

**APLICAÇÕES DA ANÁLISE DE MODELOS
MISTOS EM PROGRAMA DE SELEÇÃO
RECORRENTE DO FEJJOEIRO COMUM**

ADRIANO TEODORO BRUZI

2008

ADRIANO TEODORO BRUZI

**APLICAÇÕES DA ANÁLISE DE MODELOS MISTOS EM PROGRAMA
DE SELEÇÃO RECORRENTE DO FEJJOEIRO COMUM**

Tese apresentada à Universidade Federal de Lavras, como parte das exigências do Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento de Plantas, para obtenção do título de “Doutor”.

Orientador:

Prof. Dr. Magno Antonio Patto Ramalho

LAVRAS
MINAS GERAIS – BRASIL
2008

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

Bruzi, Adriano Teodoro.

Aplicações da análise de modelos mistos em programa de seleção
recorrente do feijoeiro comum / Adriano Teodoro Bruzi. -- Lavras :
UFLA, 2008.

71p. : il.

Tese (Doutorado) – Universidade Federal de Lavras, 2008.

Orientador: Magno Antonio Patto Ramalho.

Bibliografia.

1. Modelos mistos. 2. Seleção recorrente. 3. Genética quantitativa. I.
Universidade Federal de Lavras. II. Título.

CDD – 635.6523

ADRIANO TEODORO BRUZI

**APLICAÇÕES DA ANÁLISE DE MODELOS MISTOS EM PROGRAMA
DE SELEÇÃO RECORRENTE DO FEIJOEIRO COMUM**

Tese apresentada à Universidade Federal de Lavras, como parte das exigências do Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento de Plantas, para obtenção do título de “Doutor”.

APROVADA em 05 de dezembro de 2008.

Dr. Luis Cláudio Prado	PIONEER
Prof. Dr. José Airton Rodrigues Nunes	UFPI
Prof. Dr. Daniel Furtado Ferreira	UFLA
Dra. Ângela de Fátima Barbosa Abreu	EMBRAPA

Prof. Dr. Magno Antonio Patto Ramalho
UFLA
(orientador)

LAVRAS
MINAS GERAIS – BRASIL
2008

A Deus, por me conceder o dom da vida,

OFEREÇO

*Aos meus pais, Marcos e Aparecida, pela oportunidade de estudar;
A minha esposa Flávia, pelo amor e carinho nos momentos mais difíceis;*

DEDICO

AGRADECIMENTOS

A Deus.

Aos meus pais, Marcos e Aparecida, pelo apoio incansável para alcançar os meus objetivos.

A minha esposa e companheira Flávia, pela convivência prazerosa em todos os momentos, carinho, amor e tranquilidade quando eu mais precisei. Sem você eu não conseguiria...

A meu irmão Alessandro, pelo companheirismo e amizade.

Aos meus avós, José Teodoro e Iracilda (*in memoriam*), João e Aparecida, pelos ensinamentos concedidos e valiosos conselhos.

Ao professor, amigo e orientador Magno, pela prazerosa convivência, ensinamentos transmitidos e estimada orientação em todos os momentos, não só na pós-graduação, como também na graduação.

Ao chefe e amigo Luis Prado pelas valiosas sugestões para redação desse trabalho e pelo incentivo para finalizar o doutorado.

À pesquisadora Ângela de Fátima Barbosa Abreu, pelas valiosas sugestões na redação deste trabalho e prazerosa convivência ao longo desses anos.

Ao professor e amigo Daniel Furtado Ferreira, pelas valiosas sugestões e dedicação incansável em me ajudar ao longo da minha vida acadêmica.

Aos membros da banca, pelas valiosas sugestões apresentadas para melhoria do presente trabalho.

Ao professor e amigo João Cândido pela convivência e ensinamentos transmitidos durante a pós-graduação.

Ao CNPq, pelo auxílio financeiro e concessão da bolsa de estudos.

Aos professores César, João Bosco e Elaine, pelos ensinamentos.

Aos colegas de trabalho, em especial ao amigo Wel, que me apoiou para a conclusão de mais essa etapa em minha vida, muito obrigado.

Aos colegas do GEN que direta ou indiretamente, me auxiliaram na realização deste trabalho.

Aos funcionários de campo, Leonardo e Lindolfo, pelo auxílio na condução dos experimentos e pela convivência ao longo desses anos.

Aos funcionários do DBI, Zélia, Rafaela, Irondina, pela convivência diária.

À grande companheira e secretária, Elaine Ribeiro, pela amizade e ajuda em todos os momentos dessa minha caminhada.

Enfim, a todos aqueles que, direta ou indiretamente, estiveram envolvidos na realização deste trabalho, meu MUITO OBRIGADO!!!

SUMÁRIO

RESUMO GERAL.....	i
ABSTRACT GERAL.....	iii
CAPÍTULO 1	
1 Introdução Geral.....	2
2 Referencial Teórico	4
2.1 Condução de um programa de seleção recorrente em plantas autógamas.....	4
2.2 Programa de seleção recorrente para produtividade e tipo de grãos na UFLA.....	10
2.3 Análise com modelos mistos e suas utilizações no melhoramento de plantas autógamas.....	13
2.4 Aplicações do BLUP no melhoramento de plantas e teste de variedades.....	16
2.5 Interação progênes x gerações (safras e anos agrícolas).....	20
3 Referências Bibliográficas.....	24
CAPÍTULO 2: Análise Seqüencial no Melhoramento do Feijoeiro.....	32
Resumo.....	33
Abstract.....	34
1 Introdução.....	35
2 Material e Métodos.....	37
3 Resultados e Discussão.....	40
4 Conclusões	49
5 Referências Bibliográficas.....	50
CAPÍTULO 3: Emprego de Modelos Mistos no Estudo da Interação Progênes X Gerações em Programa de Seleção Recorrente.....	52
Resumo.....	53
Abstract.....	54
1 Introdução.....	55
2 Material e Métodos.....	56
3 Resultados e Discussão.....	61
4 Conclusão	69
5 Referências Bibliográficas.....	70

RESUMO

BRUZI, Adriano Teodoro. **Aplicações da análise de modelos mistos em programa de seleção recorrente do feijoeiro comum**. 2008. 71 p. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Universidade Federal de Lavras, Lavras.*

No programa de seleção recorrente, a etapa de avaliação das progênies é a mais importante. Normalmente, no caso das plantas autógamas, são avaliadas progênies $S_{0:1}$ e $S_{0:2}$ para identificar as que serão inter cruzadas e o processo de avaliação continua por sete a oito gerações até a obtenção das linhagens. Em função da existência de interação genótipos x ambientes, é necessário que no processo seletivo as progênies/linhagens sejam avaliadas no maior número de ambientes (locais e safras) possíveis. Na seleção das progênies tradicionalmente é desconsiderado o desempenho das gerações anteriores, bem como, ao longo das gerações de avaliação apenas as progênies com melhor desempenho são avançadas e conseqüentemente têm-se uma situação de desbalanceamento nos dados. Em função disso os objetivos do presente trabalho foram: - quantificar a melhoria na eficiência do processo seletivo por meio da análise seqüencial via procedimento *BLUP* (Best Linear Umbiased Predictor) em dois ciclos seletivos do programa de seleção recorrente da UFLA (Universidade Federal de Lavras); - utilizar o método de modelos mistos *BLUP* para estudar a interação progênies x safras na avaliação de um ciclo seletivo do programa de seleção recorrente para produtividade e tipo de grãos da UFLA. Para quantificar a eficiência do método seqüencial foram adotadas três estratégias para a análise da produtividade de grãos: a) análise seqüencial considerando a combinação das gerações $S_{0:1}$ a $S_{0:3}$; $S_{0:1}$ a $S_{0:4}$; $S_{0:1}$ a $S_{0:5}$ e considerando todas as progênies; b) análise seqüencial envolvendo as progênies comuns nas gerações $S_{0:1}$ a $S_{0:5}$ ou $S_{0:1}$ a $S_{0:4}$; c) análise seqüencial envolvendo as progênies comuns nas gerações $S_{0:1}$ a $S_{0:10}$ ou $S_{0:1}$ a $S_{0:8}$. Constatou-se que a análise realizada tradicionalmente considerando apenas a média da geração teve a eficiência reduzida, sobretudo, nas gerações iniciais até $S_{0:5}$. Nas gerações mais avançadas, quando o número de progênies é menor e a análise tradicional passa a ter como referência todas as gerações avaliadas, a perda da eficiência é menor, mas com implicações na escolha da linhagem a ser recomendada. Para estudar a interação adotou-se a análise de modelos mistos considerando dois procedimentos: a) 23 progênies comuns nas gerações $S_{0:1}$ - $S_{0:5}$ em nove ambientes; b) 10 progênies comuns nas gerações $S_{0:1}$ - $S_{0:10}$ em 22 ambientes.

* Orientador. Magno Antonio Patto Ramalho. Universidade Federal de Lavras. (UFLA).

Foram obtidas as melhores predições lineares não viesadas (*BLUP*) para o efeito genotípico (g_i), bem como para o efeito da interação progênies x safras (ga_{ij}). De posse dessas predições estimou-se as médias das progênies por ambientes e aplicou-se o método gráfico para estudo da estabilidade. Em função dos resultados pode-se inferir que em programas de seleção recorrente, no qual existe desbalanceamento dos dados, o emprego do método de modelos mistos para estimativa da contribuição para a interação progênies x safras associada ao método gráfico auxilia no processo decisório visando a seleção das progênies que serão avançadas.

ABSTRACT

BRUZI, Adriano Teodoro. **Mixed models applications in recurrent selection program of common bean.** 2008. 71 p. Thesis (Doctoral in Plant Genetics and Breeding), Federal University of Lavras, Lavras.*

In recurrent selection programs, the most important phase is progenies evaluation. Generally, in autogamous species $S_{0:1}$ and $S_{0:2}$ progenies are evaluated to identify the ones that will be intercrossed and the evaluation process goes on from seven to eight generations until the lines are obtained. Due to genotypes x environments interaction it is necessary that the selective process (progenies and lines) is evaluated in the highest number of environments (locations and seasons) possible. Usually in progenies selection the previous generation's performance is not considered, such that over the generations only progenies with the best performances will be selected leading to a situation of unbalanced data. The purposes of this study were: - to quantify improvement in the selection efficiency by sequential analysis (BLUP) in two selective cycles from UFLA's recurrent selection program; - to use the method of mixed models (BLUP) to study progenies x seasons interaction in the selective cycle evaluation from recurrent selection for yield and grain type. To quantify the sequential method efficiency we adopted three strategies for grain yield analysis: a) sequential analysis considering the generations combination $S_{0:1}$ to $S_{0:3}$; $S_{0:1}$ to $S_{0:4}$; $S_{0:1}$ to $S_{0:5}$ and considering all progenies in generation; b) sequential analysis involving common progenies in the generations $S_{0:1}$ to $S_{0:5}$ or $S_{0:1}$ to $S_{0:4}$; c) sequential analysis involving common progenies in the generations $S_{0:1}$ to $S_{0:10}$ or $S_{0:1}$ to $S_{0:8}$. The traditional analysis considering only the previous generation mean decreases the efficiency in the early generations up to $S_{0:5}$. In the most advanced generations, when the number of progenies is smaller and the traditional analysis has as reference all evaluated generations, the loss of efficiency is lower, but with some implication in the selected lines to be recommended. To study the interaction we adopted the mixed model analysis with the BLUP procedure considering two strategies: a) 23 common progenies in $S_{0:1} - S_{0:5}$ in nine environments; b) 10 common progenies in $S_{0:1} - S_{0:10}$ generations in 22 environments. The best linear unbiased predictor (BLUP) was obtained for genotypic effect (g_i) as well as for the progenies x season interaction effect (ga_{ij}). From these estimated means we used the progenies performance per environment and the graphic method was applied for the

* Guidance Committee: Magno Antonio Patto Ramalho (Major Professor). Federal University of Lavras (UFLA).

stability study. The results showed that recurrent selection program, in which there is unbalanced data, the mixed model to estimate the contribution of progenies x seasons interaction associated with the graphic method help to select progenies that should be advanced.

CAPÍTULO 1

1 INTRODUÇÃO GERAL

A recomendação de uma linhagem em plantas autógamas necessita de avaliações conduzidas durante algumas safras. No caso específico do feijoeiro, desde a hibridação até chegar aos experimentos de Valor de Cultivo e Uso (VCU) ocorrem inúmeros experimentos. Esses iniciam normalmente com 300 a 500 progênies $F_{2:3}$ ou $S_{0:1}$, e procede até $S_{0:4}$ ou $S_{0:5}$ quando se avaliam de 25 a 36 progênies (Ramalho et al., 2005a). São selecionadas de cinco a dez para participarem de um experimento de competição de linhagens, por duas a seis safras, em vários ambientes quando então são identificadas as linhagens para participarem do VCU. Até o momento a seleção é realizada considerando apenas as gerações de referência, ou seja, na seleção efetuada em $S_{0:4}$, por exemplo, não é considerado o desempenho das progênies na geração anterior.

A existência de interação genótipos x ambientes exige que no processo seletivo as progênies/linhagens sejam avaliadas no maior número de ambientes (locais e safras) possíveis. Esse fato é particularmente importante em um programa de seleção recorrente. Nesse contexto, tem-se uma situação de não balanceamento nos dados, pois, somente as melhores são avançadas para etapas posteriores, bem como o número de locais e repetição utilizado na avaliação das gerações, normalmente, são distintos. Numa situação como esta o emprego do método dos quadrados mínimos para estudar a interação é dificultada. Uma opção que tem sido pouco explorada é a utilização da análise de modelos mistos (Henderson, 1975).

É esperado que a utilização das avaliações anteriores possa melhorar a eficiência do processo seletivo. Existem alguns índices que podem ser utilizados para se ter maior acurácia seletiva. Contudo, Resende (2002) realça que a melhor opção é o emprego do BLUP (Best Linear Umbiased Predictor). Esse mesmo

argumento é sugerido por Piepho & Mohring (2006). O emprego da análise de modelos mistos também tem sido preconizada para estudo da interação em algumas circunstâncias (Resende & Thompson, 2004; Piepho et al., 2008).

Porém, no caso de seu emprego nas avaliações das progênies em programas de seleção recorrente com a cultura do feijoeiro, não foi encontrado nenhum relato. Sendo assim, os objetivos desse trabalho foram: - quantificar a melhoria na eficiência do processo seletivo por meio da análise sequencial via procedimento BLUP em dois ciclos seletivos do programa de seleção recorrente do feijoeiro da UFPA (Universidade Federal de Lavras); - utilizar o método de modelos mistos *BLUP* para verificar as implicações da interação progênies x safras na seleção de progênies dos programas de seleção recorrente.

2 REFERENCIAL TEÓRICO

2.1 Condução de um programa de seleção recorrente em plantas autógamas

Os caracteres de interesse econômico, como, por exemplo, produtividade de grãos, são controlados por vários genes e muito influenciados pelo ambiente. Sendo assim, o sucesso com a seleção em apenas um único ciclo é impossível. A principal estratégia de acumular o maior número de alelos favoráveis é realizar a seleção recorrente (SR). Isto é, um processo cíclico de melhoramento em que os melhores indivíduos e/ou progênies na população são selecionados e recombinados formando assim o novo ciclo de seleção. De outro modo, a SR nada mais é do que um processo contínuo do ciclo de seleção seguido da recombinação (Bernardo, 2002).

