

47046

MFN-32982

FRANCISLEI VITTI RAPOSO

COMPARAÇÃO DE MÉTODOS DE CONDUÇÃO DE
POPULAÇÕES SEGREGANTES DE FEIJOEIRO

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

Orientador

Prof. Dr. Magno Antonio Patto Ramalho

BIBLIOTECA CENTRAL - UFLA



47046

LAVRAS
MINAS GERAIS - BRASIL
1999

BIBLIOTECA CENTRAL

UFLA

N.º CLAS.

T635.6523

RAP

N.º REGISTRO

com 47046

DATA

30/08/99

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

Raposo, Francislei Vitti

Comparação de métodos de condução de populações segregantes de feijoeiro /
Francislei Vitti Raposo. -- Lavras : UFLA, 1999.

72 p. : il.

Orientador: Magno Antonio Patto Ramalho

Dissertação (Mestrado) – UFLA.

Bibliografia.

1. Feijão – *Phaseolus vulgaris*. 2. Melhoramento genético. 3. Seleção. 4. Método genealógico – Pedigree. 5. Método populacional – Bulk. 6. SSD - Descendente de uma única semente. 7. Bulk dentro de F₃. 8. Bulk dentro de F₂.
I. Universidade Federal de Lavras. II. Título.

CDD-635.6523

FRANCISLEI VITTI RAPOSO

**COMPARAÇÃO DE MÉTODOS DE CONDUÇÃO DE
POPULAÇÕES SEGREGANTES DE FELJOEIRO**

Dissertação apresentada à Universidade Federal de Lavras, como parte das exigências do curso de Mestrado em Engenharia Agrônômica, área de concentração em Genética e Melhoramento de Plantas, para a obtenção do título de “Mestre”.

APROVADA em 07 de Abril de 1999

Prof. Dr. Aluizio Borém

UFV

Dr^a. Angela de Fátima Barbosa Abreu

EPAMIG



Prof. Dr. Magno Antonio Patto Ramalho

UFLA

(Orientador)

LAVRAS
MINAS GERAIS - BRASIL

Aos meus pais, Francisco e Onorina;

Aos meus irmãos, Fabiana, Fabrício e Flaviane;

À minha sobrinha Mariana;

Aos meus avós, tios e primos;

que com compreensão, amor, carinho e dedicação direcionaram os

caminhos da minha vida e abriram as portas do meu futuro,

iluminando a minha vida com a luz mais brilhante que puderam

encontrar: o estudo.

DEDICO

AGRADECIMENTOS

À Deus pela vida, proteção e por ter permitido mais esta vitória.

À Universidade Federal de Lavras (UFLA) e ao Departamento de Biologia, pela oportunidade de realização do curso de Mestrado.

À Coordenadoria de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior - CAPES, pela concessão da bolsa de estudos.

Ao professor e orientador Magno Antonio Patto Ramalho, pelo incentivo, estímulo, apoio, disponibilidade, paciência e pelos grandes ensinamentos transmitidos durante a realização deste trabalho. Sinto-me premiado, orgulhoso e seguro de que tive uma excelente formação profissional.

Ao Dr. professor e Co-orientador Daniel Furtado, pelo apoio e sugestões que engrandecem esse trabalho.

Ao Dr. Professor Aluizio Borém, pelas valiosas e objetivas informações apresentadas.

À Dr^a pesquisadora Angela de Fátima Barbosa Abreu, pela amizade, apoio, revisão crítica e valiosas informações.

Aos professores e funcionários do Departamento de Biologia, em especial a Dr^a Lisete Chamma Davide, que orientou os meus primeiros passos nesta longa caminhada científica.

À Nayara Soares Assunção pelo apoio, compreensão nos momentos difíceis e pelos bons momentos vivenciados juntos.

Ao Núcleo de Estudos de Genética (GEN), pelo apoio e pelos eventos que contribuíram para a minha formação tanto profissional como pessoal.

Aos colegas do curso de Genética e Melhoramento de Plantas, pelo convívio e amizade.

Aos funcionários da Epamig, (Fazenda Experimental de Patos de Minas) pelo auxílio na condução do experimento.

Aos funcionários da Biblioteca da UFLA, pelo atendimento e atenção dispensada.

A todos que estiveram presentes e que contribuíram, de alguma maneira, para o êxito desse trabalho.

SUMÁRIO

	Página
RESUMO.....	i
ABSTRACT.....	ii
1 INTRODUÇÃO.....	01
2 REFERÊNCIAL TEÓRICO.....	03
2.1 Conjuntos gênicos da cultura do feijoeiro.....	03
2.2 Melhoramento genético do feijoeiro	04
2.2.1 Método genealógico ou “pedigree”.....	11
2.2.2 Método populacional ou “bulk”.....	12
2.2.3 Método descendentes de uma única semente “SSD”.....	14
2.2.4 Método “bulk”dentro de famílias	15
2.3 Comparação entre as metodologias.....	16
3 MATERIAL E MÉTODOS.....	22
3.1 Material genético.....	22
3.2 Locais de condução do experimento.....	22
3.3 Obtenção da população segregante.....	22
3.4 Manejo da cultura.....	23
3.5 Métodos de condução da população segregante.....	23
3.6 Comparação dos métodos.....	25
3.7 Análise dos dados.....	26
3.8 Estimativas de parâmetros genéticos e fenotípicos.....	29
4 RESULTADOS.....	34
5 DISCUSSÃO.....	51
6 CONCLUSÕES.....	59
REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS.....	60
ANEXOS.....	68

RESUMO

RAPOSO, Francislei Vitti. Comparação de métodos de condução de populações segregantes de feijoeiro. Lavras: UFLA, 1999. 72p (Dissertação - Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas)*

A eficiência de cinco métodos de condução de populações segregantes foi comparada na cultura do feijoeiro. Para isso foi utilizada a população segregante do cruzamento entre as cultivares Carioca x Flor de Mayo. Foram comparados os métodos genealógico, populacional ou "bulk", descendentes de uma única semente ou "single seed descent"(SSD), "bulk" dentro de F_3 e "bulk" dentro de F_2 , os quais foram conduzidos conforme o preconizado para cada método. Estes foram avaliados em dois locais, Lavras no Sul de Minas Gerais, e Patos de Minas localizada na região do Alto São Francisco, utilizando o delineamento látice triplo 18 x 18. Foram avaliadas 320 famílias, sendo 64 derivadas de cada um dos métodos, os genitores e mais duas testemunhas. Utilizando os dados de produtividade de grãos (g/parcela), foram obtidas estimativas de parâmetros genéticos e fenotípicos. Os principais critérios utilizados nas comparações foram o desempenho médio das famílias, ganho esperado com diferentes intensidades de seleção e o número de famílias em cada método com desempenho superior a um determinado padrão. Constatou-se que não houve diferenças marcantes entre os métodos, na obtenção de famílias superiores, isto é, se conduzidos corretamente todos os métodos permitem sucesso com a seleção. Considerando contudo, as estimativas dos parâmetros genéticos e fenotípicos, juntamente com a facilidade e flexibilidade de condução, o método do "bulk" e do "SSD" foram os mais vantajosos.

* Comitê Orientador: Magno Antonio Patto Ramalho - UFLA (Orientador)
Daniel Furtado Ferreira (Co-orientador).

ABSTRACT

RAPOSO, Francislei Vitti. Comparisons among methods of conduction of segregant common bean populations. Lavras: UFLA, 1999 72p. (Dissertation – Master in Genetics and Plant Breeding)*

The efficiency of five methods of conduction of segregating populations was compared in bean crop. For this experiment, the segregating population from cross between the cultivars Carioca and Flor de Mayo was used. The methods pedigree, bulk, single seed descent (SSD), F_3 derived bulk and F_2 derived bulk which were conducted as established for each method. These were evaluated in two locations, Lavras in the south of Minas Gerais and in Patos de Minas situated in the Alto São Francisco region. By utilizing a 18 x 18 triple lattice design, 320 families were evaluated, with 64 being derived from each methods, with the parents and two other checks. By utilizing grain yield data (g/plots), estimatives were obtained of genetic and phenotypic parameters. The main criteria utilized in the comparisons were the average performance of the families, the expected response with different selection intensities and the number of families in each method with superior performance to particular pattern. There were no significant differences between the methods in the obtaining of superior families, that is, if correctly conducted all the methods enable success with the selection. Considering the estimatives of the genetic and phenotypic parameteres, together with the ease and flexibility of conduction, the bulk and (SSD) method proved were advantageous.

* Guidance Committee: Magno Antonio Patto Ramalho – UFLA (Major Professor), Daniel Furtado Ferreira.

1 INTRODUÇÃO

O melhoramento genético das plantas está entre as principais contribuições da ciência, para o bem estar da sociedade. Isto porque, contribuiu e continua contribuindo para atender as suas necessidades especialmente, em alimentos e fibras, tanto em quantidade como em qualidade. É estimado que cerca de 50% do aumento da produtividade das principais espécies cultivadas, sejam atribuídas ao melhoramento genético. No futuro a contribuição esperada do melhoramento genético deverá ser ainda maior, para atender a uma população crescente, exigente em qualidade e, principalmente, exigente na redução dos efeitos ambientais, decorrente de insumos agrícolas utilizados na produção de alimentos.

Todas as evidências disponíveis, especialmente a disponibilidade de variabilidade genética, indicam a possibilidade de se continuar tendo sucesso com a seleção de plantas. É evidente contudo, que as diferenças a serem detectadas são cada vez menores exigindo, assim, uma maior eficiência dos programas de melhoramento. Dentre os vários fatores que afetam essa eficiência, está a escolha do método adequado de condução das populações segregantes em plantas autógamas. Os métodos foram propostos no início do século, e algumas modificações ocorreram nas décadas de cinquenta e sessenta (Jensen 1988). De um modo geral, são restritas as inovações introduzidas e, sobretudo, são poucas as comparações entre eles relatadas na literatura.

No caso específico do feijoeiro, as informações a respeito da eficiência dos métodos de condução, são escassas e foram obtidas em outros países (Urrea e Singh, 1994; Ranalli et al., 1996). Considerando que a cultura do feijoeiro tem grande importância social e econômica no Brasil, onde se concentra a maior parte

da produção mundial dessa leguminosa e, sobretudo, devido à escolha do método de seleção ser dependente de fatores ambientais e da disponibilidade de infraestrutura, é importante que seja avaliada a eficiência relativa dos métodos disponíveis sob condições prevaletentes no País. Do exposto, foi realizado o presente trabalho com o objetivo de esclarecer se existe um método de condução de populações segregantes mais eficiente nas condições em que são conduzidos os programas de melhoramento do feijoeiro no estado de Minas Gerais.

2 REFERÊNCIAL TEÓRICO

2.1 Conjuntos gênicos da cultura do feijoeiro

Tendo como referência, principalmente, padrões eletroforéticos de faseolina, acredita-se que o feijão comum possui três centros de domesticação no continente americano, sendo dois centros principais e um terceiro de menor expressão (Singh, Gepts e Debouck, 1991; Gepts e Debouck, 1993). Um deles localiza-se na América Central, principalmente no México e Honduras (Meso-America), onde predomina germoplasma de grãos pequenos (25 g/100 sementes) e faseolina do tipo S. Os outros dois centros de domesticação estão localizados na América do Sul, situado no Sul dos Andes, principalmente no Norte da Argentina e no Sul do Peru, onde surgiram os cultivares de sementes grandes (40 g/100 sementes) e faseolina principalmente do tipo T. O terceiro centro de domesticação situa-se na Colômbia e apresenta germoplasmas com sementes pequenas e com faseolinas S, T e também B, C e H.

Durante o processo de domesticação, por ação da seleção efetuada pelos agricultores, aliado à ampla variação no ambiente de cultivo, no que se refere a fatores climáticos, fertilidade do solo, doenças, pragas e diferentes sistemas de semeadura, permitiu-se que ocorresse uma enorme variabilidade na espécie, principalmente para caracteres morfológicos (Gepts e Debouck, 1993; Debouck e Hidalgo, 1985). Em função dessa diversidade entre e dentro da espécie *P. vulgaris* L. de origem Mesoamericana e Andina, Singh (1993) agrupou o germoplasma em doze conjuntos gênicos e, posteriormente, em seis “raças”, de acordo com variações de características morfológicas, agronômicas, padrões de

faseolina, isoenzimas, além de informações adicionais sobre padrões adaptativos, evolucionários e marcadores moleculares (Tabela 1).

Ficou evidenciado que a maior capacidade de combinação e, em consequência, maior sucesso nos programas de hibridação é esperado em cruzamentos envolvendo linhagens de raças diferentes, (Urrea e Singh, 1995; Singh e Urrea, 1995; Singh, 1995), principalmente em cruzamentos inter-raciais onde um dos genitores é da raça Durango ou Jalisco e o outro, da raça Mesoamericana (Nienhuis e Singh, 1988; Singh, Gepts e Debouck, 1991). É oportuno enfatizar que no Brasil já foram conduzidos alguns trabalhos a esse respeito que, em princípio, comprovaram esses resultados, contudo, por serem linhagens introduzidas, estas são mal adaptadas, o que impossibilita a obtenção de populações segregantes que reünam média alta e grande variabilidade, condições necessárias para se ter sucesso com a seleção.

2.2 Melhoramento genético do feijoeiro

O feijoeiro comum é considerado como uma espécie tipicamente autógama, devido a estimativas da taxa de fecundação cruzada serem inferiores à 5%. Suas flores apresentam anteras deiscetes e a polinização ocorre, por sua vez, no momento ou pouco antes da antese, processo este que caracteriza a cleistogamia na espécie (Marques Júnior e Ramalho, 1995; Ramalho, Santos e Zimmermann, 1993).

Desta maneira, no seu melhoramento, utilizam-se dos métodos que são comuns às plantas autógamas, como a introdução de linhagens e/ou cultivares, a seleção em populações constituídas por uma mistura de linhas puras e o melhoramento por hibridação de duas ou mais linhagens (Fehr, 1987; Fouillox e

TABELA 1- Raças e grupos gênicos do feijão-comum cultivado (adaptado de Singh, 1993)

Origem Raça	Grupo gênico	Cultivares	Sementes		Hábito de crescimento	Ciclo (dias)	Faseo lina	
			Tamanho	Cor				
MESOAMERICANO								
Mesoamérica	1	Brasil 2, Sanilac	pequena	preta, branca, creme	determinado, prostrado ou ereto, tipo I	80	S	
	2	Rio Tibagi	pequena	preta, branca, creme	indeterminado, ereto, tipo II	90	S, B	
	3	Carloca, Mulatinho, Rosinha	pequena	preta, creme, vermelha, rosa, marrom, branca	indeterminado, semitrepador, tipo III	100	S, S _b	
	4	Puebla 152	pequena	preta, vermelha, rosa, creme	indeterminado, trepador, tipo IV	130	S	
	Durango	5	Bayo	média	bege, creme, rosa, branca	indeterminado, semitrepador, tipo III	110	S, S _d
	Jalisco	6	Flor de Mayo, Apetito.	média	bege, creme, rosa, branca preta, vermelha	indeterminado, trepador, tipo IV	140	S
ANDINO								
Nova Granada	7	Calima, Pampadour, Canário	média, grande	vermelha, rosa, creme, branca, bege, amarela	determinado, prostrado, ou ereto, tipo I	90	T	
	8	Antioquia 8, ICA, Tundana, San Martin	média, grande	vermelha, rosa, bege, creme, branca	indeterminado, ereto, tipo II	110	T	
	9	Jalo, Pintado	média, grande	vermelha, bege, creme, rosa, branca	indeterminado, semitrepador, tipo III	90	T	
Chile	10	Tórtola, Bolita	média, grande	creme, rosa, bege, cinza, branca	indeterminado, não ou semitrepador, tipo III	120	C, H	
Peru	11	Overitos	média, grande	vermelha, rosa, bege, creme	indeterminado, trepador, tipo IV	150	C, H	
	12	Cargamanto	média	bege, vermelha, creme, branca	indeterminado, trepador, tipo IV	250	T, C H, A	

Bannerot, 1988). A introdução de linhagens e/ou cultivares de outros programas de melhoramento pode resultar na disponibilidade imediata de tipos geneticamente superiores, à semelhança daqueles desenvolvidos em programas de melhoramento. No caso do feijoeiro, no Brasil, esse método de melhoramento tem sido amplamente utilizado e contribuído com a recomendação de vários cultivares importantes, como é evidenciado na Tabela 2, onde estão apresentados alguns cultivares que foram ou ainda estão sendo recomendados em alguns estados do Brasil (Abreu, 1997; Informativo Anual das Comissões Técnicas Regionais de Feijão, 1997).

