

GLÁUCIO FREITAS OLIVEIRA E SILVA

**EFICIÊNCIA DE MÉTODOS DE CONDUÇÃO DE POPULAÇÃO
SEGREGANTE DE FEIJOEIRO COMUM PARA
TEOR DE PROTEÍNA**

Dissertação apresentada à Coordenadoria do Programa de Pós-Graduação em Agronomia, da Universidade Federal de Goiás, como exigência para obtenção do título de Mestre em Agronomia. Área de concentração: Genética e Melhoramento de Plantas.

Orientadora:

Profa. Dra. Patrícia Guimarães Santos Melo

Co-Orientadores:

Dr. Leonardo Cunha Melo

Dra. Priscila Zaczuk Bassinello

Goiânia, GO – Brasil
2007

A todos aqueles que me incentivaram
durante a elaboração desta,

DEDICO

AGRADECIMENTOS

Agradeço a todos aqueles que me ajudaram neste trabalho e que me apoiaram durante toda a execução em especial aos meus pais Galvão e Vânia, à minha orientadora Patrícia Melo, ao meu professor Sérgio Sibov e a Tatiana Maris, que foram minhas principais fontes de inspiração e que sempre me deram apoio e força, por isso agradeço de modo todo especial primeiramente a eles.

Agradeço também de modo especial ao meu padrinho Newton José e o reitor Edward Brasil, que me incentivaram a ingressar no programa de pós-graduação.

Agradeço à UFG pelo apoio, cedendo o uso do laboratório de biologia molecular, e agradeço também pela bolsa a mim concedida no segundo ano de mestrado, e pela oportunidade de ingressar neste programa de mestrado.

Agradeço à Embrapa Arroz e Feijão pelo uso do laboratório de qualidade de grãos e por me conceder o material que gerou os dados. Agradeço em especial à Dr. Leonardo e Dra. Priscilla que me orientaram durante minha estadia na Embrapa.

Agradeço aos professores que ministraram disciplinas que foram bastante úteis e ampliaram meus conhecimentos no campo da agronomia.

Agradeço também aos amigos que fiz durante esses dois anos, desde meus colegas do mestrado, como o Fábio e a Luciana, quanto aos amigos que fiz na Embrapa desde as pessoas do apoio, que vão do Antônio Cosmi ao Vicente, quanto ao pessoal do laboratório, que vão desde a Ariane até o Suiane e Waldonete.

Agradeço por fim a Deus, Pai Criador que criou a mim e a todas estas pessoas notáveis e que fez tudo isso possível em seu poder e força.

SUMÁRIO

RESUMO	5
ABSTRACT	6
1 INTRODUÇÃO	7
2 REVISÃO DE LITERATURA	9
2.1 ASPECTOS DO CONSUMO DE FEIJÃO	9
2.2 TEOR DE PROTEÍNA	9
2.3 MÉTODOS DE CONDUÇÃO DE POPULAÇÕES SEGREGANTES.....	12
2.4 ESTIMATIVAS DE PARÂMETROS GENÉTICOS E FENOTÍPICOS	17
3 MATERIAL E MÉTODOS	21
3.1 OBTENÇÃO E CONDUÇÃO DAS POPULAÇÕES SEGREGANTES	21
3.1.1 MÉTODO DO DESCENDENTE DE UMA ÚNICA SEMENTE (SSD)	21
3.1.2 MÉTODO BULK.....	22
3.1.3 MÉTODO BULK DENTRO DE F ₂	22
3.2 AVALIAÇÃO DO TEOR DE PROTEÍNA	23
3.3 ANÁLISES GENÉTICO ESTATÍSTICAS.....	24
4 RESULTADOS E DISCUSSÃO	28
4.1 COMPARAÇÃO ENTRE OS MÉTODOS DE CONDUÇÃO DE POPULAÇÕES SEGREGANTES PARA O TEOR DE PROTEÍNA	28
4.2 ESTIMATIVAS DE PARÂMETROS DAS FAMÍLIAS AVALIADAS DO BULK DENTRO DE F ₂	33
5 CONCLUSÕES	39
6 REFERÊNCIAS	40
ANEXO.....	45

RESUMO

SILVA, G. F. O. **Eficiência de métodos de condução de população segregante de feijoeiro comum para teor de proteína.** 2007. 49 f. Dissertação (Mestrado em Agronomia: Genética e Melhoramento de Plantas) - Escola de Agronomia e Engenharia de Alimentos, Universidade Federal de Goiás, Goiânia, 2007.¹

O feijão (*Phaseolus vulgaris* L.) participa da dieta de mais de 300 milhões de pessoas no mundo, sendo alimento essencial para populações carentes, pois é fonte barata de proteína. O teor de proteína total de feijão pode ser melhorado com o auxílio de programas de melhoramento, já que existe variabilidade genética a ser explorada para esse caráter. É importante que seja avaliada a eficiência relativa dos métodos disponíveis de condução de populações segregantes. O objetivo desse trabalho foi avaliar o potencial genético de populações segregantes de feijoeiro comum para teor de proteína total, conduzidas por diferentes métodos de melhoramento e avaliar o potencial das populações do método de bulk dentro de F_2 para os caracteres produtividade de grãos e florescimento. Os genitores utilizados para gerar estas populações foram do grupo de feijão carioca, CNFC 7812 com 16% de proteína total e CNFC 8056 com 23% de proteína total. A partir da geração F_1 obteve-se a população segregante F_2 , da qual foram separadas 150 plantas cujas sementes foram utilizadas para conduzir as populações por três métodos: Bulk, Bulk dentro de F_2 e método de uma única semente (SSD) até a geração F_5 . Foram realizadas avaliações de qualidade nutricional do grão para teor de proteína em todas as famílias provenientes dos três métodos de condução de populações na geração F_5 . O teor médio de proteína das famílias obtidas deste cruzamento ficou em 16,58% para o método SSD, 20,37% para o método Bulk e 20,44% para o Bulk $F_{2;5}$. Dos resultados obtidos pode-se concluir que para o caráter proteína, o método mais indicado foi o método Bulk, pela sua praticidade e por ter gerado mais famílias superiores ao melhor genitor e à média dos genitores. Entre as famílias avaliadas observou-se que existe variabilidade genética suficiente para ser explorada para os caracteres teor de proteína total, produtividade de grãos e florescimento.

Palavras-chave: proteína, SSD, bulk, bulk dentro de F_2 .

¹ Orientadora: Patrícia Guimarães Santos Melo. EA-UFG.
Co-Orientadores: Leonardo Cunha Melo e Priscila Zaczuk Bassinello. Embrapa Arroz e Feijão.

ABSTRACT

SILVA, G. F. O. **Efficiency evaluation of conducting methods for segregant population of common bean by the protein meaning.** 2007. 49 f. Dissertation (Master's Degree in Agronomy: Genetics and Plant Breeding) - Escola de Agronomia e Engenharia de Alimentos, Universidade Federal de Goiás, Goiânia, 2007.¹

The common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) is part of the daily diet of more than 300 million people worldwide, being an essential food for low income human populations, since it is a cheaper protein source. The beans' protein content can be improved by breeding programs since the existence of genetic variability for this character can be explored. It is important to have the relative efficiency of the available methods evaluated. The objective of this research was to evaluate the genetic potential for protein content of segregant populations of common beans submitted to different breeding methods and evaluate the potential of the populations of the bulk method inside F₂ families for the traits yield and flowering. The parental utilized in this study was from the bean group "carioca", CNFC 7812 with 23% of total protein content and CNFC 8056 with 23% of total protein content. Starting with the F₁ generation, was obtained the segregant population F₂, witch were selected 150 plants wich families was utilized to produce the populations by three methods: Bulk, Bulk within of F₂ and SSD method until the F₅ generation. The average protein content of the families obtained by this cross was 16,58% for the method SSD, 20,37% for the method Bulk e 20,44% for the Bulk F_{2:5}. Based on the results, it could be concluded that the best method for protein content was the Bulk method, on account of its easiness and its generation of a larger number of families superior than the best parental and the average of the genitors. Among the evaluated families there is enough genetic variability to be explored for the characters protein, grain yield and flowering.

Key words: protein, SSD, bulk, bulk within F₂.

¹Adviser: Patrícia Guimarães Santos Melo. EA-UFG.

Co- Advisers: Leonardo Cunha Melo e Priscila Zaczuk Bassinello. Embrapa Arroz e Feijão.

1 INTRODUÇÃO

O feijão (*Phaseolus vulgaris* L.) faz parte da dieta de mais de 300 milhões de pessoas no mundo, sendo reconhecido como um alimento essencial para populações carentes, pois é fonte barata de proteína. Prova disto é o seu alto consumo per capita em regiões de baixa renda familiar, como no Nordeste brasileiro, com consumo de 18,5 Kg/habitante/ano (Yokoyama & Stone, 2000).

O aumento da qualidade nutricional do feijoeiro, em termos do teor de proteína, fará com que haja um atrativo maior para seu consumo, remunerando melhor o pequeno agricultor que poderá investir mais em sua lavoura. Além do mais, a melhor qualidade do feijão consumido em programas de merenda escolar e em programas de distribuição de cestas básicas, atingem justamente a população brasileira mais carente.

O Brasil é o principal produtor de feijão e também seu maior consumidor. De acordo com o IBGE (2007), a área plantada em março de 2006 foi de 4.260.623 hectares, com uma produção de 3.878.682 toneladas, e rendimento médio de 910 kg.ha⁻¹. Com o aumento da qualidade nutricional, haverá uma grande oferta de feijão de qualidade disponível no mercado nacional, sem custos adicionais, beneficiando assim a população que encontra no feijão um meio barato de se obter proteínas.

O cenário mundial para culturas anuais como o feijão é de grande demanda por cultivares com alto potencial produtivo aliada à qualidade nutricional dos grãos. Logo, faz-se fundamental explorar de forma eficiente a variabilidade genética das populações a fim de maximizar as possibilidades de êxito nos programas de desenvolvimento de cultivares. O conhecimento de germoplasma portador de genes de interesse, aliados a metodologias de melhoramento apropriadas, e estudos sobre o potencial genético das populações, poderá viabilizar em menor tempo e custo o desenvolvimento de cultivares com estas características.

O sucesso de programas de melhoramento depende da exploração eficiente da variabilidade genética gerada nos cruzamentos e dos métodos de condução das populações. Essa variabilidade é função da diversidade genética dos genitores e, também, dos métodos de condução das populações segregantes (Castanheira & Santos, 2004). As comparações entre os métodos de condução de populações segregantes em feijoeiro são ainda poucas e visam,

principalmente, a produção de grãos (Raposo, 1999). Isso pode ser explicado, pois tais estudos dependem de fatores ambientais, infra-estrutura e, geralmente, o tempo gasto para gerar informações é muito longo.

É importante que seja avaliada a eficiência relativa dos métodos disponíveis, uma vez que o sucesso dos programas depende das diferenças obtidas entre as cultivares recomendadas e as cultivares já em uso pelos agricultores. Essa diferença tem sido cada vez mais difícil de ser detectada.

Diante disso, o objetivo deste trabalho consistiu em comparar o potencial genético de populações segregantes de feijoeiro comum para teor de proteína conduzidas por diferentes métodos de melhoramento e estimar parâmetros genéticos e fenotípicos das famílias conduzidas pelo método de Bulk dentro de F_2 .

2 REVISÃO DE LITERATURA

2.1 ASPECTOS DO CONSUMO DE FEIJÃO

O feijão (*Phaseolus vulgaris* L.) faz parte da dieta de mais de 300 milhões de pessoas no mundo. O consumo médio *per capita* de feijão no Brasil na década de 1960 foi de 23 kg/habitante/ano, enquanto nas décadas de 1970, 1980 e 1990 foi, respectivamente de 20, 16 e 17 kg/habitante/ano. Por outro lado, enquanto nos anos de 1974 e 1975, o consumo metropolitano *per capita* foi de 16,5 kg/ano, o consumo rural foi quase o dobro, 32 kg/ano (Ferreira, 2005).

Algumas das possíveis causas da redução do consumo estão relacionadas com a substituição por fontes de proteína de origem animal, o êxodo rural, bem como a mudança de hábitos alimentares com o advento do *fast food*, além das fortes flutuações de oferta e de preços e a falta de praticidade no preparo do produto (Wander, 2007).

O aumento no teor de proteína do feijão fará com que haja um atrativo maior para seu consumo, gerando melhor remuneração para o pequeno agricultor devido a aumento da demanda pelo produto, aumentando os investimentos em sua lavoura e, conseqüentemente, a qualidade do feijão consumido em programas de merenda escolar e em programas de distribuição de cestas básicas, que atingem justamente a população brasileira mais carente.

2.2 TEOR DE PROTEÍNA

Bassinello (2005) afirma que o feijão é consumido por todas as classes sociais, sendo a principal fonte de proteínas, minerais, vitaminas e fibras para as classes de menor poder aquisitivo. Sua importância alimentar deve-se ao menor custo de sua proteína em relação à de origem animal, além de fornecer de 10% a 20% das necessidades diárias para um adulto de uma série de nutrientes. O grão é constituído de diferentes minerais, sendo rico principalmente em potássio, fósforo, ferro, cálcio, cobre e zinco (Pires, 2003).

O teor médio de proteína no grão de feijão em geral situa-se entre 20% a 25% (Ma, *apud* Broughton, L.; L., 2003), e muito deste teor é constituído da proteína de

armazenamento faseolina, que é deficiente em aminoácidos sulfurados, como a metionina (Broughton et al., 2003).

O ato de cozinhar o feijão interfere, porém, no seu conteúdo nutricional. Pires (2003) concluiu que o processo de cocção dos feijões do grupo carioca e preto reduziu o teor dos elementos nutritivos nitrogênio, proteínas, potássio, magnésio, cobre, manganês e ferro, mas não reduziu os teores de fósforo e cálcio. Porém, a digestibilidade das proteínas do feijão é aumentada quando este é cozido, o que pode compensar a perda com a cocção dos grãos.