Esta estratégia foi proposta na década de 60 para plantas alógamas (Hallauer, 1992) e vem sendo amplamente empregada. A necessidade de se realizar a seleção recorrente também em plantas autógamas tem sido freqüentemente discutida na literatura (Fouilloy & Bannerot, 1988; Ramalho, 1997; Geraldi, 2005). Tanto é assim, que a sua utilização com sucesso em plantas autógamas é crescente. Por exemplo, em soja (Uphof et al., 1997), trigo (Wang et al., 1996), arroz (Rangel et al., 1998). No caso específico do feijoeiro há relatos para produtividade de grãos (Beaver & Kelly, 1994; Ranalli et al., 1996; Ramalho et al., 2005a), arquitetura da planta (Cunha et al., 2005; Menezes Junior, 2007), resistência à mancha angular (Amaro et al., 2007) e precocidade (Silva et al., 2007).

A condução de um programa de seleção recorrente envolve, normalmente, três etapas distintas: 1) obtenção da população base; 2) avaliação/seleção das progênies em experimentos com repetições; 3)

recombinação das melhores progênies/ indivíduos para obtenção de novo ciclo (Bernardo, 2002).

Para obtenção da população base duas premissas devem ser consideradas, ou seja, os genitores devem apresentar bom desempenho para o caráter em questão, média alta bem como variabilidade genética, condições estas indispensáveis para o sucesso da seleção (Ramalho et al., 2001).

Um outro questionamento importante que surge é o número de genitores que devem estar envolvidos na obtenção da população (Ramalho et al., 2001). Esse não deve ser muito grande, pois, a chance de associar em cruzamento, todos genitores com boa expressão para o caráter, é dificultada. Além do mais, no primeiro ciclo é bem provável que grande número dos alelos representando alguns parentais certamente irão desaparecer. Isto é, tem-se o trabalho de realizar um grande número de cruzamentos que serão perdidos e alguns genitores não terão representante no próximo ciclo. Por outro lado, se o número de pais for pequeno, a possibilidade de a população conter a maioria dos alelos favoráveis, para o caráter sob seleção, também será reduzida. Sendo assim, a princípio, Ramalho et al. (2001), comentam que a utilização de 10-20 genitores seria um número apropriado, pois, os alelos de cada genitor estarão na frequência de 10 a 5%. Proporção essa passível de ser mantida em alguns ciclos seletivos, sobretudo se for utilizada alguma estratégia de recombinação como a proposta por Bearzoti (1997 apud Ramalho, 1997).

Definidos os genitores, a etapa seguinte seria a escolha do método de cruzamentos para geração da população base. Uma opção é a dos cruzamentos múltiplos (Fouilloy & Bannerot, 1988; Carneiro et al., 2002; Bruzi et al., 2007). Outra seria o intercruzamento envolvendo todos os genitores simultaneamente, porém nesse caso, com o emprego da macho esterilidade. Detalhes de como utilizar plantas macho estéreis na obtenção da população base são apresentados por Rangel & Neves (1997). Uma terceira opção, que vem sendo preconizada é

o cruzamento em esquema de dialelo circulante proposto por Bearzoti em 1997 e apresentado por Ramalho et al. (2001). Finalmente, uma outra opção, que melhora a amostragem é o cruzamento de cada genitor com o maior número de outros em um sistema 'Top Cross', estratégia esta que vem sendo utilizada atualmente no programa de seleção recorrente do feijoeiro comum para produtividade e tipo de grãos na UFLA.

A etapa de identificação dos indivíduos e/ou progênes a serem utilizadas na recombinação é a mais difícil. Em alguns casos, quando o caráter possui herdabilidade alta, a seleção pode ser feita visualmente na população F_2 ou S_0 . Esse procedimento tem sido utilizado para a seleção de linhagens de feijão precoce (Silva et al., 2007) ou de porte mais ereto (Menezes Júnior, 2007). Contudo, para a maioria dos caracteres como a produtividade de grãos, a herdabilidade é baixa (Moreto et al., 2007). Portanto, os melhores indivíduos/progênes só podem ser identificados a partir de experimentos com repetições. Essa avaliação no caso de plantas autógamas é normalmente realizada com progênes endogâmicas $S_{0,1}$, $S_{0,2}$ ou até mesmo com maior endogamia (Ranalli et al., 1996; Ramalho et al., 2005a).

Utilizando progênes endogâmicas um questionamento é até quando avaliar antes de recombinar. Pode-se avaliar progênes $S_{0,1}$ e recombinar $S_{0,1}$ ou $S_{0,2}$, dependendo do emprego de sementes remanescentes ou não. Essa alternativa só é recomendável para espécies em que a planta produz muitas sementes. Pois em caso contrário, não é possível ter repetições e parcelas com dimensões que possibilitem a seleção das progênes com eficiência.

Para as espécies com poucas sementes por planta a avaliação tem sido realizada até $S_{0,2}$ ou $S_{0,3}$. O uso de gerações mais avançadas é questionável. Isto por que um dos componentes da variância genética explorado na seleção de plantas, quando há endogamia e a frequência alélica é diferente de 0,5, é o D_1 . Isto é, covariância dos efeitos aditivos dos alelos de dominância. Por ser uma

covariância esse pode assumir valores negativos ou positivos. Na literatura tem sido verificado que as estimativas de D_1 normalmente são negativas (Souza & Ramalho, 1995; Moraes, 1992). Como se sabe, a proporção desse componente aumenta com o decorrer da endogamia (Souza Junior, 1989).

As melhores progênies obtidas devem ser recombinadas visando à obtenção do novo ciclo. Essa recombinação pode ser realizada utilizando qualquer um dos procedimentos comentados anteriormente para obtenção da população base. Um questionamento freqüente é se há necessidade de mais de um inter cruzamento. Nesse contexto, Hanson (1959 apud Baker, 1988) enfatizou a necessidade de preferencialmente quatro, para quebra dos grupos de ligação. Entretanto, outros trabalhos de simulação mostram que mais de um inter cruzamento é desnecessário (Bos, 1977; Gurgel, 2004). Há também alguns experimentos de campo com soja (Guimarães & Ferh, 1989); feijão (Aguiar et al., 2004); arroz (Cordeiro, 2001) que evidenciam não haver necessidade de inter cruzamentos adicionais na recombinação.

É importante, periodicamente avaliar se a SR está sendo eficiente. Essa estimativa do progresso genético com a seleção não é tão fácil de ser obtida como ocorre em plantas alógamas, pois é difícil manter as populações dos diferentes ciclos em equilíbrio de Hardy-Weinberg. Por isso, outras alternativas tem sido propostas e utilizadas.

Como a cada ciclo seletivo, mesmo após a recombinação, as progênies selecionadas são avançadas até a obtenção de linhagens, uma opção é a utilização das linhagens obtidas nos diferentes ciclos. Essas são avaliadas em experimentos de competição e assim é possível estimar o progresso genético. Essa estratégia já foi utilizada algumas vezes (Miller & Fehr, 1979; Ramalho et al., 2005a).

Uma outra opção é utilizar uma amostra de progênies $S_{0,2}$ de cada ciclo. (Ranalli, 1996). Essas são também comparadas em experimentos de modo

análogo ao comentado para as linhagens anteriormente. Ramalho et al. (2005a) utilizaram progênies $S_{0,2}$ para comparar os ciclos seletivos, sem contudo, ser necessário a condução de experimentos específicos. Eles utilizaram o desempenho das progênies de cada ciclo em relação às testemunhas comuns a todos os ciclos.

Estimativas do progresso genético obtido para alguns caracteres, na cultura do feijoeiro comum, são apresentadas na tabela 1. Veja que em todos os casos ocorrem ganhos expressivos com a seleção. Vários caracteres foram considerados, tais como: produtividade de grãos, resistência a patógenos, fixação de nitrogênio, arquitetura da planta, entre outros. Para a produtividade de grãos, por exemplo, característica de baixa herdabilidade, na maioria das situações utilizaram-se progênies $S_{0,1}$ ou $S_{0,2}$, como unidade seletiva, embora, outros tipos de progênies fossem também utilizados. A seleção massal para produtividade de grãos também foi adotada, porém geralmente com progresso genético de menor magnitude. Já para características de alta herdabilidade, como teor de óleo e proteína, resistência a doenças e florescimento precoce, a seleção massal foi predominantemente usada.

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

Caráter selecionado	Unidade seletiva	Nº de ciclos	Progresso genético por ciclo	Fonte
Produtividade de grãos	“progênie” F ₂ e F ₅	3	30%	Beaver & Kelly (1994)
Produtividade de grãos	Progênie S _{0:1}	1	7,9 a 13,2%	Singh et al. (1999)
Produtividade de grãos	Progênie S _{0:1}	2	3 a 4%	Singh et al. (1999)
Produtividade de grãos	Progênie S _{0:2}	2	55%	Ranalli et al. (1996)
Produtividade de grãos	Progênie S _{0:2}	3	25%	Ranalli et al. (1996)
Produtividade de grãos	Progênie S _{0:1}	3	11%	Barron et al. (1999)
Produtividade de grãos	Progênie S _{0:1} e S _{0:2}	4	5,7%	Ramallo et al. (2005a)
Produtividade de grãos	Indivíduos S ₀	6	2,1%	Amaro et al. (2007)
Porte, Produção e tipo de grão	Progênie S _{0:1} e S _{0:2}	2	3,1%	Cunha et al. (2005)
Tipo de grão	Progênie S _{0:1} e S _{0:2}	4	10,5%	Ramallo et al. (2005a)
Teor proteína	Indivíduos S ₀	2	21,9 a 24,6%	Sullivan & Bliss (1983)
Número de nódulos	Indivíduos F ₁	3	21,1%	Pereira et al. (1993)
Fixação de N	Progênie S _{0:1}	3	13%	Barron et al. (1999)
Patógenos do solo	Progênie	6	9%	Garcia et al. (2003)
Resistência ao mofo branco	Progênie F ₃	3	31 a 50%	Lyons et al. (1987)
Reação à mancha angular	Indivíduos S ₀	6	6,3%	Amaro et al. (2007)
Florescimento precoce	Indivíduos S ₀	6	0,73%	Silva et al. (2007)
Porte, produtividade e tipo de grãos	Progênie S _{0:1} , S _{0:2} e S _{0:3}	3	3,1%	Menezes Junior (2007)

2.2 Programa de seleção recorrente para produtividade e tipo de grãos na UFLA

O programa de seleção recorrente teve início em 1990 na Universidade Federal de Lavras (UFLA). A população base foi obtida utilizando os seguintes genitores: BAT 477, IAPAR 14, FT 84-292, Jalo, A-252, A-77, Ojo de Liebre, ESAL 645, Pintado e Carioca (Tabela 2).

Inicialmente, os cruzamentos foram realizados adotando o esquema de dialelo completo para obtenção dos híbridos simples. Contudo, algumas combinações não foram obtidas em função da incompatibilidade existente no cruzamento entre feijões Andinos e Mesoamericanos (Singh & Gutierrez, 1984). Os híbridos simples foram inter cruzados para obtenção dos híbridos múltiplos. As sementes F_1 desta última etapa, obtidas em casa de vegetação, foram semeadas em campo para obtenção da geração F_2 , bem como, para aumentar a quantidade de sementes. Cerca de 150 sementes de cada híbrido duplo, com grãos tipo carioca, foram misturadas para obtenção da população original do primeiro ciclo. O esquema de condução adotado no programa desde o ciclo inicial (Ciclo I) até o C-VIII está apresentado na figura 1 adaptada de Ramalho et al. (2005a).

Após a avaliação das progênies $S_{0:1}$ e $S_{0:2}$ do Ciclo I, as progênies com melhor desempenho para produtividade e tipo de grãos carioca foram selecionadas e inter cruzadas utilizando pelo menos seis plantas $S_{0:3}$ por progênie selecionada para obtenção da população base para o próximo ciclo seletivo. Nos demais ciclos seletivos os procedimentos adotados foram os mesmos mencionados anteriormente. Para a avaliação das progênies em todos ciclos seletivos adotou-se o delineamento de blocos incompletos, látice, considerando duas repetições para a geração inicial $S_{0:1}$ e três para as demais gerações.

TABELA 2. Algumas características das linhagens utilizadas no programa de seleção recorrente.

Linhagens	Ciclo	Raças	Hábito de Crescimento ^{1/}	Tipo de grão
BAT 477	C-I	Mesoamerica	II	Bege
IAPAR 14	C-I	Mesoamerica	III	Creme com rajas marrons
FT 84-292	C-I	Mesoamerica	II	Creme com rajas marrons
Jalo	C-I	Nova Granada	III	Amarelo
A-252	C-I	Mesoamerica	III	Creme com rajas marrons
A-77	C-I	Mesoamerica	I	Creme com rajas marrons
Ojo de Liebre	C-I	Durango	III	Creme com rajas marrons
ESAL 645	C-I	Mesoamerica	II	Creme com rajas marrons
Pintado	C-I	Nova Granada	III	Rajado
Carioca	C-I	Mesoamerica	III	Creme com rajas marrons
P-85	C-II	Mesoamerica	III	Creme com rajas marrons
P-103	C-II	Mesoamerica	III	Creme com rajas marrons
H-4	C-III	Mesoamerica	III	Creme com rajas marrons
AN 910522	C-III	Mesoamerica	III	Creme com rajas marrons
ESAL 624	C-III	Mesoamerica	II	Creme com rajas marrons
Carioca-MG	C-III	Mesoamerica	II	Creme com rajas marrons

^{1/} Tipo I: Hábito Determinado; Tipo II, III e IV: Hábito Indeterminado.

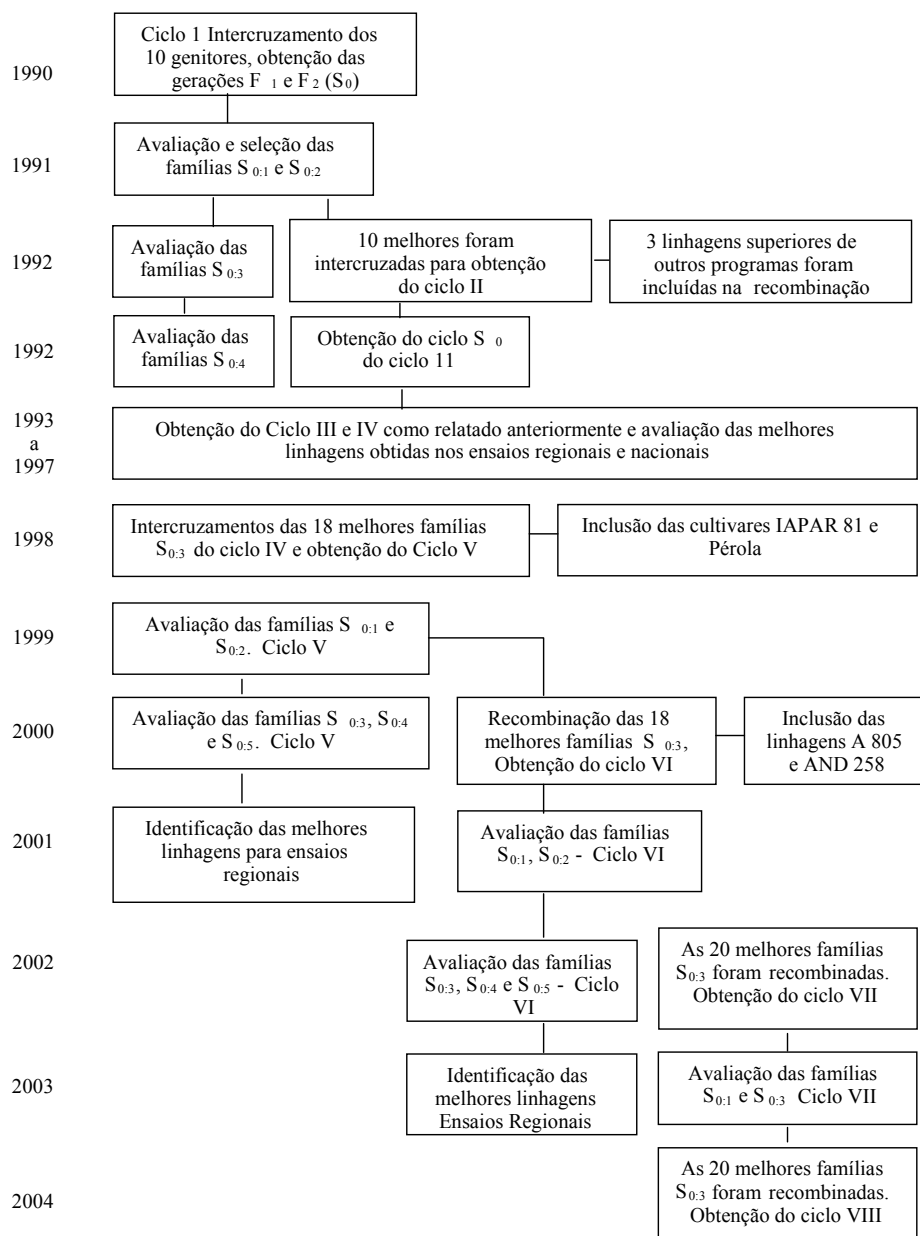


FIGURA 1. Esquema do procedimento da seleção recorrente no melhoramento do feijoeiro do período de 1990 a 2004.