Uma das características marcantes dos produtores de feijão, em geral, é a não aquisição de sementes. Eles normalmente reutilizam os grãos colhidos, como sementes, por várias gerações, nas quais devido a cruzamentos naturais, misturas mecânicas e especialmente mutações, observa-se a ocorrência de variabilidade. Assim, estas populações constituem excelentes materiais promissores para a seleção, especialmente pelo fato de já serem adaptados, além de possuírem características desejadas pelo consumidor (Ramalho, Santos e Zimmermann, 1993; Abreu, 1997).

Como estas populações são constituídas por uma mistura de linhas puras, o método é denominado de seleção de linhas puras (Fehr, 1987; Ramalho, Santos e Zimmermann, 1993; Borém, 1997). O seu emprego, até bem pouco tempo, era freqüente no Brasil na cultura do feijoeiro e deu origem a vários cultivares importantes, sendo o principal destaque o cultivar Carioca (Almeida, Leitão Filho e Miyasaka, 1971), que é responsável, já há alguns anos, pela quase totalidade dos grãos dessa leguminosa produzida no País.

O objetivo principal dos programas de melhoramento de plantas autógamas é a obtenção, no final do processo, de linhagens com excelentes performances agrônômicas, ou seja, materiais homozigóticos que possuam em sua

constituição genética o maior número possível de alelos favoráveis. Para reunir em uma única linhagem fenótipos desejáveis que estão em linhagens diferentes, a única alternativa é a hibridação entre elas (Allard, 1971; Fehr, 1987). Este é o processo mais freqüente em todos os programas de melhoramento do feijoeiro que se encontram em andamento.

TABELA 2. Principais cultivares de feijão que foram ou ainda estão sendo recomendadas na região II^L do Brasil. (Abreu, 1997, Informativo anual de comissões técnicas regionais de feijão, 1997).

Cultivar	Ano de recom.	Origem ^{2/}	Grão
Rico-23	1959	Costa Rica	Preto
Manteigão-Fosco 11	1960	UFV	Bege
Carioca	1970	IAC	Carioca
Rio Tibagi	1971	IAPAR	Preto
Carioca 80	1980	IAC	Carioca
Jalo EEP 558	1980	IPEACO	Amarelo
Negrilo-897	1982	CIAT	Preto
Milionário-1723	1983	CIAT	Preto
Rico-1735	1983	CIAT	Preto
ESAL 1	1984	UFLA	Pardo
EMGOPA-201-Ouro	1984	CIAT	Amarelo
Epirarsa-1	1984	EPAMIG	Amarelo
EPABA1	1984	CIAT	Bege
Fortuna	1985	CIAT	Bege
Ricomig	1985	CIAT	Bege
BR 1-Xodó	1985	CIAT	Preto
IAPAR 14	1986	IAPAR	Carioca
FT-120	1986	FT-Pesquisa e Sementes	Preto
EMCAPA 404-Serrano	1989	CIAT	Preta
IAPAR 31	1990	IAPAR	Bege
IAPAR 44	1990	IAPAR	Preto
Diamante Negro	1991	EMBRAPA-Arroz e Feijão	Preto
Ouro Negro	1991	Honduras	Preto
Safira	1991	EMBRAPA Arroz e Feijão	Vermelho

continua...

continuação TABELA 2

Varre-Sai	1991	EMBRAPA Arroz e Feijão	Preto
Carioca MG	1992	UFLA	Carioca
Aporé	1992	EMBRAPA-Arroz e Feijão	Carioca
Roxo 90	1992	UFLA	Roxo
EMCAPA 405-Goytacazes	1992	CIAT	Carioca
IAPAR 57	1992	IAPAR	Carioca
IPA 9	1992	CIAT	Bege
FT-bonito	1992	FT-Pesquisa e Sementes	Carioca
Novo Jalo	1993	EMBRAPA-Arroz e Feijão	Amarelo
Vermelho 2157	1993	CIAT	Vermelho
Ouro Branco	1993	CIAT	Branco
Xamego	1993	EMBRAPA Arroz e Feijão	Preto
Jalo Precoce	1993	EMBRAPA Arroz e Feijão	Bege
Porto Real	1993	FT-Pesquisa e Sementes	Carioca
Meia Noite	1994	CIAT	Preto
Rudá	1994	CIAT	Carioca
Pérola	1994	EMBRAPA-Arroz e Feijão	Carioca
BR-IPA 11- Brígida	1994	CIAT	Carioca
Neguinho	1994	EMCAPA	Preto
IAC-Una	1994	IAC	Preto
IAC-Maravilha	1994	IAC	Preto
IAC-Bico de Ouro	1995	IAC	Creme
IAC-Carioca Pyatã	1995	IAC	Carioca
IAC-Carioca Aruã	1996	IAC	Carioca
IAC-Carioca Akyta	1996	IAC	Carioca

^{1/} Estados da Região II: Mato Grosso, Mato Grosso do Sul, Goiás, Distrito Federal, Tocantins, Rondônia, Acre, Minas Gerais, São Paulo, Rio de Janeiro e Espírito Santo.

^{2/} CIAT-Centro Internacional de Agricultura Tropical; UFV-Universidade Federal de Viçosa; IAC-Instituto Agronômico de Campinas; UFLA-Universidade Federal de Lavras; EMBRAPA-Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária; EPAMIG-Empresa de Pesquisa Agropecuária de Minas Gerais; IAPAR-Instituto Agronômico do Paraná; IPEACO-Instituto de Pesquisa Agropecuária do Centro Oeste.

Uma vez escolhidos os genitores e como eles serão cruzados, para a obtenção da população segregante, o próximo passo é definir o método de condução dessas populações. Nesse contexto, vários métodos de condução de populações segregantes são propostos, métodos estes que constituem a fase mais

crítica, laboriosa e onerosa de um programa de melhoramento (Mallmann et al., 1994; Almeida et al., 1997). Antes da apresentação desses métodos, é importante verificar o que ocorre com uma população segregante nas sucessivas gerações de endogamia e a probabilidade de sucesso na seleção de linhagens superiores em cada geração.

Por meio dos cruzamentos artificiais são obtidas as sementes F_1 , que são heterozigóticas para todos os locos em que os genitores diferem. A cada geração de autofecundação, há a redução de 50% na frequência dos locos em heterozigose. Desta forma na geração F_2 , tem-se que 50% dos locos estarão em heterozigose e 50%, em homozigose. Na F_3 a frequência de heterozigotos passa a ser de 25% e, assim, sucessivamente. O que precisa ser enfatizado é que a probabilidade de selecionar uma linhagem, com todos os alelos favoráveis nas primeiras gerações segregantes é muito pequena, sobretudo, se o caráter é controlado por vários genes. Para ilustrar, considere um caráter controlado por 20 genes, com distribuição independente e, que na geração F_1 , ocorra segregação para todos os locos. Espera-se na F_2 apenas uma planta em $1,099 \times 10^{12}$, contendo todos os alelos favoráveis em homozigose. Considerando 250 mil plantas por hectare (ha), seriam necessários 4.396.000 ha, semeados com a população F_2 . Fica fácil entender que, mesmo considerando este pequeno número de genes, é impossível na F_2 , semear uma população desta magnitude e, mais ainda identificar um indivíduo contendo todos os alelos favoráveis em homozigose.

Contudo, se forem considerados homozigotos e heterozigotos, a probabilidade de ocorrer pelo menos uma planta contendo todos os alelos favoráveis, na F_2 passa a ser de $(3/4)^{20}$, ou seja, 1 indivíduo em 315, o que é uma situação bem favorável.

O problema, no entanto, se agrava ainda mais com o avanço das gerações, devido ao fato da frequência de heterozigotos diminuir e a de homozigotos aumentar. Voltando ao exemplo hipotético, na geração F_3 , a frequência de plantas com os alelos favoráveis, em homozigose e heterozigose, passa a ser $(5/8)^{20}$, cujo valor corresponde a 1 em 12.089 em F_4 , 1 em 99.437 e, em F_5 , 1 em 311.904. Em qualquer método de condução das populações segregantes esses números devem ser considerados, durante o avanço das gerações, pois só assim será possível ter sucesso com a seleção.

Um outro comentário que necessita ser feito é o que ocorre com a variabilidade genética das populações com o avanço das gerações. Maiores informações a esse respeito são encontradas em algumas publicações (Ramalho, Santos e Zimmermann, 1993; Souza Jr., 1989). Em síntese, se for considerada uma população proveniente do cruzamento de duas linhagens, cuja frequência dos alelos nos locos segregantes seja de $1/2$, e ausentes os efeitos epistáticos, tem-se que a variância genética na geração F_2 ($\hat{\sigma}_{GF_2}^2$) contém; a variância aditiva (σ_A^2) e a variância de dominância (σ_D^2), ou seja, $\sigma_G^2 = \sigma_A^2 + \sigma_D^2$. Com as sucessivas autofecundações, aumentam-se a homozigose e a contribuição de σ_A^2 . Já a σ_D^2 diminui, até a geração F_∞ , quando a variância genética entre as linhagens conterà $2\sigma_A^2$ (Tabela 3). Como o ganho com a seleção é função de σ_A^2 , o início da seleção deve ser postergado para se ter maior sucesso. Contudo o incremento na participação da variância aditiva é expressivo até as gerações F_4 e F_5 . A partir daí o aumento na proporção de σ_A^2 não compensa o tempo gasto em avanços adicionais de endogamia sem seleção (Souza Jr., 1989; Souza Jr., 1997).

Como já comentado, vários são os métodos de condução de população segregante propostos e que podem ser utilizados em plantas autógamas. Detalhes sobre esses métodos são encontrados em várias publicações (Ferh, 1987; Borém, 1997; Ramalho, Santos e Zimmermann, 1993). Neste tópico serão feitos alguns comentários sobre esses métodos enfatizando, sobretudo, suas vantagens e desvantagens.

TABELA 3. Componentes da variância genética total, entre e dentro de famílias, para as gerações segregantes de uma planta autógama.

Gerações		F ₂	F ₃	F ₄	F ₅	F ₆	F _∞
Coeficiente de Endogamia		0	1/2	3/4	7/8	15/16	1
Variância genética	σ_A^2	1	3/2	7/4	15/8	31/16	2
Total	σ_D^2	1	3/4	7/16	15/64	31/256	0
Variância genética	σ_A^2	-	1	1	1	1	1
entre famílias	σ_D^2	-	1/4	1/16	1/64	1/256	0
Variância genética	σ_A^2	-	1/2	3/4	7/8	15/16	1
dentro de famílias	σ_D^2	-	1/2	3/8	17/64	30/256	0

2.2.1 Método genealógico ou “pedigree”

O método genealógico foi inicialmente proposto por Hjalman Nilsson, entretanto a primeira descrição completa e detalhada do método foi apresentada por Love (1927). Neste método as plantas fenotipicamente superiores em F₂ são selecionadas visualmente e trilhadas individualmente, obtendo-se as famílias F_{2:3}. Essas são semeadas em linhas e selecionadas as melhores famílias e os indivíduos superiores dentro destas famílias, originando as famílias F_{3:4}. O processo é

repetido nas sucessivas gerações até $F_{5,6}$ ou $F_{6,7}$, quando as famílias, já praticamente homozigóticas, passam a ser avaliadas em experimentos com repetições.

Este método é provavelmente o mais empregado pelos melhoristas de plantas autógamas e apresenta várias vantagens, sendo a principal, a possibilidade de se obter um completo registro da origem da família e assim orientar o processo seletivo. Ou seja, como enfatiza Borém (1997) “ o conhecimento da genealogia dos tipos selecionados permite a maximização da eficiência da seleção. Por exemplo, após as linhagens atingirem elevado grau de homozigose, aquelas que apresentam ancestral comum a uma ou duas gerações anteriores devem ser consideradas geneticamente semelhantes e apenas uma delas deve ser preservada para avaliações futuras”. Esse possui, entretanto, algumas desvantagens: a primeira delas é o grande trabalho envolvido, em semear as famílias em linhas, anotar a genealogia e avaliar visualmente as famílias e indivíduos dentro destas. A principal desvantagem, contudo, é que a seleção é efetuada apenas visualmente. A eficiência dessa seleção tem sido questionada em várias espécies e situações. Na maioria dos casos, ela se mostrou pouco eficiente especialmente para caracteres de baixa herdabilidade (Silva et al., 1994; Cutrim, 1997; Patino e Singh, 1989).

2.2.2 Método populacional ou “bulk”

Outro método de condução de populações segregantes é do “bulk”. Foi proposto por Nilson-Ehle (1908), citado por Borém (1997), e consiste no avanço de populações segregantes basicamente da seguinte maneira: a partir da geração F_2 , as plantas são colhidas em conjunto, sendo suas sementes misturadas, para a semeadura visando à obtenção da geração seguinte. O processo se repete até que

a população alcance suficiente homozigose para a seleção de linhas puras, ou seja, em F_5 ou F_6 , a variância aditiva (σ_A^2) explorada passa a ser 1,88 e 1,94, respectivamente. Abre-se, então, o “bulk”, isto é, as plantas são extraídas individualmente da população, constituindo as famílias, que são avaliadas em experimentos com repetição.

Esse método apresenta algumas desvantagens, sendo a principal delas problemas de perdas de combinações genóticas devido à amostragem. Uma outra desvantagem é o efeito de competição que pode atuar, diminuindo a frequência de plantas com alelos favoráveis para certos caracteres tais como porte ereto e precocidade.

Dentre as vantagens deste método está a simplicidade, a grande economia de mão-de-obra e a facilidade de trabalhar com um grande número de indivíduos, além da possibilidade de poder avançar várias populações ao mesmo tempo.

Uma outra vantagem que merece destaque é que, durante o avanço das gerações, a seleção natural pode atuar contribuindo para a manutenção dos indivíduos mais adaptados, isto é, com maior produção de grãos. Alguns trabalhos já foram realizados e comprovam esse fato. Um trabalho interessante a esse respeito está sendo conduzido com cevada, desde de 1929, proveniente de um dialelo de 28 cultivares, resultando em 387 híbridos F_1 , que foram misturados formando um composto CCII, Allard (1988), relatou um aumento de 2 a 3% por geração.

Na Universidade Federal de Lavras, especificamente na cultura do feijoeiro, Corte, Ramalho e Abreu, 1997, trabalhando com os efeitos da seleção natural sobre seis populações segregantes, após 10 gerações de endogamia, constataram uma flutuação na produtividade média dos grãos (Kg/ha), além de

um ganho genético de 2,5 % por geração. Também observaram diminuição dos tamanhos de grãos e perdas dos genótipos de hábito de crescimento tipo II.

2.2.3 Método descendentes de uma única semente “SSD”

O método “Single Seed Descent” “SSD” foi proposto por Gouden (1939), porém, é freqüentemente creditado a Brim (1966). Consiste na colheita de uma semente de cada planta da geração F_2 , para constituir a próxima geração mas para assegurar a germinação, pode utilizar-se de 2 ou 3 sementes da planta por cova. O processo é assim sucessivamente repetido, para as demais gerações, até que a população alcance suficiente homozigose, quando são obtidas as famílias, em F_5 ou F_6 . Abre-se então o “SSD”, isto é, os indivíduos superiores são extraídos individualmente da população, constituindo famílias, as quais são avaliadas em experimentos com repetição (Fehr, 1987).

Tem como principais vantagens a sua fácil condução, a necessidade de pouca mão de obra e área, além de não necessitar que a população segregante seja conduzida no ambiente similar ao qual o futuro cultivar será recomendado, uma vez que a fase de aumento da homozigose é separada da fase de seleção (Fouilloux e Bannerot, 1988). A sua principal vantagem, que é a rapidez na obtenção da homozigose, é reduzida na cultura do feijoeiro no Brasil, já que é possível o cultivo de até três gerações por ano, a campo (Ramalho, Santos e Zimmermann, 1993; Araújo, et al., 1996).

2.2.4 Método “Bulk” dentro de famílias

O “bulk” dentro de famílias foi proposto inicialmente por Frey (1954), e associa os dois procedimentos padrões da condução das famílias segregantes em

plantas autógamas, isto é, o genealógico e o “bulk”. Com isso espera-se reduzir o efeito de amostragem que é comum no método do “bulk” e reduzir o trabalho do genealógico.

Este método consiste na obtenção de plantas individuais, a partir da população base, onde cada planta originará uma família, sendo que as sementes provenientes de cada família são misturadas e utilizadas para a obtenção da próxima geração de endogamia.

Uma dificuldade encontrada, é em que geração iniciar a avaliação principalmente para caracteres quantitativos, tal como produção de grãos, pois estes são muito influenciados pelo ambiente. Porém vários argumentos têm sido apresentados justificando o início da avaliação já, a partir das gerações F_2 ou F_3 .

Na Universidade Federal de Lavras este método é um dos mais empregados no melhoramento do feijoeiro, contudo é utilizado com algumas diferenças em relação ao procedimento original. Uma destas diferenças é que a abertura do “bulk” é realizada na geração F_2 podendo ser postergada para F_3 . Desta forma a magnitude da σ_A^2 explorada que é de $1 \sigma_A^2$ em F_2 passa para $1,5 \sigma_A^2$ em F_3 , um aumento de 50%, sendo este um dos principais argumentos apresentados para o início da avaliação já a partir desta última geração.

