



**DAYANE CRISTINA LIMA**

**SELEÇÃO PRECOCE DE POPULAÇÕES  
SEGREGANTES DE FEIJOEIRO PARA  
ALGUNS CARACTERES SIMULTANEAMENTE**

**LAVRAS – MG**

**2013**

**DAYANE CRISTINA LIMA**

**SELEÇÃO PRECOCE DE POPULAÇÕES SEGREGANTES DE  
FEIJOEIRO PARA ALGUNS CARACTERES SIMULTANEAMENTE**

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

Orientadora

Dra. Ângela de Fátima Barbosa Abreu

Coorientador

Dr. Magno Antonio Patto Ramalho

**LAVRAS - MG**

**2013**

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

Lima, Dayane Cristina.

Seleção precoce de populações segregantes de feijoeiro para  
alguns caracteres simultaneamente / Dayane Cristina Lima. – Lavras  
: UFLA, 2013.

78 p. : il.

Dissertação (mestrado) – Universidade Federal de Lavras, 2013.

Orientador: Ângela de Fátima Barbosa Abreu.

Bibliografia.

1. *Phaseolus vulgaris* L. 2. Produtividade de grãos. 3. Tipo de  
grão. 4. Arquitetura da planta. 5. Resistência a doenças. 6. Índice de  
seleção. I. Universidade Federal de Lavras. II. Título.

CDD – 631.523

**DAYANE CRISTINA LIMA**

**SELEÇÃO PRECOCE DE POPULAÇÕES SEGREGANTES DE  
FEIJOEIRO PARA ALGUNS CARACTERES SIMULTANEAMENTE**

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

APROVADA em 26 de abril de 2013.

Dr. Magno Antonio Patto Ramalho UFLA

Dr. José Airton Rodrigues Nunes UFLA

Dra. Ângela de Fátima Barbosa Abreu  
Orientadora

**LAVRAS - MG  
2013**

*A Deus, por me oferecer tanto e me iluminar sempre.*

## **OFEREÇO**

*Aos meus pais, Carlos e Zeli;*

*Aos meus irmãos Júlia, Luiz Felipe e Tatiane;*

*Ao meu sobrinho Arthur;*

*Ao meu cunhado Paulo;*

*As minhas avós Orica e Aparecida;*

*Ao meu namorado Lucas;*

*A minha amiga e orientadora Ângela.*

## **DEDICO**

## AGRADECIMENTOS

A Deus, por iluminar meu caminho e me proteger.

À Universidade Federal de Lavras (UFLA) e ao Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento de Plantas, pela oportunidade concedida.

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

À Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária (EMBRAPA) pelo apoio na realização do trabalho.

Aos meus pais, Zeli e Carlos, por estarem sempre ao meu lado, pelo amor incondicional, confiança, companheirismo, por serem pessoas maravilhosas, pelo exemplo de vida em cada passo dado.

Aos meus irmãos, Júlia, Luiz Felipe e Tatiane, pelo amor, amizade e por cederem tanto a meu favor.

Ao meu sobrinho Arthur, fonte de inspiração e motivação.

A toda minha família, inclusive meu cunhado Paulo, pelo apoio, amizade e carinho.

Ao meu namorado, Lucas, pelo amor, companheirismo, cumplicidade e atenção em todos os momentos, e aos seus pais, Cleusa e Dequinha, por todo o apoio, orações e momentos de alegria.

Aos meus vizinhos e amigos em Divinópolis, pelo apoio e amizade.

Ao professor Magno Antonio Patto Ramalho, pelo exemplo profissional, pelos inúmeros ensinamentos, pela orientação e colaboração.

Aos professores do programa, pelos inúmeros ensinamentos dentro e fora da sala de aula.

Ao professor José Airton Rodrigues Nunes, pela disponibilidade e excelentes contribuições.

Aos meus amigos e colegas pelo apoio, amizade e por entenderem a minha ausência .

À República Santuário pela amizade e por partilhar as horas boas e difíceis.

Aos funcionários da Biologia pela ajuda no campo e no dia a dia, pelas horas de prosa e pela amizade.

Ao grupo do Feijão por todo apoio na condução dos experimentos, amizade e ótimo convívio.

Aos amigos e colegas feitos e mantidos ao longo da jornada. Que os momentos que passamos juntos jamais sejam esquecidos.

Ao Ricardo Cabral pela ajuda e boa vontade.

Aos funcionários da Biblioteca Central da UFLA pelo apoio e colaboração.

A todos que contribuíram, direta ou indiretamente, para a realização deste trabalho.

Enfim, um agradecimento muito especial a minha orientadora Ângela de Fátima Barbosa Abreu, pelo seu exemplo de dedicação e perseverança no trabalho e na vida pessoal, pela dedicada e maravilhosa orientação, pela ajuda dentro e fora da universidade, pela amizade e confiança, por me ensinar tanto e pedir tão pouco em troca.

## RESUMO

Os objetivos deste trabalho foram: a partir de populações oriundas de cruzamentos entre linhagens elite verificar se as melhores progênies vieram das populações identificadas como superiores, por meio da seleção realizada em alguns caracteres do feijoeiro; verificar se a utilização do índice de seleção  $\sum Z$  possibilita a obtenção de progênies reunindo os fenótipos desejáveis das características mencionadas. Para isso foram avaliadas 16 populações provenientes do cruzamento entre linhagens elite de feijão de grãos tipo carioca nas gerações  $F_4$  (safra das “águas” 2011/2012) e  $F_5$  (safra da seca de 2012). De cada população, obtive-se 31 progênies que foram avaliadas juntamente com oito testemunhas nas safras do inverno de 2012 e “águas” 2012/2013 em dois experimentos no delineamento látice simples 16 x 16. Tanto na avaliação das populações quanto das progênies foram consideradas as características: porte das plantas, sanidade, tipo de grão e produtividade. Essas foram padronizadas obtendo-se o índice  $Z$  para cada característica e, em seguida, obtido o somatório de  $Z(\sum Z)$  para a seleção simultânea considerando todas elas. Foram estimadas as variâncias genética e fenotípica, herdabilidade e os ganhos esperados com a seleção para cada caráter e pela seleção simultânea e resposta correlacionada à seleção. Concluiu-se que: a avaliação das populações segregantes quando do avanço das gerações é eficiente, pois a maioria das populações identificadas como melhores (4, 7 e 8) geraram as progênies de melhor desempenho; o índice de seleção somatório das variáveis padronizadas ( $\sum Z$ ) possibilita a seleção de progênies com sucesso seletivo para a maioria dos caracteres; é possível obter progênies de feijoeiro reunindo os fenótipos favoráveis de todas às características e superiores às linhagens elite utilizadas como testemunhas.

Palavras-chave: *Phaseolus vulgaris* L. Produtividade de grãos. Tipo de grão. Arquitetura da planta. Resistência a doenças. Índice de seleção.



## ABSTRACT

The aims of this study were: from populations derived from crosses between elite lines, to verify if the best progenies came from populations identified as superior, by means of selection made for some traits of common bean; and to verify if use of the  $\sum Z$  selection index allows obtaining progenies combining the desirable phenotypes of mentioned traits. For that reason, 16 populations from crosses between elite lines of common bean with carioca (beige with brown stripes) type grains were evaluated in the F<sub>4</sub> (2011/2012 rainy crop season) and F<sub>5</sub> (2012 dry crop season) generations. From each population, 31 progenies were obtained, which were evaluated together with eight controls in the 2012 winter crop season and 2012/2013 rainy crop season in two experiments in a 16 x 16 simple lattice design. Both in evaluation of populations and of progenies, the following traits were considered: architecture and sanity of plants, type of grain and yield. These were standardized, obtaining the Z index for each trait, and then the sum de Z ( $\sum Z$ ) was obtained for simultaneous selection considering all of them. The genetic and phenotypic variances, heritability and gain expected from selection for each trait and through simultaneous selection and response correlated to selection were estimated. The study concluded that the evaluation of the segregating populations in regard to advance of the generations is efficient because most populations identified as better (4, 7 and 8) generated progenies with the best performance; the sum of the standardized variables selection index ( $\sum Z$ ) allows selection of progenies with selective success for most of the traits; and it is possible to obtain common bean progenies joining the favorable phenotypes of all the traits, superior to the elite lines used as controls.

Keywords: *Phaseolus vulgaris* L. Grain yields. Grain type. Plant architecture. Disease resistance. Selection index.

## SUMÁRIO

<b>1</b>	<b>INTRODUÇÃO</b> .....	10
<b>2</b>	<b>REFERENCIAL TEÓRICO</b> .....	12
<b>2.1</b>	<b>A cultura do feijoeiro</b> .....	12
<b>2.2</b>	<b>Características importantes do feijoeiro em um programa de melhoramento</b> .....	14
<b>2.2.1</b>	<b>Resistência a patógenos</b> .....	14
<b>2.2.2</b>	<b>Porte</b> .....	19
<b>2.2.3</b>	<b>Produtividade</b> .....	21
<b>2.2.4</b>	<b>Tipo de grão</b> .....	23
<b>2.3</b>	<b>Seleção simultânea para várias características</b> .....	25
<b>3</b>	<b>MATERIAL E MÉTODOS</b> .....	29
<b>3.1</b>	<b>Avaliação das Populações</b> .....	29
<b>3.2</b>	<b>Avaliação das Progênes</b> .....	33
<b>4</b>	<b>RESULTADOS</b> .....	40
<b>4.1</b>	<b>Avaliação das populações</b> .....	40
<b>4.2</b>	<b>Avaliação das progênes</b> .....	44
<b>5</b>	<b>DISCUSSÃO</b> .....	55
<b>6</b>	<b>CONCLUSÕES</b> .....	59
	<b>REFERÊNCIAS</b> .....	60
	<b>ANEXOS</b> .....	69

## 1 INTRODUÇÃO

Para que uma cultivar de feijão seja aceita pelos produtores e consumidores deve-se agregar fenótipos desejáveis de várias características. Para os produtores é importante que a cultivar apresente alta produtividade de grãos, boa arquitetura das plantas, resistência aos principais patógenos que ocorram na região de cultivo e tipo de grão que seja de fácil comercialização. Já para os consumidores interessam apenas as características que se referem à qualidade dos grãos. Sendo assim, os principais programas de melhoramento que trabalham com a cultura do feijoeiro têm dedicado grandes esforços na obtenção de linhagens que atendam a esses objetivos. Várias linhagens melhoradas já foram obtidas e são indicadas para cultivo (BARBOSA; GONZAGA, 2012). Contudo, é grande o desafio de obter cultivares cada vez mais produtivas. Além do mais sempre surgem novas raças de patógenos que fazem com que os programas de melhoramento visando resistência a doenças sejam contínuos.

Em várias oportunidades tem sido argumentado que é preciso gerar grande variabilidade para que se tenha sucesso com a seleção no feijoeiro (SINGH; GEPTS; DEBOUCK, 1991). Contudo, também tem sido provado que para a geração de grande variabilidade é necessário empregar genitores muito divergentes e que, geralmente, são mal adaptados às condições de cultivo a que as cultivares são submetidas no Brasil (ABREU; RAMALHO; SANTOS, 2002). Isso faz com que a média, ou seja, a produtividade de grãos seja reduzida, além de se obter plantas com arquitetura indesejável e grãos fora do padrão comercial, o que seria um retrocesso nos programas de melhoramento (ABREU; RAMALHO; SANTOS, 2002).

Dessa forma, para que as vantagens sejam acumuladas ao longo dos anos, obtendo-se cultivares cada vez melhores que as anteriores, a melhor alternativa é que se faça o cruzamento entre linhagens elites dos programas de melhoramento. O desafio é identificar as populações que possibilitem a

obtenção de linhagens superiores para todas as características mencionadas, simultaneamente. Nesse caso, a utilização de índices de seleção seria uma boa alternativa e tem sido utilizada no feijoeiro em cruzamentos envolvendo genitores contrastantes para arquitetura da planta (LIMA; RAMALHO; ABREU, 2012; MENDES; RAMALHO; ABREU, 2009; MENEZES JÚNIOR; RAMALHO; ABREU, 2008). Contudo, é importante verificar se, quando se trata de seleção de progênies em populações envolvendo cruzamentos apenas entre cultivares elite, a utilização de índice de seleção seria eficiente para obter ganhos para todas as características simultaneamente.

Do exposto, os objetivos deste trabalho foram: a partir de populações oriundas de cruzamentos entre linhagens elite verificar se as melhores progênies vieram das populações identificadas como superiores, por meio da seleção realizada em alguns caracteres do feijoeiro; verificar se a utilização do índice de seleção  $\Sigma Z$  possibilita a obtenção de progênies reunindo os fenótipos desejáveis das características mencionadas.

## 2 REFERENCIAL TEÓRICO

### 2.1 A cultura do feijoeiro

O feijão (*Phaseolus vulgaris* L.) é um alimento básico da população brasileira, sendo o principal fornecedor de proteína para as famílias de baixa renda. Aliado às suas qualidades nutricionais, suas características econômicas fazem com que a cultura seja de grande importância para a agricultura. É cultivado desde agricultores tipicamente de subsistência até grandes empresários rurais. Dependendo do nível tecnológico e da região do país, o feijoeiro pode ser cultivado durante todo ano.

Em Minas Gerais o cultivo pode ser realizado em quatro épocas distintas: a de primavera-verão, verão-outono, outono-inverno e inverno-primavera (VIEIRA, 2004). No cultivo de primavera-verão a semeadura é feita em outubro ou novembro, no início do período chuvoso, e a colheita, no começo do verão. É comumente chamado de “feijão das águas”. Esse é o cultivo mais praticado pelos produtores que não possuem o recurso da irrigação, porém é grande a chance de chuvas durante a época de maturação e colheita, ficando a qualidade dos grãos comprometida. Além disso, a alta umidade torna o meio propício para o desenvolvimento de certos patógenos como o *Colletotrichum lindemuthianum*, agente causal da antracnose do feijoeiro. O excesso de calor na floração provoca o abortamento floral e os problemas com plantas invasoras são acentuados.

O cultivo de verão-outono, ou feijão da “seca”, é praticado principalmente por pequenos agricultores. O plantio é feito em fevereiro/março, final da época das chuvas e a colheita é feita, na maioria dos casos, sem chuvas, produzindo grãos de ótima qualidade. No entanto a escassez ou a má distribuição das chuvas pode comprometer o desenvolvimento da cultura para aqueles agricultores que não possuem condições de realizar irrigações suplementares. Esse também é o período

mais favorável ao ataque da cigarrinha-verde e patógenos como *Pseudocercospora griseola*, agente causal da mancha-angular (PAULA JUNIOR; ZAMBOLIN, 2006).

A terceira época, de “outono-inverno”, que corresponde à semeadura nos meses de abril/junho, é preferida nas regiões onde não ocorre frio acentuado, a cultura deve ser irrigada e é mais praticada em regiões com alto investimento em tecnologia. A colheita ocorre em agosto/setembro, período com pouca chuva, o que facilita as operações na colheita e favorece a qualidade do grão. É na maioria dos casos o cultivo que gera maior produtividade, de 2 a 3 t/ha. Baixas temperaturas, devido à época, podem atrasar o ciclo da cultura.

A última safra é a de “inverno-primavera”, plantada no inverno, nos meses de julho e agosto, e a colheita ocorre em outubro-novembro. É um cultivo muito semelhante ao anterior, sendo também necessário o uso da irrigação e altas tecnologias. A grande desvantagem do cultivo de inverno-primavera em relação ao de outono-inverno é a possibilidade de a estação chuvosa começar mais cedo, em fins de setembro ou início de outubro, o que traria problemas tanto para a colheita quanto para a qualidade dos grãos. Mofa-branco e murcha-de-fusarium também podem constituir problema, já que as condições climáticas são favoráveis ao seu desenvolvimento (PAULA JUNIOR; ZAMBOLIN, 2006).

A semeadura em diferentes épocas do ano faz com que seja necessária a obtenção de cultivares que tenham bom desempenho em todas elas. Dessa forma, durante a condução de um programa de melhoramento devem-se avaliar as progênies em várias safras, para várias características e em diferentes locais, reunindo em uma única cultivar, o fenótipo de interesse. A cultivar adequada é aquela com alta produtividade, de fácil manejo, com maior grau possível de resistência a pragas e doenças, além disso, que tenha um grão de bom padrão comercial e boas qualidades culinárias.

## **2.2 Características importantes do feijoeiro em um programa de melhoramento**

### **2.2.1 Resistência a patógenos**

A presença de patógenos é um fator importante a ser considerado no melhoramento do feijoeiro, devido à redução da qualidade dos grãos e principalmente redução da produtividade. O controle desses além de muito trabalhoso, onera o custo de produção. Assim, a melhor alternativa é a obtenção de cultivares resistentes ao maior número de doenças possível. Entre as doenças que causam prejuízo na cultura destaque pode ser dado para a mancha-angular, antracnose e crestamento bacteriano.

A mancha-angular, doença causada pelo fungo *Pseudocercospora griseola*, nas últimas décadas, passou a ser considerada uma das principais doenças da cultura do feijoeiro, sendo a ela atribuídas as perdas de muitas lavouras (SARTORATO; RAVA, 1994). É uma doença da parte aérea, e que tem seus danos agravados devido à, atualmente, o feijão ser cultivado durante todo o ano, e também devido a possíveis alterações das raças do patógeno ao longo dos anos (AMARO, 2006; PAULA JÚNIOR; VIEIRA; ZAMBOLIM, 2004).

Os principais sintomas da doença são lesões nas folhas, caule, ramos, vagens e pecíolos. Formam-se manchas, inicialmente irregulares, cinzas ou marrons seguidas de necrose da área afetada. As lesões delimitadas pelas nervuras assumem formato angular e, quando atingem um grande número, coalescem, causando o amarelecimento e desfolhamento prematuro da planta. O desfolhamento prematuro prejudica o enchimento das vagens, reduzindo o tamanho dos grãos e, conseqüentemente, a produção. As lesões nas vagens são, a princípio, superficiais, de coloração castanho-avermelhada, quase circular e com bordas escuras; são de tamanho variável e, quando numerosas, coalescem, cobrindo toda a largura da vagem. As vagens infectadas podem produzir sementes mal desenvolvidas e/ou totalmente

enrugadas. As lesões nos ramos, caule, e pecíolos são alongadas e de coloração castanho-escuro (AMARO, 2006; BIANCHINI; MARINGONI; CARNEIRO, 1997; NIETSCHE, 2000). Os principais agentes de dispersão de esporos são o vento e a chuva.

