



UFG

**UNIVERSIDADE FEDERAL DE GOIÁS
ESCOLA DE AGRONOMIA
PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM GENÉTICA E
MELHORAMENTO DE PLANTAS**

**ESCURECIMENTO DE GRÃOS EM FEIJÃO:
PARÂMETROS GENÉTICOS E FENOTÍPICOS,
ASSOCIAÇÃO COM TEMPO DE COCÇÃO, SELEÇÃO
ASSISTIDA POR MARCADORES E OBTENÇÃO DE
LINHAGENS ELITE**

RENATA CRISTINA ALVARES

Orientadora:
Prof.^a Dr.^a Patrícia Guimarães Santos Melo



**TERMO DE CIÊNCIA E DE AUTORIZAÇÃO PARA DISPONIBILIZAR
VERSÕES ELETRÔNICAS DE TESES E DISSERTAÇÕES
NA BIBLIOTECA DIGITAL DA UFG**

Na qualidade de titular dos direitos de autor, autorizo a Universidade Federal de Goiás (UFG) a disponibilizar, gratuitamente, por meio da Biblioteca Digital de Teses e Dissertações (BDTD/UFG), regulamentada pela Resolução CEPEC nº 832/2007, sem ressarcimento dos direitos autorais, de acordo com a Lei nº 9610/98, o documento conforme permissões assinaladas abaixo, para fins de leitura, impressão e/ou *download*, a título de divulgação da produção científica brasileira, a partir desta data.

1. Identificação do material bibliográfico: Dissertação Tese

2. Identificação da Tese ou Dissertação:

Nome completo do autor: Renata Cristina Alvares

Título do trabalho: Escurecimento de grãos em feijão: parâmetros genéticos e fenotípicos, associação com tempo de cocção, seleção assistida por marcadores e obtenção de linhagens elite

3. Informações de acesso ao documento:

Concorda com a liberação total do documento SIM NÃO¹

Havendo concordância com a disponibilização eletrônica, torna-se imprescindível o envio do(s) arquivo(s) em formato digital PDF da tese ou dissertação.

Renata Cristina Alvares
Assinatura do(a) autor(a)²

Ciente e de acordo:

[Assinatura]
Assinatura do(a) orientador(a)²

Data: 26 / 11 / 2018.

¹ Neste caso o documento será embargado por até um ano a partir da data de defesa. A extensão deste prazo suscita justificativa junto à coordenação do curso. Os dados do documento não serão disponibilizados durante o período de embargo.

Casos de embargo:

- Solicitação de registro de patente;
- Submissão de artigo em revista científica;
- Publicação como capítulo de livro;
- Publicação da dissertação/tese em livro.

² A assinatura deve ser escaneada.

RENATA CRISTINA ALVARES

**ESCURECIMENTO DE GRÃOS EM FEIJÃO: PARÂMETROS GENÉTICOS E
FENOTÍPICOS, ASSOCIAÇÃO COM TEMPO DE COCÇÃO, SELEÇÃO
ASSISTIDA POR MARCADORES E OBTENÇÃO DE LINHAGENS ELITE**

Tese apresentada ao Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento de Plantas, da Universidade Federal de Goiás, como requisito parcial à obtenção de título de Doutora em Genética e Melhoramento de Plantas.

Orientadora:

Prof^a. Dr^a. Patrícia G. Santos Melo

Co-orientadores:

Dr. Helton Santos Pereira

Dr. Leonardo Cunha Melo

Goiânia, GO – Brasil

2015

Ficha catalográfica elaborada automaticamente
com os dados fornecidos pelo(a) autor(a), sob orientação do Sibi/UFG.

Alvares, Renata Cristina

Escurecimento de grãos em feijão: parâmetros genéticos e fenotípicos, associação com tempo de cocção, seleção assistida por marcadores e obtenção de linhagens elite [manuscrito] / Renata Cristina Alvares. - 2015.

134, f.: il.

Orientador: Profa. Dra. Patrícia Guimarães Santos Melo; co orientador Dr. Helton Santos Pereira; co-orientador Dr. Leonardo Cunha Melo.

Tese (Doutorado) - Universidade Federal de Goiás, Escola de Agronomia (EA), Programa de Pós-Graduação em Genética & Melhoramentos de Plantas, Goiânia, 2015.

Bibliografia. Apêndice.

Inclui tabelas.

1. escurecimento de grãos. 2. tempo de cocção. 3. produtividade. 4. correlação genética. 5. seleção assistida por marcadores. I. Guimarães Santos Melo, Patrícia, orient. II. Santos Pereira, Helton, co-orient. III. Título.



ATA DA DEFESA PÚBLICA DA TESE DE RENATA CRISTINA ALVARES. Aos vinte e dois dias do mês de Janeiro do ano de dois mil e quinze (31.03.2015), às 08h00min, no Auditório do Centro de Excelência em Melhoramento Genético da Cana-de-Açúcar, da Escola de Agronomia, reuniram-se os componentes da Banca Examinadora, Prof^a. Dr^a. Patrícia Guimarães Santos Melo – Presidente/Orientadora; Prof. Dr. Adriano Teodoro Bruzi; Dr. João Luís da Silva Filho; Dr. Thiago Lívio Pessoa O. Souza; Prof^a. Dr^a. Rita Maria Devós Ganga e Prof. Dr. Helton Santos Pereira. Sob a presidência da orientadora, e em sessão pública, procedeu-se à avaliação da defesa da tese intitulada: “**Escurecimento de grãos em feijão; parâmetros genéticos, associação com tempos de cocção, seleção assistida por marcadores e obtenção de linhagens elite.**”, de autoria de **Renata Cristina Alvares**, discente do Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento de Plantas, no nível de Doutorado, da Universidade Federal de Goiás. A sessão foi aberta pelo presidente da Banca Examinadora, Prof^a. Dr^a. Patrícia Guimarães Santos Melo, que fez a apresentação formal dos membros da Banca. A palavra, a seguir, foi concedida ao autor da Tese que, em 40 minutos, apresentou o seu trabalho. Terminada a apresentação, cada membro da Banca argüiu o doutorando, tendo-se adotado o sistema de diálogo seqüencial. Ao final, a banca reunida em separado procedeu à avaliação da defesa. O título da dissertação foi alterado para “Escurecimento de grãos em feijão: parâmetros genéticos e fenotípicos, associação com tempo de cocção, seleção assistida por marcadores e obtenção de linhagens elite.”

De acordo com a Resolução nº 1053/2011, do CEPEC - Conselho de Ensino, Pesquisa, Extensão e Cultura, que regulamenta o Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento de Plantas, e desde que procedidas às correções recomendadas, a tese será considerada aprovada pela Banca Examinadora, estando integralmente cumprido este requisito para fins de obtenção do título de DOUTOR EM GENÉTICA E MELHORAMENTO DE PLANTAS, pela Universidade Federal de Goiás. O doutorando deverá efetuar as modificações eventualmente sugeridas pela Banca Examinadora e encaminhar a versão definitiva da tese à Secretaria do PGMP, no prazo máximo de trinta dias após a data da Defesa. A conclusão do Curso e a emissão do Diploma dar-se-ão após o cumprimento do Artigo 52 da Resolução CEPEC nº 1053/2011. A Banca Examinadora recomenda a publicação de artigo(s) científico(s), oriundo(s) dessa tese, em periódicos de circulação nacional e, ou, internacional, depois de procedidas as modificações sugeridas. Cumpridas as formalidades de pauta, às 13:00 h. A presidência da mesa encerrou esta sessão de defesa de Tese e, para constar eu, Jéssica Almeida, secretária PGMP, lavrei a presente Ata que depois de lida e aprovada, segue assinada pelos membros da Banca Examinadora, em duas vias de igual teor.

Prof^a. Dr^a. Patrícia Guimarães Santos Melo
Presidente/Orientadora

Prof. Dr. Adriano Teodoro Bruzi
Membro Externo

Dr. João Luís da Silva Filho
Membro Externo

Dr. Thiago Lívio Pessoa O. Souza
Membro Externo

Prof^a. Dr^a. Rita Maria Devós Ganga
Membro Interno

Prof. Dr. Helton Santos Pereira
Membro interno

AGRADECIMENTOS

À Deus, pelo dom da vida.

Aos meus pais e irmãs, grandes incentivadores da minha caminhada acadêmica. Especialmente à minha mãe, pelo amor incondicional, respeito e carinho.

Ao meu noivo, pelo companheirismo, paciência e dedicação.

A Universidade Federal de Goiás, pela oportunidade de realização do curso.

Ao CNPq, pela concessão da bolsa de doutorado.

À Capes, pela oportunidade e privilégio de participar do Programa de Doutorado Sanduíche no Exterior, e pela concessão da bolsa.

À Embrapa, pela oportunidade de estágio e fornecimento de toda estrutura e dados para que esse trabalho fosse realizado.

A minha orientadora Patrícia, pela oportunidade, bons conselhos e paciência.

Aos meus co-orientadores Helton e Leonardo, pelas valiosas sugestões, amizade, e oportunidade de realização de todas as atividades desse trabalho na Embrapa Arroz e Feijão.

Ao pesquisador Dr. Thiago, pela ajuda e atenção dedicada.

Ao pesquisador Dr. Phil Miklas, pela hospitalidade e oportunidade de realização de parte das análises moleculares desse trabalho, e por ter contribuído com minha formação.

Aos membros da banca examinadora, pelas valiosas sugestões.

À amiga Fernanda, pela sincera amizade, bons conselhos e valiosa ajuda.

Às colegas Fabiana e Ana Paula, por ajudar-me na avaliação dos ensaios e em laboratório.

A todos os colegas da pós-graduação, pela boa convivência durante o curso.

A todos os funcionários da UFG e Embrapa, que contribuíram para a concretização de mais uma etapa em minha vida.

A todos meus saudosos agradecimentos.

MUITO OBRIGADA!

SUMÁRIO

RESUMO GERAL	7
GENERAL ABSTRACT	119
1 INTRODUÇÃO GERAL	11
2 REVISÃO DE LITERATURA	14
2.1 IMPORTÂNCIA E MELHORAMENTO GENÉTICO DO FEIJOEIRO-COMUM	14
2.2 ESTIMAÇÃO DE PARÂMETROS FENOTÍPICOS E GENÉTICOS PARA CARACTERÍSTICAS IMPORTANTES NO FEIJOEIRO-COMUM.....	17
2.3 AVALIAÇÃO DO ESCURECIMENTO LENTO DOS GRÃOS	22
2.4 TEMPO DE COCÇÃO EM FEIJOEIRO-COMUM.....	23
2.5 SELEÇÃO ASSISTIDA POR MARCADORES MOLECULARES	26
2.6 REFERÊNCIAS	28
3 ESTIMAÇÃO DE PARÂMETROS GENÉTICOS E FENOTÍPICOS E SELEÇÃO DE LINHAGENS DE FEIJOEIRO-COMUM PRODUTIVAS, ERETAS E COM ESCURECIMENTO LENTO DE GRÃOS	38
RESUMO	38
ABSTRACT	39
3.1 INTRODUÇÃO.....	39
3.2 MATERIAL E MÉTODOS.....	41
3.3 ANÁLISES ESTATÍSTICAS	42
3.3.1 Análises de variância individuais	42
3.3.2 Análises de variância conjuntas	45
3.4 RESULTADOS E DISCUSSÃO	49
3.5 CONCLUSÕES.....	64
3.6 REFERÊNCIAS	64
4 MÉTODOS DE AVALIAÇÃO DO ESCURECIMENTO DE GRÃOS DE FEIJÃO E ASSOCIAÇÃO COM O TEMPO DE COCÇÃO APÓS O ARMAZENAMENTO	71
RESUMO	71
ABSTRACT	71
4.1 INTRODUÇÃO.....	72
4.2 MATERIAL E MÉTODOS.....	75
4.2.1 Avaliação do escurecimento e do tempo de cocção dos grãos.....	75

4.2.2	Análises estatísticas	77
4.3	RESULTADOS E DISCUSSÃO	79
4.3.1	Escurecimento dos grãos após armazenamento	79
4.3.2	Tempo de cocção após armazenamento	81
4.3.3	Relação entre escurecimento dos grãos e tempo de cocção após armazenamento	82
4.3.4	Comparação entre os métodos de indução de escurecimento por armazenamento prolongado e acelerado	86
4.4	CONCLUSÕES.....	89
4.5	REFERÊNCIAS	89
5	VALIDAÇÃO DE MARCADORES MOLECULARES MICROSSATÉLITES ASSOCIADOS AO ESCURECIMENTO LENTO DOS GRÃOS EM FEIJÃO CARIOCA	94
	RESUMO	94
	ABSTRACT	94
5.1	INTRODUÇÃO.....	95
5.2	MATERIAL E MÉTODOS.....	98
5.2.1	Material genético.....	98
5.2.2	Avaliação fenotípica do escurecimento dos grãos	98
5.2.3	Avaliação genotípica	99
5.2.4	Análises genético-estatísticas	101
5.3	RESULTADOS E DISCUSSÃO	102
5.3.1	Análise fenotípica para escurecimento de grãos	102
5.3.2	Análises moleculares	105
5.4	CONCLUSÃO.....	113
5.5	REFERÊNCIAS	114
6	CONCLUSÕES GERAIS	118
	APÊNDICES	119

RESUMO GERAL

ALVARES, R. C. **Escurecimento de grãos em feijão: parâmetros genéticos e fenotípicos, associação com tempo de cocção, seleção assistida por marcadores e obtenção de linhagens elite.** 2015. 134 f. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Escola de Agronomia, Universidade Federal de Goiás, Goiânia, 2015¹.

A obtenção de cultivares de feijoeiro-comum de grãos carioca que associem escurecimento lento dos grãos, arquitetura ereta e alta produtividade é uma demanda crescente para os melhoristas. O escurecimento lento de grãos permitirá aumentar o tempo de armazenamento, proporcionando aos produtores flexibilidade no momento de venda e, conseqüentemente, maior lucratividade. Estudos têm demonstrado a existência de variabilidade genética para este caráter, possibilitando a seleção de linhagens com escurecimento lento de grãos. Os objetivos do presente trabalho foram *i*) estimar os parâmetros genéticos e fenotípicos de linhagens obtidas de quatro populações segregantes de feijoeiro-comum; *ii*) selecionar linhagens que associem escurecimento lento dos grãos, arquitetura de plantas ereta e alta produtividade; *iii*) verificar a existência de associação entre o escurecimento lento e o tempo de cocção dos grãos, após o armazenamento, *iv*) avaliar dois métodos de indução do escurecimento dos grãos; e *v*) validar os marcadores SSR Pvsd-1158 e PVM02TC116, associados ao escurecimento dos grãos. As linhagens avaliadas foram oriundas de quatro populações segregantes, derivadas do cruzamento entre a cultivar de escurecimento lento dos grãos BRSMG Madrepérola e os genitores BRS Estilo, BRS Cometa, BRS Notável e CNFC 10429. Foram instalados três ensaios com 220 linhagens, sendo 55 de cada população, e os cinco genitores, em delineamento experimental látice 15x15, com parcelas de duas linhas de três metros em três locais. Os experimentos foram realizados na safra de inverno/2012, sendo um em Santo Antônio de Goiás e outros dois em Brasília. Os caracteres avaliados foram produtividade de grãos, arquitetura de plantas, escurecimento de grãos, massa de cem grãos e tempo de cocção. Foram estimados componentes de variância, parâmetros genéticos e fenotípicos e coeficientes de correlação fenotípica, genética e ambiental entre o escurecimento de grãos e tempo de cocção aos 90 e aos 180 dias após a colheita. Foi realizada a comparação entre os métodos de indução de escurecimento acelerado e prolongado. A partir dos marcadores Pvsd-1158 e PVM02TC116, identificados como previamente ligados ao gene que controla o escurecimento dos grãos, estimou-se a frequência de recombinação e a eficiência de seleção dos marcadores para cada população em cada ambiente. Para escurecimento lento dos grãos as estimativas de herdabilidade, variância genética e ganho esperado com a seleção foram elevadas, indicando boa possibilidade de sucesso com a seleção. Para produtividade, arquitetura de plantas e tamanho comercial dos grãos, as estimativas de herdabilidade e variância genética foram elevadas, no entanto, não evidenciou altos ganhos com a seleção simultânea. As quatro populações possibilitaram a obtenção de linhagens com escurecimento lento dos grãos, sendo BRSMG Madrepérola x BRS Estilo e BRSMG Madrepérola x BRS Cometa as que forneceram maior número de linhagens que associaram o escurecimento lento com arquitetura ereta, alta produtividade e tamanho comercial de grãos. Não foi identificada correlação genética importante entre o escurecimento e tempo de cocção dos grãos, portanto, grãos claros não são indicativo de

¹Orientadora: Prof^a. Dr^a. Patrícia Guimarães Santos Melo, EA-UFG.

Coorientadores: Dr. Helton Santos Pereira, Embrapa Arroz e Feijão;

Dr. Leonardo Cunha Melo, Embrapa Arroz e Feijão.

baixo tempo de cocção. Os métodos de indução ao escurecimento, prolongado e acelerado, permitem discriminar as linhagens que possuem escurecimento lento e normal e fornecem informações semelhantes. As estimativas de frequência de recombinação para o marcador Pvsd-1158 foram sempre baixas, indicando que o marcador é intimamente ligado ao gene que controla escurecimento lento, sendo estável nos diferentes ambientes e populações. Já o marcador PVM02TC116 não se mostrou polimórfico em três das quatro populações, para a população polimórfica, apresentou elevada frequência de recombinação, sendo, pois, inadequado para utilização da seleção assistida para escurecimento dos grãos.

Palavras-chave: tempo de cocção, escurecimento dos grãos, produtividade, correlação genética, seleção assistida por marcadores.

GENERAL ABSTRACT

ALVARES, R. C. **Grain darkening: genetic and phenotypic parameters, association with cooking time, marker-assisted selection and breeding of elite lines.** 2015. 134 f. Thesis (Doctoral student in Plant Genetics and Breeding) – Escola de Agronomia, Universidade Federal de Goiás, Goiânia, 2015².

The breeding of common bean cultivars with Carioca grain, slow grain darkening, upright plant architecture, and high yield has become a growing challenge. Slow grain darkening will increase the storage time, providing flexibility for producers for the time of sale, and consequently increasing profitability. Studies have demonstrated the existence of genetic variability for this trait, allowing the selection of lines with slow grain darkening. The objectives of this study were *i*) to estimate genetic and phenotypic parameters of lines of four segregating common bean populations; *ii*) select those with slow grain darkening, upright plant architecture and high yield; *iii*) seek an association between slow darkening and cooking time of grains after storage; *iv*) evaluate two induction methods of grain darkening and *v*) validate the markers Pvsd-1158 and PVM02TC116, associated with grain darkening. The tested lines were derived from four segregating populations resulting from crosses between the cultivar BRSMG Madrepérola with slow grain darkening and the parents BRS Estilo, BRS Cometa, BRS Notável, and CNFC 10429. Three trials were installed with 220 lines (55 per population), and 5 parents in a 5x15 triple lattice design, with plots of two 3-m rows, at three locations. The experiments were conducted in the winter growing season 2012, one in Santo Antônio de Goiás and two in Brasília. The traits grain yield, plant architecture, grain darkening, 100-grain weight, and cooking time were evaluated. The variance components and genetic and phenotypic parameters were estimated, and the phenotypic, genetic and environmental correlation coefficients between grain darkening and cooking time, 90 and 180 days after harvest. Induction methods of accelerated and slow darkening were compared. From the markers Pvsd-1158 and PVM02TC116, identified as previously linked to the gene that controls grain darkening, the frequency of recombination and selection efficiency of the markers was estimated for each population and environment and in the mean of the environments. For slow grain darkening, the estimates of heritability, genetic variance and expected gain with selection were high, indicating good chances of successful selection. For yield, plant architecture and commercial grain size, the estimates of heritability and genetic variance were high, but indicated no high gains with simultaneous selection. Lines with slow grain darkening were obtained from the four populations; the highest number of lines that combined slow darkening with upright plant architecture, high yield, and commercial grain size were derived from the crosses BRSMG Madrepérola x BRS Estilo and BRSMG Madrepérola x BRS Cometa. No important genetic correlation between grain darkening and cooking time was identified, therefore, light-colored grains do not indicate a short cooking time. The induction methods of slow and accelerated darkening, provide similar information in the discrimination of lines with slow and regular darkening. The estimates of the recombination frequency for marker Pvsd-1158 were always low, indicating the close linkage of this marker to the gene that

²Advisor: Prof. Dr. Patrícia Guimarães Santos Melo, EA-UFG.
Co-advisor: Dr. Helton Santos Pereira, Embrapa Arroz e Feijão;
Dr. Leonardo Cunha Melo, Embrapa Arroz e Feijão.

controls slow darkening, and were stable in the different environments and populations. Marker PVM02TC116 however was not polymorphic in three of the four populations. The recombination frequency of this marker in the polymorphic population was high, showing that it is unsuitable for marker-assisted selection for grain darkening.

Key-words: cooking time, seed-coat darkening, yield, genetic correlation, marker-assisted selection.

1 INTRODUÇÃO GERAL

O feijoeiro-comum (*Phaseolus vulgaris* L.) é uma das culturas mais importantes no país, mantendo o Brasil nos últimos anos, em primeiro lugar na produção e consumo mundial do grão (Feijão, 2012). Dentre os diversos grupos comerciais de feijão, merece destaque o grupo comercial carioca, que é o tipo mais preferido e consumido no país, ocupando 70% do mercado consumidor brasileiro (Del Peloso & Melo, 2005).

