



MATHEUS HENRIQUE SILVEIRA MENDES

**POTENCIAL DE CRUZAMENTOS
SIMPLES E DUPLOS NA SELEÇÃO PARA
MÚLTIPLOS CARACTERES NO FEIJOEIRO**

LAVRAS-MG

2015

MATHEUS HENRIQUE SILVEIRA MENDES

**POTENCIAL DE CRUZAMENTOS SIMPLES E DUPLOS NA
SELEÇÃO PARA MÚLTIPLOS CARACTERES NO FEIJOEIRO**

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.

Orientadora

Dra. Ângela de Fátima Barbosa Abreu

Co-orientador

Dr. Magno Antônio Patto Ramalho

**LAVRAS-MG
2015**

Ficha catalográfica elaborada pelo Sistema de Geração de Ficha Catalográfica da Biblioteca
Universitária da UFLA, com dados informados pelo(a) próprio(a) autor(a).

Mendes, Matheus Henrique Silveira.

Potencial de cruzamentos simples e duplos na seleção para múltiplos caracteres no feijoeiro / Matheus Henrique Silveira Mendes. – Lavras : UFLA, 2015.

96 p.

Tese(doutorado)–Universidade Federal de Lavras, 2015.

Orientador(a): Ângela de Fátima Barbosa Abreu.

Bibliografia.

1. *Phaseolus vulgaris*. 2. Índice Z. 3. Produtividade de grãos. 4. Arquitetura de plantas. 5. Tipo de grão. I. Universidade Federal de Lavras. II. Título.

MATHEUS HENRIQUE SILVEIRA MENDES

**POTENCIAL DE CRUZAMENTOS SIMPLES E DUPLOS NA SELEÇÃO
PARA MÚLTIPLOS CARACTERES NO FEIJOEIRO**

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 13 de julho de 2015.

Dra. Ângela de Fátima Barbosa Abreu - EMBRAPA

Dr. Magno Antônio Patto Ramalho - UFLA

Dr. Helton Santos Pereira - EMBRAPA

Dra. Elaine Aparecida de Souza - UFLA

Dr. Adriano Teodoro Bruzi – UFLA

Orientadora

Dra. Ângela de Fátima Barbosa Abreu

Co-orientador

Dr. Magno Antônio Patto Ramalho

LAVRAS-MG

2015

À Deus e à minha família!

DEDICO

AGRADECIMENTOS

Primeiramente a Deus, por iluminar meu caminho.

À minha família, principalmente meu pai (Jaime), minha mãe (Ana) e meu irmão (Marco), por me apoiarem em todos os momentos.

À Universidade Federal de Lavras e ao Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento de Plantas, pela oportunidade de realização do doutorado.

Aos integrantes do grupo de pesquisa em feijão pela ajuda na condução dos experimentos.

Aos colegas de doutorado pelas inesquecíveis horas de estudo e pela grande amizade construída.

Aos professores da Pós-graduação em Genética e Melhoramento de Plantas, incansáveis ao repassar todo o seu conhecimento.

À minha orientadora, Dra. Ângela de Fátima Barbosa Abreu, pela orientação e atenção em todas as etapas do doutorado.

Ao professor Dr. Magno Antônio Patto Ramalho, pela co-orientação e pelos conhecimentos transmitidos.

À Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES), pela concessão da bolsa de estudos, tornando possível a realização deste trabalho.

À Empresa de Pesquisa Agropecuária de Minas Gerais (EPAMIG), pelo auxílio na instalação e condução dos experimentos.

Aos funcionários de campo Léo, Lindolfo e José Carlinhos, pela ajuda na condução dos experimentos de campo.

Aos demais colaboradores do programa de Pós-graduação em Genética e Melhoramento de Plantas e do Departamento de Biologia, sempre muito prestativos.

À Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES), pela concessão da bolsa de estudos durante o doutorado sanduíche.

À Dra. Leah McHale, pela orientação e pelos conhecimentos transmitidos durante o doutorado sanduíche.

Aos amigos da república, Bráulio, Marco Aurélio e Bernardo, pelo companheirismo e amizade.

Aos grandes amigos que fiz durante o período em que vivi nos Estados Unidos.

À todos que direta ou indiretamente contribuíram para a realização deste sonho!

Muito obrigado

RESUMO

Uma etapa muito importante dos programas de melhoramento de feijoeiro é a obtenção das populações segregantes. Contudo, ainda persistem algumas dúvidas sobre qual seria o melhor tipo de população a ser utilizada. Dessa forma, objetivou-se com este trabalho comparar populações segregantes oriundas de híbridos simples e duplos, com o intuito de verificar qual população gera linhagens com melhor desempenho quando é realizada seleção baseada em múltiplos caracteres simultaneamente. Como genitoras foram utilizadas seis linhagens de grão tipo carioca. Foram avaliadas progênies de seis populações, sendo quatro híbridos simples (HS) e dois híbridos duplos (HD), em seis ambientes. Foi avaliado o mesmo número de progênies de HS e HD, ou seja, 50 progênies de cada HS e 100 progênies de cada HD. Foram avaliados os seguintes caracteres: arquitetura da planta, severidade de doenças que incidiram no campo, tipo de grão e produtividade de grãos. Os dados de cada caráter foram padronizados e posteriormente foi obtido o índice baseado na soma das variáveis padronizadas ($\sum Z$). Procedeu-se as análises de variância conjuntas e foram estimados alguns parâmetros genéticos e fenotípicos. Observou-se que os híbridos simples não diferiram dos híbridos duplos com relação à média (HS=36 e HD=36), à herdabilidade (HS=69,2% e HD=68,3%) e ao ganho esperado com a seleção (HS=5,1% e HD=5,2%), assim como foi comprovada a eficiência do $\sum Z$. Portanto, não se justifica a utilização de híbridos duplos, mesmo quando a seleção é realizada para vários caracteres simultaneamente, desde que sejam escolhidos genitores que reúnam fenótipos favoráveis para as características de interesse.

Palavras-chave: *Phaseolus vulgaris*. Índice $\sum Z$. Produtividade de grãos. Arquitetura da planta. Resistência a doenças. Tipo de grão.

ABSTRACT

The choice of segregating populations is an important step in a common bean breeding program. However, there are still some questions about what would be the best kind of population to be used. The objective of this study was to compare segregating populations from single crosses and double crosses, aiming to verify which kind of population generates the best inbred lines, when the selection is done based on multiple traits simultaneously. As genitors it were used six inbred lines with “carioca” grain type. It were evaluated progenies from six populations, four single crosses (SC) and two double crosses (DC), in six environments. It was evaluated the same number of progenies of single and double crosses, 50 progenies of each SC and 100 progenies of each DC. The following traits were evaluated: plant architecture, plant disease severity in the field, grain type and grain yield. The data of each trait were standardized and then the sum of the standardized variables ($\sum Z$) index was obtained. The joint analysis of variance was done and some genetic and phenotypic parameters were estimated. It was observed that the single crosses did not differ of the double crosses regarding the mean (SC=36 and DC=36), the heritability (SC=69,2% and DC=68,3%) and the expected gain with selection (SC=5,1% and DC=5,2%), and also the efficiency of the $\sum Z$ was verified. Double crosses are not the best alternative, even when the selection is based on multiple traits simultaneously, since genitors with favorable phenotypes for the traits under selection are chosen.

Key words: *Phaseolus vulgaris*. $\sum Z$ index. Grain yield. Plant architecture. Disease resistance. Grain type.

SUMÁRIO

1. INTRODUÇÃO -----	11
2. REFERENCIAL TEÓRICO -----	12
2.1. Principais características consideradas no melhoramento do feijoeiro	12
2.1.1. Cor do tegumento -----	12
2.1.2. Arquitetura da planta -----	14
2.1.3. Resistência a doenças -----	15
2.1.4. Produtividade de grãos -----	18
2.2. Melhoramento por hibridação na cultura do feijoeiro -----	19
2.3. Interação genótipos x ambientes -----	23
2.4. Seleção envolvendo múltiplos caracteres -----	24
3. MATERIAIS E MÉTODOS -----	26
3.1. Locais -----	26
3.2. Obtenção das populações segregantes -----	26
3.3. Obtenção e avaliação das progênies F_{4:5}, F_{4:6} e F_{4:7}. -----	28
3.4. Características avaliadas -----	29
3.5. Análises estatísticas -----	29
3.5.1. Análises individuais -----	30
3.5.2. Análise conjunta -----	31
4. RESULTADOS -----	33
5. DISCUSSÃO -----	43
6. CONCLUSÕES -----	49
REFERÊNCIAS -----	Erro! Indicador não definido.
ANEXOS -----	59

1 INTRODUÇÃO

Em um programa de melhoramento que utiliza hibridação, alguns pontos são de extrema importância na busca por maior eficiência do processo seletivo. Deve-se escolher os genitores, como realizar as hibridações e o método de condução da população segregante. Todas essas etapas têm recebido atenção dos pesquisadores há algum tempo (FOUILLOUX; BANNEROT, 1988; HALLAUER; CARENA; MIRANDA FILHO, 2010; RAMALHO et al., 2012; RAPOSO; RAMALHO; ABREU, 2000).

Contudo persistem algumas dúvidas, por exemplo, na obtenção da população segregante. Quando são utilizados cruzamentos biparentais a população resultante apresenta 50% dos alelos de cada genitor. Uma dificuldade que surge é encontrar dois genitores que se complementem com fenótipos favoráveis para os vários caracteres de interesse do melhorista. Uma alternativa seria a obtenção da população segregante a partir de um número maior de genitores. Neste caso pode-se utilizar dos cruzamentos múltiplos para alcançar este objetivo.

Já foram desenvolvidos trabalhos visando à comparação de estratégias de obtenção de populações segregantes (CARNEIRO et al., 2002; SINGH et al., 1998). Contudo, nesses trabalhos apenas a produtividade de grãos foi utilizada nas comparações. Entretanto, nos programas de melhoramento do feijoeiro é normalmente almejada a obtenção de linhagens reunindo os fenótipos favoráveis para vários caracteres de importância. Como combinar em uma linhagem, alta produtividade de grãos, qualidade dos grãos, arquitetura ereta de plantas e resistência aos principais patógenos que afetam a cultura? Como várias linhagens com boas expressões fenotípicas para vários caracteres já foram obtidas e recomendadas como cultivares pelos programas de melhoramento do feijoeiro conduzidos no Brasil (RAMALHO; ABREU, 2015), seria importante

comparar populações de cruzamentos biparentais e múltiplos envolvendo algumas dessas linhagens, com o objetivo de verificar qual é mais eficiente na obtenção de linhagens superiores, quando estão envolvidos vários caracteres no processo seletivo.

Sendo assim, objetivou-se comparar progênies oriundas de cruzamentos simples e cruzamentos duplos, a fim de verificar qual tipo de população gera linhagens com melhor desempenho, e também verificar a eficiência do índice ΣZ quando é realizada seleção baseada em múltiplos caracteres simultaneamente.

2 REFERENCIAL TEÓRICO

2.1 Principais características consideradas no melhoramento do feijoeiro

Em um programa de melhoramento do feijoeiro as principais características consideradas são: tipo de grão, porte das plantas, resistência a doenças e produtividade de grãos (ARANTES; ABREU; RAMALHO, 2010; MENDES et al., 2009; MENEZES JÚNIOR; RAMALHO; ABREU, 2008; PAULA JÚNIOR et al., 2015).

Antes de iniciar o programa de melhoramento genético é necessário obter informações a respeito do controle genético destes caracteres, para que estas possam orientar o melhorista na condução do programa. No caso do feijoeiro, já existem na literatura informações a respeito do controle genético de alguns caracteres.

2.1.1 Cor do tegumento

Para que uma nova linhagem seja utilizada pela maioria dos agricultores brasileiros é necessário que o tipo de grão atenda ao padrão comercial carioca, que é o preferido pelos consumidores no Brasil. Esse tipo de feijão é caracterizado pela cor bege clara do fundo, com listras marrom-claras e peso de 100 sementes em torno de 25 gramas.

Devido à importância deste caráter, já foram desenvolvidos trabalhos visando elucidar o seu controle genético (BASSET, 1996; BASSET; MCCLEAN, 2000; MCCLEAN et al., 2002). Porém alguns pontos ainda permanecem obscuros, devido à complexidade desse caráter, pois estão envolvidos muitos genes (BASSET, 1996; BASSET; MIKLAS, 2007). Segundo Basset (1996), doze genes controlam a cor do tegumento. Com o auxílio de marcadores moleculares, McClean et al. (2002) identificaram oito genes independentes controlando a cor do tegumento, o que pode, em parte, explicar a grande variação observada quando são cruzadas linhagens de feijão com grãos diferindo na cor. Embora não haja um acordo sobre o número de genes que controlam a cor do tegumento, uma ideia aceita é que existem genes fundamentais e/ou básicos, que são indispensáveis para expressão do fenótipo e os genes complementares, que também são necessários para que a rota metabólica se complete.

A coloração do tegumento é dependente dos vários alelos do loco *P*. Plantas que apresentam o alelo dominante *P* apresentam tegumento colorido. Aquelas que possuem os genótipos $p^{gri}p^{gri}$ ou $p^{gri}p$ apresentam tegumento acinzentado e quando possuem o genótipo recessivo *pp* apresentam tegumento branco (BASSET, 1994).

Outros genes já foram descritos, como por exemplo, o gene *T*, que define se as sementes são total ou parcialmente coloridas. O alelo recessivo do gene *T* faz com que as sementes sejam parcialmente coloridas e permite que os vários genes que controlam os padrões de coloração se expressem (BASSET;

MCCLEAN, 2000). Não foram encontrados relatos de quantos e quais genes estariam envolvidos na expressão da cor do grão tipo carioca. No entanto, pode-se deduzir que são muitos. Além disso, é importante que o grão tipo carioca mantenha por maior tempo possível a cor clara. Nesse caso, Silva et al. (2008) demonstram que, provavelmente, um gene com alelo recessivo seja responsável pelo escurecimento mais lento, mas que também podem estar envolvidos genes modificadores.

2.1.2 Arquitetura da planta

Este é um dos caracteres mais importantes, buscando-se plantas com arquitetura ereta para facilitar os tratos culturais e a colheita mecanizada, e, sobretudo para reduzir as perdas na colheita, pelo fato das vagens não tocarem o solo úmido (CUNHA; RAMALHO; ABREU, 2005; MENEZES JÚNIOR; RAMALHO; ABREU, 2008; PIRES et al., 2014).

Na classificação das cultivares quanto à arquitetura, um dos aspectos mais importantes diz respeito ao hábito de crescimento, que pode ser determinado ou indeterminado. As plantas de hábito determinado são aquelas que desenvolvem uma inflorescência no ápice da haste principal e das hastes laterais. O florescimento ocorre do ápice da planta para a base. Nas plantas de hábito de crescimento indeterminado, os meristemas apicais da haste principal e das hastes laterais continuam vegetativos durante o florescimento, de maneira que o florescimento ocorre da base para o ápice (SANTOS et al., 2015).

Devido à grande variabilidade para este caráter, as plantas têm sido classificadas em quatro tipos (SANTOS et al., 2015). O tipo I inclui os cultivares de hábito de crescimento determinado e arbustivo, principalmente porque eles possuem internódios curtos, e em menor número. O tipo II apresenta plantas com maior número de internódios, geralmente em torno de 12 nós na

haste principal e guia curta. As plantas do tipo III são prostradas ou semitrepadoras e apresentam guia longa. As plantas do tipo IV apresentam grande capacidade trepadora. A haste principal possui de 20 a 30 nós, e pode alcançar mais de dois metros de comprimento, necessitando, na maioria das vezes, de tutoramento.

Embora o hábito de crescimento seja uma característica de controle genético simples, o porte da planta parece ter um controle genético mais complexo e também ser altamente influenciado pelo ambiente. Teixeira, Ramalho e Abreu (1999) realizaram um trabalho visando elucidar o controle genético do porte do feijoeiro. Foi constatado que, entre os caracteres morfológicos associados ao porte, o comprimento dos entrenós foi o que mostrou maior variação, havendo predominância do efeito aditivo no controle deste caráter e também intenso efeito ambiental, sendo então necessária a seleção das progênies com base em mais de uma avaliação.

2.1.3 Resistência a doenças

O feijoeiro é uma cultura muito suscetível à patógenos. Entre eles destacam-se os fungos *Pseudocercosporagriseola*, causador da mancha angular, e *Colletotrichumlindemuthianum*, agente causal da antracnose.

No caso da mancha angular os maiores prejuízos são causados na safra da “seca” (semeadura em fevereiro-março) que apresenta condições ideais para o desenvolvimento do patógeno (PAULA JÚNIOR et al., 2015). Dentre as medidas de controle destaca-se o uso de cultivares resistentes. Nos últimos anos essa doença tem recebido grande atenção da pesquisa, e já foram identificadas algumas fontes de resistência, como por exemplo: México 54, AND 277, Cornell 49-242, MAR-2, G 5686 e BAT 332 (RAMALHO; ABREU, 2015).

Devido à grande variabilidade do patógeno (BALBI et al., 2009; PASTOR-CORRALES; JARA; SINGH, 1998; PINTO et al., 2012; SARTORATO, 2004; SARTORATO; ALZATE-MARIN, 2004; SILVA et al., 2008), os melhoristas têm encontrado dificuldades para encontrar cultivares com resistência completa (RAMALHO; ABREU, 2015). Além do mais tem sido verificado que grande parte dos isolados identificados vencem os genes de resistência encontrados em todas as cultivares diferenciadoras (BALBI et al., 2009; SILVA et al., 2008).

Estudos sobre controle genético da resistência à mancha angular do feijoeiro demonstraram que esta é mediada por genes maiores e menores, que são dominantes ou recessivos, agindo sozinhos ou em conjunto (BOREL et al., 2011; CAIXETA et al., 2005; MAHUKU et al., 2004). Em trabalho conduzido por Borel et al. (2011) foi observada a predominância dos efeitos aditivos. A herdabilidade foi alta, sendo que os maiores valores foram encontrados para a resistência nas vagens do que nas folhas, demonstrando que a resistência à mancha angular nas folhas é mais influenciada pelo ambiente do que nas vagens. Pereira et al. (2015) avaliaram a agressividade de algumas raças de *P. griseola* e verificaram que a resistência é predominantemente horizontal.

Baseando-se nas informações sobre o controle genético, o melhorista pode escolher a melhor estratégia a ser adotada. Neste sentido, alguns trabalhos já foram realizados com o intuito de selecionar linhagens mais resistentes a este patógeno. Amaro et al. (2007), partindo de uma população originada de um dialelo parcial entre sete linhagens com grão do tipo carioca e dez fontes de resistência ao fungo *P. griseola*, observaram ganhos de 6,4% por ciclo para a resistência a mancha angular e 8,9% para produtividade de grãos, após praticar quatro ciclos de seleção recorrente. Após oito ciclos do mesmo programa de seleção recorrente para resistência a mancha angular, Arantes, Abreu e Ramalho (2010) observaram ganhos de 2,3% por ciclo para produtividade de grãos. Os

autores salientam também que condições ambientais e variabilidade genética do patógeno dificultam a estimação do ganho genético.