A variabilidade patogênica de *P. griseola* é enorme. Até 2002, Sartorato e Alzate-Marin (2004) já haviam identificado 51 raças do fungo no Brasil, encontradas em vários Estados produtores de feijão. Posteriormente, Silva et al. (2008) identificaram outras três, totalizando 54. Atualmente, esse número deve ser ainda maior, pois mecanismos como a mutação e recombinação podem originar novas raças (AGRIOS, 2005). Essa ampla variabilidade fisiológica do patógeno dificulta a obtenção de linhagens com resistência duradoura e em bom nível, tornando-se importante o monitoramento das raças e a obtenção de isolados dessas raças para serem utilizados nos programas de melhoramento do feijoeiro, visando resistência a essa doença (SARTORATO; RAVA, 1994).

O controle da resistência a todas as raças tem um comportamento quantitativo, ou seja, muitos genes envolvidos. Vários alelos de resistência dominantes e também recessivos foram identificados por vários autores e são descritos por Singh e Schwartz (2010). A ocorrência da doença é fortemente influenciada pelas condições ambientais, o que também caracteriza caráter quantitativo. Dessa forma, a resistência tem sido considerada horizontal (AMARO et al., 2007). Mesmo assim, tem sido observado que o caráter possui alta herdabilidade, permitindo sucesso na seleção de linhagens de feijoeiro com alto nível de resistência (AMARO et al., 2007; COUTO; SANTOS; ABREU, 2005; MARCONDES, 2007; SILVA, 2005).

Para avaliação da doença em condições de cultivo a utilização de escala de notas tem sido uma estratégia eficiente. Rezende (2012) comparando diferentes métodos de avaliação da mancha-angular do feijoeiro, concluiu que a severidade em parcelas de campo utilizando escalas de notas é o método mais indicado para avaliação, por ser mais viável em termos práticos e proporcionar maior poder de discriminação entre



tratamentos. Ele observou também que a época mais indicada para avaliar a doença é em torno de 30 dias após o florescimento, pois possibilita maior discriminação entre tratamentos e tem maior correlação com a produtividade de grãos.

Outra doença relevante é a antracnose, causada pelo fungo *Colletotrichum lindemuthianum* (Sacc. & Magn.) Scribner. As perdas ocasionadas por essa doença podem ser da ordem de 100%, quando são utilizadas sementes infectadas e as condições ambientais são favoráveis (CHAVES, 1980). A doença é mais severa quando detectada no início do plantio, podendo ocasionar a morte da planta. Em estágios mais avançados essa afeta a qualidade dos grãos e das vagens, que se tornam bastante depreciadas pela doença.

Os sintomas da antracnose podem ser observados em qualquer órgão da parte aérea da planta, dependendo da fonte de inóculo e da intensidade da doença. Lesões marrom-escuras ou negras surgem nos cotilédones, em decorrência da transmissão da doença pelas sementes. As lesões no caule e no pecíolo são, normalmente, em formato elíptico, deprimidas e escuras. Nas folhas, os sintomas mais característicos surgem na face inferior, como escurecimento ao longo das nervuras. Às vezes, canchros ou necroses das áreas adjacentes às nervuras são também observados. Nas vagens, as lesões são circulares, inicialmente de coloração marrom-clara, evoluindo, posteriormente, para deprimidas e escuras, com o centro mais claro. Em condições favoráveis, surge, no centro das lesões, uma coloração rósea, ocasionada pela produção de uma massa de esporos do fungo. Sementes infectadas apresentam lesões escuras e deprimidas, de tamanhos variáveis. Com o progresso da doença, as vagens podem murchar e secar (PAULA JÚNIOR; ZAMBOLIM, 2008). A disseminação do patógeno, a curtas distâncias, ocorre por meio de respingos da água de chuvas ou irrigação, ventos, insetos, homem e trânsito de implementos. A semente infectada é responsável pela disseminação a longas distâncias. O patógeno também pode sobreviver em restos culturais.

O melhoramento do feijoeiro para resistência à antracnose é dificultado devido à grande variabilidade patogênica, expressa pelas diferentes raças fisiológicas encontradas (PEREIRA et al., 2010; PINTO et al., 2012; RAVA; PURCHIO; SARTORATO, 1994; SARTORATO, 2002). Tal variabilidade pode ser devida à mutação, recombinação sexual, heterocariose, parassexualidade, transposons, fatores citoplasmáticos e polimorfismo cromossômico (PINTO et al., 2012; RAVA; PURCHIO; SARTORATO, 1994; SARTORATO, 2002).

Apesar da ampla variabilidade do patógeno, a resistência genética é um dos mecanismos de controle mais eficientes. O estudo da herança da resistência a essa doença tem sido alvo de inúmeros trabalhos e várias fontes com os respectivos alelos de resistência são conhecidas, comprovando a existência de vários genes independentes que conferem resistência a várias raças conforme descrito por Singh e Schwartz (2010). Um dos problemas para uso da resistência conferida por apenas um gene, que expressa resistência completa (resistência vertical) contra o patógeno, é o grande número de raças, conforme comentado, que reduz a vida útil de uma cultivar.

Dentre as doenças de origem bacteriana que afetam a cultura do feijoeiro comum, o crestamento bacteriano comum (CBC) incitado por *Xanthomonas saxonopodis* pv. *Phaseoli* é a mais importante, podendo reduzir consideravelmente a produção da cultura (SINGH; SCHWARTZ, 2010). O controle químico, em geral, tem sido pouco eficiente e as medidas de controle cultural, incluindo a rotação de culturas e o emprego de sementes de boa qualidade, são de aplicabilidade bastante restrita em regiões onde prevalece o cultivo de subsistência, ainda responsável por alto percentual da produção brasileira (COSTA; RAVA; PURÍSSIMO, 2008).

Os sintomas típicos da doença são visíveis em toda parte aérea da planta, ocorrem também no caule e na vagem. Dependendo da suscetibilidade das variedades de feijoeiro, pode ocorrer o desenvolvimento de sintomas de murcha nas plantas, devido à colonização vascular (BIANCHINI; MARINGONI; CARNEIRO, 1997).

Considerável variabilidade patogênica tem sido relatada (LÓPEZ; ASENSIO; GILBERTSON, 2006; MKANDAWIRE et al., 2004; MUTLU et al., 2008; ZAPATA, 1997) o que tem dificultado o desenvolvimento de cultivares resistentes. A virulência das bactérias provenientes de diferentes locais também é um complicador (BIANCHINI; MARINGONI; CARNEIRO, 1997).

Só resistência moderada ao CBC é encontrada no feijoeiro comum (ARNAUD-SANTANA et al., 1993; COYNE; SCHUSTER, 1983; SINGH; MUÑOZ, 1999). Pode-se destacar a cultivar BRS Esplendor, que apresentou em ensaios de campo moderada resistência à doença (COSTA et al., 2011). Um genótipo pode mostrar resistência em folhas e suscetibilidade nas vagens ou vice-versa bem como as plantas podem também ser resistentes a algumas estirpes da bactéria e susceptíveis a outras (AGGOUR et al., 1989; MUTLU et al., 2008).

Outra limitação para resistência ao CBC é a estreita base genética das fontes de resistência utilizadas (COSTA; RAVA, 2003). Uma alternativa para contornar esse problema é a combinação de linhagens de diferentes *pools* gênicos para obtenção de cultivares resistentes (MIKLAS et al., 2006). Alto nível de resistência está relacionado com o incremento do número de fontes combinadas, dependendo também da origem da fonte da resistência. *P. acutifolius* apresenta altos níveis de resistência, seguido pelo *P. coccineus* e *P. vulgaris* (SINGH; MUÑOZ, 1999). É também interessante notar que estratégias de melhoramento que combinem a seleção assistida por marcadores com intermitente seleção fenotípica têm sido eficientes no desenvolvimento de linhagens melhoradas resistentes ao CBC (MIKLAS et al., 2006).

Alguns autores comentam que têm atingido considerável progresso na obtenção de linhagens com resistência conjunta à antracnose e CBC (ANDRADE et al., 1998; COSTA et al., 1990; COSTA et al., 1998; RAVA; COSTA; SARTORATO, 1992; RAVA et al., 1988). Ainda assim, a maioria das cultivares de feijoeiro em uso nas diferentes regiões do país é suscetível

a essa bacteriose. Sendo assim, é necessário juntamente com outras características de importância, obter cultivares resistentes ao crestamento bacteriano.

### **2.2.2 Porte**

A obtenção de plantas de porte ereto e que também sejam tolerantes ao acamamento tem sido um dos objetivos de vários programas de melhoramento por facilitar a colheita e tratos culturais, reduzir as perdas caso ocorram chuvas durante a colheita e também reduzir os danos causados por doenças, devido ao maior arejamento da cultura (MENDES; RAMALHO; ABREU, 2009; MENEZES JÚNIOR; RAMALHO; ABREU, 2008; ROCHA et al., 2011; SILVA; ABREU; RAMALHO, 2009).

Dentro do conceito de porte da planta estão envolvidos vários caracteres, tais como: o hábito de crescimento, comprimento de internódios, número de ramificações laterais e sua orientação, entre outros. Todos esses caracteres em conjunto estabelecem o que se denomina de porte ou arquitetura da planta (COLLICCHIO; RAMALHO; ABREU, 1997).

O hábito de crescimento é um caráter morfoagronômico que é determinado, dentre outras características, pelo crescimento do caule, determinado e indeterminado, e o hábito de florescimento da planta (SANTOS; GAVILANES, 2006). Nas plantas de hábito de crescimento determinado, o florescimento ocorre de cima para baixo e o crescimento cessa após o aparecimento das primeiras flores. Nas plantas de hábito indeterminado, o florescimento inicia-se na parte inferior da planta e essa continua a crescer após o florescimento (TEIXEIRA; RAMALHO; ABREU, 1999).

Plantas com hábito de crescimento determinado são denominadas de Tipo I, caracterizam-se por ter o caule e os ramos laterais terminando em uma inflorescência (inflorescência terminal) e possuir internódios mais

curtos e um número limitado de nós; a floração inicia-se do ápice para a base da planta, de maneira uniforme e em um período relativamente curto. As plantas são arbustivas e com porte ereto. O crescimento do caule determina os principais tipos de planta do feijoeiro: arbustivo, prostrado e trepador (SANTOS; GAVILANES, 2006).

O hábito de crescimento indeterminado pode ser classificado em três tipos principais: II, III e IV. É caracterizado por plantas com um caule principal em que o desenvolvimento vegetativo permite crescimento contínuo, numa sucessão de nós e entrenós; as inflorescências desenvolvem-se nas axilas das folhas e a floração inicia-se da base para o ápice da planta, como comentado anteriormente.

As plantas do tipo II são denominadas de “guia curta” ou “ramo curto”. O caule é ereto e apresenta padrão de ramificação limitado. As vagens, geralmente, se concentram na porção média da planta. As plantas do tipo III são semitrepadoras e possuem ramificações bem desenvolvidas e abertas. As plantas se tornam prostradas devido à baixa resistência do caule durante o processo de enchimento de grãos e ao maior número de vagens localizadas na porção inferior da planta. As plantas do tipo IV são semelhantes as do tipo III, porém com plantas mais volúveis e com internódios mais longos.

O número e o ângulo de ramificações laterais também influenciam a arquitetura do feijoeiro (VILHORDO et al., 1996). As plantas do tipo III possuem grande quantidade de ramificações laterais e ângulo aberto, favorecendo o acamamento. Já as plantas do tipo II apresentam menor número de ramificações laterais, além de serem mais fechadas e, portanto, possuem porte mais ereto. As plantas com maior número de internódios e com internódios mais longos tendem a acamar, dificultando o manejo da cultura e criando um ambiente favorável para proliferação de patógenos.

O tamanho e a altura de inserção das vagens também possuem grande implicação na arquitetura do feijoeiro. Plantas com vagens grandes e que toquem o solo são indesejáveis, pois aumentam as perdas na colheita e

depreciam a qualidade dos grãos. Outro problema, é que de acordo com o porte da planta os tratamentos culturais são dificultados.

Em algumas ocasiões tem sido observado que plantas de arquitetura ereta podem apresentar menor produtividade e grãos de tamanho pequeno (ROCHA et al., 2011; SILVA; ABREU; RAMALHO, 2009). Contudo também tem sido verificado que é possível aliar plantas de porte ereto e com boa produtividade e tipo de grão de acordo com as exigências do mercado (MENDES; RAMALHO; ABREU, 2009; MENEZES JÚNIOR; RAMALHO; ABREU, 2008; SILVA; ABREU; RAMALHO, 2009). Para isso é necessário que essas características sejam consideradas simultaneamente durante a seleção (MENDES; RAMALHO; ABREU, 2009).

### **2.2.3 Produtividade**

A produtividade de grãos é considerada o caráter de maior importância para o melhoramento genético do feijão, pois melhorias em outros caracteres somente se justificam quando associadas à alta produtividade de grãos. A produtividade é um caráter poligênico, fortemente influenciado pelo ambiente e cujo ganho a cada ciclo de seleção geralmente é pequeno (LIMA, 2010). Além disso, tem sido relatada na literatura a ocorrência de interação genótipos por ambientes (BRUZI; RAMALHO; ABREU, 2007; LIMA; RAMALHO; ABREU, 2012; MENEZES JÚNIOR; RAMALHO; ABREU, 2008; SILVA; ABREU; RAMALHO, 2009). Esses dois fatores fazem com que as estimativas de herdabilidade ( $h^2$ ) e ganhos esperados com a seleção (GS) sejam, geralmente, de baixa magnitude. Levantamento de estimativas de  $h^2$  e GS realizado por Moreto et al. (2007) mostraram valores de  $h^2$  variando de 4 a 60% para produtividade de grãos. Contudo, a maioria foi inferior a 30%. Para o GS as estimativas variaram de -11,4 a 30,8%, sendo a maioria inferior a 10%. Principalmente numa

situação como essa é importante que o melhorista tenha persistência na condução de seu programa e que as avaliações sejam realizadas no maior número possível de ambientes. Só assim será possível continuar tendo avanços no progresso para esse caráter.

A obtenção de cultivares de feijão que associem alta produtividade de grãos e melhor arquitetura de planta também tem sido um dos principais objetivos dos programas de melhoramento dessa espécie no Brasil. Muitos trabalhos relatam que plantas mais produtivas apresentam porte indesejável. Rocha et al. (2011) concluíram que correlações desfavoráveis entre produtividade e massa de 100 sementes com caracteres relacionados à arquitetura de planta nas linhagens de feijão indicaram dificuldade de reunir essas características numa cultivar. Porém, em outros trabalhos, ficou demonstrado ser possível obter plantas que associem porte ereto e boa produtividade, conforme já comentado (COLLICCHIO; RAMALHO; ABREU, 1997; GONÇALVES, 2008; MENDES; RAMALHO; ABREU, 2009; MENEZES JÚNIOR; RAMALHO; ABREU, 2008; SILVA; ABREU; RAMALHO, 2009).

Moreto et al. (2007) evidenciaram que a seleção efetuada apenas considerando a produtividade de grãos contribui para obtenção de plantas menos eretas, o que é prejudicial. Contudo, como a estimativa da correlação obtida foi de pequena magnitude, concluíram ser possível selecionar plantas que sejam produtivas e mais eretas, sobretudo se for utilizado algum índice de seleção, haja vista que o porte das plantas é prejudicado pela seleção efetuada apenas considerando a produtividade de grãos.

Um índice de seleção foi utilizado com sucesso por Mendes, Ramalho e Abreu (2009) na seleção de populações segregantes superiores, considerando os caracteres produtividade de grãos, porte e acamamento das plantas, simultaneamente. Contudo, Lima, Ramalho e Abreu (2012) verificaram que a interação progênies x ambientes reduz o sucesso com a

seleção quando os caracteres produtividade de grãos, porte da planta e tipo de grãos são considerados simultaneamente.

#### **2.2.4 Tipo de grão**

Em qualquer programa de melhoramento de feijoeiro, uma característica que merece atenção especial é a qualidade dos grãos, que pode ser considerada sob três aspectos: quanto à sua aceitação comercial, quanto às suas propriedades nutritivas e quanto às características culinárias. Para que uma cultivar seja aceita comercialmente é necessário que apresente tipo de grão exigido pelo mercado. Assim, dentre as características a serem observadas no grão do feijão, se destacam a cor, o tamanho e o formato.

Em Minas Gerais, devido à preferência do consumidor, o feijão do tipo Carioca (tegumento creme com rajas marrom) é o mais produzido. No Rio de Janeiro, Rio Grande do Sul, Santa Catarina e Espírito Santo o tegumento preto é mais apreciado. As outras cores, como amarelo, roxo e rosinha, possuem um nicho específico (MATOS, 2005). Contudo, sem dúvida, o tipo carioca é o mais demandado pelo mercado. Por isso, depois da recomendação da cultivar Carioca, na década de 1970 (ALMEIDA et al., 1971; WUTKE; MASCARENHAS, 2012), os programas brasileiros de melhoramento genético do feijoeiro têm dado maior ênfase à obtenção de cultivares desse grupo comercial (BARBOSA; GONZAGA, 2012; MATOS, 2005; RAMALHO; ABREU, 2006; ZIMMERMANN; TEIXEIRA, 1996).

O maior problema para obter grãos dentro do padrão comercial carioca é o grande número de genes envolvidos (BASSET, 1996; LEAKEY, 1988). Há genes responsáveis pela tonalidade da cor creme, da presença das rajas e sua tonalidade, cor do halo e presença ou não de brilho. Só em relação à cor já foram identificados 18 genes. Esse fato já evidencia a dificuldade de se obter linhagens com grãos cuja cor atenda aos anseios dos consumidores.



Além do mais, a cor creme escurece após algum tempo de armazenamento. Assim, se as novas cultivares apresentarem essa cor mais escura, dificilmente serão aceitas, pois mesmo sendo recém-colhidas poderão ser confundidas com grãos velhos. Portanto, a cor creme deve ser clara, bem como a tonalidade das rajadas marrons (ARAÚJO; RAMALHO; ABREU, 2012; SILVA, 2007). Esse caráter também é muito influenciado pelas condições ambientais dependendo, também, em grande parte, do manejo durante a colheita. Assim, mesmo grãos claros, se forem submetidos a uma seca excessiva na planta ou depois de colhidos, ou se, ao contrário, ficarem expostos às chuvas por ocasião da maturação, terão o processo de escurecimento acelerado e a consequente redução da qualidade (RAMALHO; ABREU, 2006).

Em relação à cor do halo em torno do hilo, ela deve ser da mesma tonalidade da cor creme. A cor amarela do halo, que é indesejável, depende de alguns genes. Um deles é o J, cujo alelo dominante além de conferir a cor amarela ao halo, prejudica o cozimento, pois tem efeito pleiotrópico na cor e na absorção de água (LEAKEY, 1988). Há, contudo, outros genes envolvidos na cor amarela do halo que não afetam a qualidade dos grãos. Assim, nem sempre a presença do halo amarelo indica problemas no cozimento. Mesmo assim, para evitar rejeição dos consumidores, em todos os programas de melhoramento visando à obtenção de grãos do tipo carioca, linhagens com halo amarelo são descartadas.

