiro. Goiânia: UFG, 1993. 271 p.

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

REIS, C. A. F. et al. Implicações da interação progênie x ambientes na seleção simultânea da vários caracteres no melhoramento do *Eucalyptus*. **Ciência Florestal**, Santa Maria, 2010. No prelo.

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

_____. **Matemática e estatística na análise de experimentos e no melhoramento genético**. Colombo: EMBRAPA Florestas, 2007. 362 p.

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

ROBERTSON, A. **Experimental design on the measurement of heritabilities and genetic correlations: biometrical genetics**. New York: Pergamon, 1959. 186 p.

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

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

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

SANTOS, J. B.; VENCOVSKY, R.; RAMALHO, M. A. P. Controle genético da produção de grãos e seus componentes primários em feijoeiro. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 20, n. 10, p. 1203-1211, out. 1985.

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

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

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

SILVA, N. O. et al. Performance of common bean families after different generations under natural selection. **Genetics and Molecular Biology**, Ribeirão Preto, v. 27, n. 4, p. 574-578, Dec. 2004.

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

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

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

STATISTICAL ANALYSIS SOFTWARE INSTITUTE. **SAS/STAT user's guide**. Version 8. Cary, 2000. Software.

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

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. 577-558, Dec. 1999.

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

VENCOVSKY, R. Herança quantitativa. In: _____. **Melhoramento e produção do milho**. 2. ed. Campinas: Fundação Cargill, 1978. p. 137-214.

_____. Melhoramento do feijoeiro. In: _____. **Melhoramento de plantas cultivadas**. Viçosa, MG: UFV, 2005. p. 201-230.

VENCOVSKY, R.; BARRIGA, P. **Genética biométrica no melhoramento**. Ribeirão Preto: Sociedade Brasileira de Genética, 1992. 496 p.

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

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

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

ZIMMERMANN, M. J. O. et al. A heritability and correlation study and harvest index of common bean in soil crop and intercrop. **Field Crops Research**, Amsterdam, v. 9, n. 1, p. 109-118, Jan. 1984.

APÊNDICE

Tabela 1A Resumo da análise de variância individual, acurácia, herdabilidades e índice de confiança para o caráter produtividade de grãos

FV	F _{4;5}		F _{4;6}		F _{4;7} (Lavras)		F _{4;7} (Patos)	
	GL	QM	GL	QM	GL	QM	GL	QM
Repetição	1	907204,50 ^{NS}	1	764837,12 ^{NS}	2	257929,76 ^{NS}	2	690718,54 ^{NS}
Tratamento	99	1130507,80 ^{**}	99	443641,69 ^{**}	48	1485439,78 ^{**}	48	420575,31 ^{**}
Entre progênies (P)	97	1152940,00 ^{**}	97	448715,00 ^{**}	46	1533347,00 ^{**}	46	434705,00 ^{**}
Entre testemunhas (T)	1	24600,00 ^{NS}	1	10311,00 ^{NS}	1	486667,00 ^{NS}	1	170213,00 ^{NS}
T vs P	1	714097,60 ^{NS}	1	351141,31 ^{NS}	1	170863,86 ^{NS}	1	15652,94 ^{NS}
Erro	81	252394,50	81	264596,46	78	527814,30	78	150213,73
Média		2063,26		1805,28		3489,73		2199,32
F		4,57		1,70		2,91		2,89
Acurácia (%)		88,34		64,17		81,02		80,87
h ² (%)		78,11		41,03		65,58		65,44
Int. de confiança (%)		(66,82 – 85,67) ¹		(6,59 – 61,35)		(41,03 – 79,18)		(40,80 – 79,10)

¹ Intervalo de confiança da h², utilizando a expressão de Knapp et al. (1985) ao nível de (p≤0,05). ^{NS}, ^{**}, ^{**} Não significativo, significativo a 1 e 5% , respectivamente.

Tabela 2B Resumo da análise de variância individual, acurácia, herdabilidades e índice de confiança para o caráter nota de porte

FV	F _{4:5}		F _{4:6}		F _{4:7} (Lavras)		F _{4:7} (Patos)	
	GL	QM	GL	QM	GL	QM	GL	QM
Repetição	1	41,86 ^{**}	1	5,28 [*]	2	1,82 ^{NS}	2	2,07 ^{NS}
Tratamento	99	1,43 [*]	99	2,91 ^{**}	48	3,53 ^{**}	48	4,32 ^{**}
Entre progênie (P)	97	1,41 [*]	97	2,90 ^{**}	46	3,50 ^{**}	46	4,33 ^{**}
Entre testemunhas (T)	1	3,73 ^{NS}	1	7,36 [*]	1	4,88 ^{NS}	1	6,72 ^{**}
T vs P	1	1,03 ^{NS}	1	1,98 ^{NS}	1	0,24 ^{NS}	1	0,07 ^{NS}
Erro	81	0,98	81	1,10	78	1,47	78	0,60
Média		6,02		5,27		5,34		6,86
F		1,44		2,63		2,38		7,22
Acurácia (%)		55,28		78,73		76,15		92,82
h ² (%)		30,50		62,07		58,00		86,14
Int. de confiança (%)		(0,00 – 54,51) ¹		(39,92 – 75,09)		(28,05 – 74,60)		(76,26 – 91,62)

¹ Intervalo de confiança da h², utilizando a expressão de Knapp et al. (1985) ao nível de (p≤0,05). ^{NS}, ^{**}, ^{**} Não significativo, significativo a 1 e 5% , respectivamente.