A antracnose é outra doença responsável por perdas na produtividade e na qualidade dos grãos (PAULA JÚNIOR et al., 2015). Entre os diversos mecanismos de controle, o uso de cultivares resistentes se destaca pela sua eficácia. No entanto, a obtenção de cultivares que apresentam resistência duradoura é dificultada pela grande variabilidade do patógeno (BARCELOS; SOUZA; SILVA, 2011; GONÇALVES-VIDIGAL et al., 2008; ISHIKAWA; RAMALHO; SOUZA, 2011; PAULA JÚNIOR et al., 2015; PEREIRA et al., 2010). Em trabalho conduzido por Gonçalves-Vidigal et al. (2008), foram coletados 32 isolados no estado de Santa Catarina. Estes foram inoculados em 12 cultivares, sendo identificadas 12 raças do patógeno. Trabalho semelhante foi realizado por Pereira et al. (2010). Foram coletados 42 isolados em Minas Gerais, sendo identificadas seis raças do patógeno. Barcelos, Souza e Silva (2011) identificaram grande variabilidade genética tanto dentro quanto entre isolados do patógeno, ao avaliarem 47 isolados originados de diferentes regiões do Brasil. Estes resultados corroboram os resultados de Ishikawa, Ramalho e Souza (2011), que identificaram um grupo de linhagens diferenciadoras para isolados da raça 65, que é de grande ocorrência em Minas Gerais.

Os mecanismos de resistência têm sido identificados no feijoeiro comum, demonstrando que o controle da doença é devido a uma série de genes (YOUNG et al., 1998). A resistência à antracnose no feijoeiro é condicionada primeiramente por 20 genes independentes, sendo designados pelo símbolo *Co* (FERREIRA; CAMPA; KELLY, 2013). Estes autores reforçam a piramidação de genes de resistência para conferir uma resistência mais durável.

O crestamento bacteriano é outra doença que também causa sérios danos à cultura do feijoeiro, principalmente nos cultivos no verão. Essa doença é causada pela bactéria *Xanthomonas axonopodis* pv. *phaseoli* e por sua variante

fuscans. A agressividade do patógeno pode variar conforme a espécie e o isolado, sendo maior a variabilidade para a variante *X. axonopodis* pv. *phaseoli* em comparação com a variante *X. axonopodis* pv. *fuscans* (MUTLU et al., 2008). Como estratégias de controle da doença destacam-se a utilização de sementes livres da bactéria, a rotação com culturas não hospedeiras, a destruição dos restos de cultura contaminados e a utilização de cultivares resistentes (PAULA JÚNIOR et al., 2015).

A sarna, causada pelo fungo *Colletotrichum truncatum*, embora seja uma doença de importância secundária para a cultura, também pode causar danos ao feijoeiro (PAULA JÚNIOR et al., 2015). As condições que mais favorecem o desenvolvimento do patógeno são temperatura em torno de 28°C, alta umidade relativa (GALLI; PANIZZI; VIEIRA, 2007) em cultivo de feijão seguido de milho ou sorgo. Como medidas de prevenção e controle da doença pode-se citar o uso de sementes de boa qualidade sanitária e tratadas com fungicidas (PAULA JÚNIOR et al., 2015).

2.1.4 Produtividade de grãos

A produtividade de grãos é um caráter poligênico, sendo muito influenciado pelas condições ambientais. Um parâmetro de grande importância no estudo do controle genético é a herdabilidade (BERNARDO, 2010). Esta estimativa pode ser obtida no sentido amplo ou no sentido restrito. A herdabilidade no sentido amplo considera, no numerador da fórmula, a variância aditiva e de dominância, enquanto que a herdabilidade no sentido restrito considera somente a variância genética aditiva (RAMALHO et al., 2012). É necessário salientar que a herdabilidade no sentido restrito é mais informativa, pois a variância de dominância tem menor importância (BERNARDO, 2010).

Em levantamento realizado por Ramalho et al. (2012) considerando a herdabilidade no sentido restrito, as estimativas variaram de 1 a 85,9%, sendo ampla a variação para as estimativas obtidas, o que já era de se esperar pois este parâmetro é muito influenciado pelas condições ambientais. Checa e Blair (2012), trabalhando com uma população de progênies oriunda do cruzamento entre uma linhagem de hábito indeterminado e uma linhagem de hábito determinado, observaram que as estimativas da herdabilidade no sentido restrito foram maiores para os componentes de produção, como: número de vagens por planta, peso das sementes, comprimento das vagens e número de vagens por rácemo, em relação à produtividade de grãos. Contudo, deve-se lembrar que, comparado aos componentes de produção, a produtividade de grãos é um caráter mais fácil de ser avaliado em um programa de melhoramento, principalmente quando são avaliadas centenas de progênies em cada safra.

2.2 Melhoramento por hibridação na cultura do feijoeiro

Em um programa de melhoramento utilizando hibridação existem algumas decisões a serem tomadas para aumentar a eficiência do processo seletivo. A primeira é a escolha dos genitores, para que do cruzamento entre eles sejam obtidas populações com média alta e grande variabilidade genética (BERNARDO, 2010). Outras decisões deverão ser tomadas com relação a como realizar as hibridações e ao método de condução das populações segregantes, de maneira a realizar a seleção da melhor maneira possível (FOUILLOUX; BANNEROT, 1988).

Existem relatos na literatura da utilização de várias metodologias para realizar a seleção de genitores (ABREU; RAMALHO; SANTOS, 2002; FERREIRA et al., 1995; FOUILLOUX; BANNEROT, 1988; JINKS; POONI, 1976; LEE, 1995; RAMALHO et al., 2012), entre elas pode-se citar o emprego

de médias, coeficiente de parentesco, medidas de divergência genética, estimativas de $m + a'$, entre outras (BAENZIGER; PETERSON, 1991). A escolha dos genitores é uma das etapas que mais exige conhecimento do melhorista, pois geralmente os bancos de germoplasma contêm algumas centenas ou até milhares de linhagens.

Além disso, deve ser levado em consideração que no melhoramento, para que uma linhagem seja recomendada como cultivar, deve ser superior em várias características de importância para a cultura. Assim, uma alternativa seria a utilização de um número maior de genitores já adaptados nas hibridações. Nesse caso, o próximo passo seria definir a melhor forma de realizar as hibridações, de maneira a conseguir uma população segregante com alta variabilidade. Pode-se optar pelos cruzamentos simples, triplos, duplos ou múltiplos (FOUILLOUX; BANNEROT, 1988). Ramalho et al. (2012) comentam que com oito pais seriam possíveis, entre outras combinações, quatro híbridos simples: (P1 x P2), (P3 x P4), (P5 x P6) e (P7 x P8); dois híbridos duplos [(P1 x P2) x (P3 x P4)] e [(P5 x P6) x (P7 x P8)]; e um híbrido óctuplo {[(P1 x P2) x (P3 x P4)] x [(P5 x P6) x (P7 x P8)]}. Do exposto pode-se ter uma idéia do grande número de opções de cruzamentos que podem ser feitos.

Os mais utilizados têm sido os cruzamentos biparentais ou híbridos simples, devido principalmente à facilidade em sintetizá-los. Porém uma restrição com relação aos híbridos simples é a dificuldade em se encontrar dois genitores que se complementem para os diferentes caracteres que se deseja fazer o melhoramento.

São poucos os trabalhos comparando o número de genitores envolvidos na obtenção de populações segregantes. Pode-se comentar o trabalho desenvolvido por Singh et al. (1998). Os autores avaliaram dois tipos de cruzamentos (biparental e triplo) e observaram maior eficiência dos cruzamentos triplos em relação aos biparentais com relação à resistência à ferrugem da folha

de trigo, porém com relação à produtividade as diferenças foram muito pequenas.

Outro trabalho visando comparar diferentes tipos de populações segregantes foi conduzido por Carneiro et al. (2002), com a cultura do feijoeiro. Os autores compararam a produtividade de grãos de progênies obtidas a partir do cruzamento entre oito linhagens, sendo avaliados cruzamentos simples, duplos e múltiplos. Os autores verificaram que as progênies derivadas dos híbridos múltiplos e duplos sempre estiveram entre as de maior produtividade. Contudo, comentam também que se o melhorista tem objetivos bem definidos e condições de avaliar suas populações segregantes para identificar as mais promissoras, o emprego de cruzamentos múltiplos não seria vantajoso.

De acordo com Ramalho et al. (2012), os cruzamentos múltiplos apresentam algumas restrições de caráter prático, como a maior demanda de tempo para se realizar os cruzamentos e a necessidade de se realizar um maior número de hibridações com o avanço dos ciclos de intercruzamentos. Entretanto, essas dificuldades podem ser compensadas pela avaliação de um maior número de progênies oriundas de cruzamentos múltiplos em relação ao que se avalia utilizando os cruzamentos biparentais. Isso porque, considerando que o melhorista dispõe da mesma quantidade de recursos, se a capacidade for de avaliar, 100 progênies, por exemplo, poder-se-ia optar por 50 progênies de dois cruzamentos simples ou 100 de um cruzamento duplo. De acordo com Steel, Torrie e Dickey (1997) o número de progênies avaliadas tem reflexo no resultado obtido. Esses autores mostram que a amplitude de variação em relação ao desvio padrão aumenta com o aumento do tamanho da amostra, o que seria uma vantagem da avaliação de maior número de progênies quando se empregam cruzamentos múltiplos (Tabela 1).

Tabela 1. Relação entre amplitude de variação (A) e desvio padrão (s) para diferentes tamanhos de amostra (STEEL; TORRIE; DICKEY, 1997).

Tamanho da amostra	A/s	Tamanho da amostra	A/s
20	3,7	200	5,5
50	4,5	400	5,9
100	5,0	500	6,1
150	5,3	1000	6,5

Principalmente quando são considerados vários caracteres no melhoramento, a utilização de cruzamentos múltiplos poderia acelerar o processo. Isso porque, se forem utilizados cruzamentos biparentais, dificilmente são encontrados dois genitores que se complementem bem para todas as características. Por esse motivo, muitos programas de melhoramento empregam os cruzamentos múltiplos na obtenção de populações segregantes (FOUILLOUX; BANNEROT, 1988). Contudo, Ramalho et al. (2012) argumentam que quando são envolvidos vários genitores nos cruzamentos a probabilidade de obter um genótipo com todos os alelos desejáveis é pequena. Estes mesmos autores demonstram que, considerando quatro genitores e um caráter controlado por 11 genes, a probabilidade de obter um indivíduo com todos os alelos favoráveis, em homozigose ou heterozigose, é de 1/49152 na geração F₂ e 1/360448 na F₃. Com o decorrer das autofecundações, essa probabilidade é praticamente nula. Considerando que a maioria dos caracteres de importância econômica são controlados por muitos genes, antevê-se a dificuldade de sucesso na utilização dos cruzamentos múltiplos.

Apesar das dificuldades expostas deve-se considerar que, no caso do feijoeiro, em que existem vários programas de melhoramento no Brasil, existem muitas linhagens e/ou cultivares com fenótipos favoráveis para muitos caracteres de interesse. Assim, a utilização dessas linhagens em cruzamentos múltiplos poderia atenuar a dificuldade de reunir os alelos favoráveis para todas elas.

2.3 Interação genótipos x ambientes

A expressão fenotípica (F) de um dado caráter é influenciada pelo genótipo do indivíduo (G) e pelo ambiente (A). O fenótipo é a expressão alternativa de um determinado caráter, o genótipo é a constituição genotípica do indivíduo e o ambiente pode ser definido como o conjunto das condições que afetam o crescimento e desenvolvimento do organismo (BERNARDO, 2010). Se for avaliado mais de um genótipo em mais de um ambiente, se torna possível a estimação de um terceiro componente, resultante da interação dos genótipos com os ambientes (GxA). Esta interação é resultado da resposta diferenciada dos genótipos nos diferentes ambientes (BERNARDO, 2014; GAUCH JUNIOR; ZOBEL, 1988).

A interação genótipos por ambientes pode ser simples ou complexa. Na interação simples não ocorre alteração na classificação dos genótipos nos diferentes ambientes, ao passo que na interação do tipo complexa ocorre alteração no ranqueamento dos genótipos nos diferentes ambientes avaliados, e a seleção com base na média pode levar a uma decisão errônea (CHAVES, 2001; RAMALHO et al., 2012). Então, a interação G x A é um complicador no trabalho dos melhoristas. Mas segundo Ramalho et al. (2012), a interação deve ser entendida para ser aproveitada no processo seletivo.

O efeito desta interação é muito significativo no feijoeiro, pois esta cultura é semeada em diferentes locais ao longo dos anos e também em diferentes safras em um mesmo local. Alguns trabalhos já foram feitos para avaliar qual tipo de interação seria a mais importante. Concluiu-se que, devido a interação linhagens x locais ser a mais expressiva, a melhor estratégia é avaliar as progênies/linhagens no maior número de locais possível (LIMA et al., 2014; PEREIRA et al., 2009, 2010; PONTES JÚNIOR et al., 2012; TORGA et al., 2013). Gauch Júnior e Zobel (1988) também comentam sobre a complexidade da

interação genótipos x ambientes, e recomendam a avaliação dos genótipos no maior número de ambientes possível.

2.4 Seleção envolvendo múltiplos caracteres

Quando o objetivo do melhorista é obter uma cultivar que apresente alta produção de grãos, a seleção é feita considerando somente esta característica. No caso do feijoeiro, conforme já comentado, para que uma linhagem seja amplamente utilizada pelos agricultores ela deve reunir diferentes atributos, como por exemplo, resistência a patógenos, porte ereto das plantas e tipo de grão de aceitação comercial, aliados à alta produtividade (CUNHA; RAMALHO; ABREU, 2005; MENEZES JUNIOR; RAMALHO; ABREU, 2008).

Quando estão envolvidas várias características no processo de seleção é importante conhecer o grau de associação entre elas. Um parâmetro muito utilizado para este fim é conhecido como correlação, e mede o grau de associação linear entre duas variáveis (FERREIRA, 2005). Esta associação entre os valores fenotípicos pode ser devido a causas genéticas, quando há associação entre os valores genéticos dos indivíduos para dois caracteres distintos, ou ambientais, quando os efeitos ambientais (como por exemplo precipitação, fotoperíodo, disponibilidade de nutrientes etc) influenciam as características na mesma direção (BERNARDO, 2010; CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2004).

Uma questão que surge é como proceder à seleção envolvendo múltiplos caracteres. Bernardo (2010) sugere três metodologias: a) método *in tandem*, onde é feita a seleção considerando uma característica por vez; b) método dos níveis independentes de eliminação (“Independent Culling Levels”), que consiste em realizar a seleção conjuntamente, assumindo critérios de seleção para cada caráter e c) método do índice de seleção, que permite realizar a seleção baseada em um único valor combinando todas as características. Uma

descrição mais detalhada de vários índices pode ser encontrada em Bernardo (2010).

O método do índice de seleção vem sendo amplamente adotado devido à sua eficiência (BERNARDO, 2010). Dentre os diversos índices propostos na literatura, o índice da soma de variáveis padronizadas (Índice $\sum Z$) vem ganhando notoriedade devido às suas vantagens (RAMALHO et al., 2012). É um índice de seleção não paramétrico e se baseia nas propriedades de uma distribuição normal, sendo a padronização conseguida por meio da transformação dos dados, o que torna possível a comparação das diferentes características em uma mesma escala (NUNES; RAMALHO; ABREU, 2005).

Gomes et al. (2006) utilizaram este índice para seleção de híbridos de milho visando a produção de silagem. Da mesma forma, Lima et al. (2015) e Mendes et al. (2009) utilizaram o mesmo índice para selecionar populações segregantes de feijoeiro. Em trabalho desenvolvido por Lima, Abreu e Ramalho (2012), considerando vários caracteres, verificou-se que o índice $\sum Z$ foi eficiente para seleção envolvendo produtividade de grãos, arquitetura de plantas e tipo de grãos. Contudo, verificou-se também que a interação progênies x ambientes reduziu o sucesso com a seleção quando os caracteres foram considerados simultaneamente, o que pode ser um complicador no emprego do índice de seleção.

3 MATERIAIS E MÉTODOS

3.1 Locais

Os experimentos foram conduzidos em três locais em Minas Gerais: Lavras, Patos de Minas e Lambari. Em Lavras, situada a 919 metros de altitude, 21° 14' S de latitude e 45° 00' L de longitude, os experimentos foram conduzidos no Centro de Desenvolvimento Científico e Tecnológico da Universidade Federal de Lavras (UFLA). Em Patos de Minas e Lambari os experimentos foram conduzidos em fazendas experimentais da Empresa de Pesquisa Agropecuária de Minas Gerais (EPAMIG). Patos de Minas situa-se a 832 metros de altitude, 18° 34' S de latitude e 46° 31' L de longitude e Lambari a 887 metros de altitude, 21° 58' S de latitude e 45° 21' L de longitude.

3.2 Obtenção das populações segregantes

Como genitoras foram utilizadas seis linhagens de grãos tipo carioca: CNFC8063, BRS Estilo, CNFC9506, BRS Cometa, GX9792-299-2 e BRS Requite, cujas características de destaque são apresentadas na Tabela 2.

Tabela 2. Características das linhagens de feijoeiro utilizadas nos cruzamentos.

Linhagem	Características de destaque
CNFC 8063	Alto potencial produtivo; planta de arquitetura ereta; resistência a algumas raças de <i>Colletotrichum lindemuthianum</i> .
CNFC 9506	Alto potencial produtivo; planta de arquitetura ereta; resistência a algumas raças de <i>C. lindemuthianum</i> .
GX9792-299-2	Alto potencial produtivo; planta de arquitetura ereta; resistência a algumas raças de <i>C. lindemuthianum</i> .
BRS Estilo	Alto potencial produtivo; planta de arquitetura ereta; resistência às raças 23, 55, 71, 89, 95, 127 e 453 de <i>C. lindemuthianum</i> .
BRS Cometa	Ciclo precoce; planta de arquitetura ereta; resistência às raças 55, 95 e 453 de <i>C. lindemuthianum</i> .
BRS Requite	Escurecimento tardio dos grãos; alto potencial produtivo; resistência à algumas raças de <i>C. lindemuthianum</i> .

Primeiramente foram obtidos os híbridos simples ou biparentais: CNFC8063/ BRS Estilo, CNFC8063/CNFC9506, BRS Cometa/GX9792-299-2 e BRS Cometa/BRS Requite. Posteriormente foram obtidos os híbridos duplos: CNFC8063/ BRS Estilo //BRS Cometa/GX9792-299-2 e CNFC8063/CNFC9506//BRS Cometa/BRS Requite (Figura 1). As populações originadas dos cruzamentos foram conduzidas pelo método “bulk” até a geração F₄.