Outro caráter associado à aceitação de uma nova cultivar é o tamanho dos grãos. A preferência é pelos grãos de tamanho médio, isto é, 100 grãos pesando em torno de 27 gramas. Se o tamanho não for igual ou próximo desse valor, certamente haverá restrições na sua adoção. De acordo com Basset (1982), o tamanho dos grãos apresenta herança monogênica, sendo o alelo recessivo do gene *ds* responsável pela redução do tamanho da semente e da vagem quando em homozigose. A presença de poucos genes no controle do caráter também foi relatada por outros autores (PETERNELLI,

1992; SANTOS; VENCOVSKY; RAMALHO, 1985). Contudo, é um caráter que também é muito influenciado pelas condições ambientais.

Em relação ao formato, grãos que sejam achatados ou que apresentem a forma de rim normalmente são rejeitados. A preferência é pelo oblongo (SANTOS, 2001). Leakey (1988) relata 12 tipos diferentes de forma de semente, porém o controle genético dessa característica ainda é pouco estudado. O que se sabe é que o comprimento, largura e espessura dos grãos possuem herança quantitativa (NIENHUIS; SINGH, 1988; PARK et al., 2000).

### **2.3 Seleção simultânea para várias características**

O objetivo final de qualquer programa de melhoramento é a obtenção de cultivares que superem com vantagens as pré-existentes. Ter vantagens adicionais só é possível se a nova cultivar reunir, simultaneamente, uma série de fenótipos favoráveis para caracteres de interesse (RAMALHO et al., 2012). Bernardo (2002) agrupa as opções de seleção de várias características em três metodologias: Método de Tandem; Método dos níveis independentes de eliminação e Método do índice de seleção.

O método de Tandem baseia-se na seleção de uma característica por vez, ignorando o efeito indireto dessa seleção sobre as demais, até que a principal característica considerada atinja o nível desejado. Só a partir daí que uma segunda característica passa a ser considerada no processo de seleção e, assim, o processo vai ocorrendo sucessivamente. Esse método terá menor eficiência em selecionar indivíduos superiores se os caracteres de interesse forem correlacionados, já que ao selecionar para uma característica, as outras que não estão sendo consideradas não permanecem constantes.

O método dos níveis independentes de eliminação consiste em estabelecer níveis mínimos ou máximos para cada característica, de forma

que a seleção seja feita entre os indivíduos, cujo desempenho está entre o desejado e o limite pré-estabelecido. De forma indireta esse método é comumente utilizado nos programas de melhoramento.

O índice de seleção é uma alternativa eficiente, pois permite combinar as múltiplas informações dos caracteres mensurados no indivíduo/progênie, de modo que seja possível a seleção fundamentada em um único valor envolvendo todos os demais (CRUZ; CARNEIRO, 2003; RAMALHO et al., 2012). O índice de seleção consiste numa função linear das diferentes características, podendo ser dado algum peso diferencial em razão da importância da característica.

Vários índices foram propostos e inúmeras soluções matemáticas foram feitas para ajustar o índice ao que os melhoristas desejavam. Cruz e Carneiro (2006) apresentam descrição detalhada de vários desses índices. Aqui, será considerado apenas o índice baseado na soma de variáveis padronizadas, índice Z, utilizado por Gomes et al. (2006), Lima, Ramalho e Abreu (2012), Mendes, Ramalho e Abreu (2009), Menezes Júnior, Ramalho e Abreu (2008) e Reis et al. (2011).

O índice Z é implementado a partir da padronização dos dados das parcelas. É também conhecido como “Bola cheia ou murcha”, pois permite a visualização do desempenho de cada progênie para todos os caracteres. Esse índice tem como fundamento a padronização das variáveis ( $Z_{ij}$ ), visando torná-las diretamente comparáveis, pelo seguinte estimador:

$$Z_{ijk} = \frac{Y_{ijk} - \bar{Y}_{.jk}}{s_{.jk}}$$

em que,

$Z_{ijk}$  : valor da variável  $k$  padronizada correspondente ao caráter  $k$  na população  $i$  na repetição  $j$ ;

$Y_{ijk}$  : observação do caráter  $k$ , da população  $i$  na repetição  $j$ ;

$\bar{Y}_{.jk}$  : média geral do caráter  $k$  na repetição  $j$ ;

$s_{.jk}$  : desvio padrão fenotípico do caráter  $k$  na repetição  $j$ .

Como a variável  $Z_{ijk}$  assume valores negativos e positivos, é somada uma constante ( $k$ ) às suas estimativas, para que não ocorram valores negativos. Nesse caso, a média populacional, em vez de zero, passa a ser a constante. O índice  $Z$  é o somatório de  $Z_i$  de todas as variáveis envolvidas, ou seja,  $Z = \sum_{i=1}^n Z_i$ . Se a padronização for realizada por parcela é possível realizar a análise de variância. A partir das análises podem-se estimar parâmetros genéticos e fenotípicos, inclusive o ganho esperado com a seleção com o índice, e com as médias obtidas pode-se realizar a seleção. Uma vantagem do índice  $Z$  é a possibilidade em se realizar inferência estatística acerca dos valores dos índices associados às populações. Nesse caso, o agrupamento pelo teste de Scott e Knott (1974) é uma boa opção.

Na cultura do feijoeiro esse índice tem sido utilizado por vários autores visando, principalmente associar arquitetura ereta de plantas, produtividade e tipo de grão comercial. Menezes Júnior, Ramalho e Abreu (2008) utilizaram a padronização dos dados, para estimar o progresso genético após três ciclos de seleção recorrente na cultura do feijoeiro para três características: produtividade de grãos, porte e tipo de grão. Mendes, Ramalho e Abreu (2009) também utilizaram o índice  $Z$  na análise de cruzamentos em esquema de dialelo parcial, visando identificar as populações segregantes mais promissoras em produtividade de grãos, porte das plantas e resistência ao acamamento, simultaneamente.

Lima, Ramalho e Abreu (2012) compararam alguns índices de seleção visando à obtenção de linhagens de feijão que apresentassem boa produtividade de grãos, porte das plantas o mais ereto possível, com grãos do tipo carioca dentro do padrão comercial. Verificaram que o índice  $Z$  foi eficiente na seleção simultânea para os três caracteres, pela facilidade de obtenção, pela possibilidade de se proceder a seleção graficamente e pela

viabilidade de se proceder a análise de variância do índice. Contudo, verificaram também que a interação progênies x ambientes pode reduzir o progresso com a seleção quando as características são consideradas simultaneamente, conforme já comentado.

Porém, não se tem relatos de trabalhos que associaram a maioria das características de importância na seleção de populações e progênies de feijoeiro como resistência às doenças, porte das plantas, produtividade e tipo de grão, em um único índice de seleção, envolvendo cruzamentos apenas entre cultivares elite.

### 3 MATERIAL E MÉTODOS

#### 3.1 Avaliação das Populações

Foram utilizadas 16 populações segregantes provenientes do Programa de Melhoramento do Feijoeiro da Embrapa Arroz e Feijão, envolvendo apenas linhagens elite de grãos tipo carioca nos cruzamentos (Tabelas 1 e 2). Essas populações foram avaliadas na safra das “águas” 2011/2012 (geração F<sub>4</sub>) e seca de 2012 (geração F<sub>5</sub>) no Centro de Desenvolvimento Científico e Tecnológico da Universidade Federal de Lavras (UFLA), localizado no município de Lavras, MG. O delineamento experimental foi o de blocos casualizados com quatro repetições e parcelas de duas linhas de 4m nas “águas” (F<sub>4</sub>) e látice triplo com parcelas de quatro linhas de 4m na “seca” (F<sub>5</sub>).

Na avaliação foram consideradas as seguintes características:

- produtividade de grãos em kg/ha;
- arquitetura das plantas: avaliada por meio de escala de notas de 1 a 9, em que a nota 1 foi atribuída às plantas prostradas e a nota 9, às plantas completamente eretas;
- sanidade: avaliada por meio de escala de notas de 1 a 9, em que 1 indicava plantas com sintomas severos de doença e 9, ausência de doenças. Foi dada uma única nota considerando qualquer doença que tenha ocorrido (mancha-angular, antracnose, crestamento bacteriano, sarna, etc.);
- tipo de grão: avaliado por meio de escala de notas de 1 a 9, modificada de Ramalho, Pirola e Abreu (1998), em que 1 refere-se ao grão tipo carioca com a cor do grão creme escuro e rajas marrom-escuras, com halo, peso médio de 100 sementes menor que 22 g, grãos achatados e a nota 9 indica grão tipo carioca com cor creme claro, rajas marrom-claras, sem halo, peso médio de 100 sementes em torno de 27 g, grãos não achatados.

Tabela 1 Características de destaque das linhagens de feijoeiro utilizadas na obtenção das populações

Linhagem	Características de destaque
CNFC 8063	Alto potencial produtivo; planta de arquitetura ereta; resistência a algumas raças de antracnose (informação pessoal).
BRS Cometa	Ciclo precoce; planta de arquitetura ereta; resistência às raças 55, 95 e 453 de antracnose (FARIA et al., 2008).
BRSMG	Alto potencial produtivo; resistente às raças 55, 89, 95 e 453 de antracnose; moderadamente resistente à mancha-angular (ABREU et al., 2007).
Majestoso	Alto potencial produtivo; planta de arquitetura ereta; resistência a algumas raças de antracnose (informação pessoal).
BRS Estilo	Alto potencial produtivo; planta de arquitetura ereta; resistência às raças 23, 55, 71, 89, 95, 127 e 453 de antracnose (MELO et al., 2010).
CNFC 8075	Alto potencial produtivo; resistência a algumas raças de antracnose; moderadamente resistente à mancha-angular (informação pessoal).
CNFC 9506	Alto potencial produtivo; planta de arquitetura ereta; resistência a algumas raças de antracnose (informação pessoal).
Guará	Boa produtividade de grãos; moderadamente resistente ao crestamento bacteriano comum (COELHO et al., 2007).
CNFC 10269	Produtividade intermediária, porte semi-ereto, reação intermediária a ferrugem e antracnose (informação pessoal).

Tabela 2 Populações F<sub>4</sub> utilizadas na obtenção de progênies

Populações	Identificação
1	CNFC 8063 / BRS Cometa
2	CNFC 8063 / BRSMG Majestoso
3	CNFC 8063 / GX 9792-299-2
4	BRS Estilo / BRS Cometa
5	BRS Estilo / CNFC 8075
6	BRS Estilo / BRSMG Majestoso
7	BRS Estilo / GX 9792-299-2
8	BRS Estilo / CNFC 9506
9	BRS Cometa / CNFC 8075
10	BRS Cometa / Guará
11	BRS Cometa / BRSMG Majestoso
12	BRS Cometa / CNFC 10269
13	Guará / GX 9792-299-2
14	Guará / CNFC 10269
15	BRSMG Majestoso / GX 9792-299-2
16	BRSMG Majestoso / CNFC 10269

Os dados obtidos na avaliação de cada característica foram, inicialmente, submetidos à análise de variância individual, por safra. Na safra das águas foi considerado o seguinte modelo:

$$Y_{ij} = m + p_i + b_j + e_{ij}$$

em que:

$Y_{ij}$ : valor observado da parcela que recebeu o tratamento  $i$ , na repetição  $j$ ;

$m$ : média geral do experimento;

$p_i$ : efeito da população  $i$ , sendo  $i = 1, 2, \dots, 16$ ;

$b_j$ : efeito da repetição  $j$ , sendo  $j = 1, 2, 3$  e  $4$ ;



$e_{ij}$ : erro experimental associado à observação  $Y_{ij}$ , assumindo que os erros são independentes e normalmente distribuídos, com média zero e variância  $\sigma^2_e$ .

Na safra da “seca” o modelo estatístico foi:

$$Y_{ijk} = m + p_i + b_j + q_{k(j)} + e_{ijk}$$

em que:

$Y_{ijk}$ : valor observado na parcela que recebeu a população  $i$ , no bloco  $k$  dentro da repetição  $j$ ;

$m$ : média geral do experimento;

$p_i$ : efeito da população  $i$ , sendo  $i = 1, 2, 3, \dots, 16$ ;

$b_j$ : efeito da repetição  $j$ , sendo  $j = 1, 2$  e  $3$ ;

$q_{k(j)}$ : efeito do bloco  $k$  dentro da repetição  $j$ ;

$e_{ijk}$ : erro experimental associado à observação  $Y_{ijk}$ , assumindo que os erros são independentes e normalmente distribuídos, com média zero e variância  $\sigma^2_e$ .

Posteriormente, os dados de cada parcela foram padronizados, obtendo-se o valor  $Z_{ijl}$  pelo seguinte estimador:

$$Z_{ijl} = \frac{Y_{ijl} - \bar{Y}_{.jl}}{s_{.jl}}$$

em que,

$Z_{ijl}$ : valor da variável padronizada correspondente ao caráter  $l$  na população  $i$  na repetição  $j$ ;

$Y_{ijl}$ : observação do caráter  $l$ , da população  $i$  na repetição  $j$ ;

$\bar{Y}_{.jl}$ : média geral do caráter  $l$  na repetição  $j$ ;

$s_{.jl}$ : desvio padrão fenotípico do caráter  $l$  na repetição  $j$ .

Como a variável  $Z_{ijl}$  apresentou valores negativos, a constante 4 foi somada aos valores. A média populacional em vez de zero, passou a ser 4. Após a padronização das variáveis, foi obtido o somatório de  $Z_{ijl}$  ( $z_{ij} = \sum_{l=1}^4 z_{ijl}$ ) por parcela, constituindo o índice Z que considera as variáveis padronizadas dos quatro caracteres. O  $\sum Z$  também foi submetido à análise de variância seguindo os mesmos modelos mencionados em cada safra.

Em seguida foi feita a análise de variância conjunta de todas as características e índice Z, utilizando médias, seguindo o seguinte modelo:

$$\bar{Y}_{iq} = m + p_i + s_q + (sp)_{iq} + \bar{e}_{iq}$$

em que:

$\bar{Y}_{iq}$ : média do tratamento  $i$  na safra  $q$ ;

$m$ : média geral do experimento;

$p_i$ : efeito da população  $i$ , sendo  $i = 1, 2, 3, \dots, 16$ ;

$s_q$ : efeito da safra  $q$ , sendo  $q=1,2$ ;

$(sp)_{iq}$ : efeito da interação entre a população  $i$  e a safra  $q$ ;

$\bar{e}_{iq}$ : erro médio associado à observação  $\bar{Y}_{iq}$ , sendo que os erros são independentes e normalmente distribuídos, com média zero e variância  $\sigma^2_e$ .

As médias das populações foram agrupadas pelo teste de Scott e Knott (1974). Para realizar as análises de variância, foi utilizado o programa estatístico MSTAT-C (1991).

### 3.2 Avaliação das Progênies

Na geração  $F_5$ , de cada população foram selecionadas 31 plantas que constituíram as progênies que foram avaliadas nas gerações  $F_{5:6}$  e  $F_{5:7}$  nas

safras do inverno de 2012 e “águas” 2012/2013, respectivamente, no Centro de Desenvolvimento Científico e Tecnológico da Universidade Federal de Lavras (UFLA), localizado no município de Lavras, MG.

Nas duas gerações/safras foram montados dois experimentos, cada um composto por progênies de oito populações (experimento 1, progênies das populações 1 a 8; experimento 2, progênies das populações 9 a 16) e oito testemunhas (cultivares BRS Cometa, BRSMG Majestoso, BRS Estilo, BRS Notável e Pérola e linhagens CNFC8063, CNFC8075 e RP-1). O delineamento experimental de cada experimento foi látice simples 16 x 16 e as parcelas, de uma linha de 2m espaçadas de 0,5m na geração F<sub>5,6</sub> e de duas linhas de 2m espaçadas de 0,5m na F<sub>5,7</sub>.

Em todas as gerações foram avaliadas as mesmas características utilizadas na avaliação das populações. Os dados das características avaliadas também foram padronizados obtendo-se o índice Z e, posteriormente, o somatório de Z. Nesse caso, a constante adicionada durante a padronização foi 7.

Os dados de cada característica avaliada e do somatório de Z foram submetidos à análise de variância individual e analisados de acordo com o seguinte modelo aleatório:

$$Y_{ijk} = m + t_i + r_j + b_{k(j)} + e_{ijk}$$

em que:

$Y_{ijk}$  :valor observado na parcela que recebeu o genótipo  $i$ , no bloco  $k$ , dentro da repetição  $j$ ;

$m$  : média geral do experimento;

$t_i$  : efeito do genótipo  $i$ , sendo  $i = 1, 2, 3, \dots, n$ , em que  $n$  é o número de genótipos avaliadas em cada geração, sendo  $t_i \sim N(0, \sigma_t^2)$ ;

$r_j$  : efeito da repetição  $j$ , em que  $j = 1$  e  $2$ , sendo  $r_j \sim N(0, \sigma_r^2)$ ;

$b_{k(j)}$  : efeito do bloco  $k$  dentro da repetição  $j$ , sendo  $b_{k(j)} \sim N(0, \sigma_b^2)$ ;

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

Foi realizada a partir das análises individuais dentro de cada safra uma análise de grupos de experimentos com testemunhas comuns conforme Pimentel-Gomes (2009) e Ramalho, Ferreira e Oliveira (2012), considerando os dois experimentos. Foi utilizado o seguinte modelo:

$$Y_{ikjn} = m + f_n + r_{j(n)} + b_{k(jn)} + t_{i(n)} + e_{ijkn}$$

em que,

$Y_{ikjn}$ : observação do genótipo  $i$ , no bloco  $k$ , na repetição  $j$ , no experimento  $n$ ;

$m$ : média geral;

$f_n$ : efeito do experimento  $n$ ;

$r_{j(n)}$ : efeito da repetição  $j$  dentro do experimento  $n$ , sendo  $r_{j(n)} \sim N(0, \sigma_r^2)$ ;

$b_{k(jn)}$ : efeito do bloco  $k$  dentro da repetição  $j$  no experimento  $n$ , sendo

$b_{k(jn)} \sim N(0, \sigma_b^2)$ ;

$t_{i(n)}$ : efeito do genótipo  $i$ , sendo  $t_i \sim N(0, \sigma_t^2)$ ;

$e_{ikjn}$ : efeito do erro médio, sendo  $e_{ikjn} \sim N(0, \sigma_e^2)$ .

Posteriormente, foi feita a análise conjunta das duas gerações/safras utilizando as médias ajustadas do delineamento de látice, seguida de uma correção de acordo com a metodologia proposta por Pimentel-Gomes (2009). Essa correção ajusta as médias das progênies pela subtração de um ajuste  $k$ , em que  $k$  é a média dos tratamentos comuns (testemunhas) na safra respectiva subtraída da média geral dos tratamentos comuns.