Quast & Da Silva (1977) verificaram que feijões embebidos em água mostraram menor teor de sólidos solúveis no caldo de cozimento. Hsieh et al. (1992) obtiveram após 24 horas de embebição de grãos de tegumento preto e vermelho, perda de 2% de sólidos, os quais continham em média 22,2% de minerais e 19,5% de proteínas. Essa perda não é tão significativa porque o caldo do feijão também é consumido.

Dada a sua composição, o feijão proporciona diversos benefícios à saúde, sendo indicado na prevenção de várias doenças, como: distúrbios cardíacos, diabetes mellitus, obesidade e câncer. O feijão é um alimento que preenche as principais recomendações dietéticas para uma boa saúde, com o aumento do consumo de fibras, amido e outros carboidratos complexos e diminuição do consumo de lipídeos e sódio (Moura et al., 2005).

Estudos na área de melhoramento de plantas mostram que existe alta potencialidade de obtenção de cultivares com teores de proteína total mais elevados. Buratto et al. (2005) avaliaram quatro cultivares de feijão e três linhagens, em quatro locais. Os genótipos apresentavam variabilidade para os teores de proteína total, variando de 22,68% a 25,52%, sendo estes influenciados pelo local. Neste estudo, algumas cultivares apresentaram baixa previsibilidade e outras, alta estabilidade.

Lemos et al. (2004) encontraram variações nos teores de proteína total de 17,0% a 23,9% em 31 genótipos estudados em dois anos agrícolas. Sendo que houve uma variação entre os anos agrícolas, onde, no primeiro ano, ocorreu maior número de genótipos que apresentavam teores acima de 20%. Ressalta-se ainda que os mesmos autores verificaram que nem sempre os genótipos com alto teor de proteína, possuíam melhores índices para os demais parâmetros avaliados como produtividade, sugerindo assim, a necessidade de se buscar em programas de melhoramento integrar produtividade com qualidade.

Observa-se também que, dependendo do centro de origem do genótipo de feijão, existe uma variação no teor de proteína estendendo-se essa para os grupos comerciais adotados (Tabela 1). Utilizando-se o método de *protein-dry binding*, Filho et al. (2005)

observaram que os genótipos andinos possuem no geral maior teor de proteína solúvel podendo chegar a 36%, enquanto que nos mesoamericanos esse índice não ultrapassa a margem de 30,3%. A variação dentro cada grupo vai de 26,9% a 36% em genótipos de origem andina e de 11,5% a 30,3% nos mesoamericanos. Nos grupos comerciais observa-se que, o grupo carioca possui maior gradiente de variação, seguido pelo grupo preto, em torno de 13,7% a 30,3%.

Os teores de proteína podem também, ser influenciados pelos tratamentos culturais, como por exemplo, a adubação. Andrade et al. (2004) observaram que a adubação influencia positivamente na porcentagem de proteína contida no feijão. Foram avaliados três cultivares do grupo carioca e verificou-se um aumento protéico significativo no teor de proteína total, havendo ganhos para todos as cultivares estudadas, em dois tipos de adubação (N_1 : 20-30-20 formulação NPK e 20Kg de N em cobertura; N_2 : 40-70-20 e 60Kg de N). Os tratamentos sem adubação obtiveram uma média total do teor proteína de 22,21%, os que receberam adubação do tipo N_1 , obtiveram uma média total de 24,67% do teor de proteína total e os que receberam adubação tipo N_2 , obtiveram uma média total de 26,94% do teor de proteína total, o que demonstra que quanto mais se disponibiliza nitrogênio para o feijoeiro, mais a cultura o assimila e o transforma em proteínas de reserva nos grãos.

Tabela 1. Média do teor de proteína total solúvel em sementes de 25 cultivares de feijão no Estado do Paraná

Cultivar	Pool Gênico	Proteína total solúvel (%)
Carioca 1	Mesoamericano	15,1
Carioca 2	Mesoamericano	20,9
Carioca 3	Mesoamericano	13,7
Carioca 4	Mesoamericano	20,9
Carioca 5	Mesoamericano	21,3
Carioca 6	Mesoamericano	13,0
Carioca Claro	Mesoamericano	11,5
Carioca Pitoco	Mesoamericano	16,6
Carioca Pintado 1	Mesoamericano	18,1
Carioca Pintado 2	Mesoamericano	30,3
Iapar 31	Mesoamericano	23,0
Preto 1	Mesoamericano	24,5

Continua...

Tabela 1. Continuação

Cultivar	Pool Gênico	Proteína total solúvel (%)
Preto 2	Mesoamericano	19,0
Preto 3	Mesoamericano	30,3
Preto 4	Mesoamericano	13,7
Navy-UEM	Mesoamericano	24,5
Rosinha	Mesoamericano	22,4
Jalo Pintado 1	Andino	36,0
Jalo Pardo	Andino	25,2
Jalo Vermelho	Andino	33,9
Jalo Mulato	Andino	22,4
Jalo de Listras Pretas	Andino	27,3
Jalo de Listras Vermelhas	Andino	26,9
Roxinho	Andino	32,4
Bolinha	Andino	34,7

Adaptada de Filho et al. (2005).

2.3 MÉTODOS DE CONDUÇÃO DE POPULAÇÕES SEGREGANTES

Variabilidade genética é a base para o melhoramento genético de plantas. O conhecimento da diversidade genética entre germoplasmas pode melhorar a eficiência na identificação de combinações parentais que geram populações segregantes com máxima variabilidade genética para a seleção. Os métodos de condução de população segregante de plantas autógamas normalmente mais empregados são o método genealógico (pedigree), método da população (Bulk), descendência de uma única semente (SSD) e “Bulk” dentro de famílias F_2 e F_3 (Ramalho et al., 1993).

O método SSD, conforme descrito por Brim (1966), prevê que uma semente F_3 de cada indivíduo F_2 da população seja colhida aleatoriamente e agrupada para constituir $F_{2:3}$. As sementes $F_{2:3}$ agrupadas são plantadas, e uma semente F_4 de cada indivíduo F_3 é colhida na época da maturação. Este procedimento é repetido até a geração F_5 , na qual se selecionam plantas individuais, que são submetidas ao teste de progênie. As progênies $F_{5:6}$, que se mostrarem uniformes e superiores são colhidas individualmente em bulk e avaliadas ao ensaio preliminar de avaliação de linhagens (Borém, 1999). O método SSD adapta-se

bem à casa de vegetação, fora de épocas típicas de cultivo da espécie, permitindo que mais de uma geração seja obtida por ano.

O método Bulk dentro de Famílias F_2 consiste em se tomar um grande número de plantas na geração F_2 , e conduzir testes de rendimento das famílias derivadas de tais plantas nas gerações subseqüentes. Com base em tais testes eliminam-se as piores famílias. A seleção natural é permitida atuar apenas dentro das famílias, e quando as plantas estiverem com suas características fixadas, ou com alto grau de homozigose (a partir F_6), selecionam-se as melhores plantas dentro das famílias. Denomina-se família um grupo de indivíduos que descendem de ancestrais comuns (Frey, 1954).

O desenvolvimento do método da população, também conhecido como método Bulk, inicia-se com o cruzamento de dois genitores selecionados conforme o objetivo do programa. As plantas F_1 são conduzidas de forma a se obter grande número de sementes. Todas as sementes F_2 colhidas nas plantas F_1 são agrupadas e utilizadas para a obtenção da geração F_2 . Por ocasião da maturação, as plantas F_2 são colhidas em conjunto (bulk) e uma amostra das sementes F_3 é utilizada para obtenção da geração F_3 , que é conduzida à semelhança da F_2 . Este procedimento é repetido até que o nível de homozigose desejado seja obtido (Borém, 1999).

Os estudos de comparações de métodos de condução de populações segregantes dependem de diversos fatores ambientais e demandam uma infra-estrutura capacitada e disponibilidade de tempo. No Brasil, as comparações entre os métodos de condução de populações segregantes, em feijoeiro, são ainda poucas e visam, principalmente, a produção de grãos (Raposo, 1999; Castanheira & Santos, 2004).

Comparando a eficiência de cinco métodos de condução de populações segregantes: método genealógico, da população ou Bulk, descendentes de uma única semente (SSD), Bulk dentro de F_3 e Bulk dentro de F_2 , Raposo et al. (2000) concluíram que não houve diferenças marcantes entre os métodos, na obtenção de famílias superiores. Utilizaram como critérios o desempenho médio das famílias, o ganho esperado com diferentes intensidades de seleção e o número de famílias provenientes de cada método com desempenho superior a um determinado padrão. Porém, considerando as estimativas dos parâmetros genéticos e fenotípicos, juntamente com a facilidade e flexibilidade de condução, os métodos do Bulk e do SSD foram os mais vantajosos.

Realizando um trabalho com linhagens de feijão, Costa et al. (2002) compararam os métodos genealógico, massal modificado e famílias derivadas de populações nas gerações F_3 e F_4 , na obtenção de linhagens resistentes à antracnose. Os resultados foram que o maior

número de linhagens resistentes foi obtido por meio de seleção massal modificada, e que as linhagens obtidas pelo método das famílias derivadas de população na geração F_4 apresentaram maior variabilidade genética.

Avaliando a eficiência dos métodos genealógico, Bulk e Bulk dentro de F_2 , Rodrigues (1990) constatou que o método Bulk dentro de F_2 apresentou-se superior aos outros métodos avaliados para produtividade de grãos.

Também trabalhando com o caráter produtividade em feijão e fixação simbiótica do nitrogênio por meio das bactérias *Rhizobium*, Pereira & Braidotti (2001) compararam o método Bulk dentro de famílias F_2 com o método SSD em um cruzamento entre as cultivares Negro Argel e Rio Tibagi, com nitrogênio mineral ou inoculação com *Rhizobium*. Como resultado concluíram que o método Bulk dentro de F_2 demonstrou-se mais eficiente que o método SSD na obtenção de genótipos superiores. Também concluíram que a seleção sob o tratamento com *Rhizobium*, proporciona oportunidade para selecionar genótipos com potencial para aumentar a fixação de nitrogênio e a produtividade de grãos.

Urrea & Singh (1994) realizaram um trabalho comparando seleção massal, *pedigree* com linhas derivadas de F_2 e SSD na avaliação de uma população interracial de feijão. Foram avaliadas características como produtividade, porte, cor e tamanho das sementes e maturação. As médias de produtividade das linhas derivadas de SSD foram menores do que as obtidas dos outros métodos, e nenhuma das linhas avaliadas superaram os parentais (ICA L e UI pinto 114). Pelo método *pedigree* com linhas derivadas de F_2 , foram geradas as linhas com maiores médias, embora fosse considerado que o tamanho amostral era pequeno para avaliação de produtividade. No método *pedigree* foram geradas linhas de sementes mais claras e de tamanho médio e porte da planta de hábito prostrado III.

Os estudos sobre a escolha de métodos de condução de população são muito importantes e envolvem alguns pontos determinantes, como o tempo gasto, a facilidade de condução, o tamanho da área experimental e as estratégias de seleção passíveis de execução em cada método. Existem diversos trabalhos sobre comparações de métodos de populações segregantes para outras culturas além do feijoeiro, como a soja, o trigo, e a cevada.

Um estudo sobre comparação de três métodos de seleção em populações derivadas de dois cruzamentos de trigo para o caráter produtividade foi realizado por Pawar et al. (1984). Os métodos de seleção avaliados foram SSD, Bulk e descendente de uma única planta. Concluiu-se que houve superioridade das populações selecionadas sobre as outras populações e o método SSD mostrou-se melhor que o método Bulk.

Comparando na cultura de trigo, a eficiência do método Bulk e do método SSD na obtenção famílias superiores para produtividade, altura e maturação, Tee & Qualset (1975) obtiveram como resultados que o método Bulk teve a melhor avaliação, se os efeitos de competição entre as plantas não forem importantes. No método Bulk existe o efeito da seleção natural, fazendo com que as plantas mais competitivas sobressaíssem em relação as plantas menos competitivas; para algumas espécies, a capacidade competitiva não se correlaciona positivamente com a produtividade.

Inagaki et al. (1998), comparando em linhagens de trigo, a eficiência para produtividade de dez linhas obtidas pelo método de diaplóide, SSD e o método genealógico, obtiveram resultados nos quais não houve diferença significativa na produção de grãos entre as linhagens obtidas pelo diaplóide e método genealógico, no qual os genitores eram muito relacionados. Em dois resultados nos quais os genitores possuíam baixo coeficiente de parentesco, a produtividade das linhas obtidas por diaplóide foi significativamente menor que as obtidas pelo método SSD e genealógico.

Dois sistemas de cruzamentos (biparental e múltiplos) e quatro métodos (genealógico, Bulk com seleção, Bulk sem seleção e Bulk modificado) de condução de populações segregantes na cultura do trigo foram comparados por Singh et al. (1998). Os autores avaliaram a produtividade e diversos outros caracteres em oitenta famílias de cada método durante dois anos. Eles observaram que, em termos de produtividade média, o método genealógico foi superior aos demais, seguido do Bulk modificado. Entretanto, na comparação das dez famílias mais produtivas não mostrou nenhuma diferença entre os métodos, exceto para o caráter ciclo. Já para as vinte e trinta famílias mais produtivas, observaram uma tendência a favor do Bulk com seleção e do modificado, este último sendo realizado retirando-se amostras de metade de uma panícula. Com relação à eficiência dos métodos, em termos de área utilizada, custos e ganho genético, o método Bulk com seleção obteve mais destaque e evidenciou superioridade sobre os demais.

Torrie (1958), realizando um estudo comparando o método genealógico e o Bulk para a condução de linhagens de soja avaliadas na geração F₆, avaliou diversos caracteres agrônômicos, nos quais não se encontraram diferenças significativas entre os dois métodos de condução de populações para os caracteres altura, reação à murcha bacteriana, teor de óleo e proteína das sementes.