Os grãos para serem comercializados devem apresentar-se com fundo creme claro e rajas marrons. Qualquer alteração neste padrão, dentre eles o escurecimento precoce do tegumento, provoca rejeição dos grãos pelos consumidores, que associam grãos escuros como mais velhos e com consequente dificuldade para cozinhar (Junk-Knievel et al., 2008). Por esses motivos, o período de estocagem de feijão é muito baixo, o que obriga o produtor a comercializar seu produto rapidamente, independentemente dos preços pagos.

O escurecimento dos grãos tem sido atribuído às condições de colheita, estando sujeito às variações de temperatura, umidade e luminosidade (Park & Maga, 1999; Junk-Knievel et al., 2007), além do tempo e das condições de armazenamento (Couto et al., 2010). Com relação ao controle genético, há relatos na literatura com resultados discordantes, porém Silva et al. (2014) sugerem que o controle seja oligogênico.

Sabendo-se que o escurecimento dos grãos possui controle genético, uma alternativa promissora seria a disponibilização de cultivares que apresentem escurecimento lento dos grãos com a armazenagem. Vários trabalhos mostram a possibilidade de seleção de linhagens promissoras para o caráter (Junk-Knievel et al., 2008; Elsadr et al., 2011; Silva et al., 2014). Além do mais, estão disponíveis no mercado algumas cultivares do grupo carioca que apresentam escurecimento lento dos grãos, a exemplo das cultivares BRSMG Madrepérola (Carneiro et al., 2012) e BRS Requite (Faria et al., 2004). Porém, possuem, como característica desfavorável, hábito de crescimento prostrado e semiprostrado, respectivamente.

Além de buscar cultivares com escurecimento lento de grãos, os programas de melhoramento têm se preocupado em associar outras características importantes a este caráter, como tempo de cocção reduzido (Carbonell et al., 2003). A demanda dos consumi-

res é por grãos com rápido tempo de preparação, em razão do reduzido tempo disponível para cozinhar (Corte et al., 2003; Ribeiro et al., 2013). Sendo assim, os programas de melhoramento além de obter cultivares com elevado potencial produtivo e resistência a pragas e doenças, buscam agregar caracteres tecnológicos, como baixo tempo de cocção.

A arquitetura das plantas também é uma característica muito importante, pois plantas com arquitetura ereta possibilitam a obtenção de grãos com melhor qualidade, por facilitarem a colheita mecanizada e diminuírem a incidência de doenças. A cultivar de grão carioca de escurecimento lento, BRSMG Madrepérola, possui porte de plantas prostrado (Carneiro et al., 2012) e os vários genótipos de arquitetura ereta disponíveis, apresentam escurecimento normal dos grãos. Sendo assim, é fundamental que a arquitetura ereta e o escurecimento lento dos grãos sejam associados em um mesmo genótipo.

Por sua vez, o aumento de produtividade de grãos é ainda buscado em todos os programas de melhoramento de espécies de interesse econômico. Grande parte do aumento de produtividade observado para a cultura do feijoeiro-comum, de 749 kg/ha em 1997 (Feijão, 2011) para 1394 kg/ha, na safra 2011/2012 (Silva & Wander, 2013), pode ser atribuída às novas cultivares lançadas pelos programas de melhoramento.

Assim, para o feijoeiro-comum o escurecimento lento dos grãos é um caráter desejável; no entanto, têm-se poucos relatos sobre sua relação com arquitetura de plantas, produtividade de grãos e tempo de cocção. Há indícios na literatura de que o escurecimento dos grãos esteja diretamente relacionado com acréscimos no tempo de cocção (Brackmann et al., 2002; Baldoni & Santos, 2005; Ribeiro et al., 2007a, Morais et al., 2010). Entretanto, tais conclusões são baseadas em avaliações que relacionam o alto tempo de cocção, após o armazenamento, em linhagens que apresentam escurecimento normal, portanto, não incluindo genótipos com escurecimento lento. São frequentes os estudos que demonstram acréscimo para tempo de cocção após aumento no período de armazenamento (Brackmann et al., 2002; Baldoni & Santos, 2005; Ribeiro et al., 2007a, 2008; Morais et al., 2010). Porém, é preciso entender esta associação em linhagens com escurecimento lento dos grãos sobre a influência de um período maior de armazenamento.

A possibilidade de sucesso com a seleção de linhagens promissoras para escurecimento lento dos grãos leva à necessidade de utilização de estratégias que facilitem e sejam eficazes na identificação de genótipos superiores. Dentre elas tem-se o escurecimento prolongado, o escurecimento acelerado e a seleção assistida por marcadores moleculares. O escurecimento prolongado consiste em acondicionar os grãos em embalagens plásti-

cas e armazená-los em condições de temperatura e umidade ambiente. Permite o acompanhamento da mudança gradativa da coloração dos grãos, bem como a diferenciação da intensidade entre as linhagens. Possui como desvantagem o longo período de tempo para obtenção de resultados, podendo variar de 90 a 180 dias.

No escurecimento acelerado, por sua vez, os grãos são dispostos em placas de petri e expostos a luz ultravioleta alternada com luz fluorescente em câmara de luz por 72 horas. Possui a vantagem de produzir resultados a curto prazo e de diferenciação independentemente das condições ambientais em que o feijão foi cultivado (Junk-Knievel et al., 2007). A sua utilização tem sido relatada como eficaz (Junk-Knievel et al., 2007; Elsadr et al., 2011; Felicetti et al., 2012).

A seleção assistida por marcadores moleculares também pode ser uma estratégia de seleção bastante útil, principalmente por ser possível sua utilização em qualquer fase do desenvolvimento da planta e de não ser influenciada pelo ambiente. Revela-se, pois, uma alternativa promissora para seleção de genótipos de escurecimento lento.

São poucos os relatos da aplicação da seleção assistida para escurecimento de grãos em feijão carioca. Couto et al. (2010) identificaram três marcadores microssatélites, sendo eles: PVM02TC116, X57022 e PVESTBR-98. Para a classe comercial de feijão *pinto*, Felicetti et al. (2012) identificaram dois marcadores moleculares microssatélites (Pvsd-1157 e Pvsd-1158). Esses marcadores, se validados em populações segregantes de feijoeiro-comum; permitirão que plantas portadoras do alelo de interesse sejam identificadas nas gerações iniciais, permitindo redução do número de genótipos nas gerações subsequentes e que os esforços sejam concentrados nesses genótipos.

Diante do exposto, os objetivos desse trabalho foram: *i*) estimar parâmetros genéticos e fenotípicos de linhagens obtidas de quatro populações segregantes de feijoeiro-comum para produtividade, arquitetura de plantas, massa de cem grãos e escurecimento de grãos; *ii*) selecionar linhagens que associem escurecimento lento dos grãos, arquitetura de plantas ereta e alta produtividade; *iii*) verificar a existência de associação entre o escurecimento lento e o tempo de cocção dos grãos, após o armazenamento, em linhagens de feijoeiro-comum; *iv*) avaliar dois métodos de indução do escurecimento dos grãos e *v*) validar os marcadores Pvsd-1158 e PVM02TC116, associados ao escurecimento lento dos grãos, em populações de feijão carioca originadas do cruzamento com a cultivar BRSMG Madrepérola (portadora do alelo “*sd*” que condiciona escurecimento lento).

2 REVISÃO DE LITERATURA

2.1 IMPORTÂNCIA E MELHORAMENTO GENÉTICO DO FEIJOEIRO-COMUM

O cultivo do feijoeiro-comum é bastante difundido em todo território nacional, abrangendo desde a agricultura de subsistência em pequenas propriedades até agricultura comercial de grande escala. Isso torna a cultura uma das mais importantes no país, mantendo o Brasil, nos últimos anos, em primeiro lugar na produção e consumo mundial do grão (Feijão, 2012). No ano de 2013 o país produziu 2,6 milhões de toneladas em 1,9 milhões de hectares (Embrapa Arroz e Feijão, 2014), nas três épocas de cultivo, das águas, seca e irrigado, resultando em uma produtividade média de 1.368 kg ha⁻¹.

Além de se constituir em um dos alimentos básicos da população brasileira, o feijão é uma das principais fontes de proteína na dieta alimentar dos estratos sociais economicamente menos favorecidos (Borém & Carneiro, 1998). Entre os diversos grupos comerciais de feijão comum, merecem destaque os grãos do grupo carioca, que são os preferidos pela grande maioria dos consumidores e ocupam cerca de 70% do mercado consumidor, e, conseqüentemente, recebe maior atenção dos programas de melhoramento.

Os programas de melhoramento do feijoeiro-comum têm sido conduzidos no Brasil por algumas instituições de pesquisa que vêm conseguindo abastecer o mercado com novas cultivares. Tais programas são restritos e predominantemente concentrados no setor público (Moreira et al, 2010), destacando-se a Embrapa Arroz e Feijão.

A Embrapa Arroz e Feijão disponibilizou 50 novas cultivares de feijoeiro-comum, durante o período de 1984 a 2010, resultando em média de 1,9 novas cultivares/ano (Faria et al., 2013). Moreira et al. (2010) determinaram o número de novas cultivares lançadas pelos programas de melhoramento nacional que foram publicadas na revista CBAB – Crop Breeding and Applied Biotechnology, no período de 2001 a 2008. Os autores chegaram a um total de 23 cultivares, sendo sete oriundas do programa de melhoramento da Embrapa Arroz e Feijão, seis do IAC, cinco do IAPAR e duas da Epamig, Outras três cultivares foram produto de parceria entre a Embrapa com demais instituições de pesquisa em genética e melhoramento. Dentre elas, BRSMG Talismã e BRSMG Majestoso com as

instituições UFLA/UFV/Epamig e BRS Horizonte da parceria com o CIAT (International Center for Tropical Agriculture).

Novas cultivares para serem lançadas devem superar as pré-existentes e, para isso, devem associar características agronômicas desejáveis como resistência a doenças, tolerância ao acamamento, arquitetura de plantas ereta e grande potencial produtivo. Devem agregar ainda, grãos de elevada qualidade, especialmente em tamanho e aparência (Carbonell et al., 2010; Carbonell et al., 2014) e grãos claros e com reduzido tempo de cocção (Junk-Knievel et al., 2008; Silva, 2012).

Ramalho et al. (2012) observaram a produção total de grãos e área cultivada entre as safras de 1976/77 a 2011/12. Verificou-se que a produção total de grãos mais que triplicou nesse período de 35 anos, enquanto que a área cultivada aumentou apenas 1,35 vezes. Logo, dentre as tecnologias que mais tem contribuído para o sucesso da agricultura brasileira, destaca-se a obtenção de novas cultivares que sejam melhores que as existentes (Ramalho et al. 2012), por meio dos programas de melhoramento de plantas. Assim, o incremento em produtividade das cultivares lançadas tem contribuído para o aumento da produtividade da cultura a nível nacional, que saltou dos 749 kg/ha em 1997 (Feijão, 2011) para 1394 kg/ha, na safra 2011/2012 (Silva & Wander, 2013). Ramalho et al. (2012) relataram também que culturas como o feijoeiro-comum têm mostrado pequeno interesse das empresas, por ser principalmente cultivado por agricultores familiares. Este fato demonstra a grande importância das empresas públicas de melhoramento para essa cultura.

Chiorato et al. (2010) avaliaram os ganhos genéticos do programa de melhoramento do IAC de 1989 a 1996 e de 1997 a 2007 para o feijão carioca e preto. O incremento em ganho genético para produtividade de 1989 a 1996 foi de 1,07% ao ano, ao passo que o progresso genético de 1997 a 2007 foi nulo. Os autores relatam que a principal causa da ausência de ganhos genéticos em produtividade para o segundo período foi justificada pela mudança no foco dos programas de melhoramento, cujo principal objetivo passou a ser a qualidade de grãos.

Faria et al. (2013) também estimaram os ganhos genéticos para a cultura do feijoeiro-comum de grãos carioca da Embrapa Arroz e Feijão de 1985 a 2006. Os ganhos estimados para o período foram de 17,3 kg ha⁻¹ ou 0,7% ao ano, para produtividade, 2,0% para arquitetura de plantas, 2,0% para tolerância ao acamamento e 2,4% para qualidade de grãos. Já para peso de cem grãos e resistência ao crestamento bacteriano não foram observados ganhos significativos. Os autores relatam ainda que, como o programa de melhora-

mento da instituição não visa apenas produtividade, a seleção é realizada para vários caracteres simultaneamente, portanto menores ganhos são esperados para cada caráter individualmente.

Como o feijão é cultivado em praticamente todos os estados brasileiros, em diferentes épocas de semeadura em um mesmo ano (águas, seca e inverno) e diferentes sistemas de cultivo, a cultura está sempre submetida a diferentes condições ambientais. Nessa situação é esperada acentuada interação de genótipos com ambientes (Allard & Bradshaw, 1964), que é o comportamento não coincidente dos genótipos nos diferentes ambientes. Assim, são esperados diferentes tipos de resposta dos genótipos ao ambiente. A primeira delas é a ausência de interação, ou seja, a mudança nas condições ambientais afeta igualmente o comportamento dos genótipos. Outro tipo de resposta é a interação, que pode ser simples ou cruzada (complexa). Nestes dois casos o ambiente afeta de forma desigual os genótipos; no entanto na interação simples não há mudança na classificação dos genótipos. Já na interação complexa há mudança na classificação dos mesmos, e a seleção com base na média dos ambientes acarretará a seleção de genótipos mal adaptados a ambientes particulares (Chaves, 2001).

A presença de interação de genótipos com ambientes tem sido constatada por vários autores para produtividade (Piana et al., 1999; Carbonell et al., 2001; Carbonell et al., 2004; Pereira et al., 2009; Perina et al., 2010; Pontes Júnior et al., 2012; Torga et al., 2013), para massa de 100 grãos (Pereira et al., 2012; Moura et al., 2013), para arquitetura de plantas (Teixeira et al., 1999; Moreto et al., 2007; Moura et al., 2013) e para escurecimento de grãos (Ribeiro et al., 2004; Junk-Knievel et al., 2007; Silva, 2012; Araújo et al., 2012; Siqueira et al., 2014; Chiorato et al., 2015). O que se tem constatado é que para escurecimento de grãos normalmente os estudos de interação de genótipos com ambientes utilizam genótipos que apresentam escurecimento normal. Diante disso, os resultados disponíveis não refletem o efeito dos ambientes em genótipos que apresentam escurecimento lento.

A partir da identificação de interação de genótipos com ambientes deve-se proceder à avaliação desta interação, utilizando-se para isso, os estudos de adaptabilidade e estabilidade fenotípicas. O objetivo é a identificação de cultivares de comportamento previsível e que sejam responsivas às variações ambientais, seja em condições específicas ou amplas (Cruz & Regazzi, 2001). São inúmeras as metodologias disponíveis, cuja aplicação depende da necessidade e dos objetivos do programa de melhoramento.

2.2 ESTIMAÇÃO DE PARÂMETROS FENOTÍPICOS E GENÉTICOS PARA CARACTERÍSTICAS IMPORTANTES NO FEIJOEIRO-COMUM

Os programas de melhoramento direcionam seus esforços na obtenção de populações segregantes promissoras visando à seleção de plantas que associem, além de produtividade, caracteres que atendam às exigências dos produtores e do mercado consumidor. Dentre os caracteres de importância para a cultura do feijoeiro-comum estão a produtividade, a arquitetura de plantas, a resistência a pragas e doenças e características tecnológicas, como grãos claros e baixo tempo de cocção. Salientando-se que para o sucesso dos programas de melhoramento é fundamental a presença de variabilidade genética para esses caracteres nas populações segregantes. Investigar as propriedades genéticas de uma população em dada geração, quanto à sua variabilidade genética, permitirá que inferências sejam feitas a respeito de seu potencial para seleção (Vencovsky & Barriga, 1992).

Dentro dessa perspectiva, as estimativas de parâmetros genéticos e fenotípicos devem auxiliar os melhoristas nas tomadas de decisões, pois se torna possível antever as possibilidades de sucesso no programa de melhoramento (Ramalho et al., 1993). Dentre os parâmetros genéticos mais empregados e úteis, destaca-se a herdabilidade, que permite otimizar e maximizar os ganhos com a seleção praticada na população de interesse. Ela estima a confiabilidade do valor fenotípico como indicador do valor reprodutivo (Ramalho et al., 2012). Tem-se a herdabilidade no sentido amplo e no sentido restrito, sendo a diferença básica entre elas o numerador da expressão, que no sentido amplo envolve a variância genética total e no sentido restrito, apenas a variância aditiva (Ramalho et al., 1993).

Outro parâmetro muito importante é a correlação, que reflete o grau de associação linear entre caracteres e tem implicação direta no processo seletivo. Pois, ao praticar seleção para um caráter pode-se provocar mudanças indesejáveis em outro. Ou ainda utilizar de maneira favorável tal correlação praticando-se a seleção indireta para caracteres de difícil mensuração ou de baixa herdabilidade (Cruz et al., 2012). A correlação fenotípica é a mensurada no campo, a partir de medidas de dois caracteres. Essa correlação é composta por causas genéticas e ambientais, sendo que as genéticas são as de interesse para poder direcionar o programa de melhoramento, uma vez que somente esse tipo de associação é herdável (Falconer, 1987, Vencovsky & Barriga, 1992).

A presença de correlação genética advém de efeitos pleiotrópicos dos genes ou então por falta de equilíbrio de ligação, podendo ser permanentes ou transitórias (Venco-

vsky & Barriga, 1992; Ramalho et al., 2012). O desequilíbrio de ligação corresponde à associação não aleatória de alelos localizados em determinado loco. Dessa forma, pode ser considerado um caráter transitório, uma vez que com a recombinação gênica esse efeito pode ser suprimido.

Para a cultura do feijoeiro-comum a maioria das estimativas de herdabilidade e de correlação refere-se à produtividade de grãos e seus componentes primários (Zimmermann et al., 1984; Abreu et al., 1990; Peternelli et al., 1994; Ribeiro et al., 2001; Coelho et al., 2002; Pereira, 2006; Bertoldo et al., 2009; Barili et al., 2011; Balcha, 2014), reflexo da grande importância do caráter para a cultura.

Zimmermann et al. (1984) apresentaram algumas estimativas de herdabilidade e correlação para cultivo sem consórcio e consorciado com milho, para produtividade, vagens/planta, sementes/vagem, peso de cem sementes e índice de colheita em 16 famílias de feijoeiro-comum. Para produtividade, a maior estimativa de herdabilidade encontrada foi de 0,23, para o cultivo sem consórcio. Peso de cem sementes apresentou as maiores herdabilidades entre os caracteres estudados, de 0,97 para o cultivo consorciado e de 0,99 para o sem consórcio. Produtividade de grãos apresentou correlação fenotípica significativa com número de vagens por planta e peso de cem sementes para o cultivo consorciado.

Coelho et al. (2002) estimaram parâmetros genéticos em uma população F_2 derivada do cruzamento de Ouro 1919 x Milionário 1732, em duas estações, primavera-verão e verão-outono. Nas duas estações os autores encontraram estimativas de herdabilidade baixas. A maior estimativa encontrada foi para número de vagens por planta (0,34), na primavera-verão. O número de vagens por planta foi o caráter que apresentou as maiores correlações com produtividade de grãos, em ambas as estações; assim, os maiores ganhos com produtividade serão obtidos com a seleção de plantas que apresentem maior número de vagens por planta.

Balcha (2014) estudou a variância genética e herdabilidade no sentido amplo para produtividade, número de vagens por planta, número de sementes por vagem e peso de cem sementes em feijoeiro-comum sem consórcio e consorciado com milho. Para o cultivo do feijão sem consórcio o autor obteve herdabilidade de 0,91, 0,82, 0,71 e 0,90 para produtividade, vagens/planta, sementes/vagem e peso de cem sementes, respectivamente. Foram menores as estimativas de herdabilidade obtidas com feijão consorciado com milho. O autor sugere, ainda, que a seleção para incremento em produtividade deve levar em con-

sideração além da produtividade *per se* dos genótipos, o número de vagens por planta, concordando com Coelho et al. (2002).

A arquitetura de planta também é um caráter de grande importância, pois plantas com arquitetura ereta levam a melhor aeração das plantas, possibilitando melhor sanidade. Além de redução de perdas com colheita mecânica e de perdas na qualidade dos grãos, por esses não ficarem em contato com o solo (Pereira et al., 2012). É um caráter altamente influenciado pelo ambiente (Teixeira et al., 1999; Moreto et al., 2007; Moura et al., 2013).

Alguns trabalhos já mostraram a possibilidade de obtenção de ganhos com a seleção para arquitetura de planta ereta (Cunha et al., 2005; Silva et al., 2009; Silva et al., 2013). Silva et al. (2009) avaliaram progênies de feijoeiro-comum de porte ereto e prostrado de um mesmo grupo gênico e potencial produtivo. A correlação obtida entre melhor porte e produtividade de grãos foi pequena, ou seja, é possível selecionar simultaneamente progênies de feijoeiro-comum mais produtivas e com melhor arquitetura de plantas, embora seja difícil.