O modelo adotado na análise conjunta considerando todos os efeitos como aleatório, exceto a média, foi o seguinte:

$$\bar{Y}_{iq} = m + t_i + s_q + (ts)_{iq} + \bar{e}_{iq}$$

em que:

$\bar{Y}_{iq}$  :valor observado da média do genótipo  $i$  na safra  $q$ ;

$m$  :média geral do experimento;

$t_i$  : efeito do genótipo  $i$ , em que  $i = 1, 2, 3, \dots, 504$ , sendo  $t_i \sim N(0, \sigma_t^2)$ ;

$s_q$  : efeito da safra  $q$ , sendo  $s_q \sim N(0, \sigma_s^2)$ ;

$(ts)_{iq}$  :efeito da interação entre o genótipo  $i$  e a safra  $q$ , sendo  $(ts)_{iq} \sim N(0, \sigma_{ts}^2)$ ;

$\bar{e}_{iq}$  :erro médio associado à observação  $Y_{iq}$ , sendo  $\bar{e}_{iq} \sim N(0, \sigma_e^2)$ .

A partir das esperanças dos quadrados médios das análises por geração (safra) e conjunta, foram obtidas as seguintes estimativas:

- a) Variância genética ( $V_{P_{iq}}$ ) entre as médias das progênes por população ( $i$ ) na geração  $q$ :

$$V_{P_{iq}} = \frac{QMP_{iq} - QME_q}{r}$$

Em que,

$QMP_{iq}$ : é o quadrado médio entre progênes da população  $i$  na geração  $q$ ;

$QME_q$ : é o quadrado médio do erro do experimento na geração  $q$ ;

$r$ : é o número de repetições.

- b) Variância genética ( $V_{P_i}$ ) entre progênes por população  $i$  considerando as duas gerações:

$$V_{P_i} = \frac{QMP_i - QMI}{rs}$$

em que,

$QMP_i$ : é o quadrado médio entre progênes da população  $i$  considerando as duas gerações;

$QMI$ : é o quadrado médio da interação Genótipos x gerações;

$s$ : é o número de safras.

- c) Variância fenotípica entre média de progênes da população  $i$  na geração  $q$  ( $V_{\bar{F}_{iq}}$ ) em cada safra:

$$V_{\bar{F}_{iq}} = \frac{QMP_{iq}}{r}$$

$QMP_{iq}$  e  $r$  já foram definidos anteriormente.

- d) Variância fenotípica ( $V_{\bar{F}_i}$ ) entre progênes por população  $i$  considerando as duas gerações:

$$V_{\bar{F}_i} = \frac{QMP_i}{rs}$$

$QMP_i$ ,  $r$  e  $s$  já foram definidos anteriormente.

- e) Variância da interação progênes x gerações da população  $i$ :

$$V_{P \times S} = \frac{QMI_i - QME}{r}$$

$QMI_i$ ,  $QME$  e  $r$  já foram definidos anteriormente.

- f) Herdabilidade ( $h_{iq}^2$ ) para a seleção na média das progênes por população  $i$  e na geração  $q$ :

$$h_{iq}^2 = \frac{V_{P_{iq}}}{V_{\bar{F}_{iq}}}$$

Em que  $V_{P_{iq}}$  e  $V_{\bar{F}_{iq}}$  já foram definidos anteriormente.

- g) Herdabilidade ( $h_i^2$ ) para a seleção das progênes por população  $i$  considerando as duas gerações:

$$h_i^2 = \frac{V_{P_i}}{V_{\bar{F}_i}}$$

Em que  $V_{P_i}$  e  $V_{F_i}$  já foram definidos anteriormente.

Para estimar o intervalo de confiança da herdabilidade foram obtidos os limites inferiores (LI) e superiores (LS) das estimativas, utilizando-se as expressões apresentadas por Knapp et al. (1985), com  $\alpha = 0,05$ :

$$LI = \left\{ 1 - \left[ \left( \frac{Q_1}{Q_2} \right) F_{1-\alpha/2} (GL_{Erro}; GL_{Progenie}) \right]^{-1} \right\}$$

$$LS = \left\{ 1 - \left[ \left( \frac{Q_1}{Q_2} \right) F_{\alpha/2} (GL_{Erro}; GL_{Progenie}) \right]^{-1} \right\}$$

em que:

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

$Q_1$ :  $QMP_{iq}$  ou  $QMP_i$ , já definido;

$Q_2$ :  $QME_q$  ou  $QME$ , já definido.

Considerando todas as progênies, independente da população, foi estimado o ganho esperado com a seleção ( $GS_X$ ) para as diferentes características e  $\sum Z$  pela seleção das dez melhores progênies utilizando o seguinte estimador:

$$GS_X = ds \times h_X^2$$

em que,

$ds$ : é o diferencial de seleção ( $ds = Ms - Mo$ ), em que  $Ms$  é a média das dez melhores progênies e  $Mo$  é a média geral;

$h_X^2$ : é a herdabilidade do caráter  $X$ .

A resposta correlacionada em cada característica ( $Y$ ) pela seleção efetuada no caráter  $X$  ( $RC_{Y(X)}$ ) foi obtida pela expressão:

$$RC_{Y(X)} = ds_{Y(X)} \times h_Y^2$$

em que,

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

X;

$ds_{Y(X)}$ : é o diferencial de seleção do caráter Y;

$h_Y^2$ : é a herdabilidade do caráter Y.



## 4 RESULTADOS

### 4.1 Avaliação das populações

As análises de variâncias das populações em cada safra para notas de porte, sanidade e tipo de grão, produtividade e índice Z ( $\sum Z$ ) encontram-se nas tabelas 1A e 2A. A acurácia dos experimentos de avaliação das populações na geração F<sub>4</sub> (“águas”) foi alta, superior a 90%, exceto para notas de porte, que foi de 55,7%. O coeficiente de variação (CV<sub>e</sub>) variou de 8,1% para o índice Z a 22,1% para notas de tipo de grão, indicando boa precisão na avaliação de todas as características (PIMENTEL-GOMES, 2009). Na geração F<sub>5</sub> (“seca”) as estimativas de acurácia foram todas superiores a 70%, sendo consideradas como altas (RESENDE; DUARTE, 2007). As estimativas de CV<sub>e</sub> foram todas inferiores a 23%, confirmando a boa precisão experimental (PIMENTEL-GOMES, 2009).

Na geração F<sub>4</sub> não foi detectada diferença significativa entre as populações apenas para a característica notas de porte das plantas ( $P > 0,05$ ). Já na F<sub>5</sub> observou-se diferença significativa para todas as características. Esses resultados indicam a existência de variabilidade entre as populações.

O resumo da análise de variância conjunta encontra-se na tabela 3. À exceção do porte, cuja acurácia foi de 83,2%, as demais estimativas foram todas superiores a 90%, podendo ser consideradas como muito altas (RESENDE; DUARTE, 2007). As características produtividade de grãos e  $\sum Z$  além dos maiores valores de acurácia apresentaram menores estimativas de CV<sub>e</sub>, 8,6% e 9,8%, respectivamente.

Foi detectada diferença significativa entre as populações para todas as características ( $P \leq 0,01$ ). Já a fonte de variação safras (gerações) foi significativa para porte, sanidade e produtividade. Quanto ao  $\sum Z$ , a fonte de variação safras é nula, como foi verificado na análise de variância, isso por

que todos os dados foram padronizados dentro de cada geração, portanto a média é a mesma.

A interação Populações x Gerações (safras) foi significativa para todas as características, exceto porte, indicando que o comportamento das populações não foi coincidente nas duas safras.

Tabela 3 Resumo da análise de variância conjunta dos caracteres nota de porte, sanidade e tipo de grão (TG), produtividade (kg/ha) e índice Z (Z), obtido na avaliação de populações de feijoeiro em Lavras nas gerações F<sub>4</sub>(safra das “águas” 2011/2012) e F<sub>5</sub> (“seca” 2012)

FV	GL	QM				
		Porte	Sanidade	TG	Produtividade	Z
Safra (S)	1	16,08**	10,85**	0,21	45265044,71**	0,00
População (P)	15	4,31**	4,42**	8,34**	538994,65**	29,12**
S x P	15	1,58	1,36*	4,88**	228883,90**	6,82**
Erro médio	75/66	1,33	0,65	1,478	69275,02	2,44
Média		5,88	3,98	5,94	3075,13	16,00
CV (%)		19,6	20,22	20,48	8,56	9,77

<sup>†</sup> o GL do erro médio para Z e porte é 75, para demais características 66. \*, \*\* Teste F significativo a 1% e a 5% de probabilidade, respectivamente.

As populações foram agrupadas pelo teste de Scott e Knott (1974) na média das duas safras (Tabela 4) e em cada safra (Tabela 3A). Como se observa, para porte e tipo de grão (TG) foram formados dois grupos, para sanidade três e para produtividade e  $\sum Z$ , quatro, evidenciando a variabilidade entre as populações. As populações 4, 5, 7 e 8 foram classificadas no grupo de melhor desempenho para o índice de Z e também para cada característica individualmente, com exceção da população 7 que apresentou desempenho inferior para porte. O mesmo comportamento foi observado na avaliação em cada safra (Tabela 3A). É interessante ressaltar que as quatro populações que se destacaram entre as demais tiveram a cultivar BRS Estilo como genitor. A população de pior desempenho foi a 12 (BRS Cometa / CNFC 10269), no geral e em cada experimento.

Para melhor visualização do desempenho das populações foram construídos gráficos (Figuras 1 e 2). Nesses gráficos a linha pontilhada

representa a média. Assim, é fácil identificar em quais características cada população apresenta desempenho superior ou inferior à média. Na figura 2, observa-se que a população 12 foi inferior para todas as características avaliadas. Já entre as populações destacadas como melhores, nota-se na figura 1, que as populações 4 (BRS Estilo / BRS Cometa) e 8 (BRS Estilo / CNFC 9506) seriam as mais indicadas para obtenção de progênies reunindo os fenótipos favoráveis de todas as características.

Tabela 4 Médias de duas gerações das notas de porte, sanidade, tipo de grão (TG), produtividade (kg/ha) e índice Z ( $\Sigma Z$ ) obtidas na avaliação de populações (Pop) de feijoeiro em Lavras na safra das águas 2011/2012 e seca 2012

Pop	Porte	Sanidade	TG	Produtividade	$\Sigma Z$
1	4,9 b <sup>1</sup>	3,0 c	4,9 b	3201 a	13,9 c
2	6,5 a	4,0 b	6,1 a	3317 a	17,1 b
3	6,1 a	4,3 b	6,8 a	3028 b	16,8 b
4	7,2 a	5,3 a	6,6 a	3356 a	19,2 a
5	6,3 a	4,8 a	7,1 a	3338 a	18,1 a
6	5,8 b	3,4 c	4,8 b	2791 c	14,0 c
7	5,5 b	5,2 a	8,2 a	3060 b	18,5 a
8	7,3 a	5,2 a	6,6 a	3373 a	19,5 a
9	6,2 a	4,2 b	6,2 a	3220 a	16,6 b
10	5,8 b	3,2 c	4,1 b	3351 a	14,8 c
11	6,3 a	4,3 b	5,0 b	2806 c	15,3 c
12	4,8 b	3,3 c	4,4 b	2629 d	12,5 d
13	4,8 b	3,3 c	6,3 a	3310 a	15,6 c
14	5,2 b	3,1 c	5,2 b	2872 c	14,0 c
15	6,4 a	4,0 b	6,5 a	2511 d	15,5 c
16	5,1 b	3,3 c	6,1 a	3037 b	14,7 c

<sup>1</sup>Valores seguidos pela mesma letra em uma mesma coluna pertencem ao mesmo grupo pelo teste de Scott-Knott a 5% de probabilidade.

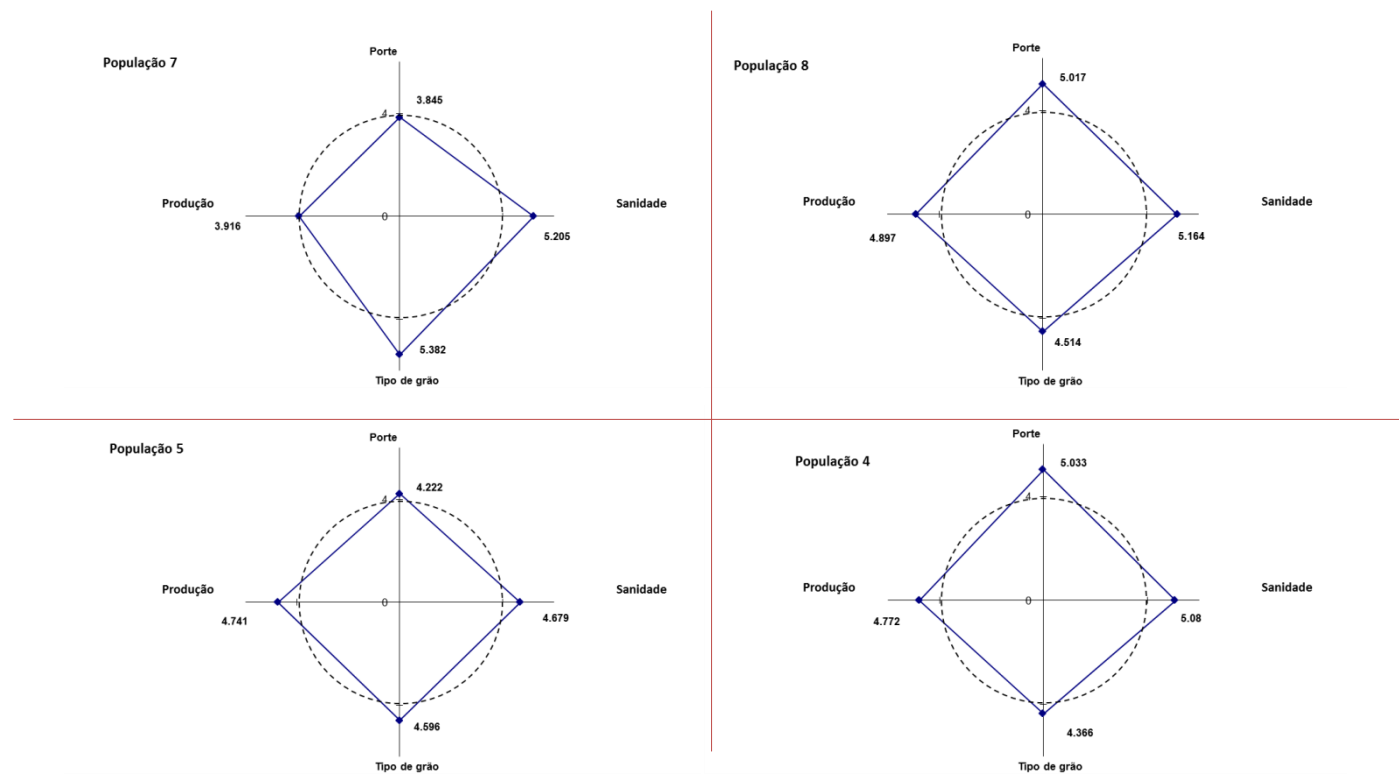


Figura 1 Representação gráfica dos valores padronizados de notas para porte, sanidade, tipo de grão e produtividade de grãos das populações que apresentaram maiores estimativas de  $\Sigma Z$

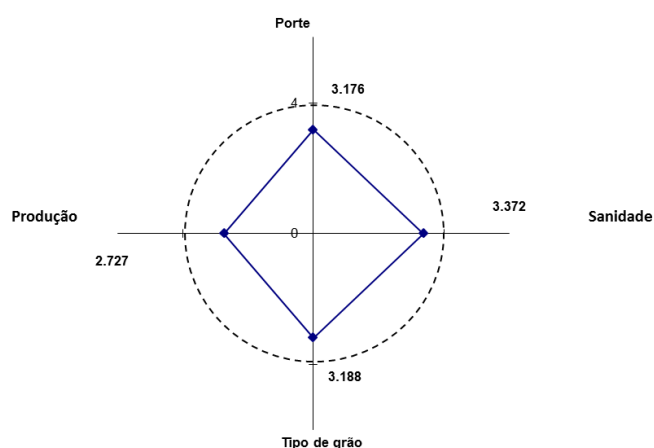


Figura 2 Representação gráfica dos valores padronizados de notas para porte, sanidade, tipo de grão e produtividade de grãos da população 12 (BRS Cometa / CNFC 10269), que apresentou pior desempenho (menor estimativa de  $\sum Z$ )

#### 4.2 Avaliação das progênies

Os resumos das análises de variância combinada em cada geração referentes às notas de porte, sanidade e tipo de grão, produtividade e  $\sum Z$  das progênies extraídas das 16 populações são representados nas tabelas 4A e 5A.

Houve diferença significativa entre tratamentos nas duas gerações/safras para todas as características ( $P \leq 0.01$ ). O desdobramento da fonte de variação tratamentos mostrou que as médias das progênies das populações diferem entre si para todas as características ( $P \leq 0.01$  para a fonte de variação entre populações) tanto na geração  $F_{5:6}$  quanto na  $F_{5:7}$ . A fonte de variação progênies também foi significativa, confirmando que há diferença entre as progênies oriundas das diversas populações e que pelo menos uma delas difere das demais.

Considerando as progênies dentro de cada população foi verificada diferença significativa para todas as características e  $\sum Z$  em quase todas as populações na safra do inverno ( $F_{5:6}$ ) (Tabela 4A). Na safra das “águas”

( $F_{5;7}$ ) as progênies de todas as populações diferiram significativamente entre si para o  $\sum Z$  e para a maioria das características avaliadas ( $P \leq 0.05$ ) (Tabela 5A). As estimativas de  $CV_e$  inferiores a 22% indicaram boa precisão experimental na avaliação de todas as características e índice Z. A precisão na avaliação do índice Z das progênies pode ser considerada muito boa, pois foi de 5,3% no inverno e 4,8% nas águas (PIMENTEL-GOMES, 2009).

Na análise conjunta a fonte de variação safras foi significativa para porte e sanidade ( $P=0,00$ ) indicando que o comportamento médio das progênies e testemunhas diferiu nas duas safras (gerações) para essas características (Tabela 5). Já para a fonte de variação tratamentos, progênies e populações houve diferença significativa ( $P=0,00$ ) para porte, tipo de grão e  $\sum Z$ . Destaque deve ser dado à significância das fontes de variação progênies e populações para o índice Z, indicando que, quando se consideraram todas as características simultaneamente, tanto as progênies diferiram entre si, como a média das progênies oriundas das diversas populações. Isso indica a possibilidade de sucesso com a seleção de progênies que reúnam os fenótipos favoráveis para todas as características avaliadas.