Voight & Weber (1960), *apud* Raposo (1999), trabalharam com a comparação de métodos na cultura da soja, avaliando cem famílias de cada método analisado: genealógico, Bulk e Bulk dentro de F₂. Demonstrou-se nos resultados, que este último apresentou um

melhor desempenho médio e maior proporção de famílias com desempenho superior à testemunha.

Para a cultura do arroz são mostrados na Tabela 2 alguns resultados de comparações entre métodos de condução de populações segregantes. Estas pesquisas indicam que, assim como para outras culturas autógamas, o método Bulk e suas modificações (Bulk dentro de família) tem se mostrado bastante promissor (Santos, 2000).

Tabela 2. Comparações entre métodos de condução de populações segregantes utilizados no melhoramento genético da cultura do arroz.

Métodos	Conclusões	Fonte
SSD e genealógico (sequeiro)	Método SSD conduziu a CVg mais elevados e mostrou-se o mais eficiente em conduzir genótipos produtivos e agronomicamente superiores, sendo viável no melhoramento da cultura do arroz de sequeiro e melhor quando utilizado com genitores superiores.	Abbud (1981)
Genealógico, Bulk e SSD (Sequeiro e irrigado)	Superioridade dos métodos Bulk e SSD na manutenção e obtenção de famílias altamente produtivas.	Mishra et al. (1994)
Genealógico, Genealógico modificado, Bulk e SSD (Irrigado)	Avaliaram 13 caracteres quantitativos em linhagens F ₆ . A performance média das linhagens obtidas pelo método genealógico, genealógico modificado e Bulk foi superior ao SSD para o nº de grãos/panícula e peso de cem grãos. Para produtividade não houve diferenças entre os métodos. Quanto aos custos por linhagem, o SSD foi de US\$ 13,70 e o de Bulk US\$ 22,30.	Fahim et al. (1996)

Extraída de Santos (2000).

Realizando estudo comparando linhagens de cevada obtidas pelo método SSD, genealógico e diaplóide, Powell et al. (1986) avaliaram diversas características agronômicas. O estudo confirmou que em cada método, famílias recombinantes produzidas por autofecundação com médias superiores aos melhores genitores foram obtidas. Diferenças obtidas entre o método do diaplóide e o método SSD para o caráter peso de mil grãos foram atribuídas a alguns *linkages* contendo genes epistáticos. No estudo também é mostrado que

na falta de diferencial de seleção, as propriedades de recombinação dos três métodos foram idênticas.

2.4 ESTIMATIVAS DE PARÂMETROS GENÉTICOS E FENOTÍPICOS

As estimativas de parâmetros genéticos e fenotípicos são informações úteis aos melhoristas que ajudam na tomada de decisões. Elas auxiliam na escolha de parentais, no modo de condução das populações segregantes assim como na comparação destas e também se prestam na avaliação dos efeitos da seleção em outros caracteres que não estão sob seleção direta. Alguns dos parâmetros mais utilizados são a herdabilidade, a correlação entre caracteres e o progresso esperado com a seleção (Ramalho et al., 1993).

A herdabilidade (h^2) é uma estimativa bastante utilizada por melhoristas, e permite antever a possibilidade de sucesso com a seleção, uma vez que ela reflete a proporção da variância fenotípica que pode ser herdada, ou seja, mede a confiabilidade do valor fenotípico como indicador do valor reprodutivo (Ramalho et al., 1993).

A herdabilidade pode ser expressa no sentido amplo (h^2_a) e no sentido restrito (h^2_r), sendo que a primeira possui como numerador a variância genética total e a segunda, apenas a variância aditiva. Desta forma, a herdabilidade no sentido restrito reflete a proporção da variância total que é herdável. Ela é importante para se predizer o ganho esperado com a seleção, assim a unidade deve ser aquela onde a seleção será praticada. Se a seleção for entre as médias das progênes, a estimativa de h^2 será em nível das médias, contudo, se for realizada uma seleção de indivíduos dentro das progênes, isso é, uma seleção massal, utiliza-se a herdabilidade no nível dos indivíduos (Ramalho et al., 1993).

Trabalhando com populações segregantes de feijoeiro, Coelho et al. (2002) obtiveram estimativas de herdabilidade no sentido amplo em duas épocas de cultivo: primavera-verão e verão-outono para produtividade, número de vagens por planta, número de grãos por vagem e peso de cem grãos. Os resultados foram que na primavera-verão a herdabilidade para o caráter produtividade foi de -1%, enquanto no verão-outono foi de 19%, o que indica a influência ambiental. A herdabilidade para o número de vagens por planta foi de 34% e 25%, respectivamente, a herdabilidade do número de grãos por vagem foi de 17% e 33% para as épocas mencionadas, e a herdabilidade para o peso de cem grãos teve valores de 19% e 33% nas épocas citadas.

Em trabalho utilizando trinta e dois genótipos de feijão preto, Coimbra et al. (1999) obtiveram herdabilidades no sentido amplo para os seguintes caracteres agrônômicos:

número de vagens por planta, número de grãos por planta, peso de mil grãos e rendimento dos grãos. As herdabilidades obtidas para esses caracteres foram respectivamente 52,88%, 55,42%, 91,26% e 63,79%.

Utilizando populações segregantes de feijão em seu estudo Baldoni et al. (2006) obtiveram estimativas de herdabilidade no sentido amplo de 51,29% para a produtividade de grãos, 74,11% para o tipo de grão e 93,64% para a reação à mancha angular. Essas herdabilidades são consideravelmente altas para todos os caracteres avaliados, o que reflete a ampla variabilidade entre as famílias avaliadas.

Também utilizando populações segregantes de feijoeiro comum, Melo et al. (2006) trabalharam com diversas linhagens de feijão preto e carioca e avaliaram nas em seis locais, tendo como objetivos estimar os parâmetros genéticos em populações segregantes de feijoeiro comum, avaliar a existência de interação das linhagens com locais e épocas e selecionar as mais promissoras, com maior adaptabilidade e estabilidade de produção. Neste estudo, obtiveram-se herdabilidades para produção de 57% para o ensaio com o grupo carioca e 89% para o grupo preto e foram selecionadas 33 linhagens promissoras no grupo carioca e oito no grupo preto.

As estimativas de correlações que medem o grau de associação entre dois ou mais caracteres também são de grande importância num programa de melhoramento, pois há a preocupação em se aprimorar uma cultura, não para uma característica isolada, mas para um conjunto de caracteres simultaneamente (Vencovsky & Barriga, 1992). É também de interesse, saber quais as modificações que ocorrem em um caráter quando a seleção é aplicada a outro.

Falconer (1987) distingue duas causas básicas de correlação entre caracteres: genética e ambiental. A pleiotropia, que é a propriedade de um gene controlar dois ou mais caracteres, é responsável pela correlação genética permanente entre os caracteres. Já a ligação gênica, pode ser responsável pela ocorrência de correlação entre caracteres, porém essa correlação é transitória, ou seja, desaparece quando a população atinge condição de equilíbrio para os genes que afetam as duas características.

A correlação ambiental mede o grau de associação entre caracteres devido a fatores ambientais. Ela ocorre sempre que dois ou mais caracteres forem influenciados pelos mesmos fatores ambientais. Será positiva quando o efeito ambiental atuar na mesma direção em ambos os caracteres, e será negativa caso ocorra o contrário. As correlações genéticas e de ambiente, muitas vezes, diferem na magnitude e, algumas vezes, em sinal. A diferença em

sinal entre duas correlações indica que as causas genéticas e de ambiente afetam os caracteres através de mecanismos fisiológicos diferentes (Falconer, 1987).

Trabalhando com populações segregantes de feijoeiro, Coelho et al. (2002) obtiveram coeficientes de correlação fenotípica e ambiental em duas épocas de cultivo: primavera-verão e verão-outono para as características produtividade, número de vagens por planta, número de grãos por vagem e peso de cem grãos. Os resultados foram que o coeficiente de correlação fenotípica e ambiental entre a produção de grãos por planta e os outros componentes avaliados foram todos positivos, e dentre estes componentes, o número de vagens por plantas obteve maior correlação com a produção em ambas as estações. Nos resultados também foi demonstrado que as correlações entre os componentes primários foi baixa ou negativa.

Foi realizado estudo que avaliou noventa genótipos de feijão carioca e estimou as correlações genéticas entre produtividade de grãos e caracteres agromorfológicos com o intuito de identificar quais caracteres evidenciam maiores efeitos sobre a produtividade. Concluiu-se que os caracteres número de grãos e vagens por planta e número de grãos por vagem apresentam maior correlação com o rendimento de grãos, devendo ser priorizados na seleção indireta (Ribeiro et al., 2001).

Lana et al. (2003) trabalhando com populações segregantes de feijão, estimaram a herdabilidade no sentido amplo e as correlações fenotípicas e genotípicas da produtividade de grãos e seus componentes de rendimento nos sistemas de monocultivo e consórcio com milho. Foi demonstrado nos resultados que para os caracteres avaliados, em cada sistema de cultivo, no caso de seleção de plantas no monocultivo, visando a semeadura no consórcio com o milho, o número de vagens por planta é o caráter com maior potencial a ser utilizado no processo seletivo.

Outra estimativa de parâmetros genéticos bastante utilizada é o progresso esperado com a seleção, que consiste no quanto é possível de se obter em uma geração subsequente realizando a escolha na geração atual. O progresso esperado é baseado numa unidade de medida (indivíduo ou família), que é a unidade de seleção X, a qual é relacionada com alguns indivíduos Y da população melhorada (Ramalho et al., 1993).

O progresso esperado com a seleção é função da covariância entre indivíduos X e seus respectivos descendentes Y, como da variância fenotípica da unidade de seleção na população original, e também é função do diferencial de seleção (ds), que depende da proporção de indivíduos selecionados.

Efetuando um trabalho de seleção de famílias de feijão oriundas de populações segregantes, Nunes et al. (1999) obtiveram ganhos genéticos para produtividade, redução no número de dias para o florescimento e resistência ao oídio nas famílias F₆, nas quais os ganhos foram de 1,8%, 6,5% e 8,0% respectivamente. Os ganhos com a seleção, em cada caráter, foram pequenos. Isso se deve, provavelmente, ao fato de serem considerados simultaneamente, por ocasião da seleção, vários caracteres, evidenciando que quando se consideram muitas características ao mesmo tempo, o melhorista tem menores ganhos com a seleção, com relação a cada característica isoladamente.

Ao trabalhar com populações segregantes oriundas de cinco cruzamentos e considerando as melhores linhas, Londero et al. (2006) obtiveram os ganhos de seleção de fibra solúvel, fibra insolúvel, fibra alimentar total e rendimento de grãos. Os resultados foram que para fibra solúvel e fibra alimentar total, o cruzamento FT 96-1282 x Varre-Sai obteve o melhor ganho de seleção de 25,07% e 7,23%, respectivamente. Para fibra insolúvel, a melhor combinação foi CNFP 8100 x Varre-Sai, com ganho de 6,35%. Finalmente, para o rendimento total de grãos, a combinação FT 96-1282 x Valente foi a mais promissora, com ganhos de 13,93%.

A relevância deste trabalho é dada pelo fato que existem poucos trabalhos com melhoramento de feijão para o aumento de suas características nutricionais tanto no Brasil como no mundo. Os resultados de trabalhos deste tipo beneficiam toda a cadeia do feijão, desde os produtores, que produzem um feijão de maior valor agregado, pois além de serem produtivos, os feijões produzidos são mais nutritivos atendendo aos consumidores que encontrarão feijão com melhores valores nutricionais.

3 MATERIAL E METÓDOS

3.1 OBTENÇÃO E CONDUÇÃO DAS POPULAÇÕES SEGREGANTES

Os genitores utilizados para obter as populações segregantes foram as linhagens do tipo de grão comercial carioca CNFC 7812 e CNFC 8056, pertencentes ao programa de melhoramento da Embrapa Arroz e Feijão. Em estudos preliminares constatou-se que elas foram contrastantes em relação ao teor de proteína, sendo que a CNFC 7812 com 23% e a CNFC 8056 com 16% de proteína. Este cruzamento contrastante foi selecionado pois o objetivo era construir o mapa genético do feijoeiro para teor de proteína, trabalho realizado por Leão et al. (2005), onde foram feitas as análise de proteína de 106 indivíduos da geração F_2 do cruzamento supracitado, utilizando-se estes dados neste trabalho.

Para iniciar o processo de condução de populações segregantes, a geração F_2 foi plantada em novembro de 2004 em casa de vegetação na Embrapa Arroz e Feijão, situada no município de Santo Antônio de Goiás-GO, na fazenda Capivara na latitude $16^{\circ} 28' 00''S$, longitude $49^{\circ} 17' 00''$ e altitude 823m.

A partir de 150 plantas escolhidas aleatoriamente na geração F_2 , obtiveram-se as populações segregantes que foram conduzidas pelo método de descendência de uma única semente (SSD), método Bulk e Bulk dentro de F_2 .

3.1.1 Método do descendente de uma única semente (SSD)

O avanço das gerações por este método realizou-se em casa de vegetação na Embrapa Arroz e Feijão. Foram semeadas três sementes por vaso colhidas de cada uma das 150 plantas da F_2 constituindo assim a geração F_3 . O plantio da geração F_3 ocorreu em 29 de abril de 2005 e a colheita realizou-se em Julho de 2005. O plantio da geração F_4 ocorreu em 10 de agosto de 2005 e a colheita ocorreu em 16 de dezembro de 2005. O plantio da geração F_5 ocorreu dia 20 de dezembro de 2005 e a colheita ocorreu em 20 de março de 2006, obtendo-se no final do processo, 136 famílias para análise dos teores de proteína total.

Os plantios das famílias conduzidas pelo método SSD foram realizados em vasos de plásticos de três litros, contendo solo devidamente adubado, utilizando procedimento de

rotina realizado pela Embrapa.