Este procedimento realizado, na Universidade Federal de Lavras possibilita a avaliação dos materiais, baseando-se em resultados experimentais e não em seleção visual. Além disso, os materiais são avaliados em mais anos agrícolas, o que propicia uma maior segurança ao melhorista na seleção, uma vez que esta será baseada na performance média dos materiais, obtida de vários experimentos, o que atenua o efeito da interação genótipos x ambientes (Ramalho, Santos e Zimmermann, 1993).

2.3 Comparação entre as metodologias

A decisão sobre qual método de seleção utilizar nem sempre é uma decisão fácil. Por essa razão alguns trabalhos tem sido realizados visando comparar esses métodos. Basicamente as comparações podem ser realizadas utilizando três procedimentos. O primeiro seria pela comparação dos resultados obtidos por diversos pesquisadores, com os vários métodos de condução. Este é um procedimento que, na maioria dos casos é inviável, uma vez que nas informações disponíveis na literatura, ocorrem variações na intensidade de seleção, na população básica e no tamanho da amostra. O segundo procedimento seria a utilização da genética quantitativa a qual tem fornecido as bases teóricas não só para a comparação de vários métodos, mas também os diferentes modos pelos quais a eficiência de um método pode ser aumentada. Este procedimento vem sendo freqüentemente utilizado em plantas alógamas (Weyhrich et al., 1998). O terceiro seria a aplicação simultânea dos vários métodos de condução de populações segregantes, numa mesma população, em igualdade de condições (Ramalho, 1977; Weyhrich et al., 1998).

Diante dos vários métodos de condução de população segregante e da grande importância para os melhoristas de informações que visem identificar o método adequado, alguns estudos têm sido conduzidos a esse respeito, porém, os resultados não são conclusivos, pois, dependem da espécie, dos recursos à disposição dos melhoristas e das condições climáticas da região.

Comparações entre os métodos "pedigree", "bulk" e "bulk" dentro de F_2 , em soja, foram realizadas por Voigt e Weber (1960). Para cada um dos cinco cruzamentos foram utilizadas 75 sementes F_2 que serviram de base para a condução dos três métodos até a geração F_4 . Na geração F_5 , todas as populações foram avaliadas utilizando 100 famílias. Constataram que o método "bulk"

dentro F_2 foi o que apresentou o melhor desempenho médio e, também, a maior proporção de famílias com performance superior à testemunha.

Em outro experimento de soja, foram comparados os métodos “pedigree”, “bulk” dentro de F_2 e “SSD” (Boerma e Cooper, 1975). Todos os métodos partiram de 4 populações segregantes e foram conduzidos até a geração F_7 , quando foram obtidas as famílias. Não foi detectada nenhuma diferença significativa entre os métodos para o caráter produtividade, cujos parâmetros avaliados foram: a média de todas as famílias obtidas, média das 5 famílias mais produtivas e desempenho da melhor família. Já para a característica precocidade, os métodos “SSD” e “pedigree” foram mais eficientes.

Em trigo os métodos “SSD” e “bulk” foram comparados por Tee e Qualset, (1975), utilizando duas populações segregantes e considerando os caracteres altura das plantas, ciclo, produção e tempo de emborrachamento. As populações foram conduzidas por 4 gerações e, posteriormente, as famílias foram comparadas em experimentos conduzidos em dois locais. Constataram que os métodos não diferiram em termos de manutenção da variabilidade genética nas populações e que, para os caracteres de alta herdabilidade, o método “bulk” foi mais eficiente, no entanto, para os caracteres de baixa herdabilidade o “SSD” se mostrou mais vantajoso.

Ainda em trigo, os métodos de seleção “SSD”, populacional, “bulk” maior e “bulk” menor foram comparados por Cruz et al., (1983), juntamente com o método de melhoramento massal que se caracteriza pela seleção fenotípica de indivíduos da população. Também foi incluído, nessa comparação, o procedimento de arranjo das famílias e ou indivíduos no campo, proposto por Fasoulas (1973), que é denominado de “honeycomb”, em que os indivíduos são dispostos em cova, numa disposição hexagonal, com os vértices equidistantes, onde a seleção é efetuada tendo sempre como referência os vizinhos mais

próximos. Os métodos foram comparados utilizando 16 populações segregantes. Infelizmente, as populações foram avaliadas por apenas uma geração, já que as famílias foram avaliadas em F_3 . Os resultados obtidos para o caráter produtividade indicaram que os métodos “honeycomb” e massal apresentaram melhor desempenho em relação ao populacional, “SSD” e o “bulk” menor. Embora as diferenças não tenham sido grandes, ficou evidente, segundo os pesquisadores, uma pequena superioridade do método “honeycomb”, fato este justificado pela estratificação ambiental que este proporciona.

Em um experimento com finalidade de determinar a eficiência de seis métodos de condução de populações segregantes (controle, “SSD” sem seleção, “SSD” com seleção, genealógico, “bulk”, recorrente parcial), aplicados em seis populações segregantes de trigo, Mallmann et al., (1994) avaliaram o caráter tamanho de grãos em trigo. Constataram que os métodos “pedigree”, “bulk” e seleção recorrente apresentaram a mesma eficiência, resultados estes que já eram esperados dadas as características genéticas do caráter tamanho de grãos. Isso confirma, então, a expectativa de que quando o caráter selecionado é controlado por poucos genes de efeito maior, com alta herdabilidade, não existe a necessidade do enorme esforço e dedicação despendidos pelo melhorista na utilização de outros métodos de condução de populações segregantes, sendo o “bulk” uma excelente alternativa.

Com o interesse em avaliar a performance de duplo-haploídes, em um programa de melhoramento, comparados aos métodos “SSD” e “pedigree”, Inagaki et al., (1998) compararam, em dois locais, as famílias F_6 dos métodos “SSD” e “pedigree”, e as linhagens duplo-haplóides provenientes de três populações segregantes de trigo. Constataram que, em um dos cruzamentos, não ocorreram diferenças significativas entre o duplo-haplóide e o “pedigree”, no entanto nos outros dois cruzamentos, com menor coeficiente de parentesco e uma

grande variação das famílias, foi possível detectar diferenças significativas entre os métodos para a produtividade de grãos, sendo o duplo-haplóide inferior aos dois outros métodos e dentre estes o “SSD” sendo o melhor. Desta forma foi confirmado que o duplo-haplóide é vantajoso, somente em termos de tempo requerido para a obtenção das linhagens, e que é preciso um grande número de plantas duplo-haplóides para se obter os mesmos níveis de avanço genético possibilitado pelo “pedigree”, quando este apresenta grande variabilidade genética.

Recentemente, Singh et al., (1998) compararam dois sistemas de cruzamentos (biparental e múltiplos), em quatro métodos de seleção de famílias na cultura do trigo. Para isso, avaliaram vários caracteres, entre eles a produtividade, de um total de 80 famílias de cada método além das testemunhas, durante dois anos. Na comparação dos métodos de seleção, “pedigree”, “bulk” com seleção, “bulk” sem seleção e “bulk” modificado, observou-se, para a produtividade média, que o método “pedigree” foi superior aos demais sendo acompanhado pelo “bulk” com seleção e pelo “bulk” modificado. Entretanto, a comparação das 10 famílias mais produtivas não revelou nenhuma diferença entre os métodos exceto para o caráter maturidade, já para as 20 e 30 famílias mais produtivas, observaram uma tendência em favor do “bulk” com seleção e do “bulk” modificado. O experimento possibilitou também comparar a eficiência dos métodos com relação à quantidade de área utilizada, custos, além do ganho genético. Nestes fundamentos o “bulk” com seleção foi o método que mais se destacou, evidenciando uma superioridade sobre os demais métodos.

Com o intuito de avaliar a influência dos métodos “pedigree”, “bulk” e “SSD”, na cultura do arroz e em diferentes condições de cultivo (sequeiro e inundado), Mishra, et al., (1994) trabalharam com uma população segregante proveniente do cruzamento entre ARC 10372 x IR36. Os caracteres analisados

foram a produção, grãos por panícula, peso da panícula e índice de colheita, Pode-se concluir que os métodos “bulk” e “SSD” foram superiores ao “pedigree”, na manutenção e obtenção de famílias altamente produtivas.

Comparando os métodos “pedigree” e “SSD” em três populações de caupi Obisesan, (1992), selecionou famílias a partir da geração F₂ adivindas do método “pedigree” e na geração F₇ do “SSD”. As famílias selecionadas de ambos os métodos selecionadas foram comparadas em F₈, em um experimento instalado em 2 locais, utilizando os caracteres: produção de grãos por planta, número de vagens por planta e período de desenvolvimento das vagens. Constatou que, embora ocorressem diferenças na média geral das famílias, nos dois métodos essas foram de pequena magnitude quando se consideraram apenas as 10 melhores famílias em cada método.

Com o objetivo de comparar a eficiência de três métodos de seleção “pedigree”, “bulk” e “SSD” além de um procedimento de arranjo das famílias e/ou indivíduos no campo, denominado (honeycomb), Gill et al., (1995), trabalhando com 3 populações de *Vigna radiata* L., selecionaram 30 famílias de cada método e semearam estas, em um experimento no verão e inverno de 1990, juntamente com as testemunhas. As famílias foram avaliadas em F₅ e F₆ e, com base na média, amplitude das famílias, no número de famílias superiores a melhor testemunha e em 10 % das famílias superiores de todos os cruzamentos, puderam concluir que o arranjo “honeycomb” exibiu uma superioridade sobre os outros, para o caráter produtividade, entretanto, com relação ao melhor método entre os demais, não se constatou nenhuma diferença estatísticas. Contudo, por exigir pouco espaço e energia despendida e, sobretudo, economia de tempo, o “SSD” foi o preferido entre os métodos. Como ressaltam os pesquisadores, a superioridade do honeycomb pode ter sido devido ao fato de se conseguir reduzir substancialmente a influência ambiental na seleção individual.

Trabalhando com uma população inter-racial de feijão, Urrea e Singh (1994), compararam os métodos “bulk” dentro de F_2 , “SSD” e “bulk” em dois ambientes no ano de 1992. Constataram que as diferenças entre as famílias de cada método foram altamente significativas, sendo que a produtividade média das famílias derivadas do “SSD” foram significativamente menores em relação aos demais métodos e o “bulk” dentro de F_2 superior. Segundo os pesquisadores, o “SSD” em condições tropicais não é recomendável, entretanto o baixo desempenho do “SSD” e do “bulk” pode ser atribuído à pequena amostra de 32 famílias utilizadas na comparação e também devido a baixa capacidade de combinação entre os genitores utilizados. /

Mais recentemente também em feijão, os métodos de condução de população segregante “bulk” dentro de F_2 e “SSD” foram comparados por Ranalli et al., (1996). Utilizaram duas populações segregantes de feijão, conduzindo ambos os métodos de acordo com suas características, sendo avaliadas as famílias F_6 do “SSD”, F_5 do “bulk” dentro do F_2 e 6 testemunhas, em dois locais. De acordo com os resultados, o método “SSD” proporcionou famílias que se destacaram em superioridade para ambas as populações. O pequeno espaço e esforço despendido após as sucessivas gerações de endogamia são argumentos fortíssimos para a utilização do “SSD”, entretanto, os pesquisadores não descartam a utilização do “bulk” dentro de F_2 , associado ao “SSD”.

3 MATERIAL E MÉTODOS

3.1 Material genético

Foi utilizada uma população segregante de feijão, proveniente do cruzamento inter-racial entre os genitores Carioca, raça Mesoamericana, conjunto gênico 3, que apresenta sementes pequenas de coloração bege com estrias marrons, hábito de crescimento indeterminado do tipo III e faseolina tipo S, com o cultivar Flor de Mayo, raça Jalisco, conjunto gênico 6, sementes médias de coloração bege com estrias rosas, hábito de crescimento indeterminado tipo IV e faseolina S.

3.2 Locais de condução do experimento

Os experimentos foram conduzidos, no município de Lavras na área experimental do Departamento de Biologia da Universidade Federal de Lavras, localizada na região sul do estado de Minas Gerais, a 910 metros de altitude, 21^o 58' S de latitude e 45^o 22' W de longitude. Já o experimento de comparação de métodos foi instalado em dois locais, Lavras e na Estação Experimental da Empresa de Pesquisa Agropecuária de Minas Gerais (EPAMIG), em Patos de Minas, localizada na região do Alto São Francisco, a 856 metros de altitude, 18^o 35' S de latitude e 46^o 31' de longitude, na safra de julho de 1998.

3.3 Obtenção da população segregante

O cruzamento entre os genitores foi realizado de forma semelhante à descrita por Ramalho, Santos e Zimmermann, (1993). A obtenção da geração F₁,

F₂ e o avanço das gerações foram realizados de acordo com o preconizado para cada método de condução de população segregante.

3.4 Manejo da cultura

Independente do método de condução e da geração, a densidade de semeadura foi sempre de 15 sementes por metro. Foi aplicada uma adubação equivalente a 400 Kg/ha de fertilizante da fórmula 4-14-8 de N, P₂O₅, K₂O na semeadura e 150 Kg/ha de sulfato de amônio em cobertura, 20 dias após a emergência. Nenhum defensivo agrícola foi utilizado, com exceção do inseticida Phorate, o qual foi utilizado no momento da semeadura. Quando houve deficiência hídrica a cultura recebeu irrigação suplementar por aspersão.

3.5 Métodos de condução da população segregante

Foram aplicados os seguintes métodos de condução de populações segregantes, a partir da geração F₂ :

- **Método genealógico ou “pedigree”** - Por ocasião da colheita da geração segregante F₂ , foram obtidas aleatoriamente 121 famílias F_{2,3}, estas foram semeadas em uma linha de dois metros em julho 1997. Após a senescência das plantas, foram selecionadas 20% das melhores famílias e, dentro, 15% dos indivíduos fenotipicamente superiores mantendo, assim, 121 plantas, para constituírem as famílias da geração F_{3,4}. Esse processo foi repetido, originando as famílias F_{4,5} que foram semeadas e avaliadas no delineamento de blocos aumentados, em fevereiro 1998. Nessa avaliação, as parcelas foram constituídas por uma linha de dois metros, sendo os tratamentos regulares formados pelas

famílias segregantes e os tratamentos comuns pelos genitores. Em função do desempenho médio das famílias, foram selecionadas 64 para participarem da etapa de comparação dos métodos.

- **Método da população ou “bulk”** - As plantas da geração F_2 foram colhidas em conjunto, sendo suas sementes misturadas. Uma amostra representativa de aproximadamente 2000 sementes, foi retirada da população para originar a geração seguinte F_3 , semeada em julho de 1997. O processo foi repetido em F_3 , originando a geração F_4 , semeada em novembro de 1997. Por ocasião da colheita desta geração, foram retiradas ao acaso 121 plantas, originando as famílias $F_{4:5}$. A partir daí adotou-se o mesmo procedimento do método genealógico para a identificação das 64 famílias com melhor desempenho.

- **Método descendentes de uma única semente “SSD”** - Uma semente de cada planta da população segregante F_2 foi colhida para constituir a geração F_3 , o mesmo ocorrendo para a geração F_4 , quando aleatoriamente 121 plantas foram extraídas da população, constituindo as famílias $F_{4:5}$ que foram semeadas em fevereiro de 1998, para a avaliação e multiplicação de sementes, da mesma maneira realizada para as famílias $F_{4:5}$ dos métodos genealógico e “bulk”.

- **Método “bulk” dentro de F_3 (“bulk”/ F_3)** - Em outubro de 1997, na colheita do método “bulk”, foram retiradas aleatoriamente 121 plantas, originando as famílias $F_{3:4}$, que foram multiplicadas na safra das águas, novembro de 1997, em um experimento no delineamento de blocos aumentados. Cada família foi colhida individualmente e avançada pelo método do “bulk”. Na geração seguinte, semeada em fevereiro 1998, as famílias $F_{3:5}$ foram conduzidas pelo delineamento em látice simples 10 x 10, sendo as parcelas constituídas de 1

linha de 2 metros. Posteriormente foi realizada a análise dos dados e selecionadas 64 famílias com melhor desempenho para representarem o “bulk”/F₃ no ensaio de comparação.

- Método “bulk” dentro de F₂ (“bulk”/F₂) - 121 plantas da população segregante F₂ foram colhidas individualmente, originando famílias F_{2.3} que foram semeadas em um experimento de blocos aumentados em julho de 1997. Cada família foi colhida individualmente e avançada pelo método do “bulk”, originando as famílias F_{2.4} semeadas em novembro de 1997, no delineamento em látice simples 11 x 11, sendo constituído por 119 famílias segregantes e os genitores. Cada parcela apresentava uma linha de dois metros e o mesmo procedimento foi realizado para a geração F_{2.5}. Posteriormente foram realizadas as análises individuais por geração e a análise conjunta das gerações (F_{2.4} e F_{2.5}), de onde foram selecionadas 64 famílias com melhor desempenho, as quais representaram o método “bulk”/F₂, no experimento de comparação de métodos.