Quando se fez o desdobramento da fonte de variação progênies dentro de cada população a significância da diferença entre elas variou de acordo com a característica (Tabela 5). Considerando o  $\sum Z$ , que é o que mais interessa, foi verificada diferença significativa entre as progênies oriundas das populações 3, 8, 11, 12 e 16. Entre as oito testemunhas utilizadas também foram verificadas diferença significativa quanto ao porte, tipo de grão e índice Z ( $P \leq 0,06$ ). Já o contraste entre progênies vs testemunhas foi não significativo para todas as características, indicando que, a média das progênies e das testemunhas foi similar.

O efeito da interação safras x tratamentos, safras x progênies e safras x populações foram significativos ( $P \leq 0,01$ ) para todas as características, evidenciando a não coincidência de comportamento entre as safras, fato que

também tem sido observado em trabalhos semelhantes (LIMA; RAMALHO; ABREU, 2012; MENDES; RAMALHO; ABREU, 2009).

Tabela 5 Resumo da análise de variância conjunta dos caracteres porte, sanidade, tipo de grão, produtividade (kg/ha) e índice Z ( $\Sigma Z$ ) em experimentos conduzidos em Lavras nas safras de inverno 2012 e águas 2012/2013

FV	GL	QM				$\Sigma Z$
		Porte	Sanidade	TG	Produtividade	
<b>Safra (S)</b>	1	433,80**	1194,74**	1,40	414574,78	0,12
<b>Tratamento (T)</b>	503	4,40**	1,16	10,57**	1022858,86	11,96**
<b>Progênes (P)</b>	495	4,43**	1,17	10,63**	1026422,93	12,06**
P/pop 1	30	2,45**	1,19	1,03*	1134265,56	5,63
P/pop 2	30	1,02	1,29	5,32	1032498,76	5,38
P/pop 3	30	2,74*	1,04	5,06	631161,36	5,95*
P/pop 4	30	1,26**	1,28	6,79*	1364925,41	4,72
P/pop 5	30	1,69	0,62	5,20	1061159,90	4,27
P/pop 6	30	1,28	0,70	4,21	873342,74	3,84
P/pop 7	30	0,72	0,72	7,23	769325,96	4,95
P/pop 8	30	0,84	1,01	7,43*	666162,19	4,81*
P/pop 9	30	1,08	0,76	3,87	734730,23	4,80
P/pop 10	30	1,78*	0,80	1,91	592998,38	3,71
P/pop 11	30	2,12*	0,90	3,14**	1012623,43	8,04**
P/pop 12	30	3,33	1,04	13,43**	671595,76	9,38*
P/pop 13	30	2,12**	0,89	12,07	980762,44*	8,80
P/pop 14	30	2,28**	0,79	16,20**	1139111,65	6,79
P/pop 15	30	2,43*	0,59	6,98*	370163,77	4,85
P/pop 16	30	1,59	0,68	7,00*	674979,37	5,51**
Entre populações	15	88,65**	10,14	137,12**	6452342,75	215,01**
<b>Testemunhas (C)</b>	7	3,28**	0,23	6,03**	720281,24	5,87
<b>P vs C</b>	1	0,15	0,59	12,58	1376686,30	5,72
<b>S * T</b>	503	1,54**	1,06**	3,75**	1105418,10**	4,73**
<b>S * P</b>	495	1,55**	1,08**	3,79**	1112420,06**	4,77**
S * P/Pop1	30	0,90	1,64**	0,52	963386,23**	5,44**
S * P/Pop2	30	1,24	1,38**	3,02**	1746403,17**	5,18**
S * P/Pop3	30	1,26	0,83	3,23**	809945,53**	2,78
S * P/Pop4	30	0,51	1,25**	3,51**	1277924,86**	6,50**
S * P/Pop5	30	1,52**	0,49	3,47**	640193,92**	3,58**
S * P/Pop6	30	1,12	0,79	4,41**	715582,45**	4,45**
S * P/Pop7	30	0,54	0,61	4,03**	626499,99**	3,53**
S * P/Pop8	30	0,54	1,24**	3,85**	521597,58*	2,23
S * P/Pop9	30	1,51**	0,70	2,80**	487563,39	4,29**
S * P/Pop10	30	0,91	0,85	1,44**	576363,51*	2,67
S * P/Pop11	30	0,99	0,69	1,28**	597915,43**	2,42
S * P/Pop12	30	2,60**	1,21**	2,89**	621536,03**	4,79**
S * P/Pop13	30	0,67	0,99*	6,72**	533084,16*	6,12**
S * P/Pop14	30	1,01	0,56	5,94**	779494,58**	5,40**
S * P/Pop15	30	1,09	0,64	3,32**	321453,32	3,05*
S * P/Pop16	30	1,16	0,60	3,38**	1152804,59**	2,33
S * Pop	15	15,96**	6,56**	17,61**	11966364,58**	27,95**
<b>S * C</b>	7	0,33	0,39	0,90	608022,42	1,66
<b>S * P vs C</b>	1	5,36**	0,08	0,32	1121218,98	7,60*
<b>Erro médio</b>	914	0,90	0,67	0,62	354381,98	2,00
<b>Média</b>		6,305	6,785	4,00	2782,70	28,00
<b>CV(%)</b>		15,00	12,10	19,71	21,39	5,04

O GL do erro médio para Tipo de grão é 974.



Para as fontes de variação em que a  $V_P$  foi igual a zero não há variabilidade genética. Para notas de porte, na análise conjunta, isso ocorreu para o efeito de progênies dentro das populações 2 e 9 (Tabela 6). Contudo, observa-se que, para as progênies da maioria das populações, as estimativas de  $h^2$  para essa característica foram superiores a 50% (ou seja, acurácias superiores a 60%), evidenciando a variabilidade para o porte das plantas e a possibilidade de sucesso com a seleção.

Tabela 6 Estimativas da variância genética entre progênies ( $V_P$ ), variância fenotípica ( $V_F$ ), variância da interação progênies x safras ( $V_{PS}$ ), herdabilidade ( $h^2$ ), inferior (LI) e limite superior (LS) da  $h^2$  para notas de porte na média das duas safras

<b>Progênies/População</b>	<b><math>V_P</math></b>	<b><math>V_F</math></b>	<b><math>V_{PS}</math></b>	<b><math>h^2</math></b>	<b>LI</b>	<b>LS</b>
1	0,39	0,61	0,00	0,63	0,24	0,82
2	0	0,26	0,18	0	0	0
3	0,37	0,69	0,18	0,54	0,05	0,78
4	0,19	0,32	0	0,59	0,16	0,80
5	0,04	0,42	0,31	0,10	-0,87	0,57
6	0,04	0,32	0,11	0,13	-0,81	0,58
7	0,05	0,18	0	0,25	-0,56	0,64
8	0,07	0,21	0	0,35	-0,35	0,69
9	0	0,27	0,31	0	0	0
10	0,22	0,45	0,01	0,49	-0,06	0,75
11	0,28	0,53	0,05	0,53	0,03	0,78
12	0,18	0,83	0,85	0,22	-0,62	0,62
13	0,36	0,53	0	0,68	0,35	0,85
14	0,32	0,57	0,06	0,56	0,08	0,79
15	0,34	0,61	0,10	0,55	0,07	0,78
16	0,11	0,40	0,13	0,27	-0,52	0,65

As  $h^2$  para produtividade e notas de sanidade foram de baixa magnitude e em alguns casos nula (Tabelas 7 e 8).

Para notas de tipo de grão e  $\sum Z$  são válidas as mesmas observações feitas acima (Tabelas 9 e 10).

Tabela 7 Estimativas da variância genética entre progênies ( $V_P$ ), variância fenotípica ( $V_F$ ), variância da interação progênies x safras ( $V_{PS}$ ), herdabilidade ( $h^2$ ), inferior (LI) e limite superior (LS) da  $h^2$  para notas de sanidade na média das duas safras

<b>Progênies/População</b>	<b><math>V_P</math></b>	<b><math>V_F</math></b>	<b><math>V_{PS}</math></b>	<b><math>h^2</math></b>	<b>LI</b>	<b>LS</b>
1	0	0,30	0,48	0	0	0
2	0	0,32	0,35	0	0	0
3	0,05	0,26	0,08	0,20	-0,66	0,61
4	0,01	0,32	0,29	0,02	-1,03	0,53
5	0,03	0,16	0	0,21	-0,64	0,62
6	0	0,18	0,06	0	0	0
7	0,03	0,18	0	0,15	-0,76	0,59
8	0	0,25	0,28	0	0	0
9	0,02	0,19	0,01	0,08	-0,91	0,56
10	0	0,20	0,09	0	0	0
11	0,05	0,23	0,01	0,23	-0,59	0,63
12	0	0,26	0,27	0	0	0
13	0	0,22	0,16	0	0	0
14	0,06	0,20	0	0,28	-0,49	0,65
15	0	0,15	0	0	0	0
16	0,02	0,17	0	0,12	-0,83	0,57

Tabela 8 Estimativas da variância genética entre progênies ( $V_P$ ), variância fenotípica ( $V_F$ ), variância da interação progênies x safras ( $V_{PS}$ ), herdabilidade ( $h^2$ ), inferior (LI) e limite superior (LS) da  $h^2$  para produtividade na média das duas safras

<b>Progênies/Populações</b>	<b><math>V_P</math></b>	<b><math>V_F</math></b>	<b><math>V_{PS}</math></b>	<b><math>h^2</math></b>	<b>LI</b>	<b>LS</b>
1	42719,83	283566,39	304502,12	0,15	-0,76	0,59
2	0	258124,69	696010,60	0	0	0
3	0	157790,34	227781,78	0	0	0
4	21750,14	341231,35	461771,44	0,06	-0,94	0,55
5	105241,49	265289,97	142905,97	0,40	-0,25	0,71
6	39440,07	218335,68	180600,23	0,18	-0,70	0,60
7	35706,49	192331,49	136059,01	0,19	-0,69	0,61
8	36141,15	166540,55	83607,80	0,22	-0,62	0,62
9	61791,71	183682,56	66590,70	0,34	-0,38	0,68
10	4158,72	148249,59	110990,77	0,03	-1,02	0,53
11	103677,00	253155,86	121766,73	0,41	-0,22	0,72
12	12514,93	167898,94	133577,02	0,07	-0,92	0,55
13	111919,57	245190,61	89351,09	0,46	-0,13	0,74
14	89904,27	284777,91	212556,30	0,32	-0,42	0,67
15	12177,61	92540,94	-16464,33	0,13	-0,80	0,58
16	0	168744,84	399211,31	0	0	0

Tabela 9 Estimativas da variância genética entre progênies ( $V_P$ ), variância fenotípica ( $V_F$ ), variância da interação progênies x safras ( $V_{PS}$ ), herdabilidade ( $h^2$ ), inferior (LI) e limite superior (LS) da  $h^2$  para notas de tipo de grão na média das duas safras

Progênies/Populações	$V_P$	$V_F$	$V_{PS}$	$h^2$	LI	LS
1	0.13	0.26	-0.05	0.50	-0.05	0.76
2	0.58	1.33	1.20	0.43	-0.18	0.73
3	0.46	1.26	1.30	0.36	-0.32	0.69
4	0.82	1.70	1.44	0.48	-0.07	0.75
5	0.43	1.30	1.43	0.33	-0.39	0.68
6	0	1.05	1.89	0	0	0
7	0.80	1.81	1.70	0.44	-0.15	0.73
8	0.90	1.86	1.61	0.48	-0.07	0.75
9	0.27	0.97	1.09	0.28	-0.50	0.65
10	0.12	0.48	0.41	0.25	-0.56	0.64
11	0.46	0.79	0.33	0.59	0.15	0.80
12	2.63	3.36	1.14	0.79	0.55	0.90
13	1.34	3.02	3.05	0.44	-0.15	0.73
14	2.57	4.05	2.66	0.63	0.24	0.82
15	0.92	1.75	1.35	0.52	0.01	0.77
16	0.91	1.75	1.38	0.52	0.00	0.77

Tabela 10 Estimativas da variância genética entre progênies ( $V_P$ ), variância fenotípica ( $V_F$ ), variância da interação progênies x safras ( $V_{PS}$ ), herdabilidade ( $h^2$ ), inferior (LI) e limite superior (LS) da  $h^2$  para o Índice  $\sum Z$  na média das duas safras

Progênies/Populações	$V_P$	$V_F$	$V_{PS}$	$h^2$	LI	LS
1	0,05	1,41	1,72	0,03	-1,00	0,53
2	0,05	1,35	1,59	0,04	-1,00	0,54
3	0,79	1,49	0,39	0,53	0,03	0,77
4	0	1,18	2,25	0	0	0
5	0,17	1,07	0,79	0,16	-0,74	0,60
6	0	0,96	1,23	0	0	0
7	0,35	1,24	0,77	0,29	-0,48	0,66
8	0,64	1,20	0,12	0,54	0,04	0,78
9	0,13	1,20	1,15	0,11	-0,86	0,57
10	0,26	0,93	0,34	0,28	-0,50	0,65
11	1,41	2,01	0,21	0,70	0,38	0,85
12	1,15	2,35	1,39	0,49	-0,06	0,75
13	0,67	2,20	2,06	0,30	-0,44	0,66
14	0,35	1,70	1,70	0,20	-0,65	0,62
15	0,45	1,21	0,53	0,37	-0,30	0,70
16	0,80	1,38	0,16	0,58	0,13	0,80

É interessante observar o desempenho médio das progênies oriundas das 16 populações (Tabela 11). Em média as notas de porte, sanidade e tipo de grão foram altas para as progênies oriundas das populações consideradas de melhor desempenho (populações 4,5,7 e 8), confirmando os resultados obtidos anteriormente. Isso também é verificado para produtividade e  $\Sigma Z$ .

Tabela 11 Desempenho médio das progênies das 16 populações segregantes avaliadas para os caracteres notas de porte, sanidade e tipo de grão, produtividade (Kg/ha) e o somatório de todas as variáveis padronizadas ( $\Sigma Z$ ) nas duas safras

<b>População</b>	<b>Porte</b>	<b>Sanidade</b>	<b>TG</b>	<b>Produtividade</b>	<b><math>\Sigma Z</math></b>
<b>1</b>	5,9	6,6	2,0	2981	26,7
<b>2</b>	6,1	7,1	3,6	3011	28,3
<b>3</b>	7,0	7,1	4,3	3018	29,3
<b>4</b>	7,6	6,9	4,2	3163	29,8
<b>5</b>	6,3	7,0	5,1	3020	29,1
<b>6</b>	6,8	7,1	4,3	2927	29,1
<b>7</b>	7,6	6,9	5,1	2801	29,8
<b>8</b>	7,7	6,9	4,4	2876	29,6
<b>9</b>	5,5	6,5	2,5	2671	26,3
<b>10</b>	5,6	6,8	3,1	2877	27,2
<b>11</b>	6,4	6,7	2,5	2488	26,8
<b>12</b>	5,2	6,2	5,0	2440	26,6
<b>13</b>	6,1	6,8	4,5	2645	27,9
<b>14</b>	5,3	6,6	5,6	2567	27,5
<b>15</b>	6,5	6,9	4,4	2548	28,1
<b>16</b>	5,2	6,3	3,6	2543	26,1

Estimou-se também o ganho esperado com a seleção ( $GS_x$ ) para cada característica pela seleção das dez melhores progênies para cada caráter e pela seleção simultânea para as quatro características e também a resposta correlacionada em cada característica pela seleção em outra ( $RC_{Y(X)}$ ). As estimativas dos  $GS_x$  apresentaram valores expressivos, especialmente para TG, na média da análise conjunta e em todas as gerações (Tabela 12). Para a produtividade de grãos, em que a interação progênies x safras foi mais expressiva, apesar dos ganhos poderem ser considerados elevados em cada safra, na média das safras foi nulo. É interessante observar que, quando a seleção é realizada para as quatro características simultaneamente ( $\Sigma Z$ ) o

ganho com a seleção é positivo para todas as outras, exceto para produtividade na média das safras. Esse é mais um indicativo da vantagem da utilização do índice  $\Sigma Z$  quando o objetivo é obter progênies reunindo fenótipos favoráveis para várias características.

Tabela 12 Ganho esperado com a seleção na característica X ( $GS_X$ ) na diagonal e resposta correlacionada na característica Y ( $RC_{Y(X)}$ ), fora da diagonal, em porcentagem da média, com a seleção das dez melhores progênies. Estimativas obtidas por época de semeadura e na média

Característica X	Y				
	Porte	Sanidade	Tipo de grão	Produtividade	Z
Inverno 2012					
Porte	<b>15,79</b>	4,32	-14,57	14,95	8,05
Sanidade	4,72	<b>7,62</b>	-20,33	9,59	5,93
Tipo de grão	-3,27	-4,19	<b>113,55</b>	-15,55	0,79
Produtividade	3,81	2,13	-11,98	<b>60,76</b>	9,64
Z	9,34	3,81	39,56	45,75	<b>13,41</b>
Águas 2012/2013					
Porte	<b>31,08</b>	1,12	-10,10	-5,20	3,91
Sanidade	1,23	<b>10,13</b>	9,24	1,38	4,81
Tipo de grão	6,52	1,29	<b>101,80</b>	-6,30	7,03
Produtividade	-2,89	2,67	16,70	<b>36,78</b>	7,56
Z	18,54	5,43	63,58	19,27	<b>12,24</b>
Média das safras					
Porte	<b>21,84</b>	0,69	-12,54	0,00	3,90
Sanidade	3,81	<b>1,34</b>	-0,22	0,00	3,94
Tipo de grão	-5,64	-0,50	<b>66,59</b>	0,00	1,77
Produtividade	3,45	0,36	6,83	<b>0,00</b>	5,29
Z	16,32	0,80	25,72	0,00	<b>8,00</b>

Na tabela 13 é apresentada a porcentagem de progênies entre as 50 melhores para cada característica e para todas simultaneamente das 16 populações, podendo-se verificar que as populações de melhor desempenho contribuíram com as melhores progênies. É importante ressaltar que todas as progênies entre as 50 melhores foram superiores às linhagens/cultivares elite utilizadas como testemunhas.

Considerando apenas as 10 melhores progênies na geração  $F_{5,6}$ , seis estão presentes entre as 10 melhores na média das safras para a característica

notas de porte. Quando se considera a geração  $F_{5:7}$  cinco estão entre as dez que se destacaram na média. Para notas de sanidade, provavelmente devido à maior interação progênes x safras, apenas duas presentes na  $F_{5:6}$  seriam selecionadas na média, enquanto que na  $F_{5:7}$  esse número é cinco. Observando as notas de tipo de grão, houve coincidência entre seis progênes na  $F_{5:6}$  e média das safras e de três quando se considera a  $F_{5:7}$ . Para produtividade houve coincidência entre quatro progênes na  $F_{5:6}$  e média das safras e de três quando se considera a  $F_{5:7}$ . Em relação ao  $\Sigma Z$  foi observado que entre as dez melhores na média das duas safras houve coincidência entre cinco progênes quando se considera a geração  $F_{5:6}$  e quatro quando se considera  $F_{5:7}$ .