3.1.2 Método Bulk

Para este método, utilizou-se 750 sementes das 150 plantas da geração F_2 que foram misturadas, formando uma amostra de cinco sementes/ planta para obter as sementes da F_3 . Estas foram semeadas em junho de 2005, em dez linhas de cinco metros, com 15 sementes por metro e espaçamento de 0,5 m na Embrapa Arroz e Feijão. O processo se repetiu na obtenção das sementes F_4 , com semeadura em março de 2006, na Embrapa Arroz e Feijão, em dez linhas de cinco m, com 15 sementes por metro espaçadas de 0,5 m. Plantou-se a geração F_5 em dez linhas de cinco metros e espaçamento de 0,5 m e 15 sementes por metro na Embrapa Arroz e Feijão em Julho de 2006, e suas sementes foram colhidas em outubro de 2006, obtendo-se no final do processo 150 famílias, cujas sementes foram utilizadas para a análise do teor de proteína total.

3.1.3 Método bulk dentro de F_2

Utilizou-se o restante das sementes de cada planta F_2 para amostrar 150 famílias $F_{2:3}$. Estas foram avançadas na estação experimental da Universidade Federal de Lavras-MG, situada na região sul de Minas, a 910 m de altitude $21^{\circ}14'00''$ S de latitude e $45^{\circ}00'00''$ W de longitude. As parcelas foram constituídas de uma linha de dois metros, espaçadas de 0,5 m e 15 sementes por metro. O plantio foi realizado em março de 2005 e a colheita em junho de 2005, originando as famílias $F_{2:4}$.

As famílias $F_{2:4}$ foram avaliadas e conduzidas no delineamento de látice triplo 12×12 , com duas linhas de dois metros, espaçamento de 0,5 m entre linhas e 15 sementes por metro, realizados na Embrapa Arroz e Feijão. A semeadura ocorreu em julho de 2005 e a colheita em outubro de 2005. Neste ensaio foram obtidos dados de florescimento e produtividade de grãos ($\text{kg} \cdot \text{ha}^{-1}$).

As famílias $F_{2:5}$ foram avaliadas em dois locais: na estação experimental de Ponta Grossa-PR, localizada na latitude $25^{\circ} 05' 42''$, longitude $50^{\circ} 09' 43''$ e altitude 969 m, em fevereiro e julho de 2006 e na Embrapa Arroz e Feijão. O experimento foi conduzido no delineamento de látice triplo 12×12 , parcelas com duas linhas de quatro m. na primeira localidade e duas linhas de dois metros na segunda localidade, com o espaçamento 0,5 m entre linhas e 15 sementes por metro. As plantas colhidas para análise do teor de proteína

total vieram do experimento de Ponta Grossa – PR, e totalizaram 134 famílias, nestes ensaios foram obtidos dados de produtividade de grãos.

Nos ensaios realizados na casa de vegetação, foram utilizados 7,5 g de adubo por quilo de terra. A adubação de cobertura com sulfato de amônia realizou-se vinte dias após o plantio. Para o controle de ácaros utilizou-se Vertimec na dose 2 mL.L⁻¹, para mosca branca Actara na dose 0,5 g. L⁻¹ e para oídio utilizou-se Trifumim 0,6 g. L⁻¹.

No campo, foi feita a adubação com NPK 5-30-16 e zinco na taxa de 450 kg.ha⁻¹, e vinte dias depois a adubação de cobertura com sulfato de amônia na proporção de 200 kg.ha⁻¹. Foram aplicados os herbicidas Flex na dose 1 L.ha⁻¹ e Fusilade na dose de 1,2 L.ha⁻¹ e os inseticidas Actara a 100 g.ha⁻¹ e Sevum a 1,5 L.ha⁻¹. Um mês depois foram aplicados os inseticidas Actara a 100 g.ha⁻¹ e Azodrim a 1 L.ha⁻¹.

3.2 AVALIAÇÃO DO TEOR DE PROTEÍNA

As avaliações do teor de proteína foram realizadas nas famílias F₅ provenientes dos três métodos de condução das populações derivadas do cruzamento de CNFC 7812 x CNFC 8056, com 136 famílias provindas do método SSD, 134 famílias provindas do método Bulk dentro de F₂ e 150 famílias oriundas do método Bulk. O número de grãos utilizados para cada genótipo variou de acordo com a disponibilidade de sementes, sendo esse valor de no mínimo, cinco sementes e no máximo cem sementes. Para a determinação da proteína total estimou-se o teor de nitrogênio utilizando o método de micro-Kjedahl proposto pela AOAC (1995). As estimativas dos teores de proteína de cada família foram obtidas a partir de três repetições.

As mensurações foram obtidas por meio da moagem dos grãos de feijão utilizando-se um moinho analítico de faca fixa, IKA A11 Basic. Para cada amostra, pesou-se uma quantia de 200 mg deste pó de feijão que foi adicionado a um tubo de digestão. Neste mesmo tubo também foram adicionados um grama de catalisador (Sulfato de cobre e Sulfato de potássio) e três mililitros de ácido sulfúrico concentrado.

A digestão das amostras foi realizada nos blocos digestores até que o Carbono e o Hidrogênio fossem oxidados. A digestão ocorreu em cinco horas: na primeira hora, aqueceu-se o bloco a 100°C, na segunda hora, elevou-se a temperatura a 200°C, e na terceira hora, elevou-se temperatura para 300°C, até o término da quinta hora.

Após a digestão foram colocados vinte mL de água deionizada em cada tubo contendo amostra. Em seguida, levou-se a amostra para um balão de destilação e depois se

acrescentaram dez mL de NaOH a 12,5 N. Levou-se então, o balão ao aparelho Kjeldahl, no qual ocorreu a destilação da amostra.

Em erlenmeyers colocaram-se dez mL de solução indicadora de nitrogênio, consistindo de ácido bórico, vermelho de metila e verde de bromocressol. Essa solução, que possui cor avermelhada, torna-se verde com o contato do nitrogênio que é liberado no processo de destilação com o aparelho Kjeldahl, gerando borato de amônia.

O teor de Nitrogênio final é obtido através de uma titulação do erlenmeyer contendo a solução indicadora mais o destilado da amostra utilizando-se um titulador abastecido com ácido sulfúrico a 0,1 normal. O resultado em mililitros dessa titulação teve seu valor multiplicado por 0,7 obtendo-se o teor total de Nitrogênio. Essa titulação determinou a quantidade de “N” que multiplicada por um fator de 6,25, forneceu a quantidade de proteína presente na amostra.

3.3 ANÁLISES GENÉTICAS E ESTATÍSTICAS

Para o caráter teor de proteína, realizou-se análises utilizando medidas descritivas como média, variância, desvio padrão, coeficiente de variação, correlação. Além de parâmetros genéticos e fenotípicos como a herdabilidade a variância genética.

Realizou-se a análise de variância para cada caráter avaliado nas famílias F_{2:4} e F_{2:5} do método Bulk dentro de F₂. A partir das esperanças matemáticas dos quadrados médios estimou-se os componentes de variância e os parâmetros genéticos e fenotípicos, segundo Vencovsky & BARRIGA (1992).

Para calcular os parâmetros genéticos utilizou-se o delineamento em látice 12x12 de 134 famílias e dez linhagens totalizando 144 tratamentos, onde modelo matemático foi determinado como determinado na equação 1. O esquema da análise de variância é mostrado na Tabela 3, segundo Vencovsky & BARRIGA (1992).

$$Y_{ijk} = \mu + r_i + b_{(ij)} + t_k + e_{ijk} \quad (1)$$

Em que: Y_{ijk} é o valor observado na parcela experimental que recebeu o tratamento k no bloco j da repetição i; μ é o efeito fixo da média geral; r_i é o efeito aleatório da repetição i; $b_{(ij)}$ é o efeito aleatório do bloco j dentro da repetição i; t_k é o efeito aleatório do tratamento k e e_{ijk} é o erro experimental associado ao total da parcela Y_{ijk} .

Tabela 3. Esquema geral da análise de variância, com as respectivas esperanças matemáticas (E) dos quadrados médios (QM).

Causas de variação	QM	E (QM)
Repetição	Q ₁	-
Bloco dentro de repetição	Q ₂	-
Tratamento (ajustado)	Q ₃	$\sigma_e^2 + r\sigma_g^2$
Erro efetivo	Q ₄	σ_e^2

Em que: σ_e^2 : Variância ambiental, σ_g^2 : Variância genética entre os tratamentos e r: número de repetições.

A análise de variância conjunta foi efetuada a partir das médias das famílias. Os três ambientes avaliados neste estudo foram Santo Antônio de Goiás - GO, no ano de 2005 e 2006 e Ponta Grossa - PR, no ano de 2005. A equação 2 demonstra o modelo matemático segundo Vencovsky & BARRIGA (1992), considerou que os tratamentos foram aleatórios e os ambientes efeitos fixos.

$$Y_{kjl} = \mu + t_k + a_l + b_{(l)j} + (ta)_{kl} + \bar{e}_{(l)kj} \quad (2)$$

Em que: Y_{kjl} é o valor observado do tratamento k, no bloco j dentro do ambiente l; μ é a média geral; t_k é o efeito aleatório do tratamento k; a_l é o efeito fixo do ambiente l (local ou ano); $b_{(l)j}$ é o efeito do bloco j dentro do ambiente l; $(ta)_{kl}$ é o efeito da interação tratamento k e ambiente l e $e_{(l)kj}$ é o erro experimental médio.

O esquema da análise de variância conjunta é mostrado na Tabela 4, na qual se encontram os quadrados médios, com suas respectivas esperanças matemáticas, sendo que para o cálculo das estimativas da interação foi usada a restrição mostrada por Vencovsky & BARRIGA (1992).

Tabela 4. Esquema geral da análise de variância conjunta (anos ou locais), com as respectivas esperanças matemáticas do quadrado médio (EQM).

Causas da variação	QM	E (QM)
Ambiente (A)	-	-
Tratamento (G)	Q6	$\sigma_e^2 + rl\sigma_g^2$
Interação G x A	Q7	$\sigma_e^2 + r \frac{l}{l-1} \sigma_{ga}^2$
Erro médio	Q8	σ_e^2

Em que: σ_g^2 : Variância genética entre tratamentos, σ_{ga}^2 : Variância da interação tratamento com ambientes, σ_e^2 : Variância ambiental, l: número de ambientes e r: número de repetições.

A partir das esperanças matemáticas dos quadrados médios, apresentados nas Tabelas 3 e 4, foram estimados os componentes de variância e os parâmetros genéticos e fenotípicos apresentados na Tabela 5 como em Vencovsky & Barriga (1992).

Tabela 5. Estimativas dos componentes de variância e dos parâmetros genéticos e fenotípicos de cada geração e da análise conjunta.

Estimativas	Individual	Expressão p/ as estimativas
$\hat{\sigma}_{gl}^2$	Variância genética entre as famílias no ambiente 1	$\frac{Q_3 - Q_4}{r}$
$\hat{\sigma}_{fl}^2$	Variância fenotípica média entre as famílias no ambiente 1	$\frac{Q_3}{r}$
$\hat{\sigma}_{el}^2$	Variância do erro no ambiente 1	Q_4
h_{al}^2	Herdabilidade no sentido amplo no ambiente 1	$\frac{Q_3 - Q_4}{Q_3}$
CV_{gl}	Coeficiente de variação genético entre as médias das famílias no ambiente 1, sendo \bar{X} a média das famílias	$\frac{\hat{\sigma}_{gl}}{\bar{X}}$
Conjunta		
$\hat{\sigma}_l^2$	Variância genética entre famílias na análise conjunta	$\frac{Q_6 - Q_8}{rl}$
$\hat{\sigma}_f^2$	Variância fenotípica média entre as famílias na análise conjunta	$\frac{Q_6}{rl}$
$\hat{\sigma}_{fa}^2$	Variância da interação famílias x ambientes	$\frac{Q_7 - Q_8}{r \frac{1}{1-l}}$
$\hat{\sigma}_e^2$	Variância do erro	Q_8
h_a^2	Herdabilidade no sentido amplo	$\frac{Q_6 - Q_8}{Q_6}$

O ganho realizado com a seleção das dez famílias mais e menos produtivas do método Bulk dentro de F_2 foi calculado utilizando a equação 3:

$$GR(\%) = \frac{(\bar{X}_{sij} - \bar{X}_{ij})}{\bar{X}_j} * 100 \quad (3)$$

Onde: \bar{X}_{sij} é a média dos indivíduos selecionados na geração F_{2:4}, \bar{X}_{ij} é a média na F_{2:5} dos indivíduos, selecionados na geração F_{2:4} e \bar{X}_j é a média da geração F_{2:5}.

Calculou-se a herdabilidade realizada escolhendo-se as dez melhores famílias na geração F_{2:4}, e utilizando-se a equação 4 proposta por Ramalho et al. (1993).

$$h_{45}^2 = \frac{GS_{2:5} / m_{2:5}}{ds_{2:4} / m_{2:4}} \quad (4)$$

Onde GS_{2:5} é o ganho realizado com a seleção dos descendentes (geração F_{2:5}): a média, na geração F_{2:5} dos indivíduos selecionados na geração F_{2:4}, menos a média geral dos indivíduos

dessa geração; ds_{2:4} é o diferencial de seleção, isto é, a média dos indivíduos selecionados na geração F_{2:4} menos a média geral dos indivíduos dessa geração, e m_{2:4} e m_{2:5} são as médias das famílias nas gerações F_{2:4} e F_{2:5}, respectivamente.

Essas estimativas da herdabilidade realizada são importantes porque refletem o que o melhorista realmente conseguiria com essa seleção para o caráter em estudo, sendo medida mais precisa, pois avalia o material em dois ciclos diferentes.