Silva et al. (2013) encontraram efeitos predominantemente aditivos no controle genético de arquitetura de plantas e de diâmetro do hipocótilo em feijoeiro-comum. As estimativas de herdabilidade no sentido amplo foram maiores para diâmetro do hipocótilo (0,81) do que para arquitetura de plantas (0,60), mostrando que o diâmetro do hipocótilo tem potencial para ser usado na seleção de plantas eretas. Lima et al. (2012) caracterizaram a variabilidade genética entre 100 genótipos do Banco Ativo de Germoplasma de Feijão da Universidade Federal de Viçosa. Os genótipos PF 9029975, CNFC 9454 e Fe 732015 apresentaram potencial para uso como genitores nos programas de melhoramento do feijoeiro-comum por apresentarem porte ereto.

Sabe-se que as novas cultivares a serem lançadas devem superar as existentes, para isso devem apresentar elevadas produtividades e associar arquitetura de plantas mais ereta possível, para facilitar o manejo da cultura e possibilitar a obtenção de grãos de boa qualidade. Dessa forma, a obtenção de genótipos que aliem essas duas características é de grande importância.

O feijão carioca é um produto de elevado consumo no país, e por isso, surge a necessidade de armazená-lo a fim de contrabalançar a oferta e a demanda e propiciar aos produtores flexibilidade do momento de venda. Como sua comercialização baseia-se em características visuais, os grãos devem apresentar-se com fundo creme claro e estrias mar-

rons. Qualquer alteração neste padrão, dentre eles o escurecimento precoce do tegumento, provoca rejeição dos grãos pelos consumidores, que associam grãos escuros com envelhecimento e, por isso, com dificuldade para cozinhar (Junk-Knievel et al., 2008). Por esses motivos, atualmente o período de estocagem de feijão é muito baixo, o que obriga o produtor a comercializar seu produto rapidamente, independentemente dos preços pagos, estando assim susceptível à especulação por parte de atravessadores.

Estudos indicam que fatores ambientais e genéticos são responsáveis pela mudança na coloração do tegumento dos grãos. Dentre as causas ambientais atribuídas ao escurecimento estão as condições ambientais na colheita, como temperatura, umidade e luminosidade (Park & Maga, 1999; Junk-Knievel et al., 2007), além do tempo e das condições de armazenamento (Couto et al., 2010).

Com a armazenagem ocorrem alterações bioquímicas que provocam mudança na coloração do tegumento dos grãos, aumento do tempo de cocção e depreciação do valor econômico, especialmente em feijões carioca e *pinto*. Alguns estudos têm relatado que o escurecimento dos grãos está relacionado com altos teores de polifenóis (taninos) dos grãos (Moura, 1998; Rios et al., 2002; Beninger et al., 2005; Junk-Knievel et al., 2007; Silva et al., 2008; Araújo et al., 2012). Estes componentes são convertidos em pigmentos visíveis durante o processo de oxidação e desidratação dos grãos durante o armazenamento e são encontrados em maior concentração em genótipos de feijão com escurecimento normal dos grãos (Marles, et al., 2008; Araújo et al., 2012).

Ribeiro et al. (2004) avaliaram 16 cultivares de feijão nas safras de 2000/01, 2001/02 e 2002/03, semeados em setembro-outubro e janeiro-fevereiro, no Campus da Universidade Federal de Santa Maria (Santa Maria, RS). Os resultados obtidos pelos autores evidenciaram que a coloração do tegumento dos grãos é influenciada pelo ambiente, pois foi significativa a interação de genótipos com ambientes. Araújo et al. (2012) avaliaram uma população segregante oriunda do cruzamento entre BRSMG Madrepérola x RP-2, em Lavras e Patos de Minas (MG), na safra de inverno, para as progênies na geração $F_{2,3}$ e seca na geração $F_{2,4}$. Os resultados indicaram que o escurecimento de grãos é altamente influenciado pelo ambiente de cultivo dos genótipos, safra ou local. Contudo, a interação progênies x locais foi predominantemente simples, não alterando expressivamente a classificação das progênies.

Chiorato et al. (2015) avaliaram 25 genótipos de feijão oriundos de diferentes instituições de pesquisa, em 2009/2010/2011, em 17 ambientes do estado de São Paulo, nas

safras das águas, seca e inverno. Os genótipos cultivados na época da seca apresentaram grãos mais claros e foram, geralmente, susceptíveis a antracnose e fusariose.

As cultivares BRSMG Madrepérola (Carneiro et al., 2012), BRS Requite (Faria et al., 2004) e a linhagem CNFC 10467 são relatadas como de escurecimento lento dos grãos, para o grupo comercial carioca. Para o grupo comercial de feijão tipo *pinto* são relatados os genótipos 1533-15 (Junk-Knievel et al., 2008) e *SDIP-1* (Singh et al., 2006; Elsadr et al., 2011; Felicetti et al., 2012). Os estudos sobre controle genético e obtenção de populações segregantes disponíveis na literatura são basicamente envolvendo as cultivares/linhagens citadas acima.

Junk-Knievel et al. (2008) estudaram o controle genético para escurecimento de grãos, para os cruzamentos *CDC Pintium* x 1533-15, HR99 x 1533-15, *Pinto Saltillo* x *CDC Pintium* e *Pinto Saltillo* x 1533-15, na geração $F_{5,6}$. Os autores concluíram que o caráter tem controle monogênico com dominância para o alelo que condiciona escurecimento normal. Silva et al. (2008) avaliaram 196 genótipos nas gerações F_2 e $F_{2,3}$, da população oriunda do cruzamento das cultivares de feijão carioca VC-3 (BRSMG Madrepérola) e BRS Majestoso e obtendo resultado similar. Neste estudo, os autores mostraram que a herdabilidade do caráter escurecimento dos grãos aumentou com o tempo de armazenamento, passando de 77,6%, aos 30 dias de armazenamento, para 90,5% aos 90 dias. Segundo eles, a herdabilidade aos 30 dias foi suficientemente alta para permitir sucesso com a seleção.

Em contrapartida, Elsadr et al. (2011) estudaram a caracterização do escurecimento dos grãos de feijão *pinto*, nas populações. Os resultados indicaram que o índice de segregação seguiu um modelo de dois genes com epistasia recessiva. O alelo dominante *J* condiciona tendência ao escurecimento, enquanto alelos recessivos *jj* resultam em fenótipos que não escurecem. O segundo gene, *Sd*, é responsável pela rapidez com que os grãos escurecem. Logo, genótipos que possuem o alelo dominante *Sd* apresentarão fenótipos com escurecimento normal, enquanto genótipos com alelos recessivos (*sdsd*) apresentarão escurecimento lento dos grãos. Qualquer planta que possua o genótipo *jj*, independentemente do genótipo *Sd* não apresentará escurecimento. Neste modelo, três classes fenotípicas são possíveis. Neste cenário de dois genes, e na presença de um gene que condiciona ou não o escurecimento, a melhor estratégia de melhoramento seria a utilização de populações segregantes que segregassem para esse gene. No entanto, até o momento não foi relatada a

presença de variabilidade genética para esse gene em populações de feijoeiro-comum de grãos tipo carioca.

Silva et al. (2014) cruzaram a cultivar BRSMG Madrepérola com 10 cultivares de escurecimento normal dos grãos visando o estudo do controle genético para esse caráter, em dois ambientes, em Santo Antônio de Goiás/GO e Ponta Grossa/PR. Em Santo Antônio de Goiás foi detectada segregação monogênica para quatro populações, dentre elas BRSMG Madrepérola x BRS Notável e BRSMG Madrepérola x BRS Cometa; segregação digênica (epistasia duplo-recessiva) em três populações e outras três populações não ajustaram-se aos modelos de segregação propostos. Em Ponta Grossa, quatro populações ajustaram a segregação monogênica, dentre elas BRSMG Madrepérola x BRS Estilo e BRSMG Madrepérola x BRS Notável; uma população se ajustou à segregação digênica e cinco não se ajustaram a nenhuma das proporções propostas. Segundo os autores, apenas as populações BRSMG Madrepérola x BRS Notável e BRSMG Madrepérola x BRS Pontal obtiveram resultados consistentes em ambos os ambientes, compatível com o padrão de segregação monogênico. Segundo os autores, as causas do não ajuste da segregação seriam a interação de genótipos com ambientes para escurecimento dos grãos e a influência das condições de armazenamento sobre o fenótipo.

Sendo assim, pode-se concluir que o escurecimento de grãos tem controle genético, sugerindo ser oligogênico (Silva et al., 2014) e, portanto, combinações entre genitores contrastantes podem gerar populações segregantes com variabilidade genética para seleção.

2.3 AVALIAÇÃO DO ESCURECIMENTO LENTO DOS GRÃOS

A possibilidade de sucesso com a seleção de linhagens promissoras para escurecimento lento dos grãos leva a necessidade de técnicas eficazes na identificação da característica. Na literatura são descritas duas metodologias, a de escurecimento prolongado e a de escurecimento acelerado dos grãos, que possibilitam a avaliação do escurecimento em grãos de feijão. O escurecimento dos grãos com armazenamento prolongado consiste em colocar os grãos em embalagem plástica transparente e armazená-los em condições de temperatura e umidade ambiente, durante longo período. A técnica permite o acompanhamento gradativo da mudança de cor dos grãos, bem como diferenciação da intensidade

presente entre os genótipos avaliados, utilizando-se da escala de notas proposta por Silva (2007) (Figura 2.1).



Figura 2.1. Escala de notas utilizadas para avaliação de escurecimento do grão. 1 - cor do fundo do grão muito claro, 2 - medianamente claro, 3 - claro, 4 - medianamente escuro e 5 - muito escuro. (Fonte: Silva, 2007).

O teste de escurecimento acelerado, que emprega a luz ultravioleta, é uma técnica rápida e eficaz na seleção de linhagens com escurecimento lento dos grãos, tendo como principais vantagens a capacidade de diferenciação independentemente das condições ambientais que o feijão foi cultivado, e de não interferir na germinação da semente (Junk-Knievel et al., 2007). Os grãos são colocados em placas de petri e expostos sob a luz ultravioleta alternada com a luz fluorescente na câmara de luz por 72 horas (Junk-Knievel et al., 2007). O teste simula as condições de armazenamento prolongado, e tem sido utilizado para identificação dos genótipos de escurecimento lento. Elsadr et al. (2011) relatam que sementes de feijão escurecidas com o teste de escurecimento acelerado deverão escurecer ainda mais durante armazenamento. Felicetti et al. (2012) também utilizaram o teste de escurecimento acelerado para a identificação de genótipos de escurecimento normal e lento. Ambas técnicas apresentam vantagens e desvantagens, no entanto, a escolha entre elas depende da necessidade do programa de melhoramento.

2.4 TEMPO DE COCÇÃO EM FEIJOEIRO-COMUM

Além da cor escura dos grãos, que faz com que estes sejam rejeitados na prateleira do supermercado, a seleção de novas cultivares baseia-se em linhagens com tempo de

cozimento reduzido (Carbonell et al., 2003), pois a demanda dos consumidores é por grãos com rápido tempo de preparação, em razão do reduzido tempo disponível para cozinhar (Corte et al., 2003; Ribeiro et al., 2013). Sendo assim, os programas de melhoramento têm focado na obtenção de cultivares com elevado potencial produtivo e resistência a pragas e doenças, além de agregar caracteres tecnológicos, como baixo tempo de cozimento. Dada sua importância, a avaliação do tempo de cozimento é um dos parâmetros requeridos pelo Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento para registro de novas cultivares, determinado no cozimento de Mattson (Proctor & Watts, 1987).

Há evidências na literatura de diferenças genéticas entre as linhagens de feijão-comum para tempo de cozimento (Carbonell et al., 2003; Corte et al., 2003; Paula, 2004; Baldoni & Santos, 2005; Bertoldo et al., 2009; Bordin et al., 2010; Lima, 2010; Ribeiro et al., 2013); no entanto, há escassez de informações a respeito do controle genético para esse caráter. Bordin et al. (2010), estudando 18 genótipos crioulos e 4 cultivares comerciais, conseguiram identificar variabilidade genética para tempo de cozimento. Os valores observados foram de 19,5 a 47,5 minutos na safra 2006/2007 e de 17,5 a 28,0 minutos na safra 2007/2008. Ribeiro et al. (2013) obtiveram variabilidade genética para tempo de cozimento dos grãos, com valores que variaram de 12,4 a 23,2 minutos. Lima (2010) obteve tempo de cozimento que variou de 20 a 119 minutos dentre os 100 genótipos avaliados do banco de germoplasma da UFV.

Elia et al. (1997) constataram a existência de variabilidade entre as 32 linhagens estudadas. Os autores sugerem que a capacidade de cozimento é controlada por poucos genes, com ocorrência de efeito materno. Para Paula (2004), o controle genético do cozimento de grãos possui efeito materno, e ainda sugerem estar envolvidos genes com alelos que expressam dominância para aumento do tempo necessário para cozimento dos grãos.

Assim como para o escurecimento de grãos, há indícios de que o tempo de cozimento é influenciado por fatores ambientais na colheita e genéticos, havendo a presença de interação de genótipos com ambientes (Carbonell et al., 2003; Corte et al., 2003; Rodrigues et al., 2005; Ribeiro et al., 2007; Bertoldo et al., 2009; Perina et al., 2014).

Carbonell et al. (2003) avaliaram 16 linhagens/cultivares nas três safras de cultivo de feijão (seca, águas e inverno) no estado de São Paulo, no ano de 2000. Os autores obtiveram interação de genótipos com ambientes para tempo de cozimento. A época das águas propiciou os maiores valores para tempo de cozimento dos genótipos, no entanto, foi conside-

rada a época mais propícia para diferenciar genótipos superiores para o caráter. Bertoldo et al. (2009) também encontraram interação significativa de genótipos com ambientes para 12 genótipos do grupo preto, em nove ambientes. Os resultados revelaram que alguns dos genótipos avaliados foram mais sensíveis às mudanças ambientais, refletindo em diferentes médias de cocção nos ambientes.

A época de cultivo dos grãos também teve influência para o tempo de cocção, conforme relatado por Perina et al. (2014). Os genótipos cultivados na época das águas exibiram menor tempo de cocção, discordando do resultado apresentado por Carbonell et al. (2003); todavia também foi a época que melhor diferenciou os genótipos superiores para tempo de cocção.

São igualmente frequentes os estudos que demonstram acréscimo para tempo de cocção após aumento no período de armazenamento (Brackmann et al., 2002; Baldoni & Santos, 2005; Ribeiro et al., 2007,2008; Coelho et al., 2009; Morais et al., 2010; Oliveira et al., 2011). Os acréscimos no tempo de cocção são atribuídos a grãos armazenados em condições inadequadas de umidade e temperatura. Nessas condições favorece-se o surgimento de dois fenômenos: o endurecimento da casca dos grãos, tornando-se impermeável à água, e alterações nos cotilédones dos grãos, sendo os grãos capazes de absorver água, mas os cotilédones não amaciam durante o cozimento (Sgarbieri, 1987; Reyes-Moreno & Parediz-Lopez; 1993; Schoeninger et al., 2013).

Oliveira et al. (2011) observaram aumento no tempo de cozimento para os genótipos do grupo carioca, armazenados durante seis meses sobre refrigeração. A cultivar Pérola variou de 23,4 para 30,4 minutos. Coelho et al. (2009) verificaram também aumento no tempo de cozimento dos grãos de feijão preto e carioca à medida em que se aumentou o tempo de armazenamento, obedecendo satisfatoriamente a um modelo linear, com coeficiente de determinação superior a 90%.

Há ainda a associação pelos consumidores de que grãos escuros são mais velhos e, conseqüentemente apresentam dificuldade para cozinhar (Sartori, 1996; Junk-Knievel et al., 2007; Couto et al., 2010), ocasionando baixa aceitabilidade do produto para comercialização. Entretanto, tais conclusões são baseadas em avaliações que relacionam o alto tempo de cocção após o armazenamento em linhagens que apresentam escurecimento normal, portanto, não incluindo genótipos com escurecimento lento. Apesar de ser relatada a existência de linhagens com escurecimento lento dos grãos (Junk-Knievel et al. 2008; Silva et al. 2008; Elsadr et al. 2011), são raros os trabalhos que comprovem a associação

com tempo de cocção. É preciso entender esta associação em linhagens com escurecimento lento dos grãos sobre a influência de um período maior de armazenamento.

Araújo et al. (2012) estudaram a correlação entre tempo de cocção e escurecimento de grãos com 30, 60 e 90 dias após colheita. Para as avaliações aos 30 e 90 dias após colheita não foram obtidas correlações fenotípicas significativas; já para as avaliações realizadas aos 60 dias após colheita foi obtida correlação fenotípica alta e significativa. Foram estimados também os teores de tanino dos grãos armazenados, e constatando que grãos mais claros possuem menor quantidade de tanino e, portanto, necessitam de menor tempo para cozimento. O resultado concorda com outros trabalhos que relatam que o escurecimento dos grãos está relacionado com altos teores de taninos dos grãos (Junk-Knievel et al., 2007; Silva et al., 2008). Foram obtidos elevados valores de correlação fenotípica entre teor de tanino e escurecimento dos grãos nos três períodos de armazenamento.

Em seu trabalho, Silva et al. (2014) não obtiveram correlação linear significativa entre tempo de cocção e escurecimento para populações de escurecimento lento dos grãos. A autora avaliou genitores e populações em dois ambientes, Santo Antônio de Goiás-GO e Ponta Grossa-PR, para grãos armazenados durante 190 dias em temperatura ambiente. Assim, as médias de escurecimento de grãos não refletem o comportamento dos genótipos para tempo de cocção após armazenamento dos grãos.

2.5 SELEÇÃO ASSISTIDA POR MARCADORES MOLECULARES

A seleção assistida por marcadores moleculares (SAM) consiste na incorporação de informações dos marcadores moleculares na seleção de genótipos superiores (Guimarães et al., 2009). O desenvolvimento e aplicação da SAM na agricultura visa o aumento da eficiência de seleção, com redução de custos e tempo necessário no processo seletivo de genótipos superiores. A técnica pode ser especialmente aplicada em caracteres de difícil seleção fenotípica, ou ainda para caracteres cuja expressão dependa de ambientes específicos, na manutenção de alelos recessivos em retrocruzamentos ou em piramidação de genes (Xu & Crouch, 2008).

Guimarães et al. (2009) complementam que a aplicação da SAM estende-se a situações em que requerem destruição das plantas ou exijam quarentena. São vários os tipos de marcadores moleculares de DNA disponíveis, diferenciando entre si quanto à habilidade em detectar polimorfismo, ao custo de aplicação, à facilidade de uso e à consistência

de resultados (Borém, 2009). Marcadores co-dominantes, por exemplo, apresentam vantagens na introgressão de genes recessivos, como é o caso do gene que controla o escurecimento lento em grãos, uma vez que permitem a distinção entre genótipos homozigotos recessivos e dominantes, e genótipos segregantes.

A adoção dos marcadores moleculares, por meio da seleção assistida, deve atender à necessidade do programa de melhoramento. Assim, se aplicada nas gerações iniciais dos programas de melhoramento, plantas portadoras de genes indesejáveis podem ser eliminadas, permitindo que os melhoristas sejam focados em um reduzido número de linhagens que sejam prioritárias nas gerações subsequentes (Collard & Mackill, 2015). Stromberg et al. (1994) acrescentam que a SAM é mais efetiva em gerações iniciais de seleção entre progênes. No entanto, a aplicação dos marcadores moleculares é possível em qualquer fase de desenvolvimento da planta, com a vantagem de não serem influenciados pelo ambiente (Gupta et al., 1999; Schuster, 2011). Bered et al. (1997) completam que a SAM é uma forma de seleção indireta, na qual o caráter apresenta herdabilidade igual a 100%, uma vez que marcadores moleculares não são influenciados pelo ambiente.

A eficiência da SAM tende a diminuir com o avanço das gerações, uma vez que, com os locos fixados, aumenta-se a eficiência da seleção fenotípica. Porém, especialmente para o caráter escurecimento de grãos, a aplicação da SAM em gerações avançadas torna-se uma estratégia, já que a avaliação é feita em grãos após período de armazenamento. Se aplicada nas gerações iniciais torna-se uma alternativa interessante na seleção precoce de genótipos que apresentem o fenótipo desejável, gerando economia de recursos e de tempo, uma vez que é reduzido o número de genótipos para as gerações subsequentes. Entretanto, assim como relatam Guimarães et al. (2009), a seleção assistida por marcadores e a seleção fenotípica tradicional não são estratégias excludentes e uma maior eficiência dos programas de melhoramento deverá ser atingida mediante combinação das duas estratégias.

Para a cultura do feijoeiro-comum, a utilização dos marcadores moleculares se dá principalmente na seleção para resistência a doenças (Miklas et al., 2000; Oliveira et al., 2005; Alzate-Marin et al., 2005; O'Boyle & Kelly, 2007; Ender et al., 2008; Duncan et al., 2012; Souza et al., 2014). São encontrados na literatura poucos relatos referentes à identificação de marcadores moleculares para escurecimento lento dos grãos da classe comercial carioca e sua aplicação na seleção assistida ainda mais restrita.