Das 50 melhores progênes na média das gerações/safras 80% vieram das populações 4,5,7 e 8 para notas de porte. Nessa mesma condição 34% para notas de sanidade, 38% para produtividade, 30% para notas de tipo de grão e 66% para o  $\Sigma Z$ .

A estimativa da correlação entre as notas de porte das populações e as notas de porte das progênes foi significativa ( $r=0,67$ ). Quando se considera notas de sanidade e de tipo de grão a correlação foi não significativa. O mesmo não aconteceu para produtividade ( $r=0,65$ ) e  $\Sigma Z$  ( $r=0,72$ ), pois a correlação foi significativa.

Para o  $\Sigma Z$  verifica-se que quando se consideram apenas as dez progênes de melhor desempenho, seis vieram das melhores populações agrupadas pelo teste de Scott e Knott (1974) na geração  $F_{5:6}$ , cinco na  $F_{5:7}$  e sete na média das duas safras (Tabela 14 e 16A).

Tabela 13 Porcentagem de progênies entre as 50 melhores das 16 populações para as notas de porte, sanidade e tipo de grão (TG), produtividade (Kg/ha) e o somatório de todas as variáveis padronizadas ( $\Sigma Z$ ) na média das duas safras

População	Porte	Sanidade	TG	Produtividade	$\Sigma Z$
1	0	6	0	14	0
2	0	20	0	12	4
3	12	14	4	12	14
4	30	12	2	18	22
5	2	8	10	10	8
6	4	14	0	10	8
7	22	4	12	6	20
8	26	10	6	4	16
9	0	2	0	0	0
10	0	2	0	4	0
11	2	4	0	2	0
12	0	0	16	0	0
13	0	4	12	4	6
14	0	0	34	4	0
15	2	0	0	0	2
16	0	0	4	0	0

Tabela 14 Número de progênies de melhor desempenho (entre as 10 melhores) para porte, sanidade, tipo de grão, produtividade e índice  $\Sigma Z$  extraídas das quatro melhores populações

Característica	F <sub>5:6</sub>	F <sub>5:7</sub>	F <sub>5:6</sub> e F <sub>5:7</sub>
Porte	7	7	8
Sanidade	5	2	5
Tipo de grão	1	6	2
Produtividade	3	3	5
$\Sigma Z$	6	5	7

## 5 DISCUSSÃO

Os programas de melhoramento que trabalham com a cultura do feijoeiro no Brasil têm como principais objetivos a obtenção de linhagens que apresentem alta produtividade de grãos, boa arquitetura das plantas e resistência aos patógenos. Além dessas características agronômicas, as linhagens devem apresentar tipo de grão que sejam preferidos pelos consumidores, que no Brasil são os do tipo carioca. Nesse caso, a exigência é maior ainda, pois detalhes em cada característica que compõe o grão tipo carioca são importantes e podem restringir sua comercialização caso estejam fora do padrão como: o tom da cor bege e das rajas marrons, que devem ser claros; o halo não deve apresentar cor marcante; ausência de brilho; o tamanho deve ser tal que a massa de 100 grãos tenha em torno de 27g; e o formato deve ser oblongo, não achatado (RAMALHO; ABREU, 2006). Como várias cultivares com excelente desempenho já foram obtidas e recomendadas para cultivo no Brasil (BARBOSA; GONZAGA, 2012) é importante que essas sejam utilizadas como genitores, conforme feito nesse trabalho, para que não haja um retrocesso nos programas. Nesse caso, é esperado que as médias obtidas para cada caráter sejam altas, mas o desafio é obter populações que apresentem variabilidade suficiente para que sejam obtidos ganhos com a seleção.

Para que a variabilidade seja detectada é necessária uma boa precisão na condução dos experimentos. Como medida da precisão experimental até recentemente era utilizado apenas o coeficiente de variação (Ramalho et al., 2012). Contudo, alguns autores passaram a contestar o uso do coeficiente de variação como medida de precisão experimental (CARGNELUTTI FILHO; STORCK; RIBEIRO, 2009; RESENDE; DUARTE, 2007), argumentando que ele não leva em consideração a cultura e o caráter que estão sendo estudados, o número de repetições e que é muito influenciado pela média. Assim, Resende e Duarte (2007) sugeriram o uso da acurácia, como medida de precisão por refletir a correlação entre o valor



genotípico verdadeiro do tratamento genético e aquele predito a partir de informações obtidas nos experimentos. Contudo, como a estimativa de acurácia depende da estimativa do F de Snedecor da análise de variância, somente a sua utilização como medida de precisão pode ser questionável, pois o experimento pode ter sido bem conduzido, com o máximo de controle ambiental possível e, entretanto, não ser detectada diferença entre os tratamentos devido à ausência de variabilidade entre eles. Assim, a acurácia pode ser baixa, indicando baixa precisão e o  $CV_e$  ser também baixo, porém, indicando alta precisão. Isso foi verificado neste trabalho, em que, em todas as avaliações as estimativas de  $CV_e$  permitiram inferir que houve boa precisão na condução dos experimentos, mas, em alguns casos a acurácia foi baixa ou não pode ser estimada, devido ao valor de F ter sido inferior a 1. Esse fato até certo ponto poderia ser esperado já que os genitores utilizados nos cruzamentos eram todos linhagens com excelente desempenho para a maioria das características consideradas, restringindo assim a variabilidade (Tabela 1).

Os melhoristas têm uma infinidade de opções de hibridações anualmente. Se obtiverem muitas populações é necessário avaliar menor número de progênies de cada, pois os recursos humanos e de infraestrutura são finitos. A pergunta formulada quase sempre é: é preferível avaliar poucas populações e muitas progênies de cada uma ou muitas populações e poucas progênies de cada? Wricke e Weber (1986) utilizando simulações recomendam que, quando a herdabilidade é baixa, fato que ocorreu em muitas situações neste trabalho, o número de progênies deve ser aumentado em detrimento do número de cruzamentos. Assim, principalmente quando se utiliza populações de cruzamentos apenas entre genitores já melhorados, uma boa opção seria avaliar as populações disponíveis no maior número de ambientes possível e, de posse dos resultados, selecionar o maior número de progênies daquelas que forem identificadas como mais promissoras.

O ideal é, sempre que possível, identificar precocemente as melhores populações segregantes e só obter progênies dessas populações,

maximizando assim a eficiência da seleção. Existem inúmeras alternativas de escolha de populações precocemente. Todas elas seriam eficientes se a interação genótipos x ambientes (GA), no caso safra ou ano agrícola fosse pequena. A alternativa seria avaliar as populações, quando da condução em *bulk*, e só obter progênes das melhores, porém nesse caso a interação GA também pode reduzir a eficiência. Neste trabalho procurou-se avaliar essa estratégia, ou seja, as populações foram avaliadas nas gerações F<sub>4</sub> e F<sub>5</sub> e posteriormente as progênes avaliadas em F<sub>5,6</sub> e F<sub>5,7</sub>. Desse modo foi possível identificar se as populações de melhor performance contribuíram para a obtenção das melhores progênes.

Estratégia semelhante já foi avaliada em outras situações (ABREU; RAMALHO; FERREIRA, 1999; CARNEIRO et al., 2002), contudo, envolvendo apenas um caráter, produtividade de grãos. Neste trabalho foram consideradas quatro características: notas de porte, sanidade e tipo de grão e produtividade, que foram agrupadas em um índice de seleção ( $\Sigma Z$ ). A ênfase na discussão será direcionada ao índice de seleção.

Considerando as 16 populações foram avaliadas 496 progênes (31 de cada população). Entre as 50 melhores progênes a maior contribuição foi das populações 3, 4, 7 e 8 (Tabela 13). Vale salientar que os resultados das avaliações das populações foram muito semelhantes (Tabela 4). As populações 4, 5, 7 e 8, formaram o grupo de melhor  $\Sigma Z$ . Não houve coincidência apenas entre as populações 3 e 5, que ocuparam posição intermediária nos dois casos. Depreende-se que, embora a interação progênes x gerações/safras e populações x gerações/safras fosse expressiva, na maioria dos casos a seleção das populações seria muito eficaz (Tabelas 3 e 5).

Numa situação como essa, ao invés de avaliar 31 progênes de cada uma das 16 populações, o melhorista poderia avaliar com o mesmo trabalho 124 progênes das quatro com melhor  $\Sigma Z$ . O sucesso esperado seria maior, pois com 31 progênes a variabilidade explorada seria próxima de 4,1

desvios padrões, já com 124 progênies esse número passa a ser aproximadamente cinco vezes maior (STEEL; TORRIE; DICKEY, 1997).

Quando se utiliza um índice de seleção pode-se dar um peso para cada variável. Neste trabalho optou-se por colocar todas as quatro variáveis com o mesmo peso. Desse modo é possível identificar qual caráter mais contribuiu com o sucesso da escolha de progênies. Observe na tabela 13 que a nota de porte foi o caráter que mais se associou com o  $\Sigma Z$ . Inclusive é possível verificar que o genitor BRS Estilo, participou de três entre as quatro melhores populações quando se consideram as progênies de melhor desempenho (4, 7 e 8). A performance desse genitor é explicada, sobretudo pela boa arquitetura (MELO et al., 2010) que foi transferida à sua descendência. Quando se usa o índice, um ou mais caracteres podem ser prejudicados. Nesse caso foi o tipo de grão.

Para comprovar essas observações foi estimado o ganho esperado e a resposta correlacionada com a seleção, considerando apenas as 10 melhores progênies (Tabela 12). Nesse caso, para o  $\Sigma Z$ , as 10 melhores progênies foram derivadas das populações 3, 4, 7 e 8, justificando também a escolha (Tabela 16A).

A estimativa do ganho variou com o caráter e com a geração/safra (Tabela 12). Na média das safras ele foi sempre menor, em função da interação progênies x gerações/safras. O que interessa é o resultado da média, pois se espera que apresente a maior repercussão nas gerações futuras. Veja que o ganho para cada caráter individualmente foi muito variável. Para nota de tipo de grãos e porte foi expressivo e, para produtividade, nulo. Observe, contudo, que a seleção realizada no índice, apresentou resposta correlacionada expressiva e positiva em todos os caracteres, exceto na produtividade, porque para esse caráter, quando foram envolvidas todas as progênies, a  $h^2$  foi igual a zero.

## 6 CONCLUSÕES

A avaliação das populações segregantes quando do avanço das gerações é eficiente, pois a maioria das populações identificadas como melhores (4, 7 e 8) geraram as progênies de melhor desempenho.

O índice de seleção somatório das variáveis padronizadas ( $\Sigma Z$ ) possibilita a seleção de progênies com sucesso seletivo para a maioria dos caracteres.

É possível obter progênies de feijoeiro reunindo os fenótipos favoráveis de todas as características e superiores às linhagens elite utilizadas como testemunhas.

## REFERÊNCIAS

- ABREU, A. F. B. et al. BRS Majestoso: another common bean cultivar of carioca grain type for the state of Minas Gerais. **Crop breeding and applied biotechnology**, Viçosa, MG, v. 7, n. 4, p. 403-405, Dec. 2007.
- ABREU, A. F. B.; RAMALHO, M. A. P.; FERREIRA, D. F. Selection potential for seed yield from intra- and inter-racial populations in common bean. **Euphytica**, Wageningen, v.108, p.121-127, Jan. 1999.
- ABREU, A. F. B.; RAMALHO, M. A. P.; SANTOS, J. B. dos. Prediction of seed yield potential of common bean populations. **Genetic and Molecular Biology**, Ribeirão Preto, v. 25, p. 323-327, 2002.
- AGGOUR, A. R. et al. Transmission of the common blight pathogen in bean seed. **Journal of American Society for Horticultural Science**, Alexandria, v. 114, p.1002-1008, 1989.
- AGRIOS, G. N. **Plant pathology**. 5th ed. New York: Elsevier, 2005. 922 p.
- ALMEIDA, L. D. A.; LEITÃO FILHO, H. F.; MYASAKA, S. Características do feijão carioca, um novo cultivar. **Bragantia**, Campinas, v. 30, p. 33-38, abr. 1971. Nota 7.
- AMARO, G. B. et al. Phenotypic recurrent selection in the common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) with carioca-type grains for resistance to the fungi *Phaeoisariopsis griseola*. **Genetics and Molecular Biology**, Ribeirão Preto, v. 30, n. 3, p. 584-588, Sept. 2007.
- AMARO, G. B. **Seleção recorrente fenotípica no feijoeiro visando a resistência a *Phaeoisariopsis griseola***. 2006. 90 p. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Universidade Federal de Lavras, Lavras, 2006.
- ANDRADE, E. M. et al. Obtenção de linhagens de feijoeiro comum com resistência conjunta ao cretamento bacteriano comum e antracnose. **Fitopatologia Brasileira**, Brasília, v. 23, p. 222, ago. 1998. Supl.
- ARAÚJO, L. C. A.; RAMALHO, M. A. P.; ABREU, A. F. B. Estimates of genetic parameters of late seed-coat darkening of carioca type dry beans. **Ciência e Agrotecnologia**, Lavras, v. 36, n. 2, p.156-162, mar./abr. 2012.

ARNAUD-SANTANA, E. T. et al. Sources of resistance to common bacterial blight and rust in elite *Phaseolus vulgaris* L. germplasm. **Journal of the American Society for Horticultural Science**, Alexandria, v. 28, p. 644–646, 1993.

BARBOSA, F. R.; GONZAGA, A. C. **Informações técnicas para o cultivo do feijoeiro-comum na região central-brasileira: 2012-2014**. Santo Antônio de Góias: Embrapa Arroz e Feijão, 2012. 247 p. (Documentos, 272).

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

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

BERNARDO, R. **Breeding for quantitative traits in plants**. Woodbury: Stemma, 2002. 359 p.

BIANCHINI, A.; MARINGONI, A. C.; CARNEIRO, S. M. T. P. G. Doenças do feijoeiro (*Phaseolus vulgaris*). In: KIMATI, H. et al. **Manual de fitopatologia, doenças das plantas cultivadas**. 3. ed. São Paulo: Ceres, 1997. v. 2, p. 376-379.

BRUZI, A. T.; RAMALHO, M. A. P.; ABREU, A. F. B. Performance of common bean families from cross between of andean and Mesoamerica lines on grain yield and resistance to *Phaeoisariopsis griseola*. **Ciência e Agrotecnologia**, Lavras, v. 31, n. 3, p. 650-655, May/June 2007.

CARGNELUTTI FILHO, A.; STORCK, L.; RIBEIRO, N. D. Medidas da precisão experimental em ensaios com genótipos de feijão e de soja. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 44, n. 10, p. 1225-1231, out. 2009.

CARNEIRO, J. E. S. et al. Breeding potential of single, double and multiple crosses in common bean. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, Londrina, v. 27, n. 4, p. 515-524, 2002.

CHAVES, G. La antracnosis. In: SCHWARTZ, H. F.; GÁLVEZ, G. E. **Problemas de producción del frijol: enfermedades, insectos, limitaciones edáficas y climáticas de Phaseolus vulgaris**. Cali: CIAT, 1980. p. 37-53.

COELHO, C. M. M. et al. Genetic diversity in common bean accessions. **Ciência Rural**, Santa Maria, v. 37, n. 5, p. 1241-1247, 2007.

- COLLICCHIO, E.; RAMALHO, M. A. P.; ABREU, A. F. B. Associação entre o porte da planta do feijoeiro e o tamanho dos grãos. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 32, n. 3, p. 297-304, mar. 1997.
- COSTA, J. G. C. et al. BRS Esplendor – Common bean cultivar com Black grain, upright growth and disease resistance. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, Viçosa, MG, v.11, n. 3, p. 276-279, Sept. 2011.
- COSTA, J. G. C. et al. **Catálogo de linhagens de feijoeiro comum (*Phaseolus vulgaris*L.) do CNPAF**: reação às principais doenças e avaliação de características agrônômicas. Goiânia: Embrapa-CNPAF, 1990. 31p. (Documentos, 32).
- COSTA, J. G. C. et al. Linhagens de feijoeiro comum de grão preto com resistência conjunta ao crestamento bacteriano comum e a antracnose, com boas características comerciais. **Genetics and Molecular Biology**, São Paulo, v. 21, n. 3, p. 234, set. 1998.
- COSTA, J. G. C.; RAVA, C. A. Linhagens de feijoeiro comum com fenótipos agrônômicos favoráveis e resistência ao crestamento bacteriano comum e antracnose. **Ciência e Agrotecnologia**, Lavras, v. 27, n. 5, p.1176-1182, set./out. 2003.
- COSTA, J. G. C.; RAVA, C. A.; PURÍSSIMO, J. D. Reação de acessos de feijoeiro comum à antracnose, ao crestamento bacteriano e a mancha angular. **Revista Ceres**, Viçosa, MG, v. 55, p. 28-33, jan./fev. 2008.
- COUTO, M. A.; SANTOS, J. B.; ABREU, A. F. B. Selection of carioca type common bean lines with anthracnose and angular leaf spot – resistance. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, Viçosa, MG, v. 5, n. 3, p. 324-331, July/Sept. 2005.
- COYNE, D. P.; SCHUSTER, M. L. Genetics of and breeding for resistance to bacterial pathogens in vegetable crops. **Journal of the American Society for Horticultural Science**, Alexandria, v. 18, p. 30–36, 1983.
- CRUZ, C. D.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicados em melhoramento genético**. Viçosa, MG: UFV, 2003. v. 2.
- CRUZ, C. D.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicados em melhoramento genético**. 2 ed. rev. Viçosa, MG: UFV, 2006. v. 2.
- FARIA, L. C. et al. BRS Cometa: a carioca common bean cultivar with erect growth habit. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, Viçosa, MG, v. 8, n. 2, p. 167-169, June 2008.