Para o caráter teor de proteína, foi estimada a correlação de Pearson entre o teor de proteína das planta F₂ e o teor de proteína das famílias F₅ dos métodos SSD e Bulk dentro de F₂, segundo a equação 5 de Steel & Torie (1980):

$$r = \frac{\sum_{i=1}^n (x_i - \bar{x}) \cdot (y_i - \bar{y})}{\sqrt{\sum_{i=1}^n (x_i - \bar{x})^2} \cdot \sqrt{\sum_{i=1}^n (y_i - \bar{y})^2}} \quad (5)$$

Onde x₁, x₂, ..., x_n e y₁, y₂, ..., y_n são os valores medidos de ambas as variáveis. Então temos a equações 6 e 7:

$$\bar{x} = \frac{1}{n} \cdot \sum_{i=1}^n x_i \quad (6)$$

$$\bar{y} = \frac{1}{n} \cdot \sum_{i=1}^n y_i$$

Que são as médias aritméticas de ambas variáveis. Sua significância foi testada na Tabela de Steel & Torie (1980).

4 RESULTADOS E DISCUSSÃO

4.1 COMPARAÇÕES ENTRE OS MÉTODOS DE CONDUÇÃO DE POPULAÇÕES SEGREGANTES PARA TEOR DE PROTEÍNA

Os resultados obtidos para teor de proteína nos três diferentes métodos de condução de populações e os dados da geração F₂ são apresentados na Tabela 6 (dados completos no Anexo A). O número de famílias avaliadas em cada método foi diferente devido a perda de famílias ao longo do processo. Os histogramas contendo as distribuições de frequência para este caráter encontram-se na Figura 1.

Tabela 6. Medidas descritivas para o teor de proteína total das plantas F₂ e famílias conduzidas por diferentes métodos de condução de populações e analisadas no laboratório de qualidade de grãos da Embrapa Arroz e Feijão em 2004 para a geração F₂, e em 2006 para as demais famílias.

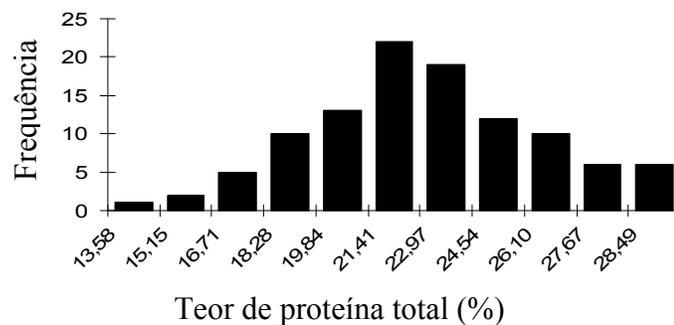
Geração/ Método	Nº. Obs	Média (%)	Mínimo (%)	Máximo (%)	CV ⁽¹⁾ (%)	σ^2_F ⁽²⁾	σ^2_G ⁽³⁾	h^2 ⁽⁴⁾ (%)
F ₂	106	21,58	13,58	29,23	15,92	11,802	7,472	63,31
SSD F ₅	136	16,58	10,82	25,55	13,78	5,219	0,885	16,96
Bulk F ₅	150	20,37	17,04	24,12	7,15	2,123	0	0
Bulk F _{2:5}	134	20,44	18,17	22,84	5,69	1,044	0,366	35,06

Em que: (1): Coeficiente de variação, (2): Variância fenotípica, (3): Variância genotípica e (4): herdabilidade.

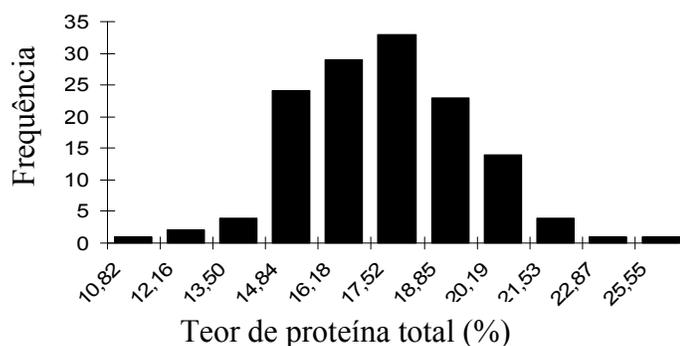
Observou-se que na geração F₂ o valor médio ficou abaixo do melhor genitor (CNFC 7812) que contém 23% de proteína total. Observa-se na Figura 1 que existe na F₂ grande variabilidade para o caráter teor de proteína, sendo possível identificar 34 plantas (32,07% do total) com médias superiores ao genitor de maior teor de proteína total (23%) e 74 plantas superiores às médias dos genitores com máximo valor para proteína total encontrado de 29,23%.

Para o método SSD, o teor de proteína total médio foi de 16,58%, resultado também inferior a média dos genitores (19,5%). Neste método, encontrou-se apenas uma família superior ao melhor genitor, contendo 25,55% de proteína total e 16 famílias (11,76% do total) com maior média que a dos genitores.

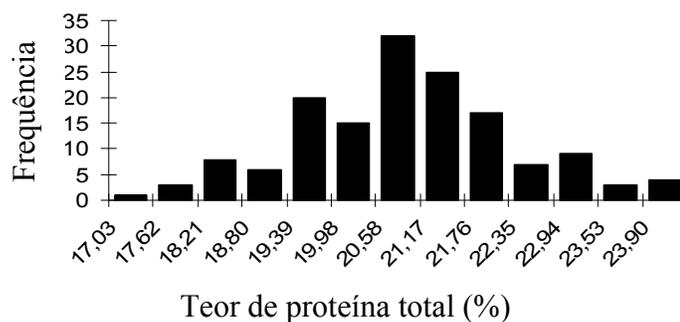
(A)



(B)



(C)



(D)

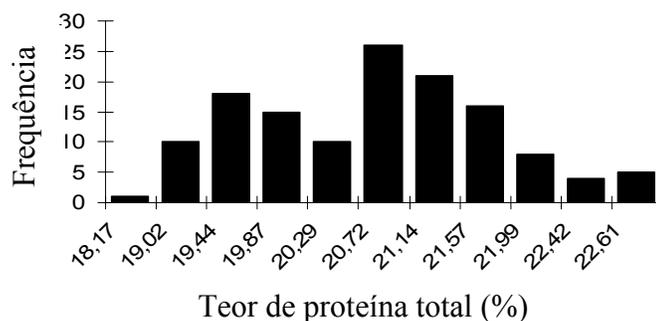


Figura 1. Histogramas de distribuição de frequências dos valores do teor de proteína total obtidos nas análises efetuadas na Embrapa Arroz e Feijão, em 2004 da geração F_2 , (A) e em 2006, pelos métodos de condução de populações SSD F_5 (B), Bulk F_5 (C) e Bulk $F_{2.5}$ (D).

No método Bulk, as famílias F_5 apresentaram um máximo teor de proteína total de 24,12%, que foi maior que o do melhor genitor, havendo quatro famílias avaliadas que

superaram o melhor genitor e 105 famílias (70% do total) que superaram a média dos genitores.

No método Bulk F_{2:5}, não houve famílias que superassem o valor do melhor genitor (23%), com o valor máximo encontrado para proteína de 22,84%. 77 famílias (51,68% do total) superaram a média dos genitores. Na Tabela 7, encontram-se o número de famílias oriundas de cada método e da geração F₂ que superaram o melhor genitor o número de famílias provenientes de cada método e da geração F₂ que superaram a média dos genitores.

Tabela 7. Resumo do numero de famílias provenientes de cada método e da geração F₂ que superaram a media dos genitores ou o teor de proteína total do melhor genitor.

Geração/método	Nº de famílias superiores à média dos genitores e porcentagem em relação ao total	Nº de famílias superiores ao valor do melhor genitor
F ₂	74 (70,7%)	34
SSD F ₅	16 (11,76%)	1
Bulk F ₅	105 (70%)	4
Bulk F _{2:5}	77 (51,68%)	0

Analisando a Figura 1 foi possível verificar que o método que mais obteve variabilidade genética foi o SSD, porém apresentou extremos raros principalmente com baixos teores de proteína. O segundo método que obteve mais variabilidade e apresentou mais famílias extremas, foi o método Bulk, seguido do método Bulk F_{2:5}. Os métodos Bulk e Bulk F_{2:5} apresentaram todos as famílias superiores ao pior genitor.

No método de Bulk e Bulk dentro de famílias F₂, observaram-se médias de proteína total de 20,37% e 20,44%, respectivamente. Pires (2003) encontrou teores de proteína com variação de 18,13% a 22,51% nos feijões do grupo carioca, obtendo uma média de 20,32%.

O valor médio do teor de proteína total, para o método Bulk foi de 20,37% e o valor médio do teor de proteína total do método Bulk dentro de F₂ foi de 20,44%, os dois escores situando entre o esperado para o grupo de feijão carioca, de acordo com Filho et al. (2005) conforme exposto na Tabela 1, onde as médias de proteína para o grupo carioca situaram-se entre 11,5% e 30%.

As herdabilidades para o caráter teor de proteína foram de 63,31% para a F₂, 16,96% para o método SSD, e 35,06% para o método Bulk dentro de famílias F₂. Não

houve estimativa de herdabilidade para o método de Bulk F₅, porque a variância genética foi nula.

Normalmente, espera-se que os métodos de Bulk e SSD liberem maior variabilidade entre as famílias. Neste trabalho, isso foi observado quando se analisa a variância genética entre as famílias. No método de Bulk esta estimativa foi negativa devido a alta variância ambiental.

A amostragem é um problema que pode afetar a variância genética liberada entre as famílias, sendo o método de Bulk um dos mais afetados. Isso pode explicar os resultados encontrados neste trabalho, indicando a necessidade de se aumentar o número de famílias avaliadas para este caráter. Apesar disso, neste método foi encontrado o maior número de famílias que superaram a média dos genitores e a média do genitor superior.

O método SSD não apresenta problemas de amostragem e neste caso, foi o que apresentou maior variância genética e possibilitou a identificação de uma família com maior teor de proteína total (25,55%). O método Bulk dentro de F₂ apresentou menor variação ambiental o que torna o processo seletivo mais eficiente. Apesar disto, não foi possível identificar famílias superiores ao genitor superior, o que pode estar associado com menor variabilidade liberada entre as famílias.

Realizou-se a análise de medidas descritivas das dez e vinte melhores e as dez e vinte piores famílias de cada método de condução de populações e obtiveram-se os resultados da Tabela 8.

Tabela 8. Média, variância, coeficiente de variação das dez e vinte melhores e dez e vinte piores famílias para teor de proteína conduzidas pelos três métodos de condução de populações e avaliadas no laboratório de qualidade de grãos da Embrapa Arroz e Feijão em 2006.

Avaliação	Método	Média (%)	σ^2_F	C.V. (%)
Dez melhores	SSD F ₅	21,15	2,7466	7,83
	Bulk F ₅	23,29	2,3524	6,58
	Bulk F _{2:5}	23,22	1,3246	4,96
Vinte melhores	SSD F ₅	20,34	2,0375	7,02
	Bulk F ₅	22,85	2,6586	7,13
	Bulk F _{2:5}	22,92	1,7382	5,75
Dez piores	SSD F ₅	12,55	1,1361	8,49
	Bulk F ₅	17,61	1,9467	7,92
	Bulk F _{2:5}	17,98	1,2480	6,21
Vinte piores	SSD F ₅	13,37	1,2631	8,40
	Bulk F ₅	18,05	2,9793	9,56
	Bulk F _{2:5}	18,20	1,5289	6,79

Em que: σ^2_F é a variância fenotípica e CV é o coeficiente de variação

O método SSD apresentou maior variância fenotípica quando selecionam-se as dez melhores famílias, já que a maior parte da variação está entre famílias avaliadas, com o maior valor para proteína. Com esse método e no método Bulk em F_5 obtiveram-se descendentes com médias superiores as do melhor genitor (23%). Observa-se que a variância fenotípica do método Bulk aumenta quando selecionam-se vinte melhores indivíduos, indicando que este método necessita de uma amostragem maior para ser mais efetivo.

Pela análise dos coeficientes de variação nas vinte melhores e piores famílias, o método SSD apresentou maior variação. O método que apresentou menor coeficiente de variação foi o método Bulk dentro de famílias F_2 , devido à sua condução no delineamento em látice.

Avaliando-se as variâncias fenotípicas, verificou-se que exceto nas dez melhores, o método Bulk exibiu as maiores variâncias fenotípicas, pois este método é influenciado pelo efeito ambiental, que se evidencia à medida que se aumenta a margem de seleção de dez para vinte famílias avaliadas.

O método que apresentou menor variância fenotípica e também os menores coeficientes de variação foi o método Bulk dentro de famílias, que, devido a sua condução em látice, diminuiu os efeitos do ambiente.

Baseado no exposto, o melhor método de condução de populações considerando o custo, a área plantada, a mão de obra e o tempo e o número de famílias superiores obtidas e as médias para o caráter proteína é o método Bulk, já que o método SSD, mesmo obtendo a família com maior teor de proteína, gerou poucas famílias melhores que a média geral dos genitores e menor média geral, o que tornou o método menos eficiente. O método Bulk é mais prático e fácil de conduzir em países tropicais como o Brasil, o que condiz com o comentado por Raposo et al. (2000), que chegaram a resultados semelhantes.

Analisando as correlações entre os teores de proteína das plantas F_2 e as famílias tanto do método Bulk $F_{2.5}$ ($r = -0,10$) e do método SSD F_5 ($r = 0,15$), observou-se que não foram significativas mostrando que as plantas da geração F_2 não produziram as melhores famílias na geração avaliada. Esta falta de correlação provavelmente ocorreu no método SSD pelo fato de não ser possível se aproveitar a variância genética dentro das famílias, pois se avalia o descendente de apenas uma semente, que pode gerar uma família com média que não corresponderia à média geral da família. No método Bulk dentro de famílias não deve ter havido correlação por causa da pouca variabilidade genética liberada pelo método neste estudo. Foi efetuada também a correlação entre os teores de proteína das famílias do

BulkF_{2:5} e das famílias do SSD em F₅ e verificou-se que não houve correlação significativa entre eles ($r = 0,15$).