3.6 Comparação dos métodos

Após a obtenção das famílias em cada método, foi instalado o experimento de avaliação das famílias, constituído por 324 tratamentos, sendo 320 famílias segregantes, (64 proveniente de cada método) e mais 4 testemunhas, (os cultivares Carioca, Flor de Mayo, Pérola e CI-140). O experimento foi semeado nos dois locais mencionados, no delineamento em látice triplo 18 x 18, sendo as parcelas constituídas de 2 linhas de 2 metros. Foram obtidos os dados da produção de grãos (g/parcela).

3.7 Análise dos dados

As análises da avaliação das famílias de cada método foram efetuadas e estimados os parâmetros genéticos e fenotípicos, utilizando o procedimento semelhante aos apresentados por Souza (1997), no caso de blocos aumentados, e Rosal (1999), quando o delineamento foi látice.

Na comparação dos métodos, as análises de variância foram efetuadas inicialmente por local, utilizando o seguinte modelo estatístico, considerando todos os efeitos, exceto a média, como aleatórios:

$$Y_{kso} = m + t_k + q_s + b_{o(s)} + e_{o(ks)}$$

em que:

Y_{kso} : valor observado na parcela que recebeu o tratamento k , no bloco o , dentro da repetição s ;

m : média geral;

t_k : efeito do tratamento k ($k = 1, 2, 3, \dots, 324$)

q_s : efeito da repetição s , sendo ($s = 1, 2$ e 3) para F_6

$b_{o(s)}$: efeito do bloco o ($o = 1, 2, \dots, 18$), dentro da repetição s

$e_{o(ks)}$: erro experimental associado a observação Y_{kso}

Na tabela 4, é apresentado o modelo da análise, com decomposição da fonte de variação tratamentos e a respectiva esperança matemática do quadrado médio.

TABELA 4- Esquema de análise de variância para cada local j com as respectivas esperanças dos quadrados médios E(QM).

Fontes de variação	QM	E(QM)
Repetições		
Tratamentos (T)		
Entre famílias (F)	Q_1	$\sigma_e^2 + r\sigma_{G_j}^2$
Entre famílias do método i (genealógico (G), "bulk" (B), "SSD" (S), "bulk"/F ₃ (K), "bulk"/F ₂ (F))	Q_{1i}	$\sigma_e^2 + r\sigma_{G_{ij}}^2$
Entre métodos (M)		
Entre testemunhas (W)		
Test. vs. famílias (A)		
Erro efetivo	Q_2	σ_e^2

r : número de repetições

Posteriormente foi realizada a análise de variância conjunta, utilizando os dados médios ajustados de cada local. O modelo estatístico adotado, considerando todas as fontes de variação como aleatórias, exceto a média, foi:

$$Y_{km} = m + t_k + l_j + (tl)_{kj} + \bar{e}_{kj}$$

em que:

Y_{kj} : produção do tratamento k, no local j;

M : média geral;

t_k : efeito do tratamento k, sendo k = 1, 2, ..., 324

l_j : efeito do local j, sendo j = 1, 2

$(tl)_{kj}$: efeito da interação dos tratamentos k com o local j;

\bar{e}_{kj} : erro efetivo médio.

TABELA 5- Esquema de análise de variância conjunta com as respectivas esperanças dos quadrados médios E(QM), para a produtividade de grãos por parcela do experimento de comparação dos métodos, nos locais de Lavras-MG e Patos de Minas-MG.

Fontes de variação	QM	E(QM)
Blocos/locais		
Locais (L)		
Tratamentos (T)		
Entre famílias (F)	Q_3	$\sigma_e^2 + r\sigma_{LxG}^2 + ar\sigma_G^2$
Entre famílias do método _i (genealógico (G), “bulk” (B), “SSD” (S), “bulk”/F ₃ (K), “bulk”/F ₂ (F))	Q_{3i}	$\sigma_e^2 + r\sigma_{LxG_i}^2 + ar\sigma_{G_i}^2$
Entre métodos (M)		
Entre testemunhas (W)		
Test. vs. famílias (A)		
L x T		
L x F	Q_4	$\sigma_e^2 + r\sigma_{LxG}^2$
L x método _i	Q_{4i}	$\sigma_e^2 + r\sigma_{LxG_i}^2$
L x M		
L x W		
L x A		
Erro efetivo médio	Q_5	σ_e^2

r : número de repetições;

a : número de locais.

3.8 Estimativas de parâmetros genéticos e fenotípicos

A partir das esperanças dos quadrados médios, foram obtidas as estimativas dos componentes de variância de alguns parâmetros genéticos e fenotípicos.

a) Variância genética entre as famílias no local j ($\sigma_{G_j}^2$)

$$\hat{\sigma}_{G_j}^2 = \frac{(Q_1 - Q_2)}{r}$$

b) Variância genética entre as famílias do método i, no local j ($\sigma_{G_{ij}}^2$)

$$\hat{\sigma}_{G_{ij}}^2 = \frac{(Q_{1i} - Q_2)}{r}$$

c) Variância fenotípica entre as médias das famílias no local j ($\sigma_{F_j}^2$)

$$\hat{\sigma}_{F_j}^2 = \frac{Q_1}{r}$$

d) Variância fenotípica entre as médias das famílias do método i, no local j ($\sigma_{F_{ij}}^2$)

$$\hat{\sigma}_{F_{ij}}^2 = \frac{Q_{1i}}{r}$$

e) Variância genética entre as famílias (σ_G^2)

$$\hat{\sigma}_G^2 = \frac{(Q_3 - Q_4)}{r \times a}$$

f) Variância genética entre as famílias do método i ($\sigma_{G_i}^2$)

$$\hat{\sigma}_{G_i}^2 = \frac{(Q_{3i} - Q_{4i})}{r \times a}$$

g) Variância da interação famílias x ambientes ($\sigma_{G \times L}^2$)

$$\hat{\sigma}_{G \times L}^2 = \frac{(Q_4 - Q_5)}{r}$$

h) Variância da interação das famílias do método i x ambientes ($\sigma_{G_i \times L}^2$)

$$\hat{\sigma}_{G_i \times L}^2 = \frac{(Q_{4i} - Q_5)}{r}$$

i) Variância fenotípica entre as médias das famílias (σ_F^2)

$$\hat{\sigma}_F^2 = \frac{Q_3}{r \times a}$$

j) Variância fenotípica entre as médias das famílias do método i ($\sigma_{F_i}^2$)

$$\hat{\sigma}_{F_i}^2 = \frac{Q_{3i}}{r \times a}$$

Posteriormente foram estimados parâmetros genéticos e fenotípicos tais como: a herdabilidade entre médias de famílias, no sentido amplo (\hat{h}_m^2), utilizando a metodologia apresentada por Vencovsky e Barriga (1992):

$$\hat{h}_m^2 = \frac{\hat{\sigma}_G^2}{\hat{\sigma}_F^2} \times 100$$

Também foram obtidos os limites inferiores (LI) e superiores (LS) das estimativas da \hat{h}_m^2 , ao nível de média das famílias, que foram calculados pelas expressões apresentadas por (Knapp, Stroup e Ross, 1985) com confiança de $1 - \alpha = 0,95$, ou seja:

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

em que: Q_1 é o quadrado médio das famílias e Q_2 é o quadrado médio do erro efetivo. Para a análise conjunta, Q_2 é o quadrado médio da interação famílias x ambientes. O valor da Tabela de F é determinado pelo coeficiente de confiança $(1 - \alpha / 2)$ e pelos graus de liberdade g_2 e g_1 .

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

$F_{1 - \alpha/2}$ e $\alpha = 0,05$

$F = 0,975$, é obtido invertendo os GL e tomando o recíproco do valor da Tabela.

Além de estimar as variâncias é muito importante estimar os erros que estão associados a elas. Para isso é necessário obter as estimativas das variâncias das variâncias (Beker, 1987 e Vello e Vencovsky, 1974). A estimativa da variância da estimativa de uma variância genética foi obtida por:

$$\hat{\sigma}_{(\hat{\sigma}_G^2)}^2 = \frac{2}{r^2} \left(\frac{Q_1^2}{g_1 + 2} + \frac{Q_2^2}{g_2 + 2} \right)$$

Também foi possível estimar o coeficiente de variação genético (CVg) e a estimativa do (b) pelas expressões:

$$CV_g = \frac{100 \sqrt{\hat{\sigma}_G^2}}{m} \qquad b = \frac{CV_g}{CV_e}$$

Para elucidar melhor a interação (σ_{GxL}^2), procedeu-se a sua decomposição em simples e complexa. De maneira análoga, também, foi decomposta a interação (σ_{GixL}^2), Vencovsky e Barriga, 1992 pela expressão:

$$\hat{\sigma}_{GxL}^2 = \underbrace{\frac{1}{2}(\sigma_{G1} - \sigma_{G2})^2}_{\text{Parte simples}} + \underbrace{\sigma_{G1}\sigma_{G2}(1 - r_{1,2})}_{\text{Parte complexa}}$$

A correlação genética entre as famílias nos dois ambientes foi fornecida por:

$$r_{1,2} = \frac{C\hat{ov}_{1,2}}{\sqrt{\hat{\sigma}_{G1}^2 \times \hat{\sigma}_{G2}^2}}$$

em que:

$r_{1,2}$: correlação genética entre o desempenho médio das famílias nos ambientes 1 e 2.;

$C\hat{ov}_{1,2}$: covariância genética entre o desempenho médio das famílias nos ambientes 1 e 2.;

$\hat{\sigma}_{G1}^2$: variância genética entre famílias no ambiente 1.;

$\hat{\sigma}_{G2}^2$: variância genética entre famílias no ambiente 2.

Nos casos em que a correlação genética situou-se nos limites de 0 a 0,12 e de 0,78 a 1, foi realizada a decomposição da interação pela expressão proposta por Cruz e Castoldi (1991), ou seja:

$$\hat{\sigma}_{GxL}^2 = \frac{1}{2}(\sigma_{G1} - \sigma_{G2})^2 + k\sigma_{G1}\sigma_{G2} + \sqrt{\sigma_{G1}^2\sigma_{G2}^2(1-r_{1,2})^3}$$

Parte simples

Parte complexa

Sendo $k = 1 - r_{1,2} - \sqrt{(1 - r_{1,2})^3}$

4 RESULTADOS

As análises de variâncias do desempenho das famílias que antecederam a avaliação conjunta dos métodos, são mostradas nas Tabelas (1A a 3A). No caso dos métodos genealógico, “bulk” e “SSD”, as avaliações correspondem à geração F_{4:5}. Vale salientar que, nessas avaliações, foram utilizados o delineamento de blocos aumentados. A precisão avaliada pelo CVe (%) foi relativamente baixa, para as famílias derivadas do “SSD” e genealógico. Nestes casos não foram detectadas diferença significativa entre as famílias avaliadas. Quando se considerou o “bulk”, a precisão foi maior (CVe 15,8%), o que possibilitou que fosse detectada diferença significativa entre as famílias.

Para o “bulk” dentro de F₃, é apresentado o resultado da geração F_{3:5}. Nesse caso a maior disponibilidade de sementes, devido à multiplicação das sementes na geração F_{3:4}, possibilitou o emprego do delineamento de látice simples. Não se constatou eficiência do látice e a precisão experimental avaliada pelo CVe (%) pode ser considerada média. O teste de F para famílias foi significativo ($P \leq 0,01$), (Tabela 2A).

As famílias derivadas do “bulk” dentro de F₂, foram avaliadas nas gerações F_{2:4} e F_{2:5}. O resumo da análise da variância conjunta apresenta coeficiente de variação experimental, com magnitude superior ao observado para as avaliações realizadas nos demais métodos. Contudo, constatou-se diferença ($P \leq 0,01$) entre as famílias, pelo teste de F, (Tabela 3A).

É necessário enfatizar que, em todos os casos, foram escolhidas as 64 famílias que apresentaram melhor desempenho médio, para participarem dos experimentos de comparações de método. Isto é, na decisão sobre quais famílias seriam comparadas, foi utilizado sempre o mesmo critério, a maior produtividade de grãos.

O resumo da análise de variância da produção de grãos (g/parcela), do experimento de comparação de métodos, conduzido em Lavras e em Patos de Minas, é apresentado na Tabela 4A. A eficiência do delineamento em látice, em relação ao delineamento de blocos casualizados, foi de 109,1% em Lavras e 133,9% em Patos de Minas, evidenciando, desta forma, que foi compensador a utilização desse delineamento, especialmente em Patos de Minas.

A precisão experimental foi de magnitude semelhante e possibilitou detectar diferenças significativas entre as famílias nos dois locais ao nível de probabilidade de ($P \leq 0,01$). Na decomposição dessa fonte de variação, constatou-se que, em Lavras, só não foi detectada significância entre as testemunhas e entre os métodos. Esse último resultado indica que, neste local, o desempenho médio das famílias em cada método foi semelhante. Em Patos de Minas, obteve-se resultado para o teste de F, similar ao de Lavras, exceto que foram detectadas diferenças entre os métodos e o contraste testemunhas vs. famílias que, nesse caso, foi não significativo.

A análise conjunta, apresentada na Tabela 6, mostra que ocorreu diferença ($P \leq 0,10$) para a maioria das fontes de variação. Só não foram detectadas diferenças para as comparações entre testemunhas, testemunhas vs. famílias e suas interações com locais, bem como a interação entre famílias do método genealógico x locais.

A estimativa da variância genética ($\hat{\sigma}_G^2$), associada ao valor obtido para a herdabilidade média no sentido amplo ($h_m^2 = 43,60\%$), reforça a observação da existência da variabilidade entre as famílias, desconsiderando o método (Tabela 7). Foi possível observar, também, que o componente de variância da interação famílias x locais correspondeu a 72,6% da estimativa da variância

genética, realçando que o desempenho das famílias não foi coincidente nos dois locais.

TABELA 6. Análise de variância conjunta da produtividade de grãos (g/parcela), do experimento de comparação de métodos de condução de populações segregantes. Lavras-MG e Patos de Minas-MG.

Fontes de variação	GL	QM	Prob.
Locais (L)	1	1099960,72	0,000
Tratamentos (T)	323	26711,82	0,000
Entre famílias (F)	319	26883,35	0,000
Entre famílias do genealógico (G)	63	20581,89	0,000
Entre famílias do "bulk" (B)	63	27036,51	0,000
Entre famílias do "SSD" (S)	63	36822,27	0,000
Entre famílias do "bulk"/F ₃ (K)	63	20876,07	0,000
Entre famílias do "bulk"/F ₂ (F)	63	26868,23	0,000
Entre métodos (M)	4	62033,47	0,000
Entre testemunhas (W)	3	10228,22	0,42
Test. vs. famílias (A)	1	23205,64	0,14
L x T	323	15152,16	0,000
L x F	319	15234,99	0,000
L x G	63	11907,46	0,297
L x B	63	19636,56	0,000
L x S	63	14303,15	0,055
L x K	63	15806,24	0,013
L x F	63	13985,96	0,072
L x M	4	23670,77	0,070
L x W	3	1535,91	0,940
L x A	1	218,54	0,880
Erro efetivo médio	1292	10894,78	
Total	1943		
Média		603,12	
CV(%)		17,30	
\hat{h}_m (%)		43,60	

Visando a elucidar melhor a implicação dessa interação no trabalho dos melhoristas, procedeu-se a sua decomposição, tendo sido constatado que praticamente toda a estimativa foi de natureza complexa. Esse resultado é em parte explicado, considerando que a estimativa da correlação genética do desempenho médio das famílias nos dois locais foi inferior a 0,6 (Tabela 7).

As estimativas dos parâmetros genéticos e fenotípicos, independente dos locais, envolvendo as famílias de cada método de seleção, são apresentadas na Tabela 8. Constatou-se que a maior estimativa da variância genética entre as famílias ($\hat{\sigma}_G^2$), foi observada no "SSD" e a menor, no "bulk"/F₃. A mesma observação é válida para a estimativa da herdabilidade no sentido amplo.

TABELA 7. Estimativas dos componentes de variância genética ($\hat{\sigma}_G^2$), variância fenotípica ($\hat{\sigma}_F^2$), variância da interação locais x famílias ($\hat{\sigma}_{GxL}^2$), herdabilidade (h_m^2) e correlação genética (r_G), do caráter produtividade de grãos (g/parcela), do experimento de comparação de métodos.