Tabela 3C Resumo da análise de variância individual, acurácia, herdabilidades e índice de confiança para o caráter nota de grão

FV	F _{4:6}		F _{4:7} (Lavras)	
	GL	QM	GL	QM
Repetição	1	2,10 ^{**}	2	1,81 ^{**}
Tratamento	99	0,72 ^{**}	48	0,64 ^{**}
Entre progênes (P)	97	0,64 ^{**}	46	0,62 ^{**}
Entre testemunhas (T)	1	4,20 ^{**}	1	1,51 [*]
T vs P	1	5,43 ^{**}	1	1,44 [*]
Erro	81	0,23	78	0,34
Média		3,30		2,26
F		2,74		1,73
Acurácia (%)		79,69		64,96
h ² (%)		63,54		42,19
Int. de confiança (%)		(44,74 – 76,14) ¹		(6,58 – 67,02)

¹ Intervalo de confiança da h², utilizando a expressão de Knapp et al. (1985) ao nível de (p≤0,05). NS, **, * Não significativo, significativo a 1 e 5% , respectivamente.

Tabela 4D Resumo da análise de variância individual, acurácia, herdabilidades e índice de confiança para o índice Z

FV	F _{4:6}		F _{4:7} (Lavras)	
	GL	QM	GL	QM
Repetição	1	0,00 ^{NS}	2	0,02 ^{NS}
Tratamento	97	3,73 ^{**}	48	5,90 ^{**}
Entre progênies (P)	95	3,67 ^{**}	46	5,27 ^{**}
Entre testemunhas (T)	1	0,81 ^{NS}	1	5,00 ^{NS}
T vs P	1	8,71 ^{NS}	1	40,28 ^{NS}
Erro	81	1,79	78	2,04
Média		9,00		8,92
F		2,05		2,58
Acurácia (%)		69,84		78,26
h ² (%)		51,23		61,29
Int. de confiança (%)		(27,26 – 68,59) ¹		(33,69 – 76,59)

¹ Intervalo de confiança da h², utilizando a expressão de Knapp et al. (1985) ao nível de (p≤0,05). ^{NS, **} Não significativo, significativo a 1 e 5% , respectivamente.

Tabela 5E Resumo da análise de variância conjunta ambientes dois a dois na médias das 49 progênes comuns, acurácia, herdabilidades e índice de confiança para os caracteres produtividade de grãos e nota de porte

FV	GL	QM					
		Produtividade			Porte		
		F _{4:5} -F _{4:6}	F _{4:5} - F _{4:7} (Lavras)	F _{4:5} -F _{4:7} (Patos)	F _{4:5} -F _{4:6}	F _{4:5} - F _{4:7} (Lavras)	F _{4:5} - F _{4:7} (Patos)
Ambiente(A)	1	1397336,52*	88967001,70**	112595,74 ^{NS}	7,05*	45,97**	24,22**
Progênes(P)	46	1126614,60**	1163745,19**	1393701,91**	2,64**	2,33**	4,41**
P x A	46	830076,78**	1351758,84**	900635,11**	1,06 ^{NS}	1,94 ^{NS}	2,23**
Erro médio	162	258495,48	387506,10	202268,08	1,04	1,22	0,79
Média		2166,98	2881,17	2230,85	6,01	5,75	6,53
F		4,36	3,00	6,89	2,54	1,91	5,56
Acurácia (%)		7,79	81,65	92,46	77,87	69,00	90,56
h ² (%)		26,32	0,00	35,38	59,82	16,75	49,52
Int. Confiança (%)		(0,0 – 58,96) ¹	–	(0,0 – 64,01)	(27,86 – 77,62)	(0,00 – 53,63)	(9,38 – 71,88)

¹ Intervalo de confiança da h², utilizando a expressão de Knapp et al. (1985) ao nível de (p≤0,05). ^{NS, **, *} Não significativo, significativo a 1 e 5%, respectivamente.

Tabela 6F Resumo da análise de variância conjunta ambientes dois a dois na média das 49 progênes comuns, acurácia, herdabilidades e índice de confiança para os caracteres produtividade de grãos e nota de porte

FV	GL	QM						GL	QM	
		F _{4:6} -F _{4:7} (Lavras)			F _{4:6} -F _{4:7} (Patos)				F _{4:7} (Lavras)-F _{4:7} (Patos)	
		Produtividade	Porte	Grão	Produtividade	Porte	Produtividade		Porte	
Ambientes (A)	1	115071675,50**	15,08**	101,98**	920374,87*	61,30**	1	119262028,70**	171,47**	
Progênes (P)	46	516009,29**	2,36**	0,56**	618778,46**	4,64**	46	918746,43**	4,19**	
P x A	46	768600,46**	1,86**	0,43*	444664,25**	1,95**	46	619899,93**	3,82**	
Erro médio	159	393722,19	1,28	0,28	208484,18	0,85	156	339014,02	1,04	
Média		2794,96	5,56	2,97	2144,64	6,34		2858,83	6,08	
F		1,31	1,84	1,97	2,97	5,42		2,71	4,05	
Acurácia		48,65	67,57	70,17	81,44	90,30		79,44	86,78	
h ² (%)		0	21,13	25,35	28,14	57,87		32,53	8,97	
Int. confiança (%)		-	(0,00-56,07)	(0,00-58,42)	(0,00-59,97)	(24,37-6,53)		(0,00-62,42)	(0,00-50,00)	

¹ Intervalo de confiança da h², utilizando a expressão de Knapp et al. (1985) ao nível de (p≤0,05). NS, **, * Não significativo, significativo a 1 e 5%, respectivamente.