4.2 ESTIMATIVAS DE PARÂMETROS GENÉTICOS E FENOTÍPICOS DAS FAMÍLIAS AVALIADAS DO BULK F_{2:5}

Para as famílias conduzidas utilizando-se o método Bulk F_{2:5} foi possível estimar os parâmetros genéticos e fenotípicos, uma vez que o número de avaliações foi maior e os experimentos foram instalados em látice. Os resultados são apresentados nas Tabelas 9 e 10, para os caracteres florescimento e produtividade de grãos, respectivamente. O número de famílias avaliadas foi de 134, pois dez testemunhas foram adicionadas para o complemento do látice. Estas testemunhas são as cultivares: Laranja, Pérola, Rudá, Tybatã, Aporé, BRS Horizonte, BRS Requitnte, BRS Pontal, e os genitores CNFC 7812 e CNFC 8056.

Tabela 9. Resumo da análise de variância e estimativa dos parâmetros genéticos e fenotípicos para florescimento das famílias F_{2:4} avaliadas em Santo Antônio de Goiás, GO, 2005.

FV	GL	QM	F
Repetições	2	25,231481	-
Bloco (Rep)	33	2,6287879	-
Tratamentos (aj)	143	2,264495	2,40**
Erro	253	0,942679	-
Total	431	-	-
Cv (%) 2,07	Média (Dias) 47	Eficiência do látice (%) 114,32	
Parâmetros genéticos e fenotípicos			
$\hat{\sigma}_f^2$		0,754832	
$\hat{\sigma}_e^2$		0,314227	
$\hat{\sigma}_g^2$		0,440605	
h^2 (%)		58,37	
CVg (%)		1,41	

Em que: $\hat{\sigma}_f^2$: variância fenotípica, $\hat{\sigma}_e^2$: variância ambiental, $\hat{\sigma}_g^2$: variância genotípica h^2 : herdabilidade e CVg: coeficiente de variação genético. **Significativos a 1% de probabilidade pelo teste F.

Observa-se que para o florescimento avaliado nas famílias F_{2:4} em Santo Antônio de Goiás, houve diferenças significativas entre as famílias, o que mostra a existência de variabilidade para este caráter, sendo esta um requisito no melhoramento.

A herdabilidade foi de 58,37%, maior que a encontrada por Melo et al. (2000), que foi igual a 39,38%, e menor que a encontrada por Coimbra et al. (1998), que obtiveram herdabilidade de 87,21%. Na Figura 2 observa-se que existe grande amplitude na

distribuição destes genótipos no gráfico, o que demonstra existir variabilidade genética para este caráter.

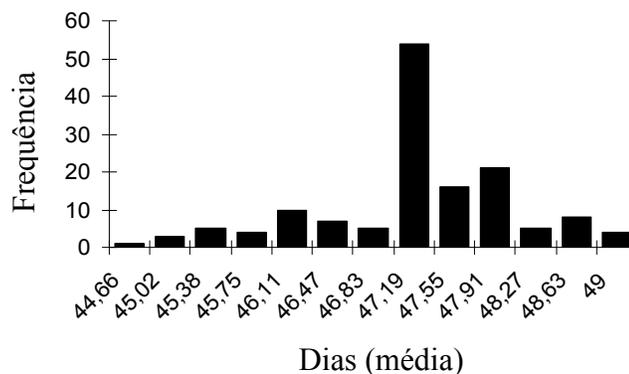


Figura 2. Histograma de frequência do número de dias até a floração das famílias oriundas do método Bulk $F_{2:4}$ e avaliadas em Santo Antônio de Goiás –GO, em 2005.

A herdabilidade, segundo Ramalho et al. (1993), é um dos parâmetros genéticos que mede a confiabilidade do valor genotípico como indicador do valor reprodutivo. O coeficiente de variação genético estima a variabilidade entre os genótipos estudados. O valor deste coeficiente para florescimento foi de 1,41%, valor aproximado com o obtido por Melo et al. (2002) que foi de 2,03%.

Procópio et al. (2002) encontraram uma média de 36 dias para floração para a cultivar pérola. O valor obtido no presente estudo foi de 47 dias para a população oriunda do cruzamento CNFC 7812 x CNFC 8056, indicando um ciclo mais tardio para as famílias geradas por este cruzamento. Neste estudo, o cultivar pérola apresentou a média de floração também de 47 dias e os genitores obtiveram média de 48 dias. Coimbra & Carvalho (1998), trabalhando com 32 genótipos de feijão, obtiveram média de 40,5 dias. Ribeiro et al. (2004) encontraram uma média de 34 dias no ano agrícola 1998/99 e quarenta dias no ano agrícola de 1999/00. Foi observado que o látice foi eficiente e o coeficiente de variação foi baixo, o que normalmente ocorre para o caráter florescimento.

Outro caráter avaliado foi a produtividade, onde observa-se, tanto na Tabela 10, quanto na Figura 3, diferenças significativas entre as famílias nas duas gerações e locais. Em Santo Antônio de Goiás, no ano de 2006, ocorreram as maiores médias de produtividade, com uma média geral do experimento de 4127,54 kg.ha⁻¹. Na geração $F_{2:5}$, a herdabilidade encontrada foi de 22,58% em Ponta Grossa e 27,60% em Santo Antônio de Goiás, como mostrado na Tabela 9. Lana et al. (2003) encontraram herdabilidades para este caráter de 49% a 67% em populações de feijão.

Tabela 10. Resumo das análises de variância, parâmetros genéticos e fenotípicos para produtividade das famílias F_{2:5} avaliada em Santo Antônio de Goiás- GO em 2005 e 2006 e F_{2,5} avaliada em Ponta Grossa – PR, 2006.

FV	GL	F _{2:4} Sto. Antônio QM	F _{2:5} Ponta Grossa QM	F _{2:5} Sto. Antônio QM
Repetições	2	278.343,787	363.200,111	326.039,257
Blocos (Rep)	33	240.170,905	447.979,910	475.562,537
Tratamentos (aj)	143	152.020,981**	266.652,924*	775.742,156**
Erro	253	62.859,634	206.436,186	561.670,035

FV	GL	F _{2:4} Sto. Antônio QM	F _{2:5} Ponta Grossa QM	F _{2:5} Sto. Antônio QM
Média (kg.ha ⁻¹)		1821,89	2214,10	4127,54
Eficiência do Látice (%)		125,42%	108,06	101,66
Parâmetros genéticos e fenotípicos				
$\hat{\sigma}_f^2$		50673,66	88884,31	258580,7
$\hat{\sigma}_e^2$		20953,21	68812,06	187223,3
$\hat{\sigma}_g^2$		29720,45	20072,25	71357,37
h ² (%)		58,65	22,58	27,60
CVg (%)		16,31	9,07	17,29

Em que: $\hat{\sigma}_f^2$: variância fenotípica, $\hat{\sigma}_e^2$: variância ambiental, $\hat{\sigma}_g^2$: variância genotípica, h²: herdabilidade e CVg coeficiente de variação genético.** Significativo a 1% de probabilidade pelo teste F e * Significativo a 5% de probabilidade pelo teste F

Pereira et al. (2004) que encontraram valores de 31,82% a 38,39% em populações de feijão carioca Baldoni et al. (2006) encontraram valores 51,29% em linhas segregantes do feijoeiro.

As herdabilidades obtidas nesses ensaios podem ser consideradas satisfatórias em vista da complexidade da característica produtividade de grãos que, por se tratar de uma característica quantitativa, é controlada por muitos genes de pequeno efeito individual e muito influenciados pelo ambiente, o que leva a baixas estimativas de herdabilidade.

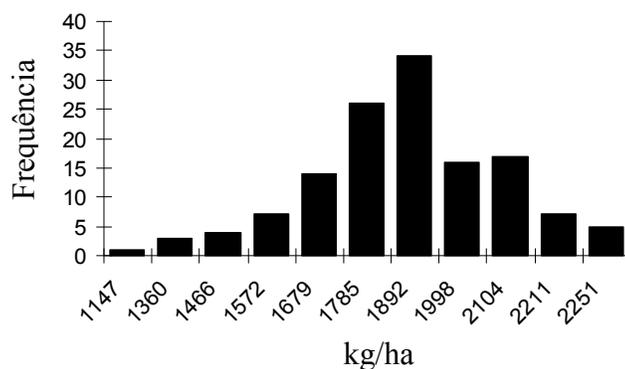
Nota-se pelos gráficos que existe variabilidade genética para o caráter em questão, havendo considerável aumento na média da produtividade de grãos em Santo Antônio de Goiás, que foi de 1821,89 kg.ha⁻¹ em 2005 para 4127,54 kg.ha⁻¹ em 2006. A eficiência do látice foi considerável em Santo Antônio de Goiás em 2005 e em Ponta Grossa, sendo desconsiderável em Santo Antônio de Goiás, em 2006.

O aumento da produtividade pode ser explicado pela época e local de plantio. O experimento de Ponta Grossa foi plantado na seca de 2006, e o Plantio da F_{2:5} em Santo Antônio foi semeado no inverno de 2006, o que, segundo Yokoyama et al. (1996), explicaria o aumento de produtividade, já que historicamente, a produção de inverno em estados como Minas Gerais, Bahia e Goiás registram maiores valores de produtividade.

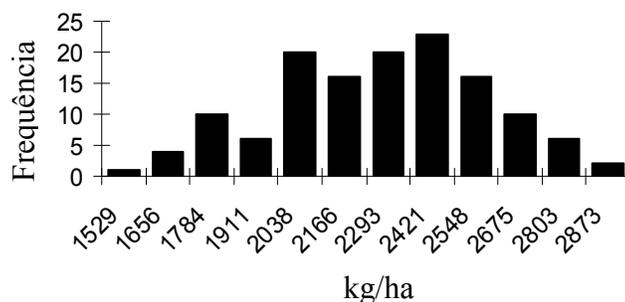
Os coeficientes de variação genético para produtividade foram de 16,31% na geração $F_{2.4}$, 9,07% na $F_{2.5}$ em Ponta grossa e 17,29% em Santo Antônio de Goiás na $F_{2.5}$, valores considerados bons. Melo et al. (2006) obtiveram valor de 12,97% no teste de progênies Carioca.

A herdabilidade realizada, utilizando as dez melhores famílias das gerações $F_{2.4}$ em Santo Antônio de Goiás e $F_{2.5}$ em Ponta Grossa, foi estimada em 35,93% e a herdabilidade realizada utilizando as gerações $F_{2.4}$ e $F_{2.5}$ em Santo Antônio de Goiás foi de 32,48%.

(A)



(B)



(C)

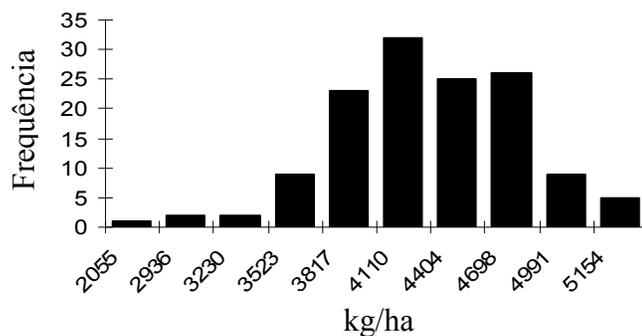


Figura 3. Histogramas das frequências dos valores de produtividade em $\text{kg}\cdot\text{ha}^{-1}$ das famílias avaliadas no método Bulk dentro de famílias, onde (A) é a geração $F_{2.4}$, plantada em Santo Antônio de Goiás em 2005, (B) é a geração $F_{2.5}$ plantada em Ponta Grossa-PR em 2006 e (C) é a geração $F_{2.5}$, plantada em Santo Antônio de Goiás em 2006.

Esse resultado significa que existe interação genótipos com ambientes, ou seja, nem sempre as famílias selecionadas em uma geração serão as superiores na próxima.

Trabalhando com uma população segregante derivada do cruzamento das cultivares BRS Talismã x Valente, Moreto (2005) obteve para produtividade, herdabilidade realizada de 8,1%.

Os resultados em Ponta Grossa, efetuando-se a seleção das dez melhores famílias foram de 7,57% e selecionando-se as dez piores famílias obteve-se um ganho de -4,61%. Já para Santo Antônio de Goiás, obteve-se 6,84% de ganho escolhendo-se as dez melhores e -3,99% de ganho escolhendo-se as dez piores. Trabalhando com a cultura de feijão, Moreto (2005) o ganho de seleção na geração $F_{4:6}$ considerando a geração $F_{4:5}$ foi de 11% em média, obtendo valores de -11,44% a 20,42%.

Houve significativa interação dos genótipos avaliados, com os ambientes estudados (Ponta Grossa, Santo Antônio de Goiás em duas épocas de plantio: seca de 2005 e águas em 2006). Observa-se que a porcentagem da interação genótipos com ambientes foi em torno de 70% da variância genotípica, o que mostra efeito dos ambientes sobre as famílias e indica a necessidade de avaliações das populações segregantes em um maior número de ambientes. Mesmo este valor sendo alto, a relação entre a variância da interação e a variância genética não foram tão elevados quanto os comparados aos resultados de Carneiro (2002), que conseguiu valores variando de 7% a 235%.

A análise conjunta dos dados de produtividade encontra-se na Tabela 11. Esta análise permitiu avaliar se houveram diferenças significativas entre os tratamentos, os ambientes e a interação com estes. Neste estudo, todas as fontes de variação apresentaram diferenças significativas, o que demonstra que houve, no experimento, genótipos diferentes entre si, assim como os ambientes.