	Estimativas					INTERAÇÃO		
	$\hat{\sigma}_G^2$	$\hat{\sigma}_{GxL}^2$	$\hat{\sigma}_F^2$	$\hat{\sigma}_{GxL}^2 / \hat{\sigma}_G^2$ ¹	\hat{h}_m^2	r_G	Simplex	Complexa
conjunta	1955,2	1419,1	4480,5	72,6%	43,6%	0,57	11,12 (0,78%)	1410,52 (99,22%)

¹ relação em porcentagem da estimativa da variância da interação pela variância genética

Chama a atenção o fato de que, no caso dos métodos "bulk" e "bulk"/F₃, o limite inferior de h_m^2 foi negativo, indicando que há possibilidade do verdadeiro

valor de h_m^2 ser nulo. Como era esperado, as estimativas do coeficiente de variação genético e a relação entre o coeficiente de variação genético e o ambiental (estimativa de b) foram concordantes com as observações anteriores.

Foi estudado também o efeito da interação famílias x locais para cada método de seleção (Tabelas 7 e 8). Constata-se que a relação da estimativa da variância da interação pela variância genética entre as famílias oscilou de 23,4%, no método genealógico, a 236,4%, no "bulk". A decomposição do componente de variação da interação ($\hat{\sigma}_{GxL}^2$), dos diferentes métodos nas suas partes simples e complexa, juntamente com a correlação genética, são apresentadas na Tabela 9. Novamente houve predominância da parte complexa, no caso da interação famílias x locais, envolvendo os métodos "bulk", "bulk"/F₃ e "bulk"/F₂. Coerentemente com essa observação, as estimativas da correlação genética do desempenho das famílias nos locais, dentro de cada método, foram de menor magnitude nos métodos "bulk", "bulk"/F₃ e "bulk"/F₂.

Os resultados médios, estão mostrados nas distribuições de frequência apresentadas na Figura 1. Destaca-se o fato de que o desempenho médio das famílias, dentro de cada método, foi semelhante, exceto no caso do genealógico, cuja média foi 4,5% inferior à média obtida nos demais métodos.

Considerando que a interação famílias x locais foi expressiva (Tabela 7), maior ênfase na apresentação dos resultados será fornecida por local. A existência de variabilidade entre as famílias nos diferentes métodos, em cada local, é constatada pelas estimativas dos parâmetros genéticos e fenotípicos (Tabelas 10, 11 e 12). Embora seja difícil fazer qualquer inferência, a partir das diferentes magnitudes da estimativas da variância genética, pode-se inferir pelos erros associados que elas foram diferentes de zero em todos os casos.

TABELA 8. Estimativas da variância genética ($\hat{\sigma}_G^2$), variância fenotípica ($\hat{\sigma}_F^2$), variância da interação locais x tratamentos ($\hat{\sigma}_{GxL}^2$), erros associados à variância genética ($\hat{s}_{\hat{\sigma}_G^2}$) herdabilidade (\hat{h}_m^2), coeficiente de variação genético (CVg) e (b), obtidos a partir da análise conjunta da produtividade de grãos (g/parcela) dos dois locais.

Estimativas	Métodos				
	Genealógico	“bulk”	“SSD”	“bulk”/F ₃	“bulk”/F ₂
$\hat{\sigma}_G^2$	1445,72	1233,33	3753,18	844,97	2147,05
$\hat{s}_{\hat{\sigma}_G^2}$	± 1245,4	± 1612,8	± 2179,9	± 1262,4	± 3401,22
$\hat{\sigma}_F^2$	3430,30	4506,09	6137,04	3479,35	4478,04
$\hat{\sigma}_{GxL}^2$	337,56	2913,92	1136,12	1637,15	1030,39
$\hat{\sigma}_{GxL}^2 / \hat{\sigma}_G^2$ (%)	23,34	236,26	30,27	193,75	47,90
\hat{h}_m^2 (%)	42,10	27,30	61,00	24,28	47,90
LI ¹ (%)	4,00	-19,50	36,00	-24,60	14,30
LS ² (%)	64,80	55,80	76,40	54,00	68,30
CVg (%)	6,54	5,80	10,02	4,80	8,57
b	0,36	0,33	0,59	0,27	0,50

¹ Limite inferior da estimativa da herdabilidade; ² Limite superior da estimativa da herdabilidade

As estimativas da herdabilidade, no sentido amplo, permitem a comparação da variabilidade genética liberada entre as famílias nos diferentes métodos. Neste contexto, observa-se que as maiores estimativas foram obtidas entre as famílias do “bulk”, “bulk”/F₂ e “SSD”, em Lavras (Tabela 11), e no

“bulk” e “SSD” em Patos de Minas (Tabela 12). Chama a atenção o fato de que, exceto no caso do genealógico, em Patos de Minas, o limite inferior da estimativa de h_m^2 foi positivo, indicando também que a h_m^2 foi diferente de zero.

TABELA 9. Correlação genética das famílias de cada método de condução nos dois locais e a decomposição da interação locais x famílias nas suas partes simples e complexa.

	Métodos				
	Genealógico	“bulk”	“SSD”	“bulk”/F ₃	“bulk”/F ₂
Correlação genética	0,81	0,30	0,79	0,34	0,68
-----	-----	-----	-----	-----	-----
Simple	191,98	3,39	699,03	14,41	43,54
Interação	(56,53%)	(0,12%)	(60,58%)	(0,88%)	(4,16%)
-----	-----	-----	-----	-----	-----
Complexa	147,61	2900,66	454,97	1623,52	1002,84
	(43,47%)	(99,88%)	(39,42%)	(99,12%)	(95,84%)

Deve ser salientado que, quando se estimaram os parâmetros genéticos e fenotípicos com as famílias oriundas do “bulk”, independente do local (Tabela 8), as suas estimativas foram bem inferiores às relatadas para os locais individualmente. Isso ocorreu devido ao efeito pronunciado da interação famílias x locais para esse método, como já comentando (Tabela 9).

Um outro parâmetro que possibilita a comparação da variabilidade existente entre as famílias dos diferentes métodos é a estimativa do coeficiente de variação genético (CVg), ou seja, a medida do desvio genético em relação à média. Houve boa concordância entre a estimativa do CVg com a herdabilidade,

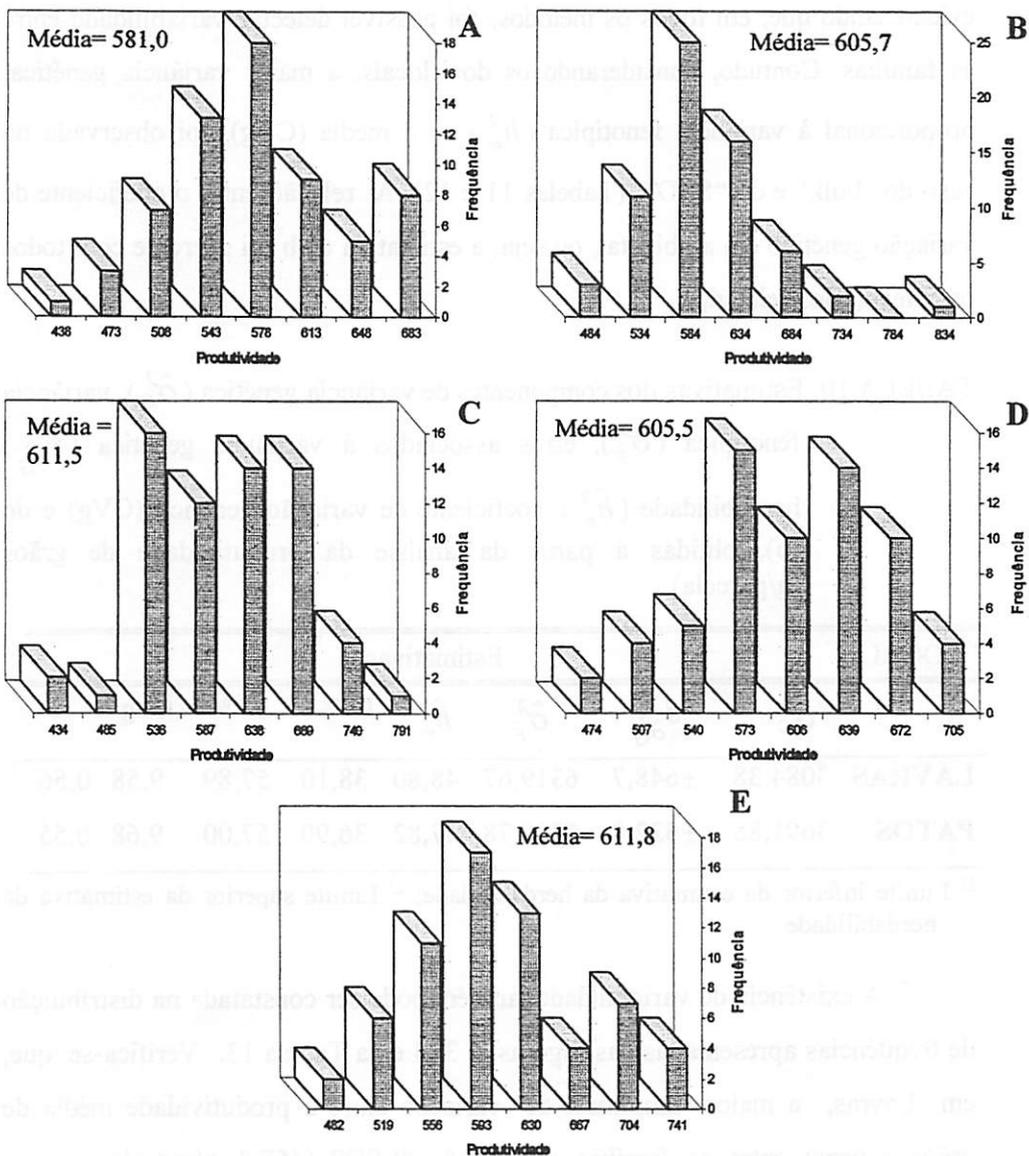


FIGURA 1. Distribuição de frequência da produtividade geral de grãos (g/parcela) dos experimentos de comparação de métodos. (A)-Genealógico; (B)-“bulk”; (C)-“SSD”; (D)- “bulk”/F₃; (E)- “bulk”/F₂

evidenciando que, em todos os métodos, foi possível detectar variabilidade entre as famílias. Contudo, considerando os dois locais, a maior variância genética, proporcional à variância fenotípica (h_m^2) ou à média (CVg), foi observada no caso do “bulk” e do “SSD”, (Tabelas 11 e 12). A relação entre o coeficiente de variação genético e o ambiental, ou seja, a estimativa de b foi coerente com todos os comentários relatados.

TABELA 10. Estimativas dos componentes de variância genética ($\hat{\sigma}_G^2$), variância fenotípica ($\hat{\sigma}_F^2$), erros associados à variância genética ($\hat{s}_{\hat{\sigma}_G^2}$), herdabilidade (\hat{h}_m^2), coeficiente de variação genético (CVg) e do (b), obtidas a partir da análise da produtividade de grãos (g/parcela).

LOCAL	Estimativas							
	$\hat{\sigma}_G^2$	$\hat{s}_{\hat{\sigma}_G^2}$	$\hat{\sigma}_F^2$	\hat{h}_m^2	LI % ¹	LS % ²	CVg %	b
LAVRAS	3084,38	±648,7	6319,67	48,80	38,10	57,89	9,58	0,56
PATOS	3691,88	±532,8	7719,78	47,82	36,90	57,00	9,68	0,55

¹ Limite inferior da estimativa da herdabilidade; ² Limite superior da estimativa da herdabilidade

A existência de variabilidade também pode ser constatada na distribuição de frequências apresentadas nas Figuras 2, 3, 4 e na Tabela 13. Verifica-se que, em Lavras, a maior amplitude de variação entre a produtividade média de grãos ocorreu entre as famílias do método “SSD” (457,3 g/parcela), o que corresponde a 78,7% da média, enquanto no experimento de Patos de Minas, a maior amplitude foi encontrada no método “bulk” (520,8 g/parcela), correspondendo a 82,6% da média. Destaque, novamente para o fato de que, em Lavras, a produtividade média das famílias em cada método não diferiu,

porém, em Patos de Minas a média das famílias do método genealógico foi inferior às demais.

TABELA 11. Estimativas de variância genética ($\hat{\sigma}_G^2$), variância fenotípica ($\hat{\sigma}_F^2$), erros associados à variância genética ($\hat{s}_{\hat{\sigma}_G^2}$) herdabilidade (\hat{h}_m^2), coeficiente de variação genético (CVg) e (b), obtidas a partir da análise da produtividade de grãos em g/parcela. Lavras-MG.

Estimativas	Métodos				
	Genealógico	“bulk”	“SSD”	“bulk”/F ₃	“bulk”/F ₂
$\hat{\sigma}_G^2$	1725,08	4314,85	3642,90	2214,88	3701,78
$\hat{s}_{\hat{\sigma}_G^2}$	± 1006,1	±1417,5	± 1308,3	±1081,1	±1317,7
$\hat{\sigma}_F^2$	4960,37	7550,15	6878,19	5450,17	6937,07
\hat{h}_m^2 (%)	34,77	57,15	52,96	40,64	53,36
LI ¹ (%)	1,20	35,09	28,75	10,08	29,35
LS ² (%)	58,26	72,58	69,90	62,20	70,15
CVg (%)	7,29	11,31	10,38	8,19	10,33
B	0,42	0,66	0,61	0,48	0,62

¹ Limite inferior da estimativa da herdabilidade; ² Limite superior da estimativa da herdabilidade

Visando a comparar a eficiência dos diferentes métodos, foi obtida a produtividade média de grãos das 5, 10 ou 20 famílias mais produtivas (Tabela 14), ou menos produtivas (Tabela 15) de cada método. Em Lavras, quando se consideraram as famílias mais produtivas, só foram detectadas diferenças significativas ($P \leq 0,10$) quando foram consideradas as 20 melhores famílias de

cada método. Nesse caso, o método genealógico e o “bulk”/F₃ foram inferiores aos demais. Quando foi efetuada a seleção visando à redução na produtividade (Tabela 15) não se detectou diferenças significativas entre os métodos em ambos os locais.

TABELA 12. Estimativas dos componentes de variância genética ($\hat{\sigma}_G^2$), variância fenotípica ($\hat{\sigma}_F^2$), erros associados à variância genética ($\hat{s}_{\sigma_G^2}$) herdabilidade (\hat{h}_m^2), coeficiente de variação genético (CVg) e (b), obtidas da análise da produtividade de grãos (g/parcela). Patos de Minas-MG.

Estimativas	Métodos				
	Genealógico	“bulk”	“SSD”	“bulk”/F ₃	“bulk”/F ₂
$\hat{\sigma}_G^2$	1841,49	3979,66	6135,71	2749,38	2653,10
$\hat{s}_{\sigma_G^2}$	± 1146,5	± 1492,3	± 1853,3	± 1291,7	± 1275,9
$\hat{\sigma}_F^2$	5869,39	8007,56	10163,61	6777,27	6681,00
\hat{h}_m^2 (%)	31,37	49,69	60,37	40,56	39,71
LI ¹ (%)	-3,90	23,80	39,97	9,97	8,68
LS ² (%)	56,08	67,81	74,64	61,97	61,42
CVg (%)	7,24	10,00	12,20	8,23	8,11
b	0,39	0,57	0,71	0,48	0,47

¹ Limite inferior da estimativa da herdabilidade; ² Limite superior da estimativa da herdabilidade

Um outro critério que pode ser utilizado para a comparação da eficiência dos diferentes métodos é o número de famílias cujo desempenho médio supera, em valores absolutos, a média de um padrão previamente escolhido. Na Tabela 16,

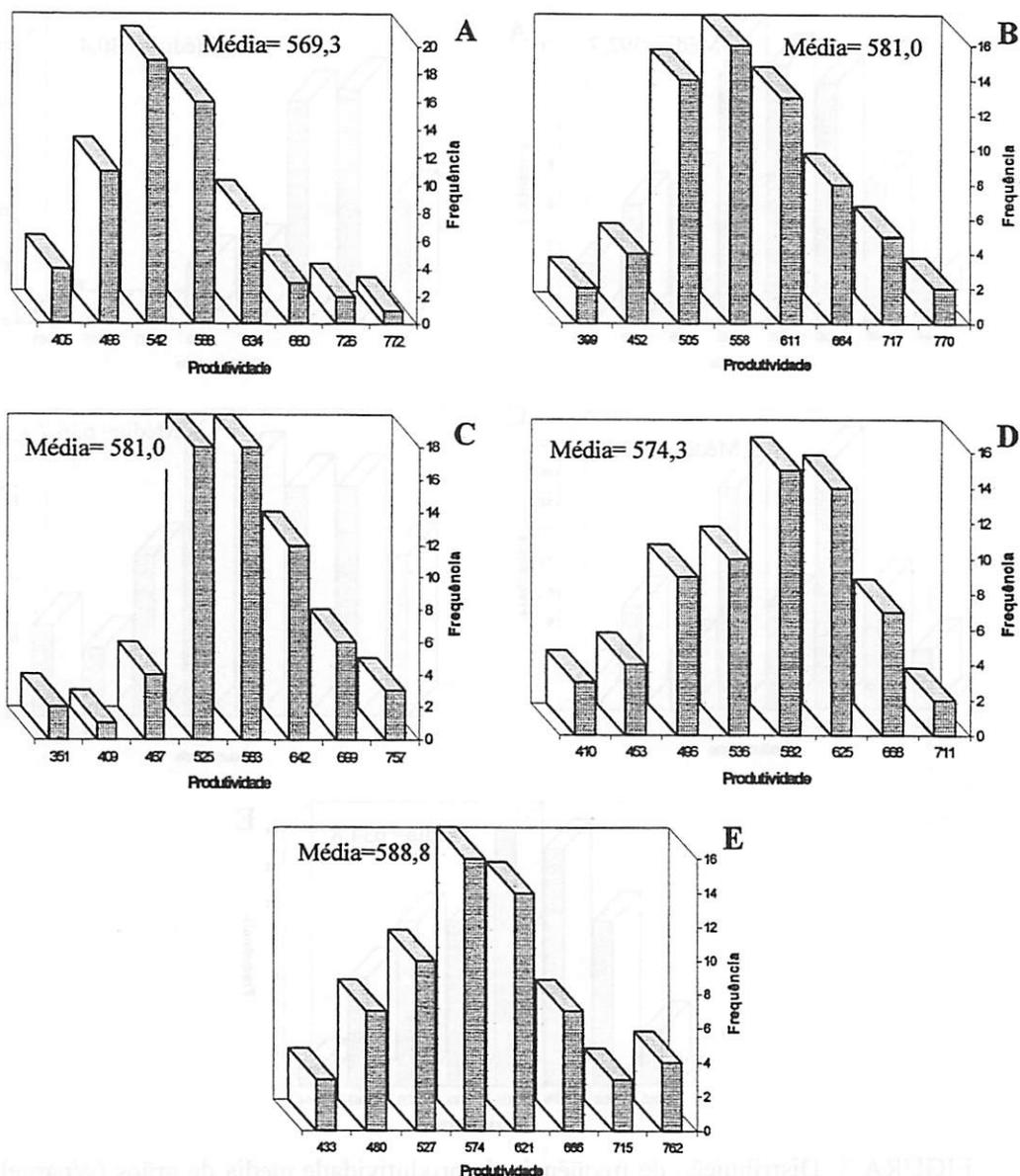


FIGURA 2. Distribuição de freqüência da produtividade média de grãos (g/parcela) do experimento de comparação de métodos. Lavras-MG. (A)-Genealógico; (B)-“bulk”; (C)-“SSD”; (D)-“bulk”/F₃; (E)-“bulk”/F₂.