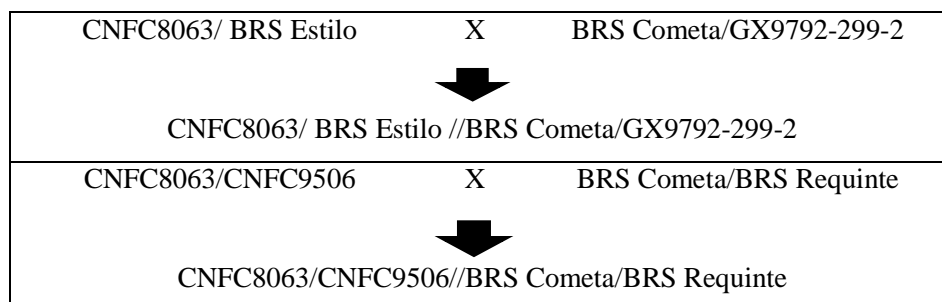


Figura 1. Esquema de cruzamentos para obtenção dos híbridos.

3.3 Obtenção e avaliação das progênes $F_{4:5}$, $F_{4:6}$ e $F_{4:7}$.

Em fevereiro de 2012 as populações F_4 foram semeadas para obtenção das progênes $F_{4:5}$. De cada população, foram semeadas 10 linhas de 4 metros, com espaçamento entre linhas de 0,5 metro, sendo semeadas 15 sementes por metro linear.

Na colheita foi realizada uma seleção massal de 400 plantas para constituírem as progênes $F_{4:5}$, sendo 50 de cada híbrido simples e 100 de cada híbrido duplo, realizando a colheita de cada planta individualmente. Na seleção massal foram consideradas as plantas com menor incidência de doenças e melhor arquitetura. Estas plantas foram trilhadas separadamente. As 400 progênes $F_{4:5}$ assim obtidas foram semeadas em julho de 2012, no Centro de Desenvolvimento Científico e Tecnológico da Universidade Federal de Lavras (UFLA), no município de Lavras. O delineamento experimental foi em látice simples 20 x 20 (COCHRAN; COX, 1957) e as parcelas de uma linha de dois metros, com espaçamento entre linhas de 0,5 metro.

As progênes $F_{4:6}$ foram semeadas em novembro de 2012 nos municípios de Lavras e Lambari. As progênes $F_{4:7}$ foram semeadas em fevereiro de 2013 em Lavras, Patos de Minas e Lambari. O delineamento experimental foi

em látice simples 20 x 20 (COCHRAN; COX, 1957) e as parcelas de duas linhas de dois metros.

3.4 Características avaliadas

Em todos os experimentos foram avaliadas as seguintes características: arquitetura de plantas, produtividade de grãos, em kg/ha, tipo de grão e severidade das doenças que incidiram no campo.

Para avaliação da arquitetura da planta foi utilizada uma escala descritiva com notas variando de 1 (plantas muito ramificadas e prostradas, “guia” longa e a maioria das vagens em contato com o solo) a 9 (plantas eretas e nenhuma vagem tocando o solo).

A severidade de doenças foi avaliada por meio de uma escala de notas de 1 a 9, em que a nota 1 indicava plantas com sintomas severos de doença e 9, ausência de sintomas de doença. Foi dada uma única nota considerando qualquer doença que tenha ocorrido (mancha-angular, antracnose, crestamento bacteriano, sarna, etc.).

O tipo de grão também foi avaliado utilizando uma escala de notas de 1 (grão tipo carioca fora do padrão comercial) a 9 (grão tipo carioca dentro do padrão comercialmente aceitável, ou seja, com fundo bege claro, rajas marrom claras, formato oblongo e massa de 100 sementes em torno de 25 g).

3.5 Análises estatísticas

Foi realizada a análise de variância de todos os caracteres considerando o delineamento em látice simples. Como não houve eficiência do látice em relação ao delineamento em blocos casualizados, este último foi considerado nas análises. Posteriormente os dados de cada caráter avaliado em

cada experimento foram padronizados por parcela de acordo com a seguinte expressão apresentada por Ramalho et al. (2012):

$$z_{ijk} = \frac{y_{ijk} - \bar{y}_{.jk}}{s_{.jk}}$$

em que: z_{ijk} é o valor fenotípico padronizado para o caráter k, da parcela que recebeu a progênie i na repetição j; y_{ijk} é o valor fenotípico para o caráter k, da parcela que recebeu a progênie i na repetição j, $\bar{y}_{.jk}$ é a média das progênies na repetição j, para o caráter k; $s_{.jk}$ é o desvio padrão fenotípico associado à repetição j, para o caráter k. Uma constante $c = 9$ foi adicionada devido ao fato dos dados padronizados assumirem valores negativos, sendo que após a adição da constante, os valores foram todos positivos. Posteriormente foi obtido o índice baseado na soma das variáveis padronizadas, ou seja, o $\sum Z$.

3.5.1 Análises individuais

Após verificados os pressupostos para a análise de variância, estas foram realizadas para as variáveis padronizadas e para o $\sum Z$, de acordo com o seguinte modelo estatístico, considerando todos os efeitos aleatórios, exceto a média:

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

Em que:

Y_{ij} : observação referente à progênie i na repetição j;

m : média geral do experimento;

p_i : efeito da progênie i;

r_j : efeito da repetição j;

e_{ij} : erro experimental associado à observação Y_{ij} .

assumindo que os erros são independentes e normalmente distribuídos, com média zero e variância σ_e^2 . As esperanças matemáticas dos quadrados médios foram obtidas conforme recomendações de Bernardo (2010). Procedimento semelhante foi utilizado por Carneiro et al. (2002).

Foram estimadas a variância fenotípica, variância genética, herdabilidade com seus limites inferior e superior (KNAPP; STROUP; ROSS, 1985), para cada variável padronizada e para o $\sum Z$ entre as médias de todas as progênies, entre as médias das progênies de cada tipo de híbrido, entre médias de progênies de cada híbrido simples e entre as médias das progênies de cada híbrido duplo. A acurácia seletiva foi estimada segundo recomendações de Resende e Duarte (2007).

Foi estimado o ganho esperado com a seleção das dez melhores progênies, conforme expressão apresentada por Ramalho et al. (2012). Foram estimados também os limites inferior e superior do ganho esperado com a seleção, de acordo com a expressão apresentada por Bridges, Knapp e Cornelius (1991).

3.5.2 Análise conjunta

As análises de variância conjuntas foram realizadas para as variáveis padronizadas e para o índice $\sum Z$. Para verificar a homogeneidade das variâncias residuais dos ambientes foi utilizado o teste de Hartley (RAMALHO; FERREIRA; OLIVEIRA, 2012). Após atendidas todas as pressuposições para realização da análise conjunta, esta foi realizada de acordo com o seguinte modelo, considerando novamente todos os efeitos aleatórios, exceto a média:

$$Y_{ijl} = m + p_i + r_{j(l)} + a_l + (pa)_{il} + e_{ijl}$$

em que:

Y_{ijl} : observação referente à progênie i, na repetição j, no ambiente l;

m : média geral do experimento;

μ_i : efeito da progênie i ;

$\tau_{j(l)}$: efeito da repetição j , dentro do ambiente l ;

α_l : efeito do ambiente l ;

$(\mu\alpha)_{il}$: efeito da interação entre a progênie i e o ambiente l ;

ϵ_{ijl} : erro experimental associado à observação Y_{ijl} ;

As esperanças matemáticas dos quadrados médios foram obtidas conforme recomendações de Bernardo (2010). A partir das esperanças dos quadrados médios foram estimados os mesmos parâmetros genéticos e fenotípicos mencionados anteriormente. Estimou-se também a resposta correlacionada no caráter Y quando a seleção é realizada no caráter X , de acordo com a expressão apresentada por Ramalho et al. (2012).

4 RESULTADOS

A média dos caracteres avaliados variou consideravelmente. Utilizando como exemplo a produtividade de grãos, a média variou de 1336 a 2881 Kg.ha⁻¹ nos seis ambientes. Na avaliação das gerações F_{4:5}, F_{4:6} e F_{4:7} as médias de produtividade foram 2881, 2522 e 2110 kg.ha⁻¹, respectivamente (Tabela 3). Interessante salientar que também ocorreu intensa variação entre ambientes para o caráter severidade de doenças, sendo que as notas médias variaram de 4,6 em Patos de Minas, semeadura de fevereiro de 2013, a 7,1 em Lavras, semeadura de julho de 2012 (Tabela 3).

Tabela 3. Médias dos seis ambientes para os caracteres arquitetura de plantas, severidade de doenças, produtividade de grãos (kg.ha⁻¹) e tipo de grão.

Ambientes (Local Mês da semeadura/Ano)	Arquitetura de plantas	Severidade de doenças	Produtivida de de grãos	Tipo de grão
Lavras - Julho/2012	6,0 (4,0; 8,0) ¹	7,1 (3,3; 8,6)	2881 (1550; 4600)	4,1 (1,0; 8,0)
Lavras - Novembro/2012	5,8 (3,0; 9,1)	6,1 (3,5; 8,1)	2751 (984; 4340)	4,7 (1,0; 9,0)
Lambari - Novembro/2012	5,8 (3,3; 8,2)	5,9 (1,4; 8,4)	2293 (1086; 3842)	4,4 (1,5; 9,0)
Lavras - Fevereiro/2013	5,8 (2,6; 8,9)	5,5 (2,9; 8,7)	2162 (1007; 3316)	4,2 (1,0; 9,0)
Patos de Minas - Fevereiro/2013	5,2 (2,2; 8,6)	4,6 (2,4; 7,0)	1336 (542; 2498)	4,3 (1,0; 9,0)
Lambari - Fevereiro/2013	5,6 (2,2; 8,6)	5,8 (2,4; 8,6)	2834 (1465; 4529)	4,9 (1,0; 9,0)

¹Valores entre parêntesis se referem a variação dos caracteres (menor e maior valor).

O coeficiente de variação experimental (C_{Ve}) variou de 11,2% a 25,6% (Tabela 4). As estimativas do C_{Ve} indicam de modo geral a boa precisão obtida nos experimentos para todos os caracteres (PIMENTEL-GOMES, 2009).

Tabela 4. Estimativas do coeficiente de variação experimental (CVe), em porcentagem, dos seis ambientes, para os caracteres arquitetura de plantas, severidade de doenças, produtividade de grãos (kg.ha⁻¹) e tipo de grão.

Ambientes (Local Mês da semeadura/Ano)	Arquitetura de plantas	Severidade de doenças	Produtividade de grãos	Tipo de grão
Lavras Julho/2012	20,7	11,2	19,9	23,7
Lavras Novembro/2012	19,6	16,3	18,5	19,9
Lambari Novembro/2012	16,1	17,8	17,0	25,7
Lavras Fevereiro/2013	20,4	21,4	19,9	15,7
Patos de Minas Fevereiro/2013	22,4	22,3	16,4	18,9
Lambari Fevereiro/2013	23,0	17,4	15,2	19,7

Os resumos das análises de variância individuais e as estimativas dos parâmetros genéticos e fenotípicos por ambiente para as variáveis padronizadas arquitetura de plantas, severidade de doenças, produtividade de grãos, tipo de grão e para o ΣZ se encontram nas tabelas 1A a 36A. Verificou-se diferença significativa ($P < 0,05$) entre todos os tipos de progênies na maioria dos ambientes. As acurácias da maioria dos experimentos foram altas (Tabelas 1A a 36A), com exceção para o experimento de Lavras, semeadura de julho de 2012.

Os resumos das análises de variância conjuntas referentes às variáveis padronizadas são apresentados nas tabelas 37A a 40A. Para todos os caracteres verificou-se a existência de variabilidade genética entre progênies ($P < 0,01$). O desdobramento desta fonte de variação mostrou a existência de variabilidade genética entre progênies oriundas de híbridos simples e duplos, independente da população ($P < 0,01$). O efeito da interação progênies x ambientes foi significativo para todos os desdobramentos ($P < 0,05$).

Para todos os caracteres o contraste da média das progênies de híbridos simples com a média das progênies de híbridos duplos foi significativo ($P < 0,01$). A fonte de variação entre populações de híbridos simples ou de híbridos duplos também foi significativa para a maioria dos caracteres.

Neste trabalho o foco foi direcionado a um índice que reflete o desempenho das progênies/populações para todos os caracteres avaliados. O índice utilizado foi o somatório das variáveis padronizadas ($\sum Z$). A análise conjunta envolvendo esse índice revelou a existência de variabilidade genética entre progênies ($P < 0,01$) (Tabela 5). O desdobramento desta fonte de variação mostrou teste de F significativo entre progênies oriundas de híbridos simples ou duplos e entre progênies oriundas das diferentes populações de cada híbrido ($P < 0,01$), condição essa indispensável para se atingir os objetivos almejados na pesquisa. O efeito da interação progênies x ambientes também foi significativo para a maioria dos desdobramentos realizados ($P < 0,01$) (Tabela 5).

Com relação ao contraste progênies de híbridos simples versus duplos, verificou-se que este não diferiu estatisticamente de zero. Isso demonstra que quando a seleção foi realizada para todos os caracteres simultaneamente, a média das progênies oriundas de híbridos simples não diferiu estatisticamente da média de híbridos duplos (Tabela 5).

Tabela 5. Resumo da análise de variância conjunta para o ΣZ , referente à avaliação de progênies $F_{4;5}$, $F_{4;6}$ e $F_{4;7}$ de feijoeiro em seis ambientes.

Fonte de Variação	GL	QM	Prob. (>F)
Progênies	399	15,5530	<0,01
Progênies de híbridos simples	199	16,8223	<0,01
Progênies do HS1	49	20,8344	<0,01
Progênies do HS2	49	5,7166	<0,01
Progênies do HS3	49	12,7290	<0,01
Progênies do HS4	49	8,4107	<0,01
Populações de híbridos simples	3	336,9291	<0,01
Progênies de híbridos duplos	199	14,3538	<0,01
Progênies do HD1	99	15,0776	<0,01
Progênies do HD2	99	6,7738	<0,01
Populações de híbridos duplos	1	693,1151	<0,01
Híbrido simples vs Híbrido duplo	1	1,6009	0,42
Progênies x Ambientes (A)	1995	4,9445	<0,01
Progênies de híbridos simples x A	995	5,1862	<0,01
Progênies do HS1 x A	245	5,3407	<0,01
Progênies do HS2 x A	245	1,7667	<0,01
Progênies do HS3 x A	245	4,7481	<0,01
Progênies do HS4 x A	245	4,8780	<0,01
Populações de híbridos simples x A	15	70,7051	<0,01
Progênies de híbridos duplos x A	995	4,5440	<0,01
Progênies do HD1 x A	495	4,5416	<0,01
Progênies do HD2 x A	495	1,8934	0,99
HD1 vs HD2 x A	5	267,1982	<0,01
Híbrido simples vs Híbrido duplo x A	5	36,5353	<0,01
Erro	2394	2,4827	

Embora a maioria das interações progênies x ambientes tenham sido significativas, a ênfase na apresentação dos resultados será direcionada ao que ocorreu na média dos ambientes.

A existência de variação entre as progênies, tanto de híbridos simples quanto de híbridos duplos pode ser comprovada por meio da distribuição de frequência das médias do $\sum Z$. As médias das progênies de híbridos simples variaram de 33,2 a 39,0, enquanto que as de híbridos duplos variaram de 33,2 a 40,0. Observa-se que as distribuições de frequência das médias das progênies de híbridos simples e duplos foram semelhantes (Figura 2).

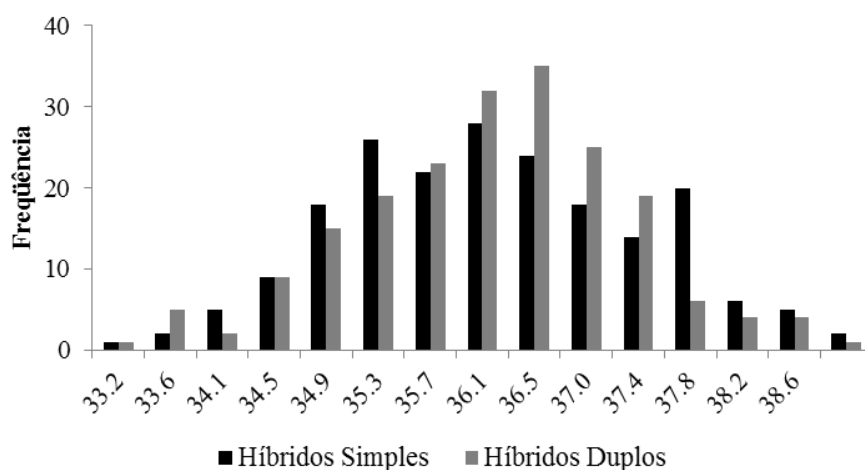


Figura 2. Distribuição de frequência das médias do $\sum Z$ das progênies oriundas de populações derivadas de híbridos simples ou duplos em seis ambientes.

A existência de variação entre as progênies foi constatada também por meio das estimativas da herdabilidade (Tabela 6). Observa-se que o limite inferior de h^2 em nenhuma situação foi negativo, comprovando a existência de variação entre os diferentes tipos de progênies para o índice. Vale salientar que os intervalos de confiança das estimativas reforçam a boa precisão com que estas foram obtidas. As estimativas de h^2 para híbridos simples e duplos foram semelhantes. Entre as populações a herdabilidade variou de 42,0%, para o HS4, a 74,4%, para o HS1. Pode-se inferir que é possível obter populações de

cruzamentos biparentais com herdabilidade entre progênies superior à das populações oriundas de híbridos duplos (Tabela 6).

Comparando o ganho esperado com a seleção entre progênies de híbridos simples com o entre progênies de híbridos duplos, verifica-se que as estimativas foram semelhantes (Tabela 6). Entre as populações as estimativas variaram amplamente, de 1,8% entre progênies do HS4 a 6,8% entre progênies do HD2. Embora o ganho esperado da população HD2 tenha sido superior ao da maioria dos híbridos simples, observou-se que a população HS1 apresentou ganho esperado semelhante ao desta população (Tabela 6).

Tabela 6. Estimativas da média geral, herdabilidade no sentido amplo, e ganho esperado com a seleção, em porcentagem da média, para o ΣZ , obtidas na avaliação de progênies $F_{4:5}$, $F_{4:6}$ e $F_{4:7}$ de feijoeiro em seis ambientes.