Tabela 11. Análise conjunta e estimativas dos parâmetros genéticos e fenotípicos para o caráter produtividade da família $F_{2:4}$ e das famílias $F_{2:5}$ avaliadas em Ponta Grossa-PR e Santo Antônio de Goiás –GO, 2006

F.V	G.L.	Q.M.	F
Tratamento	143	484861,965	1,750476131**
Ambiente	2	657457673,4	2373,590935**
T x A	286	354837,744	1,281055323**
F.V	G.L.	Q.M.	
Erro Ef. Médio	759	276988,6183	

C.V(%) 19,34

Média (kg.ha⁻¹) 2721,18

Continua...

Tabela 11. Continuação.

Parâmetros genéticos e fenotípicos	
$\hat{\sigma}_f^2$	53873,55167
$\hat{\sigma}_e^2$	276988,6183
$\hat{\sigma}_g^2$	23097,03852
$\hat{\sigma}_{\text{txa}}^2$	17299,81
h^2 (%)	42,87

Em que: $\hat{\sigma}_f^2$: variância fenotípica, $\hat{\sigma}_g^2$: variância ambiental, $\hat{\sigma}_e^2$: variância genotípica, $\hat{\sigma}_{\text{txa}}^2$: variância da interação, h^2 : herdabilidade e CVg: coeficiente de variação genético e ** Significativo a 1% de probabilidade pelo teste F

A herdabilidade na análise conjunta ficou em 42,87%, valor considerado alto para o caráter produtividade, e o coeficiente de variação genético ficou em 19,34%, demonstrando variabilidade genética nas famílias estudadas. Este valor é superior ao encontrado por Coimbra et al., (1999b) em estudo o qual avaliou os reflexos da interação genótipos x ambientes e suas implicações nos ganhos de seleção em genótipos de feijão, obtiveram herdabilidades de 27% utilizando 32 genótipos e três ambientes.

5 CONCLUSÕES

1. Para o carácter teor de proteína, o método de condução de populações mais indicado foi o método Bulk, pela sua praticidade e por ter gerado mais famílias superiores.
2. Entre as famílias avaliadas do cruzamento CNFC 7812 x CNFC 8056 constatou-se que existe variabilidade genética suficiente para ser explorada para teor de proteína, produtividade de grãos e florescimento.

6 REFERÊNCIAS

- AOAC INTERNATIONAL. **Methods of analysis of AOAC International**. 16 ed. Washington: AOAC, 1995, 200 p.
- ANDRADE, C.A.B.; PATRONI, S.M.S.; CLEMENTE, E.; SCAPIM, C.A. Produtividade e qualidade nutricional de cultivares de feijão em diferentes adubações. **Ciência e Agrotecnologia**, Lavras, v. 28, n. 5, p.1077-1086, 2004.
- BALDONI, A.B.; SANTOS, J.B.; ABREU, A.F.B. Melhoramento do feijoeiro comum visando a obtenção de cultivares precoces com grãos tipo carioca e rosinha. **Ciência e Agroecologia**, Lavras, v. 30, n. 1, p. 67-71, 2006.
- BASSINELLO, P.Z. **Qualidade dos grãos**. Disponível em: <http://www.agencia.cnptia.embrapa.br/Agencia4/AG01/arvore/AG01_228102004161635.html>. Acesso em: 20 out. 2005.
- BORÉM, A. **Melhoramento de espécies cultivadas**. Viçosa-MG: Editora da UFV, 1999. 872 p.
- BRIM, C. A. A modified pedigree method of selection in soybeans. **Crop Science**, Madison, v. 6, n. 2, p. 220, 1966.
- BROUGHTON, W.J.; HERNANDES, G.; BLAIR, M.; BEEBE, S; GEPTS, P.; VANDERLEYDEN, J. Beans (*Phaseolus, spp.*) model food legumes. **Plant and soil**, Dordrecht, v. 252, n. 1, p. 55-128, 2003.
- BURATTO, J.S.; MENDES, R.G.; MODA-CIRILO, V.; FONSECA JR.; N.S.; SCHOLZ, M. B.S. Efeito da interação genótipo ambiente no teor de proteína, em grãos de cultivares e linhagens precoce de feijoeiros. In: ANAIS DO VII CONGRESSO BRASILEIRO DE PESQUISA EM FEIJÃO, 2005. Goiânia. **Anais...**, Goiânia: Embrapa Arroz e Feijão, v. 1. p. 417-419. 2005.
- CARNEIRO, J. E. S. **Alternativas para a obtenção e escolha de populações segregantes no feijoeiro**. 2002, 134 f. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) - Universidade Federal de Lavras, Lavras-MG, 2002.
- CASTANHEIRA, A.L.M.; SANTOS, J.B. RAPD marker assessment of self-pollinated inbreeding methods for common bean segregant populations. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 4, n. 1, p. 1-6, 2004.

COELHO, A.D.F.; CARDOSO, A.A.; CRUZ, C.D.; ARAÚJO, G.A.A.; FURTADO, M.R., AMARAL, C.L.F. Herdabilidades e correlações da produção do feijão e de seus componentes primários, nas épocas de cultivo da primavera-verão e do verão-outono. **Ciência Rural**, Santa Maria, v. 32, n. 2, p. 212-216, 2002.

COIMBRA, J.L.M.; CARVALHO, F.I.F. Divergência genética em feijão (*Phaseolus vulgaris*, L.) com grão tipo carioca. **Revista Brasileira de Agrociência**, Pelotas, v. 4, n. 3, p. 211-217, 1998.

COIMBRA, J. L. M.; GUIDOLIN, A. F.; CARVALHO, F. I. F. Análise quantitativa de parâmetros genéticos e fenotípicos em feijão (*Phaseolus vulgaris*, L.). **Pesquisa Agropecuária Gaúcha**, Porto Alegre, v. 4, n. 2, p. 163-171, 1998.

COIMBRA, J.L.M.; GUIDOLIN, A.F.; de CARVALHO, F.I.F. parâmetros genéticos do rendimento de grãos e seus componentes com implicações na seleção indireta em genótipos de feijão preto. **Ciência Rural**, Santa Maria, v. 29, n. 1, p. 1-6, 1999a.

COIMBRA, J.L.M.; GUIDOLIN, A.F.; de CARVALHO, F.I.F.; COIMBRA, S.M.M.; reflexos da interação genótipo x ambiente e suas implicações nos ganhos de seleção em genótipos de feijão (*Phaseolus vulgaris* L.) . **Ciência Rural**, Santa Maria, v. 29, n. 3, p. 35-40, 1999b.

COSTA, J.G.C.; RAVA, C.A.; ZIMMERMANN, F.J.P.; Comparação da eficiência de métodos de seleção em gerações segregantes de feijoeiro-comum considerando a resistência à antracnose e o rendimento. **Ciência e Agrotecnologia**, Lavras v. 26, n. 2, p. 244-251, 2002.

FALCONER, D.S. **Introdução à genética quantitativa**. Viçosa-MG: UFV, 1987. 279 p.

FERREIRA, C.M. **Consumo de feijão**. Disponível em: <http://www.agencia.cnptia.embrapa.br/Agencia4/AG01/arvore/AG01_62_1311200215103.html>. Acesso em 01 Ago. 2005.

FILHO, P.S.V.; VIDIGAL, M.C.G.; ROCHA, A.B.; HAMMERSCHMIDT, R.; KIRK, W.W.; KELLY, J.D. Characterization and content of total soluble protein and amino acids of traditional common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) cultivars collected in Paraná state, Brasil. In: ANAIS DO VII CONGRESSO BRASILEIRO DE PESQUISA EM FEIJÃO, 2005. Goiânia. **Anais...**, Goiânia: Embrapa Arroz e Feijão, v. 2, p. 3687-3690, 2005.

FREY, K.J. The use of F₂ lines in predicting the performance of F₃ selections int two barley crosses. **Agronomy Journal**, Madison, v. 46, n. 12, p. 541-544, 1954.

HSIEH, H.M. POMERANS, Y.; SWANSON, B.G. Composition, cooking time, and maturation of azuki (*Vigna angularis*) and common beans (*Phaseolus vulgaris*, L.). **Cereal Chemistry**, St. Paul, v. 69, n. 3, p. 244-248, 1992.

INAGAKI, M. N.; VARUGUESE, G.; RAJARAM S.; VAN GINKEL, M.; MUJEEB-KAZI, A. Comparison of bread wheat lines selected by double haploid, Single-seed descendent, and pedigree selection methods. **Theoretical and Applied Genetics**, Berlin, v. 97, p. 550-556, 1998.

INSTITUTO BRASILEIRO DE GEOGRAFIA E ESTATÍSTICA (IBGE). **Levantamento sistemático da produção agrícola: confronto das safras de 2006 e das estimativas para 2007 - Brasil**. Disponível em:

<<http://www.ibge.gov.br/home/estatistica/indicadores/agropecuaria/lspa/lspa08200605.shtm>>. Acesso em: 26 abr. 2007.

LANA, A.M.Q.; CARDOSO, A.A.; CRUZ, C.D. Herdabilidades e correlações entre caracteres de linhagens de feijão obtidas em monocultivo e em consórcio com o milho. **Ciência rural**, Santa Maria, v. 33, n. 6, p. 1031-1037, 2003.

LEÃO, A.C.M.; BASSINELLO P.Z.; MELO, L. .; PELOSO, M.J.D.; BRONDANI, R.P.V.; BRONDANI, C.; BUSO, G.S.C.; SIBOV, S.T.; CARNEIRO, M.S. Avaliação dos teores de fibra e proteína em feijoeiro comum visando o mapeamento de QTL's. In: ANAIS DO VII CONGRESSO BRASILEIRO DE PESQUISA EM FEIJÃO, 2005. Goiânia. **Anais...**, Goiânia: Embrapa Arroz e Feijão v. 1. p. 338-341. 2005.

LEMOS, L.B.; OLIVEIRA, R.S.; PALOMINO, E.C.; SILVA, T.R.B. Características agrônômicas e tecnológicas de genótipos de feijão do grupo comercial carioca. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília. v. 39, n. 4, p. 319-324, 2004.

LONDERO, P. M. G.; RIBEIRO, N. D.; FILHO, A. C.; RODRIGUES, J.A.; ANTUNES, I. F.

Herdabilidade dos teores de fibra alimentar e rendimento de grãos em populações de feijoeiro. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 41, n. 1, p. 51-58, 2006.

MELO, L.C.; SANTOS, J.B.; FERREIRA, D. Mapeamento de QTL's para florescimento do feijoeiro com marcadores RAPD em diferentes ambientes. **Ciência e Agrotecnologia**, Lavras v. 26, n. 4, p. 768-779, 2000.

MELO, L.C.; LEMES, G.C.; DEL PELOSO, M.J.; FARIA, L.C.; COSTA, J.G. .; RAVA, C.A.; DIAZ, J.L. .; ABREU, A.F. .; CARVALHO, H.W.L.; TEIXEIRA, M.G.; WARWICK, D.R.N.; FILHO, I.A.P.; ZIMMERMAN, F.J.P. **Adaptabilidade no programa de melhoramento do feijoeiro comum da Embrapa arroz e feijão**. Boletim de pesquisa e desenvolvimento nº 13. Disponível em: < http://www.cnpaf.embrapa.br/publicação/boletimpesquisa/bolpesq_13.pdf>. Acesso em: 15 de Set. 2006.

MORETO, A. L **Componentes da variância fenotípica em feijoeiro utilizando o método genealógico**. 2005, 75 f. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas)- Universidade Federal de Lavras, Lavras-MG, 2005.

MOURA, N.C.; CANNIATTI-BRAZACA, S.G.; SPOTO, M.H.F.; ARTHUR, V. Avaliação sensorial do feijão preto submetido à radiação de Cobalto-60'. **Ciência e Agrotecnologia de Alimentos**, Campinas, v. 25, n. 2, p. 379-374, 2005.

NUNES, G.H. ; SANTOS, J.B.; RAMALHO, M.A.P.; ABREU, A.F.B. Seleção de famílias de feijão adaptadas às condições de inverno do sul de minas gerais. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 34, n. 11, p. 2051-2058, 1999.

PAWAR, I.S.; PARODA, R.S.; YUNUS, M.; SINGU S. A comparison of three selection methods in two wheat crosses. **Indian Journal of Genetics**, New Delhi, v. 45, n. 2, p. 186-193, 1984.

- PEREIRA, P.A.A.; BRAIDOTTI, W. Comparação de métodos de melhoramento de feijão (*Phaseolus vulgaris*) para o incremento da fixação simbiótica do nitrogênio. **Pesquisa Agropecuária Tropical**, Goiânia, n. 31, v. 1, p. 15-21, 2001.
- PEREIRA, H.S.; SANTOS, J.B.; ABREU, A.F.B. Linhagens de feijoeiro com resistência à antracnose selecionadas quanto a características agronômicas desejáveis. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 39, n. 3, 2004.
- PIRES, L. L. **Avaliação de parâmetros físicos, químicos e sensoriais relacionados à qualidade de grãos de feijões (*Phaseolus vulgaris* L.) dos grupos carioca, preto e especial**. 2003, 177 f. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas)- Escola de Agronomia e Engenharia de Alimentos, Universidade Federal de Goiás, Goiânia-GO, 2003.
- POWELL, W.; CALIAGRI, P.D.S.; THOMAS, W.T.B. Comparison of spring barley lines produced by Single Seed Descendent, Pedigree Inbreeding and Double Haploidy. **Plant Breeding**, Blackwell, v. 97, n. 2, p. 138-146, 1986.
- QUAST, D.G.; SILVA, S.D. Temperature dependence of hydration rate and effects of hydration on the cooking rate of dry legumes. **Journal of food science**, Chicago, v. 42, n. 5, p. 1299-1303, 1977.
- RAMALHO, M. A. P., SANTOS, J. B.; ZIMMERMANN, M. J. O. **Genética quantitativa em plantas autógamas: aplicações no melhoramento do feijoeiro**. Goiânia: Editora UFG, 1993. 271 p.
- RAPOSO, F. V. **Comparação de métodos de condução de população segregantes na cultura do feijoeiro**. 1999, 73 f. Dissertação - (Mestrado em Agronomia).- Universidade Federal de Lavras, Lavras-MG, 1999.
- RAPOSO, F.V.; RAMALHO, M. A. P.; ABREU, A. F. B. Comparação de métodos de condução de populações segregantes do feijoeiro. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 35, n. 10, p. 1991-1997, 2000.
- RIBEIRO, N.; MELLO, R.M.; DALLA COSTA, R.; SLUSZZ, T. Correlações genéticas de caracteres agromorfológicos e suas implicações na seleção de genótipos de feijão carioca. **Revista Brasileira de Agrociência**, Pelotas, v. 7, n. 2, p. 93-99, 2001.
- RIBEIRO, R.D.; JUNIOR, L.H.; POSSEBON, S.B. Variabilidade genética para ciclo em feijão dos grupos preto e carioca. **Revista Brasileira de Agrociência**, Pelotas, v. 10, n. 1, p. 19-29, 2004.
- RODRIGUES, R.V. **Comparação de métodos de seleção para rendimento em (*Phaseolus vulgaris*) em dois níveis de fertilidade**. 1990. 82 f. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas) Escola de Agronomia e Engenharia de Alimentos, Universidade Federal de Goiás, Goiânia.
- SANTOS, P. G. **Escolha de populações segregantes para o programa de seleção de arroz em terras altas**. 2000, 105 f. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) - Universidade Federal de Lavras, Lavras-MG, 2000.