2.3 Análise com modelos mistos e suas utilizações no melhoramento de autógamas

Na experimentação agrícola, a Análise da Variância (*ANAVA*), que se fundamenta no método dos quadrados mínimos (*MQM*), é, provavelmente, o procedimento estatístico de maior repercussão na pesquisa científica. Esse método estatístico foi desenvolvido por R. A. Fisher, em 1919, em consonância com pesquisas realizadas na estação experimental de Rothamsted. Fisher estabeleceu ainda, os princípios básicos da experimentação, cujo objetivo visava aumentar a eficiência da seleção de linhagens nos programas de melhoramento de plantas, isto é, ter um fenótipo como bom indicador do valor genotípico.

Após o estabelecimento da *ANAVA*, inúmeros métodos de análises estatísticas dos dados foram propostos. Porém, a maioria destes tiveram sua utilização limitada em função do pouco conhecimento dos pesquisadores, bem como, pela ausência de ferramentas computacionais que auxiliassem na otimização do procedimento de análise. Dentre os métodos propostos pode-se destacar a análise com modelos mistos proposta por Henderson em 1949 e apresentada por (Henderson, 1975). O *BLUP* (melhor preditor linear não viesado) é um método padrão de estimação dos efeitos aleatórios em modelos mistos. Este foi originalmente desenvolvido para o melhoramento animal, entretanto, atualmente, está sendo utilizado em outras áreas (Piepho et al., 2008).

O procedimento *BLUP* foi desenvolvido por Henderson, em 1949, no contexto de modelos mistos, com a finalidade de predizer valores genéticos de animais para a produção de leite sob condições de desbalanceamento nos dados (Mrode, 1996; White & Hodge, 1989). Porém, somente foi apresentado formalmente por Henderson, em 1973 (Resende, 2002). Uma síntese histórica da evolução do procedimento *BLUP* é apresentada em Resende (2002). Devido à necessidade de realização de cálculos mais complicados, a utilização do *BLUP*

como método rotineiro de análise apenas se tornou possível a partir das facilidades computacionais permitindo o desenvolvimento de softwares estatísticos. O primeiro relato do uso efetivo do *BLUP* foi em 1970, para a predição do valor genético de 1.200 touros num programa de inseminação artificial visando à produção de leite (Schaeffer, 1991).

Modelos mistos, conceitualmente, caracterizam a presença de efeitos fixos e aleatórios no modelo. Nesse contexto, uma questão debatida entre os melhoristas é em quais situações que se deve considerar os efeitos como aleatório ou fixo. Para Eisenhart (1947), efeitos devem ser considerados fixos (constantes) quando o interesse do pesquisador centra-se nos efeitos dos níveis do fator em estudo; caso contrário, os efeitos são considerados aleatórios. Searle (1971), comenta que se os níveis de um dado fator se constituem numa amostra aleatória de uma população de níveis, estes efeitos devem ser tomados como aleatórios, ao passo que, tendo sido estes níveis previamente escolhidos, estes deverão ser considerados fixos. Mais recentemente, com a possibilidade do emprego dos modelos mistos, o conceito de efeitos fixos e aleatórios é constantemente questionado. Para Piepho et al. (2008), por exemplo, os genótipos avaliados devem ser considerados como aleatórios, pois, representam várias populações que foram submetidas à seleção.

No melhoramento vegetal, sua utilização tem sido mais restrita, devido à falta de vivência com o método e o desconhecimento de suas inúmeras aplicações (Bueno Filho, 1997). Além do mais, no melhoramento vegetal, normalmente os dados são balanceados e nesta situação o *BLUP* e o tradicional método dos quadrados mínimos fornece os mesmos resultados (Bernardo, 2002). Há, contudo, inúmeras situações em que o *BLUP* pode substituir com vantagem o *MQM*. Por isso, ele tem sido utilizado em algumas situações, tais como análise de dados com culturas perenes (Bueno Filho, 1997; Durel et al., 1998; Resende, 2002) e, também em anuais, como milho (Bernardo, 1994, 2002), soja (Panter &

Allen, 1995; Yan & Rajcan, 2003), canola (Piepho & Moring, 2006) e feijão (Nunes et al., 2008). Piepho et al. (2008) fazem um relato das inúmeras possibilidades do seu emprego. Algumas dessas aplicações serão discutidas posteriormente.

As análises de modelos mistos têm como fundamento o seguinte modelo

$$y = X\beta + Za + \varepsilon$$

y : vetor de observações ou fenótipos;

X : matriz do modelo referente aos efeitos fixos b ;

β : vetor dos efeitos fixos;

Z : matriz do modelo referente aos efeitos aleatórios a ;

a : vetor dos efeitos aleatórios ou valores genéticos aditivos (VGA) das progênies;

e : vetor de erros, com $e \sim N(0;R)$.

Para esse modelo assume-se que os efeitos aleatórios de progênies são normalmente distribuídos, ou seja, $a \sim N(0,G)$, sendo $G = A\sigma_a^2$ é a matriz de covariâncias genéticas aditivas dos VGA das progênies. A matriz A corresponde à matriz de parentesco genético aditivo entre progênies, também denominada, no melhoramento animal, como *numerator relationship matrix*.

O elemento a_{ij} da matriz A corresponde ao parentesco genético aditivo entre as progênies i e j , equivalente ao coeficiente de parentesco de Wright (*relationship coefficient*), sendo igual a duas vezes o coeficiente de parentesco ou de coancestria de Malecot (r_{ij}) (Lynch & Walsh, 1998). O coeficiente de parentesco de Malecot entre i e j corresponde à probabilidade, de um alelo, tomado ao acaso em i ser idêntico por descendência a um outro alelo tomado ao acaso em j (Souza Júnior, 1989), o qual é, geralmente, determinado a partir da

informação de genealogia decorrente do método de condução, como exemplo, no uso do método genealógico.

O método de modelos mistos envolve a predição de valores genéticos pelo procedimento da melhor predição linear não viesada e a estimação dos componentes da variância pelo método da máxima verossimilhança restrita (REML) (Resende, 2002). Se as matrizes G e R forem conhecidas, $\hat{\beta}$ é chamado melhor estimador linear não viesado (*BLUE*), e \hat{g} é denominado de melhor preditor linear não viesado (*BLUP*).

2.4 Aplicações do BLUP no melhoramento de plantas e teste de cultivares

Como já comentado anteriormente, a aplicação de modelos mistos no melhoramento de plantas anuais, tem incrementado, embora sua utilização ainda seja pequena. Uma ampla revisão a respeito do emprego do BLUP no melhoramento de plantas e teste de cultivares, como já comentado, é apresentada por Piepho et al. (2008). Nesse trabalho os autores dividiram a apresentação em duas partes. A primeira foi o emprego do BLUP na ausência da informação de parentesco e a segunda com informação de parentesco. Nessa revisão, maior ênfase será dada na aplicação da análise de modelos mistos na ausência da informação de parentesco.

Considerando, por exemplo, a avaliação de genótipos/linhagens em apenas um ambiente e que os mesmos foram obtidos por amostragem em uma população, têm-se uma típica situação de modelos mistos, pois, inclui-se efeitos fixos e aleatórios, ou seja, efeito fixo para ambiente e aleatório para genótipos/linhagens. No melhoramento de plantas é comum os melhoristas realizarem a análise considerando o modelo como fixo para estimação das médias dos tratamentos e ordenamento das mesmas. Nesse contexto, Duarte & Vencovsky (2001), em um trabalho teórico demonstram que, quando se passa de

uma análise assumindo genótipos como de efeitos fixos para outra em que tais efeitos são tidos como aleatórios, na ausência de desbalanceamento nos dados, tem-se o efeito ‘*shrinkage*’, que nada mais é do que um encolhimento da distribuição das médias ajustadas dos tratamentos em torno da média geral. Piepho et al. (2008) comentam que a propriedade ‘*shrinkage*’ presente no preditor *BLUP* propicia maior acurácia seletiva quando comparado com o *BLUE*.

Normalmente, nas avaliações iniciais em programas de melhoramento, quando se dispõe de um grande número de progênies para serem avaliadas e a quantidade de sementes é insuficiente para se utilizar avaliação em experimentos com repetição, uma alternativa é adoção do delineamento de blocos aumentados (Federer, 1956). Nesse contexto, Santos et al. (2002) em trabalho de simulação evidenciaram que quando se dispõe das estimativas dos componentes da variância, o *BLUP* sempre será mais eficiente do que o *BLUE* propiciando maior ganho genético na seleção. Discussão a respeito da análise de experimento sem repetição foi o objetivo de um simpósio realizado nos Estados Unidos (Payne, 2006). A sua aplicação tem sido também preconizada para os casos em que a variância dos tratamentos é bem diferente como ocorre em experimento envolvendo densidades de semeadura (Lee et al., 2008).

Uma das etapas mais importantes em um programa de melhoramento é a escolha de parentais para se realizar a hibridação e, conseqüentemente, a obtenção da população segregante visando a seleção. Em espécies autógamas alguns métodos têm sido propostos com essa finalidade (Abreu et al., 2002). Recentemente, têm sido sugerida a utilização dos valores genotípicos, *BLUP*, com estratégia superior às mencionadas anteriormente para escolha de genitores (Bauer et al., 2006). Na seleção de linhagens superiores são considerados alguns caracteres que podem ser geneticamente ou fenotipicamente correlacionados. Nesse contexto, um questionamento que surge é se a adoção do *BLUP*

considerando análise envolvendo mais de uma característica deva ser eficiente. Em trabalho de simulação, realizado por Bauer & León (2008), foram considerados dois caracteres, com avaliação durante três anos em 55 locais. Foi verificado que o ganho com a seleção foi maior quando se considerou o *BLUP* para os dois caracteres simultaneamente em relação à análise realizada por caráter separadamente. Sendo assim, os autores comentam que a utilização dessa estratégia de análise para escolha de parentais deve ser uma importante ferramenta para o melhoramento de plantas autógamas, sobretudo para caracteres altamente correlacionados.

Como já mencionado, segundo Bernardo (2002), o procedimento *BLUP* é útil por duas razões: permite a análise de dados não balanceados, retornando, nestas condições, predições mais confiáveis do que as obtidas pelo método dos quadrados mínimos (*MQM*); explora a informação entre indivíduos aparentados, conforme já comentado, maximizando o uso dos dados disponíveis na comparação entre os genótipos. Além disso, Bernardo (1994, 1995, 1996) comentam sobre a utilidade do procedimento *BLUP* para a predição de valores genéticos de cruzamentos não realizados em delineamentos dialélicos.

Para obtenção da informação de parentesco pode-se utilizar a genealogia decorrente do método de condução da população segregante, como exemplo, no uso do método genealógico (Nunes et al., 2008). Entretanto, na ausência desses registros, o parentesco pode também ser determinado por meio de informação gerada por marcadores moleculares (Bernardo, 1994, 2002). Bernardo (1994) comparou os resultados *BLUP* obtidas por meio de informação de genealogia e com o uso de dados de marcadores moleculares *RFLP* de dois grupos de linhagens de milho. De acordo com o autor, não foram verificadas alterações significativas pelos dois procedimentos.

Trabalho de simulação visando a incorporação da informação de parentesco no processo seletivo, quando se utiliza o método genealógico, foi

realizado por Nunes et al. (2008). Nesse trabalho os autores utilizaram 20 locos não ligados, frequência alélica 0,5 e herdabilidade de 10%, 25%, 50% e 75%. Compararam a eficiência da seleção considerando a média, o *BLUP* sem informação do parentesco e o *BLUP* com informação do parentesco (*BLUP_A*). Em síntese, verificaram que a seleção utilizando a informação de parentesco *BLUP_A* apresentou maior ganho, justificando assim o trabalho adicional investido para obtenção da genealogia.

Nos programas de melhoramento de plantas quando se tem avaliação em vários ambientes e anos agrícolas, é notório o desbalanceamento dos dados. Isto é, as linhagens de baixa performance são eliminadas a cada ano, bem como novas entradas são adicionadas ao programa. Por exemplo, a recomendação de uma linhagem em plantas autógamas necessita de avaliações conduzidas durante algumas safras. No caso específico do feijoeiro, desde a hibridação até chegar aos experimentos de Valor de Cultivo e Uso (VCU) ocorrem inúmeros experimentos. Esses iniciam normalmente com 300 a 500 progênies $F_{2,3}$ ou $S_{0,1}$, e procede até $S_{0,4}$ ou $S_{0,5}$ quando se avaliam de 25 a 36 progênies (Ramalho et al., 2005a). São selecionadas de cinco a dez para participarem de um experimento de competição de linhagens, por duas a seis safras, em vários ambientes quando então são identificadas as linhagens para participarem do VCU (Brasil, 1997).

Sendo assim, um questionamento importante que surge é se a utilização das avaliações anteriores possa melhorar a eficiência do processo seletivo. Nesse âmbito, Piepho & Mohring (2006) comparam a acurácia seletiva para identificação das melhores linhagens considerando apenas dados da geração de referência em relação a análise seqüencial, que considera a performance nas avaliações anteriores. Na análise seqüencial adotou-se o modelo misto, o *BLUP*. Para isso, foram utilizados dados da avaliação de cultivares de canola em experimentos de VCU, conduzidos na Alemanha. Os autores verificaram que a

análise realizada utilizando dados de todas as avaliações propiciou maior acurácia seletiva em relação a análise considerando apenas a geração de referência. Nesse mesmo contexto, Yan & Rajcan (2003) verificaram que a predição do desempenho de cultivares de soja tendo em relação a análise de modelos mistos para vários anos foi mais eficiente do que quando se considera apenas um ano, ou seja, apenas a geração de referência.