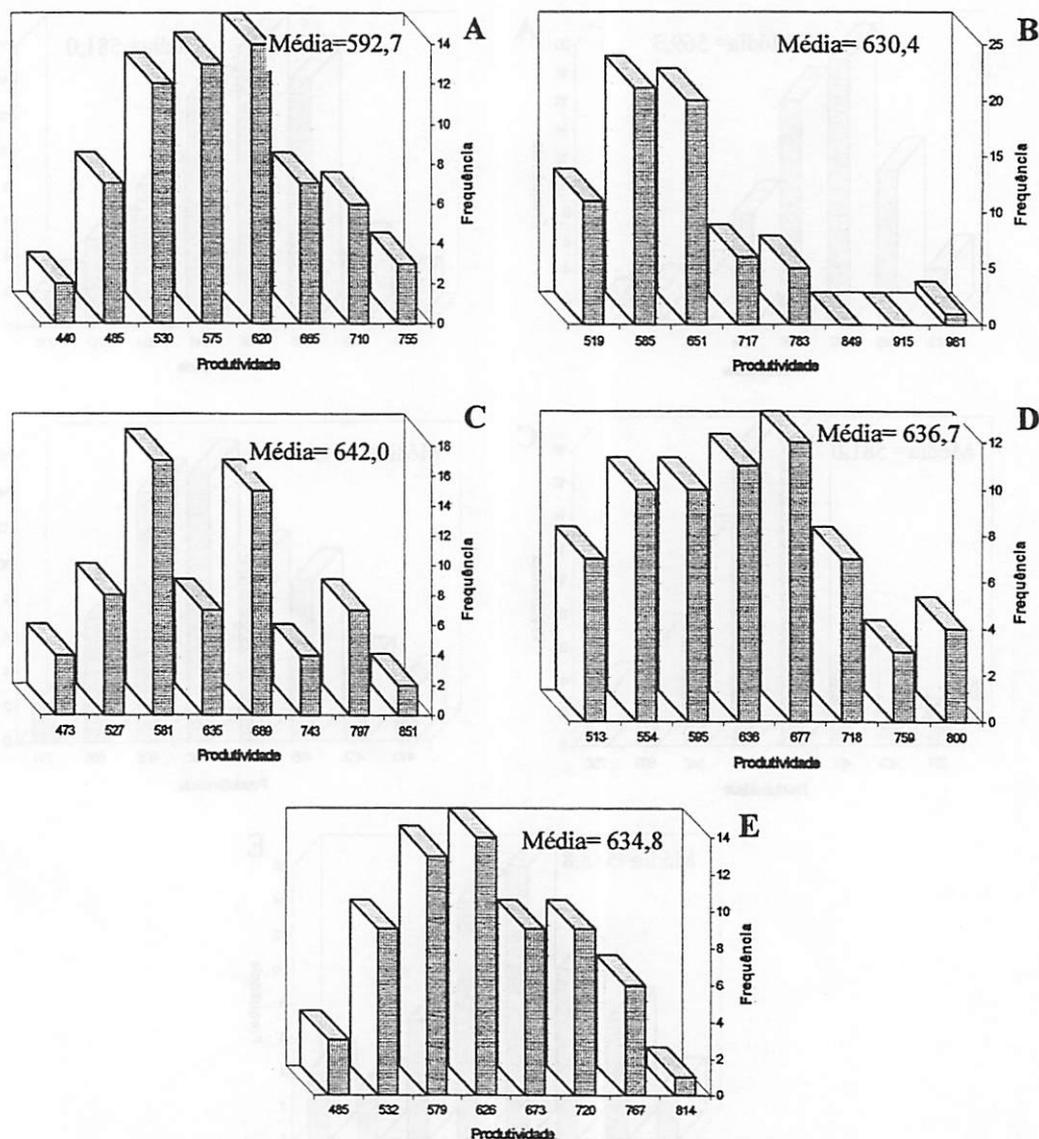
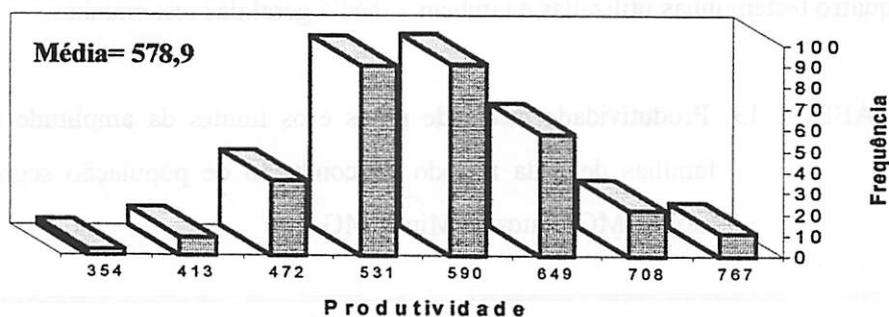
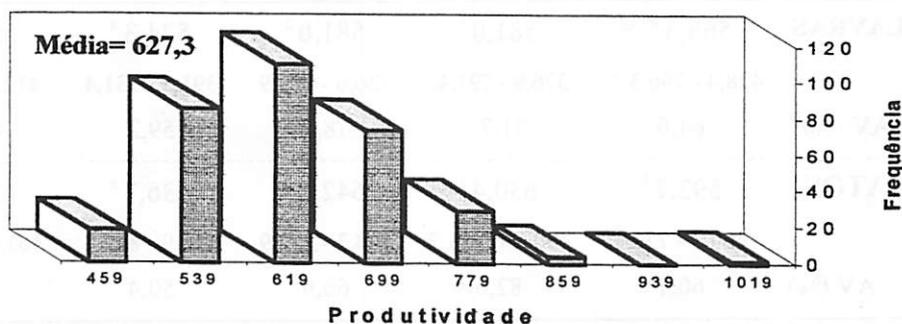


FIGURA 3. Distribuição de freqüência da produtividade média de grãos (g/parcela) do experimento de comparação de métodos. Patos de Minas-MG. (A)- Genealógico; (B)-“bulk”; (C)-“SSD”; (D)-“bulk”/F₃; (E)- “bulk”/F₂.

A



B



C

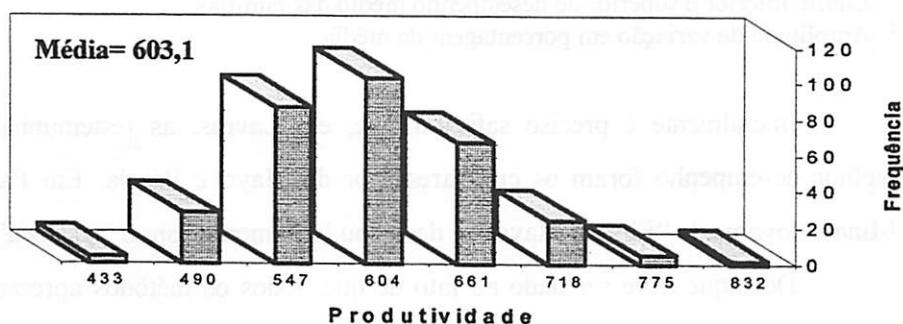


FIGURA 4. Distribuição de frequência da produtividade média de grãos (g/parcela) do experimento de comparação de métodos de condução de população segregante. (A)-Lavras-MG; (B)-Patos de Minas; (C)-Conjunta.

são apresentados esses números para cada método em relação a cada uma das quatro testemunhas utilizadas e também a média geral das testemunhas.

TABELA 13. Produtividade média de grãos e os limites da amplitude das 64 famílias de cada método de condução de população segregante. Lavras-MG, Patos de Minas-MG.

Locais	Métodos				
	Genealógico	“bulk”	“SSD”	“bulk”/F ₃	“bulk”/F ₂
LAVRAS	569,3 ^a ^{1/}	581,0 ^a	581,0 ^a	574,3 ^a	588,8 ^a
	428,4 - 796,3 ^{2/}	376,9 - 793,4	326,6 - 783,9	391,5 - 731,4	412,6 - 786,4
AV (%) ^{3/}	64,6	71,7	78,7	59,2	63,5

PATOS	592,7 ^b	630,4 ^a	642,0 ^a	636,7 ^a	634,8 ^a
	420,3 - 776,5	490,5 - 1011,3	448,3 - 877,9	496,9 - 817,8	463,6 - 835,9
AV (%)	60,1	82,6	66,9	50,4	58,6

^{1/} Na mesma linha, as médias seguidas da mesma letra não diferem pelo teste Scott e Knott, ($P \leq 0,1$).

^{2/} Limite inferior e superior do desempenho médio das famílias.

^{3/} Amplitude de variação em porcentagem da média..

Inicialmente é preciso salientar que, em Lavras, as testemunhas com melhor desempenho foram os cultivares Flor de Mayo e Pérola. Em Patos de Minas, novamente “Flor de Mayo” se destacou juntamente com o “Carioca”.

Destaque deve ser dado ao fato de que, todos os métodos apresentaram famílias com desempenho superior à média das quatro testemunhas. Isto ficou especialmente evidenciado em Patos de Minas quando, exceto no caso do genealógico, o número de famílias que superaram as testemunhas foi superior a 30 (Tabela 16), ou seja, quase 50% das famílias avaliadas, o que evidencia o potencial produtivo das famílias derivadas do cruzamento utilizado.

TABELA 14. Produtividade média das 5, 10 e 20 famílias mais produtivas de cada método de condução de população segregante em Lavras-MG e em Patos de Minas-MG.

Local	nº de fam.	Métodos				
		Genealógico	“bulk”	“SSD”	“bulk”/F ₃	“bulk”/F ₂
Lavras	5	727,4 ^a ^{1/}	746,6 ^a	735,3 ^a	697,2 ^a	752,6 ^a
	10	687,7 ^a	720,1 ^a	705,0 ^a	679,7 ^a	723,0 ^a
	20	648,6 ^b	681,9 ^a	673,8 ^a	653,3 ^b	683,9 ^a
Patos	5	738,5 ^a	830,2 ^a	832,2 ^a	799,3 ^a	784,8 ^a
	10	718,3 ^b	782,3 ^a	807,5 ^a	769,7 ^a	762,8 ^a
	20	680,2 ^b	729,3 ^a	760,1 ^a	732,9 ^a	732,5 ^a

^{1/} Na mesma linha as médias seguidas da mesma letra não diferem pelo teste Scott e Knott, (P≤0,1)

TABELA 15. Produtividade média das 5, 10 e 20 famílias menos produtivas de cada método de condução de população segregante em Lavras-MG, Patos de Minas-MG e na conjunta dos dois locais.

Local	nº de fam.	Métodos				
		Genealógico	“bulk”	“SSD”	“bulk”/F ₃	“bulk”/F ₂
Lavras	5	456,3 ^a	425,0 ^a	414,9 ^a	431,0 ^a	440,2 ^a
	10	475,0 ^a	452,9 ^a	457,3 ^a	454,9 ^a	462,0 ^a
	20	475,0 ^a	487,7 ^a	494,2 ^a	485,8 ^a	496,8 ^a
Patos	5	496,9 ^a	487,8 ^a	494,2 ^a	485,8 ^a	496,8 ^a
	10	479,0 ^a	515,9 ^a	505,0 ^a	520,8 ^a	522,5 ^a
	20	507,8 ^a	542,6 ^a	533,5 ^a	544,8 ^a	545,3 ^a

^{1/} Na mesma linha as médias seguidas da mesma letra não diferem pelo teste Scott e Knott, (P≤0,1)

TABELA 16. Número de famílias de cada método, superiores a cada testemunha e a média das testemunhas. Lavras-MG e Patos de Minas-MG.

Locais	testemunhas	Métodos				
		Genealógico	“bulk”	“SSD”	“bulk”/F ₃	“bulk”/F ₂
	Carioca	19	25	23	26	27
	Flor de Mayo	4	7	4	2	7
Lavras	CI-140	10	19	18	13	18
	Pérola	7	11	8	8	13
	Média	7	15	13	9	14

	Carioca	25	35	35	38	38
Patos de	Flor de Mayo	8	11	21	16	17
Minas	CI-140	36	44	41	46	44
	Pérola	29	39	37	39	39
	Média	22	31	33	37	32

5 DISCUSSÃO

Inicialmente é interessante ressaltar que, para se proceder à comparação entre os métodos de condução de populações segregantes, é necessário que a população a ser submetida à seleção possua variabilidade. Diversos trabalhos preconizam, no caso do feijoeiro, que a obtenção de populações segregantes com maior variabilidade é esperada entre genitores de diferentes conjuntos gênicos ou raças (Nienhuis e Singh, 1988; Singh, 1995; Urrea e Singh 1995). Procurando utilizar uma população com grande variabilidade nesse trabalho, foi realizada a hibridação entre dois genitores de raças distintas. Um deles foi o cultivar Carioca, que é da raça Mesoamericana e o outro foi o cultivar Flor de Mayo, da raça Jalisco. Este cruzamento foi utilizado tendo como referência o trabalho de Abreu (1997), que mostrou ser essa combinação promissora para a seleção. Os resultados apresentados nas Tabelas 11, 12 e 13 evidenciam que, de fato, a população utilizada mostrou grande variabilidade aliada a um bom potencial produtivo.

Um outro questionamento a ser feito, quando da avaliação dos métodos, é qual o número de famílias a ser avaliado, para representar a população sob seleção e atenuar os efeitos de amostragem, que poderiam alterar os resultados das comparações a serem efetuadas. Há na literatura relatos de que não existem grandes vantagens no processo seletivo se forem utilizados 50 ou 500 famílias (Fouilloux e Bannerot, 1988). Vale salientar que esse trabalho foi realizado, considerando a herdabilidade de 100% o que não é uma situação real. Já Ferreira (1998), simulando o efeito do número de famílias com a cultura do feijoeiro, concluiu que se deve avaliar pelo menos 100 famílias, principalmente quando a herdabilidade (h_m^2) for baixa.

A partir da geração F_2 , os indivíduos e ou famílias foram avançados conforme o que preconiza cada método. Na geração F_3 , em todos os métodos, foram avaliadas 121 famílias, exceto no “bulk”/ F_3 e “bulk”/ F_2 em que foram avaliadas 100 e 119, respectivamente, devido a perdas nas gerações anteriores. Utilizando a produtividade média dos grãos, foram escolhidas 64 famílias para cada método, isto é, um número inferior ao preconizado por Ferreira (1998). É oportuno salientar, contudo, que o referido autor comenta que, nos casos em que a h_m^2 do caráter for alta, o número de famílias pode ser menor. Nesse trabalho a estimativa de h_m^2 foi sempre superior a 30%, indicando pelo menos que, em princípio, o número utilizado foi suficiente para representar a população. Desse modo, os métodos foram comparados em igualdade de condições.