Couto et al. (2010) identificaram três marcadores para escurecimento lento dos grãos, sendo eles: PVM02TC116, PV176 e PVESTBR-98. Foram utilizadas 185 progênies $F_{2:3}$ derivadas do cruzamento de VC-3 x BRSMG Majestoso. Segundo os autores, os três marcadores moleculares podem ser utilizados na realização de seleção assistida para escurecimento, especialmente o marcador PVM02TC116 que cossegrega com o QTL de interesse. Os marcadores PVESTBR-98 e PV176 flanqueiam a região, situando-se a 2,0 e 12,2 cM do QTL em questão, respectivamente. Esse resultado discorda dos apresentados por Alves (2014), no qual a eficiência do marcador PVM02TC116 não foi confirmada. De acordo com o autor, uma parcela muito baixa da variação fenotípica para escurecimento dos grãos foi explicada pelo marcador. Nesse trabalho o autor conclui que a seleção fenotípica é mais eficiente que a seleção por marcadores moleculares.

Felicetti et al. (2012) identificaram três marcadores moleculares microssatélites (Pvsd-1157, Pvsd-1158 e Pvsd-0028), promissores para utilização na seleção assistida, para a classe comercial de feijão *pinto*. Foram testados em 159 genótipos na geração F_2 de três populações. As fontes de escurecimento lento foram 1533-15 e SDIP-1. Os marcadores mostraram-se próximos ao gene *sd* em várias e diversas populações de feijão *pinto*. Situar-se a aproximadamente 0,4; 0,9 e 3,0 cM, para Pvsd-1158, Pvsd-1157 e Pvsd-0028, respectivamente. Para o feijão carioca, o seu uso foi relatado como promissor pelos autores, no entanto, não foram testados genótipos com escurecimento normal.

Para que os marcadores citados nos trabalhos de Couto et al. (2010) e Felicetti et al. (2012) sejam realmente úteis, é necessário que eles sejam validados em diferentes populações elite dos programas de melhoramento. Assim, plantas portadoras do marcador e do alelo de interesse podem ser identificadas logo após a germinação, reduzindo o tempo de avaliação desta característica, propiciando aumento da eficiência de seleção.

2.6 REFERÊNCIAS

ABREU, A. F. B.; RAMALHO, M. A. P.; SANTOS, J. B.; PEREIRA FILHO, I. A. Effect of genotype x environment interaction of estimates of genetic and phenotypic parameters of common beans. **Revista Brasileira de Genética**, Ribeirão Preto, v. 13, n. 1, p. 75-82, 1990.

ALLARD, R. W.; BRADSHAW, A. D. Implications of genotype-environmental interactions in applied plant breeding. **Crop Science**, Madison, v. 4, n. 2, p. 503-508, 1964.

ALVES, F. C. **Eficiência da seleção assistida por marcadores moleculares para o escurecimento tardio de grãos em feijão-comum**. 2014. 64 f. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas), Universidade Federal de Lavras, Lavras, 2014.

ALZATE-MARIN, A. L.; CERVIGNI, G. D. L.; MOREIRA, M. A.; BARROS, E. G. Seleção assistida por marcadores moleculares visando ao desenvolvimento de plantas resistentes a doenças, com ênfase em feijoeiro e soja. **Fitopatologia Brasileira**, Lavras, v. 30, n. 4, p. 333-342, 2005.

ARAÚJO, L. C. A.; RAMALHO, M. A. P.; ABREU, A. F. B. Estimates of genetic parameters of late seed-coat darkening of carioca type dry beans. **Ciência e Agrotecnologia**, Lavras, v. 36, n. 2, p. 156-162, 2012.

BALCHA, A. genetic variation for grain yield of common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) in sole and maize/bean intercropping systems. **Asian Journal of Crop Science**, v. 6, n. 2, p. 158-164, 2014.

BALDONI, B. A.; SANTOS, J. B. Capacidade de cozimento de grãos de famílias de feijão do cruzamento ESAL 693 x Rosinha. **Acta Scientiarum**, Maringá, v. 27, n. 2, p. 233-236, 2005.

BARILI, L. D.; VALE, N. M.; MORAIS, P. P. P.; BALDISSERA, J. N. C.; ALMEIDA, C. B.; ROCHA, F.; VALENTINI, G.; BERTOLDO, J. G.; COIMBRA, J. L. M.; GUIDOLIN. Correlação fenotípica entre componentes do rendimento de grãos de feijão comum (*Phaseolus vulgaris* L.). **Semina: Ciências Agrárias**, v. 32, n. 4, p. 1363-1274, 2011.

BENINGER, C. W.; GU, L.; PRIOR, R. L.; JUNK-KNIEVEL, D. C.; VANDENBERG, A.; BETT, K. E. Changes in polyphenols of the seed coat during the after-darkening process in pinto beans (*Phaseolus vulgaris* L.). **Journal of Agriculture and Food Chemistry**, v. 53, n. 20, p. 7777-7782, 2005.

BERED, F.; BARBOSA NETO, J. F.; CARVALHO, F. I. F. Marcadores moleculares e sua aplicação no melhoramento genético de plantas. **Ciência Rural**, Santa Maria, v. 27, n. 3, p. 513-520, 1997.

BERTOLDO, J. G.; COIMBRA, J. L. M.; BARILI, L. D.; VALE, N. M.; ROCHA, F. Correlação entre caracteres de produção e tempo de cocção em feijão em dois ambientes. **Revista Ciência Agronômica**, Fortaleza, v. 40, n. 1, p. 135-140, 2009.

BORÉM, A.; CARNEIRO, J. E. de A. Cultura. In: VIEIRA, C.; PAULA JUNIOR, T. J.; BORÉM, A. **Feijão: aspectos gerais e cultura no Estado de Minas Gerais**. Viçosa: Editora UFV, 1998. p. 13-17.

BORÉM, A. Aplicação dos marcadores moleculares no melhoramento. In: BORÉM, A.; CAIXETA, E. T. **Marcadores moleculares**. Viçosa: Editora UFV, 2009. p. 95-102.

BORDIN, L. C.; COELHO, C. M. M.; SOUZA, C. A.; ZILIO, M. Diversidade genética para a padronização do tempo e percentual de hidratação preliminar ao teste de cocção de grãos de feijão. **Ciência e Tecnologia de Alimentos**, Campinas, v. 30, n. 4, 2010.

BRACKMANN, A.; NEUWALD, D. A.; RIBEIRO, N. D.; FREITAS, S. T. Conservação de três genótipos de feijão (*Phaseolus vulgaris* L.) do grupo carioca em armazenamento refrigerado e em atmosfera controlada. **Ciência Rural**, Santa Maria, v. 32, n. 6, p. 911-915, 2002.

CARBONELL, S. A. M.; AZEVEDO FILHO, J. A.; DIAS, L. A. S.; GONÇALVES, C.; ANTONIO, C. B. Adaptabilidade e estabilidade de produção de cultivares e linhagens de feijoeiro no estado de São Paulo. **Bragantia**, Campinas, v. 60, n. 2, p. 69-77, 2001.

CARBONELL, S. A. M.; CARVALHO, C. R. L.; PEREIRA, V. R. Qualidade tecnológica de grãos de genótipos de feijoeiro cultivados em diferentes ambientes. **Bragantia**, Campinas, v. 62, n. 3, p. 369-379, 2003.

CARBONELL, S. A. M.; AZEVEDO FILHO, J. A.; DIAS, L. A. S.; GARCIA, A. A. F. G.; MORAIS, L. K. Common bean cultivars and lines interactions with environments, **Scientia Agricola**, Piracicaba, v. 61, n. 2, p. 169-177, 2004.

CARBONELL, S. A. M.; CHIORATO, A. F.; CARVALHO, C. R. L.; RAMOS JÚNIOR, E. U.; ITO, M. A.; BORGES, W. L. B.; TICELLI, M.; SANTOS, N. C. B.; GALLO, P. B. IAC Formoso: new carioca common bean cultivar. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, Viçosa, v. 10, n. 4, p. 374-376, 2010.

CARBONELL, S. A. M.; CHIORATO, A. F.; BOLONHEZI, D.; BARROS, V. L. N. P.; BORGES, V. L. B.; TICELLI, M.; GALLO, P. B.; FINOTO, E. L.; SANTOS, N. C. B. IAC Milênio – common bean cultivar with high grain quality. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, Viçosa, v. 14, n. 4, p. 273-276, 2014.

CARNEIRO, J. E. S.; ABREU, A. F. B.; RAMALHO, M. A. P.; PAULA JÚNIOR, T. J.; DEL PELOSO, M. J.; MELO, L. C.; PEREIRA, H. S.; PEREIRA FILHO, I. A.; MARTINS, M.; VIEIRA, R. F.; MARTINS, F. A. D.; COELHO, M. A. O.; CARNEIRO, P. C. S.; MOREIRA, J. A. A.; SANTOS, J. B.; FARIA, L. C.; COSTA, J. G. C.; TEIXEIRA, H. BRSMG Madrepérola: common bean cultivar with late-darkening Carioca grain. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, Viçosa, v. 4, n. 12, p. 281-284, 2012.

CHAVES, L. J. Interação de genótipos com ambientes. In: NASS, L. L.; VALOIS, A. C. C.; MELO, I. S.; VALADARES-INGLIS, M. C. Recursos genéticos e melhoramento – plantas. Rondonópolis: Fundação MT, 2001. cap. 22, p. 673-713.

CHIORATO, A. F.; CARBONELL, S. A. M.; VENCOVSKY, R.; FONSECA JÚNIOR, N. D.; PINHEIRO, J. B. Genetic gain in the breeding program of common beans at IAC from 1989 to 2007. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, Viçosa, v. 10, n. 4, p. 329-336, 2010.

CHIORATO, A. F.; CARBONELL, S. A. M.; BOSETTI, F.; SASSERON, G. R.; LOPES, R. L. T.; AZEVEDO, C. V. G. Common bean genotypes for agronomic and market-related traits in VCU trials. **Scientia Agricola**, Piracicaba, v. 72, n. 1, p. 34-40, 2015.

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 dos seus

componentes primários, nas épocas de cultivo da primavera-verão e do verão-outono. **Ciência Rural**, Santa Maria, v. 32, n. 2, p. 211-216, 2002.

COELHO, S. R. M.; PREUDENCIO, S. H.; NÓBREGA, L. H. P.; LEITE, C. F. R. Alterações no tempo de cozimento e textura dos grãos de feijão comum durante o armazenamento. **Ciência e Agrotecnologia**, Lavras, v. 33, n. 2, p. 539-544, 2009.

COLLARD, B. C. Y.; MACKILL, D. J. Marker-assisted selection: an approach for precision plant breeding in the twenty-first century. **Philosophical Transactions of the Royal Society**, v. 363, n. 1491, p. 557-572, 2015.

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 dos seus componentes primários, nas épocas de cultivo da primavera-verão e do verão-outono. **Ciência Rural**, Santa Maria, v. 32, n. 2, p. 211-216, 2002.

CORTE, A. D.; MODA-CIRINO, V.; SCHOLZ, M. B. S.; DESTRO, D. Environment effect on grain quality in early common bean cultivars and lines. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, Viçosa, v. 3, n. 3, p. 193-202, 2003.

COUTO, K. R.; SANTOS, J. B.; RAMALHO, M. A. P.; SILVA, G. S. Identificação de marcadores moleculares microsatélites relacionados ao escurecimento de grãos em feijão, **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 45, n. 11, p. 1268-1274, 2010.

CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. 2. ed. rev. Viçosa: Editora UFV, 2001. 390 p.

CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. 4. ed. Viçosa: Editora UFV, 2012. 514 p.

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

DEL PELOSO, M.J.; MELO, L.C. **Potencial de rendimento da cultura do feijoeiro comum**. Santo Antônio de Goiás: Embrapa Arroz e Feijão, 2005. 131p.

DUNCAN, R. W.; GILBERTSON, R. L.; SINGH, S. P. Direct and marker-assisted selection for resistance to common bacterial blight in common bean. **Crop Science**, Madison, v. 52, n. 4, p. 1511-1521, 2012.

ELIA, F. M.; HOSFIELD, G. L.; KELLY, J. D.; UEBERSAX, M. A. Genetic analysis and interrelationships between traits for cooking time, water absorption, and protein and tannin content of Andean dry beans. **Journal of the American Society for Horticultural Science**, Alexandria, v. 122, n. 4, p. 512-518, 1997.

ELSADR, H. T.; WRIGHT, L. C.; PAULS, K. P.; BETT, K. E. Characterization of seed coat post-harvest darkening in common bean (*Phaseolus vulgaris* L.). **Theoretical Applied Genetics**, Berlin, v. 123, n. 8, p. 1467-1472, 2011.

ENDER, M.; TERPSTRA, K.; KELLY, J. D. Marker-assisted selection for white mold resistance in common bean. **Molecular Breeding**, East Lansing, v. 21, n. 2, p. 149-157, 2008.

Embrapa Arroz e Feijão. Home Page, 2014. Disponível em: <<https://www.embrapa.br/arroz-e-feijao/produtos-processos-e-servicos>>. Acesso em: 22 fev. 2015.

FALCONER, D. S. **Introdução á genética quantitativa**. Viçosa: Imprensa Universitária da Universidade Federal de Viçosa, 1987. 279 p.

FARIA, L. C.; COSTA, J. G. C.; RAVA, C. A.; DEL PELOSO, M. J.; MELO, L. C.; CARNEIRO, G. E. S.; SOARES, D. M.; DÍAZ, ABREU, A. F. B.; FARIA, J. C.; SARTORATO, A.; SILVA, H. T.; BASSINELLO, P. Z.; ZIMMERMANN, F. J. P. 'BRS Requite': nem common bean Carioca cultivar with delayed grain darkness. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, Lavras, v. 4, n. 3, p. 366-368, 2004.

FARIA, L. C.; MELO, P. G. S.; PEREIRA, H. S.; DEL PELOSO, M. J.; BRÁS, A. J. B. P.; MOREIRA, A. A. A.; CARVALHO, H. W. L.; MELO, L. C. Genetic progress during 22 years of improvement of carioca-type common bean in Brazil. **Field Crop Research**, v. 140, n. 20, p. 68-74, 2013.

FEIJÃO: dados conjunturais do feijão (área, produção e rendimento) – Brasil – 1985 a 2007. Disponível em: <<http://www.cnpaf.embrapa.br/apps/socioeconomia/index.htm>>. Acesso em: 25 jul. 2011.

FEIJÃO: Brasil: dados de conjuntura da produção de feijão (*Phaseolus vulgaris* L.) e caupi (*Vigna unguiculata* (L.) Walp) no Brasil (1985-2011). [Santo Antônio de Goiás: Embrapa Arroz e Feijão, 2012]. Disponível em: <http://www.cnpaf.embrapa.br/socioeconomia/index.htm>. Acesso em: 20 ago. 2012.

FELICETTI, E.; SONG, Q.; JIA, G.; CREGAN, P.; BETT, K. E.; MIKLAS, P. N. Simple sequence repeats linked with slow darkening trait in pinto bean discovered by single nucleotide polymorphism assay and whole genome sequence. **Crop Science Society of America**, Madison, v. 52, n. 4, p. 1600-1608, 2012.

GUIMARÃES, C. T.; SCHUSTER, I.; MAGALHÃES, J. V.; SOUSA JÚNIOR, C. L. Marcadores moleculares no melhoramento. In: BORÉM, A.; CAIXETA, E. T. **Marcadores moleculares**. 2. ed. Viçosa: Universidade Federal de Viçosa, 2009. cap. 3, p. 103-128.

GUPTA, P. K.; VARSHNEY, R. K.; SHARMA, P. C.; RAMESH, B. Molecular markers and their applications in wheat breeding. **Plant Breeding**, Berlim, v. 118, n. 5, p. 369-390, 1999.

JUNK-KNIEVEL, D. C.; VANDENBERG, A.; BETT, K. An accelerated post-harvested seed-coat darkening protocol for pinto beans grown across different environments. **Crop Science**, Madison, v. 47, n. 2, p. 694-702, 2007.

JUNK-KNIEVEL, D. C.; VANDERBERG, A.; BETT, K. E. Slow darkening in pinto bean (*Phaseolus vulgaris* L.) seed coats is controlled by a single major gene. **Crop Science**, Madison, v. 48, n. 1, p. 189-193, 2008.

LIMA, M. S.; CARNEIRO, J. E. S.; CARNEIRO, P. C. S.; PEREIRA, C. S.; VIEIRA, R. F.; CECON, P. R. Characterization of genetic variability among common bean genotypes by morphological descriptors. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, Viçosa, v. 12, n. 1, p. 76-84, 2012.

LIMA, M. S. **Caracterização morfoagronômica, culinária e de raízes de genótipos do banco de germoplasma de feijão da UFV**. 2010. 66 p. Tese (Doutorado em Fitotecnia) - Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, 2010.

MARLES, M. A. S.; VANDENBERG, A.; BETT, K. B. Polyphenol oxidase activity and differential accumulation of polyphenolics in seed coats of pinto bean (*Phaseolus vulgaris* L.) characterize postharvest color changes. **Journal of Agricultural and Food Chemistry**, v. 56, n. 3, p. 7049-7056, 2008.

MIKLAS, P. N.; LARSEN, R. C.; RILEY, R.; KELLY, J. D. Potential marker-assisted selection for *bc-1²* resistance to bean common mosaic potyvirus in common bean. **Euphytica**, Heidelberg, v. 116, n. 3, p. 211-219, 2000.

MORAIS, P. P. P.; VALENTINI, G.; GUIDOLIN, A. F.; BALDISSERA, J. N. C.; COIMBRA, J. L. M. Influência do período e das condições de armazenamento de feijão no tempo de cocção. **Revista Ciência Agronômica**, Fortaleza, v. 41, n. 4, p. 593-598, 2010.

MOREIRA, S. L.; SILVA, M. G.; RODRIGUES, R.; VIANA, A. P.; PEREIRA, M. G. Breeding methods and history of bean cultivars released in CBAB – Crop Breeding and Applied Biotechnology. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, Viçosa, v. 10, n. 4, p. 345-350, 2010.

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

MOURA, A. C. C. **Análises físico-químicas e enzimáticas antes e após o armazenamento em grãos de feijão (*Phaseolus vulgaris* L.) submetidas a diferentes tempos e tipos de secagem**. 1998. 70 p. Dissertação (Mestre em Ciências dos Alimentos) - Universidade Federal de Lavras, Lavras, 1998.

MOURA, M. M.; CARNEIRO, P. C. S.; CARNEIRO, J. E. S.; CRUZ, C. D. Potencial de caracteres na avaliação da arquitetura de plantas de feijão. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 48, n. 4, p. 417-425, 2013.

O'BOYLE, P. D.; KELLY, J. D. Use of marker-assisted selection to breed resistance to common bacterial blight in common bean. **Journal of the American Society for Horticultural Science**, Alexandria, v. 132, n. 3, p. 381-386, 2007.

OLIVEIRA, E. J.; ALZATE-MARIN, A. L.; BORÉM, A.; FAGUNDES, S. A.; BARROS, E. G.; MOREIRA, M. A. Molecular marker-assisted selection for development of common bean lines resistant to angular leaf spot. **Plant Breeding**, Berlim, v. 124, n. 6, p. 572-575, 2005.

OLIVEIRA, V. R.; RIBEIRO, N. D.; MAZIEIRO, S. M.; CARGNELUTTI FILHO, A.; JOST, E. Qualidade para o cozimento e composição nutricional de genótipos de feijão com e sem armazenamento sob refrigeração. **Ciência Rural**, Santa Maria, v. 41, n. 5, p. 746-752, 2011.

PAULA, S. R. R. Efeito materno associado à capacidade de cozimento do feijoeiro. 2004. 53 f. Dissertação (Mestrado em genética e Melhoramento de Plantas) -Universidade Federal de Lavras, Lavras, 2004.

PARK, D.; MAGA, J. A. Common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) colour stability as influenced by time and moisture content. **Journal of Food Processing Preservation**, Chicago, v. 23, p. 515-522, 1999.

PEREIRA, H. S. **Seleção assistida por marcadores microssatélites para produtividade de grãos em feijoeiro**. 2006. 149 f. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) -Universidade Federal de Lavras, Lavras, 2006.

PEREIRA, H. S.; MELO, L. C.; FARIA, L. C.; DÍAZ, J. L. C.; DEL PELOSO, M. J.; COSTA, J. G. C.; WENDLAND, A. Stability and adaptability of carioca common bean genotypes in states of the central South Region of Brazil. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, Viçosa, v. 9, n. 2, p. 181-18, 2009.

PEREIRA, H. S.; ALMEIDA, V. M.; MELO, L. C.; WENDLAND, A.; FARIA, L. C.; DEL PELOSO, M. J.; MAGALDI, M. C. S. Influência do ambiente em cultivares de feijoeiro-comum em cerrado com baixa altitude. **Bragantia**, Campinas, v. 71, n. 2, p. 165-172, 2012.

PERINA, E. F.; CARVALHO, C. R. L.; CHIORATO, A. F.; GONÇALVES, J. G. R.; CARBONELL, S. A. M. Avaliação da estabilidade e adaptabilidade de genótipos de feijoeiro comum (*Phaseolus vulgaris* L.) baseada na análise multivariada da “performance” genotípica. **Ciência e Agrotecnologia**, Lavras, v. 34, n. 2, p. 398-406, 2010.

PERINA, E. F.; CARVALHO, C. R. L.; CHIORATO, A. F.; LOPES, R. L. T.; GONÇALVES, J. G. R.; CARBONELL, S. A. M. Technological quality of common bean grains obtained in different growing seasons. **Bragantia**, Campinas, v. 73, n. 1, p. 14-22, 2014.

PEREIRA, H. S.; ALMEIDA, V. M.; MELO, L. C.; WENDLAND, A.; FARIA, L. C.; DEL PELOSO, M. J.; MAGALDI, M. C. S. Influência do ambiente em cultivares de feijoeiro-comum em cerrado com baixa altitude. **Bragantia**, Campinas, v. 71, n. 2, p. 165-172, 2012.