No que se refere aos programas de seleção recorrente, os mesmos comentários relatados anteriormente são pertinentes. Isto é, as progênies são avaliadas durante um grande número de gerações, nas quais se adotam diferentes números de repetições e tamanho da parcela, bem como, apenas as de melhor performance são selecionadas e avançadas para gerações posteriores. Atualmente, a seleção/identificação das melhores progênies tem sido realizada, considerando na análise, apenas o desempenho na geração de referência. Isto é, tendo como exemplo, avaliação de progênies na geração $S_{0.4}$ a seleção/identificação dos melhores está sendo realizada contemplando somente o desempenho nessa geração, ou seja, a performance das progênies nas gerações $S_{0.1}$, $S_{0.2}$ e $S_{0.3}$ não são consideradas. Sendo assim, um questionamento que surge é a possibilidade da implementação da análise sequencial em programas de seleção recorrente visando à melhoria do processo seletivo.

2.5 Interação progênies x gerações (safras e anos agrícolas)

O fenótipo (F) para qualquer caráter é o resultado da ação do genótipo (G), do ambiente (A) e da interação dos genótipos por ambientes (GA): $F = G + A + GA$. Para se obter as estimativas da interação (GA) é necessário que, na avaliação, sejam considerados, no mínimo, dois genótipos e dois ambientes. A interação genótipos x ambientes ocorre quando o comportamento das linhagens

não é coincidente nos vários ambientes, ou seja, ela reflete as diferentes sensibilidades dos genótipos às mudanças do ambiente (Ramalho et al., 2005b).

A natureza da interação deve ser atribuída a fatores fisiológicos e bioquímicos próprios de cada cultivar. Em termos genéticos, a interação ocorre quando a contribuição dos alelos dos diferentes genes que controlam o caráter ou o nível de expressão dos mesmos difere entre os ambientes. Isso ocorre porque a expressão dos genes é influenciada e ou regulada pelo ambiente (Kang & Gauch Júnior, 1996).

As condições de cultivo do feijoeiro em Minas Gerais apresentam uma ampla diferença. Há desde agricultores de subsistência com praticamente nenhum emprego de tecnologia, até grandes empresários rurais que utilizam todas as técnicas disponíveis. Deve-se ressaltar também que, atualmente, o feijoeiro é cultivado praticamente durante todo ano, em três épocas de semeadura, em que as condições climáticas são muito distintas. Nessas condições, é esperado que as cultivares não apresentem comportamento coincidente nos diferentes ambientes, isto é, ocorra interação cultivares x ambientes. Esse fato tem sido comprovado em inúmeros trabalhos conduzidos com a cultura do feijoeiro na região Sul e Alto Paranaíba de Minas Gerais considerando avaliação de linhagens em diferentes ambientes (Ramalho et al., 1998; Pirola et al., 2002; Matos et al., 2007; Bruzi et al., 2007).

A interação é o principal complicador ao se realizar a recomendação de cultivares, pois, se a mesma existir, não será possível realizar uma recomendação de forma generalizada, exigindo adoção de medidas que controlem ou minimizem os efeitos dessa interação (Ramalho et al., 1993).

Existem pelo menos três alternativas para se atenuar o efeito da interação genótipos x ambientes: identificação de cultivares específicas para cada ambiente, realizar o zoneamento ecológico e identificação de cultivares com maior estabilidade fenotípica.

O que será discutido sucintamente nessa revisão são as alternativas para a identificação de cultivares com maior estabilidade fenotípica. Existem inúmeros procedimentos que podem ser utilizados. Informações detalhadas a esse respeito são encontradas em Becker & Leon (1988), Kang & Gauch Júnior. (1996), Cruz & Carneiro (2003) e Cruz et al. (2004).

Em um programa de seleção recorrente a etapa de avaliação das progênies é a mais importante. Os experimentos devem ser bem conduzidos, utilizando delineamento experimental e tamanho de parcela adequados para atenuar o erro experimental e propiciar acurácia seletiva. No caso de plantas autógamias, como já mencionado, são avaliadas progênies $S_{0:1}$ e $S_{0:2}$ para identificar as que serão intercruzadas. Porém, o processo de avaliação continua até a obtenção de linhagens ($S_{0:6}$, $S_{0:7}$). Durante as avaliações as progênies são testadas em diferentes safras e anos agrícolas, contudo a seleção é realizada tendo apenas o desempenho na geração de referência. A interação progênies x safras é freqüentemente relatada na cultura do feijoeiro na região (Furtini et al., 2006; Amaro et al., 2007). Logo, esse fato deve ser verificado na condução dos programas de seleção recorrente visando melhoria no processo seletivo.

Quando se dispõe de cultivares/progênies avaliadas em vários ambientes o resultado desta, nada mais é, do que uma tabela de dupla entrada na qual se tem as estimativas das médias dos genótipos por ambientes. De posse desses resultados o objetivo dos programas de melhoramento é identificar aquelas com maior estabilidade fenotípica ou até mesmo os genótipos com adaptação à ambientes específicos. O método *AMMI* (*Additive Means Effects and Multiplicative Interaction*) proposto por Gauch & Zobel (1988) tem sido extensivamente utilizado para identificação de cultivares com maior estabilidade fenotípica. Contudo, considera os efeitos de genótipo e da interação GE como fixos; é adequado apenas para dados balanceados; não considera a variação

espacial dentro de ensaios; não considera a heterocedasticidade da variância; não considera o diferente número de repetições entre as avaliações.

Nesse contexto, Piepho (1994) comparou o método *AMMI* com o *BLUP* e verificou que a análise com modelos mistos, *BLUP*, evidenciou maior acurácia do que o *AMMI* mesmo na condição de balanceamento dos dados. Em função disso Piepho (1998), apresentou um modelo misto multiplicativo fator - analítico (*FAMM*) com efeitos aleatórios de genótipo e da interação GE, o qual é conceitualmente e funcionalmente melhor que o *AMMI*. Nesse mesmo contexto, Resende & Thompson (2004) aplicando o modelo *FAMM* em um conjunto de dados desbalanceados, oriundos da avaliação de progênies de eucalipto e erva mate, enfatizaram ainda mais a superioridade dessa estratégia de análise em relação ao método *AMMI*.

Como mencionado anteriormente, em programas de seleção recorrente, ao longo das gerações são selecionadas as progênies de melhor performance para recombinação e também para serem avaliadas em experimentos de competição de linhagens visando a identificação de novas cultivares. Nesse contexto, tem-se uma situação de desbalanceamento nos dados, pois, somente as melhores são avançadas para etapas posteriores, bem como o número de locais e repetição utilizado na avaliação das gerações, normalmente, são distintos. Sendo assim, a análise de modelos mistos *BLUP* visando a identificação de progênies/cultivares com menor contribuição para a interação genótipos x ambientes pode dar uma importante contribuição.

3 REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- ABREU, A. F. B.; RAMALHO, M. A. P.; SANTOS, J. B. Prediction seed-yield potential of common bean populations. **Genetics and Molecular Biology**, Ribeirão Preto, v. 25, n. 3, p. 323-327, 2002.
- AGUIAR, M. S. de; RAMALHO, M. A. P.; ABREU, A. F. B. T.; CARNEIRO, J. E. de S. Effect of the number of intermatings on genetic properties of a segregant common bean population. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, Londrina, v. 4, n. 2, p. 234-240, Apr./June 2004.
- AMARO, G. B.; ABREU, A. F. B.; RAMALHO, M. A. P.; SILVA, F. B. Phenotypic recurrent selection in the common bean (*Phaseolus vulgaris*) with carioca-type grains for resistance to the fungi *Phaeoisariopsis griseola*. **Genetics and Molecular Biology**, Ribeirão Preto, v. 30, n. 3, p. 584-588, 2007.
- BAKER, R. J. Quantitative genetic principles in plant breeding. In: GUSTAFSON, J. P. **Gene manipulation in plant improvement**. Columbia: Universidade of Missouri, 1988. p. 147-176.
- BARRON, J. E.; PASINI, R. J.; DAVIS, D. W.; STUTHMAN, D. D.; GRAHAM, P. H. Response to selection for seed yield and nitrogen (N₂) fixation in common bean (*Phaseolus vulgaris* L.). **Field Crops Research**, Amsterdam, v. 62, n. 2/3, p. 119-128, June 1999.
- BAUER, A. M.; LÉON, J. Multiple trait breeding values for parental selection in self-pollinating crops. **Theoretical and Applied Genetics**, Germany, v. 116, n. 2, p. 235-242, 2008.
- BAUER, A. M.; REETZ, T. C.; LÉON, J. Estimation of breeding values of inbred lines using best linear unbiased prediction (BLUP) and genetics similarities. **Crop Science**, Madison, v. 46, p. 2685-2691, Nov. 2006.
- BEAVER, J. S.; KELLY, J. D. Comparison of selection methods for dry bean populations derived from crosses between gene pools. **Crop Science**, Madison, v. 34, n. 1, p. 34-37, Jan./Feb. 1994.
- BECKER, H. C.; LÉON, J. Stability analysis in plant breeding. **Plant Breeding**, Berlin, v. 101, n. 1, p. 1-23, Apr. 1988.

BERNARDO, R. Best linear unbiased prediction of maize single cross performance. **Crop Science**, Madison, v. 36, n. 1, p. 50-56, Jan./Feb. 1996.

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

BERNARDO, R. Genetic models for predicting maize performance in unbalanced yield trial data. **Crop Science**, Madison, v. 35, n. 1, p. 141-147, Jan./Feb. 1995.

BERNARDO, R. Prediction of maize single-cross performance using RFLPs and information from related hybrids. **Crop Science**, Madison, v. 34, n. 1, p. 20-25, Jan./Feb. 1994.

BOS, I. More arguments against intermating F_2 plants of a self-fertilizing crop. **Euphytica**, Wageningen, v. 26, n. 1, p. 33-46, 1977.

BRASIL. Ministério da Agricultura e do Abastecimento. Lei n. 9456, 25 de abril de 1997. Institui a Lei de Proteção de Cultivares, e dá outras providências. **Diário oficial [da] República Federativa do Brasil**, Brasília, 25 de abril 1997. Disponível em: <<http://www.agricultura.gov.br>>. Acesso em: 20 jan. 2008.

BRUZI, A. T.; RAMALHO, M. A. P.; ABREU, A. F. B.; FERREIRA, D. F.; SENA, M. R. Homeostasis in bean population with different genetics structure. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, Viçosa, MG, v. 4, n. 2, p. 111-116, 2007.

BUENO FILHO, J. S. de S. **Modelos mistos na predição de valores genéticos aditivos em testes de progênies florestais**. 1997. 118 p. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Piracicaba.

CARNEIRO, J. E. de S.; RAMALHO M. A. P.; ABREU, A. de F. B.; GONÇALVES, F. M. A. Breeding potential of single, double, and multiple crosses in common bean. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, Londrina, v. 2, n. 2, p. 515-524, Apr./June 2002.

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

CRUZ, C. D.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. Viçosa, MG: UFV, 2003. 585 p.

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

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

DUARTE, J. B.; VENCOVSKY, R. Estimação e predição por modelo linear misto com ênfase na ordenação de médias de tratamentos genéticos. **Scientia Agrícola**, Piracicaba, v. 58, n. 1, p. 109-117, jan./mar. 2001.

DUREL, C. E.; LAURENS, F.; FOUILLET, A.; LESPINASSE, Y. Utilization of pedigree information to estimate genetic parameters from large unbalanced data sets in apple. **Theoretical and Applied Genetics**, Berlin, v. 96, n. 8, p. 1077-1085, June 1998.

EISENHART, C. The assumptions behind the analysis of variance. **Biometrics**, Raleigh, v. 3, n. 1, p. 1-21, 1947.

FEDERER, W. T. Augmented (or hoonuiaku) designs. **Hawaiian Planter's Record**, Hawaii, v. 55, n. 2, p. 191-208, 1956.

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

FURTINI, I. V.; RAMALHO, M. A. P.; ABREU, Â. de F. B.; FURTINI NETO, A. E. Resposta diferencial de linhagens de feijoeiro ao nitrogênio. **Ciência Rural**, Santa Maria, v. 36, n. 6, p. 1696-1700, 2006.

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

GAUCH, H. C. J.; ZOBEL, R. W. Predictive and postdictive success of statistical analysis of yield trials. **Theoretical and Applied Genetics**, Berlin, v. 76, n. 1, p. 1-10, 1988.

- GERALDI, I. O. Por que realizar seleção recorrente? In: SIMPÓSIO DE ATUALIZAÇÃO EM GENÉTICA E MELHORAMENTO DE PLANTAS, 9., 2005, Lavras. **Anais...** Lavras: UFLA, 2005. p. 1-9.
- GUIMARÃES, E. P.; FEHR, W. R. Alternative strategies of recurrent selection for seed yield of soybean. **Euphytica**, Wageningen, v. 40, n. 1/2, p. 111-119, 1989.
- GURGEL, F. de L. **Simulação computacional no melhoramento genético de plantas**. 2004. 174 p. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Universidade Federal de Lavras, Lavras.
- HALLAUER, A. R. Recurrent selection in maize. **Plant Breeding Reviews**, New York, v. 9, n. 1, p. 115-179, 1992.
- HENDERSON, C. R. Best linear unbiased estimation and prediction under a selection model. **Biometrics**, Raleigh, v. 31, n. 2, p. 423-447, June 1975.
- KANG, M. S.; GAUCH JR., H. G. **Genotype by environment interaction**. New York: CRC, 1996. 416 p.
- LEE, C. J.; O'DONNELL, M.; O'NEILL, M. Statistical analysis of field trials with changing treatment variance. **Agronomy Journal**, Madison, v. 100, p. 484-489, May 2008.
- LYONS, M. E.; DICKSON, M. H.; HUNTER, J. E. Recurrent selection for resistance to white mold in *Phaseolus species*. **Journal of the American Society for Horticultural Science**, Alexandria, v. 112, n. 1, p. 149-152, Jan. 1987.
- LYNCH, M.; WALSH, B. **Genetics and analysis of quantitative traits**. Sunderland: Sinauer Associates, 1998. 948 p.
- MATOS, J. W.; RAMALHO, M. A. P.; ABREU, A. F. B. Trinta e dois anos do programa de melhoramento genético do feijoeiro comum em Minas Gerais. **Ciência e Agrotecnologia**, Lavras, v. 31, n. 6, p. 1749-1754, 2007.
- MENEZES JÚNIOR, J. A. N. **Seleção recorrente simultânea para alguns caracteres do feijoeiro**. 2007. 65 p. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Universidade Federal de Lavras, Lavras.

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

MORAES, O. P. **Análise multivariada da divergência genética de progenitores, índices de seleção e seleção combinada numa população de arroz oriunda de intercruzamento usando macho esterilidade**. 1992. 251 p. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, MG.

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

MRODE, R. A. **Linear models for the prediction of animal breeding values**. Guildford: Biddles, 1996. 184 p.

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

PANTER, D. M.; ALLEN, F. L. Using best linear unbiased predictions to enhance breeding for yield in soybean: I choosing parents. **Crop Science**, Madison, v. 35, n. 2, p. 397-405, Mar./Apr. 1995.

PAYNE, R. W. New and traditional methods for the analysis of unreplicate experiments. **Crop Science**, Madison, v. 46, n. 6, p. 2476-2481, 2006.

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

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

PIEPHO, H. P.; MOHRING, J.; MELCHINGER, A. E. BLUP for phenotypic selection in plant breeding and variety testing. **Euphytica**, Wageningen, v. 161, p. 209-228, Apr. 2008.

PIEPHO, H.; MOHRING, J. Selection in cultivar – is it ignorable? **Crop Science**, Madison, v. 46, n. 6, p. 192-201, 2006.

PIEPHO, H. Empirical best linear unbiased prediction in cultivar trials using factor analytic variance-covariance structures. **Theoretical and Applied Genetics**, Berlin, v. 97, n. 3, p. 195-201, 1998.