	Média	h^2 (%)	Ganho esperado com a seleção (%)
Progênies	36,0	68,2 (63,0; 73,0) ²	5,2 (4,6; 5,8) ³
Progênies de híbridos simples	36,0	69,2 (62,0; 75,0)	5,1 (4,3; 5,9)
Progênies de híbridos duplos	36,0	68,3 (61,0; 75,0)	5,2 (4,3; 6,1)
Progênies do HS1	36,0b ¹	74,4 (62,0; 84,0)	5,4 (3,7; 7,0)
Progênies do HS2	35,9b	69,1 (54,0; 81,0)	3,2 (1,1; 5,3)
Progênies do HS3	36,8a	62,7 (44,0; 77,0)	3,7 (2,0; 5,4)
Progênies do HS4	35,3c	42,0 (13,0; 64,0)	1,8 (-0,1; 3,7)
Progênies do HD1	36,1	69,9 (60,0; 78,0)	4,3 (3,1; 5,5)
Progênies do HD2	35,8	72,1 (63,0; 80,0)	6,8 (5,5; 8,2)

¹Médias seguidas da mesma letra pertencem ao mesmo grupo pelo teste de Scott e Knott (1974) ao nível de 5% de probabilidade.

²Valores entre parêntesis se referem aos limites inferior e superior da herdabilidade, ao nível de 5% de probabilidade.

³Valores entre parêntesis representam os limites inferior e superior do ganho esperado com a seleção.

Estimou-se também a resposta correlacionada à seleção realizada no ΣZ nos demais caracteres. Observe que em todos os casos a resposta foi positiva, embora de menor magnitude que o ganho direto, mas mesmo assim expressivo (Tabela 7). Para se inferir a respeito da importância do índice foi estimada também a resposta correlacionada considerando a seleção sendo

realizada para o carácter produtividade de grãos, o que é uma situação muito comum em muitos programas de melhoramento. Observe que neste caso a resposta correlacionada foi inferior para todos os caracteres em relação ao índice. Em alguns casos até negativa (Tabela 7). Depreende-se que o emprego do índice possibilita que o melhorista tenha maior sucesso na seleção simultânea para vários caracteres. Observou-se também que a magnitude das respostas correlacionadas variou muito pouco quando se considerou híbridos simples ou duplos (Tabela 7).

Tabela 7. Ganho esperado na seleção direta (GS_D) nos caracteres arquitetura de plantas, severidade de doenças, produtividade de grãos, tipo de grão e no ΣZ , e resposta correlacionada pela seleção realizada na produtividade de grãos (RC_{Prod}) ou no ΣZ ($RC_{\Sigma Z}$), em porcentagem da média, com a seleção das dez melhores progênies.

	Arquitetura de plantas	Severidade de doenças	Produtividade de grãos	Tipo de grão	ΣZ
Entre progênies					
GS_D	10,3 (10,1; 10,4) ¹	4,1 (3,9; 4,2)	4,5 (4,3; 4,6)	10,6 (10,4; 10,8)	5,2 (4,6; 5,8)
RC_{Prod}	0,2	-0,1	-	2,0	2,3
$RC_{\Sigma Z}$	6,6	2,8	2,0	7,3	-
Entre progênies de híbridos simples					
GS_D	11,0 (10,8; 11,1)	3,1 (2,9; 3,3)	4,0 (3,8; 4,2)	9,4 (9,1; 9,6)	5,1 (4,3; 5,9)
RC_{Prod}	0,2	-0,1	-	2,0	2,3
$RC_{\Sigma Z}$	6,6	2,8	2,0	7,3	-
Entre progênies de híbridos duplos					
GS_D	9,5 (9,3; 9,7)	5,1 (4,9; 5,3)	4,9 (4,7; 5,1)	11,8 (11,6; 12,1)	5,2 (4,3; 6,1)
RC_{Prod}	0,8	-0,3	-	0,6	2,0
$RC_{\Sigma Z}$	5,5	4,2	1,6	7,8	-

¹Valores entre parêntesis representam os limites inferior e superior do ganho esperado com a seleção.

Finalmente, considerando todas as progênies derivadas de híbridos simples ou duplos, verifica-se que entre as 20 melhores progênies a porcentagem oriunda de híbridos simples seria de 55%, enquanto que 45% foram provenientes de híbridos duplos. Já quando se considera as 20 piores progênies ocorreu o

contrário, 45% das progênies oriundas de híbridos simples e 55% de híbridos duplos. Esse resultado possibilita inferir também que os cruzamentos biparentais podem ser tão ou mais eficientes que os envolvendo mais de dois genitores.

5 DISCUSSÃO

Um das decisões mais importantes em um programa de melhoramento é a escolha das populações segregantes que darão origem às novas cultivares. O melhorista pode optar por populações de base genética ampla ou restrita (BERNARDO, 2010). Como exemplos de populações de base genética restrita podem-se citar os cruzamentos biparentais ou híbridos simples. Entre as populações de base genética ampla podem-se citar os híbridos duplos e múltiplos. No caso dos híbridos simples, estão envolvidos apenas dois genitores no cruzamento, sendo que a população resultante apresentará 50% dos alelos de cada genitor. Contudo a restrição é a dificuldade de encontrar dois genitores que se complementem para os caracteres sob seleção. As populações obtidas por cruzamentos duplos ou múltiplos teoricamente fornecem uma maior probabilidade de se combinar alelos favoráveis que se encontram nos genitores. Porém muitos melhoristas não utilizam os cruzamentos duplos ou múltiplos devido ao fato do processo de obtenção demandar um maior número de cruzamentos (RAMALHO et al., 2012).

Para que a seleção seja eficiente e resulte em ganhos genéticos é muito importante avaliar se os experimentos conduzidos tiveram boa precisão para a identificação das progênies mais promissoras. A precisão experimental é frequentemente avaliada pelo coeficiente de variação experimental (CVe). Contudo alguns autores têm criticado a utilização do CVe, argumentando que ele é dependente do caráter que está sendo avaliado, não leva em consideração a cultura que está sendo estudada, o número de repetições e que é muito influenciado pela média (CARGNELUTTI FILHO; STORCK; RIBEIRO, 2009; RESENDE; DUARTE, 2007). A acurácia, uma outra estimativa, como proposto por Resende e Duarte (2007), é utilizada como medida de precisão por refletir a

correlação entre o valor genotípico verdadeiro e aquele predito a partir de informações obtidas nos experimentos. Neste trabalho, mesmo com experimentos ocupando grande área experimental, já que foi avaliado um grande número de progênies, a precisão experimental pode ser considerada boa na maioria dos casos, tanto pela acurácia quanto pelo coeficiente de variação experimental (Tabelas 4 e 1A a 36A).

Para explorar ao máximo a variabilidade genética de uma população é necessário definir o número de progênies que deve ser avaliado. Neste trabalho optou-se por avaliar 50 progênies de cada híbrido simples e 100 de cada híbrido duplo. Estratégia semelhante a essa já foi utilizada em outra situação (CARNEIRO et al., 2002). Dessa forma, os dois tipos de cruzamentos (híbridos simples e híbridos duplos) foram avaliados utilizando os mesmos recursos, ou seja, 200 progênies de cada tipo de híbrido. Este procedimento foi utilizado devido ao fato de o melhorista dispor de recursos limitados e avaliar um número finito de parcelas anualmente. Por exemplo, se forem avaliadas 50 progênies, a amplitude de variação será de 4,5 vezes o desvio padrão. Com 100 progênies, ocorre um aumento de apenas 11% na amplitude em relação ao desvio padrão, apesar do dobro do trabalho (Tabela 1).

As interações envolvendo progênies x ambientes foram significativas, mostrando que o comportamento das progênies não foi coincidente nos diferentes ambientes (Tabela 5) (BERNARDO, 2010). O maior desafio dos melhoristas na condução dos experimentos é obter informações que sejam úteis para os agricultores em uma condição futura, quase sempre imprevisível. Nessa situação a melhor alternativa é avaliar no maior número de ambientes possível e utilizar o desempenho médio das progênies nos vários ambientes para a seleção (GAUCH JUNIOR; ZOBEL, 1988). Esta estratégia foi adotada no presente trabalho.

Do que foi exposto anteriormente a média deve ser a principal informação na escolha de populações segregantes promissoras para a seleção. Esse argumento tem sido utilizado com frequência tanto no momento de escolher os genitores ou, como ocorreu nesse trabalho tendo já a população segregante, definir aquelas que devem receber maior atenção (BAENZIGER; PETERSON, 1991; BERNARDO, 2014; RAMALHO et al., 2012). Nesse contexto, tomando como referência o ΣZ , verificou-se que a média das progênies de híbridos simples foi igual à dos híbridos duplos (Tabela 6). Assim, pode-se inferir que não ocorreu vantagem em se utilizar os híbridos duplos, em relação aos híbridos simples. Resultado semelhante a esse, porém envolvendo somente a produtividade de grãos, foi relatado por Carneiro et al. (2002).

Adicionalmente à média, a variabilidade genética disponível na população é também um indicativo do potencial das populações. Sob a ótica da seleção uma boa medida da variabilidade é a estimativa da herdabilidade (BERNARDO, 2010). A estimativa de h^2 para o ΣZ foi alta (Tabela 6). Na literatura foi encontrado apenas um relato da estimativa de h^2 para o índice envolvendo os mesmos caracteres deste trabalho. Lima et al. (2015), ao avaliarem 16 populações de feijoeiro, observaram que a estimativa da herdabilidade foi de magnitude inferior a deste trabalho. Outros relatos são encontrados da estimativa de h^2 para o mesmo índice, porém envolvendo outros caracteres (LIMA; ABREU; RAMALHO, 2012; MENDES et al., 2009). As estimativas apresentadas variam amplamente, mas a maioria tem magnitude bem inferior às obtidas neste trabalho para o ΣZ . A maioria das estimativas da herdabilidade com a cultura do feijoeiro envolveu a produtividade de grãos. Uma compilação dos resultados disponíveis na literatura até 2012 é apresentada em Ramalho et al. (2012).

Para o ΣZ as estimativas da herdabilidade para seleção entre progênies de híbridos simples e duplos foram novamente semelhantes (Tabela 6). Sendo

assim, sob o ponto de vista da variabilidade genética, também não se justifica a obtenção dos híbridos duplos, pois estes não contribuem para a liberação de maior variabilidade genética.

A comparação de estimativas de h^2 não é muito fácil, pois ela depende de uma série de fatores, tais como a população utilizada, a unidade seletiva, a condição experimental, entre outros. Um outro aspecto é que a herdabilidade pode ser no sentido amplo ou restrito. Contudo, esse fato só tem significado quando a ocorrência da variância genética de dominância (V_D) é expressiva. No caso dos caracteres avaliados neste trabalho, apenas com relação à produtividade de grãos existem resultados de estimativas de V_D . Contudo, elas não são conclusivas, pois há casos em que V_D foi importante (FOOLAD; BASSIRI, 1983; GUILHERME et al., 2014) e há outros em que o mesmo não ocorreu (SOUZA; RAMALHO, 1995; TAKEDA; SANTOS; RAMALHO, 1991). Deve ser enfatizado também que mesmo sendo a V_D importante o tipo de progênie avaliada ($F_{4:5}$, $F_{4:6}$ e $F_{4:7}$) explora muito pouco de V_D (RAMALHO et al., 2012). Depreende-se que nesse caso não há maiores restrições em considerar a estimativa de h^2 como sendo no sentido restrito.

As estimativas do ganho esperado com a seleção envolvendo o índice foram expressivas (Tabela 6). Adicionalmente, constatou-se que a resposta correlacionada à seleção realizada no índice nos demais caracteres também foi expressiva (Tabela 7). O sucesso da resposta correlacionada depende da herdabilidade dos caracteres e da correlação genética entre eles (FALCONER; MACKAY, 1996). Como na estimativa do índice todos os caracteres estavam envolvidos é esperado que a correlação desses caracteres com o índice seja alta. Além do mais, é esperado que a herdabilidade do índice, por envolver variáveis padronizadas, seja superior a dos demais caracteres. Assim, fica fácil explicar o sucesso na resposta correlacionada quando se utilizou o índice.

Para comprovar a eficiência do índice foi estimada a resposta correlacionada com a estratégia mais utilizada pelo melhorista, ou seja, realizando a seleção apenas para a produtividade de grãos. Observa-se neste caso que a resposta correlacionada foi sempre inferior, e algumas vezes até negativa. Desse modo infere-se que o índice foi eficiente para a seleção de progênies de feijoeiro para vários caracteres simultaneamente. Lima et al. (2015) também concluíram ser o índice ΣZ eficiente para seleção de populações envolvendo vários caracteres simultaneamente.

Finalmente as estimativas do ganho esperado envolvendo as progênies derivadas de híbridos simples e duplos foram muito semelhantes (Tabela 6). Então, nesse contexto também o emprego de populações biparentais ou envolvendo mais genitores não apresentaram diferenças marcantes. Foi possível obter populações de híbridos simples com ganho esperado de seleção semelhante aos dos híbridos duplos (Tabela 6). Estes resultados estão de acordo com os apresentados por Carneiro et al. (2002), que mostraram ser possível obter híbridos simples tão promissores quanto os híbridos duplos ou múltiplos quando a seleção foi realizada para a produtividade de grãos.

A eficiência de um programa de melhoramento de plantas pode ser avaliada pela capacidade de gerar cultivares/linhagens superiores. Para avaliar a eficiência dos tipos de híbrido, comparou-se a porcentagem de progênies oriundas de cada tipo de híbrido entre as melhores e piores progênies selecionadas, com base na média dos seis ambientes. Verificou-se que as contribuições dos híbridos simples e duplos foram semelhantes, tanto entre as progênies de melhor quanto entre as de pior desempenho. Portanto, infere-se que a eficiência dos híbridos simples e duplos em gerar progênies superiores foi semelhante. Sendo assim, não se justifica também a utilização de populações de híbridos duplos mesmo quando a seleção é realizada para vários caracteres

simultaneamente, desde que sejam escolhidos genitores que reúnam fenótipos favoráveis para as características de interesse.

Na literatura existem alguns trabalhos relatando vantagens na utilização de um maior número de genitores no cruzamento. Em estudo realizado por Bai, Michaels e Pauls (1998) verificou-se que o número de locos polimórficos aumentou com o aumento do número de genitores envolvidos no cruzamento. Porém neste estudo foram utilizados marcadores RAPD e os locos estudados não foram associados a nenhum caráter de interesse, o que limita a utilização desta informação para o melhorista. Para Singh (2001) os cruzamentos múltiplos podem ser utilizados considerando a vantagem de associar vários caracteres ao mesmo tempo. Porém Carneiro et al. (2002) concluíram que, quando o melhorista tem objetivos bem estabelecidos, é possível obter progressos expressivos utilizando cruzamentos biparentais. Além do mais, não deve ser esquecido que existem dificuldades práticas que dificultam a obtenção de híbridos duplos, como por exemplo: demandar mais tempo para obtenção dos cruzamentos, realização de um maior número de cruzamentos e dificuldade de obtenção de um número suficiente de sementes (RAMALHO et al., 2012).

6 CONCLUSÕES

A seleção realizada no índice do somatório das variáveis padronizadas possibilita progresso com a seleção para todos os caracteres simultaneamente.

A obtenção de cruzamentos duplos não é vantajosa em relação aos cruzamentos biparentais mesmo quando a seleção é realizada para vários caracteres simultaneamente, desde que o melhorista escolha genitores com fenótipos favoráveis para as características de interesse.

REFERÊNCIAS

ABREU, A. de F. B.; RAMALHO, M. A. P.; SANTOS, J. B. Prediction of seed-yield potential of common bean populations. **Genetics and Molecular Biology**, Ribeirão Preto, v. 25, n. 3, p. 323-327, 2002.

AMARO, G. B. et al. Phenotypic recurrent selection in the common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) carioca-type grains for resistance to the fungi *Phaeoisariopsisgriseola*. **Genetics and Molecular Biology**, Ribeirão Preto, v. 30, n. 3, p. 584-588, 2007.

ARANTES, L. de O.; ABREU, A. de F. B.; RAMALHO, M. A. P. Eight cycles of recurrent selection for resistance to angular leaf spot in common bean. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, Londrina, v. 10, n. 3, p. 232-237, 2010.

BAENZIGER, P. S.; PETERSON, C. J. Genetic variation: its origin and use for breeding self-pollinated species. In: STALKER, H. T.; MURPHY, J. P. (Ed.). **Plant Breeding in the 1990's**. Raleigh: North Carolina State University, 1991. p. 69-100.

BAI, Y.; MICHAELS, T. E.; PAULS, K. P. Determination of genetic relationships among *Phaseolus vulgaris* populations in a conical cross from RAPD marker analyses. **Molecular Breeding**, Dordrecht, v. 4, n. 5, p. 395-406, 1998.

BALBI, B. P. et al. Characterization of *Pseudocercosporagriseola* isolates collected in the state of Minas Gerais, Brazil. **Annual Report of the Bean Improvement Cooperative**, Fort Collins, v. 52, n. 1, p. 56-57, 2009.

BARCELOS, Q. L.; SOUZA, E. A.; SILVA, K. J. D. e. Vegetative compatibility and genetic analysis of *Colletotrichumlindemuthianum* isolates from Brazil. **Genetics and Molecular Research**, Ribeirão Preto, v. 10, n. 1, p. 230-242, 2011.

BASSET, M. J. The griseoalbus (gray-white) seedcoat color is controlled by an allele (p^{gr}) at the P locus in common bean. **HortScience**, Alexandria, v. 29, n. 10, p. 1178-1179, Oct. 1994.

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

BASSET, M. J.; MCCLEAN, P. A brief review of the genetics of partly colored seed coats in common bean. **Annual Report of the Bean Improvement Cooperative**, New York, v. 43, n. 43, p. 99-100, Mar. 2000.

BASSET, M. J.; MIKLAS, P. N. A new gene, bic, with pleiotropic effects (with T P V) for bicolor flowers and dark olive brown seed coat in common bean. **Journal of the American Society for Horticultural Science**, Mount Vernon, v. 132, n. 3, p. 352-356, May 2007.

BERNARDO, R. **Breeding for quantitative traits in plants**. 2nd ed. Woodbury: Stemma, 2010. 400 p.

BERNARDO, R. **Essentials of plant breeding**. Woodbury: Stemma, 2014. 260 p.

BOREL, J. C. et al. Genetic control of the angular leaf spot reaction in common bean leaves and pods. **Scientia Agricola**, Piracicaba, v. 68, n. 6, p. 661-664, 2011.

BRIDGES, W. C.; KNAPP, S. J.; CORNELIUS, P. L. Standard errors and confidence interval estimators for expected selection response. **Crop Science**, Madison, v. 31, n. 2, p. 253-255, 1991.

CAIXETA, E. T. et al. Allelic relationships for genes that confer resistance to angular leaf spot in common bean. **Euphytica**, Wageningen, v. 135, n. 3, p. 237-245, Oct. 2005.

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

CARNEIRO, J. E. S. et al. Breeding potential of single, double and multiple crosses in common bean. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, Londrina, v. 2, n. 4, p. 515-524, 2002.

CHAVES, L. J. Interação de genótipos com ambientes. In: NASS, L. L. et al. (Ed.). **Recursos genéticos e melhoramento de plantas**. Rondonópolis: Fundação MT, 2001. p. 673-713.