A precisão experimental com que as famílias são comparadas é também de fundamental importância nas inferências a serem feitas a respeito dos métodos utilizados. O valor de 17,3%, para o coeficiente de variação experimental (CVe) (Tabela 6), é de magnitude inferior ao normalmente relatado em experimentos com a cultura do feijoeiro, mesmo em condições em que se avaliou menor número de tratamentos e foram utilizadas parcelas maiores (Estefanel, Pignataro e Stork, 1987; Abreu et al., 1994; Fonseca Júnior, 1997; Marques Júnior, 1997), evidenciando que neste trabalho, as famílias foram comparadas com boa precisão.

Um dos fatores que mais interfere no trabalho dos melhoristas é o componente da interação genótipos x ambientes. Considerando todas as famílias, independente do método, o componente da interação famílias x locais ($\hat{\sigma}_{GxL}^2$) foi de 72% da estimativa da variância genética ($\hat{\sigma}_G^2$). A ocorrência de interação genótipos x ambientes dessa magnitude, ou até mesmo mais expressiva, na cultura do feijoeiro é frequentemente relatada (Abreu et al., 1990; Takeda, Santos e Ramalho, 1991; Gonçalves, 1995).

Contudo, há escassez de relatos, se a magnitude da interação é dependente do método de seleção utilizado. Neste trabalho foi possível obter informações a esse respeito, pela constatação de ampla variação entre os métodos com relação à participação da interação na variação fenotípica entre as famílias. No método genealógico, o componente da interação correspondeu apenas a 23,34% da estimativa da variância genética. Por outro lado, nas famílias derivadas do método “bulk”, a relação entre a variância da interação pela variância genética foi cerca de 10 vezes o valor observado pelo método genealógico (Tabela 8). A explicação provável para essa diferença é a magnitude da variância genética entre as famílias. Isto porque, como no método genealógico a variância genética entre as famílias foi menos expressiva, a magnitude da interação também o foi. Considerando que as condições climáticas de Lavras e Patos de Minas são bem distintas e como o avanço das gerações foi efetuada apenas em Lavras, pode-se argumentar que a seleção natural que atua predominantemente no método do “bulk”, possa ter contribuído para selecionar indivíduos que deram origem à famílias mais ajustadas às condições prevalentes em Lavras.

Há várias alternativas que podem ser utilizadas na comparação de métodos de seleção. Uma delas é a manutenção da variabilidade genética até o momento em que serão efetuadas as avaliações em experimentos com repetição. É esperado que nos métodos “bulk” e “SSD”, cujas famílias foram obtidas a partir de F_4 , a variabilidade disponível seja maior, porque em F_4 , 87,5% dos locos já estão em homozigose e é liberada 1,75 variância genética aditiva (σ_A^2) presente na F_2 . Ao passo que no “bulk”/ F_2 , a variabilidade entre as famílias independente da geração em que foi efetuada a seleção, é a mesma da existente entre plantas F_2 , ou seja, 50% dos locos em homozigose. No “bulk”/ F_3 a variabilidade esperada é maior que na do “bulk”/ F_2 , pois ocorrem 75% dos locos em homozigose e 1,5

σ_A^2 da F₂. Coerentemente com esse fato, tanto para Lavras como para Patos de Minas, as famílias derivadas do “bulk” e do “SSD” apresentaram maior estimativa da variância genética e de h_m^2 . No caso das estimativas de h_m^2 para os métodos “bulk”/F₂ e “bulk”/F₃, em ambos os locais, os valores foram semelhantes, ao contrário do esperado pelas razões já ressaltadas. Isso pode ter ocorrido devido à amostragem ou ao efeito do ambiente entre famílias derivadas do “bulk”/F₃, reduzindo a h_m^2 . No caso do genealógico, a seleção visual, realizada nas sucessivas gerações, antes da avaliação, deve ter contribuído para reduzir a variabilidade genética, pois, as famílias derivadas desse método apresentaram sempre menor magnitude na estimativa da herdabilidade (Tabela 11, 12).

Outro critério utilizado para a comparação dos métodos é o desempenho médio das famílias. Nesse contexto, constatou-se que os métodos não apresentaram diferenças expressivas. A única diferença significativa detectada foi no método genealógico, em relação aos demais, em Patos de Minas (Tabela 13). Ressalta-se o fato, de que a amplitude de variação na média foi maior entre as famílias dos métodos do “bulk” e do “SSD”, reforçando as observações anteriores relativas à variabilidade genética e herdabilidade estimada para esses dois métodos.

Um argumento a favor de um dado método, além do desempenho médio das famílias, é a probabilidade de maior ganho com a seleção. Isto é, um método será tanto melhor quanto maior for a magnitude do diferencial de seleção, para uma mesma proporção selecionada. Nesse contexto, foram obtidas as médias das melhores ou piores famílias, considerando 7,8% (5 famílias), 15,60% (10 famílias) e 31,2% (20 famílias) de proporção de famílias selecionadas. Constatou-se que, no caso da seleção no sentido de reduzir a expressão da

característica, os métodos não diferiram. Quando se considerou a seleção em sentido contrário, só foi detectada diferença ao aplicar uma intensidade de seleção branda (Tabela 14). Neste sentido, o genealógico foi o método menos eficiente.

Do exposto e, considerando todos os critérios, ocorreu uma ligeira superioridade dos métodos “bulk” e “SSD”, em relação os demais, especialmente quando comparados com o genealógico. Dos trabalhos de comparação de métodos na cultura do feijoeiro, um realizado por Ranalli et al., (1996), com duas populações segregantes, também apresenta o “SSD” com desempenho ligeiramente superior ao “bulk”/F₂; entretanto, os pesquisadores não descartaram a utilização do “bulk”/F₂ associado ao “SSD”. Já em outro trabalho, conduzido na Colômbia, Urrea e Singh, (1994) obtiveram resultados contraditórios, onde o “bulk”/F₂ demonstrou ser mais eficiente que o método “bulk” e “SSD”, visando à identificação de famílias superiores. Contudo, os próprios autores salientam que o número de 32 famílias avaliadas em cada método foi pequeno, devendo ter ocorrido problemas de amostragem.

A seleção no método genealógico tem como principal restrição a eficiência da seleção visual para caracteres de baixa herdabilidade, como tem sido frequentemente relatada na literatura, (Patinõ e Singh, 1989; Cutrim, 1997; Vargas, 1996). Como nesse método os indivíduos são visualmente selecionados, a partir da F₂, há redução na variabilidade da população e, em consequência, diminui a probabilidade de se detectar famílias superiores em gerações mais avançadas, quando as famílias serão avaliadas em experimentos com repetição. No caso do feijoeiro, há outro agravante, pois quando a seleção é efetuada no final do ciclo, especialmente quando envolve plantas de hábito tipo III, que são muito decumbentes, a avaliação individual das famílias e, principalmente, dos indivíduos é praticamente impossível. A seleção para ser viável deve ser efetuada antes do pleno florescimento, quando ainda é possível movimentar-se entre as

plantas. Nessa fase, contudo, não há condições de selecionar para a maioria dos caracteres.

Os métodos “bulk”/F₃ e “bulk”/F₂ são freqüentemente utilizados na maioria dos programas com a cultura do feijoeiro no Brasil. Têm como principal restrição o trabalho envolvido, pois há necessidade de se conduzir experimentos com repetições a cada geração. Considerando que o número de famílias a serem avaliadas deve ser expressivo, o trabalho envolvido é grande. Tem a vantagem, contudo, de possibilitar a seleção, tendo como referência duas ou mais gerações de avaliação, atenuando os efeitos da interação genótipos x ambientes. Nesse trabalho, esses métodos não se mostraram superiores aos demais e uma das razões foi o fato de se utilizar sempre o mesmo número de indivíduos por famílias. Para se explorar melhor a variabilidade com o avanço das gerações, já que a segregação dentro é maior, deve-se utilizar maior número de indivíduos por famílias (Ramalho, Santos e Zimmermann, 1993). Vale salientar que, nas comparações efetuadas, a variância genética dentro das famílias não foi considerada, pois não foi feita a seleção dentro destas. Assim, se as famílias do método do “bulk”/F₂ ou do “bulk”/F₃ têm média equivalente ao de qualquer um dos métodos é possível inferir que há chance de selecionar dentro dos “bulk”/F₂ ou “bulk”/F₃, indivíduos que darão origem a famílias com performance superior aos demais. É importante realçar que, dentro das famílias do “bulk/F₂, é esperada, em gerações avançadas, a mesma variabilidade observada entre as famílias.

A principal vantagem do “SSD” é que o avanço das gerações pode ser efetuado em pequeno espaço, inclusive em casa de vegetação, permitindo a condução de mais de uma geração por ano. No caso do feijoeiro, na maioria das regiões do Brasil, as condições climáticas, especialmente temperatura, possibilitam o cultivo a campo, durante praticamente todo o ano. Assim essa vantagem do “SSD” não é expressiva.

O método do “bulk” tem como principal vantagem a facilidade de avanço das gerações e possibilita ao melhorista melhor planejamento de suas atividades em cada safra, já que podem ser avançadas, simultaneamente, várias populações e a abertura desses “bulk’s” pode ser escalonada. Ainda tem como vantagem a ação da seleção natural que, dependendo do caráter, atua na direção desejada pelo melhorista. Há relatos de que, a seleção natural contribui para melhorar a produtividade de grãos da população, conduzida pelo método do “bulk” (Allard, 1988). Em trabalho com a cultura do feijoeiro, Corte, Ramalho e Abreu, 1999) obtiveram um aumento de 2,5% por safra na produtividade em seis populações segregantes, conduzidas em “bulk”.

A principal desvantagem apregoada ao método do “bulk” é a perda de combinações genotípicas, devido à amostragem. Tendo como referência o tamanho efetivo (N_e), isso é bem evidenciado em comparação com o método do “SSD” (Vencovsky, 1999)¹. Na F_2 , por exemplo, o N_e do “bulk” é de 0,4 N_e e 0,62 N_e no “SSD”. Com o decorrer da endogamia, a vantagem do “SSD” se amplia, em F_5 o N_e do “bulk” passa a ser 0,55 e do “SSD” 16. Contudo, deve ser enfatizado que é perfeitamente possível, no método do “bulk”, utilizar uma população com um grande número de indivíduos (N_e grande), o que diminui a chance de perda por amostragem. Assim, por exemplo, como é frequente no “bulk” o emprego de 2000 plantas ou mais, em F_5 isso daria um tamanho efetivo de ($N_e = 0,52 \times 2000 = 1040$) e seria equivalente ao emprego de 65 plantas no “SSD” (1040/16).

¹VENCOVSKY, R. Informação pessoal, Departamento de Genética da ESALQ: Piracicaba, 1999.

Finalmente na decisão sobre qual método de seleção utilizar, está o custo envolvido na sua condução. O método do “bulk” é o menos oneroso, sobretudo porque no seu manuseio, antes da avaliação das famílias o gasto com área experimental e mão de obra na condução da população segregante é pequeno. No caso do “SSD”, o gasto com área é ainda menor. Contudo, especialmente a mão de obra no momento da colheita, de uma vagem por planta, acarreta incremento em relação ao “bulk”. Os métodos que envolvem a avaliação de famílias desde o início, evidentemente são os mais caros, especialmente o “bulk”/F₂ ou “bulk”/F₃, pois necessitam da condução de experimentos com repetições, já a partir das gerações precoces, o que acarreta maior tempo no preparo do material, maior área, maior quantidade de insumos e dedicação do melhorista na condução e nas análises dos dados. Com base nos resultados, pode-se inferir que o método do “bulk” foi a melhor opção e o seu emprego deveria ser mais generalizado na cultura do feijoeiro, tendo sempre o cuidado de avançar as populações segregantes, utilizando um grande número de plantas, acima de 2000, para reduzir as perdas por amostragem. Os métodos do “bulk”/F₂ ou “bulk”/F₃ devem ser preferencialmente utilizados quando se tem um cruzamento muito promissor e o melhorista deseja maior atenção no avanço das gerações.

6 CONCLUSÕES

- Constatou-se que não houve diferenças marcantes entre os métodos na obtenção de famílias superiores isto é, se conduzidos corretamente, todos possibilitam sucesso com a seleção.

- Considerando as estimativas dos parâmetros genéticos e fenotípicos, a facilidade e flexibilidade de condução, o método do “bulk” e “SSD” foram mais vantajosos.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- ABREU, A. de F.B. **Predição do potencial genético de populações segregantes do feijoeiro utilizando genitores inter-raciais.** Lavras: UFLA, 1997. 80p. (Dissertação - Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas).
- ABREU, A. de F.B.; RAMALHO, M.A.P.; SANTOS, J.B. dos; PEREIRA FILHO, I.A. Effects genotype x enviromente interaction on estimations of genetic and phenotypic parameteres of common beans. **Revista brasileira de genética**, Ribeirão Preto, v.13, n.1, p. 75-82, mar. 1990.
- ABREU, A. de F.B.; RAMALHO, M.A.P.; SANTOS, J.B. dos; MARTINS, L.A. Progresso do melhoramento genético do feijoeiro nas décadas de setenta e oitenta nas regiões Sul e Alto Paranaíba em Minas Gerais. **Pesquisa agropecuária brasileira**, Brasília, v.29, n.1, p. 105-112, jan. 1994.
- ALLARD, R.W. Genetic changes associated with the evolution of adapteness in cultivated plants and their wild progenitors. **Journal of Heredity**, v.79, n.4, p. 225-238, 1988.
- ALLARD, R.W. **Princípios do melhoramento genético de plantas.** Rio de Janeiro: Edgard Blucher, 1971. 379p.
- ALMEIDA, L.A. de ; KIIHL, R.A. de S.; ABDELNOOR, R.V. Melhoramento da soja. In: SIMPÓSIO SOBRE ATUALIZAÇÃO EM GENÉTICA E MELHORAMENTO DE PLANTAS, 1997, Lavras, **Anais...** Lavras: UFLA, p. 11-55. 1997.
- ALMEIDA, L.D'A. de; LEITÃO FILHO, H.F.; MIYASAKA, S. Características do feijão carioca, um novo cultivar. **Bragantina**, Campinas, v.30, n.7, p. 33-38, abr. 1971.
- ARAUJO, R.S.; RAVA, C.A.; STONE, L.F.; ZIMMERMANN, M.J. de O. **Cultura do feijoeiro comum no Brasil.** Piracicaba: POTAFOS, 1996. 786p.
- BEKER, R.J. **Selection indices in plant breeding.** Florida: C. R. C. Press Inc, 1992. 218p.

- BOERMA, H.H.; COOPER, R.L. Comparison of three selection procedures for yield in soybeans. **Crop Science**, Madison, v.15, p. 225-229, Mar/April 1975.
- BORÉM, A. **Melhoramento de plantas**, Editora UFV, Viçosa. 1997. 547p.
- BRIM, C.A. A modified pedigree method of selection in soybeans. **Crop Science**, Madison, v.6, n.2, p.220, Mar./Apr. 1966.
- CAMBRAIA, K.L.; RAMALHO, M.A.P.; ABREU, A. de F.B. Identificação de cultivares de feijão com grãos grandes e pequenos possuindo genótipos de compatibilidade. In: REUNIÃO NACIONAL DE PESQUISA DE FEIJÃO, 4, Londrina, 1993. **Resumos...** Londrina: IAPAR, 1993, p.119.
- CORTE, H. R.; RAMALHO, M.A.P.; ABREU, A. de F.B. Ganho genético com a seleção natural após 10 gerações de endogamia em populações segregantes do feijoeiro, p.353 CONGRESSO NACIONAL DE GENÉTICA, 43, 1997, Goiânia, 1997. **Anais...** Goiânia, 1997.
- CRUZ P.J.; CARVALHO F.I.F. de; FEDERIZZI, L.C. Efeitos de populações e métodos de seleção aplicados em geração segregante de trigo. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v.18, n.5, p. 533-541, maio, 1983.
- CRUZ, C.D.; CASTOLDI, F.L. Decomposição da interação genótipo x ambiente em partes simples e complexa. **Revista Ceres**, Viçosa, v.38, n.219, p. 422-430, 1991.
- CRUZ, P.J.; CARVALHO, F.I.F. de; FEDERIZZI, L.C. Efeitos de populações e métodos de seleção aplicados em gerações segregantes de trigo. **Pesquisa agropecuária brasileira**, Brasília, v.18, n.5, p. 533-541, maio 1983.
- CUTRIM, V. dos A.; RAMALHO, M.A.P.; CARVALHO, A.M. Eficiência da seleção visual na produtividade de grãos de arroz (*Oryza sativa L.*) irrigado. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v.32, n.6, p. 601-606, jun. 1997.
- DEBOUCK, D.; HIDALGO, R. Morfologia de la planta de frijol comun. In: LÓPEZ, M.; FERNÁNDEZ, F; SCHOONHOVEN, A.V. (eds.). **Frijol: investigación y producción**. Cali: PNUD, CIAT, 1985, p. 7-41.