PIROLA, L. H.; RAMALHO, M. A. P.; CARNEIRO, J. E. de S.; ABREU, A. de F. B. Natural selection and families x locations interaction in the common (dry) bean. **Genetics and Molecular Biology**, Ribeirão Preto, v. 25, n. 3, p. 343-347, Sept. 2002.

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

RAMALHO, M. A. P.; ABREU, A. F. B.; SANTOS, J. B. Genetic progress after four cycles of recurrent selection for yield and grain traits in common bean. **Euphytica**, Wageningen, v. 144, n. 4, p. 23-29, 2005a.

RAMALHO, M. A. P.; FERREIRA, D. F.; OLIVEIRA, A. C. **Experimentação em genética e melhoramento de plantas**. 2.ed. Lavras: UFLA, 2005b. 326 p.

RAMALHO, M. A. P. Melhoramento do feijoeiro. In: SIMPÓSIO SOBRE ATUALIZAÇÃO EM GENÉTICA E MELHORAMENTO DE PLANTAS, 1997, Lavras. **Anais...** Lavras: UFLA, 1997. p. 167-196.

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

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

RANALLI, P.; RUARO, G.; DEL REI, P.; FAETI, V. Comparison of early generation yield testing and a single seed descent procedure in two bean (*Phaseolus vulgaris* L.) crosses. **Journal of Genetics and Breeding**, Rome, v. 50, n. 2, p. 103-108, June 1996.

RANGEL, P. H. N. Y.; NEVES, P. de C. F. Selección recurrente aplicada al arroz de riego in Brasil. In: GUIMARÃES, E. P. (Ed.). **Selección recurrente em arroz**. Cali, Colômbia: Centro Internacional de Agricultura Tropical (CIAT), 1997. p. 71-97.

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

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

RESENDE, M. D. V.; THOMPSON, R. Factor analytic multiplicative mixed models in the analysis of multiple experiments. **Revista de Matemática e Estatística**, São Paulo, v. 22, n. 2, p. 31-52, 2004.

SANTOS, A. H.; BEARZOTI, E.; FERREIRA, D. F.; SILVA FILHO, J. L. Simulation of mixed models in augmented block design. **Scientia Agricola**, Piracicaba, v. 59, n. 3, p. 483-489, 2002.

SCHAEFFER, L. R. C. R. Henderson: contributions to predicting genetic merit. **Journal of Dairy Science**, Champaign, v. 74, n. 11, p. 4052-4066, Nov. 1991.

SEARLE, S. R. **Linear models**. New York: J. Willey, 1971. 532 p.

SILVA, F. B.; RAMALHO, M. A. P.; ABREU, A. F. B. Seleção recorrente fenotípica para florescimento precoce de feijoeiro ‘Carioca’. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 42, n. 10, p. 1437-1442, 2007.

SINGH, S. P.; GUTIÉRREZ, J. A. Geographical distribution of the D11 and D12 genes causing hybrid dwarfism in *Phaseolus vulgaris* L., their association with seed size, and their significance to breeding. **Euphytica**, Wageningen, v. 33, n. 4, p. 337-345, 1984.

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

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

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

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

UPHOFF, M. D.; FEHR, W. R.; CIANZIO, S. R. Genetic gain for soybean seed yield by three recurrent selection methods. **Crop Science**, Madison, v. 37, p. 1155-1158, 1997.

WANG, X. W.; LAI, J. R.; FAN, L.; ZHANG, R. B. Effects of recurrent selection on populations of various generations in wheat by using the Tai Gu Single dominant male-sterile gene. **Journal of Agricultural Science**, Cambridge, v. 126, n. 4, p. 397-402, 1996.

WHITE, T. L.; HODGE, G. R. **Predicting breeding values with applications in forest tree improvement**. Dordrecht: Kluwer Academic, 1989. 363 p.

YAN, W.; RAJCAN, I. Prediction of cultivar performance based on single-versus multiple-year tests in soybean. **Crop Science**, Madison, v. 43, n. 4, p. 549-555, 2003.

CAPÍTULO 2

ANÁLISE SEQUENCIAL NO MELHORAMENTO DO FEIJOEIRO

RESUMO

BRUZI, Adriano Teodoro. Análise seqüencial no melhoramento do feijoeiro. In: _____. **Aplicações da análise de modelos mistos em programa de seleção recorrente do feijoeiro comum**. 2008. Cap. 2, p. 33-51. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas)–Universidade Federal de Lavras, Lavras. *

No programa de seleção recorrente a etapa de avaliação das progênies é a mais importante. Normalmente, no caso das plantas autógamas, são avaliadas progênies $S_{0:1}$ e $S_{0:2}$ para identificar as que serão inter cruzadas e o processo de avaliação continua por sete a oito gerações até obtenção das linhagens. Na seleção das progênies é comum considerar o desempenho apenas da geração anterior. É provável que a eficiência do processo seletivo possa ser ampliada por meio da análise seqüencial utilizando o método de modelos mistos via procedimento BLUP. Para testar essa alternativa foram utilizados experimentos de avaliação de progênies de dois ciclos de seleção recorrente com a cultura do feijoeiro denominados de A e B. Foram adotadas três estratégias para a análise da produtividade de grãos: a) análise seqüencial considerando a combinação das gerações $S_{0:1}$ a $S_{0:3}$; $S_{0:1}$ a $S_{0:4}$; $S_{0:1}$ a $S_{0:5}$ e considerando todas as progênies; b) análise seqüencial envolvendo as 23 progênies comuns nas gerações $S_{0:1}$ a $S_{0:5}$ para o ciclo A ou as 34 comuns nas gerações $S_{0:1}$ a $S_{0:4}$ para o ciclo B; c) análise seqüencial envolvendo as 10 progênies comuns nas gerações $S_{0:1}$ a $S_{0:10}$ (ciclo A) ou as 7 comuns nas gerações $S_{0:1}$ a $S_{0:8}$ (ciclo B). Todas essas estratégias foram comparadas com a análise de variância tradicionalmente utilizada no programa de seleção recorrente. Constatou-se que a análise realizada tradicionalmente considerando apenas a média da geração anterior reduz a eficiência. Essa perda é mais acentuada nas gerações iniciais até $S_{0:5}$, pois não se considera a interação progênies x safras. Nas gerações mais avançadas, quando o número de progênies é menor e a análise tradicional passa a ter como referência as gerações avaliadas, a perda da eficiência é menor, mas com implicações na escolha da linhagem a ser recomendada.

ABSTRACT

* Orientador. Magno Antonio Patto Ramalho. Universidade Federal de Lavras. (UFLA).

BRUZI, Adriano Teodoro. Sequential analysis in common bean improvement. In: _____. **Mixed models applications in recurrent selection program of common bean.** 2008. Chap. 2, p. 33-51. Thesis (Doctoral Plant Genetics and Breeding) – Federal University of Lavras, Lavras.*

Progenies evaluation is the most important step in a recurrent selection program. For autogamous plants, progenies from $S_{0:1}$ and $S_{0:2}$ are normally assessed to identify those which are to be inter-crossed, and further evaluation continues for 7-8 generations until elite lines are obtained. Typically the selection procedure only considers the performance of the last generation, but it is likely that sequential analysis using a mixed model method would be more efficient. In order to test this possibility, progenies of common bean were assessed in two cycles of recurrent selection (A and B) by sequential analysis of: (i) combined generations ($S_{0:1}$ to $S_{0:3}$, $S_{0:1}$ to $S_{0:4}$ and $S_{0:1}$ to $S_{0:5}$) and considering all progenies, (ii) 23 best progenies common in $S_{0:1}$ to $S_{0:5}$ (cycle A) or 34 best progenies common in $S_{0:1}$ to $S_{0:4}$ (cycle B), and (iii) 10 progenies that were evaluated from $S_{0:1}$ to $S_{0:10}$ (cycle A) or 7 progenies evaluated from $S_{0:1}$ to $S_{0:8}$ (cycle B). The results of these selection procedures were compared with that obtained using the traditional analysis of variance method employed by the Universidade Federal de Lavras (Minas Gerais Brazil), which takes into consideration only mean yield in the last generation. It was possible to demonstrate that the traditional analytical process was less efficient than sequential analysis especially in the selection from early generations ($\leq S_{0:5}$) because the interaction of progenies \times season was not taken into account. In the later generations the number of progenies to be evaluated is smaller and therefore the traditional selection process is less efficient.

* Guidance Committee: Magno Antonio Patto Ramalho. Federal University of Lavras (UFLA).

1 INTRODUÇÃO

A recomendação de uma linhagem em plantas autógamas necessita de avaliações conduzidas durante algumas safras. No caso específico do feijoeiro, desde a hibridação até chegar aos experimentos de Valor de Cultivo e Uso (VCU) ocorrem inúmeros experimentos. Esses iniciam normalmente com 300 a 500 progênies $F_{2:3}$ ou $S_{0:1}$, e procede até $S_{0:4}$ ou $S_{0:5}$ quando se avaliam de 25 a 36 progênies (Ramalho et al., 2005). São selecionadas de cinco a dez para participarem de um experimento de competição de linhagens, por duas a seis safras, em vários ambientes quando então são identificadas as linhagens para participarem do VCU (Brasil, 1997). Nessa situação há pelo menos dois estágios de seleção, isto é, das progênies segregantes, $S_{0:1}$, $S_{0:2}$, $S_{0:3}$, $S_{0:4}$, $S_{0:5}$ e gerações das linhagens. Até o momento a seleção é realizada considerando apenas as gerações de referência, ou seja, na seleção efetuada em $S_{0:4}$, por exemplo, não é considerado o desempenho das progênies na geração anterior.

É esperado que a utilização das avaliações anteriores possa melhorar a eficiência do processo seletivo. Existem alguns índices que podem ser utilizados para se ter maior acurácia seletiva. O mais recomendado é o emprego de um índice de seleção, tendo como fator de ponderação o número de repetições (r) em cada avaliação ou geração (F_i), isto é, $I = \sum b_i F_i$ em que $b_i = r_i / \sum r_i$ (Souza Junior, 1995; Souza Junior & Garcia, 1996). Já Resende (2002) sugere utilizar um outro índice que leve em consideração também a herdabilidade obtida em cada etapa. Contudo, realça que a melhor opção é o emprego do BLUP (Best Linear Umbiased Predictor). Esse mesmo argumento é sugerido por Piepho & Mohring (2006). Esses autores enfatizam que quando se tem um número decrescente de progênies sendo avaliadas, a análise seqüencial

utilizando todas as progênies avaliadas por meio do procedimento BLUP pode ser mais eficiente.

Nos programas de melhoramento do feijoeiro essa estratégia de análise não tem sido utilizada. Sendo assim, o objetivo desse trabalho foi de quantificar a melhoria na eficiência do processo seletivo por meio da análise seqüencial utilizando a abordagem de modelos mistos.

2 MATERIAL E MÉTODOS

Foram utilizados experimentos de avaliação de progênies, de dois ciclos do programa de seleção recorrente, conduzido na Universidade Federal de Lavras (UFLA) desde 1990 (Ramalho et al., 2005), denominados neste trabalho por ciclos A e B. O método de condução sempre foi o *bulk* dentro de progênies F₂.

Os detalhes experimentais das diferentes gerações avaliadas são apresentados na tabela 3. Foram considerados alguns caracteres, porém a seleção sempre foi realizada em função da produtividade de grãos (kg/ha) e em algumas situações adicionalmente o tipo de grãos. Os experimentos foram conduzidos em Lavras-MG na área experimental do Departamento de Biologia situada a 21° 14' S de latitude, 44° 59' W de longitude e 919 m de altitude; em Lambari-MG situada a 21° 58' S de latitude, 45° 21' W de longitude e 887 m de altitude e em Patos de Minas-MG situada a 18° 34' S de latitude, 46° 31' W de longitude e 832 m de altitude. Em todos os experimentos utilizaram-se duas testemunhas comuns. Em todas as gerações o delineamento adotado foi de blocos incompletos, látice, considerando duas repetições para a geração S_{0:1} e três nas demais gerações.

Considerando a produção de grãos inicialmente foi adotado o procedimento tradicional do programa. Isto é, foram realizadas as análises da variância individuais adotando o modelo: $Y_{ijk} = \mu + t_i + r_j + b_{k(j)} + e_{ijk}$ em que, Y_{ijk} : observação referente a progênie i , na repetição j , no bloco k ; μ : constante geral; t_i : efeito aleatório da progênie i ; r_j : efeito fixo da repetição j ; $b_{k(j)}$:

efeito aleatório do bloco k dentro da repetição j ; e_{ijk} : erro experimental $e_{ijk} \cap N(0, \sigma^2)$.

Realizou-se também a análise conjunta dos locais, independente em cada geração, com a finalidade de identificar as melhores progênies adotando o seguinte modelo estatístico: $Y_{ijkl} = \mu + t_i + r_{j(l)} + b_{k(jl)} + a_l + (ta)_{il} + e_{ijkl}$ em que, Y_{ijkl} : observação referente a progênie i , na repetição j , no bloco k , no ambiente l ; μ : constante geral; t_i : efeito aleatório da progênie i ; $r_{j(l)}$: efeito fixo da repetição j dentro do ambiente l ; $b_{k(jl)}$: efeito aleatório do bloco k dentro da repetição j no ambiente l ; a_l : efeito aleatório do ambiente l ; $(ta)_{il}$: efeito aleatório da interação progênies x ambientes; e_{ijkl} : erro experimental $e_{ijkl} \cap N(0, \sigma^2)$.

Foi realizada também a análise pelo procedimento seqüencial recuperando as informações das gerações avaliadas. Para isso adotaram-se três estratégias de análise: a) análise seqüencial considerando a combinação das gerações $S_{0.1}$ a $S_{0.3}$, $S_{0.1}$ a $S_{0.4}$ e $S_{0.1}$ a $S_{0.5}$ considerando todas as progênies e denominado nesse trabalho de BLUPT; b) análise seqüencial contemplando as 23 melhores progênies comuns as gerações $S_{0.1}$ a $S_{0.5}$ (ciclo A) e as 34 comuns as gerações $S_{0.1}$ a $S_{0.4}$ (ciclo B); c) a análise seqüencial envolvendo as 10 progênies que participaram nas avaliações $S_{0.1}$ a $S_{0.10}$ (ciclo A) e as sete comuns nas gerações $S_{0.1}$ a $S_{0.8}$ (ciclo B). As análises com a recuperação da informação foram realizadas utilizando o *PROC MIXED* do SAS (SAS Institute, 2000) considerando duas situações: o efeito de progênies como efeito aleatório (BLUP) e fixo (BLUE) adotando o modelo misto Henderson (1975): $y = X\beta + Za + \varepsilon$ em que, y : vetor das observações; X : matriz de incidência, ou matriz dos coeficientes do modelo associado aos efeitos fixos; β : vetor de

efeitos fixos; Z : matriz de incidência ou matriz dos coeficientes do modelo associado aos efeitos aleatórios; a : vetor de efeitos aleatórios; ε : vetor dos erros aleatórios.

Para quantificar a eficiência dos procedimentos de análise adotados verificou-se a coincidência das progênies selecionadas pelas estratégias em questão em relação ao padrão adotado pelo programa de melhoramento da instituição. Verificou-se também a correspondência nos postos das progênies nas diferentes estratégias de análise.

TABELA 1. Detalhes experimentais utilizados para avaliação das progênies.