PETERNELLI, L. A.; CARDOSO, A. A.; CRUZ, C. D. Herdabilidades e correlações do rendimento do feijão e seus componentes primários no monocultivo e no consórcio. **Revista Ceres**, Viçosa, v. 41, n. 235, p. 306-316, 1994.

PIANA, C. F. B.; ANTUNES, I. F.; SILVA, J. G. C.; SILVEIRA, E. P. Adaptabilidade e estabilidade do rendimento de grãos de genótipos de feijão. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 34, n.4, p. 553-564, 1999.

PONTES JR, V. A.; MELO, L. C.; PEREIRA, H. S.; DEL PELOSO, M. J.; FARIA, L. C.; WENDLAND, A.; BRAZ, A. J. B. P.; FERREIRA, S. B. Productive potential and interaction of elite bean lines with environments in the Central Cerrado of Brazil. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, Viçosa, v. 12, n. 1, p. 8-16, 2012.

PROCTOR, J. R.; WATTS, B. M. Development of a modified Mattson bean cooker procedure based on sensory panel cookability evaluation. **Canadian Institute of Food Science and Technology**, Ottawa, v. 20, n. 1, p. 9-14, 1987.

RAMALHO, M. A. P.; DIAS, L. A. S.; CARVALHO, B. L. Contributions of plant breeding in Brazil – progress and perspectives. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, Viçosa, v. 12, n. S2, p. 111-120, 2012.

RAMALHO, M. A. P.; SANTOS, J. B.; ZIMMERMANN, M. J. O. **Genética quantitativa em plantas autógamas**. Goiânia: Editora da UFG, 1993. 271 p.

RAMALHO, M. A. P.; ABREU, A. F. B.; SANTOS, J. B.; NUNES, J. A. R. **Aplicações da genética quantitativa no melhoramento de plantas autógamas**. Lavras: Editora UFLA, 2012. 522 p.

REYES-MORENO, C.; PAREDEZ-LÓPEZ, O. Hard to cook phenomenon in common bean – A review. **Critical Reviews in Food Science and Nutrition**, v. 33, n. 3, p. 227-286, 1993.

RIBEIRO, N. D.; MELLO, R. M.; DALLA COSTA, R.; SLUSZZ, T. Correlações genética 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, N. D.; JOST, E.; CARGNELUTTI FILHO, A. Efeitos da interação genótipos x ambiente no ciclo e na coloração do tegumento dos grãos do feijoeiro-comum. **Bragantia**, Campinas, v. 63, n. 3, p. 373-380, 2004.

RIBEIRO, N. D.; RODRIGUES, J. A.; CARGNELUTTI FILHO, A.; POERSCH, N. L.; TRENTIN, M.; ROSA, S. S. Efeitos de períodos de semeadura e das condições de armazenamento sobre grãos de feijão para o cozimento. **Bragantia**, Campinas, v. 66, n. 1, p. 157-163, 2007.

RIBEIRO, N. D.; MAMBRIN, R. B.; STORCK, L.; PRIGOL, M.; NOGUEIRA, C. W. Combined selection for grain yield, cooking quality and minerals in the common bean. **Revista de Ciências Agrônômicas**, Fortaleza, v. 44, n. 4, p. 869-877, 2013.

RIOS, A. O.; ABREU, C. M. P.; CORRÊA, A. D. Efeito da época de colheita e do tempo de armazenamento no escurecimento do tegumento do feijão (*Phaseolus vulgaris* L.). **Ciência e Agrotecnologia**, Lavras, v. 26, n. 3, p. 550-558, 2002.

RODRIGUES, J. A.; RIBEIRO, N. D.; CARGNELUTTI FILHO, A.; TRENTIN, M.; LONDERO, P. M. G. Qualidade para o cozimento de grãos de feijão obtidos em diferentes épocas de semeadura. **Bragantia**, Campinas, v. 64, n. 3, p. 369-376, 2005.

SARTORI, M. R. Armazenamento. In: ARAÚJO, S. A.; RAVA, C. A.; STONE, L. F.; ZIMMERMANN, M. J. O. **Cultura do feijoeiro comum no Brasil**. Piracicaba: Associação Brasileira para Pesquisa da Potassa e do Fosfato, 1996. p. 543-558.

SCHOENINGER, V.; COELHO, S. R. M.; PALOSCHI, C. L.; PRADO, N. V. Qualidade físico-química e tempo de cozimento de grãos de feijão novos e envelhecidos em condições de armazenamento refrigerado. **Revista Varia Scientia Agraria**, Cascavel, v. 3, n. 2, p. 55-65, 2013.

SCHUSTER, I. Marker-assisted selection for quantitative traits. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, Viçosa, v. 11, n. S1, p. 50-55, 2011.

SGARBIERI, V. C. **Alimentação e nutrição**: fator de saúde e desenvolvimento. 1. ed. Campinas: Unicamp, 1987. 387 p.

SIQUEIRA, B. S.; PEREIRA, W. J.; BATISTA, K.; OOMAH, B. D.; FERNANDES, K. F.; BASSINELLO, P. Z. Influence of storage on darkening and hardening of slow-and regular-darkening carioca bean (*Phaseolus vulgaris* L.) genotypes. **Journal of Agricultural Studies**, Las Vegas, v. 2, n. 2, p. 87-104, 2014.

SILVA, G. S. **Controle genético do escurecimento precoce de grãos de feijão tipo carioca**. 2007. 62 f. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas) - Universidade Federal de Lavras, Lavras, 2007.

SILVA, G. S.; RAMALHO, M. A. P.; ABREU, A. F. B.; SILVA, F. B. Genetic control of early grain darkening of carioca common bean. **Crop Breeding And Applied Biotechnology**, Viçosa, v. 8, n. 4, p. 299-304, 2008.

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

SILVA, F. C. **Potencial genético de populações segregantes de feijoeiro-comum para escurecimento e cocção dos grãos**. 2012. 104 f. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas) -Escola de Agronomia, Universidade Federal de Goiás, Goiânia, 2012.

SILVA, O. F.; WANDER, A.E. **O feijão-comum no Brasil**: passado, presente e futuro. Santo Antônio de Goiás: Embrapa Arroz e Feijão, 2013. 63 p. - (Documentos / Embrapa Arroz e Feijão.

SILVA, V. M.; MENEZES JUNIOR, J. A.; CARNEIRO, P. C.; CARNEIRO, J. E.; CRUZ, C. D. Genetic improvement of plant architecture in the common bean. **Genetic Molecular Research**, Ribeirão Preto, v. 12, n. 3, p. 3093-3102, 2013.

SILVA, F. C.; MELO, P. G. S.; PEREIRA, H. S.; MELO, L. C. Genetic control and estimation of genetic parameters for seed-coat darkening of carioca beans. **Genetics and Molecular Research**, Ribeirão Preto, v. 13, n. 3, p. 6486-6496, 2014.

SINGH, S. P.; TÉRAN, H.; LEMA, M.; DENNIS, M. F.; HAYES, R. Registration of slow darkening pinto bean germplasm line SDIP-1. **Crop Science**, Madison, v. 46, n. 6, p. 2726-2727, 2006.

SOUZA, T. L. P. O.; RAGAGNIN, V. A.; DESSAUNE, S. N.; SANGLARD, D. A.; CARNEIRO, J. E. S.; MOREIRA, M. A.; BARROS, E. G. DNA marker-assisted selection to pyramid rust resistance genes in “carioca” seeded common bean lines. **Euphytica**, Heidelberg, v. 199, n. 3, p. 303-316, 2014.

STROMBERG, L. D.; DUDLEY, J. W.; RUFENER, G. K. Comparing conventional early generation selection with molecular marker assisted selection in maize. **Crop Science**, Madison, v. 34, n. 5, p. 1221-1225, 1994.

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

TORGA, P. P.; MELO, P. G. S.; PEREIRA, H. S.; FARIA, L. C.; DEL PELOSO, M. J.; MELO, L. C. Interaction of common beans cultivars of the black group with years, locations and sowing seasons. **Euphytica**, Heidelberg, v. 189, n. 2, p. 239-248, 2013.

VENCOSKY, R. Herança quantitativa. In: PATERNIANI, E.; VIEGAS, G. P. **Melhoramento e produção do milho**. 2. ed. Campinas: Fundação Cargill, 1987. v. 1, cap. 5, p. 137-214.

VENCOVSKY, R.; BARRIGA, P. **Genética biométrica no fitomelhoramento**, Ribeirão Preto: Revista Brasileira de Genética, 1992. 496 p.

XU, Y.; CROUCH, J. H. Marker-assisted selection in plant breeding: from publications to practice. **Crop Science**, Madison, v. 48, n. 2, p. 391-407, 2008.

ZIMMERMANN, M. J. O.; ROSIELLE, A. A.; WAINES, J. G.; FOSTER, K. W. A heritability and correlation study of grain yield, yield components, and harvest index of common bean in sole crop and intercrop. **Fields Crop Research**, Amsterdam, v. 9, p. 109-118, 1984.

3 ESTIMAÇÃO DE PARÂMETROS GENÉTICOS E FENOTÍPICOS E SELEÇÃO DE LINHAGENS DE FEIJOEIRO-COMUM PRODUTIVAS, ERETAS E COM ESCURECIMENTO LENTO DE GRÃOS

RESUMO

O objetivo deste trabalho foi estimar os parâmetros genéticos de linhagens obtidas de diferentes populações segregantes de feijoeiro-comum e selecionar àquelas que associem tamanho comercial e escurecimento lento dos grãos, arquitetura de plantas ereta e alta produtividade. As linhagens foram oriundas de quatro populações segregantes derivadas do cruzamento entre a cultivar de escurecimento lento dos grãos BRSMG Madrepérola e os genitores BRS Estilo, BRS Cometa, BRS Notável e CNFC 10429, de escurecimento normal. Foram instalados três experimentos, com 220 linhagens, sendo 55 de cada população e os cinco genitores, em delineamento experimental látice 15x15, com parcelas de duas linhas de três metros. Os experimentos foram realizados na safra de inverno/2012, sendo um em Santo Antônio de Goiás e outros dois em Brasília. Os caracteres avaliados foram arquitetura de plantas, produtividade, escurecimento e massa de 100 grãos. Foram estimados os componentes de variância e os parâmetros genéticos e fenotípicos, como herdabilidade e variância genética, para cada caráter, em cada ambiente e na análise conjunta dos ambientes. Utilizou-se o índice multiplicativo “Livre de Pesos e Livre de Parâmetros” para seleção de linhagens. Detectou-se a presença da interação de linhagens com ambientes para produtividade de grãos, escurecimento, massa de cem grãos e arquitetura de plantas. As estimativas de herdabilidade, variância genética e ganho esperado com a seleção são elevadas, indicando boa possibilidade de sucesso com a seleção para escurecimento lento dos grãos. Para escurecimento, os valores de herdabilidade variaram de 85,4 a 93,9 e de -56,9 a -38,6% para o ganho de seleção, entre os ambientes. Para produtividade, arquitetura de plantas e tamanho comercial dos grãos, as estimativas de herdabilidade e variância genética são elevadas, no entanto, não evidenciam altos ganhos com a seleção simultânea para esses caracteres. Os ganhos com a seleção simultânea para produtividade variaram de 0,5 a 4,5%, para arquitetura de plantas de -1,6 a 5,3% e de -3,5 a 0,9% para massa de cem grãos, para as diferentes populações. Entretanto, foram selecionadas 44 linhagens que reuniram boa produtividade, arquitetura de plantas mais ereta e grãos com escurecimento lento e padrão comercial. As quatro populações possibilitaram a obtenção de linhagens com escurecimento lento dos grãos, sendo BRSMG Madrepérola x BRS Estilo e BRSMG Madrepérola x BRS Cometa as que forneceram maior número de linhagens que associaram o escurecimento lento com arquitetura ereta, alta produtividade e tamanho comercial de grãos. Foram selecionadas 12 e 13 linhagens em cada população respectivamente, considerando os diferentes ambientes.

Palavras-chave: populações segregantes, arquitetura de plantas, produtividade, tamanho comercial dos grãos, escurecimento lento dos grãos.

ABSTRACT

ESTIMATION OF GENETIC AND PHENOTYPIC PARAMETERS AND SELECTION FOR HIGH-YIELDING, UPRIGHT COMMON BEAN LINES WITH SLOW GRAIN DARKENING

The purpose of this study was to estimate genetic parameters of lines derived from different segregating common bean populations and select lines with commercial size and slow grain darkening, upright plant architecture and high yield. The lines were derived from four segregating populations resulting from a cross between the cultivar BRSMG Madrepérola with slow grain darkening and the parents BRS Estilo, BRS Cometa, BRS Notável and CNFC 10429, with a regular grain darkening. Three experiments were installed, with 220 lines (55 per population) and 5 parents in a 15x15 triple lattice design, with plots of two 3-m rows. The experiments were conducted in the winter growing season 2012, one in Santo Antônio de Goiás and two in Brasília. The traits plant architecture, yield, grain darkening, and 100-grain weight were assessed. The variance components as well as genetic and phenotypic parameters, such as heritability and genetic variance, were estimated for each trait in each environment and in the combined analysis of environments. The multiplicative "weight-free and parameter-free" index was used for line selection. The existence of interaction of lines with environments for grain yield, grain darkening, 100-grain weight, and plant architecture was detected. The estimates of heritability, genetic variance and expected gain with selection were high, indicating good chances for successful selection for slow grain darkening. For grain darkening, the heritability values ranged from 85.4 to 93.9 and -56.9 -38.6% for selection gain, between environments. For yield, plant architecture and commercial grain size, the estimates of heritability and genetic variance were high, although no gains with simultaneous selection are indicated. Gains with simultaneous selection for yield ranged from 0.5 to 4.5%, for plant architecture from -1.6 to 5.3%, and for 100-grain weight -3.5 to 0.9%, for the different populations. However, we selected 44 lines that combined good yield and a more upright plant architecture, and grains with slow darkening and commercial standard size. The four populations made it possible to obtain lines with slow grain darkening, and most lines that combined slow darkening with upright growth, high yield, and commercial grain size were derived from BRSMG Madrepérola x BRS Estilo and BRSMG Madrepérola x BRS Cometa. Twelve and 13 lines per population, respectively, were selected in the two environments.

Key-words: segregating populations, plant architecture, yield, commercial grain size, slow grain darkening.

3.1 INTRODUÇÃO

O feijão é amplamente cultivado e consumido no Brasil, com produtividade média de 1394 Kg/ha, na safra 2011/2012 (Silva & Wander, 2013). O país é um dos maiores produtores e consumidores mundiais de feijão, reflexo da grande importância da cultura no país. O grupo comercial carioca é o preferido entre os consumidores, ocupando cerca de 70% do mercado consumidor (Del Peloso & Melo, 2005). Esse grão constitui-se a princi-

pal fonte de proteína vegetal de consumo direto e de alta expressão socioeconômica, sendo o consumo alimentar médio de feijão per capita brasileiro estimado em 14,9 kg/hab/ano (IBGE, 2012).

Por ser um produto de elevado consumo no país, surge a necessidade de armazená-lo a fim de contrabalançar a oferta e a demanda e propiciar aos produtores flexibilidade do momento de venda. Sua comercialização baseia-se em características visuais dos grãos, que devem apresentar-se com fundo creme claro e estrias marrons. Qualquer alteração neste padrão, dentre eles o escurecimento precoce do tegumento, provoca rejeição das cultivares pelos consumidores.

Em decorrência do armazenamento, ocorrem alterações químicas que modificam a coloração do tegumento do grão rapidamente, ocasionando escurecimento, que é associado ao aumento do tempo de cocção e, conseqüentemente, depreciação do valor econômico (Junk-Knievel et al., 2008). Fatores genéticos e ambientais são sabidamente responsáveis pela mudança na coloração do tegumento dos grãos (Junk-Knievel et al., 2008; Silva et al., 2008; Elsadr et al., 2011; Araújo et al., 2012; Silva et al., 2014). Sabe-se que o caráter escurecimento dos grãos tem controle genético (Silva et al., 2008; Junk-Knievel et al., 2008; Silva et al., 2014), e, portanto, as combinações entre genitores contrastantes podem gerar populações segregantes com variabilidade genética para seleção.

Entre as linhagens que apresentam escurecimento lento dos grãos, existe a cultivar BRSMG Madrepérola (Carneiro et al., 2012) do grupo carioca. Entretanto, essa cultivar associa porte de planta prostrado, o que é indesejável, pois são altas as perdas durante a colheita mecanizada, além de reduzir a qualidade de grãos. A possibilidade de seleção para arquitetura de plantas em feijão tem sido reportada na literatura (Teixeira et al., 1999; Mendes et al., 2009) e Silva et al. (2009) concluíram ser possível selecionar plantas de porte ereto e produtivas, mesmo sendo a correlação entre elas negativa e baixa magnitude.

Neste sentido, os programas de melhoramento direcionam seus esforços na obtenção de populações segregantes promissoras visando à seleção de plantas que associem, além de produtividade, caracteres que atendam às exigências do mercado consumidor. Pensando nisto, para o sucesso do programa de melhoramento é fundamental a presença de variabilidade genética nas populações segregantes. Nestas condições, as obtenções das estimativas de parâmetros genéticos e fenotípicos permitem aos melhoristas anteverem as possibilidades de sucesso no programa de melhoramento e na tomada de decisões (Ramalho et al., 1993).

O enfoque do melhoramento para a cultura do feijoeiro-comum é a disponibilização de cultivares com menor vulnerabilidade ao escurecimento durante armazenamento, produtivas e com arquitetura ereta, a fim de tornar a cadeia produtiva da cultura mais competitiva e dinâmica. Diante do exposto, o objetivo deste trabalho foi estimar parâmetros genéticos utilizando linhagens obtidas de quatro populações segregantes de feijoeiro-comum e selecionar àquelas que associem escurecimento lento dos grãos, arquitetura de plantas ereta e alta produtividade.

3.2 MATERIAL E MÉTODOS

As populações segregantes utilizadas neste trabalho para obtenção de linhagens foram previamente obtidas por Silva (2012), a partir de cruzamentos em esquema de dialelo parcial entre linhagens de feijoeiro-comum com grão tipo carioca, visando à obtenção de populações com potencial para seleção para produtividade de grãos, arquitetura de plantas e escurecimento lento dos grãos. Para compor seu trabalho a autora utilizou dois grupos de genitores, grupo I – dois genótipos que apresentam escurecimento lento dos grãos – BRS MG Madrepérola (Carneiro et al., 2012) e BRS Requite (Faria et al., 2004), e grupo II – dez genótipos elite com escurecimento normal dos grãos – BRS Estilo, Pérola, BRS Cometa, BRS Pontal, BRSMG Majestoso, IAC Alvorada, IPR Saracura, IPR Siriri, CNFC 10429 e BRS Notável.

A partir dos resultados obtidos pela referida autora foram selecionadas quatro populações segregantes, considerando-se o escurecimento lento de grãos, arquitetura ereta de plantas e alta produtividade: BRSMG Madrepérola x BRS Estilo, BRSMG Madrepérola x BRS Cometa, BRSMG Madrepérola x BRS Notável e BRSMG Madrepérola x CNFC 10429. Essas populações foram obtidas a partir de um genitor com escurecimento lento dos grãos e arquitetura prostrada, a cultivar BRSMG Madrepérola (Carneiro et al., 2012) e de quatro genitores com escurecimento normal dos grãos e arquitetura ereta, as cultivares BRS Estilo (Melo et al., 2010), BRS Cometa (Faria et al., 2008), BRS Notável (Pereira et al., 2012) e a linhagem CNFC 10429.

As quatro populações foram semeadas em Santo Antônio de Goiás, safra das águas/2011 na geração F₅, para multiplicação e obtenção de progênies (linhagens), sendo colhidas aleatoriamente 100 plantas de cada população, que originaram as linhagens F_{5.6}. Após a colheita foram selecionadas aleatoriamente 55 linhagens de cada população, para

posterior avaliação. Com essas linhagens foram instalados três experimentos, com as 220 linhagens e os cinco genitores, em delineamento experimental látice 15x15, com parcelas de duas linhas de três metros e três ou duas repetições. Um ensaio foi realizado em Santo Antônio de Goiás, na fazenda Capivara, da Embrapa Arroz e Feijão, e os outros dois em Brasília, na fazenda Sucupira, da Embrapa Transferência de Tecnologia/Brasília, com datas distintas de semeadura, na safra de inverno/2012, totalizando três experimentos, com uso de irrigação suplementar. A adubação de base foi realizada de acordo com a recomendação de análise de solo, propiciando condições ideais de desenvolvimento para a cultura. Os demais tratamentos culturais seguiram as recomendações comuns para cultura do feijoeiro-comum, com exceção ao controle de doenças, o qual não foi realizado.

Os caracteres avaliados foram arquitetura de plantas, produtividade, escurecimento e massa de 100 grãos. A arquitetura de plantas foi avaliada por meio de uma escala de notas variando de 1 a 9, proposta por Melo (2009).

A produtividade de grãos foi obtida em gramas/parcela, colhendo-se todas as plantas das duas linhas, com posterior conversão em $\text{kg}\cdot\text{ha}^{-1}$. De cada parcela foi coletada uma amostra de grãos ao acaso, para avaliação do seu escurecimento. Os grãos foram armazenados em sacos plásticos transparentes, em condições de temperatura e umidade ambientes e avaliados quanto ao escurecimento dos grãos, 90 dias após a colheita. Foi adotada a escala de notas proposta por Silva (2007) (Figura 2.1), apresentada no capítulo 2.