- ESTEFANEL, V.; PIGNATARO, I.A.B.; STORCK, L. Avaliação do coeficiente da variação de experimentos com algumas culturas agrícolas. In: SIMPÓSIO DE ESTATÍSTICA APLICADA À EXPERIMENTAÇÃO AGRONÔMICA, 2, 1987, Londrina. Anais... Londrina, 1987. P. 115-131.
- FASOULAS, A. A new approach to breeding superior yielding varieties. Thessaloniki: Aristotelian University of Thessaloniki/Dept. of Genetics and Plant Breeding, 1973, n.3, 42p.
- FEHR, W.R. Principles of cultivar development. New York: MacMillan, 1987. 525p.
- FERREIRA, W.D. Implicação do número de famílias no processo seletivo na cultura do feijoeiro. Lavras: UFLA, 1998. 66p. (Dissertação - Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas).
- FONSECA JÚNIOR, N. da S. Progresso genético na cultura do feijoeiro na estado do Paraná para o período de 1977 a 1995. Piracicaba: ESALQ, 1997. 168p. (Tese - Doutorado em genética e melhoramento de plantas).
- FOUILLOUX, G.; BANNEROT, H. Selection methods in common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) In: GEPTS, P. (ed.). Genetic resources of *Phaseolus* bean. Dordrecht: Klumer Academic Publishers, 1988, 611p.
- FREY, K.J. The use of F₂ lines in predicting the performance of F₃ selections in two barley cross. *Agronomy Journal*, Madison, v.46, p. 541-544, 1954.
- GEPTS, P.; BLISS, F.A. F₁ hybrid weakness in the common bean: differential geographic origin suggest two gene pools in cultivated bean germplasm. *Journal of Heredity*, Baltimore, v.76, n.6, p. 447-450, Nov/Dec. 1985.
- GEPTS, P.; DEBOUCK, D. Origin, domestication, and evolution of the common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) In: SCHOONHOVEN, A.V.; VOYSEST, O. (eds.). Common bean: research for crop improvement. Cali: CIAT, 1993. v.1, p. 7-53, 1993.
- GILL, S.S.; VIEIRA, M.M; GUMBER, R.K; BRAM, J.S. Comparative efficiency of four selection methods for deriving high-yielding lines in mungbean (*Vigna radiata* L.) *Theoretical. Applied. Genetics*. v.90, P. 554-560. 1995.

- GONÇALVES, P.R. **Obtenção de linhagens de feijoeiro (*Phaseolus vulgaris* L.) com grãos tipo carioca e resistentes a antracnose e mancha angular.** Lavras: UFLA, 1995. 65p. (Disertação - Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas).
- GOULDEN, C.H. Problems in plant selection. INTERNATIONAL GENETICS CONGRESS, 7, 1939, **Edinburgh Proceedings...** Edinburgh: Cambridge University Press p. 132-133. 1939.
- INAGAKI, M.N.; VARUGHESE. G.; RAJARAM, S. et. al., Comparison of bread wheat lines selected by doubled haploid, single-seed descende and pedigree selection methods. **Theoretical Appeal of genetics**, v.97, p. 550-556, 1998.
- INFORMATIVO ANUAL DAS COMISSÕES TÉCNICAS REGIONAIS DE FEIJÃO: **cultivares de feijão recomendadas para o plantio no ano agrícola 1997/98.** Goiânia: EMBRAPA-CNPAP, 1997, 29p.
- JENSEN, N.F. **Plant breeding methodology.** New York 1988, 676p.
- KNAPP, S.J.; STROUP, W.W.; ROSS, W.M. Exact confidence intervals for heritability on a progeny mean basis. **Crop Science**, Madison, v.25, n.1, p. 192-194. 1985.
- LOVE, H.H. A program for selecting and testing small grain in successive generations following hybridization. **Journal American Soc Agronomy**, v.19 p. 705-712, 1927.
- MALLMANN, J.L.; BARBOSA NETO, J.F.; CARVALHO, F.I.F. de; FEDERIZZI, L.C. Mecanismos de seleção aplicados sobre o caracter tamanho de grãos em populações segregantes de trigo. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v.29, n.3, p. 427-437, março, 1994.
- MARQUES JUNIOR, O.G.; RAMALHO, M.A.P. Determinação da taxa de fecundação cruzada de feijoeiro (*Phaseolus vulgaris* L.) nas diferentes épocas de semeadura em Lavras-MG. **Ciência e Prática**, Lavras, v.19, n.3, p. 339-341, jul/set. 1995.

- MARQUES JÚNIOR, O.G.; **Eficiência de experimentos com a cultura do feijão**. Lavras:UFLA. 1997. 80p., (Tese de Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas).
- MISHRA, D.K.; SINGH, C.B.; RAO, S.K. Effectiveness of different selection methods in segregating population of rice (*O. sativa* L.) in ARC 10372 x IR 36 in different environments. **Indian Journal Genetics**, v.54, n.4, p. 402-408. 1994.
- NIENHUIS, J.; SINGH, S.P. Genetic 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.
- OBISESAN, I.O. Evaluation of pedigree and single seed descent selection methods for cultivar development in cowpea (*Vigna unguiculata* L. Walp). **Plant breeding**. Cambridge. v.108, n.2, p. 162-167. 1992.
- PATIÑO, H.; SINGH, S.P. Visual selection for seed yield in the F₂ and F₃ generation of nine common bean crosses. **Annual Report Bean improvement Cooperative**. New York, v.32, p. 79-80, 1989.
- PIMENTEL GOMES, F. **Curso de estatística experimental**. 13: ed. Piracicaba: Nobel, 1990. 468p.
- RAMALHO, M.A.P., **Eficiência relativa de alguns processos de seleção intrapopulacional no milho baseados em famílias não endógamas**. Piracicaba: ESALQ, 1977. 122p. (Dissertação - Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas).
- RAMALHO, M.A.P.; SANTOS, J.B. dos; ZIMMERMANN, M.J. de O. **Genética quantitativa em plantas autógamas: aplicações ao melhoramento do feijoeiro**. Goiânia: UFG, 1993. 271p.
- RANALLI, P.; RUARO, G.; DEL RE, P.; FAETI, V. Comparison of early generation yield testing and a single seed descent procedure in two bean (*Phaseolus vulgaris* L.) crosses. **Journal Genet e Breed**, Italy. v.50, n.2, p. 103-108, jun. 1996.

- ROSAL, C.J. de S. **Seleção precoce para a produtividade no feijoeiro** (*Phaseolus vulgaris* L.). Lavras: UFLA, 1999. 50p. (Dissertação - Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas).
- SILVA, H.D.; RAMALHO, M.A.P.; ABREU, A. de F.B. MARTINS, L.A. Efeito da seleção visual para a produtividade de grãos em populações segregantes do feijoeiro II seleção entre famílias. **Ciência e Prática**, Lavras, v.18, n.2, p. 181-185, abr./jun. 1994.
- SINGH, R.P.; RAJARAM, S.; MIRANDA, A.; HUERTA-ESPINO, J.; AUTRIQUE, E. Comparison of two crossing and four selection schemes for yield, yield traits, and slow rusting resistance to leaf rust in wheat. **Euphytica**, Wageningen, v.100, n.2, p. 35-43, 1998.
- SINGH, S.P. Gene pools in cultivated dry bean. **Annual Report of the Bean Improvement Cooperative**, New York, v.31, p.180-182, 1988.
- SINGH, S.P. Breeding for seed yield. In: SCHOONHOVEN, A.V.; VOYSEST, O.; (eds.). **Common beans-Research for crop improvement**. Cali, CAB International. CIAT, 1993, p. 383-443.
- SINGH, S.P. Selection for water stress tolerance in interracial populations of common bean. **Crop Science**, Madison, v.35, n.1, p. 118-124, Jan./Feb. 1995.
- SINGH, S.P.; GEPTS, P.; DEBOUCK, D.G. Races of common bean (*Phaseolus vulgaris*, Fabaceae). **Economic Botany**, New York, v.45, n.3, p. 379-396, July/Sept. 1991.
- SINGH, S.P.; URREA, C.A. Inter-and intra-racial hybridization and selection for seed yield in early generations of common bean, *Phaseolus vulgaris* L. **Euphytica**, Wageningen, v.81, n.2, p. 131-137, June 1995.
- SOUZA E.A. de **Alternativas experimentais na avaliação de progênies no melhoramento genético vegetal**. Piracicaba: ESALQ/USP. 1997, 122p. (Tese de Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas).

- SOUZA JÚNIOR., C.L. de Contribuições da genética quantitativa para o melhoramento de plantas. In: SIMPÓSIO SOBRE ATUALIZAÇÃO EM GENÉTICA E MELHORAMENTO DE PLANTAS, 1, 1997, Lavras, Anais... Lavras: UFLA, 1997. p. 97-125.
- SOUZA JÚNIOR, C.L. **Componentes da variância genética e suas implicações no melhoramento vegetal.** Piracicaba: FEALQ. 1989. 134p.
- TAKEDA, C.; SANTOS, J.B. dos; RAMALHO, M.A.P. Choice of parental lines for common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) breeding. II. reaction of cultivares and of their segregant populations to variations in different environments. *Revista Brasileira de Genética*, Ribeirão Preto, v.14, n.2, p. 455-465, jun, 1991.
- TEE, T.S.; QUALSET, C.O. Bulk populations In wheat breeding: comparison of single seed descent and random bulk methods. *Euphytica*, Wageningen. v.24, p. 393-405. 1975.
- URREA, C.A.; SINGH, S.P. Comparison of mass, F_2 - derived family, and single-seed-descent selection method in an interracial population of common bean. *Canadian Journal of Plant Science*, v.74, p 461-464, 1994.
- URREA, C.A.; SINGH, S.P. Comparison of recurrent and congruity back crossing for interracial hybridization in common bean, *Euphytica*, Wageningen, v.81, n.1, p. 21-26, jan. 1995.
- VARGAS, M.A. **Eficiência da seleção visual e determinação do tamanho de parcela e do número de repetições, para avaliação da produtividade de grãos em família S_1 e S_2 de milho (*Zea mays* L.)** Lavras: UFLA, 1996. 92p. (Dissertação de Mestrado em genética e Melhoramento de Plantas).
- VELLO, N.A.; VENCOVSKY, R. Variâncias associadas às estimativas de variância genética e coeficiente de herdabilidade In: Escola Superior de Agricultura Luis de Queiroz. **Relatório científico de 1974.** Piracicaba, 1974. p. 238-248 (relatório).
- VENCOVSKY, R.; BARRIGA, P. Genética biométrica no fitomelhoramento. *Revista Brasileira de Genética*. Ribeirão Preto: Sociedade Brasileira de Genética, 1992. 46p.

- VIEIRA, A.L.; RAMALHO, M.A.P.; SANTOS, J.B. dos. Crossing incompatibility in some bean cultivars utilized in Brazil. **Revista Brasileira de Genética**. Ribeirão Preto, v.12, n.1, p. 169-171. mar. 1989.
- VOIGT, R.L.; WEBER, C.R. Effectiveness of selection methods for yield in soybean crosses. **Agronomy Journal**, Madison, v.52, n.9, sep. 1960.
- WEYHRICH, R.A., LAMKEY, K.R.; HALLAUER, A.R., Responses to seven methods of recurrent selection in the BS11 maize population. **Crop Science**. Madison, v.38, p. 308-321. 1998.
- WHITE. J.W.; MONTES, C.; MENDOZA, L.Y. Use of grafting to characterize and alleviate hybrid dwarfnesss in common bean. **Euphytica**. Wageningen, v.59, n.2/3. p. 19-25, Feb. 1992.

ANEXOS

ANEXO A	Página
TABELA 1A Resumo da análise de variância da produtividade de grãos (g/parcela), das famílias $F_{4:5}$ dos métodos genealógico, “bulk” e “SSD”. Lavras-MG.....	69
TABELA 2A Resumo da análise de variância da produtividade de grãos (g/parcela), das famílias $F_{3:5}$ do método “bulk”/ F_3 , e das famílias $F_{2:4}$ e $F_{2:5}$ do método “bulk”/ F_2 . Lavras-MG.....	70
TABELA 3A Análise de variância conjunta da produtividade de grãos (g/parcela), das famílias ($F_{2:4}$ e $F_{2:5}$) do método “bulk”/ F_2 .Lavras-MG.....	71
TABELA 4A Resumo da análise de variância da produtividade de grãos (g/parcela), do experimento de comparação de métodos de condução de populações segregantes.....	72

TABELA 1A. Resumo da análise de variância da produtividade de grãos (g/parcela), das famílias F_{4:5} dos métodos genealógico, “bulk” e “SSD”. Lavras-MG.

Fontes de variação	GL	QM		
		Genealógico	“bulk”	“SSD”
Blocos	11	3297,9	4182,8	7461,5
Tratamentos	122	6501,0 ^{ns}	4911,0 [*]	4771,9 ^{ns}
Reg. d. blocos	109	6141,9 ^{ns}	4139,9 [*]	4418,4 ^{ns}
Testemunhas	1	32266,6 [*]	55970,0 ^{**}	68266,7 ^{**}
Test. vs Reg. d. Bl.	12	7615,8 ^{ns}	7659,4 ^{ns}	2692,1 ^{ns}
Erro intra	11	3512,1	1650,2	4836,1
Média		247,9	257,4	256,4
CV(%)		23,9	15,8	27,1
\hat{h}_m (%)		42,8	60,1	0

^{*},^{**}: teste de F significativo ao nível de 5 e 1% de probabilidade, respectivamente.

TABELA 2A. Resumo da análise de variância da produtividade de grãos (g/parcela), das famílias F_{3,5} do método “bulk”/F₃, e das famílias F_{2,4} e F_{2,5} do método “bulk”/F₂. Lavras-MG.

Fontes de variação	GL	QM		
		“bulk”/F _{3,5}	“bulk”/F _{2,4}	“bulk”/F _{2,5}
Repetições	1	4213,62	16446,4	8808,3
Tratamentos	120	-	3093,3 **	4113,7 ^{ns}
Entre famílias	118 (99) ¹	4984,81 **	2962,3 **	3743,0 ^{ns}
Entre testemunhas	1	-	17824,6 **	14400,0 **
Test. vs famílias	1	-	3830,1 ^{ns}	37571,5 **
Erro	100 (99)	3590,02	1490,8	4019,1
Média		261,2	107,4	253,9
CV(%)		22,9	35,9	25,0
Eficiência do látice (%)		100,0	101,3	100,0
\hat{h}_m (%)		28,0	49,7	0

*, **: teste de F significativo ao nível de 5 e 1% de probabilidade, respectivamente,

¹ Entre parênteses, graus de liberdade da geração F_{3,5}.

TABELA 3A. Análise de variância conjunta da produtividade de grãos (g/parcela), das famílias (F_{2.4} e F_{2.5}) do método "bulk"/F₂.Lavras-MG.

Fontes de variação	GL	QM
Gerações (G)	1	2595760,92 **
Tratamentos (T)	120	4096,20 **
Entre famílias	118	4103,48 **
Entre testemunhas	1	724,45 ns
Test. vs famílias	1	77996,26 **
T x G	120	3110,89 ns
Erro efetivo médio	240	2754,93
Média		180,65
CV(%)		29,05
\hat{h}_m (%)		24,18

** : teste de F significativo ao nível de 1% de probabilidade.

TABELA 4A. Resumo da análise de variância da produtividade de grãos (g/parcela), do experimento de comparação de métodos de condução de populações segregantes.

Fontes de variação		GL	QM		
		Lavras	Patos		
Repetições		2	44476,09	3492309,57	
Tratamentos		323	18925,53 **	22938,46 **	
Entre famílias		319	18959,02 **	23159,34 **	
Entre famílias do genealógico		63	14881,11 **	17608,17 *	
Entre famílias do "bulk"		63	22650,44 **	24022,69 **	
Entre famílias do "SSD"		63	20634,58 **	30490,82 **	
Entre famílias do "bulk"/F ₃		63	16350,51 **	20331,82 **	
Entre famílias do "bulk"/F ₂		63	20811,23 **	20043,00 **	
Entre métodos		4	10567,29 ns	75137,28 **	
Entre testemunhas		3	4774,53 ns	6989,67 ns	
Test. vs famílias		1	50803,21 *	334,37 ns	
Erro efetivo		595	9705,87	12083,69	
Média			578,90	627,35	
CV(%)			17,01	17,52	
Eficiência do látex (%)			109,1	133,92	
h^m (%)			48,80	47,82	

*, **: teste de F significativo ao nível de 5 e 1% de probabilidade, respectivamente.