Ciclos de Seleção	Gerações	Número de Progênies Avaliadas	Número de Repetições	Número de Ambientes	Épocas de Semeadura	Parcela (m ²)
A	S _{0:1}	322	2	1	Fev/03	1 m ²
	S _{0:2}	254	3	2	Jul/03	2 m ²
	S _{0:3}	119	3	3	Nov/03	2 m ²
	S _{0:4}	62	3	3	Fev/04	2 m ²
	S _{0:5}	23	3	1	Jul/04	2 m ²
	S _{0:6}	10	3	2	Nov/04	4 m ²
	S _{0:7}	10	3	3	Fev/05	4 m ²
	S _{0:8}	10	3	2	Jul/05	4 m ²
	S _{0:9}	10	3	3	Nov/05	4 m ²
	S _{0:10}	10	3	3	Fev/06	4 m ²
B	S _{0:1}	359	2	1	Nov/04	1 m ²
	S _{0:2}	194	2	3	Fev/05	2 m ²
	S _{0:3}	79	3	2	Jul/05	2 m ²
	S _{0:4}	34	3	2	Nov/05	2 m ²
	S _{0:5}	7	3	3	Nov/06	4 m ²
	S _{0:6}	7	3	4	Fev/07	4 m ²
	S _{0:7}	7	3	3	Jul/07	4 m ²
	S _{0:8}	7	3	1	Nov/07	4 m ²

3 RESULTADOS E DISCUSSÃO

A coincidência entre as progênies selecionadas pelo método tradicional, que contempla apenas a média da última geração avaliada, e a do BLUP tendo como referência todas as gerações a partir da $S_{0:1}$ denominado nesse trabalho de BLUPT é mostrado na tabela 2. Assim, considerando um dos ciclos de seleção recorrente o A, por exemplo, observa-se que das 119 progênies selecionadas na $S_{0:2}$, pela média, no BLUPT haveria coincidência de 84 considerando as gerações $S_{0:1}$ e $S_{0:2}$. No mesmo ciclo, considerando agora as 62 progênies selecionadas em $S_{0:3}$ a coincidência com o BLUPT (gerações $S_{0:1}$, $S_{0:2}$ e $S_{0:3}$) foi em 39 progênies. Fica evidente, pelos dados da tabela 2, que na análise seqüencial envolvendo todas as progênies, em relação ao procedimento tradicional, a correspondência foi pequena entre os resultados.

Essa não concordância na classificação das progênies reduz, percentualmente, a medida que aumenta o número de gerações envolvidas. No processo tradicional a interação progênies x gerações (safras) não é considerada, pois ela tem como referência apenas os ambientes, locais quando for o caso, dentro de uma mesma safra. Deste modo parte desta não coincidência deve ser atribuída à interação progênies x safras. A interação progênies x safras na cultura do feijoeiro em experimentos conduzidos na região Sul e Alto Paranaíba de Minas Gerais é freqüentemente relatada (Furtini et al., 2006; Amaro et al., 2007; Matos et al., 2007; Moreto et al., 2007).

Uma outra razão desta não coincidência é o envolvimento na análise não só das progênies comuns, mas todas elas. Piepho & Mohring (2006) mostraram com canola (*Brassica napus*) em experimentos conduzidos na Alemanha, que considerando todas as progênies, na análise, há melhoria na eficiência do processo. Uma terceira razão, é que em alguns casos não só a produtividade de

grãos é considerada na seleção como também o tipo de grãos. Vale ressaltar, contudo, que são identificadas as de melhor tipo de grãos, porém só entre as de melhor desempenho. Portanto, é esperado que o efeito da seleção visual no tipo de grãos, na alteração da classificação das progênies seja pequena.

Na geração $S_{0.5}$ do ciclo A de seleção recorrente foram avaliadas 23 progênies que deram origem as dez que foram posteriormente avaliadas até $S_{0.10}$. Então procurou-se verificar por algumas estratégias de análise qual a coincidência na classificação das progênies em relação ao procedimento padrão utilizando apenas a média da geração $S_{0.5}$. A análise com o BLUP e BLUE envolveu apenas as 23 progênies, porém com informação desde a $S_{0.1}$. No caso do BLUE o efeito de progênies foi fixo e no BLUP foi aleatório. Constata-se que a coincidência entre esses dois procedimentos é muito grande. Mostrando que o fato de se considerar progênies fixo ou aleatório teve, em princípio, reduzido efeito na classificação (Tabela 5). Deve-se ressaltar que esse fato já era esperado, pois, a ordem de classificação dos genótipos, em geral, não se altera no caso de ensaios balanceados (Duarte & Vencovsky, 2001; Bernardo, 2002). Essa mesma observação foi relatada por Piepho & Mohring (2006) em que os autores identificaram correlação entre os resultados das análises com BLUP e BLUE em todos os casos variando de $r = 0,994$ a $r = 1,0$.

Por outro lado, quando se considera o BLUP ou BLUE em relação ao procedimento tradicional houve acentuada alteração na classificação (Tabela 3). É oportuno salientar que a partir da geração $S_{0.5}$ foram selecionadas dez progênies (Tabela 3). Assim seria importante verificar entre as dez identificadas pela média, quais coincidiriam por esses dois procedimentos. Constata-se que seis entre as dez seriam comuns. Veja que, a média, não levando em consideração as gerações passadas têm sua eficiência de seleção muito reduzida (Tabela 3). Em trabalho realizado por Yan & Rajcan (2003), na cultura na soja, foi predito o desempenho das cultivares para produtividade de grãos

considerando avaliação de um e vários anos adotando o BLUP. Os autores verificaram que contemplando dados de dois a quatro anos a predição foi mais eficiente. Esses relatos corroboram as evidências encontradas nesse presente trabalho de que a seleção pela média considerando apenas a geração de referência apresenta, como já comentado eficiência reduzida.

Chama atenção ainda, no ciclo de seleção A, o procedimento denominado no presente trabalho de BLUPT, ou seja, que considera todas as progênies e não só as 23 comuns. Veja que apenas oito das 23 progênies seriam mantidas. E que entre as dez melhores apenas quatro seriam também selecionadas por esse procedimento (Tabela 3).

TABELA 2. Número de progênies selecionadas na geração de referência pela média e o que coincidiria considerando análise seqüencial em BLUPT.

Ciclo de Seleção	Geração de Referência	Número de progênies selecionadas na média na geração de referência	Número de progênies identificadas no BLUPT em relação a média
A	S _{0:2} ^{1/}	119	84 (71%) ^{2/}
	S _{0:3}	62	39 (63%)
	S _{0:4}	23	9 (40%)
B	S _{0:2}	79	59 (75%)
	S _{0:3}	34	14 (41%)

^{1/} Análise do BLUPT realizado considerando da geração S_{0:1} até a referência.

^{2/} Percentagem de Coincidência em relação ao número de progênies selecionadas na geração de referência.

TABELA 3. Postos das progênies avaliadas considerando a geração de referência (média), análise com recuperação da informação para efeito aleatório envolvendo as progênies comuns nas gerações (BLUP), análise com recuperação da informação para efeito aleatório envolvendo todas as progênies em todas as gerações (BLUPT) e análise com recuperação da informação para efeito fixo (BLUE) para as 23 progênies $S_{0,5}$ avaliadas no ciclo A de Seleção Recorrente.

Progênies	Postos			
	Média	BLUE	BLUP	BLUPT
M-203-4	1	14	13	- ^{1/}
M-45-12	2	15	15	-
PL-10-10	3	7	8	-
M-55-3	4	1	1	1
M-103-5	5	22	22	-
M-39-18	6	4	4	6
M-113-6	7	18	18	-
M-55-14	8	3	3	4
M-85-1	9	8	6	-
M-38-10	10	5	7	5
PL-10-22	11	11	11	23
M-39-24	12	12	12	-
M-203-15	13	17	17	-
PL-10-16	14	19	19	-
M-45-19	15	13	14	-
M-188-4	16	23	23	-
M-119-4	17	16	16	-
M-85-11	18	9	9	14
M-45-5	19	20	20	-
M-85-17	20	6	5	9
M-119-1	21	21	21	-
M-38-1	22	10	10	-
M-215-10	23	2	2	3

^{1/} Progênie não incluída entre as 23.

Para o ciclo de seleção B, os mesmos comentários anteriores são pertinentes, ressaltando que, nesse caso, foram consideradas 34 progênies (Tabela 4). E que das 34 progênies foram selecionadas nove para as etapas

posteriores. Duas foram eliminadas, posteriormente, por outros atributos que não só a produtividade de grãos. A coincidência entre as selecionadas foi de quatro em nove, ou seja, ligeiramente inferior ao comentado para o ciclo A (Tabela 3). Quando se considera o procedimento BLUPT apenas três em nove isto é, 33%.

A maior ênfase em um programa de melhoramento deve ser direcionada na identificação da melhor ou das melhores linhagens nas avaliações finais. No caso da seleção recorrente A, foram avaliadas dez linhagens por cinco gerações (safra) totalizando 13 ambientes (Tabela 3). Ressalta-se também que os mesmos comentários em relação ao procedimento de análise, mencionados anteriormente, são válidos aqui. Se for considerada a seleção das cinco melhores linhagens para o VCU a concordância foi de quatro em cinco, ou seja, 80%. Observe que mesmo considerando apenas as dez progênies e que na média, nesse caso, são contemplados todos os 13 ambientes, a coincidência com o BLUP e BLUE foi maior, porém mesmo assim ocorreu perda de eficiência (Tabela 5).

Quando se considera o BLUPT a coincidência foi de duas entre as cinco melhores. É preciso enfatizar, contudo, que as progênies M-55-14 e M-55-3 classificadas na média como segunda e terceira colocadas estariam contempladas em todos os procedimentos (Tabela 5).

A classificação obtida na análise referente as sete progênies avaliadas nas gerações $S_{0.5}$ a $S_{0.8}$, em 11 ambientes, no ciclo B de seleção recorrente, estão apresentados na tabela 4. Embora o número de progênies avaliadas fosse menor, os mesmos comentários realizados anteriormente são válidos aqui. Novamente, chama atenção que as duas melhores progênies seriam comuns a todos os procedimentos.

TABELA 4. Postos das progênies avaliadas considerando a geração de referência (média), análise com recuperação da informação para efeito aleatório envolvendo as progênies comuns nas gerações (BLUP), análise com recuperação da informação para efeito aleatório envolvendo todas as progênies em todas as gerações (BLUPT) e análise com recuperação da informação para efeito fixo (BLUE) para as 34 progênies $S_{0,4}$ avaliadas no ciclo B de Seleção Recorrente.

Progênies	Postos			
	Média	BLUE	BLUP	BLUPT
4X-102	1	11	11	23
9X-168	2	12	10	22
17X-268	3	5	4	4
6X-202	4	13	14	31
21X-256	5	25	25	-
36X-217	6	2	2	2
3X-312	7	17	13	29
29X-359	8	1	1	1
18X-305	9	6	8	-
14X-127	10	23	24	-
13X-21	11	19	3	8
11X-193	12	3	6	7
16X-37	13	7	5	6
OP-NS-331X-339	14	14	19	-
OP-NS-331X-329	15	10	12	26
9X-162	16	22	21	-
18X-292	17	15	18	-
21X-243	18	24	20	-
10X-81	19	20	17	-
3X-306	20	4	7	-
OP-NS-331X-325	21	16	16	-
13X-34	22	8	9	15
36X-212	23	29	29	-
21X-260	24	21	23	-
10X-72	25	26	27	-
7X-108	26	28	28	-
MAI-2-5-1	27	18	22	-
10X-85	28	9	15	-
17X-267	29	27	26	-
MAI-2-5-12	30	33	33	-
9X-175	31	32	30	-
17X-273	32	30	32	-
4X-88	33	31	31	-
7X-120	34	34	34	-

TABELA 5. Postos das progênies avaliadas considerando a geração de referência (média), análise com recuperação da informação para efeito aleatório envolvendo as progênies comuns nas gerações (BLUP), análise com recuperação da informação para efeito aleatório envolvendo todas as progênies em todas as gerações (BLUPT) e análise com recuperação da informação para efeito fixo (BLUE) para as dez progênies avaliadas nos ensaios elite, oriundas do ciclo A de Seleção Recorrente.

Progênies	Postos			
	Média	BLUE	BLUP	BLUPT
M-85-17	1	5	5	9
M-55-14	2	3	3	4
M-55-3	3	1	1	1
M-39-18	4	6	6	6
M-85-1	5	4	4	-
M-215-10	6	2	2	3
M-119-4	7	9	9	-
M-85-11	8	7	7	-
M-39-24	9	8	8	-
M-45-5	10	10	10	-

TABELA 6. Postos das progênies avaliadas considerando a geração de referência (média), análise com recuperação da informação para efeito aleatório envolvendo as progênies comuns nas gerações (BLUP), análise com recuperação da informação para efeito aleatório envolvendo todas as progênies em todas as gerações (BLUPT) e análise com recuperação da informação para efeito fixo (BLUE) para as sete progênies avaliadas nos ensaios elite, oriundas do ciclo B de Seleção Recorrente.

Progênies	Postos			
	Média	BLUE	BLUP	BLUPT
29X-359	1	2	2	1
36X-217	2	1	1	2
4X-102	3	5	5	-
17X-268	4	3	3	4
9X-168	5	4	4	-
3X-312	6	6	7	-
18X-305	7	7	6	-

Depreende-se que a análise realizada tradicionalmente considerando apenas a média reduz a eficiência. Essa perda é mais acentuada nas gerações iniciais até $S_{0.5}$, pois não se considera a interação progênies x safras. Nas gerações mais avançadas isto é, $S_{0.6}$ até $S_{0.8}$ ou $S_{0.10}$ quando o número de progênies é menor e as análises têm como referência todas as essas gerações avaliadas a perda de eficiência é menor.

É oportuno salientar que o método *bulk* dentro de progênies F_2 , como preconizado originalmente, propunha a avaliação apenas visualmente das progênies nas primeiras gerações (Frey, 1954). Contudo, há inúmeros relatos de que a seleção visual, mesmo considerando a progênie como um todo é de baixa

eficiência (Cutrim et al., 1997; Silva et al., 1994). Assim, a condução de experimentos com repetições desde a geração $F_{2:3}$ aumenta a eficiência do método (Ramalho et al., 2001). Por esse trabalho, ficou evidenciado que a acurácia na seleção das progênies pode ser incrementada utilizando a análise seqüencial por meio do procedimento BLUP.

O emprego de qualquer procedimento de análise estatística, com as facilidades computacionais existentes atualmente, não acarreta nenhum ônus adicional. Assim é aconselhável que no futuro, nos programas de seleção recorrente, seja utilizada a análise seqüencial, pois proporciona maior acurácia seletiva como preconizado por Resende (2002).

4 CONCLUSÕES

A análise tradicional considerando apenas a geração de referência apresenta eficiência reduzida, sobretudo em gerações iniciais.

A adoção da análise seqüencial pelo procedimento BLUP propicia maior acurácia seletiva.