CHECA, O. E.; BLAIR, M. W. Inheritance of yield-related traits in climbing beans (*Phaseolus vulgaris* L.). **Crop Science**, Madison, v. 52, n. 5, p. 1998-2013, Sept. 2012.

COCHRAN, W. G.; COX, G. M. **Experimental designs**. New York: Wiley, 1957. 611 p.

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

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

FALCONER, D. S.; MACKAY, T. F. C. **Introduction to quantitative genetics**. 4th ed. London: Longman, 1996. 463 p.

FERREIRA, D. F. **Estatística básica**. Lavras: UFLA, 2005. 664 p.

FERREIRA, D. F. et al. Métodos de avaliação da divergência genética em milho e suas relações com os cruzamentos dialélicos. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 30, n. 9, p. 1189-1194, set. 1995.

FERREIRA, J. J.; CAMPA, A.; KELLY, J. D. Organization of genes conferring resistance to anthracnose in common bean. In: VARSHNEY, R.; TUBEROSA, R. (Ed.). **Translational genomics for crop breeding: biotic stress**. Hoboken: Wiley-Blackwell, 2013. v. 1, p. 151-181.

FOOLAD, M. R.; BASSIRI, A. Estimates of combining ability, reciprocal effects and heterosis for yield and yield components in a common bean diallel cross. **The Journal of Agricultural Science**, Cambridge, v. 100, n. 1, p. 103-108, 1983.

FOUILLOUX, G.; BANNEROT, H. Selection methods in the common bean (*Phaseolus vulgaris*). In: GEPTS, P. (Ed.). **Genetic resources of phaseolus beans: their maintenance, domestication, evolution and utilization**. Wageningen: Kluwer Academic, 1988. p. 503-542.

GALLI, J. A.; PANIZZI, R. de C.; VIEIRA, R. D. Resistência de variedades de soja à morte de plântulas causada por *Colletotrichum truncatum*. **Arquivos do Instituto Biológico**, São Paulo, v. 74, n. 2, p. 163-165, abr./jun. 2007.

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

GOMES, M. de S. et al. Alternativas para seleção de híbridos de milho envolvendo vários caracteres visando à produção de silagem. **Revista Brasileira de Milho e Sorgo**, Sete Lagoas, v. 5, n. 3, p. 406-421, 2006.

GONÇALVES-VIDIGAL, M. C. et al. Characterization of *Colletotrichum lindemuthianum* isolates using differential cultivars of common bean in Santa Catarina state, Brazil. **Brazilian Archives of Biology and Technology**, Curitiba, v. 51, n. 5, p. 883-888, 2008.

GUILHERME, S. R. et al. Genetic control of inflorescence in common bean. **Genetics Molecular Research**, Ribeirão Preto, v. 13, n. 4, p. 10349-10358, 2014.

HALLAUER, A. R.; CARENA, M. J. C.; MIRANDA FILHO, J. B. **Quantitative genetics in maize breeding**. New York: Springer, 2010. 663 p.

ISHIKAWA, F. H.; RAMALHO, M. A. P.; SOUZA, E. A. de. Common bean lines as potential differential cultivars for race 65 of *Colletotrichum lindemuthianum*. **Journal of Plant Pathology**, Wageningen, v. 93, n. 2, p. 461-464, July 2011.

JINKS, J. L.; POONI, H. S. Predicting the properties of recombinant inbred lines derived by single seed descent. **Heredity**, Cary, v. 36, p. 253-166, 1976.

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

LEE, M. DNA markers and plant breeding programs. **Advances in Agronomy**, San Diego, v. 55, p. 265-327, 1995.

LIMA, D. C. et al. Breeding common bean populations for traits using selection index. **Scientia Agricola**, Piracicaba, v. 72, n. 2, p. 132-137, 2015.

LIMA, L. K.; ABREU, A. F. B.; RAMALHO, M. A. P. Implications of the progeny x environment interaction in selection index involving characteristics of the common bean. **Genetic and Molecular Research**, Ribeirão Preto, v. 11, n. 4, p. 4093-4099, Sept. 2012.

LIMA, L. K. et al. Implications of predictable and unpredictable environmental factors in common bean VCU trials in Minas Gerais. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, Londrina, v. 14, n. 3, p. 146-153, 2014.

MAHUKU, G. S. et al. Inheritance and characterization of the angular leaf spot resistance gene in the common bean accession, G 10474 and identification of an AFLP marker linked to the resistance gene. **Crop Science**, Madison, v. 44, n. 5, p. 1817-1824, Sept. 2004.

MCCLEAN, P. E. et al. Molecular and phenotypic mapping of genes controlling seed coat pattern and color in common bean (*Phaseolus vulgaris* L.). **Journal of Heredity**, Cary, v. 93, n. 2, p. 148-152, 2002.

MENDES, F. F. et al. Index to select the best segregating populations of common beans. **Annual Report of Bean Improvement Cooperative**, Fort Collins, v. 52, p. 14-15, 2009.

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

MUTLU, N. et al. Differential pathogenicity of *Xanthomonas campestris* pv. *phaseoli* and *X. fuscans* subsp. *fuscans* strains on bean genotypes with common blight resistance. **Plant Disease**, Quebec, v. 92, n. 4, p. 546-554, 2008.

NUNES, J. A. R.; RAMALHO, M. A. P.; ABREU, A. de F. B. Graphical method in studies of adaptability and stability of cultivars. **Annual Report of the Bean Improvement Cooperative**, Fort Collins, v. 48, p. 182-183, 2005.

PAULA JUNIOR, VIEIRA, R. F. et al. Doenças no feijoeiro: estratégias integradas de manejo. In: CARNEIRO, E. C.; PAULA JÚNIOR, T. J. de; BORÉM, A. (Ed.). **Feijão: do plantio à colheita**. Viçosa, MG: UFV, 2015. p. 270-299.

PASTOR-CORRALES, M. A.; JARA, C.; SINGH, S. P. Pathogenic variation in, sources of, and breeding for resistance to *Phaeoisariopsis griseola* causing angular leaf spot in common bean. **Euphytica**, Wageningen, v. 103, n. 2, p. 161-171, Sept. 1998.

PEREIRA, H. S. et al. Adaptabilidade e estabilidade de genótipos de feijoeiro-comum com grãos tipo carioca na região central do Brasil. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 44, n. 1, p. 29-37, jan. 2009.

PEREIRA, H. S. et al. Indicação de cultivares de feijoeiro comum baseada na avaliação conjunta de diferentes épocas de semeadura. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 45, n. 6, p. 571-578, jun. 2010.

PEREIRA, R. et al. Aggressiveness of *Pseudocercospora griseola* strains in common bean genotypes and implications for genetic improvement. **Genetics and Molecular Research**, Ribeirão Preto, v. 14, n. 2, p. 5044-5053, 2015.

PIMENTEL-GOMES, F. **Curso de estatística experimental**. 15. ed. Piracicaba: FEALQ, 2009. 451 p.

PINTO, J. M. A. et al. Investigating phenotypic variability in *Colletotrichum lindemuthianum* populations. **Phytopathology**, Saint Paul, v. 102, n. 5, p. 490-497, 2012.

PIRES, L. P. M. et al. Recurrent mass selection for upright plant architecture in common bean. **Scientia Agricola**, Piracicaba, v. 71, n. 3, p. 240-243, 2014.

PONTES JÚNIOR, V. de A. et al. Productive potential and interaction of elite bean lines with environments in the Central Cerrado of Brazil. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, Londrina, v. 12, n. 1, p. 8-16, 2012.

RAMALHO, M. A. P.; ABREU, A. de F. B. Obtenção de cultivares. In: CARNEIRO, E. C.; PAULA JÚNIOR, T. J. de; BORÉM, A. (Ed.). **Feijão: do plantio à colheita**. Viçosa, MG: UFV, 2015. p. 96-114.

RAMALHO, M. A. P. et al. **Aplicações da genética quantitativa no melhoramento de plantas autógamas**. Lavras: UFLA, 2012. 522 p.

RAMALHO, M. A. P.; FERREIRA, D. F.; OLIVEIRA, A. C. **Experimentação em genética e melhoramento de plantas**. 3. ed. Lavras: UFLA, 2012. 305 p.

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

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

SANTOS, J. B. et al. Botânica. In: CARNEIRO, E. C.; PAULA JÚNIOR, T. J. de; BORÉM, A. (Ed.). **Feijão: do plantio à colheita**. Viçosa, MG: UFV, 2015. p. 37-66.

SARTORATO, A. Pathogenic variability and genetic diversity of *Phaeoisariopsis griseola* isolates from two counties in the state of Goiás, Brazil. **Journal of Phytopathology**, Berlin, v. 152, n. 7, p. 385-390, July 2004.

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

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

SILVA, G. S. da et al. Genetic control of early grain darkening of carioca common bean. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, Londrina, v. 8, n. 4, p. 306-311, Dec. 2008.

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

SINGH, R. P. et al. Comparison of two crossing and four selection schemes for yield, yield traits and slow rusting resistance to leaf rust in wheat. **Euphytica**, Wageningen, v. 100, n. 1, p. 35-43, 1998.

SINGH, S. P. Broadening the genetics base of common bean cultivars: a review. **Crop Science**, Madison, v. 41, n. 6, p. 1659-1667, 2001.

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.

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

TAKEDA, C.; SANTOS, J. B.; RAMALHO, M. A. P. Progeny test for the ESAL 501 x A354 common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) hybrid at different locations. **Brazilian Journal of Genetics**, Ribeirão Preto, v. 14, n. 3, p. 771-779, 1991.

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

TORGA, P. P. et al. Interactions of common beans cultivars of the black group with years, locations and sowing seasons. **Euphytica**, Wageningen, v. 189, n. 2, p. 239-248, Jan. 2013.

YOUNG, R. et al. Marker-assisted dissection of oligogenic anthracnose resistance in common bean cultivar, 'G2333'. **Theoretical and Applied Genetics**, Berlin, v. 96, n. 1, p. 87-94, 1998.

ANEXOS

Tabela 1A. Resumo da análise de variância das variáveis padronizadas arquitetura de plantas e severidade de doenças obtida na avaliação de progênies F_{4,5} de feijoeiro em Lavras, MG. A semeadura ocorreu em julho de 2012.

Fonte de Variação	GL	Arquitetura de plantas		Severidade de doenças	
		QM	Prob. (>F)	QM	Prob. (>F)
Progênies	399	0,9644	0,7655	1,0375	0,2212
Progênies de híbridos simples	199	1,0170	0,5534	1,2816	<0,01
Progênies do HS1	49	1,1792	0,2510	1,0811	0,2723
Progênies do HS2	49	0,7397	0,9259	2,0258	<0,01
Progênies do HS3	49	0,8114	0,8524	0,5920	0,9809
Progênies do HS4	49	1,0186	0,5086	1,2476	0,0956
Populações de híbridos simples	3	6,2295	<0,01	4,2184	<0,01
Progênies de híbridos duplos	199	0,9156	0,8371	0,7939	0,9378
Progênies do HD1	99	0,7856	0,9513	0,7847	0,8900
Progênies do HD2	99	1,0473	0,4592	0,7866	0,8872
Populações de híbridos duplos	1	0,7305	0,4015	2,4296	0,1129
Híbrido Simples vs Híbrido Duplo	1	0,2021	0,6589	0,9544	0,3199
Erro	399	1,0357		0,9625	

Tabela 2A. Estimativas da herdabilidade (h^2), acurácia seletiva (r_{gs}^2) e ganho esperado com a seleção (GS), em porcentagem da média, considerando a seleção das dez melhores progênes, para as variáveis padronizadas arquitetura de plantas e severidade de doenças, obtidas na avaliação de progênes $F_{4,5}$ de feijoeiro em Lavras, MG. A semeadura ocorreu em julho de 2012.

Tratamentos	Arquitetura de plantas			Severidade de doenças		
	h^2 (%)	r_{gs}^2 (%)	GS	h^2 (%)	r_{gs}^2 (%)	GS
Progênes	0 (-31; 12) ¹	0	0 (-0,2; 0,2) ²	7,2 (-13; 24)	26,9	1,0 (0,9; 1,2)
Progênes de híbridos simples	0 (-30; 20)	0	0 (-0,2; 0,2)	24,9 (4; 41)	49,9	3,7 (3,5; 3,9)
Progênes de híbridos duplos	0 (-45; 11)	0	0 (-0,2; 0,2)	0 (-55; 4)	0	0 (-0,2; 0,2)
Progênes do HS1	12,2 (-39; 40)	34,9	2,1 (1,7; 2,4) ²	11,0 (-41; 40)	33,1	1,8 (1,5; 2,2)
Progênes do HS2	0 (-122; 5)	0	0 (-0,4; 0,4)	52,5 (25; 68)	72,5	9,6 (9,3; 10)
Progênes do HS3	0 (-102; 13)	0	0 (-0,4; 0,4)	0 (-157; -10)	0	0 (-0,4; 0,4)
Progênes do HS4	0 (-61; 31)	0	0 (-0,4; 0,4)	22,9 (-22; 48)	47,8	3,7 (3,4; 4,1)
Progênes do HD1	0 (-83; 2)	0	0 (-0,3; 0,3)	0 (-70; 9)	0	0 (-0,3; 0,3)
Progênes do HD2	1,1 (-37; 27)	10,6	0,2 (-0,1; 0,5)	0 (-70; 9)	0	0 (-0,3; 0,3)

¹Valores entre parêntesis apresentam os limites inferior e superior da herdabilidade.

²Valores entre parêntesis apresentam os limites inferior e superior do ganho esperado com a seleção.

Tabela 3A. Resumo da análise de variância das variáveis padronizadas produtividade de grãos e tipo de grão obtida na avaliação de progênies $F_{4:5}$ de feijoeiro em Lavras, MG. A semeadura ocorreu em julho de 2012.

Fonte de Variação	GL	Produtividade de grãos		Tipo de grão	
		QM	Prob. (>F)	QM	Prob. (>F)
Progênies	399	1,2718	<0,01	1,638	<0,01
Progênies de híbridos simples	199	1,3348	<0,01	1,8960	<0,01
Progênies do HS1	49	1,5205	<0,01	2,5599	<0,01
Progênies do HS2	49	0,9806	0,0670	1,3616	<0,01
Progênies do HS3	49	1,2023	<0,01	1,7439	<0,01
Progênies do HS4	49	1,5485	<0,01	0,9931	<0,01
Populações de híbridos simples	3	2,7570	<0,05	17,0122	<0,01
Progênies de híbridos duplos	199	1,1621	<0,01	1,3882	<0,01
Progênies do HD1	99	1,2820	<0,01	1,4109	<0,01
Progênies do HD2	99	1,0126	<0,05	1,3656	<0,01
Populações de híbridos duplos	1	4,0887	<0,05	1,3806	0,0515
Híbrido Simples vs Híbrido Duplo	1	10,5870	<0,01	0,0056	0,9012
Erro	399	0,7282		0,3620	

Tabela 4A. Estimativas da herdabilidade (h^2), acurácia seletiva (r_{gg}^1) e ganho esperado com a seleção (GS), em porcentagem da média, considerando a seleção das dez melhores progênes, para as variáveis padronizadas produtividade de grãos e tipo de grão, obtidas na avaliação de progênes $F_{4,5}$ de feijoeiro em Lavras, MG.A semeadura ocorreu em julho de 2012.

Tratamentos	Produtividade de grãos			Tipo de grão		
	h^2 (%)	r_{gg}^1 (%)	GS	h^2 (%)	r_{gg}^1 (%)	GS
Progênes	42,8 (30; 53) ¹	65,4	9,3 (9,2; 9,4) ²	77,9 (73; 82)	88,3	19,2 (19,1; 19,3)
Progênes de híbridos simples	45,5 (30; 57)	67,4	10,5 (10,3; 10,6)	80,9 (76; 85)	90,0	20,5 (20,4; 20,6)
Progênes de híbridos duplos	37,3 (20; 51)	61,1	7,0 (6,8; 7,1)	73,9 (67; 79)	86,0	16,2 (16,1; 16,3)
Progênes do HS1	52,1 (24; 68)	72,2	11,4 (11,1; 11,7)	85,9 (78; 90)	92,7	18,6 (18,3; 18,9)
Progênes do HS2	25,7 (-17; 50)	50,7	4,8 (4,5; 5,0)	73,4 (58; 82)	85,7	18,8 (18,6; 19,0)
Progênes do HS3	39,4 (4; 59)	62,8	9,7 (9,4; 10,0)	79,2 (67; 86)	89,0	14,5 (14,3; 14,8)
Progênes do HS4	53,0 (26; 68)	72,8	11,3 (11,0; 11,6)	63,6 (42; 75)	79,7	13,0 (12,8; 13,2)
Progênes do HD1	43,2 (21; 58)	65,7	7,9 (7,7; 8,1)	74,3 (64; 81)	86,2	17,4 (17,2; 17,5)
Progênes do HD2	28,1 (0; 47)	53,0	5,2 (5,1; 5,5)	73,5 (63; 80)	85,7	15,6 (15,5; 15,8)

¹Valores entre parêntesis apresentam os limites inferior e superior da herdabilidade.

²Valores entre parêntesis apresentam os limites inferior e superior do ganho esperado com a seleção.

Tabela 5A. Resumo da análise de variância do ΣZ obtido na avaliação de progênies F_{4:5} feijoeiro em Lavras, MG. A semeadura ocorreu em julho de 2012.

Fonte de Variação	GL	QM	Prob. (>F)
Progênies	399	5,8285	<0,01
Progênies de híbridos simples	199	6,8750	<0,01
Progênies do HS1	49	6,6473	<0,01
Progênies do HS2	49	5,0824	0,0509
Progênies do HS3	49	5,7535	<0,05
Progênies do HS4	49	6,2921	<0,01
Populações de híbridos simples	3	67,7096	<0,01
Progênies de híbridos duplos	199	4,7718	<0,05
Progênies do HD1	99	4,7653	<0,05
Progênies do HD2	99	4,6728	0,0567
Populações de híbridos duplos	1	15,2189	<0,05
Híbrido Simples vs Híbrido Duplo	1	7,8468	0,1446
Erro	399	3,6726	

Tabela 6A. Estimativas da herdabilidade (h^2), acurácia seletiva (r_{gg}) e ganho esperado com a seleção (GS), em porcentagem da média, considerando a seleção das dez melhores progênies, para o ΣZ , obtidas na avaliação de progênies $F_{4,5}$ de feijoeiro em Lavras, MG.A semeadura ocorreu em julho de 2012.