SINGH, R.P.; RAJARAM, S.; MIRANDA, A.; HUERTA-ESPINO, J.; AUTRIQUE, E. Comparison of two crossing and four selection schemes for yield traits and slow rusting resistance to leaf rust in wheat. **Euphytica**, Wageningen, v. 100, n. 1, p. 35-43, 1998.

STEEL, R. G. D.; TORIE, J. H. **Principles and procedures of statistics: a biometrical approach**, 2. ed., New York: Mc Graw Hill, 1980. 633 p.

TEE T.S.; QUALSET, C.O. Bulk populations in weath breeding: Comparison of single-seed descenden and random bulk methods. **Euphytica**, Dordrecht, v. 24, n. 2, p. 186-193, 1975.

TORRIE, J.H. A comparison of the pedigree and Bulk methods of breeding soybeans. **Agronomy Journal**, Madison, v. 50, p. 198-200, 1958.

URREA, C. .; SINGH, S.P. Comparison of mass F_2 - derived family, and single-seed descendent selection methods in an interracial population of common bean. **Canadian Journal of Plant Science**, Ottawa, v. 74, n. 3, p. 461-464, 1994.

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

WANDER, A.E. **Rumos para o mercado de feijão**. Disponível em:
<<http://www.cnpaf.embrapa.br/eventosenoticias/anteriores/anteriores2006/060605.htm>>.
Acesso em 20 mar. 2007.

YOKOYAMA, L. P.; BANKO, K.; KLUTHCOUSKI, J. K. **Cultura do feijoeiro no Brasil: características da produção**. Santo Antônio de Goiás: Embrapa Arroz e Feijão, 1996. 75 p.

YOKOYAMA, L. P.; STONE, L. F. Aspectos socioeconômicos da cultura. In: ARAÚJO, R. S.; RAVA, C. A. STONE, L. F. ZIMMERMANN M. J. O. **Cultura do feijoeiro comum no Brasil**. Potafós: Piracicaba, 2000. p. 6-8.

ANEXO

Anexo A. Teor de proteína e identificação das famílias avaliadas pelos três métodos de condução de populações segregantes e plantas F₂ analisadas no Laboratório de análise da qualidade de grãos da Embrapa arroz e Feijão no período de 2004 a 2006.

Nº da observação	Planta F ₂	Teor de proteína %	Família em Bulk F ₅	Teor de proteína %	Família em SSD	Teor de proteína %	Família em Bulk dentro de F ₂	Teor de proteína %
1	2	20,71	151	17,76	1	18,87	1	20,40
2	3	20,39	152	21,32	4	14,93	2	20,55
3	6	17,30	153	17,82	9	14,28	3	21,26
4	7	16,36	154	17,15	11	15,81	4	22,08
5	8	22,53	155	19,48	24	13,53	6	21,28
6	9	23,22	156	19,02	30	12,54	7	22,58
7	12	13,58	157	18,21	36	14,38	8	20,48
8	13	20,94	158	18,97	41	17,82	11	20,71
9	14	18,94	159	20,36	42	17,94	12	20,48
10	15	19,98	160	17,94	44	14,06	13	21,93
11	16	16,79	161	18,43	5	14,67	14	20,65
12	17	22,91	162	18,84	72	13,94	15	20,45
13	18	22,25	163	21,45	74	14,32	16	21,07
14	19	24,82	164	19,48	75	15,17	18	21,49
15	20	20,99	165	20,68	79	11,61	19	18,93
16	21	14,74	166	22,71	83	15,90	20	19,69
17	22	22,91	167	21,25	87	15,34	21	21,95
18	23	18,04	168	19,59	88	15,72	22	20,74
19	26	21,28	169	20,56	91	19,75	23	19,11
20	27	28,28	170	20,01	93	14,83	24	22,47
21	28	20,64	171	20,10	108	10,82	25	21,39
22	29	20,42	172	22,11	109	17,91	26	21,64
23	31	22,25	173	20,17	112	13,33	27	21,00
24	33	22,97	174	20,91	118	16,65	28	19,67
25	34	18,83	175	20,56	120	15,20	29	19,18
26	35	25,45	176	22,85	125	15,31	30	20,94
27	37	27,87	177	22,58	126	16,28	31	21,69
28	38	25,43	178	21,35	127	14,58	33	21,39
29	39	18,89	179	20,24	129	18,23	34	22,84
30	40	20,40	180	21,55	130	17,62	35	18,93
31	43	24,43	181	21,34	137	14,82	36	21,57
32	45	25,45	182	23,60	143	16,07	37	20,29
33	46	16,52	183	20,08	145	14,53	38	19,89
34	47	19,00	184	19,75	150	16,89	39	19,47
35	48	23,74	185	20,36	2	19,22	40	22,23
36	50	21,80	186	20,97	3	15,28	41	20,66
37	52	18,10	187	19,21	6	15,14	42	19,00
38	53	23,55	188	20,91	7	16,33	43	20,00
39	54	21,80	189	20,96	8	16,83	44	20,62
40	55	23,87	190	18,91	12	12,89	45	20,33
41	56	27,13	191	19,76	13	14,47	46	21,00
42	57	20,15	192	20,99	14	17,33	47	20,87

Continua...

Anexo A. Continuação

Nº da observação	Planta F ₂	Teor de proteína %	Família em Bulk F ₅	Teor de proteína %	Família em SSD	Teor de proteína %	Família em Bulk dentro de F ₂	Teor de proteína %
43	58	17,47	193	20,43	15	17,24	48	21,22
44	59	16,70	194	19,48	16	17,02	49	19,37
45	60	13,85	195	19,66	17	15,02	50	18,67
46	61	17,92	196	20,15	18	18,21	51	19,10
47	62	20,30	197	19,41	19	14,35	52	20,61
48	63	21,74	198	20,15	20	15,55	53	19,29
49	64	23,76	199	20,40	21	17,97	54	19,29
50	65	27,72	200	17,98	22	14,96	55	20,20
51	66	25,73	201	20,02	23	14,32	56	19,10
52	67	16,86	202	17,54	26	20,80	57	20,78
53	70	21,38	203	18,65	27	17,03	58	21,01
54	71	21,71	204	19,18	28	20,94	59	21,16
55	73	19,96	205	19,44	29	17,75	60	20,32
56	76	27,48	206	22,53	31	15,58	61	21,23
57	77	28,32	207	18,91	33	16,54	62	20,99
58	78	29,23	208	20,81	34	19,40	63	20,40
59	80	22,06	209	19,43	35	16,61	66	21,00
60	81	21,74	210	18,71	37	15,58	70	18,75
61	82	24,44	211	19,91	38	19,66	71	19,87
62	84	25,43	212	20,48	39	20,91	72	21,11
63	85	16,58	213	20,99	40	15,62	73	19,80
64	86	26,98	214	22,90	43	17,41	74	19,42
65	89	22,88	215	20,37	45	20,07	75	20,34
66	90	20,26	216	20,66	46	15,02	76	21,51
67	92	18,48	217	18,90	47	18,17	77	18,70
68	94	23,65	218	20,52	48	21,35	78	20,49
69	95	23,14	219	20,26	50	15,23	79	21,13
70	96	26,35	220	21,54	52	14,29	80	22,01
71	97	24,76	221	18,87	53	14,85	81	21,19
72	99	16,80	222	20,90	54	13,94	82	21,54
73	100	24,94	223	20,59	55	16,45	83	18,64
74	101	22,52	224	17,89	56	17,09	84	19,88
75	102	21,61	225	18,86	57	14,29	85	21,07
76	103	20,40	226	17,81	58	17,85	86	19,73
77	104	18,67	227	20,62	59	20,07	88	21,59
78	105	16,20	228	18,81	60	17,35	89	19,34
79	106	19,02	229	18,40	61	16,65	90	21,31
80	107	21,10	230	19,34	62	14,32	91	20,70
81	110	21,74	231	20,99	63	18,14	92	21,47
82	111	23,14	232	20,20	64	18,00	93	19,86
83	113	24,30	233	20,80	65	16,80	94	19,09
84	114	26,80	234	19,22	66	18,32	95	20,23
85	115	22,93	235	19,69	67	13,53	96	21,01
86	116	19,53	236	20,88	70	17,06	97	22,47

Continua...

Anexo A. Continuação

Nº da observação	Planta F ₂	Teor de proteína %	Família em Bulk F ₅	Teor de proteína %	Família em SSD	Teor de proteína %	Família em Bulk dentro de F ₂	Teor de proteína %
87	121	17,81	237	20,08	71	14,41	99	21,39
88	122	24,91	238	19,44	76	15,52	100	20,83
89	123	27,08	239	20,01	77	15,90	101	20,23
90	124	20,97	240	21,10	78	25,55	102	22,33
91	128	20,33	241	19,22	80	16,22	103	19,10
92	131	18,45	242	17,03	81	18,70	104	19,24
93	132	19,16	243	19,75	82	20,04	105	19,79
94	133	23,25	244	20,43	84	17,06	106	20,76
95	135	20,40	245	23,99	86	16,45	107	20,30
96	136	17,98	246	20,37	89	19,51	108	22,70
97	138	19,44	247	21,89	90	17,85	109	21,76
98	139	20,10	248	21,35	92	15,66	110	19,55
99	140	21,86	249	20,87	94	11,00	111	20,73
100	141	18,67	250	21,22	95	15,14	112	21,01
101	142	25,03	251	21,22	96	12,54	113	20,66
102	144	28,13	252	21,13	97	18,70	115	19,58
103	146	20,56	253	19,32	99	16,68	116	19,20
104	147	19,95	254	17,92	100	20,07	118	20,34
105	148	22,47	255	20,02	101	16,68	120	20,62
106	149	18,42	256	20,53	102	14,47	121	20,50
107	-	-	257	22,06	103	16,86	122	21,42
108	-	-	258	20,66	104	18,81	123	20,88
109	-	-	259	19,94	105	17,38	124	19,37
110	-	-	260	20,55	106	15,63	125	19,07
111	-	-	261	20,69	107	16,83	126	19,08
112	-	-	262	24,12	110	19,48	127	20,48
113	-	-	263	20,94	111	18,70	128	20,36
114	-	-	264	23,92	113	17,79	129	19,76
115	-	-	265	21,00	114	15,43	130	21,11
116	-	-	266	22,33	115	16,42	131	20,20
117	-	-	267	19,16	116	17,06	132	20,54
118	-	-	268	22,62	121	19,75	133	21,78
119	-	-	269	20,21	123	16,92	135	18,81
120	-	-	270	21,48	124	14,18	136	18,88
121	-	-	271	18,39	128	18,05	137	19,78
122	-	-	272	22,59	131	18,46	138	19,24
123	-	-	273	20,34	132	18,32	139	19,75
124	-	-	274	18,90	133	19,83	140	19,57
125	-	-	275	20,15	135	18,32	141	20,83
126	-	-	276	22,41	136	14,32	142	21,04
127	-	-	277	22,95	138	16,68	143	19,83
128	-	-	278	19,06	139	19,83	144	18,17
129	-	-	279	21,86	140	15,31	145	19,94
130	-	-	280	19,16	141	16,81	146	20,53

Continua...

Anexo A. Continuação

Nº da observação	Planta F ₂	Teor de proteína %	Família em Bulk F ₅	Teor de proteína %	Família em SSD	Teor de proteína %	Família em Bulk dentro de F ₂	Teor de proteína %
131	-	-	281	21,53	142	21,73	147	21,51
132	-	-	282	20,30	144	16,80	148	19,32
133	-	-	283	21,18	146	15,69	149	19,50
134	-	-	284	20,72	147	16,13	150	20,44
135	-	-	285	20,68	148	17,00	-	-
136	-	-	286	21,73	149	13,68	-	-
137	-	-	287	20,10	-	-	-	-
138	-	-	288	21,55	-	-	-	-
139	-	-	289	22,25	-	-	-	-
140	-	-	290	21,13	-	-	-	-
141	-	-	291	22,95	-	-	-	-
142	-	-	292	21,79	-	-	-	-
143	-	-	293	17,27	-	-	-	-
144	-	-	294	18,38	-	-	-	-
145	-	-	295	20,26	-	-	-	-
146	-	-	296	22,94	-	-	-	-
147	-	-	297	22,59	-	-	-	-
148	-	-	298	19,10	-	-	-	-
149	-	-	299	21,42	-	-	-	-
150	-	-	300	21,48	-	-	-	-