5 REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- AMARO, G. B.; ABREU, Â. de F. B.; RAMALHO, M. A. P.; SILVA, F. B. 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, 2007.
- BERNARDO, R. **Breeding for quantitative traits in plants**. Woodbury, Minnesota: Stemma, 2002. 368 p.
- BRASIL. Ministério da Agricultura e do Abastecimento. Lei n. 9456, 25 de abril de 1997. Institui a Lei de Proteção de Cultivares, e dá outras providências. **Diário oficial [da] República Federativa do Brasil**, Brasília, 25 de abril 1997. Disponível em: <<http://www.agricultura.gov.br>>. Acesso em: 20 jan. 2008.
- CUTRIM, V. A.; RAMALHO, M. A. P.; CARVALHO, A. M. Eficiência da seleção visual na produtividade de grãos de arroz (*Oryza sativa* L.) irrigado. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 32, n. 6, p. 601-606, 1997.
- DUARTE, J. B.; VENCOVSKY, R. Estimação por modelo linear misto com ênfase na ordenação de médias de tratamentos genéticos. **Scientia Agrícola**, Piracicaba, v. 58, n. 1, p. 109-117, jan./mar. 2001.
- FREY, K. J. The use of F₂ lines in predicting the performance of F₃ selections in two barley crosses. **Agronomy Journal**, Madison, v. 46, n. 3, p. 541-544, 1954.
- FURTINI, I. V.; RAMALHO, M. A. P.; ABREU, Â. de F. B.; FURTINI NETO, A. E. Resposta diferencial de linhagens de feijoeiro ao nitrogênio. **Ciência Rural**, Santa Maria, v. 36, n. 4, p. 1696-1700, 2006.
- HENDERSON, C. R. Best linear unbiased estimation and prediction under a selection model. **Biometrics**, Berlin, v. 31, n. 3, p. 423-447, 1975.
- MATOS, J. W.; RAMALHO, M. A. P.; ABREU, A. F. B. Trinta e dois anos do programa de melhoramento genético do feijoeiro comum em Minas Gerais. **Ciência e Agrotecnologia**, Lavras, v. 31, n. 6, p. 1749-1754, 2007.
- MORETO, A. L.; RAMALHO, M. A. P.; ABREU, A. F. B. Estimação dos componentes da variância fenotípica em feijoeiro utilizando o método genealógico. **Ciência e Agrotecnologia**, Lavras, v. 31, n. 4, p. 1035-1042, 2007.

PIEPHO, H.; MOHRING, J. Selection in cultivar – is it ignorable? **Crop Science**, Madison, v. 46, n. 3, p. 192-201, 2006.

RAMALHO, M. A. P.; ABREU, A. F. B.; SANTOS, J. B. dos. Genetic progress after four cycles of recurrent selection for yield and grain traits in common bean. **Euphytica**, Wageningen, v. 144, n. 5, p. 23-29, 2005.

RAMALHO, M. A. P.; ABREU, A. B. F.; SANTOS, J. B. Melhoramento de espécies autógamas. In: NASS, L. L.; VALOIS, A. C. C.; MELO, I. S.; INGLIS, M. C. V. (Org.). **Recursos genéticos & melhoramento de plantas**. Rondonópolis: Fundação M.T., 2001. v. 1, p. 201-230.

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

SAS INSTITUTE. **SAS/STAT User's guide**: version 8. Cary, 2000.

SILVA, H. D.; RAMALHO, M. A. P.; ABREU, A. F. B.; MARTINS, L. A. Efeito da seleção visual para produtividade de grãos em populações segregantes do feijoeiro. **Ciência e Prática**, Lavras, v. 18, n. 2, p. 181-185, 1994.

SOUZA JÚNIOR, C. L.; GARCIA, A. A. F. Índice para a seleção precoce em espécies de propagação assexuada. In: CONGRESSO NACIONAL DE GENÉTICA, 42., 1996, Caxambu. **Anais...** Ribeirão Preto: Sociedade Brasileira de Genética, 1996. p. 78-96.

SOUZA JÚNIOR, C. L. **Melhoramento de espécies de reprodução vegetativa**. Piracicaba: ESALQ/Departamento de Genética, 1995. 41 p.

YAN, W.; RAJCAN, I. Prediction of cultivar performance base on single – versus multiple – year tests in soybean. **Crop Science**, Madison, v. 43, n. 3, p. 549-555, 2003.

CAPÍTULO 3

EMPREGO DE MODELOS MISTOS NO ESTUDO DA INTERAÇÃO PROGÊNIES X GERAÇÕES EM PROGRAMA DE SELEÇÃO RECORRENTE

RESUMO

BRUZI, Adriano Teodoro. Emprego de modelos mistos no estudo da interação progênes x gerações em programa de seleção recorrente. In: _____. **Aplicações da análise de modelos mistos em programa de seleção recorrente do feijoeiro comum**. 2008. Cap. 3, p. 53-71. Tese (Doutorado Genética e Melhoramento de Plantas) – Universidade Federal de Lavras, Lavras. *

A existência de interação genótipos x ambientes exige que no processo seletivo as progênes/linhagens sejam avaliadas no maior número de ambientes (locais e safras) possíveis. Esse fato é particularmente importante em um programa de seleção recorrente. Ao longo das gerações de avaliação apenas as progênes com melhor desempenho são avançadas, e conseqüentemente tem-se uma situação de desbalanceamento dos dados. Em função disso o objetivo do presente trabalho foi utilizar o método de modelos mistos *BLUP* para verificar a influência da interação progênes x safras na avaliação de progênes em programas de seleção recorrente. Foram utilizados experimentos de avaliação de progênes, do programa de seleção recorrente, ciclo VI, conduzidos em 22 ambientes (safras em locais) no período de 2003 a 2006 na região Sul e Alto Paranaíba do estado de Minas Gerais. Foram avaliados diferentes números de progênes, da geração $S_{0:1}$ até $S_{0:10}$. Para realização das análises da produtividade de grãos adotou-se a análise de modelos mistos *BLUP* considerando dois procedimentos: a) 23 progênes comuns nas gerações $S_{0:1}$ a $S_{0:5}$ em nove ambientes; b) 10 progênes comuns nas gerações $S_{0:1}$ a $S_{0:10}$ em 22 ambientes. Foi obtido o melhor preditor linear não viesado (*BLUP*) para o efeito genotípico (g_i) bem como para a interação progênes x safras (ga_{it}). De posse das predições determinou-se as médias estimadas para o desempenho das progênes por ambientes e aplicou-se o método gráfico para identificar as progênes mais estáveis. Em função dos resultados pode-se inferir que em programas de seleção recorrente, no qual existe desbalanceamento dos dados, o emprego do método de modelos mistos para estimativa da contribuição para a interação progênes x safras associada ao método gráfico auxilia no processo decisório visando a seleção das progênes que serão avançadas.

* Orientador: Magno Antonio Patto Ramalho. Universidade Federal de Lavras (UFLA).

ABSTRACT

BRUZI, Adriano Teodoro. Mixed Models to study progenies x generation interaction in recurrent selection program. In: _____. **Mixed models applications in recurrent selection program of common bean**. 2008. Chap. 3, p. 53-71. Thesis (Doctoral Plant Genetics and Breeding) – Federal University of Lavras, Lavras.*

Genotypes x environments interaction requires that in the selection process progenies/lines should be evaluated in the largest number of environments (locations and seasons) possible. This fact is particularly important in recurrent selection program. As the generations go on only progenies with the best performances will be advanced and consequently an unbalanced data situation is originated. The purpose of this work was to use the mixed model method (BLUP) to verify the influence of progenies x seasons interaction in progenies evaluation in a recurrent selection program. Progenies evaluation experiments from cycle VI of a recurrent selection program, , were carried out in 22 environments (locations and seasons) from 2003 to 2006 in the South and Alto Paranaíba regions in Minas Gerais state, Brazil. Different progenies numbers were evaluated, from generations $S_{0:1}$ up to $S_{0:10}$. Grain yield analysis adopted mixed models (BLUP) considering two procedures: a) 23 common progenies in generations $S_{0:1}$ to $S_{0:5}$ in nine environments; b) 10 common progenies in generations $S_{0:1}$ to $S_{0:10}$ in 22 environments. The best linear unbiased predictor (BLUP) was obtained for the genotypic effect (g_i), as well as, for the progenies x seasons interactions (ga_{ij}). From these predictions we estimated the means for progenies performances in each environment and applied the graphic method to identify the more stable progenies. The results showed that recurrent selection programs, in which there is unbalanced data, the mixed model to estimate the contribution of progenies x seasons interaction associated with the graphic method help to select progenies that should be advanced.

* Guidance Committee: Magno Antonio Patto Ramalho. Federal University of Lavras (UFLA).

1 INTRODUÇÃO

A existência de interação genótipos x ambientes exige que no processo seletivo as progênies/linhagens sejam avaliadas no maior número de ambientes (locais e safras) possíveis. Esse fato é particularmente importante em um programa de seleção recorrente. No caso de plantas autógamas, na seleção recorrente, normalmente, são avaliadas progênies $S_{0:1}$ e $S_{0:2}$ para identificar as que serão inter cruzadas (Ramalho et al., 2001). Porém, o processo de avaliação continua até a obtenção de linhagens ($S_{0:6}$, $S_{0:7}$).

Nesse contexto, tem-se uma situação de desbalanceamento nos dados, pois, somente as melhores são avançadas para etapas posteriores, bem como o número de locais e repetição utilizado na avaliação das gerações, normalmente, são distintos. Numa situação como esta a estimativa da contribuição para a interação e, bem como a identificação das progênies com menor contribuição para a interação, utilizando o método dos quadrados mínimos, é dificultada. Uma opção que tem sido pouco explorada é a utilização da análise de modelos mistos (Henderson, 1975).

O emprego da análise de modelos mistos no estudo da interação tem sido preconizada em algumas situações (Resende & Thompson, 2004; Piepho et al., 2008). Contudo, no caso de seu emprego nas avaliações das progênies em programas de seleção recorrente com a cultura do feijoeiro, não foi encontrado nenhum relato. Do exposto, o objetivo desse trabalho foi de utilizar o método de modelos mistos *BLUP* para estudar a interação progênies x safras (anos agrícolas) na avaliação de progênies em programas de seleção recorrente para produtividade de grãos do feijoeiro.

2 MATERIAL E MÉTODOS

Foram utilizados experimentos de avaliação de progênies, do ciclo VI do programa de seleção recorrente, conduzido na Universidade Federal de Lavras (UFLA) desde 1990 (Ramalho et al., 2005). O método de condução sempre foi o *bulk* dentro de progênies F₂. Os detalhes experimentais das diferentes gerações avaliadas são apresentados na tabela 1. Foram considerados alguns caracteres, porém a seleção sempre foi realizada em função da produtividade de grãos (kg/ha) e em algumas situações adicionalmente o tipo de grãos.

Os experimentos foram conduzidos em Lavras-MG na área experimental do Departamento de Biologia situada a 21° 14' S de latitude, 44° 59' W de longitude e 919 m de altitude; em Lambari-MG situada a 21° 58' S de latitude, 45° 21' W de longitude e 887 m de altitude; em Patos de Minas-MG situada a 18° 34' S de latitude, 46° 31' W de longitude e 832 m de altitude e em Ijaci-MG localizada a 21°10' S de latitude, 44°75' W de longitude e 830 m de altitude. Em todos os experimentos utilizaram-se duas cultivares como testemunhas comuns.

TABELA 1. Número de progênies avaliadas em cada geração do programa de seleção recorrente com as épocas e locais de semeadura.

Ambientes	Época de semeadura	Local	Gerações	Número de progênies avaliadas
1	Fev./2003	Lavras	S _{0:1}	322
2	Jul./2003	Lavras	S _{0:2}	254
3	Jul./2003	Lambari	S _{0:2}	254
4	Nov./2003	Lavras	S _{0:3}	119
5	Nov./2003	Patos de Minas	S _{0:3}	119
6	Fev./2004	Lavras	S _{0:4}	62
7	Fev./2004	Lambari	S _{0:4}	62
8	Fev./2004	Patos de Minas	S _{0:4}	62
9	Jul./2004	Lavras	S _{0:5}	23
10	Nov./2004	Lavras	S _{0:6}	10
11	Nov./2004	Patos de Minas	S _{0:6}	10
12	Fev./2005	Lavras	S _{0:7}	10
13	Fev./2005	Lambari	S _{0:7}	10
14	Fev./2005	Patos de Minas	S _{0:7}	10
15	Jul./2005	Lavras	S _{0:8}	10
16	Jul./2005	Patos de Minas	S _{0:8}	10
17	Nov./ 2005	Lavras	S _{0:9}	10
18	Nov./2005	Ijaci	S _{0:9}	10
19	Nov./2005	Lambari	S _{0:9}	10
20	Fev./2006	Lavras	S _{0:10}	10
21	Fev./2006	Lambari	S _{0:10}	10
22	Fev./2006	Patos de Minas	S _{0:10}	10

Foi realizada a análise no *PROC Mixed* do SAS (SAS Institute, 2000) considerando avaliação das 23 progênie comuns nas gerações $S_{0:1}$ a $S_{0:5}$, inicialmente por ambiente, adotando o modelo $Y_{ijk} = \mu + t_i + r_j + b_{k(j)} + e_{ijk}$ em que, Y_{ijk} : observação referente a progênie i , na repetição j , no bloco k ; μ : constante geral; t_i : efeito aleatório da progênie i ; r_j : efeito fixo da repetição j ; $b_{k(j)}$: efeito aleatório do bloco k dentro da repetição j ; e_{ijk} : erro experimental aleatório $e_{ijk} \cap N(0, \sigma^2)$.

Posteriormente, procedeu-se a análise conjunta também no *PROC Mixed* do SAS (SAS Institute, 2000), envolvendo os nove ambientes de avaliações, considerando o modelo $Y_{ijkl} = \mu + t_i + r_{j(l)} + b_{k(jl)} + a_l + (ta)_{il} + e_{ijkl}$ em que, Y_{ijkl} : observação referente a progênie i , na repetição j , no bloco k , no ambiente l ; μ : constante geral; t_i : efeito aleatório da progênie i ; $r_{j(l)}$: efeito fixo da repetição j dentro do ambiente l ; $b_{k(jl)}$: efeito aleatório bloco k dentro da repetição j no ambiente l ; a_l : efeito aleatório do ambiente l ; $(ta)_{il}$: efeito aleatório da interação progênie x ambientes; e_{ijkl} : erro experimental aleatório $e_{ijkl} \cap N(0, \sigma^2)$. O mesmos procedimentos de análise mencionados anteriormente foram realizados considerando as 10 progênie comuns nas gerações $S_{0:1}$ a $S_{0:10}$ nos 22 ambientes. Foi obtido o melhor preditor linear não viesado (*BLUP*) para o efeito genotípico (g_i) bem como para a interação progênie x safras (ga_{il}) (Resende, 2002).

De posse dos *BLUP's* procedeu-se o estudo da interação progênie x safras (anos agrícolas). Primeiramente, considerou-se a soma de quadrados da contribuição para a interação para o efeito de progênie e também por ambiente, obtendo assim o postos para a interação GE.

Foram obtidas as médias estimadas para o desempenho das progênes por ambientes utilizando o modelo $\hat{Y}_{il} = \mu + g_i + a_l + ga_{il}$ em que, \hat{Y}_{il} : média estimada da progênie i no ambiente l ; μ : média geral; g_i : efeito genotípico da progênie i obtido na análise de modelos mistos; a_l : efeito do ambiente l , diferença da média do ambiente em relação a média geral; ga_{il} : efeito da interação progênes x ambientes, obtido na análise de modelos mistos. A partir dos valores médios da produtividade de grãos (Kg.ha^{-1}) foi realizado o estudo de estabilidade e adaptabilidade utilizando-se o método *gráfico* (Nunes et al., 2005), com o aporte do programa SAS (SAS Institute, 2000).

Para aplicação do método gráfico, em cada experimento as médias das progênes foram padronizadas por meio da expressão:

$$z_{il} = \frac{\bar{\hat{Y}}_{il} - \bar{\hat{Y}}_{.l}}{s_{.l}}$$

em que:

z_{il} : valor da variável padronizada correspondente a progênie i no ambiente l ;

$\bar{\hat{Y}}_{il}$: média estimada da progênie i no ambiente l ;

$\bar{\hat{Y}}_{.l}$: média do ambiente l ;

$s_{.l}$: desvio padrão fenotípico entre as progênes no ambiente l .