Tratamentos	h^2 (%)	r_{gg} (%)	GS
Progênies	37,0 (23; 48) ¹	60,8	4,0 (3,4; 4,5) ²
Progênies de híbridos simples	46,6 (32; 58)	68,3	5,1 (4,4; 5,7)
Progênies de híbridos duplos	23,0 (2; 39)	48,0	2,3 (1,6; 3,1)
Progênies do HS1	44,8 (13; 63)	66,9	4,2 (2,9; 5,5)
Progênies do HS2	27,7 (-14; 51)	52,7	2,2 (0,8; 3,6)
Progênies do HS3	36,2 (-1; 57)	60,1	3,2 (1,8; 4,5)
Progênies do HS4	41,6 (8; 60)	64,5	6,2 (4,9; 7,5)
Progênies do HD1	22,9 (-7; 43)	47,9	2,2 (1,1; 3,1)
Progênies do HD2	21,4 (-9; 42)	46,3	2,4 (1,4; 3,4)

¹Valores entre parêntesis apresentam os limites inferior e superior da herdabilidade.

²Valores entre parêntesis apresentam os limites inferior e superior do ganho esperado com a seleção.

Tabela 7A. Resumo da análise de variância das variáveis padronizadas arquitetura de plantas e severidade de doenças obtida na avaliação de progênies $F_{4;6}$ de feijoeiro em Lavras, MG. A semeadura ocorreu em novembro de 2012.

Fonte de Variação	GL	Arquitetura de plantas		Severidade de doenças	
		QM	Prob. (>F)	QM	Prob. (>F)
Progênies	399	1,3404	<0,01	1,3434	<0,01
Progênies de híbridos simples	199	1,3625	<0,01	1,5687	<0,01
Progênies do HS1	49	1,2642	<0,01	1,2225	<0,01
Progênies do HS2	49	1,4076	<0,01	1,1750	<0,01
Progênies do HS3	49	0,9865	<0,05	1,5471	<0,01
Progênies do HS4	49	1,2419	<0,01	1,6477	<0,01
Populações de híbridos simples	3	10,3420	<0,01	12,7167	<0,01
Progênies de híbridos duplos	199	1,3221	<0,01	1,1212	<0,01
Progênies do HD1	99	1,1232	<0,01	1,1933	<0,01
Progênies do HD2	99	1,5318	<0,01	0,9103	<0,05
Populações de híbridos duplos	1	0,2653	0,5263	14,8667	<0,01
Híbrido Simples vs Híbrido Duplo	1	0,5883	0,3455	0,7343	0,2909
Erro	399	0,6596		0,6566	

Tabela 8A. Estimativas da herdabilidade (h^2), acurácia seletiva (r_{gg}) e ganho esperado com a seleção (GS), em porcentagem da média, considerando a seleção das dez melhores progênies, para as variáveis padronizadas arquitetura de plantas e severidade de doenças, obtidas na avaliação de progênies $F_{4;6}$ de feijoeiro em Lavras, MG.A semeadura ocorreu em novembro de 2012.

Tratamentos	Arquitetura de plantas			Severidade de doenças		
	h^2 (%)	r_{gg} (%)	GS	h^2 (%)	r_{gg} (%)	GS
Progênies	50,8 (40; 60) ¹	71,3	9,1 (9,0; 9,2) ²	51,1 (41; 60)	71,5	9,0 (8,9; 9,1)
Progênies de híbridos simples	51,6 (38; 62)	71,8	9,0 (8,8; 9,1)	58,2 (46; 67)	76,3	10,0 (9,9; 10,1)
Progênies de híbridos duplos	50,1 (36; 61)	70,8	9,2 (9,0; 9,3)	41,4 (25; 54)	64,4	7,1 (7,0; 7,3)
Progênies do HS1	47,8 (17; 65)	69,2	8,5 (8,2; 8,8)	46,3 (15; 64)	68,0	6,9 (6,6; 7,2)
Progênies do HS2	53,1 (26; 68)	72,9	10,2 (10,0; 10,5)	44,1 (12; 62)	66,0	7,8 (7,5; 8,0)
Progênies do HS3	33,1 (-6; 55)	57,6	3,9 (3,6; 4,1)	57,6 (33; 71)	75,9	13,7 (13,4; 14,0)
Progênies do HS4	46,9 (16; 64)	68,5	8,0 (7,7; 8,2)	60,2 (37; 73)	77,6	7,8 (7,5; 8,1)
Progênies do HD1	41,3 (19; 56)	64,3	7,0 (6,8; 7,2)	45,0 (24; 29)	67,1	8,3 (8,1; 8,5)
Progênies do HD2	56,9 (40; 68)	75,5	11,6 (11,4; 11,7)	27,9 (0; 46)	52,8	4,3 (4,1; 4,5)

¹Valores entre parêntesis apresentam os limites inferior e superior da herdabilidade.

²Valores entre parêntesis apresentam os limites inferior e superior do ganho esperado com a seleção.

Tabela 9A. Resumo da análise de variância das variáveis padronizadas produtividade de grãos e tipo de grão obtida na avaliação de progênies $F_{4,6}$ de feijoeiro em Lavras, MG. A semeadura ocorreu em novembro de 2012.

Fonte de Variação	GL	Produtividade de grãos		Tipo de grão	
		QM	Prob. (>F)	QM	Prob. (>F)
Progênies	399	1,4343	<0,01	1,6800	<0,01
Progênies de híbridos simples	199	1,4019	<0,01	1,6160	<0,01
Progênies do HS1	49	1,3264	<0,01	2,4726	<0,01
Progênies do HS2	49	1,0330	<0,01	0,9414	<0,01
Progênies do HS3	49	1,2567	<0,01	0,9952	<0,01
Progênies do HS4	49	1,0352	<0,01	1,4022	<0,01
Populações de híbridos simples	3	17,0180	<0,01	12,2750	<0,01
Progênies de híbridos duplos	199	1,4461	<0,01	1,7022	<0,01
Progênies do HD1	99	1,1330	<0,01	1,3085	<0,01
Progênies do HD2	99	1,6602	<0,01	1,8537	<0,01
Populações de híbridos duplos	1	11,2420	<0,01	25,6870	<0,01
Híbrido Simples vs Híbrido Duplo	1	5,5576	<0,01	10,0020	<0,01
Erro	399	0,5657		0,3200	

Tabela 10A. Estimativas da herdabilidade (h^2), acurácia seletiva ($r_{gg'}$) e ganho esperado com a seleção (GS), em porcentagem da média, considerando a seleção das dez melhores progênes, para as variáveis padronizadas produtividade de grãos e tipo de grão, obtidas na avaliação de progênes $F_{4;6}$ de feijoeiro em Lavras, MG.A semeadura ocorreu em novembro de 2012.

Tratamentos	Produtividade de grãos			Tipo de grão		
	h^2 (%)	$r_{gg'}$ (%)	GS	h^2 (%)	$r_{gg'}$ (%)	GS
Progênes	60,6 (52; 68) ¹	77,8	12,6 (12,0; 12,7) ²	81,0 (77; 84)	90,0	18,9 (18,9; 19,0)
Progênes de híbridos simples	59,7 (48; 68)	77,2	13,1 (12,9; 13,2)	80,2 (75; 84)	89,6	20,2 (20,0; 20,3)
Progênes de híbridos duplos	60,9 (50; 69)	78,0	12,1 (11,9; 12,2)	81,2 (76; 85)	90,1	17,6 (17,5; 17,7)
Progênes do HS1	57,4 (33; 71)	75,7	11,4 (11,1; 11,6)	87,1 (80; 91)	93,3	26,8 (26,5; 27,0)
Progênes do HS2	45,2 (13; 63)	67,3	7,8 (7,6; 8,0)	66,0 (46; 77)	81,3	9,2 (9,0; 9,3)
Progênes do HS3	55,0 (29; 69)	74,2	13,9 (13,7; 14,2)	67,9 (49; 78)	82,4	16,7 (16,5; 16,9)
Progênes do HS4	45,4 (14; 63)	67,4	9,9 (9,6; 10,1)	77,2 (64; 85)	87,9	12,0 (11,8; 12,2)
Progênes do HD1	50,1 (31; 63)	70,8	9,5 (9,3; 9,6)	75,5 (66; 82)	86,9	11,0 (10,9; 11,2)
Progênes do HD2	65,9 (53; 75)	81,2	13,8 (13,6; 14,0)	82,7 (76; 87)	91,0	24,5 (24,4; 24,7)

¹Valores entre parêntesis apresentam os limites inferior e superior da herdabilidade.

²Valores entre parêntesis apresentam os limites inferior e superior do ganho esperado com a seleção.

Tabela 11A. Resumo da análise de variância do ΣZ obtido na avaliação de progênies $F_{4,6}$ de feijoeiro em Lavras, MG.A semeadura ocorreu em novembro de 2012.

Fonte de Variação	GL	QM	Prob. (>F)
Progênies	399	5,6898	<0,01
Progênies de híbridos simples	199	5,4377	<0,01
Progênies do HS1	49	6,9193	<0,01
Progênies do HS2	49	4,7014	<0,01
Progênies do HS3	49	4,0450	<0,01
Progênies do HS4	49	4,1831	<0,01
Populações de híbridos simples	3	36,5023	<0,01
Progênies de híbridos duplos	199	5,8223	<0,01
Progênies do HD1	99	5,3915	<0,01
Progênies do HD2	99	6,2407	<0,01
Populações de híbridos duplos	1	7,0513	0,0682
Híbrido Simples vs Híbrido Duplo	1	29,4877	<0,01
Erro	399	2,1084	

Tabela 12A. Estimativas da herdabilidade (h^2), acurácia seletiva (r_{gg}), e ganho esperado com a seleção (GS), em porcentagem da média, considerando a seleção das dez melhores progênies, para o ΣZ , obtidas na avaliação de progênies $F_{4:6}$ de feijoeiro em Lavras, MG.A semeadura ocorreu em novembro de 2012.

Tratamentos	h^2 (%)	r_{gg} (%)	GS
Progênies	62,9 (55; 70) ¹	79,3	6,7 (6,4; 7) ²
Progênies de híbridos simples	61,2 (50; 69)	78,3	6,9 (6,6; 7,3)
Progênies de híbridos duplos	63,8 (54; 71)	79,9	6,3 (5,9; 6,7)
Progênies do HS1	69,5 (52; 79)	83,4	8,4 (7,6; 9,1)
Progênies do HS2	55,2 (29; 70)	74,3	5,5 (4,8; 6,2)
Progênies do HS3	47,9 (18; 65)	69,2	5,9 (5,2; 6,7)
Progênies do HS4	49,6 (20; 66)	70,4	4,5 (3,8; 5,2)
Progênies do HD1	60,9 (46; 71)	78,0	5,5 (5; 6)
Progênies do HD2	66,2 (53; 75)	81,4	7,1 (6,6; 7,6)

¹Valores entre parêntesis apresentam os limites inferior e superior da herdabilidade.

²Valores entre parêntesis apresentam os limites inferior e superior do ganho esperado com a seleção.

Tabela 13A. Resumo da análise de variância das variáveis padronizadas arquitetura de plantas e severidade de doenças obtida na avaliação de progênies F_{4,6} de feijoeiro em Lambari, MG.A semeadura ocorreu em novembro de 2012.

Fonte de Variação	GL	Arquitetura de plantas		Severidade de doenças	
		QM	Prob. (>F)	QM	Prob. (>F)
Progênies	399	1,4033	<0,01	1,3493	<0,01
Progênies de híbridos simples	199	1,4455	<0,01	1,3110	<0,01
Progênies do HS1	49	1,3278	<0,01	1,5642	<0,01
Progênies do HS2	49	1,2775	<0,01	1,4050	<0,01
Progênies do HS3	49	1,6742	<0,01	0,8652	0,0757
Progênies do HS4	49	1,0389	<0,01	1,0959	<0,01
Populações de híbridos simples	3	9,0157	<0,01	6,4373	<0,01
Progênies de híbridos duplos	199	1,2127	<0,01	1,2863	<0,01
Progênies do HD1	99	1,1599	<0,01	1,3529	<0,01
Progênies do HD2	99	1,2671	<0,01	1,2073	<0,01
Populações de híbridos duplos	1	1,0385	0,1879	2,5119	0,0501
Híbrido Simples vs Híbrido Duplo	1	30,9305	<0,01	21,5160	<0,01
Erro	399	1,4033		0,6507	

Tabela 14A. Estimativas da herdabilidade (h^2), acurácia seletiva (r_{gg}) e ganho esperado com a seleção (GS), em porcentagem da média, considerando a seleção das dez melhores progênes, para as variáveis padronizadas arquitetura de plantas e severidade de doenças, obtidas na avaliação de progênes $F_{4,6}$ de feijoeiro em Lambari, MG.A semeadura ocorreu em novembro de 2012.

Tratamentos	Arquitetura de plantas			Severidade de doenças		
	h^2 (%)	r_{gg} (%)	GS	h^2 (%)	r_{gg} (%)	GS
Progênes	57,5 (48; 65) ¹	75,8	10,3 (10,0; 10,4) ²	51,8 (41; 60)	72,0	9,1 (8,9; 9,2)
Progênes de híbridos simples	58,7 (47; 67)	76,6	12,0 (11,8; 12,1)	50,4 (37; 61)	71,0	7,9 (7,8; 8,1)
Progênes de híbridos duplos	50,8 (37; 61)	71,3	7,8 (7,7; 8,0)	49,4 (35; 60)	70,3	9,5 (9,4; 9,7)
Progênes do HS1	55,1 (29; 70)	74,2	14,6 (14,3; 14,8)	58,4 (34; 72)	76,4	9,5 (9,2; 9,8)
Progênes do HS2	53,3 (26; 68)	73,0	10,4 (10,1; 10,6)	53,7 (27; 69)	73,3	8,1 (7,9; 8,4)
Progênes do HS3	64,4 (44; 76)	80,2	11,0 (10,8; 11,3)	24,8 (-19; 49)	49,8	3,0 (2,7; 3,2)
Progênes do HS4	42,6 (9; 61)	65,2	7,0 (6,8; 7,3)	40,6 (6; 60)	63,7	6,4 (6,2; 6,7)
Progênes do HD1	48,6 (29; 62)	69,7	6,6 (6,4; 6,8)	51,9 (33; 64)	72,0	9,9 (9,7; 10,1)
Progênes do HD2	52,9 (35; 65)	72,7	8,6 (8,4; 8,8)	46,1 (25; 60)	67,9	8,8 (8,6; 9,0)

¹Valores entre parêntesis apresentam os limites inferior e superior da herdabilidade.

²Valores entre parêntesis apresentam os limites inferior e superior do ganho esperado com a seleção.

Tabela 15A. Resumo da análise de variância das variáveis padronizadas produtividade de grãos e tipo de grão obtida na avaliação de progênies $F_{4,6}$ de feijoeiro em Lambari, MG.A semeadura ocorreu em novembro de 2012.

Fonte de Variação	GL	Produtividade de grãos		Tipo de grão	
		QM	Prob. (>F)	QM	Prob. (>F)
Progênies	399	1,3777	<0,01	1,4538	<0,01
Progênies de híbridos simples	199	1,4500	<0,01	1,3463	<0,01
Progênies do HS1	49	1,3350	<0,01	1,7012	<0,01
Progênies do HS2	49	1,7624	<0,01	0,8698	<0,01
Progênies do HS3	49	1,2283	<0,01	1,3589	<0,01
Progênies do HS4	49	1,2745	<0,01	0,9054	<0,01
Populações de híbridos simples	3	4,7124	<0,01	10,3262	<0,01
Progênies de híbridos duplos	199	1,3080	<0,01	1,5587	<0,01
Progênies do HD1	99	1,4591	<0,01	1,4010	<0,01
Progênies do HD2	99	1,1625	<0,01	1,4051	<0,01
Populações de híbridos duplos	1	0,7467	0,2740	32,3783	<0,01
Híbrido Simples vs Híbrido Duplo	1	0,8543	0,2420	1,9828	0,0575
Erro	399	0,6223		0,5462	

Tabela 16A. Estimativas da herdabilidade (h^2), acurácia seletiva (r_{gg}) e ganho esperado com a seleção (GS), em porcentagem da média, considerando a seleção das dez melhores progênieis, para as variáveis padronizadas produtividade de grãos e tipo de grão, obtidas na avaliação de progênieis $F_{4;6}$ de feijoeiro em Lambari, MG.A semeadura ocorreu em novembro de 2012.

Tratamentos	Produtividade de grãos			Tipo de grão		
	h^2 (%)	r_{gg} (%)	GS	h^2 (%)	r_{gg} (%)	GS
Progênieis	54,8 (45; 63) ¹	74,1	13,6 (13,0; 13,7) ²	62,4 (54; 69)	79,0	15,9 (15,8; 16,0)
Progênieis de híbridos simples	57,1 (45; 66)	75,6	12,6 (12,4; 12,7)	59,4 (48; 68)	77,1	13,8 (13,7; 13,9)
Progênieis de híbridos duplos	52,4 (39; 62)	72,4	14,4 (14,3; 14,5)	65,0 (55; 72)	80,6	17,0 (16,9; 17,1)
Progênieis do HS1	53,4 (26; 68)	73,1	12,4 (12,1; 12,6)	67,9 (49; 78)	82,4	19,5 (19,2; 19,8)
Progênieis do HS2	64,7 (44; 76)	80,4	14,0 (13,7; 14,3)	37,2 (1; 57)	61,0	5,9 (5,7; 6,1)
Progênieis do HS3	49,3 (20; 66)	70,2	6,7 (6,5; 7,0)	59,8 (36; 73)	77,3	11,4 (11,1; 11,6)
Progênieis do HS4	51,2 (23; 67)	71,5	10,9 (10,6; 11,1)	39,7 (5; 59)	63,0	7,2 (6,9; 7,4)
Progênieis do HD1	57,4 (41; 68)	75,7	17,3 (17,2; 17,5)	61,0 (46; 71)	78,1	13,2 (13,0; 13,4)
Progênieis do HD2	46,5 (26; 60)	68,2	7,9 (7,7; 8,0)	61,0 (46; 71)	78,2	20,4 (20,2; 20,5)

¹Valores entre parêntesis apresentam os limites inferior e superior da herdabilidade.

²Valores entre parêntesis apresentam os limites inferior e superior do ganho esperado com a seleção.

Tabela 17A. Resumo da análise de variância do ΣZ obtido na avaliação de progênies $F_{4:6}$ de feijoeiro em Lambari, MG. A semeadura ocorreu em novembro de 2012.

Fonte de Variação	GL	QM	Prob. (>F)
Progênies	399	6,9988	<0,01
Progênies de híbridos simples	199	7,6515	<0,01
Progênies do HS1	49	8,5084	<0,01
Progênies do HS2	49	8,1701	<0,01
Progênies do HS3	49	5,4351	<0,01
Progênies do HS4	49	5,4300	<0,01
Populações de híbridos simples	3	57,6699	<0,01
Progênies de híbridos duplos	199	6,3714	<0,01
Progênies do HD1	99	7,1052	<0,01
Progênies do HD2	99	5,4083	<0,01
Populações de híbridos duplos	1	29,0728	<0,01
Híbrido Simples vs Híbrido Duplo	1	1,9789	0,3634
Erro	399	2,3901	

Tabela 18A. Estimativas da herdabilidade (h^2), acurácia seletiva (r_{gg}), e ganho esperado com a seleção (GS), em porcentagem da média, considerando a seleção das dez melhores progênies, para o ΣZ , obtidas na avaliação de progênies $F_{4:6}$ de feijoeiro em Lambari, MG. O experimento foi semeado em novembro de 2012.