3.3 ANÁLISES ESTATÍSTICAS

3.3.1 Análises de variância individuais

Inicialmente, os dados de cada caráter foram submetidos a análises de variância individuais, considerando o efeito de tratamentos aleatório e adotando-se o seguinte modelo:

$$Y_{ijp} = \mu + t_i + b_{j(p)} + r_p + e_{ijp}$$

em que:

Y_{ijp} : é a observação na unidade experimental que recebeu o tratamento i , no bloco j ;

μ : é a média geral;

- t_i : é o efeito do tratamento i ;
 $b_{j(p)}$: é o efeito do bloco j , dentro da repetição p ;
 r_p : é o efeito da repetição p ; e
 e_{ijp} : é o erro na unidade experimental observada.

A partir das esperanças dos quadrados médios (Tabela 3.1) foram estimados os componentes de variância e os parâmetros genéticos e fenotípicos para cada caráter, conforme Vencovsky & Barriga (1992):

Tabela 3.1. Resumo das análises de variância individuais e esperanças dos quadrados médios.

F.V	GL	QM	E(QM)
Blocos	$r - 1$	Q_1	-
Tratamentos	$t - 1$	Q_{2l}	$\sigma_E^2 + r\sigma_{G_l}^2$
Linhagens	$(t - 1) - g$	Q_{2pl}	$\sigma_E^2 + r\sigma_{G_{0l}}^2$
Linhagens da População 1	$t_1 - 1$	Q_{2pl}	$\sigma_E^2 + r\sigma_{G_{1l}}^2$
Linhagens da População 2	$t_2 - 1$	Q_{2pl}	$\sigma_E^2 + r\sigma_{G_{2l}}^2$
Linhagens da População 3	$t_3 - 1$	Q_{2pl}	$\sigma_E^2 + r\sigma_{G_{3l}}^2$
Linhagens da População 4	$t_4 - 1$	Q_{2pl}	$\sigma_E^2 + r\sigma_{G_{4l}}^2$
Tipos de Pop.	$np - 1$	Q_{2pl}	-
Genitores	$g - 1$	Q_{2gl}	$\sigma_E^2 + r\sigma_{G_{gl}}^2$
Linhagens vs. Genitores	1	Q_3	-
Erro	$(t - 1)(r - 1)$	Q_{4l}	$\sigma_{E_l}^2$

r : número de repetições; g_p : número de genitores da população p ; t_p : número de linhagens na população p ; $\sigma_{E_l}^2$: variância do erro no ambiente l ; $\sigma_{G_{pl}}^2$: variância genética entre linhagens da população p , no ambiente l ; np : número de populações.

a) Variância fenotípica ao nível de média entre as linhagens das quatro populações em conjunto ($p=0$), entre linhagens da população 1 ($p=1$), entre linhagens da população 2 ($p=2$), entre linhagens da população 3 ($p=3$) e entre linhagens da população 4 ($p=4$), no ambiente l :

$$\hat{\sigma}_{F_{pl}}^2 = \frac{Q_{2pl}}{r_l}$$

b) Variância genética entre todas as linhagens ($p=0$), entre linhagens da população 1 ($p=1$), entre linhagens da população 2 ($p=2$), entre linhagens da população 3 ($p=3$) e entre linhagens da população 4 ($p=4$), no ambiente l :

$$\hat{\sigma}_{G_{pl}}^2 = \frac{Q_{2pl} - Q_{4l}}{r_l}$$

c) Herdabilidade no sentido amplo, com base na média das linhagens de todas as populações (p=0), entre linhagens da população 1 (p=1), entre linhagens da população 2 (p=2), entre linhagens da população 3 (p=3) e entre linhagens da população 4 (p=4), no ambiente l :

$$\hat{h}_{apl}^2 = \frac{\hat{\sigma}_{G_{pl}}^2}{\hat{\sigma}_{F_{pl}}^2} \times 100$$

Foram estimados os intervalos de confiança para herdabilidade, por meio das expressões desenvolvidas por Knapp et al. (1985).

$$\text{Limite inferior (LI)} = \left\{ 1 - \frac{1}{\frac{Q_{2pl}}{Q_{4l}} F_{1-\frac{\alpha}{2}; GL_{Q_{2pl}}; GL_{Q_{4l}}}} \right\}$$

$$\text{Limite superior (LS)} = \left\{ 1 - \frac{1}{\frac{Q_{2pl}}{Q_{4l}} F_{\frac{\alpha}{2}; GL_{Q_{2pl}}; GL_{Q_{4l}}}} \right\}$$

em que:

F: quantil superior a $(1-\alpha/2)$ e $\alpha/2$ da distribuição F;

Q_{2pl} e Q_{4l} : já definidos anteriormente;

$GL_{Q_{2pl}}$ e $GL_{Q_{4l}}$: graus de liberdade de Q_{2pl} e Q_{4l} , respectivamente.

d) Acurácia seletiva (AS) – conforme proposto por Resende & Duarte (2007), que leva em consideração os valores do teste F da análise de variância para tratamentos. As interpretações dos valores obtidos de AS obedeceram aos limites de classe propostos por Cargnelutti Filho & Storck (2009), sendo: muito alta

($AS \geq 0,9$), alta ($\geq 0,7$ e $< 0,9$), moderada ($AS \geq 0,5$ e $< 0,7$) e baixa ($AS < 0,5$). A AS foi calculada utilizando-se a seguinte expressão:

$$\hat{r}_{gg} = \left(1 - \frac{1}{F}\right)^{\frac{1}{2}}$$

em que:

\hat{r}_{gg} : estimativa de acurácia seletiva;

F: de Snedecor, é o valor da razão de variâncias para os efeitos de tratamentos, associada à análise de variância.

e) Ganho esperado com a seleção (GS) das melhores linhagens para cada caráter e ambiente, considerando-se intensidade de seleção de 20%, conforme Rammalho et al. (1993):

$$GS_{pl} = ds_{pl} \times \hat{h}_{pl}^2$$

em que:

GS_{pl} : ganho esperado com a seleção, na população p , no ambiente l ;

ds_{pl} : diferencial de seleção, ou seja, a diferença entre a média das linhagens selecionadas e a média geral das linhagens, na população p , no ambiente l ;

\hat{h}_{pl}^2 : herdabilidade do caráter, na população p , no ambiente l .

3.3.2 Análises de variância conjuntas

Para realizar as análises de variância conjuntas foi verificada a homogeneidade das variâncias residuais, considerando o quociente entre o maior e menor quadrado médio residual menor do que sete (Pimentel-Gomes & Garcia, 2002). Utilizou-se o modelo relatado em Viana (1993):

$$Y_{il(j)(p)} = \mu + t_i + (r/a)_{j(p)} + (b/r/a)_{l(j)(p)} + a_p + (ta)_{ip} + e_{il(j)(p)},$$

em que:

$Y_{il(j)(p)}$ é o valor observado do tratamento i , no bloco incompleto l , da repetição j , no ambiente p ;

μ é a média de todas as observações (de cada caráter);

t_i é o efeito aleatório do tratamento i ;

$(r/a)_{j(p)}$ é o efeito da repetição j dentro do ambiente p ;

$(b/r/a)_{l(j)(p)}$ é o efeito do bloco incompleto l dentro da repetição j do ambiente p ;

a_p é o efeito do ambiente p ;

$(ta)_{ip}$ é o efeito da interação entre o tratamento i e o ambiente p ; e

$e_{il(j)(p)}$ é o efeito do erro aleatório associado a observação.

Foi realizado o desdobramento dos graus de liberdade de tratamentos e da interação de genótipos com ambientes nas fontes devidas às populações em estudo e as determinadas esperanças matemáticas dos quadrados médios do modelo (Tabela 3.2).

Foram estimados componentes de variância e parâmetros genéticos e fenotípicos, a partir das esperanças matemáticas:

a) Variância fenotípica entre as linhagens de todas as populações ($p=0$), entre as linhagens da população 1 ($p=1$), entre as linhagens da população 2 ($p=2$), entre as linhagens da população 3 ($p=3$) e entre as linhagens da população 4 ($p=4$):

$$\sigma_{F_p}^2 = \frac{Q_{7p}}{rl}$$

b) Variância da interação entre linhagens de todas as populações x ambientes ($p=0$), entre as linhagens da população 1 x ambientes ($p=1$), entre as linhagens da população 2 x ambientes ($p=2$), entre as linhagens da população 3 x ambientes ($p=3$) e entre as linhagens da população 4 x ambientes ($p=4$):

$$\sigma_{G_{pl}}^2 = \frac{Q_{8p} - Q_9}{r}$$

sendo r a média harmônica do número de repetições dos ensaios com dimensões diferentes.

Tabela 3.2. Esquema de análise conjunta de variância com efeitos aleatórios de genótipos e fixos de locais.

Fonte de variação	GL	QM	E(QM)
Bloco/Ambiente (B/L)	$l(r-1)$	Q ₅	-
Ambiente (L)	$l-1$	Q ₆	-
Tratamentos (T)	$t-1$	Q ₇	$\sigma_E^2 + r l \sigma_{G_0}^2$
Linhagens (T ₀)	$(t-1) - g$	Q ₇₀	$\sigma_E^2 + r l \sigma_{G_0}^2$
Linhagens da População 1 (T ₁)	$t_1 - 1$	Q ₇₁	$\sigma_E^2 + r l \sigma_{G_1}^2$
Linhagens da População 2 (T ₂)	$t_2 - 1$	Q ₇₂	$\sigma_E^2 + r l \sigma_{G_2}^2$
Linhagens da População 3 (T ₃)	$t_3 - 1$	Q ₇₃	$\sigma_E^2 + r l \sigma_{G_3}^2$
Linhagens da População 4 (T ₄)	$t_4 - 1$	Q ₇₄	$\sigma_E^2 + r l \sigma_{G_4}^2$
Entre Populações	$np - 1$	Q ₇₅	-
Genitores (G)	$g - 1$	Q ₇₆	$\sigma_E^2 + r l \sigma_{G_6}^2$
T ₀ vs. G	1	-	-
T x L	$(t-1)(l-1)$	Q ₈	$\sigma_E^2 + r \frac{l}{l-1} + \sigma_{GxL}^2$
T ₀ x ambientes (T ₀ x L)	$[(t-1) - g](l-1)$	Q ₈₀	$\sigma_E^2 + r \frac{l}{l-1} + \sigma_{GxL_0}^2$
T ₁ x L	$(t_1 - 1)(l-1)$	Q ₈₁	$\sigma_E^2 + r \frac{l}{l-1} + \sigma_{GxL_1}^2$
T ₂ x L	$(t_2 - 1)(l-1)$	Q ₈₂	$\sigma_E^2 + r \frac{l}{l-1} + \sigma_{GxL_2}^2$
T ₃ x L	$(t_3 - 1)(l-1)$	Q ₈₃	$\sigma_E^2 + r \frac{l}{l-1} + \sigma_{GxL_3}^2$
T ₄ x L	$(t_4 - 1)(l-1)$	Q ₈₄	$\sigma_E^2 + r \frac{l}{l-1} + \sigma_{GxL_4}^2$
Contraste	*	Q ₈₅	-
G x L	$(g-1)(l-1)$	Q ₈₆	$\sigma_E^2 + r \frac{l}{l-1} + \sigma_{GxL_6}^2$
Pop:T x L	**	Q ₈₇	-
Erro médio	$l(r-1)(t-1)$	Q ₉	σ_E^2

Fonte: Vencovsky & Barriga, (1992); r : número de repetições; $\sigma_{E_l}^2$: variância do erro no ambiente l ; $\sigma_{G_{pl}}^2$: variância genética entre linhagens da população p , no ambiente l ; np : número de populações. * $GL_{\text{Contraste}} = GL_{(T_0 \times L)} - GL_{(T_1 \times L)} - GL_{(T_2 \times L)} - GL_{(T_3 \times L)} - GL_{(T_4 \times L)}$; ** $GL_{\text{Pop:T x L}} = GL_{(T \times L)} - GL_{(T_0 \times L)} - GL_{(G \times L)}$.

c) Variância genética sem a presença da interação, com base na média de covariância dos caracteres considerando os ambientes par a par, de todas as populações x ambientes ($p=0$), entre as linhagens da população 1 x ambientes ($p=1$), entre as linhagens da população 2 x ambientes ($p=2$), entre as linhagens da população 3 x ambientes ($p=3$) e entre as linhagens da população 4 x ambientes ($p=4$):

$$COV = \frac{\sum x_s x_{s'}}{n-1} = \hat{\sigma}_{G_p}^2$$

em que:

x_s e $x_{s'}$: média das linhagens da população p , nos ambientes l ;

n : número de famílias

d) Herdabilidade - com base nas estimativas de variância genética e fenotípica das populações foram obtidas as estimativas de herdabilidade para produtividade, arquitetura de plantas, escurecimento de grãos e massa de cem grãos, de todas as populações ($p=0$), entre as linhagens da população 1 ($p=1$), entre as linhagens da população 2 ($p=2$), entre as linhagens da população 3 ($p=3$) e entre as linhagens da população 4 ($p=4$):

$$\hat{h}_p^2 = \frac{\hat{\sigma}_{G_p}^2}{\hat{\sigma}_{F_p}^2} \times 100$$

e) Ganhos esperados com a seleção direta, conforme expressão apresentada anteriormente. A intensidade de seleção foi de 20%, ou seja, foram selecionadas as 44 melhores linhagens. A partir daí, foram identificadas as linhagens com melhor desempenho para cada caráter e de qual população elas se originaram.

Também foi realizada a seleção simultânea de linhagens considerando-se os caracteres produtividade e escurecimento, utilizando-se o Índice multiplicativo “Livre de Pesos e Livre de Parâmetros” (Elston, 1963). A escolha do índice reside no fato de serem pré-estabelecidos valores mínimos (ou máximos) para os caracteres objeto de seleção, especialmente para escurecimento, que é o caráter de maior importância deste estudo. Para produtividade, o valor mínimo estabelecido foi a média para cada ambiente e para escurecimento de grãos, a nota mínima de 2,5. As linhagens que obedeceram aos limites propostos foram pré-selecionadas e, posteriormente dentre elas, selecionou-se as que apresentassem o melhor desempenho para arquitetura e massa de cem grãos. A seleção foi praticada para cada ambiente e para a média dos ambientes.

Foi adotada esta estratégia de seleção, pois uma limitação atribuída ao uso do índice de seleção “Livre de pesos e Livre de parâmetros” relatada na literatura é a redução da intensidade de seleção a ser praticada, pela diminuição do número de linhagens selecio-

nadas, em razão de serem estabelecidos valores mínimos e máximos para cada caráter (Santos & Araújo, 2001; Jost et al., 2012).

Adicionalmente foram estimados os coeficientes de correlação fenotípica e genotípica para as médias da análise conjunta dos ambientes, entre os caracteres produtividade, escurecimento, massa de cem grãos e arquitetura. As correlações fenotípicas e genotípica foram estimadas utilizando-se as expressões descritas em Ramalho et al. (2012):

As análises foram realizadas com a utilização dos aplicativos de análise estatística Genes (Cruz, 2007) e SAS[®] (SAS Institute Inc., 2000).

3.4 RESULTADOS E DISCUSSÃO

Os resumos das análises de variância por experimento (ambiente) são apresentados nos apêndices A, B e C. Houve diferenças significativas ($P < 0,01$) entre os tratamentos avaliados para todos os ambientes e variáveis em estudo. Assim, evidenciou-se a possibilidade de seleção de linhagens promissoras e da decomposição do efeito de tratamentos nas diversas populações, a fim de identificar as populações que forneceram linhagens com potencial para produtividade, escurecimento, arquitetura e massa de cem grãos.

A precisão experimental, avaliada com base nas estimativas de acurácia seletiva (AS) foi considerada nos limites de classe alta a muito alta, com valores variando de 0,72 a 0,96. Essa estimativa propicia maior confiança sobre o correto ordenamento das linhagens para seleção e sobre a eficácia da inferência acerca do valor genotípico, conforme relatado por Resende (2002). A boa precisão experimental foi confirmada pelos valores de coeficiente de variação, que variaram de 3,9% a 21,2%, para massa de cem grãos em Brasília – 1º plantio e para produtividade em Brasília – 2º plantio, respectivamente.

A produtividade média nos ensaios foi de 3.582 kg ha⁻¹, superior a média nacional na safra 2011/2012, que foi de 1.394 kg ha⁻¹ (Silva & Wander, 2013). Comparando-se as produtividades nos três ambientes, em Santo Antônio de Goiás a média foi superior, em virtude das melhores condições climáticas e de cultivo.

Verificaram-se diferenças significativas ($P < 0,01$) entre as linhagens de todas as populações, para a produtividade de grãos. Para escurecimento de grãos e massa de 100 grãos foram obtidas diferenças significativas ($P < 0,01$) entre as linhagens das quatro populações nos três ambientes, evidenciando a existência de variabilidade. Para arquitetura de plantas, apenas entre as linhagens da população BRSMG Madrepérola x BRS Notável, em

Santo Antônio de Goiás, não se observou variabilidade. Esses resultados confirmam a possibilidade de seleção de linhagens promissoras para os caracteres estudados.

Considerando os genitores, foram obtidas diferenças significativas apenas para escurecimento de grãos, nos três ambientes e para arquitetura de plantas em Brasília – 2º plantio (Apêndices A, B e C). Para arquitetura de plantas esperavam-se diferenças significativas entre genitores em todos os ambientes, devido às diferenças de porte de plantas entre a cultivar BRSMG Madrepérola e demais genitores (Faria et al., 2008; Melo et al., 2010; Pereira et al., 2012; Carneiro et al., 2012). Provavelmente isso pode ser explicado pela acentuada influência do ambiente nesse caráter. O melhoramento objetiva a produção de cultivares com arquitetura de plantas ereta, que favorece a tolerância ao acamamento, que por sua vez permite redução de perdas durante colheita mecânica e evita que as vagens fiquem em contato com solo (Pereira et al., 2012).

Para escurecimento esperavam-se diferenças significativas entre os genitores, pois sabidamente a cultivar BRSMG Madrepérola apresenta escurecimento lento dos grãos (Silva et al., 2008; Carneiro et al., 2012). Essa diferença foi confirmada. Mas, assim como a arquitetura de plantas, escurecimento de grãos apresenta interação com ambientes (Ribeiro et al., 2004; Junk-Knievel et al., 2007; Silva et al., 2014), o que leva o comportamento diferencial das linhagens quando submetidas a diferentes ambientes.

Diferenças significativas foram obtidas entre populações para os quatro caracteres em todos os ambientes ($P < 0,01$) (Apêndices A, B e C). Esses resultados indicam que existe variabilidade entre e dentro destas populações para todos os caracteres estudados, podendo-se aproveitá-la em qualquer população. Para isso é importante complementar estas análises individuais com estudo de parâmetros genéticos, interação genótipo x ambiente e seleção simultânea.

Pelos resultados das análises de variância conjuntas (Tabela 3.3) e considerando-se a fonte de variação genitores, não houve diferenças significativas para produtividade ($P < 0,05$), confirmado pelo teste de média, no qual os genitores formaram apenas um grupo (Tabela 3.4). Para escurecimento de grãos, a BRSMG Madrepérola diferiu das demais, apresentando grãos mais claros. BRS Estilo e CNFC 10429 apresentaram comportamento intermediário e BRS Cometa e BRS Notável, grãos mais escuros, na média dos ambientes. Isso está de acordo com o esperado, pois a cultivar BRSMG Madrepérola foi identificada como fonte de escurecimento lento dos grãos (Carneiro et al., 2012) e foi agrupada isoladamente nos três ambientes, com as melhores médias para o caráter (Tabela 3.4).

Para arquitetura de plantas, a cultivar BRSMG Madrepérola apesar de apresentar porte de plantas tipo prostrado, ficou agrupada com as cultivares BRS Estilo e BRS Cometa, e a linhagem CNFC 10429, no ambiente de Brasília – 2º plantio. Isso provavelmente pode ser explicado porque o caráter sofre acentuada influência do ambiente na sua expressão (Teixeira, et al., 1999). Para o mesmo ambiente, a cultivar BRS Notável apresentou a menor média para arquitetura de plantas. Na média dos ambientes, a BRSMG Madrepérola apresentou a pior média, concordando com a classificação de porte prostrado. Os demais genitores destacaram-se pelo porte ereto. Para massa de 100 grãos, BRSMG Madrepérola, BRS Estilo e CNFC 10429 apresentaram as maiores médias, diferindo das demais apenas na média dos três ambientes. Collicchio et al. (1997) relataram não haver associação entre porte de plantas e massa de cem grãos, ou seja, qualquer seleção visando um caráter não implica em resposta linear no outro, sendo possível selecionar plantas eretas com tamanhos variados de sementes.

Os genitores utilizados neste trabalho foram escolhidos visando a obtenção de populações com média alta e variabilidade para produtividade, arquitetura, massa de cem grãos e escurecimento de grãos, que são alvo da seleção. O sucesso de um programa de melhoramento depende da eficiência de seus genitores. Sabe-se que o fato dos genitores apresentarem média alta não implica que o híbrido entre eles irá gerar uma população segregante com variabilidade suficiente para obter sucesso com a seleção.