Como a variável padronizada assume valores positivos e negativos, para facilitar a visualização gráfica foi somada uma constante de modo a tornar os valores de z_{il} sempre positivos. A média dos z_{il} para a linhagem i nos ambientes considerados fornece a medida da adaptação da progênie i . O coeficiente de variação dos z_{il} para a progênie i nos diferentes ambientes (CV_{il}) fornece uma medida da estabilidade da progênie i .

As estimativas de z_{il} foram submetidas à análise de variância e os valores médios obtidos de \bar{Z}_i foram agrupados pelo teste de Scott & Knott (1974). Para comparação dos CV_{il} foram estimados os intervalos de confiança utilizando a expressão sugerida por McKay Modificada (Vangem, 1996). Utilizando-se os valores padronizados (Z_{il}) foram construídos gráficos para cada progênie i , sendo as dimensões dos eixos (experimentos) equivalentes aos valores de Z_{il} da progênie i no ambiente l .

3 RESULTADOS E DISCUSSÃO

Considerando que a interação progênies x ambientes, especialmente progênies x épocas de semeadura é muito acentuada no feijoeiro (Ramalho et al., 1998; Matos et al., 2007) é importante que na escolha das progênies a serem selecionadas, a sua estabilidade e adaptabilidade durante o processo seletivo, sejam consideradas. Contudo, os experimentos são desbalanceados, isto é, são avaliados diferentes números de progênies ao longo das gerações (Tabela 1). A opção de se estimar a interação utilizando todas as progênies avaliadas é por meio do método BLUP (Resende, 2002). Esse procedimento foi utilizado no presente trabalho.

A contribuição para a interação é mostrada na Tabela 2. Observa-se que ocorreu, como era esperada, variação entre os ambientes no que se refere à sua participação na interação. Por exemplo, na semeadura de fevereiro de 2005 em Patos de Minas, a contribuição foi de apenas 1,41% do total da interação. No outro extremo, semeadura em julho de 2003, em Lavras, a contribuição foi muito superior, 14,73%. Observa-se que quando se considera uma mesma safra a contribuição do local para a interação é semelhante. Compare, por exemplo, os valores obtidos nos experimentos realizados em fevereiro de 2005 nos três locais. A contribuição foi de 1,41% em Patos de Minas, 1,68% em Lambari e 2,57% em Lavras. O mesmo fato pode ser constatado em outras épocas de semeadura. Infere-se que a interação progênies x épocas de semeadura é mais expressiva que progênies x locais. Esse fato já foi comprovado com a cultura do feijoeiro em outros experimentos conduzidos na região (Ramalho et al., 1998; Matos et al., 2007).

Essa última informação realça a importância da avaliação da estabilidade em programas de seleção recorrente. Isto porque as progênies são

avaliadas por várias gerações, épocas de semeadura, possibilitando, portanto, estimar a contribuição de cada uma para a interação, sobretudo, por época de semeadura. A decisão de quais progênes serão avaliadas na etapa seguinte será obtida não só em função da média, mas também de sua estabilidade, ampliando a chance de se recomendar linhagens com maior estabilidade, o que, certamente irá contribuir para o sucesso da cultivar.

A estimativa da contribuição da interação para as 23 progênes avaliadas nas gerações $S_{0.1}$ a $S_{0.5}$, em nove ambientes, é mostrada na Tabela 3. Veja que a contribuição para a interação variou entre as progênes. A progênie M-45-19 contribuiu com 0,89 % para a SQ da interação total. Já a M-85-17 com 12,81 %. O que é mais significativo é verificar se essa contribuição diferencial para a interação foi transmitida para as avaliações futuras. Esse fato foi possível de ser constatado por meio das dez progênes avaliadas até a geração $S_{0.10}$ (Tabela 2). Observe que a concordância na contribuição comparando a estimativa obtida até a $S_{0.5}$ e, posteriormente, até $S_{0.10}$, foi muito boa. As três progênes, entre as dez, com menor contribuição na geração $S_{0.5}$ foram M-119-4, M-85-1 e M-85-11. Elas estiveram entre as três com menor contribuição para a interação também quando se consideraram todos os ambientes (até $S_{0.10}$). Fato semelhante pode ser constatado quando se consideram as três de maior contribuição para a interação (Tabelas 3 e 4). Em princípio é possível inferir que esse caráter seja herdável e a herdabilidade pode ser relativamente alta. Há na literatura alguns trabalhos que comprovam essa constatação (Becker & Leon, 1988; Soares & Ramalho, 1993; Corte et al., 2001; Bruzi et al., 2007).

TABELA 2. Contribuição dos diferentes ambientes para a interação e sua participação, em porcentagem, em relação ao total.

Ambientes	Semeadura	Local	SQ dos desvios da interação por Ambientes	Contribuição para a interação (%)
14	Fev. de 2005	Patos de Minas	10688,65	1,41
8	Fev. de 2004	Patos de Minas	11839,33	1,56
13	Fev. de 2005	Lambari	12765,08	1,68
7	Fev. de 2004	Lambari	13310,91	1,75
15	Julho de 2005	Lavras	19291,64	2,54
12	Fev. de 2005	Lavras	19493,61	2,57
11	Novembro de 2004	Patos de Minas	20224,50	2,66
6	Fev. de 2004	Lavras	22974,20	3,02
16	Julho de 2005	Patos de Minas	26252,96	3,46
9	Julho de 2004	Lavras	26554,78	3,49
10	Novembro de 2004	Lavras	29308,52	3,86
3	Julho de 2003	Lambari	30301,11	3,99
22	Fev. de 2006	Patos de Minas	31413,46	4,13
20	Fev. de 2006	Lavras	33443,12	4,40
21	Fev. de 2006	Lambari	34595,79	4,55
5	Novembro de 2003	Patos de Minas	37093,64	4,88
4	Novembro de 2003	Lavras	42270,42	5,56
1	Fev. de 2003	Lavras	44886,01	5,91
19	Novembro de 2005	Lambari	44984,86	5,92
17	Novembro de 2005	Lavras	62072,57	8,17
18	Novembro de 2005	Ijaci	74121,01	9,75
2	Julho de 2003	Lavras	111948,11	14,73
Total			759834,27	100,00

TABELA 3. Contribuição das diferentes progênes para a interação, sua participação em porcentagem em relação ao total e postos em relação à produtividade média de grãos considerando avaliação das 23 progênes do programa de seleção recorrente, em nove ambientes.

Progênes	SQ dos desvios da interação Progênes x Ambientes	Contribuição para a interação (%)	Postos das médias
M-45-19	8936,50	0,89	14
PL-10-22	10227,91	1,02	11
M-119-4*	17060,76	1,70	16
M-203-15	20418,84	2,04	17
M-85-1*	20844,30	2,08	6
M-119-1	24714,96	2,47	21
M-188-4	24809,96	2,48	23
M-45-12	30189,31	3,02	15
PL-10-16	30557,61	3,05	19
M-85-11*	30716,08	3,07	9
M-39-24*	30804,83	3,08	12
M-55-14*	32566,07	3,25	3
M-103-5	32753,75	3,27	22
PL-10-10	33347,76	3,33	8
M-39-18*	33837,76	3,38	4
M-45-5*	36199,73	3,62	20
M-113-6	43824,77	4,38	18
M-38-10	53682,38	5,36	7
M-38-1	60415,04	6,04	10
M-203-4	61099,82	6,10	13
M-55-3*	114294,13	11,42	1
M-215-10*	121412,77	12,13	2
M-85-17*	128186,30	12,81	5
	1000901,34	100,00	

* Progênes Selecionadas para serem avaliadas nos experimentos de Linhagens Elite.

A correlação de Spearman (r_{ij}) entre a contribuição para a interação e a produtividade média de grãos foi negativa (-0,45, considerando as 23 progênes e -0,27, considerando as 10). Essa ocorrência de correlação negativa pode ser visualizada nas Tabelas 3 e 4. Observe que as duas progênes com maior média, avaliadas nos nove ambientes estiveram entre as que mais contribuíram para a interação. Essa estabilidade que é avaliada pela contribuição para a interação é denominada por Lin et al. (1986) como estabilidade agrônômica, isto é, a progênie acompanha a média do ambiente. Desse modo, apenas a informação da contribuição para a interação pode não ser apropriada. Ela deve ser associada a outras estimativas. Há na literatura, alguns procedimentos que podem ser empregados envolvendo o emprego da média e da estabilidade.

TABELA 4. Contribuição das diferentes progênes para a interação, sua participação em porcentagem em relação ao total e postos em relação à produtividade média de grãos considerando avaliação das 10 progênes do programa de seleção recorrente em 22 ambientes.

Progênes	SQ dos desvios da interação Progênes x Ambientes	Contribuição para a interação (%)	Postos das médias
M-85-11	36731.12	4,83	7
M-85-1*	40291.19	5,30	4
M-119-4	47451.72	6,25	9
M-55-14*	55323.43	7,28	3
M-39-24	58550.69	7,71	8
M-215-10	69576.71	9,16	2
M-45-5	73110.8	9,62	10
M-85-17*	89612.18	11,79	5
M-39-18*	114637.8	15,09	6
M-55-3*	174548.7	22,97	1
Total	759834,34	100,00	

*Linhagens Selecionadas para serem avaliadas no experimento VCU

O procedimento que foi aplicado nesse caso foi o de Nunes et al. (2005), que associa a estimativa da média padronizada e uma visualização gráfica. Na Tabela 5 estão apresentadas as estimativas de Z_i médio e o coeficiente de variação (CV_{Z_i}). Considerando, por exemplo, a avaliação das dez progênies nos 22 ambientes, verifica-se que a linhagem mais adaptada, maior estimativa de Z_i , seria a M-55-3, o que, evidentemente, está de acordo com a classificação desta linhagem em função do seu desempenho médio apresentado na Tabela 4. O mais importante na Tabela 5 é a estimativa do CV_{Z_i} , que é uma medida da estabilidade agronômica da linhagem. Novamente ocorreu uma boa concordância entre a estimativa da contribuição desta progênie para a interação e o CV. Contudo, quando se avalia o gráfico fica evidente o motivo dela ter apresentado menor estabilidade. Veja que em 14 ambientes o seu desempenho foi acima da média. Já a progênie M-85-11, com menor contribuição para a interação e também menor CV em seis dos ambientes, só foi estável porque na maioria dos ambientes ela esteve em torno da média (Figura 1).

Em uma situação como essa o emprego dos modelos mistos possibilita a estimativa da contribuição para a interação das progênies em experimentos desbalanceados. Essa informação associada ao método gráfico facilita o processo decisório dos melhoristas com relação às progênies que deverão ter continuidade nas demais etapas do programa.

TABELA 5. Estimativas das médias padronizadas (Z_i) e dos coeficientes de variação (CV_{Z_i}) pelo método gráfico (Nunes et al., 2005) das 10 progênies do programa de seleção recorrente em 22 ambientes.

Progênies	Z_i	CV_{Z_i}
M-55-3	3,47a ^{1/}	34,85(29,26; 43,20) ^{2/}
M-215-10	3,35a	25,92(21,92; 31,75)
M-85-1	3,18a	24,00(20,32; 29,33)
M-55-14	3,15a	26,27(22,21; 32,19)
M-39-18	3,11a	39,98(33,40; 50,0)
M-85-11	3,06a	23,69(20,06; 28,94)
M-85-17	3,00b	32,60(27,42; 40,28)
M-39-24	2,76b	30,26(25,51; 37,26)
M-45-5	2,53b	32,42(27,28; 40,04)
M-119-4	2,39c	27,15(22,94; 33,30)

^{1/}Médias seguidas pela mesma letra pertencem ao mesmo grupo pelo teste Scott & Knott (1974) ao nível de 5% de probabilidade.

^{2/} Limite inferior e superior da estimativa com 5% de probabilidade.

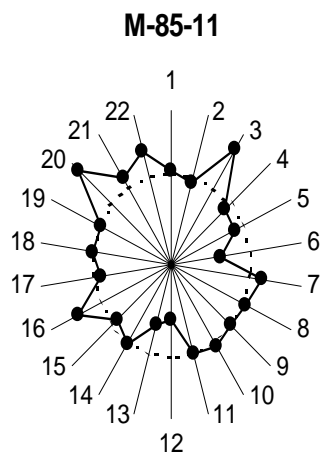
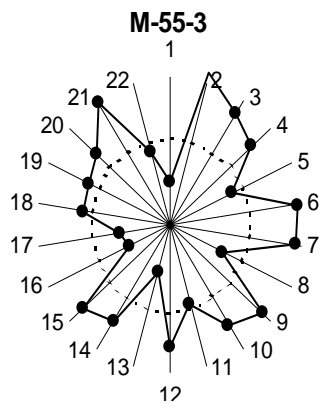


FIGURA 1. Desempenho médio das progênies M-55-3 e M-85-11 nos 22 ambientes avaliados.

4 CONCLUSÃO

A análise de modelos mistos (BLUP) para determinar a contribuição para a interação progênes x anos agrícolas associada ao método gráfico, em programas de seleção recorrente, auxilia no processo decisório dos melhoristas visando à seleção de progênes que serão avançadas.

5 REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

BECKER, H. C.; LÉON, J. Stability analysis in plant breeding. **Plant Breeding**, Berlin, v. 101, n. 1, p. 1-23, Apr. 1988.

BRUZI, A. T.; RAMALHO, M. A. P.; ABREU, A. F. B.; FERREIRA, D. F.; SENA, M. R. Homeostasis in bean population with different genetics structure. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, Viçosa, MG, v. 4, n. 2, p. 111-117, 2007.

CORTE, H. R.; RAMALHO, M. A. P.; ABREU, A. F. B. Estabilidade de populações segregantes e respectivos genitores. **Ciência e Agrotecnologia**, Lavras, v. 4, p. 900-908, 2001.

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

LIN, C. S.; BINNS, M. R.; LEFROVITCH, L. P. Stability analysis: where do we stand? **Crop Science**, Madison, v. 5, p. 894-899, Apr. 1986.

MATOS, J. W.; RAMALHO, M. A. P.; ABREU, A. F. B. Trinta e dois anos do programa de melhoramento genético do feijoeiro comum em Minas Gerais. **Ciência e Agrotecnologia**, Lavras, v. 31, n. 6, p. 1749-1754, 2007.

NUNES, J. A. R.; RAMALHO, M. A. P.; ABREU, A. F. B. Grafical method in studies of adaptability and atability of cultivars. **Annual report for bean improvement cooperative**, New York, v. 48, n. 1, p. 182-183, 2005.

PIEPHO, H. P.; MOHRING, J.; MELCHINGER, A. E. BLUP for phenotypic selection in plant breeding and variety testing. **Euphytica**, Wageningen, v. 161, n. 3, p. 209-228, July 2008.

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

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

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

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

RESENDE, M. D. V.; THOMPSON, R. Factor analytic multiplicative mixed models in the analysis of multiple experiments. **Revista de Matemática e Estatística**, São Paulo, v. 22, n. 2, p. 31-52, 2004.

SAS INSTITUTE. **SAS/STAT User's guide**: version 8. Cary, 2000.

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

SOARES, A. A.; RAMALHO, M. A. P. Repetibilidade do rendimento de grãos e dos parâmetros de estabilidade na cultura do arroz. **Ciência e Prática**, Lavras, v. 1, p. 64-70, 1993.

VANGEM, M. G. Confidence interval for a normal coefficient of variation. **The American Statistician**, Washington, v. 50, n. 1, p. 21-26, 1996.