- GOMES, S. M. et al. Alternativas para seleção de híbridos de milho envolvendo vários caracteres visando à produção de silagem. **Revista Brasileira de Milho e Sorgo**, Sete Lagoas, v. 5, n. 3, p. 406-421, 2006.
- GONÇALVES, R. J. S. **Estratégias para recomendação de linhagens de feijoeiro avaliadas em diferentes ambientes**. 2008. 65 p. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas) - Universidade Federal de Lavras, Lavras, 2008.
- LEAKEY, C. L. A. Genotypic and phenotypic markers in common bean. In: GEPTS, P. (Ed.). **Genetic resources of phaseolus beans: their maintenance, domestication, evolution, and utilization**. Dordrecht: Kluwer Academic, 1988. p. 245-327.
- LIMA, L. K.; ABREU, A. F. B.; RAMALHO, M. A. P. Implications of the progeny x environment interaction in selection index involving characteristics of the common bean. **Genetic and Molecular Research**, Ribeirão Preto, v. 11, p. 4093-4099, 2012.
- LIMA, L. K. **Implicações da interação progênes x ambientes no índice de seleção envolvendo alguns caracteres na cultura do feijoeiro**. 2010. 75 p. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Universidade Federal de Lavras, Lavras, 2010.
- LÓPEZ, R.; ASENSIO, C.; GILBERTSON, R. L. Phenotypic and genetic diversity in trains of common blight bacteria. (*Xanthomonas campestris* spv. *Phaseoli* and *X. campestris* spv. *Phaseolivar. fuscans*) in a secondary center of diversity of the common bean host suggests multiple introduction events. **Phytopathology**, Ithaca, v. 96, p. 1204–1213, 2006.
- MARCONDES, E. H. K. **Seleção de linhagens de feijoeiro com tipo de grão carioca e com alelos Co-4 e Co-5 de resistência à antracnose**. 2007. 48 p. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas) - Universidade Federal de Lavras, Lavras, 2007.
- MATOS, J. W. **Análise crítica do programa de melhoramento genético do feijoeiro da UFLA no período de 1974 a 2004**. 2005. 116 p. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) - Universidade Federal de Lavras, Lavras, 2005.
- MELO, L. C. et al. BRS estilo: common bean cultivar with Carioca grain, upright growth and high yield potential. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, Viçosa, MG, v.10, n. 4, p. 377-379, Dec. 2010.



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

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

MIKLAS, S. P. N. et al. Common bean breeding for resistance against biotic and abiotic stresses: From classical to MAS breeding. **Euphytica**, Wageningen, v. 147, p. 105-131, 2006.

MKANDAWIRE, A. B. C. et al. Genetic diversity and pathogenic variation of common blight bacteria (*Xanthomonas campestris* pv. *Phaseoli* and *X. campestris* pv. *Phaseoli* var. *fuscans*) suggests coevolution with the common bean. **Phytopathology**, Ithaca, v. 94, p. 593-603, 2004.

MORETO, A. L. et al. Estimation of phenotypic variance components in common bean by the pedigree method. **Ciência e Agrotecnologia**, Lavras, v. 31, n. 4, p.1035-1042, jul./ago. 2007.

MSTAT-C: a microcomputer program for the design, management and analysis of agronomic research experiments. East Lansing: Michigan State University, 1991.

MUTLU, N. et al. Differential pathogenicity of *Xanthomonas campestris* pv. *Phaseoli* and *X. fuscans* subsp. *fuscans*) stains on bean genotypes with common blight resistance. **Plant Diseases**, Victoria, v. 92, p.546-554, 2008.

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

NIETSCHE, S. **Mancha-angular do feijoeiro comum**: variabilidade genética do patógeno e identificação de marcadores moleculares ligados na identificação de raças de *Phaeoisariopsis griseola* e determinação de resistência. 2000. 56 p. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento) – Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, MG, 2000.

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

- PAULA JÚNIOR, T. J.; VIEIRA, R. F.; ZAMBOLIM, L. Manejo integrado de doenças dos feijoeiro. **Informe Agropecuário**, Belo Horizonte, v. 25, n. 223, p. 99-112, 2004.
- PAULA JUNIOR, T. J.; ZAMBOLIM, L. Doenças. In: VIEIRA, C.; PAULA JUNIOR, T. J.; BORÉM, A. **Feijão**. 2. ed. Viçosa, MG: UFV, 2006. p. 359-414.
- PAULA JÚNIOR, T. J.; ZAMBOLIM, L. Doenças. In: VIEIRA, C.; PAULA JÚNIOR, T. J.; BORÉM, A. **Feijão**. 2. ed. atual. e ampl. Viçosa, MG: UFV, 2008. p. 359-414.
- PEREIRA, R. et al. Occurrence of anthracnose in common bean cultivars collected in the state of Minas Gerais, Brazil. **Annual Report of the Bean Improvement Cooperative**, Washington, v. 53, p. 224-225, 2010.
- PETERNELLI, L. A. **Herdabilidades, ganhos devidos à seleção e correlações do rendimento do feijoeiro com seus componentes primários, no monocultivo e no consórcio com o milho**. 1992. 63 p. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas) - Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, MG, 1992.
- PIMENTEL-GOMES, F. Curso de estatística experimental. In: \_\_\_\_\_. **Análise conjunta de experimentos em blocos ao acaso com tratamentos comuns**. Piracicaba: FEALQ, 2009. p. 313-328.
- PINTO, J. M. A. et al. Investigating phenotypic variability in *Colletotrichum lindemuthianum* populations. **Phytopathology**, Ithaca, v. 102, n. 5, p. 490-497, 2012.
- RAMALHO, M. A. P.; ABREU, A. F. B. Cultivares. In: VIEIRA, C.; PAULA JÚNIOR, T.; BORÉM, A. (Ed.). **Feijão: aspectos gerais e cultura no Estado de Minas Gerais**. Viçosa: UFV, 2006. p. 415-436.
- RAMALHO, M. A. P. et al. **Aplicações da genética quantitativa no melhoramento de plantas autógamas**. Lavras: UFLA, 2012. 307 p.
- RAMALHO, M. A. P.; FERREIRA, D. F.; OLIVEIRA, A. C. **Experimentação em genética e melhoramento de plantas**. 3. ed. Lavras: UFLA, 2012. 305 p.
- RAMALHO, M. A. P.; PIROLA, L. H.; ABREU, A. F. B. Alternativas na seleção de plantas de feijoeiro com porte ereto e grãos tipo carioca. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 33, n. 12, p. 1989-1994, 1998.

RAVA, C. A.; COSTA, J. G. C.; SARTORATO, A. Obtenção e seleção de linhagens de *Phaseolus vulgaris* resistentes a *Xanthomonas campestris* e a raça alfa-Brasil de *Colletotrichum lindemuthianum*. **Ciência e Prática**, Lavras, v. 16, n. 3, p. 381-388, jul./set. 1992.

RAVA, C. A. et al. **Catálogo do feijoeiro comum (*Phaseolus vulgaris* L.)**: reação de linhagens e cultivares às principais doenças. Goiânia: EMBRAPA/CNPAF, 1988. 122 p.

RAVA, C. A.; PURCHIO, A. F.; SARTORATO, A. Caracterização de patótipos de *Colletotrichum lindemuthianum* que ocorrem em algumas regiões produtoras de feijoeiro comum. **Fitopatologia Brasileira**, Brasília, v. 19, n. 2, p. 167-172, jun. 1994.

REIS, C. A. F. et al. Seleção de progênies de eucalipto pelo índice Z por MQM e Blup. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 46, n. 5, p. 517-523, maio 2011.

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

REZENDE, B. A. **Implicações do método de avaliação da mancha angular no feijoeiro na eficiência de um programa de seleção recorrente**. 2012. 68 p. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas) - Universidade Federal de Lavras, Lavras, 2012.

ROCHA, G. S. et al. Correlações entre caracteres relacionados à arquitetura de planta e produtividade de grãos em feijoeiro. In: CONGRESSO NACIONAL DE PESQUISA DE FEIJÃO, 10., 2011, Goiânia. **Anais...** Goiânia: UFG, 2011. 1 CD ROM.

SANTOS, J. B.; GAVILANES, M. L. Botânica. In: VIEIRA, C.; PAULA JÚNIOR, T. J.; BORÉM, A. (Ed.). **Feijão**. 2. ed. atual. Viçosa, MG: UFV, 2006. cap. 3, p. 41-65.

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

SANTOS, V. S. **Implicações da seleção precoce para o tipo de grão no melhoramento genético do feijoeiro comum**. 2001. 55 p. Dissertação, (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Universidade Federal de Lavras, Lavras, 2001.

SARTORATO, A.; ALZATE-MARIN, A. L. Analysis of the pathogenic variability of *Phaeoisariopsis griseola* in Brazil. **Annual Report of the Bean Improvement Cooperative**, Fort Collins, v. 47, p. 235-237, 2004.

SARTORATO, A.; RAVA, C. A. **Mancha angular**. In: SATORATO, A.; RAVA, C. A. **Principais doenças do feijoeiro comum e seu controle**. Brasília: EMBRAPA-SPI, 1994. 300 p. (Documentos, 50).

SARTORATO, A. Resistência do feijoeiro comum à mancha angular. In: CONGRESSO NACIONAL DE FEIJÃO, 7., 2002, Viçosa, MG. **Anais...** Viçosa: UFV, 2002. 1 CD ROM.

SCOTT, A.; KNOTT, M. Cluster-analysis method for grouping means in analysis of variance. **Biometrics**, Washington, v. 30, n. 3, p. 507-512, 1974.

SILVA, C. A.; ABREU, A. F. B.; RAMALHO, M. A. P. Associação entre arquitetura de planta e produtividade de grãos em progênies de feijoeiro de porte ereto e prostrado. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 44, n. 12, p.1647-1652, dez. 2009.

SILVA, G. S. **Controle genético do escurecimento precoce de grãos de feijão tipo carioca**. 2007. 52 p. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas) - Universidade Federal de Lavras, Lavras, 2007.

SILVA, K. J. D. et al. Pathogenic variability of isolates of *Pseudocercospora griseola*, the cause of common bean angular leaf spot, and its implications for resistance breeding. **Journal of Phytopathology**, Berlin, v. 156, n. 10, p. 602- 606, Oct. 2008.

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

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, 1991.

SINGH, S. P.; MUNÕZ, C. G. Resistance to common bacterial blight among *Phaseolus* species and common bean improvement. **Crop Science**, Madison, v. 39, p. 80–89, 1999.

SINGH, S. P.; SCHWARTS, H. F. Breeding common bean for resistance to diseases: a review. **Crop Science**, Madison, v. 50, p. 2199–2223, 2010.

STEEL, R. G. D.; TORRIE, J. H.; DICKEY, D. A. **Principles and procedures of statistics: a biometrical approach**. New York: McGraw-Hill Book Company, 1997.

TEIXEIRA, F. F.; RAMALHO, M. A. P.; ABREU, A. F. B. Genetic control of plant architecture in the common bean (*Phaseolus vulgaris* L.). **Genetics and Molecular Biology**, Ribeirão Preto, v. 22, n. 4, p. 577-58, 1999.

VIEIRA, C. Métodos culturais. **Informe Agropecuário**, Belo Horizonte, v. 25, n. 223, p. 57-60, 2004.

VILHORDO, B. W. et al. Morfologia. In: ARAÚJO, R. S. et al. (Coord.). **Cultura do feijoeiro comum no Brasil**. Piracicaba: Potafos, 1996. p. 71-99.

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

WUTKE, E. B.; MASCARENHAS, H. A. A. History of carioca, the most popular landrace cultivar of the modern times on the American continents. **Annual Report of the Bean Improvement Cooperative**, Fort Collins, v. 55, p. 257-258, Mar. 2012.

ZAPATA, M. Identification of *Xanthomonas campestris* pv. *Phaseoli* races in *Phaseolus vulgaris* leaves. **Agromía Mesoamericana**, v. 8, p.44-52, 1997.

ZIMMERMAN, M. J. O.; TEIXEIRA, M. G. Bancos de germoplasma In: ARAÚJO, R. S. et al. **Cultura do feijoeiro comum no Brasil**. Piracicaba: Potafos, 1996. p. 65-66.

## ANEXOS

Tabela 1A Resumo da análise de variância dos caracteres notas de porte, sanidade e tipo de grão (TG), produtividade (kg/ha) e índice Z (Z) obtida na avaliação de populações de feijoeiro em Lavras na safra das águas 2011-2012 (geração F<sub>4</sub>)

FV	GL	QM				
		Porte	Sanidade	TG	Produtividade	Z
<b>População</b>	15	1,716	5,307**	9,666**	593666.667**	22,175**
<b>Erro</b>	45	1,185	0,755	1,693	78412.760	1,683
<b>Média</b>		6,266	4,297	5,891	2432.813	16,00
<b>Acurácia</b>		55,71	92,61	90,82	93,16	96,13
<b>CV (%)</b>		17,37	20,22	22,09	11,51	8,11

Tabela 2A Resumo da análise de variância dos caracteres notas de porte, sanidade e tipo de grão (TG), produtividade (kg/ha) e índice Z (Z) obtida na avaliação de populações de feijoeiro em Lavras na safra das seca 2012(geração F<sub>5</sub>)

FV	GL	QM				
		Porte	Sanidade	TG	Produtividade	Z
<b>População</b>	15	3,87*	1,07*	4,31**	226643,571**	14,81**
<b>Erro efetivo</b>	21	1,55	0,42	1,02	49694,141	3,58
<b>Média</b>		5,5	3,67	5,98	3717,45	16
<b>Acurácia</b>		77,46	77,77	87,42	88,36	87,90
<b>CV (%)</b>		22,61	17,69	16,86	5,996	11,83
<b>Eficiência do látice</b>		100	100,02	110,23	145,51	100

Tabela 3A Médias das notas de porte, sanidade e tipo de grão (TG), produtividade (kg/ha) e índice Z (Z) obtidas na avaliação das 16 populações avaliadas em Lavras na safra das águas 2011/2012 e seca 2012

Pop	Porte <sup>2</sup>	Sanidade <sup>3</sup>	TG <sup>4</sup>	Produtividade	Z
<b>Safra das águas 2011/2012</b>					
1	5,8 a <sup>1</sup>	3,0 c	6,0 b	2678 a	15,1 c
2	6,3 a	4,3 b	6,5 b	2853 a	17,1 b
3	6,5 a	4,5 b	8,0 a	2481 a	17,6 b
4	7,8 a	6,3 a	7,3 a	2750 a	20,1 a
5	6,3 a	5,5 a	7,3 a	2634 a	18,0 a
6	6,0 a	2,8 c	4,0 c	1847 b	12,3 d
7	6,8 a	5,8 a	8,5 a	2491 a	19,0 a
8	7,0 a	5,8 a	6,5 b	2525 a	18,2 a
9	6,0 a	5,0 b	6,3 b	2747 a	17,3 b
10	6,5 a	2,8 c	3,5 c	2653 a	14,3 c
11	6,3 a	5,0 b	5,8 b	2188 b	15,9 b
12	5,0 a	3,3 c	4,3 c	2125 b	12,6 d
13	5,3 a	3,5 c	5,8 b	2756 a	15,2 c
14	6,0 a	3,3 c	3,0 c	2056 b	12,8 d
15	6,8 a	4,3 b	5,8 b	1488 c	14,1 c
16	6,3 a	4,0 c	6,0 b	2653 a	16,4 b
<b>Safra da Seca 2012</b>					
1	4,0 b	3,0 a	3,7 b	3724 a	12,8 b
2	6,7 a	3,7 a	5,7 b	3782 a	17,1 a
3	5,7 a	4,0 a	5,5 b	3575 a	16,0 a
4	6,7 a	4,3 a	6,0 a	3962 a	18,3 a
5	6,3 a	4,0 a	7,0 a	4042 a	18,3 a
6	5,7 a	4,0 a	5,6 b	3735 a	15,7 a
7	4,3 b	4,7 a	7,9 a	3630 a	17,9 a
8	7,7 a	4,7 a	6,7 a	4221 a	20,7 a
9	6,3 a	3,3 a	6,2 a	3694 a	16,0 a
10	5,0 b	3,7 a	4,7 b	4050 a	15,3 b
11	6,3 a	3,7 a	4,3 b	3425 a	14,7 b
12	4,7 b	3,3 a	4,6 b	3133 a	12,3 b
13	4,3 b	3,0 a	6,9 a	3864 a	15,9 a
14	4,3 b	3,0 a	7,4 a	3687 a	15,2 b
15	6,0 a	3,7 a	7,2 a	3535 a	16,8 a
16	4,0 b	2,7 a	6,2 a	3420 a	13,1 b

<sup>1</sup>Médias seguidas de letras iguais na mesma coluna pertencem ao mesmo grupo pelo teste de Scott-Knott, a 5% de probabilidade. <sup>2</sup>Notas de 1 (plantas prostradas) a 9 (plantas eretas). <sup>3</sup>Notas de 1 (severamente atacada) a 9 (sem sintomas). <sup>4</sup>Notas de 1 (grão dentro do padrão) a 9 (grão fora do padrão).