No trabalho de Silva (2012), a linhagem CNFC 10429 destacou-se por contribuir para a obtenção de populações segregantes com escurecimento lento dos grãos e boas produtividades. BRSMG Madrepérola foi utilizada em razão da coloração dos seus grãos manter-se clara após armazenagem e BRS Cometa, BRS Notável e BRS Estilo, por também serem cultivares elite, oriundas do programa de melhoramento da Embrapa Arroz e Feijão.

Foi observada diferença significativa entre os tratamentos e entre as linhagens de cada população, para produtividade, escurecimento de grãos, arquitetura de plantas e massa de 100 grãos, confirmando os resultados das análises individuais. A interação tratamentos x ambientes, seus desdobramentos entre as linhagens das populações x ambientes foram significativas para produtividade, massa de cem grãos e escurecimento de grãos (Tabela 3.3). Evidencia-se a não coincidência do comportamento das linhagens das populações nos ambientes testados. Tal resultado era esperado, em virtude das diferentes condições de cultivo a que os ensaios foram submetidos.

Tabela 3.3. Resumo das análises de variância conjuntas em três ambientes para produtividade de grãos (kg ha⁻¹), escurecimento de grãos (escala de notas 1-5), arquitetura de plantas (escala de notas 1-9) e massa de 100 grãos (g).

FV	GL	Produtividade		Escurecimento		Arquitetura		Massa de 100 grãos	
		QM	p-valor	QM	p-valor	QM	p-valor	QM	p-valor
Bloco/Ambiente (B/L)	5	2.131.367	0,0001	2,115	0,0000	0,721	0,0190	9,305	0,0000
Ambiente (L)	2	1.536.127.151	0,0000	4,371	0,1715	39,194	0,0000	1.746,527	0,0000
Tratamentos (T)	224	1.207.045	0,0000	6,363	0,0000	1,391	0,0000	26,957	0,0000
Linhagens das Pop(s) (T ₀)	219	1.210.638	0,0000	6,907	0,0000	1,348	0,0000	27,474	0,0000
Linhagens da Pop 1 (T ₁) ¹	54	1.036.365	0,0000	6,302	0,0000	1,833	0,0000	27,492	0,0000
Linhagens da Pop 2 (T ₂) ²	53	989.346	0,0000	5,908	0,0000	1,204	0,0000	39,646	0,0000
Linhagens da Pop 3 (T ₃) ³	54	1.013.218	0,0000	8,147	0,0000	1,227	0,0000	17,912	0,0000
Linhagens da Pop 4 (T ₄) ⁴	55	1.518.545	0,0000	7,947	0,0000	0,947	0,0000	22,165	0,0000
Entre Populações	3	6.165.648	0,0000	3,251	0,0000	4,735	0,0000	81,569	0,0000
Genitores (G)	4	559.429	0,2277	11,063	0,0000	1,091	0,0026	3,835	0,0497
T ₀ vs. G	1	3.010.685	0,0059	0,872	0,0729	11,932	0,0000	6,128	0,0515
T x L	448	658.982	0,0000	0,514	0,0000	0,367	0,0000	3,239	0,0000
T ₀ x L	438	664.816	0,0000	0,518	0,0000	0,361	0,0000	3,285	0,0000
T ₁ x L	108	553.712	0,0062	0,334	0,0599	0,382	0,0033	2,207	0,0097
T ₂ x L	106	645.662	0,0001	0,567	0,0000	0,341	0,0335	3,219	0,0000
T ₃ x L	108	711.853	0,0000	0,569	0,0000	0,312	0,1175	4,069	0,0000
T ₄ x L	110	705.902	0,0000	0,568	0,0000	0,285	0,2967	3,656	0,0000
Pop x L	6	1.403.171	0,0018	1,679	0,0000	3,712	0,0000	5,002	0,0051
G x L	8	453.019	0,5958	0,185	0,7054	0,535	0,0418	1,213	0,6453
Pop:T x L	2	205.215	0,5958	0,955	0,0297	1,046	0,0197	1,385	0,4238
Erro	1.120	396.091		0,271		0,266		1,612	
Total	1.799								
CV(%)		17,6		17,7		10,5		5,01	
Média		3582		2,95		4,91		25,3	
AS		0,82		0,98		0,90		0,97	

¹BRSMG Madrepérola x CNFC 10429; ²BRSMG Madrepérola x BRS Estilo; ³BRSMG Madrepérola x BRS Cometa; ⁴BRSMG Madrepérola x BRS Notável.

Tabela 3.4. Médias de produtividade, escurecimento de grãos, arquitetura de plantas e massa de 100 grãos para os genitores e populações, na safra de inverno de 2011, para Santo Antônio de Goiás (Sto.) e Brasília primeiro (Bra1) e segundo plantio (Bra2), e na análise conjunta dos três ambientes.

Genótipos	Produtividade (Kg/ha)				Escurecimento (nota 1-5)				Arquitetura (nota 1-9)				Massa de 100 grãos (g)			
	Sto.	Bra1	Bra2	Conj.	Sto.	Bra1	Bra2	Conj.	Sto.	Bra1	Bra2	Conj.	Sto.	Bra1	Bra2	Conj.
BRSMG Madrepérola	6.515 A	2.632 A	2.350 A	3.833 A	1,0 A	1,1 A	2,0 A	1,4 A	5,8 A	4,9 A	5,7 B	5,5 B	24,3 A	23,5 A	28,1 A	25,3 A
BRS Estilo	5.728 A	3.196 A	2.558 A	3.827 A	3,0 B	2,8 B	3,7 B	3,2 B	5,4 A	3,6 A	4,4 B	4,5 A	25,3 A	25,4 A	29,2 A	26,7 A
BRS Cometa	4.804 A	3.070 A	2.754 A	3.543 A	4,3 C	3,5 C	4,7 B	4,2 C	4,9 A	4,2 A	4,6 B	4,6 A	24,6 A	23,9 A	26,1 A	24,8 B
BRS Notável	5.456 A	2.679 A	2.719 A	3.618 A	4,3 C	4,2 D	4,3 B	4,3 C	4,5 A	4,8 A	3,8 A	4,4 A	23,9 A	22,8 A	27,9 A	24,9 B
CNFC 10429	5.630 A	2.337 A	2.419 A	3.462 A	3,0 B	2,7 B	3,3 B	3,0 B	5,4 A	4,1 A	4,2 B	4,6 A	25,2 A	24,4 A	27,9 A	25,8 A
Média dos genitores	5.626	2.783	2.560	3.657	3,1	2,9	3,6	3,2	5,2	4,3	4,5	4,7	24,6	24,0	27,8	25,5
Pop. 1 ¹	5.239 a	2.722 b	2.418 b	3.460 b	2,8 a	2,7 a	2,9 a	2,8 a	5,2 b	4,3 a	5,1 c	4,9 c	23,9 d	23,5 d	26,8 b	24,7 d
Pop. 2 ²	5.423 a	2.882 a	2.569 a	3.625 a	3,0 b	3,0 c	2,9 a	2,9 b	5,2 b	4,6 b	4,8 b	4,9 c	25,0 a	24,7 a	27,8 a	25,8 a
Pop. 3 ³	5.034 b	2.529 c	2.327 b	3.308 c	2,9 b	3,0 c	3,1 b	3,0 c	4,9 a	4,4 a	4,7 b	4,7 a	24,1 c	23,8 c	27,0 b	25,0 c
Pop. 4 ⁴	5.263 a	2.725 b	2.342 b	3.455 b	2,9 b	2,9 b	3,2 b	3,0 c	5,3 c	4,8 c	4,4 a	4,8 b	24,6 b	24,1 b	26,8 b	25,2 b
Média das populações	5.257	2.723	2.416	3.461	2,9	2,9	3,0	2,9	5,2	4,5	4,8	4,9	24,4	24,0	27,1	25,2

¹BRSMG Madrepérola x CNFC 10429; ²BRSMG Madrepérola x BRS Estilo; ³BRSMG Madrepérola x BRS Cometa; ⁴BRSMG Madrepérola x BRS Notável. Médias seguidas de mesma letra (maiúscula e minúscula) na vertical não diferem entre si pelo teste de agrupamento de médias de Scott & Knott a 5% de probabilidade.

A presença de interação de genótipos com ambientes tem sido constatada por vários autores para produtividade (Piana et al., 1999; Carbonell et al., 2004; Pereira et al., 2009; 2012; Pontes Júnior et al., 2012; Silva et al., 2013), para massa de 100 grãos (Pereira et al., 2012; Moura et al., 2013) e para escurecimento de grãos (Ribeiro et al., 2004; Junk-Knievel et al., 2007; Silva, 2012; Araújo et al., 2012; Siqueira et al., 2014). Para o caráter escurecimento de grãos, normalmente os estudos de interação de genótipos x ambiente utilizam genótipos que apresentam escurecimento normal. Diante disso, os resultados disponíveis não refletem o efeito dos ambientes em genótipos que apresentam escurecimento lento.

Para arquitetura de plantas, a interação ocorreu somente entre as linhagens das populações BRSMG Madrepérola x CNFC 10429 e BRSMG Madrepérola x BRS Estilo com ambientes. A presença desse tipo de interação tem sido relatada (Teixeira et al., 1999; Moreto et al., 2007; Moura et al., 2013). Para arquitetura de plantas foi observada a presença de interação de genitores com ambientes. Para os demais caracteres comportamento coincidente nos ambientes foi obtido pelos genitores, em razão da não significância da fonte de variação G x L.

A população BRSMG Madrepérola x BRS Estilo apresentou a maior média de produtividade de grãos e de massa de 100 grãos, diferindo das demais populações, na média dos três ambientes (Tabela 3.4). Esta população também se destacou com relação ao escurecimento lento de grãos, sendo inferior somente em relação a população BRSMG Madrepérola x CNFC 10429. Para arquitetura, apresentou a pior nota, juntamente com a população BRSMG Madrepérola x CNFC 10429. Considerando-se de maneira geral, dentre as quatro populações a BRSMG Madrepérola x CNFC 10429 foi a que apresentou o melhor desempenho para escurecimento de grãos. Como pode ser verificada no Apêndice D, a população em questão apresenta linhagens com excelente média para a seleção, tanto para arquitetura quanto para escurecimento de grãos, possibilitando maior chance de seleção de linhagens com melhores médias para todos os caracteres simultaneamente.

As médias das linhagens para produtividade de grãos, arquitetura e massa de 100 grãos, das populações em cada ambiente e na análise dos três ambientes foram inferiores à média dos genitores. Todavia, ao observar os limites superiores de variação para produtividade de grãos e massa de 100 grãos e, os limites inferiores para arquitetura, em cada população (Apêndice D), nota-se a existência de linhagens que superam a média dos genitores em todas as populações, em cada ambiente e na média dos ambientes.

A existência de variabilidade entre as linhagens das populações, detectada pelas análises de variância individuais, é confirmada pelas estimativas de variância genética e herdabilidade para os três ambientes separadamente (Apêndice E), indicando boa possibilidade de seleção de populações e linhagens superiores. De maneira geral, as estimativas de herdabilidade foram elevadas para todos os caracteres, evidenciando confiabilidade do valor fenotípico como guia para o valor genotípico. Para produtividade, os intervalos de herdabilidade variaram de 37,4% a 70,4%; para escurecimento de 85,4% a 93,9%; para arquitetura de 12,4% a 72,9%; e para massa de 100 grãos de 81,7% a 93,1% (Apêndice E).

Vale ressaltar que a herdabilidade obtida neste trabalho pode ser considerada no sentido restrito, uma vez que as estimativas foram obtidas a partir da avaliação de linhagens em estágio avançado de endogamia, assim a variação genética total é toda aditiva (Ramalho et al., 1993). Percebe-se que houve divergência entre os valores de herdabilidade em cada ambiente, fato que já era esperado, em virtude de a herdabilidade não ser imutável, e nem apenas uma propriedade do caráter, mas leva em consideração a população e as condições ambientais (Ramalho et al., 1993) a que foram submetidas as linhagens das populações. No entanto, os resultados podem ser considerados consistentes, pois se mantiveram altos para a maioria dos ambientes.

Estimativas de herdabilidade de elevada magnitude para escurecimento de grãos tem sido verificada por alguns autores, dentre os quais podem ser citados: Silva et al. (2014), com valores de herdabilidade de 74 a 82% em Santo Antônio de Goiás aos 155 dias de armazenados os grãos; Silva et al. (2008) obtiveram herdabilidade no sentido amplo de aproximadamente 90,6% para progênies na geração F_2 e de 91,1% na geração $F_{2:3}$; Araújo et al. (2012) obtiveram herdabilidade aos 90 dias após colheita de 87,03% na geração $F_{2:3}$. Estimativas de herdabilidade de menor magnitude para produtividade foram obtidas por Menezes Júnior et al. (2008), equivalente a 49% no primeiro ciclo de seleção recorrente. Mendes et al. (2013) conseguiram valores que variaram de 28 a 52%.

Pereira et al. (2008) encontraram valores de herdabilidade que variaram de 37 a 74% para produtividade. Jost et al. (2014) obtiveram valores de 70,18 e 72,79% para os métodos de condução de população segregante de *pedigree* e *SSD* (*single seed descent* – descendente de uma única semente) e herdabilidade de 48,88 e 59,72% para arquitetura de plantas, respectivamente. Silva et al. (2009) determinaram herdabilidade no sentido restrito de 0,17 a 38,06% para produtividade e de 10,00 a 66,57% para arquitetura de plantas. Perante as estimativas apresentadas, conclui-se que as estimativas obtidas neste trabalho estão

de acordo com as herdabilidades reportadas na literatura para produtividade e arquitetura de plantas em feijoeiro-comum.

Para massa de cem grãos, estimativas de herdabilidade de menor magnitude têm sido verificadas por vários autores. Coelho et al. (2002) obtiveram estimativa de herdabilidade de 19 e 33% na geração F_2 , em duas épocas de cultivo; Gonçalves-Vidigal et al. (2008) avaliaram populações segregantes de feijoeiro-comum na geração F_3 e encontraram herdabilidade no sentido amplo de 64,2%; Balcha (2014) obteve herdabilidade de 90% para o cultivo isolado de feijoeiro-comum e de 91% para o cultivo consorciado.

Os maiores intervalos de confiança foram obtidos para produtividade de grãos e arquitetura de plantas. Escurecimento e massa de cem grãos apresentaram os menores intervalos, refletindo em menor erro associado a estimativa (Ramalho et al., 2012), consequentemente maior confiabilidade na estimativa obtida.

A existência de variabilidade genética nas populações foi comprovada pela elevada magnitude das variâncias genéticas, que é uma das premissas para o sucesso de um programa de melhoramento (Cruz & Carneiro, 2006). Constatou-se que houve alternância entre as populações que apresentaram maiores valores de variância genética entre os três ambientes para produtividade. Para escurecimento, arquitetura e massa de cem grãos, as populações BRSMG Madrepérola x BRS Cometa, BRSMG Madrepérola x CNFC 10429 e BRSMG Madrepérola x BRS Estilo mantiveram-se, respectivamente em todos ambientes com os maiores valores de variância genética. Espera-se maior sucesso com a seleção em populações com elevados valores de variância genética, uma vez que os ganhos com a seleção dependem da estrutura genética da população e dos efeitos gênicos dos alelos que controlam o caráter sob seleção (Cruz & Carneiro, 2006).

Estimativas de variância genética e herdabilidade foram calculadas sem a presença da interação, com base na média de covariância dos caracteres para os ambientes par a par (Tabela 3.5). Houve diferenças entre as estimativas de herdabilidade obtidas para as diferentes populações e para os caracteres. Para produtividade de grãos foram obtidas herdabilidade de média a baixa magnitude, em função da produção de grãos e seus componentes primários serem poligênicos e, portanto, muito influenciados pelo ambiente (Ramalho et al., 1993), havendo participação da variância ambiental. Normalmente, um caráter com herança quantitativa revela baixo valor de herdabilidade (Coimbra et al., 1999). A população BRSMG Madrepérola x BRS Notável apresentou a maior herdabilidade (61,7%). Pe-

reira (2006) obteve estimativas de herdabilidade que variaram de 42,2 a 72,1% para as populações segregantes feijoeiro-comum avaliadas.

Tabela 3.5. Estimativas de variância genética (σ_G^2), variância fenotípica (σ_F^2), variância da interação população x ambientes ($\sigma_{G_{pl}}^2$) e herdabilidade (h^2), relativas à produtividade de grãos, escurecimento, arquitetura de plantas e massa de cem grãos, para a análise conjunta.

Genótipos	σ_g^2	σ_f^2	h^2	$\sigma_{G_{pl}}^2$	σ_g^2	σ_f^2	h^2	$\sigma_{G_{pl}}^2$
	Produtividade				Escurecimento			
Populações	81.122	156.935	51,7	104.562	0,778	0,895	86,9	0,096
Pop 1 ¹	68.350	134.344	50,9	61.333	0,650	0,817	79,6	0,025
Pop 2 ²	62.732	128.249	48,9	97.109	0,674	0,766	88,0	0,115
Pop 3 ³	30.753	131.343	23,4	122.864	0,904	1,056	85,6	0,116
Pop 4 ⁴	121.443	196.848	61,7	120.549	0,911	1,030	88,4	0,116
	Arquitetura				Massa de 100 grãos			
Populações	0,128	0,175	72,9	0,037	3,448	3,561	96,8	0,651
Pop 1 ¹	0,168	0,238	70,8	0,045	3,385	3,564	95,0	0,232
Pop 2 ²	0,139	0,156	88,9	0,029	5,049	5,139	98,2	0,625
Pop 3 ³	0,119	0,159	74,9	0,018	1,978	2,322	85,2	0,956
Pop 4 ⁴	0,091	0,123	74,1	0,007	2,672	2,873	93,0	0,795

σ_g^2 e h^2 calculados com base na média das estimativas de covariância entre pares de ambientes para cada caráter, sem a presença da interação. ¹BRSMG Madrepérola x CNFC 10429; ²BRSMG Madrepérola x BRS Estilo; ³BRSMG Madrepérola x BRS Cometa; ⁴BRSMG Madrepérola x BRS Notável.

Ramalho et al. (2012) relatam não ser possível afirmar sobre a magnitude das herdabilidades obtidas em feijoeiro-comum, e sim inferir que há muito a se fazer em termos de melhor precisão experimental, para se conseguir incremento nas estimativas de herdabilidade. Para a análise conjunta dos dados, a precisão experimental, avaliada com base nos valores de acurácia seletiva, foi classificada como alta para produtividade, e muito alta para escurecimento, arquitetura (Tabela 3.3). Sendo assim, a herdabilidade obtida tem alto grau de confiabilidade, propiciando maior confiança sobre o correto ordenamento das linhagens para seleção e sobre a eficácia da inferência acerca do valor genotípico (Resende, 2002).

A herdabilidade estimada para escurecimento de grãos, arquitetura de plantas e massa de cem grãos apresentou valores de elevada magnitude. Para esses dois últimos, a maior herdabilidade foi obtida pela população BRSMG Madrepérola x BRS Estilo, com 88,9 e 98,2%, respectivamente. Para escurecimento de grãos a maior herdabilidade foi de 88,4%, para a população BRSMG Madrepérola x BRS Notável (Tabela 3.5). De modo geral, as populações mostram-se promissoras para originar linhagens potenciais, uma vez

que as estimativas de herdabilidade inferem sobre o potencial para a seleção da população em estudo (Vencovsky & Barriga, 1992).

Quanto à massa de cem grãos a população BRSMG Madrepérola x BRS Estilo associou, além dos maiores valores de variância genética para os três ambientes isoladamente e na média, a maior média entre as populações, sendo a população promissora na geração de linhagens para a seleção de massa de cem grãos. A população BRSMG Madrepérola x CNFC 10429 manteve-se também, com o maior valor de variância genética para arquitetura de plantas. Para escurecimento, as populações BRSMG Madrepérola x BRS Cometa e BRSMG Madrepérola x BRS Notável apresentaram as maiores estimativas de variabilidade genética. Para produtividade de grãos a população BRSMG Madrepérola x BRS Notável apresentou estimativa de variância genética no mínimo duas vezes maior que as demais populações (Tabela 3.5).

De posse de populações segregantes com variabilidade deve-se avançar para a fase de seleção, visando a extração de linhagens com potencial para serem indicadas como novas cultivares. A cultivar a ser lançada deve superar com vantagens as pré-existentes. E isso só se torna possível, conforme Ramalho et al. (2012), se a nova cultivar reunir, simultaneamente, uma série de fenótipos favoráveis para caracteres de interesse. Para isso, surge a necessidade de os programas de melhoramento trabalharem com vários caracteres simultaneamente. Neste sentido, os índices de seleção podem ser empregados durante este processo, visando eficiência e ganhos genéticos otimizados para todos os caracteres, e que estes sejam mais expressivos para os caracteres de maior importância econômica.

Também foram estimados os ganhos com a seleção direta, considerando-se uma intensidade de seleção de 20%, em cada caráter e ambiente (Tabela 3.6). Para produtividade, os maiores ganhos com a seleção direta foram obtidos para a população derivada do cruzamento de BRSMG Madrepérola x BRS Notável, mais que o triplo da pior população, na média dos ambientes. Isto pode ser explicado pela maior estimativa de herdabilidade para essa população (Tabela 3.5), visto que o progresso esperado com a seleção é função da herdabilidade na geração em que as famílias foram avaliadas (Ramalho et al., 1993).