Tratamentos	h^2 (%)	r_{gg} (%)	GS
Progênies	65,9 (58; 72) ¹	81,2	8,3 (8,0; 8,6) ²
Progênies de híbridos simples	68,8 (60; 75)	82,9	7,9 (7,5; 8,4)
Progênies de híbridos duplos	62,5 (52; 70)	79,0	8,5 (8,1; 8,9)
Progênies do HS1	71,9 (56; 81)	84,8	9,2 (8,3; 10,0)
Progênies do HS2	70,8 (54; 80)	84,1	8,7 (7,9; 9,5)
Progênies do HS3	56,0 (30; 70)	74,9	4,6 (3,8; 5,4)
Progênies do HS4	56,0 (30; 70)	74,8	6,8 (6,0; 7,6)
Progênies do HD1	66,4 (53; 75)	81,5	7,5 (7,0; 8,1)
Progênies do HD2	55,8 (39; 67)	74,7	10,0 (9,4; 10,6)

¹Valores entre parêntesis apresentam os limites inferior e superior da herdabilidade.

²Valores entre parêntesis apresentam os limites inferior e superior do ganho esperado com a seleção.

Tabela 19A. Resumo da análise de variância das variáveis padronizadas arquitetura de plantas e severidade de doenças obtida na avaliação de progênies F_{4:7} de feijoeiro em Lavras, MG. A semeadura ocorreu em fevereiro de 2013.

Fonte de Variação	GL	Arquitetura de plantas		Severidade de doenças	
		QM	Prob. (>F)	QM	Prob. (>F)
Progênies	399	1,4794	<0,01	1,3644	<0,01
Progênies de híbridos simples	199	1,4373	<0,01	1,6868	<0,01
Progênies do HS1	49	1,7140	<0,01	1,5252	<0,01
Progênies do HS2	49	0,8373	<0,01	1,0655	<0,01
Progênies do HS3	49	1,2832	<0,01	1,0323	<0,01
Progênies do HS4	49	1,1311	<0,01	1,6697	<0,01
Populações de híbridos simples	3	14,2334	<0,01	25,4430	<0,01
Progênies de híbridos duplos	199	1,5104	<0,01	1,0477	<0,01
Progênies do HD1	99	1,7302	<0,01	1,1091	<0,01
Progênies do HD2	99	1,2644	<0,01	0,9355	<0,01
Populações de híbridos duplos	1	4,1081	<0,01	6,0790	<0,01
Híbrido Simples vs Híbrido Duplo	1	3,6879	<0,01	0,2111	0,5648
Erro	399	0,5206		0,6356	

Tabela 20A. Estimativas da herdabilidade (h^2), acurácia seletiva (r_{gg}) e ganho esperado com a seleção (GS), em porcentagem da média, considerando a seleção das dez melhores progênies, para as variáveis padronizadas arquitetura de plantas e severidade de doenças, obtidas na avaliação de progênies $F_{4,7}$ de feijoeiro em Lavras, MG.A semeadura ocorreu em fevereiro de 2013.

Tratamentos	Arquitetura de plantas			Severidade de doenças		
	h^2 (%)	r_{gg} (%)	GS	h^2 (%)	r_{gg} (%)	GS
Progênies	64,8 (57; 71) ¹	80,5	12,3 (12,0; 12,4) ²	53,4 (43; 62)	73,1	9,9 (9,7; 10,0)
Progênies de híbridos simples	63,8 (54; 71)	79,9	11,9 (11,8; 12,1)	62,3 (52; 70)	78,9	11,7 (11,6; 11,9)
Progênies de híbridos duplos	65,5 (56; 73)	81,0	12,2 (12,1; 12,4)	39,3 (22; 52)	62,7	6,8 (6,6; 6,9)
Progênies do HS1	69,6 (52; 79)	83,4	13,8 (13,5; 14,0)	58,3 (34; 72)	76,4	15,2 (15,0; 15,5)
Progênies do HS2	37,8 (2; 58)	61,5	6,38 (6,2; 6,6)	40,3 (6; 60)	63,5	6,6 (6,3; 6,8)
Progênies do HS3	59,4 (36; 72)	77,1	7,4 (7,2; 7,6)	38,4 (3; 58)	62,0	4,4 (4,1; 4,6)
Progênies do HS4	54,0 (27; 69)	73,5	9,1 (8,9; 9,3)	61,9 (40; 74)	78,7	10,0 (9,7; 10,2)
Progênies do HD1	69,9 (58; 78)	83,6	12,3 (12,2; 12,5)	42,7 (20; 57)	65,3	7,0 (6,8; 7,2)
Progênies do HD2	58,8 (43; 69)	76,7	11,7 (11,5; 11,8)	32,1 (6; 50)	56,6	5,9 (5,7; 6,0)

¹Valores entre parêntesis apresentam os limites inferior e superior da herdabilidade.

²Valores entre parêntesis apresentam os limites inferior e superior do ganho esperado com a seleção.

Tabela 21A. Resumo da análise de variância das variáveis padronizadas produtividade de grãos e tipo de grão obtida na avaliação de progênies F_{4;7} de feijoeiro em Lavras. A semeadura ocorreu em fevereiro de 2013.

Fonte de Variação	GL	Produtividade de grãos		Tipo de grão	
		QM	Prob. (>F)	QM	Prob. (>F)
Progênies	399	1,2611	<0,01	1,8236	<0,01
Progênies de híbridos simples	199	1,3261	<0,01	2,0330	<0,01
Progênies do HS1	49	0,9217	0,1320	2,9218	<0,01
Progênies do HS2	49	1,0693	<0,05	1,2910	<0,01
Progênies do HS3	49	1,1321	<0,05	2,1339	<0,01
Progênies do HS4	49	1,6883	<0,01	1,5712	<0,01
Populações de híbridos simples	3	9,3783	<0,01	5,5279	<0,01
Progênies de híbridos duplos	199	1,1784	<0,01	1,4643	<0,01
Progênies do HD1	99	1,3239	<0,01	1,5922	<0,01
Progênies do HD2	99	1,0415	<0,05	1,2946	<0,01
Populações de híbridos duplos	1	0,3269	0,5064	5,5998	<0,01
Híbrido Simples vs Híbrido Duplo	1	4,7981	<0,05	31,6824	<0,01
Erro	399	0,7389		0,1764	

Tabela 22A. Estimativas da herdabilidade (h^2), acurácia seletiva (r_{gg}^2) e ganho esperado com a seleção (GS), em porcentagem da média, considerando a seleção das dez melhores progênes, para as variáveis padronizadas produtividade de grãos e tipo de grão, obtidas na avaliação de progênes $F_{4,7}$ de feijoeiro em Lavras, MG.A semeadura ocorreu em fevereiro de 2013.

Tratamentos	Produtividade de grãos			Tipo de grão		
	h^2 (%)	r_{gg}^2 (%)	GS	h^2 (%)	r_{gg}^2 (%)	GS
Progênes	41,4 (29; 52) ¹	64,4	8,2 (8,0; 8,3) ²	90,3 (88; 92)	95,0	25,2 (25,1; 25,2)
Progênes de híbridos simples	44,3 (29; 56)	66,6	8,6 (8,4; 8,7)	91,3 (89; 93)	95,6	29,4 (29,3; 29,5)
Progênes de híbridos duplos	37,3 (20; 50)	61,1	7,5 (7,3; 7,6)	88,0 (85; 90)	93,8	20,9 (20,8; 21,0)
Progênes do HS1	19,8 (-27; 46)	44,5	2,8 (2,5; 3,0)	94,0 (90; 96)	96,9	31,9 (31,6; 32,2)
Progênes do HS2	30,9 (-9; 53)	55,6	5,1 (4,8; 5,4)	86,3 (78; 91)	92,9	24,1 (23,9; 24,3)
Progênes do HS3	34,7 (-3; 56)	58,9	6,8 (6,5; 7,1)	91,7 (87; 94)	95,8	22,9 (22,7; 23,2)
Progênes do HS4	56,2 (31; 70)	75,0	14 (13,7; 14,3)	88,8 (82; 92)	94,2	30,1 (29,9; 30,3)
Progênes do HD1	44,2 (23; 59)	66,5	8,9 (8,7; 9,1)	89,0 (85; 92)	94,3	19,5 (19,3; 19,6)
Progênes do HD2	29,1 (2; 47)	53,9	6,0 (5,8; 6,2)	86,4 (81; 90)	92,9	23,5 (23,4; 23,7)

¹Valores entre parêntesis apresentam os limites inferior e superior da herdabilidade.

²Valores entre parêntesis apresentam os limites inferior e superior do ganho esperado com a seleção.

Tabela 23A. Resumo da análise de variância do ΣZ obtido na avaliação de progênies $F_{4,7}$ de feijoeiro em Lavras, MG. A semeadura ocorreu em fevereiro de 2013.

Fonte de Variação	GL	QM	Prob. (>F)
Progênies	399	8,8691	<0,01
Progênies de híbridos simples	199	8,8068	<0,01
Progênies do HS1	49	11,3876	<0,01
Progênies do HS2	49	6,9312	<0,01
Progênies do HS3	49	6,2967	<0,01
Progênies do HS4	49	6,3067	<0,01
Populações de híbridos simples	3	79,1192	<0,01
Progênies de híbridos duplos	199	8,8554	<0,01
Progênies do HD1	99	9,3520	<0,01
Progênies do HD2	99	8,3747	<0,01
Populações de híbridos duplos	1	7,2777	0,1050
Híbrido Simples vs Híbrido Duplo	1	24,0027	<0,01
Erro	399	8,8691	

Tabela 24A. Estimativas da herdabilidade (h^2), acurácia seletiva (r_{gg}), e ganho esperado com a seleção (GS), em porcentagem da média, considerando a seleção das dez melhores progênies, para o ΣZ , obtidas na avaliação de progênies $F_{4:7}$ de feijoeiro em Lavras, MG.A semeadura ocorreu em fevereiro de 2013.

Tratamentos	h^2 (%)	r_{gg} (%)	GS
Progênies	68,9 (62; 74) ¹	83,0	8,9 (8,5; 9,2) ²
Progênies de híbridos simples	68,7 (60; 75)	82,9	9,4 (8,9; 9,8)
Progênies de híbridos duplos	68,9 (60; 75)	83,0	8,2 (7,7; 8,7)
Progênies do HS1	75,8 (62; 84)	87,1	15,5 (14,6; 16,4)
Progênies do HS2	60,2 (37; 73)	77,6	7,0 (6,0; 7,9)
Progênies do HS3	56,2 (31; 70)	75,0	5,6 (4,6; 6,5)
Progênies do HS4	56,3 (31; 70)	75,0	8,1 (7,2; 9,1)
Progênies do HD1	70,5 (59; 78)	84,0	7,9 (7,3; 8,6)
Progênies do HD2	67,1 (54; 76)	81,9	8,7 (8,0; 9,3)

¹Valores entre parêntesis apresentam os limites inferior e superior da herdabilidade.

²Valores entre parêntesis apresentam os limites inferior e superior do ganho esperado com a seleção.

Tabela 25A. Resumo da análise de variância das variáveis padronizadas arquitetura de plantas e severidade de doenças obtida na avaliação de progênies F_{4,7} de feijoeiro em Patos de Minas, MG.A semeadura ocorreu em fevereiro de 2013.

Fonte de Variação	GL	Arquitetura de plantas		Severidade de doenças	
		QM	Prob. (>F)	QM	Prob. (>F)
Progênies	399	1,5010	<0,01	1,2227	<0,01
Progênies de híbridos simples	199	1,6676	<0,01	1,1167	<0,01
Progênies do HS1	49	1,2199	<0,01	1,3462	<0,01
Progênies do HS2	49	1,3428	<0,01	1,1298	<0,05
Progênies do HS3	49	1,3043	<0,01	1,1745	<0,05
Progênies do HS4	49	2,0383	<0,01	0,7675	0,5014
Populações de híbridos simples	3	14,1636	<0,01	1,9145	0,0621
Progênies de híbridos duplos	199	1,3209	<0,01	1,3346	<0,01
Progênies do HD1	99	1,3251	<0,01	1,3154	<0,01
Progênies do HD2	99	1,3037	<0,01	1,3251	<0,01
Populações de híbridos duplos	1	2,6035	<0,05	4,1733	<0,05
Híbrido Simples vs Híbrido Duplo	1	4,1817	<0,01	0,0513	0,7974
Erro	399	0,4990		0,7773	

Tabela 26A. Estimativas da herdabilidade (h^2), acurácia seletiva ($r_{gg'}$) e ganho esperado com a seleção (GS), em porcentagem da média, considerando a seleção das dez melhores progênies, para as variáveis padronizadas arquitetura de plantas e severidade de doenças, obtidas na avaliação de progênies $F_{4;7}$ de feijoeiro em Patos de Minas, MG. A semeadura ocorreu em fevereiro de 2013.

Tratamentos	Arquitetura de plantas			Severidade de doenças		
	h^2 (%)	$r_{gg'}$ (%)	GS	h^2 (%)	$r_{gg'}$ (%)	GS
Progênies	66,8 (60; 73) ¹	81,7	14,2 (14,0; 14,3) ²	36,4 (23; 48)	60,4	7,5 (7,4; 7,6)
Progênies de híbridos simples	70,1 (62; 76)	83,7	14,7 (14,5; 14,8)	30,4 (11; 45)	55,1	6,2 (6,0; 6,3)
Progênies de híbridos duplos	62,2 (52; 70)	78,9	12,9 (12,7; 13,0)	41,8 (26; 54)	64,6	7,0 (6,9; 7,2)
Progênies do HS1	59,1 (35; 72)	76,9	9,9 (9,6; 10,1)	42,3 (9; 61)	65,0	7,7 (7,4; 8,0)
Progênies do HS2	62,8 (41; 75)	79,3	14,5 (14,2; 14,7)	31,2 (-9; 53)	55,9	6,5 (6,2; 6,8)
Progênies do HS3	61,7 (39; 74)	78,6	9,5 (9,2; 9,7)	33,8 (-5; 55)	58,2	7,5 (7,2; 7,8)
Progênies do HS4	75,5 (61; 83)	86,9	16 (15,8; 16,3)	0 (-60; 31)	0	0 (-0,3; 0,3)
Progênies do HD1	62,3 (48; 72)	79,0	11,3 (11,1; 11,4)	40,9 (18; 56)	64,0	8,8 (8,5; 9,0)
Progênies do HD2	61,7 (47; 72)	78,6	14,7 (14,5; 14,9)	41,3 (19; 56)	64,3	9,1 (8,9; 9,3)

¹Valores entre parêntesis apresentam os limites inferior e superior da herdabilidade.

²Valores entre parêntesis apresentam os limites inferior e superior do ganho esperado com a seleção.

Tabela 27A. Resumo da análise de variância das variáveis padronizadas produtividade de grãos e tipo de grão obtida na avaliação de progênies $F_{4,7}$ de feijoeiro em Patos de Minas, MG. A semeadura ocorreu em fevereiro de 2013.

Fonte de Variação	GL	Produtividade de grãos		Tipo de grão	
		QM	Prob. (>F)	QM	Prob. (>F)
Progênies	399	1,5955	<0,01	1,8127	<0,01
Progênies de híbridos simples	199	1,3730	<0,01	1,9137	<0,01
Progênies do HS1	49	1,9817	<0,01	1,9621	<0,01
Progênies do HS2	49	1,4548	<0,01	1,8740	<0,01
Progênies do HS3	49	1,0050	<0,01	2,1042	<0,01
Progênies do HS4	49	1,0109	<0,01	1,5467	<0,01
Populações de híbridos simples	3	2,0178	<0,01	4,6526	<0,01
Progênies de híbridos duplos	199	1,8213	<0,01	1,7064	<0,01
Progênies do HD1	99	1,4975	<0,01	2,0886	<0,01
Progênies do HD2	99	1,7808	<0,01	1,2988	<0,01
Populações de híbridos duplos	1	37,8945	<0,01	4,2287	<0,01
Híbrido Simples vs Híbrido Duplo	1	0,9320	0,1298	2,8681	<0,01
Erro	399	0,4045		0,1873	

Tabela 28A. Estimativas da herdabilidade (h^2), acurácia seletiva (r_{gg}^1) e ganho esperado com a seleção (GS), em porcentagem da média, considerando a seleção das dez melhores progênes, para as variáveis padronizadas produtividade de grãos e tipo de grão, obtidas na avaliação de progênes F_{4,7} de feijoeiro em Patos de Minas, MG.A semeadura ocorreu em fevereiro de 2013.

Tratamentos	Produtividade de grãos			Tipo de grão		
	h^2 (%)	r_{gg}^1 (%)	GS	h^2 (%)	r_{gg}^1 (%)	GS
Progênes	74,7 (69; 79) ¹	86,4	20,0 (19,9; 20,0) ²	89,7 (87; 92)	94,7	22,4 (22,3; 22,5)
Progênes de híbridos simples	70,5 (62; 77)	84,0	17,0 (16,9; 17,2)	90,2 (87; 92)	95,0	23,7 (23,6; 23,8)
Progênes de híbridos duplos	77,8 (72; 82)	88,2	22,5 (22,4; 22,6)	89,0 (86; 91)	94,4	21,1 (20,9; 21,2)
Progênes do HS1	79,6 (68; 86)	89,2	23,1 (22,8; 23,3)	90,5 (85; 94)	95,1	24,8 (24,5; 25,0)
Progênes do HS2	72,2 (56; 81)	85,0	16,0 (15,7; 16,2)	90,0 (84; 93)	94,9	21,9 (21,7; 22,1)
Progênes do HS3	59,8 (36; 73)	77,3	10,2 (10,0; 10,4)	91,1 (86; 94)	95,5	21,5 (21,3; 21,8)
Progênes do HS4	60,0 (37; 73)	77,5	13,8 (13,6; 14,0)	87,9 (81; 92)	93,8	21,0 (20,8; 21,2)
Progênes do HD1	73,0 (63; 80)	85,4	15,7 (15,5; 15,9)	91,0 (88; 93)	95,4	22,5 (22,3; 22,7)
Progênes do HD2	77,3 (68; 83)	87,9	23,1 (22,9; 23,2)	85,6 (80; 89)	92,5	18,5 (18,4; 18,7)

¹Valores entre parêntesis apresentam os limites inferior e superior da herdabilidade.

²Valores entre parêntesis apresentam os limites inferior e superior do ganho esperado com a seleção.

Tabela 29A. Resumo da análise de variância do ΣZ obtido na avaliação de progênies $F_{4:7}$ de feijoeiro em Patos de Minas, MG.A semeadura ocorreu em fevereiro de 2013.