Tabela 4A Resumo da análise combinada de variância dos caracteres porte, sanidade, tipo de grão, produtividade (kg/ha) e índice Z (Z) obtido na avaliação de progênies de feijoeiro em Lavras na safra do inverno de 2012 (geração F<sub>5;6</sub>)

FV	GL	QM				
		Porte	Sanidade	TG	Produtividade	Z
<b>Experimento</b>	1	4,76 <sup>*</sup>	2,17 <sup>*</sup>	0,13	1942162,22 <sup>*</sup>	52,59 <sup>**</sup>
<b>Tratamento</b>	503	1,50 <sup>**</sup>	0,95 <sup>**</sup>	7,58 <sup>**</sup>	1236595,44 <sup>**</sup>	9,18 <sup>**</sup>
<b>Progênies (P)</b>	495	1,48 <sup>**</sup>	0,95 <sup>**</sup>	7,55 <sup>**</sup>	1225906,65 <sup>**</sup>	9,13 <sup>**</sup>
<b>P/pop 1</b>	30	1,31 <sup>**</sup>	0,75	0,89 <sup>*</sup>	1008701,73 <sup>**</sup>	4,50 <sup>**</sup>
<b>P/pop 2</b>	30	1,13 <sup>*</sup>	1,52 <sup>**</sup>	3,32 <sup>**</sup>	1356993,36 <sup>**</sup>	6,21 <sup>**</sup>
<b>P/pop 3</b>	30	0,94	0,87 <sup>*</sup>	4,59 <sup>**</sup>	907928,35 <sup>**</sup>	4,99 <sup>**</sup>
<b>P/pop 4</b>	30	0,78	0,51	6,02 <sup>**</sup>	1440026,94 <sup>**</sup>	5,95 <sup>**</sup>
<b>P/pop 5</b>	30	1,02	0,38	4,60 <sup>**</sup>	771204,61 <sup>**</sup>	4,98 <sup>**</sup>
<b>P/pop 6</b>	30	0,76	0,66	3,13 <sup>**</sup>	523566,80 <sup>*</sup>	4,14 <sup>**</sup>
<b>P/pop 7</b>	30	0,44	0,28	5,21 <sup>**</sup>	787405,97 <sup>**</sup>	4,23 <sup>**</sup>
<b>P/pop 8</b>	30	0,78	0,43	5,09 <sup>**</sup>	580534,11 <sup>**</sup>	3,71 <sup>**</sup>
<b>P/pop 9</b>	30	0,91	0,59	2,44 <sup>**</sup>	641687,87 <sup>**</sup>	4,69 <sup>**</sup>
<b>P/pop 10</b>	30	0,77	0,39	0,92 <sup>*</sup>	418832,19	1,94
<b>P/pop 11</b>	30	1,03	0,60	1,48 <sup>**</sup>	770829,40 <sup>**</sup>	5,13 <sup>**</sup>
<b>P/pop 12</b>	30	1,29 <sup>**</sup>	1,31 <sup>**</sup>	9,33 <sup>**</sup>	348883,31	5,65 <sup>**</sup>
<b>P/pop 13</b>	30	1,12 <sup>*</sup>	0,95 <sup>**</sup>	9,57 <sup>**</sup>	385181,24	5,88 <sup>**</sup>
<b>P/pop 14</b>	30	0,80	0,39	13,98 <sup>**</sup>	935749,67 <sup>**</sup>	5,83 <sup>**</sup>
<b>P/pop 15</b>	30	0,77	0,64	3,36 <sup>**</sup>	329952,60	3,57 <sup>*</sup>
<b>P/pop 16</b>	30	0,98	0,56	6,18 <sup>**</sup>	1103081,92 <sup>**</sup>	4,76 <sup>**</sup>
<b>Entre populações</b>	15	19,25 <sup>**</sup>	9,74 <sup>**</sup>	88,87 <sup>**</sup>	15833799,22 <sup>**</sup>	148,99 <sup>**</sup>
<b>Testemunhas (T)</b>	7	3,29 <sup>**</sup>	0,80	9,50 <sup>**</sup>	1866819,09 <sup>**</sup>	10,91 <sup>**</sup>
<b>P vs T</b>	1	1,85	0,12	4,48 <sup>**</sup>	2491356,20 <sup>**</sup>	13,27 <sup>**</sup>
<b>Erro médio</b>	457	0,73	0,55	0,56	337295,80	2,20
<b>Média</b>		5,84	7,55	4,02	2797,04	28,01
<b>CV (%)</b>		14,59	9,82	18,62	20,76	5,29



Tabela 5A Resumo da análise combinada de variância dos caracteres porte, sanidade, tipo de grão, produtividade (kg/ha) e índice Z (Z) obtido na avaliação de progênies de feijoeiro em Lavras na safra das águas 2012/2013 (geração F<sub>5;7</sub>)

FV	GL	QM				
		Porte	Sanidade	TG	Produtividade	Z
<b>Experimento</b>	1	7,648**	10,458**	9,504**	250535,818	10,202*
<b>Tratamento</b>	503	4,501**	1,295**	6,884**	912964,264**	7,679**
<b>Progênies (P)</b>	495	4,493**	1,298**	6,878**	912936,312**	7,697**
<b>P/pop 1</b>	30	2,040**	2,072**	0,665	1088949,981**	6,571**
<b>P/pop 2</b>	30	1,132	1,155	5,029**	1421908,428**	4,355**
<b>P/pop 3</b>	30	3,066**	0,991	3,691**	533178,572	3,732**
<b>P/pop 4</b>	30	0,990	2,029**	4,277**	1202823,189**	5,268**
<b>P/pop 5</b>	30	2,190**	0,724	4,062**	930149,147**	2,863*
<b>P/pop 6</b>	30	1,639*	0,824	5,492**	1065358,258**	4,145**
<b>P/pop 7</b>	30	0,828	1,059	6,052**	608420,097*	4,250**
<b>P/pop 8</b>	30	0,604	1,824**	6,184**	607225,656*	3,333**
<b>P/pop 9</b>	30	1,677*	0,870	4,226**	580605,764*	4,407**
<b>P/pop 10</b>	30	1,919**	1,257*	2,429**	750529,710**	4,437**
<b>P/pop 11</b>	30	2,085**	0,994	2,943**	839709,518**	5,326**
<b>P/pop 12</b>	30	4,631**	0,949	6,997**	944248,493**	8,523**
<b>P/pop 13</b>	30	1,667*	0,932	9,222**	1128665,331**	9,046**
<b>P/pop 14</b>	30	2,487**	0,961	8,157**	982856,504**	6,356**
<b>P/pop 15</b>	30	2,739**	0,585	6,943**	361664,519	4,327**
<b>P/pop 16</b>	30	1,765*	0,719	4,194**	724701,923**	3,072*
<b>Entre populações</b>	15	85,361**	6,960**	65,855**	2584908,106**	93,973**
<b>Testemunhas (T)</b>	7	3,936**	0,440	4,372**	789788,165*	4,137*
<b>P vs T</b>	1	3,640	0,554	8,412**	6549,003	0,068
<b>Erro médio</b>	457	1,063	0,797	0,689	371468,157	1,790
<b>Média</b>		6,769	6,015	3,972	2768,359	27,999
<b>CV (%)</b>		15,230	14,842	20,890	22,016	4,779

Tabela 6A Estimativas da variância entre progênies genética ( $V_P$ ), fenotípica ( $V_F$ ), variância da interação progênies x safras ( $V_{PS}$ ), herdabilidade ( $h^2$ ), inferior (LI) e limite superior (LS) da  $h^2$  para porte, em experimento conduzido em Lavras na safra do inverno de 2012

<b>Progênies/População</b>	<b>VG</b>	<b>VF</b>	<b><math>h^2</math></b>	<b>LI</b>	<b>LS</b>
1	0,290	0,653	0,444	0,112	0,693
2	0,203	0,566	0,359	-0,025	0,646
3	0,104	0,467	0,223	-0,242	0,570
4	0,027	0,390	0,070	-0,487	0,486
5	0,149	0,512	0,291	-0,133	0,608
6	0,015	0,378	0,039	-0,537	0,468
7	0	0,219	0,000	0	0
8	0,026	0,389	0,067	-0,491	0,484
9	0,093	0,457	0,205	-0,271	0,560
10	0,022	0,385	0,057	-0,508	0,478
11	0,149	0,512	0,291	-0,133	0,608
12	0,284	0,647	0,439	0,103	0,690
13	0,195	0,558	0,349	-0,040	0,640
14	0,035	0,398	0,088	-0,457	0,496
15	0,024	0,387	0,061	-0,501	0,481
16	0,129	0,492	0,262	-0,180	0,592

Tabela 7A Estimativas da variância entre progênies genética ( $V_P$ ), fenotípica ( $V_F$ ), variância da interação progênies x safras ( $V_{PS}$ ), herdabilidade ( $h^2$ ), inferior (LI) e limite superior (LS) da  $h^2$  para sanidade, em experimento conduzido em Lavras na safra do inverno de 2012

<b>Progênies/População</b>	<b>VG</b>	<b>VF</b>	<b><math>h^2</math></b>	<b>LI</b>	<b>LS</b>
1	0,099	0,374	0,265	-0,175	0,594
2	0,483	0,758	0,637	0,420	0,799
3	0,160	0,435	0,368	-0,010	0,651
4	0	0,253	0,000	0	0
5	0	0,191	0,000	0	0
6	0,055	0,330	0,166	-0,333	0,539
7	0	0,139	0,000	0	0
8	0	0,215	0,000	0	0
9	0,021	0,297	0,072	-0,483	0,487
10	0	0,194	0,000	-1,265	0,217
11	0,024	0,300	0,081	-0,469	0,492
12	0,379	0,654	0,579	0,328	0,767
13	0,198	0,473	0,418	0,070	0,678
14	0	0,195	0,000	0	0
15	0,046	0,322	0,144	-0,368	0,527
16	0,002	0,278	0,009	-0,585	0,452

Tabela 8A Estimativas da variância entre progênies genética ( $V_P$ ), fenotípica ( $V_F$ ), variância da interação progênies x safras ( $V_{PS}$ ), herdabilidade ( $h^2$ ), inferior (LI) e limite superior (LS) da  $h^2$  para tipo de grão, em experimento conduzido em Lavras na safra do inverno de 2012

Progênies/População	VG	VF	$h^2$	LI	LS
1	0,165	0,446	0,370	-0,005	0,651
2	1,378	1,659	0,831	0,730	0,906
3	2,015	2,296	0,878	0,805	0,932
4	2,730	3,011	0,907	0,851	0,948
5	2,021	2,302	0,878	0,805	0,932
6	1,282	1,563	0,820	0,713	0,901
7	2,322	2,603	0,892	0,828	0,940
8	2,264	2,545	0,890	0,824	0,939
9	0,937	1,218	0,770	0,632	0,872
10	0,180	0,461	0,391	0,029	0,663
11	0,458	0,739	0,620	0,394	0,790
12	4,382	4,662	0,940	0,904	0,967
13	4,502	4,783	0,941	0,906	0,967
14	6,710	6,990	0,960	0,936	0,978
15	1,398	1,678	0,833	0,733	0,907
16	2,809	3,090	0,909	0,855	0,950

Tabela 9A Estimativas da variância entre progênies genética ( $V_P$ ), fenotípica ( $V_F$ ), variância da interação progênies x safras ( $V_{PS}$ ), herdabilidade ( $h^2$ ), inferior (LI) e limite superior (LS) da  $h^2$  para produtividade, em experimento conduzido em Lavras na safra do inverno de 2012

Progênies/População	VG	VF	$h^2$	LI	LS
1	335702,967	504350,867	0,666	0,465	0,815
2	509848,779	678496,679	0,751	0,603	0,863
3	285316,273	453964,173	0,628	0,406	0,795
4	551365,569	720013,469	0,766	0,626	0,870
5	216954,406	385602,306	0,563	0,301	0,758
6	93135,502	261783,401	0,356	-0,030	0,644
7	225055,085	393702,985	0,572	0,315	0,763
8	121619,156	290267,056	0,419	0,071	0,679
9	152196,037	320843,937	0,474	0,160	0,709
10	40768,196	209416,095	0,195	-0,287	0,555
11	216766,800	385414,700	0,562	0,301	0,758
12	5793,757	174441,656	0,033	-0,545	0,465
13	23942,722	192590,622	0,124	-0,400	0,516
14	299226,935	467874,835	0,640	0,424	0,801
15	0	164976,301	0	0	0
16	382893,060	551540,960	0,694	0,511	0,831

Tabela 10A Estimativas da variância entre progênies genética ( $V_P$ ), fenotípica ( $V_F$ ), variância da interação progênies x safras ( $V_{PS}$ ), herdabilidade ( $h^2$ ), inferior (LI) e limite superior (LS) da  $h^2$  para o Índice Z, em experimento conduzido em Lavras na safra do inverno de 2012

Progênies/População	VG	VF	$h^2$	LI	LS
1	1,149	2,248	0,511	0,218	0,729
2	2,004	3,104	0,646	0,434	0,804
3	1,395	2,494	0,559	0,295	0,756
4	1,876	2,976	0,630	0,409	0,796
5	1,390	2,489	0,558	0,294	0,756
6	0,969	2,069	0,468	0,150	0,706
7	1,014	2,114	0,480	0,168	0,712
8	0,755	1,855	0,407	0,052	0,672
9	1,243	2,342	0,530	0,250	0,740
10	0	0,971	0,000	0	0
11	1,467	2,566	0,571	0,315	0,763
12	1,723	2,822	0,610	0,377	0,785
13	1,840	2,940	0,626	0,402	0,793
14	1,815	2,915	0,623	0,397	0,791
15	0,687	1,787	0,385	0,016	0,660
16	1,281	2,381	0,538	0,262	0,745

Tabela 11A Estimativas da variância entre progênies genética ( $V_P$ ), fenotípica ( $V_F$ ), variância da interação progênies x safras ( $V_{PS}$ ), herdabilidade ( $h^2$ ), inferior (LI) e limite superior (LS) da  $h^2$  para porte em experimento conduzido em Lavras na safra das águas 2012/2013

Progênies/População	VG	VF	$h^2$	LI	LS
1	0,489	1,020	0,479	0,167	0,712
2	0,035	0,566	0,061	-0,500	0,481
3	1,002	1,533	0,653	0,446	0,808
4	0	0,495	0	0	0
5	0,564	1,095	0,515	0,224	0,732
6	0,288	0,819	0,351	-0,037	0,641
7	0	0,414	0	0	0
8	0	0,302	0	0	0
9	0,307	0,839	0,366	-0,013	0,650
10	0,428	0,959	0,446	0,115	0,694
11	0,511	1,042	0,490	0,185	0,718
12	1,784	2,315	0,770	0,633	0,873
13	0,302	0,834	0,363	-0,019	0,647
14	0,712	1,243	0,573	0,317	0,764
15	0,838	1,369	0,612	0,380	0,785
16	0,351	0,882	0,398	0,037	0,667

Tabela 12A Estimativas da variância entre progênies genética ( $V_P$ ), fenotípica ( $V_F$ ), variância da interação progênies x safras ( $V_{PS}$ ), herdabilidade ( $h^2$ ), inferior (LI) e limite superior (LS) da  $h^2$  para sanidade em experimento conduzido em Lavras na safra das águas 2012/2013

Progênies/População	VG	VF	$h^2$	LI	LS
1	0,637	1,036	0,615	0,385	0,787
2	0,179	0,577	0,310	-0,103	0,618
3	0,097	0,495	0,195	-0,286	0,555
4	0,616	1,015	0,607	0,372	0,783
5	0	0,362	0	0	0
6	0,014	0,412	0,033	-0,546	0,465
7	0,131	0,529	0,247	-0,203	0,584
8	0,513	0,912	0,563	0,302	0,758
9	0,037	0,435	0,084	-0,464	0,494
10	0,230	0,628	0,366	-0,014	0,649
11	0,098	0,497	0,198	-0,282	0,556
12	0,076	0,475	0,161	-0,342	0,536
13	0,068	0,466	0,145	-0,366	0,527
14	0,082	0,480	0,171	-0,326	0,541
15	0	0,292	0	0	0
16	0	0,359	0	0	0

Tabela 13A Estimativas da variância entre progênies genética ( $V_P$ ), fenotípica ( $V_F$ ), variância da interação progênies x safras ( $V_{PS}$ ), herdabilidade ( $h^2$ ), inferior (LI) e limite superior (LS) da  $h^2$  para tipo de grão em experimento conduzido em Lavras na safra das águas 2012/2013

Progênies/População	VG	VF	$h^2$	LI	LS
1	0	0,333	0	0	0
2	2,170	2,515	0,863	0,781	0,924
3	1,501	1,846	0,813	0,702	0,897
4	1,794	2,139	0,839	0,743	0,911
5	1,687	2,031	0,830	0,729	0,906
6	2,402	2,746	0,875	0,800	0,931
7	2,682	3,026	0,886	0,818	0,937
8	2,748	3,092	0,889	0,822	0,938
9	1,769	2,113	0,837	0,740	0,910
10	0,870	1,214	0,716	0,547	0,843
11	1,127	1,471	0,766	0,626	0,871
12	3,154	3,499	0,902	0,843	0,946
13	4,267	4,611	0,925	0,881	0,959
14	3,734	4,079	0,916	0,865	0,953
15	3,127	3,472	0,901	0,841	0,945
16	1,752	2,097	0,836	0,738	0,909

Tabela 14A Estimativas da variância entre progênies genética ( $V_P$ ), fenotípica ( $V_F$ ), variância da interação progênies x safras ( $V_{PS}$ ), herdabilidade ( $h^2$ ), inferior (LI) e limite superior (LS) da  $h^2$  para produtividade em experimento conduzido em Lavras na safra das águas 2012/2013

<b>Progênies/População</b>	<b>VG</b>	<b>VF</b>	<b><math>h^2</math></b>	<b>LI</b>	<b>LS</b>
1	358740,912	544474,990	0,659	0,455	0,811
2	525220,136	710954,214	0,739	0,582	0,856
3	80855,208	266589,286	0,303	-0,114	0,615
4	415677,516	601411,595	0,691	0,506	0,829
5	279340,495	465074,574	0,601	0,362	0,779
6	346945,051	532679,129	0,651	0,443	0,807
7	118475,970	304210,049	0,389	0,024	0,662
8	117878,750	303612,828	0,388	0,022	0,662
9	104568,804	290302,882	0,360	-0,023	0,646
10	189530,776	375264,855	0,505	0,209	0,726
11	234120,681	419854,759	0,558	0,293	0,755
12	286390,168	472124,246	0,607	0,371	0,782
13	378598,587	564332,665	0,671	0,474	0,818
14	305694,174	491428,252	0,622	0,396	0,791
15	0	180832,259	0	0	0
16	176616,883	362350,962	0,487	0,181	0,717

Tabela 15A Estimativas da variância entre progênies genética ( $V_P$ ), fenotípica ( $V_F$ ), variância da interação progênies x safras ( $V_{PS}$ ), herdabilidade ( $h^2$ ), inferior (LI) e limite superior (LS) da  $h^2$  para o Índice Z em experimento conduzido em Lavras na safra das águas 2012/2013

<b>Progênies/População</b>	<b>VG</b>	<b>VF</b>	<b><math>h^2</math></b>	<b>LI</b>	<b>LS</b>
1	2,391	3,286	0,728	0,565	0,849
2	1,283	2,178	0,589	0,343	0,773
3	0,971	1,866	0,520	0,233	0,735
4	1,739	2,634	0,660	0,457	0,812
5	0,536	1,431	0,375	0,000	0,654
6	1,178	2,073	0,568	0,310	0,761
7	1,230	2,125	0,579	0,327	0,767
8	0,771	1,666	0,463	0,141	0,703
9	1,308	2,203	0,594	0,351	0,775
10	1,323	2,218	0,596	0,355	0,777
11	1,768	2,663	0,664	0,463	0,814
12	3,366	4,261	0,790	0,664	0,884
13	3,628	4,523	0,802	0,684	0,891
14	2,283	3,178	0,718	0,550	0,844
15	1,268	2,163	0,586	0,339	0,771
16	0,641	1,536	0,417	0,068	0,678

Tabela 16A Populações que originaram as progênes de melhor desempenho para notas de porte, sanidade e tipo de grão, produtividade e índice Z entre as 10 melhores progênes na geração  $F_{5:6}$ ,  $F_{5:7}$  e na média das duas

População	Porte	Sanidade	Tipo de grão	Produtividade	Z
<b><math>F_{5:6}</math></b>					
3	1	0	0	2	3
4	3	1	1	2	3
5	0	0	0	0	1
7	1	0	0	1	2
8	3	4	0	0	0
<b><math>F_{5:7}</math></b>					
3	3	1	0	0	1
4	1	2	1	2	2
5	0	0	2	1	0
7	1	0	2	0	1
8	5	0	1	0	2
<b><math>F_{5:6}</math> e <math>F_{5:7}</math></b>					
3	1	1	0	0	3
4	4	2	1	3	1
5	0	1	0	1	0
7	1	1	1	1	3
8	3	1	0	0	3