Fonte de Variação	GL	QM	Prob. (>F)
Progênies	399	6,7089	<0,01
Progênies de híbridos simples	199	7,2125	<0,01
Progênies do HS1	49	8,0612	<0,01
Progênies do HS2	49	7,0297	<0,01
Progênies do HS3	49	7,7377	<0,01
Progênies do HS4	49	5,0112	<0,01
Populações de híbridos simples	3	23,7090	<0,01
Progênies de híbridos duplos	199	6,2331	<0,01
Progênies do HD1	99	6,2831	<0,01
Progênies do HD2	99	6,2440	<0,01
Populações de híbridos duplos	1	0,1963	0,7643
Híbrido Simples vs Híbrido Duplo	1	1,1886	0,4547
Erro	399	2,1230	

Tabela 30A. Estimativas da herdabilidade (h^2), acurácia seletiva (r_{gg}), e ganho esperado com a seleção (GS), em porcentagem da média, considerando a seleção das dez melhores progênies, para o ΣZ , obtidas na avaliação de progênies $F_{4:7}$ de feijoeiro em Patos de Minas, MG. A semeadura ocorreu em fevereiro de 2013.

Tratamentos	h^2 (%)	r_{gg} (%)	GS
Progênies	68,4 (61; 74) ¹	82,7	9,3 (9,0; 9,5) ²
Progênies de híbridos simples	70,6 (62; 77)	84,0	9,5 (9,1; 9,8)
Progênies de híbridos duplos	65,9 (56; 73)	81,2	8,9 (8,5; 9,3)
Progênies do HS1	73,7 (58; 82)	85,8	11,7 (10,9; 12,4)
Progênies do HS2	69,8 (52; 80)	83,6	8,1 (7,4; 8,9)
Progênies do HS3	72,6 (57; 81)	85,2	8,4 (7,7; 9,2)
Progênies do HS4	57,6 (33; 71)	75,9	5,4 (4,6; 6,1)
Progênies do HD1	66,2 (53; 75)	81,4	9,1 (8,6; 9,6)
Progênies do HD2	66,0 (53; 75)	81,2	8,8 (8,3; 9,3)

¹Valores entre parêntesis apresentam os limites inferior e superior da herdabilidade.

²Valores entre parêntesis apresentam os limites inferior e superior do ganho esperado com a seleção.

Tabela 31A. Resumo da análise de variância das variáveis padronizadas arquitetura de plantas e severidade de doenças obtida na avaliação de progênies $F_{4,7}$ de feijoeiro em Lambari, MG.A semeadura ocorreu em fevereiro de 2013.

Fonte de Variação	GL	Arquitetura de plantas		Severidade de doenças	
		QM	Prob. (>F)	QM	Prob. (>F)
Progênies	399	1,3352	<0,01	1,4267	<0,01
Progênies de híbridos simples	199	1,4842	<0,01	1,2714	<0,01
Progênies do HS1	49	1,2067	<0,01	1,1762	<0,01
Progênies do HS2	49	0,9290	<0,05	0,8139	<0,05
Progênies do HS3	49	1,6147	<0,01	1,2582	<0,01
Progênies do HS4	49	1,7815	<0,01	1,0703	<0,01
Populações de híbridos simples	3	8,0958	<0,01	13,7990	<0,01
Progênies de híbridos duplos	199	1,1670	<0,01	1,4447	<0,01
Progênies do HD1	99	1,1368	<0,01	1,4384	<0,01
Progênies do HD2	99	1,1753	<0,01	1,3952	<0,01
Populações de híbridos duplos	1	3,3404	<0,05	6,9672	<0,01
Híbrido Simples vs Híbrido Duplo	1	5,1491	<0,01	28,7360	<0,01
Erro	399	0,6648		0,5733	

Tabela 32A. Estimativas da herdabilidade (h^2), acurácia seletiva (r_{gg}) e ganho esperado com a seleção (GS), em porcentagem da média, considerando a seleção das dez melhores progênies, para as variáveis padronizadas arquitetura de plantas e severidade de doenças, obtidas na avaliação de progênies $F_{4;7}$ de feijoeiro em Lambari, MG.A semeadura ocorreu em fevereiro de 2013.

Tratamentos	Arquitetura de plantas			Severidade de doenças		
	h^2 (%)	r_{gg} (%)	GS	h^2 (%)	r_{gg} (%)	GS
Progênies	50,2 (39; 59) ¹	70,9	9,8 (9,6; 9,9) ²	59,8 (51; 67)	77,3	10,7 (10,6; 10,8)
Progênies de híbridos simples	55,2 (43; 65)	74,3	11,6 (11,4; 11,7)	54,9 (42; 64)	74,1	8,5 (8,4; 8,6)
Progênies de híbridos duplos	43,0 (27; 55)	65,6	7,6 (7,5; 7,7)	60,3 (49; 69)	77,7	12,3 (12,2; 12,4)
Progênies do HS1	44,9 (13; 63)	67,0	7,2 (6,9; 7,4)	51,3 (23; 67)	71,6	5,54 (5,3; 5,8)
Progênies do HS2	28,4 (-13; 51)	53,3	5,3 (5,1; 5,6)	29,6 (-11; 52)	54,4	3,9 (3,7; 4,1)
Progênies do HS3	58,8 (35; 72)	76,7	11,1 (10,8; 11,4)	54,4 (28; 69)	73,8	6,7 (6,5; 7,0)
Progênies do HS4	62,7 (41; 75)	79,2	13,8 (13,5; 14,0)	0 (15; 64)	0	0 (-0,2; 0,2)
Progênies do HD1	41,5 (19; 57)	64,4	8,8 (8,6; 9,0)	60,1 (45; 70)	77,6	11,2 (11,0; 11,4)
Progênies do HD2	43,4 (22; 58)	65,9	6,8 (6,6; 7,0)	58,9 (43; 69)	76,8	11,9 (11,8; 12,1)

¹Valores entre parêntesis apresentam os limites inferior e superior da herdabilidade.

²Valores entre parêntesis apresentam os limites inferior e superior do ganho esperado com a seleção.

Tabela 33A Resumo da análise de variância das variáveis padronizadas produtividade de grãos e tipo de grão obtida na avaliação de progênies $F_{4,7}$ de feijoeiro em Lambari, MG.A semeadura ocorreu em fevereiro de 2013.

Fonte de Variação	GL	Produtividade de grãos		Tipo de grão	
		QM	Prob. (>F)	QM	Prob. (>F)
Progênies	399	1,4987	<0,01	1,6566	<0,01
Progênies de híbridos simples	199	1,4697	<0,01	1,6759	<0,01
Progênies do HS1	49	1,4974	<0,01	1,3178	<0,01
Progênies do HS2	49	1,2468	<0,01	1,2304	<0,01
Progênies do HS3	49	1,5316	<0,01	2,2142	<0,01
Progênies do HS4	49	1,1967	<0,01	1,3323	<0,01
Populações de híbridos simples	3	8,1070	<0,01	11,6211	<0,01
Progênies de híbridos duplos	199	1,3006	<0,01	1,6405	<0,01
Progênies do HD1	99	1,5216	<0,01	1,3717	<0,01
Progênies do HD2	99	0,9953	<0,01	1,1424	<0,01
Populações de híbridos duplos	1	9,6520	<0,01	77,5450	<0,01
Híbrido Simples vs Híbrido Duplo	1	46,666	<0,01	1,0432	0,0821
Erro	399	0,5013		0,3434	

Tabela 34A. Estimativas da herdabilidade (h^2), acurácia seletiva (r_{gg}) e ganho esperado com a seleção (GS), em porcentagem da média, considerando a seleção das dez melhores progênes, para as variáveis padronizadas produtividade de grãos e tipo de grãos, obtidas na avaliação de progênes F_{4:7} de feijoeiro em Lambari, MG.A semeadura ocorreu em fevereiro de 2013.

Tratamentos	Produtividade de grãos			Tipo de grão		
	h^2 (%)	r_{gg} (%)	GS	h^2 (%)	r_{gg} (%)	GS
Progênes	66,6 (59; 73) ¹	81,6	15,8 (15,7; 16,0) ²	79,3 (75; 83)	89,0	19,3 (19,2; 19,4)
Progênes de híbridos simples	65,9 (56; 73)	81,2	15,1 (15,0; 15,3)	79,5 (74; 84)	89,2	19,9 (19,8; 20,0)
Progênes de híbridos duplos	61,5 (51; 70)	78,4	14,1 (14,0; 14,3)	79,1 (73; 83)	88,9	18,5 (18,4; 18,6)
Progênes do HS1	66,5 (47; 77)	81,6	13,4 (13,1; 13,6)	73,9 (59; 82)	86,0	17,5 (17,3; 17,7)
Progênes do HS2	59,8 (36; 73)	77,3	11,8 (11,6; 12,1)	72,1 (56; 81)	84,9	14,0 (13,8; 14,2)
Progênes do HS3	67,2 (48; 78)	82,0	19,0 (18,7; 19,2)	84,5 (75; 89)	91,9	17,9 (17,6; 18,1)
Progênes do HS4	58,1 (34; 72)	76,2	11,9 (11,6; 12,1)	74,2 (59; 83)	86,2	14,6 (14,4; 14,8)
Progênes do HD1	67,1 (54; 76)	81,9	17,7 (17,6; 17,9)	75,0 (65; 81)	86,6	13,6 (13,5; 13,8)
Progênes do HD2	49,6 (30; 63)	70,5	10,3 (10,2; 10,5)	69,9 (58; 78)	83,6	19,8 (19,7; 19,9)

¹Valores entre parêntesis apresentam os limites inferior e superior da herdabilidade.

²Valores entre parêntesis apresentam os limites inferior e superior do ganho esperado com a seleção.

Tabela 35A. Resumo da análise de variância do ΣZ obtido na avaliação de progênies F_{4:7} de feijoeiro em Lambari, MG.A semeadura ocorreu em fevereiro de 2013.

Fonte de Variação	GL	QM	Prob. (>F)
Progênies	399	6,1803	<0,01
Progênies de híbridos simples	199	6,7699	<0,01
Progênies do HS1	49	6,0140	<0,01
Progênies do HS2	49	4,2950	<0,01
Progênies do HS3	49	7,2014	<0,01
Progênies do HS4	49	5,5775	<0,01
Populações de híbridos simples	3	71,9677	<0,01
Progênies de híbridos duplos	199	5,0199	<0,01
Progênies do HD1	99	4,8884	<0,01
Progênies do HD2	99	4,7739	<0,01
Populações de híbridos duplos	1	42,3941	<0,01
Híbrido Simples vs Híbrido Duplo	1	119,7733	<0,01
Erro	399	1,8457	

Tabela 36A. Estimativas da herdabilidade (h^2), acurácia seletiva (r_{gg}), e ganho esperado com a seleção (GS), em porcentagem da média, considerando a seleção das dez melhores progênes, para o ΣZ , obtidas na avaliação de progênes $F_{4:7}$ de feijoeiro em Lambari, MG.A semeadura ocorreu em fevereiro de 2013.

Tratamentos	h^2 (%)	r_{gg} (%)	GS
Progênes	70,1 (64; 75) ¹	83,8	8,4 (8,1; 8,6) ²
Progênes de híbridos simples	72,7 (65; 78)	85,3	8,6 (8,3; 8,9)
Progênes de híbridos duplos	63,2 (53; 71)	79,5	7,3 (7,0; 7,6)
Progênes do HS1	69,3 (51; 79)	83,3	7,8 (7,1; 8,4)
Progênes do HS2	57,0 (32; 71)	75,5	3,8 (3,2; 4,5)
Progênes do HS3	74,4 (59; 83)	86,2	8,6 (7,9; 9,2)
Progênes do HS4	66,9 (48; 78)	81,8	7,4 (6,8; 8,0)
Progênes do HD1	62,2 (48; 72)	78,9	6,8 (6,3; 7,2)
Progênes do HD2	61,3 (46; 71)	78,3	8,0 (7,5; 8,4)

¹Valores entre parêntesis apresentam os limites inferior e superior da herdabilidade.

²Valores entre parêntesis apresentam os limites inferior e superior do ganho esperado com a seleção.

Tabela 37A. Resumo da análise de variância conjunta para a variável padronizada arquitetura de plantas, referente à avaliação de progênies $F_{4:5}$, $F_{4:6}$ e $F_{4:7}$, em seis ambientes.

Fonte de Variação	GL	QM	Prob. (>F)
Progênies	399	3,4479	<0,01
Progênies de híbridos simples	199	3,7804	<0,01
Progênies do HS1	49	2,7553	<0,01
Progênies do HS2	49	2,6209	<0,01
Progênies do HS3	49	3,4095	<0,01
Progênies do HS4	49	3,4520	<0,01
Populações de híbridos simples	3	50,8844	<0,01
Progênies de híbridos duplos	199	3,0788	<0,01
Progênies do HD1	99	3,0339	<0,01
Progênies do HD2	99	3,1543	<0,01
Populações de híbridos duplos	1	0,0553	0,7726
Híbrido simples vs Híbrido duplo	1	10,7299	<0,01
Progênies x Ambientes	1995	0,9151	<0,01
Progênies de híbridos simples x A	995	0,9267	<0,01
Progênies do HS1 x A	245	1,0313	<0,01
Progênies do HS2 x A	245	0,7826	0,03
Progênies do HS3 x A	245	0,8529	<0,01
Progênies do HS4 x A	245	0,9597	<0,01
Populações de híbridos simples x A	15	2,2393	<0,01
Progênies de híbridos duplos x A	995	0,8740	<0,01
Progênies do HD1 x A	495	0,8454	<0,01
Progênies do HD2 x A	495	0,8871	<0,01
Populações de híbridos duplos x A	5	2,4062	<0,01
Híbrido simples vs Híbrido duplo x A	5	6,8021	<0,01
Erro	2394	0,6628	

Tabela 38A. Resumo da análise de variância conjunta para a variável padronizada severidade de doenças, referente à avaliação de progênies $F_{4:5}$, $F_{4:6}$ e $F_{4:7}$, em seis ambientes.

Fonte de Variação	GL	QM	Prob. (>F)
Progênies	399	2,0617	<0,01
Progênies de híbridos simples	199	2,0654	<0,01
Progênies do HS1	49	2,4672	<0,01
Progênies do HS2	49	1,5262	0,1374
Progênies do HS3	49	1,8239	<0,01
Progênies do HS4	49	2,2137	<0,01
Populações de híbridos simples	3	5,8339	<0,01
Progênies de híbridos duplos	199	1,9827	<0,01
Progênies do HD1	99	2,0794	<0,01
Progênies do HD2	99	1,8363	<0,01
Populações de híbridos duplos	1	6,9032	<0,01
Híbrido simples vs Híbrido duplo	1	17,0421	<0,01
Progênies x Ambientes	1995	1,1365	<0,01
Progênies de híbridos simples x A	995	1,2341	<0,01
Progênies do HS1 x A	245	1,0896	<0,01
Progênies do HS2 x A	245	1,2178	<0,01
Progênies do HS3 x A	245	0,9291	<0,01
Progênies do HS4 x A	245	1,0570	<0,01
Populações de híbridos simples x A	15	11,7392	<0,01
Progênies de híbridos duplos x A	995	1,0091	<0,01
Progênies do HD1 x A	495	1,0229	<0,01
Progênies do HD2 x A	495	0,9447	<0,01
Populações de híbridos duplos x A	5	6,0249	<0,01
Híbrido simples vs Híbrido duplo x A	5	7,0321	<0,01
Erro	2394	0,7093	

Tabela 39A. Resumo da análise de variância conjunta para a variável padronizada produtividade de grãos, referente à avaliação de progênies $F_{4:5}$, $F_{4:6}$ e $F_{4:7}$, em seis ambientes.

Fonte de Variação	GL	QM	Prob. (>F)
Progênies	399	2,2276	<0,01
Progênies de híbridos simples	199	2,0996	<0,01
Progênies do HS1	49	1,8428	0,0658
Progênies do HS2	49	1,5657	0,0970
Progênies do HS3	49	1,8243	<0,01
Progênies do HS4	49	1,8376	0,0166
Populações de híbridos simples	3	23,7926	<0,01
Progênies de híbridos duplos	199	2,2500	<0,01
Progênies do HD1	99	2,3692	<0,01
Progênies do HD2	99	1,9542	<0,01
Populações de híbridos duplos	1	19,7505	<0,01
Híbrido simples vs Híbrido duplo	1	23,2373	<0,01
Progênies x Ambientes	1995	1,2423	<0,01
Progênies de híbridos simples x A	995	1,2512	<0,01
Progênies do HS1 x A	245	1,3480	<0,01
Progênies do HS2 x A	245	1,1963	<0,01
Progênies do HS3 x A	245	1,1064	<0,01
Progênies do HS4 x A	245	1,1833	<0,01
Populações de híbridos simples x A	15	4,0397	<0,01
Progênies de híbridos duplos x A	995	1,1933	<0,01
Progênies do HD1 x A	495	1,1696	<0,01
Progênies do HD2 x A	495	1,1398	<0,01
Populações de híbridos duplos x A	5	8,8401	<0,01
Híbrido simples vs Híbrido duplo x A	5	9,2316	<0,01
Erro	2394	0,5935	

Tabela 40A. Resumo da análise de variância conjunta para a variável padronizada tipo de grão, referente à avaliação de progênies $F_{4,5}$, $F_{4,6}$ e $F_{4,7}$, em seis ambientes.

Fonte de Variação	GL	QM	Prob. (>F)
Progênies	399	3,9513	<0,01
Progênies de híbridos simples	199	3,8232	<0,01
Progênies do HS1	49	4,7865	<0,01
Progênies do HS2	49	2,4740	<0,01
Progênies do HS3	49	3,3343	<0,01
Progênies do HS4	49	2,7261	<0,01
Populações de híbridos simples	3	36,0329	<0,01
Progênies de híbridos duplos	199	4,0017	<0,01
Progênies do HD1	99	3,3170	<0,01
Progênies do HD2	99	3,1543	<0,01
Populações de híbridos duplos	1	155,6786	<0,01
Híbrido simples vs Híbrido duplo	1	19,4291	<0,01
Progênies x Ambientes	1995	1,2227	<0,01
Progênies de híbridos simples x A	995	1,3315	<0,01
Progênies do HS1 x A	245	1,6297	<0,01
Progênies do HS2 x A	245	1,0188	<0,01
Progênies do HS3 x A	245	1,4431	<0,01
Progênies do HS4 x A	245	1,0050	<0,01
Populações de híbridos simples x A	15	5,0766	<0,01
Progênies de híbridos duplos x A	995	1,0917	<0,01
Progênies do HD1 x A	495	1,1712	<0,01
Progênies do HD2 x A	495	0,8871	<0,01
Populações de híbridos duplos x A	5	13,4853	<0,01
Híbrido simples vs Híbrido duplo x A	5	5,6312	<0,01
Erro	2394	0,3225	