Nota-se que houve variação no número de linhagens das populações selecionadas em cada ambiente para produtividade, em função da presença da interação de genótipos com ambientes. As populações BRSMG Madrepérola x BRS Estilo e BRSMG Madrepérola x BRS Notável foram as mais promissoras, com maior média para o caráter, e as

populações em que foram selecionados o maior número de linhagens, considerando-se as análises individuais e conjunta. Na média dos ambientes, as populações citadas anteriormente selecionaram juntas 33 linhagens, sendo 17 linhagens da população BRSMG Madrepérola x BRS Estilo e 16 linhagens da população BRSMG Madrepérola x BRS Notável.

Para massa de cem grãos a população BRSMG Madrepérola x BRS Estilo apresentou-se como promissora, em razão dos elevados valores de variância genética. Nessa população foram extraídas 16 linhagens, com ganho de seleção de 12,5% ao considerar a média dos ambientes. A população apresentou ainda, maior média para o caráter.

Os ganhos com a seleção para escurecimento não sofreram grande variação entre as populações, pois todas as populações mostraram-se promissoras. BRSMG Madrepérola x BRS Estilo obteve a maior estimativa de herdabilidade em todos os ambientes, com ganho de seleção estimado em -42,6%, considerando a análise conjunta dos ambientes. Os ganhos estimados para escurecimento e arquitetura apresentaram-se como negativos, pois, o objetivo é diminuição da média para ambos os caracteres, enquanto que, para produtividade e massa de 100 grãos, o desejável é aumento da média.

Para arquitetura de plantas, os maiores ganhos foram observados para as populações BRSMG Madrepérola x CNFC 10429 e BRSMG Madrepérola x BRS Estilo, com -10,2 e -12,5%, respectivamente, considerando a média dos ambientes. Foram selecionadas 15 linhagens da população BRSMG Madrepérola x CNFC 10429 e 12 linhagens para a população BRSMG Madrepérola x BRS Estilo.

A seleção proposta pelo índice multiplicativo “Livre de Pesos e Livre de Parâmetros” mostrou ganhos positivos para produtividade e negativos para escurecimento de grãos (Tabela 3.7), de acordo com o esperado. A estratégia adotada para a seleção de massa de cem grãos e arquitetura de plantas não revelou ganhos satisfatórios para esses caracteres. Foram obtidos ganhos negativos para massa de cem grãos e positivos para arquitetura de plantas, sendo que a situação ideal seria o oposto ao resultado descrito. Porém, ressalta-se que dentre as linhagens selecionadas pelo índice verifica-se a presença de linhagens potencialmente promissoras para os caracteres em conjunto (Apêndice F).

Para o ambiente de Santo Antônio de Goiás, a população BRSMG Madrepérola x BRS Cometa foi considerada a mais promissora, pois foram extraídas 13 linhagens. O mesmo número de linhagens selecionadas para a média dos ambientes. Em Brasília – 1º plantio, o maior número de linhagens selecionadas foi da população BRSMG Madrepérola x BRS Notável, totalizando 12 linhagens. Destaque para a população BRSMG Madrepérola

la x BRS Estilo que originou 14 linhagens promissoras para o ambiente de Brasília – 2º plantio. Nota-se que a presença da interação de genótipos com ambientes influenciou o processo de seleção de linhagens, uma vez que as linhagens selecionadas para cada ambiente não foram necessariamente as mesmas. Fica reforçada a ideia de que a interação presente é do tipo complexa, pois alterou os genótipos selecionados de acordo com o ambiente.

Os maiores ganhos com a seleção simultânea foram obtidos no ambiente de Brasília – 1º plantio para produtividade, enquanto que para escurecimento de grãos, no ambiente de Santo Antônio de Goiás (Tabela 3.7). Esse ambiente destacou-se, pois além de ter acumulado os maiores ganhos com a seleção simultânea, também revelou ser ideal para a seleção direta sobre caráter, no qual foram obtidos os maiores ganhos. O ambiente de Santo Antônio merece destaque, ainda, por ser a base do programa de melhoramento de feijoeiro-comum da Embrapa, sendo muito importante que a seleção para escurecimento lento dos grãos neste ambiente propicie resultados satisfatórios.

Considerando a seleção simultânea praticada sobre a média dos três ambientes, a população BRSMG Madrepérola x BRS Cometa gerou 13 linhagens dentre as selecionadas, com ganhos de seleção negativos de 31,6%, para escurecimento de grãos, referindo-se a decréscimo na média do caráter. Para arquitetura, massa de cem grãos e produtividade os ganhos estimados foram positivos, porém de baixa magnitude (Tabela 3.7).

Para a população BRSMG Madrepérola x BRS Estilo foram selecionadas 12 linhagens, que apresentaram ganhos positivos para produtividade e arquitetura de plantas, de 0,8 e 5,3%, respectivamente. Para massa de cem grãos e escurecimento os ganhos foram negativos, de 3,5 e 40,0%, respectivamente. Esta população apresentou ainda a maior média e estimativa de variância genética para massa de cem grãos, no entanto não refletiu em ganhos positivos com a seleção para a média dos três ambientes.

Na população BRSMG Madrepérola x CNFC 10429 foram extraídas 10 linhagens, e os ganhos obtidos foram positivos para produtividade e arquitetura de plantas, de 1,9 e 3,0%, respectivamente, e negativos para massa de cem grãos e escurecimento, 1,8 e 33,4%, respectivamente. Na população BRSMG Madrepérola x BRS Notável apenas 9 linhagens foram selecionadas, sendo obtido o maior ganho com a seleção para produtividade, de 4,5%, reflexo do maior valor de variância genética dentre as populações avaliadas para esse caráter. Para os demais caracteres os ganhos estimados foram negativos, sendo de 1,6; 1,7 e 36,0% para arquitetura, massa de cem grãos e escurecimento, respectivamente.

Tabela 3.6. Média das 44 linhagens selecionadas, ganho esperado com a seleção (GS (%)) dessas linhagens e número de linhagens entre as 44 melhores (NL (+)) pertencente à respectiva população, considerando-se cada ambiente e a análise conjunta, considerando a seleção para cada caráter individualmente.

Genótipos	STO			BRA1			BRA2			Conjunta*		
	Produtividade (Kg/ha)											
	Média	GS (%)	NL (44+)	Média	GS (%)	NL (44+)	Média	GS (%)	NL (44+)	Média	GS (%)	NL (44+)
Populações	6.084	8,2	44	4.138	34	44	2.989	14,0	44	4.119	9,8	44
Pop. 1 ¹	5.979	5,8	9	3.749	22,5	9	2.965	12,4	11	3.985	7,7	6
Pop. 2 ²	6.110	4,7	12	4.582	41,5	14	3.086	9,2	14	4.273	8,7	17
Pop. 3 ³	5.835	8,2	6	3.750	29,7	10	2.815	13,2	8	3.892	4,1	5
Pop. 4 ⁴	6.234	11,5	17	4.348	38,9	11	3.030	18,3	11	4.207	13,4	16
Arquitetura (Nota 1 a 9)												
Populações	4,5	-6,9	44	3,8	-11,7	44	3,9	-12,3	44	4,2	-9,8	44
Pop. 1	4,6	-8,0	14	3,5	-16,9	15	3,9	-11,3	19	4,1	-10,2	15
Pop. 2	4,7	-4,6	8	3,8	-11,5	15	3,9	-12,5	11	4,2	-12,5	12
Pop. 3	4,3	-7,3	16	4,1	-7,2	7	4,1	-9,9	9	4,3	-9,4	12
Pop. 4	4,6	-1,6	6	4,1	-6,8	7	4,2	-10,9	5	4,5	-7,6	5
Massa de 100 grãos (g)												
Populações	27	9,7	44	27,4	12,3	44	30,6	11,3	44	28,1	11,0	44
Pop. 1	26,7	10,6	7	26,5	10,8	6	30,0	9,8	10	27,5	10,5	10
Pop. 2	28,1	11,3	18	28,3	13,2	22	31,8	12,9	16	29,1	12,5	16
Pop. 3	26,3	7,3	10	26,2	9,0	7	29,8	8,6	9	27,3	7,8	7
Pop. 4	26,8	8,4	9	27,3	11,2	9	30,4	11,2	9	27,7	9,4	11
Escurecimento (Notas 1 a 5)												
Populações	1,3	-52,8	44	1,5	-41,1	44	1,5	-45,3	44	1,5	-41,2	44
Pop. 1	1,3	-47,5	12	1,4	-42,0	11	1,3	-47,5	12	1,4	-38,9	13
Pop. 2	1,2	-54,4	13	1,6	-41,7	10	1,4	-43,0	11	1,5	-42,6	9
Pop. 3	1,4	-49,7	10	1,6	-39,2	11	1,7	-41,0	12	1,7	-37,6	12
Pop. 4	1,2	-56,7	9	1,6	-38,6	12	1,5	-47,2	9	1,6	-42,0	10

*A h² utilizada para estimação do ganho com a seleção foi a herdabilidade calculada com base na média das estimativas de covariância entre pares de ambientes.¹BRSMG Madrepérola x CNFC 10429; ²BRSMG Madrepérola x BRS Estilo; ³BRSMG Madrepérola x BRS Cometa; ⁴BRSMG Madrepérola x BRS Notável. Valores positivos e negativos referem-se ao acréscimo e decréscimo, respectivamente, na média do caráter.

Tabela 3.7. Ganho esperado com a seleção (GS (%)), média das linhagens selecionadas e número de linhagens selecionadas (NL (+)) de cada população para produtividade, arquitetura, massa de cem grãos e escurecimento, com base na análise de cada ambiente e na análise conjunta dos ambientes, baseado no índice de seleção multiplicativo “Livre de Pesos e Livre de Parâmetros”.

Genótipos	STO			BRA1			BRA2			Conjunta		
	Produtividade											
	Média	GS (%)	NL (44+)	Média	GS (%)	NL (44+)	Média	GS (%)	NL (44+)	Média	GS (%)	NL (44+)
Populações	5458	2,1	44	3175	10,9	44	2593	4,4	44	3578	1,7	44
Pop, 1 ¹	5478	1,9	9	3089	8,0	11	2666	5,6	12	3591	1,9	10
Pop, 2 ²	5357	-0,5	11	3475	14,5	11	2672	1,8	14	3682	0,8	12
Pop, 3 ³	5392	3,6	13	3035	11,5	10	2397	1,7	7	3381	0,5	13
Pop, 4 ⁴	5618	3,8	11	3096	8,7	12	2587	6,8	11	3706	4,5	9
	Arquitetura											
Populações	5,3	1,2	-	4,9	2,3	-	5,0	4,0	-	5,0	1,5	-
Pop, 1	5,5	3,5	-	4,8	2,7	-	4,8	4,0	-	5,0	3,0	-
Pop, 2	5,4	2,2	-	5,1	4,5	-	5,1	5,5	-	5,2	5,3	-
Pop, 3	5,0	1,2	-	4,9	0,6	-	5,2	4,2	-	4,9	0,2	-
Pop, 4	5,3	0,0	-	4,9	1,1	-	5,1	2,9	-	4,9	-1,6	-
	Massa de cem grãos											
Populações	23,9	-2,0	-	23,1	-3,4	-	25,9	-3,9	-	24,8	-1,4	-
Pop, 1	23,8	-0,5	-	21,9	-6,2	-	26,1	-2,4	-	24,3	-1,8	-
Pop, 2	23,8	-4,5	-	23,6	-4,0	-	26,0	-5,8	-	24,9	-3,5	-
Pop, 3	23,9	-0,8	-	24,2	1,3	-	26,3	-2,1	-	25,2	0,9	-
Pop, 4	24,0	-2,1	-	22,9	-4,5	-	24,9	-6,1	-	24,7	-1,7	-
	Escurecimento											
Populações	1,4	-47,0	-	1,8	-33,5	-	1,7	-37,5	-	1,7	-35,9	-
Pop, 1	1,5	-42,8	-	1,7	-32,1	-	1,7	-37,4	-	1,6	-33,4	-
Pop, 2	1,4	-49,7	-	1,8	-37,2	-	1,7	-35,0	-	1,6	-40,0	-
Pop, 3	1,5	-46,0	-	2,0	-28,7	-	1,8	-36,2	-	1,9	-31,6	-
Pop, 4	1,4	-49,0	-	1,8	-34,5	-	1,8	-39,7	-	1,7	-36,8	-

¹BRSMG Madrepérola x CNFC 10429; ²BRSMG Madrepérola x BRS Estilo; ³BRSMG Madrepérola x BRS Cometa; ⁴BRSMG Madrepérola x BRS Notável. Valores positivos e negativos referem-se ao acréscimo e decréscimo, respectivamente, na média do caráter.

A seleção direta revelou os maiores ganhos individuais para os caracteres, mas sem efeito prático, uma vez que as linhagens devem apresentar desempenho favorável para vários caracteres. Para isso, o emprego do índice de seleção mostrou-se eficiente, uma vez que possibilitou ganhos com a seleção para os caracteres produtividade e escurecimento. Farias (2005) cita o índice “Livre de Pesos e Livre de Parâmetros” como adequado às etapas finais dos programas de desenvolvimento de cultivares. Contudo, a adoção de diferentes índices de seleção representa diferentes alternativas de seleção (Cruz & Carneiro, 2006). Portanto, o melhorista deve levar em consideração, na escolha, o índice que permite de maneira rápida e eficiente os ganhos desejados.

Outra estimativa que pode auxiliar e complementar o trabalho de seleção do melhorista é o conhecimento das relações existentes entre os caracteres, por meio das estimativas de correlação fenotípica e genética (Tabela 3.8). A aplicação prática do estudo de associação é, segundo Ramalho et al. (1993), de permitir conhecer as mudanças que ocorrem em um determinado caráter em função da seleção praticada em outro caráter, correlacionado com ele. Ou ainda quando a seleção sobre um caráter apresenta dificuldades, em razão da sua baixa herdabilidade e/ou tenha problema de medição e identificação (Cruz et al., 2012).

Tabela 3.8. Coeficientes de correlação fenotípica e genética entre produtividade, arquitetura, massa de cem grãos e escurecimento, para a média dos ambientes.

Variáveis	Arquitetura		Massa de cem grãos		Escurecimento	
	$r_{F_{x,y}}$	$r_{G_{x,y}}$	$r_{F_{x,y}}$	$r_{G_{x,y}}$	$r_{F_{x,y}}$	$r_{G_{x,y}}$
Produtividade	-0,04 ^{ns}	-0,05	0,29 ^{**}	0,42	0,18 ^{**}	0,26
Arquitetura de plantas	-	-	-0,08 ^{ns}	-0,11	-0,32 ^{**}	-0,39
Massa de cem grãos	-	-	-	-	0,34 ^{**}	0,36

^{ns}Não significativo; * e **: significativa a 5 e 1%, respectivamente, pelo teste t.

As estimativas de correlação fenotípica e genética entre escurecimento de grãos e os demais caracteres, foram de baixa magnitude, apresentando relação diretamente proporcional com produtividade e massa de cem grãos e relação inversamente proporcional para arquitetura (Tabela 3.8). Estes resultados corroboram com os obtidos anteriormente, de que é possível a identificação de linhagens de grãos claros e de arquitetura ereta.

No caso da correlação entre produtividade e massa de 100 grãos, verificou-se que os valores foram significativos, contudo, baixos e positivos, sendo de 0,29 e 0,42, para correlação fenotípica e genotípica, respectivamente. A correlação genética é a mais impor-

tante, pois é a que interfere e participa da seleção, sendo causada por efeitos pleiotrópicos dos genes, ou então, por falta de equilíbrio de ligação (Vencovsky, 1987). Lana et al. (2003) também obtiveram valores baixos e positivos para os dados de correlação entre estes caracteres. Barili et al. (2011) obtiveram correlações significativas de 0,27 para o mesmo local de avaliação, porém em anos diferentes. Moura (2011) não obteve correlação significativa entre esses caracteres.

Não houve correlação entre produtividade e arquitetura, mais uma vez reforçando a possibilidade de sucesso na obtenção de linhagens produtivas e eretas. Moura (2011) também não identificou correlação entre produtividade e arquitetura de plantas. Mendes et al. (2009) constataram que é possível selecionar populações segregantes superiores, ao considerar simultaneamente produtividade e arquitetura. Para as demais correlações estudadas não houve detecção de qualquer associação entre caracteres.

3.5 CONCLUSÕES

- i As estimativas de herdabilidade, variância genética e ganho esperado com a seleção são elevadas para as quatro populações, indicando boa possibilidade de sucesso com a seleção para escurecimento lento dos grãos;
- ii Para produtividade, arquitetura de plantas e massa de cem grãos, as estimativas de herdabilidade e variância genética são elevadas, no entanto, não evidenciam altos ganhos com a seleção simultânea;
- iii As quatro populações possibilitaram a obtenção de linhagens com escurecimento lento dos grãos, sendo BRSMG Madrepérola x BRS Estilo e BRSMG Madrepérola x BRS Cometa as que forneceram maior número de linhagens que associaram o escurecimento lento com arquitetura ereta, alta produtividade e tamanho comercial de grãos;
- iv Foram selecionadas 44 linhagens que reuniram boa produtividade, arquitetura de plantas mais ereta, grãos com escurecimento lento e padrão comercial.

3.6 REFERÊNCIAS

ARAÚJO, L. C. A.; RAMALHO, M. A. P.; ABREU, A. F. B. Estimates of genetic parameters of late seed-coat darkening of carioca type dry beans. **Ciência e Agrotecnologia**, Lavras, v. 36, n. 2, p. 156-162, 2012.

BALCHA, A. Genetic variation for grain yield of common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) in sole and maize/bean intercropping systems. **Asian Journal of Crop Science**, New York, n. 6, v. 2, p. 158-164, 2014.

BARILI, L. D.; VALE, N. M.; MORAIS, P. P. P.; BALDISSERA, J. N. C.; ALMEIDA, C. B.; ROCHA, F.; VALENTINI, G.; BERTOLDO, J. G.; COIMBRA, J. L. M.; GUIDOLIN. Correlação fenotípica entre componentes do rendimento de grãos de feijão comum (*Phaseolus vulgaris* L.). **Semina: Ciências Agrárias**, v. 32, n. 4, p. 1363-1274, 2011.

CARBONELL, S. A. M.; AZEVEDO FILHO, J. A.; DIAS, L. A. S.; GARCIA, A. A. F. G.; MORAIS, L. K. Common bean cultivars and lines interactions with environments, **Scientia Agricola**, Piracicaba, v. 61, n. 2, p. 169-177, 2004.

CARGNELUTTI FILHO, A.; STORCK, LINDOLFO. Medidas do grau de precisão experimental em ensaios de competição de cultivares de milho. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 44, n. 2, p. 111-117, 2009.

CARNEIRO, J. E. S.; ABREU, A. F. B.; RAMALHO, M. A. P.; PAULA JÚNIOR, T. J.; DEL PELOSO, M. J.; MELO, L. C.; PEREIRA, H. S.; PEREIRA FILHO, I. A.; MARTINS, M.; VIEIRA, R. F.; MARTINS, F. A. D.; COELHO, M. A. O.; CARNEIRO, P. C. S.; MOREIRA, J. A. A.; SANTOS, J. B.; FARIA, L. C.; COSTA, J. G. C.; TEIXEIRA, H. BRSMG Madrepérola: common bean cultivar with late-darkening Carioca grain. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, Viçosa, v. 4, n. 12, p. 281-284, 2012.

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 dos seus componentes primários, nas épocas de cultivo da primavera-verão e do verão-outono. **Ciência Rural**, Santa Maria, v. 32, n. 2, p. 211-216, 2002.

COIMBRA, J. L. M.; GUIDOLIN, A. F.; CARVALHO, F. I. F.; COIMBRA, S. M. M.; HEMP, S. 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. 433-439, 1999.

COLLICCHIO, E. RAMALHO, M. A. P.; ABREU, A. F. B. Associação entre o porte da planta do feijoeiro e o tamanho dos grãos. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 32, n. 3, p. 297-304, 1997.

CRUZ, C. D. **Programa GENES**: aplicativo computacional em genética e estatística: versão 2007.0.0. Disponível em: <<http://www.ufv.br/dbg/genes/genes.htm>>. Acesso em: 22 out. 2011.

CRUZ, C. D.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. vol. 2. Viçosa: Editora UFV, 2006. 585 p.

DEL PELOSO, M.J.; MELO, L.C. **Potencial de rendimento da cultura do feijoeiro comum**. Santo Antônio de Goiás: Embrapa Arroz e Feijão, 2005. 131p.

ELSADR, H. T.; WRIGHT, L. C.; PAULS, K. P.; BET, K. B. Characterization of seed coat post harvested darkening in common bean (*Phaseolus vulgaris* L.). **Theoretical and Applied Genetics**, Berlin, v. 123, n. 8, p. 1467-1472, 2011.

ELSTON, R. C. A weight-free index for the purpose of ranking or selection with respect to several traits at a time. **Biometrics**, North Carolina, v. 19, p. 85-97, 1963.

FALCONER, D. S. **Introdução à genética quantitativa**. Viçosa: Imprensa Universitária da Universidade Federal de Viçosa, 1987. 279 p.

FARIA, L. C.; COSTA, J. G. C.; RAVA, C. A.; DEL PELOSO, M. J.; MELO, L. C.; CARNEIRO, G. E. S.; SOARES, D. M.; DÍAZ, ABREU, A. F. B.; FARIA, J. C.; SARTORATO, A.; SILVA, H. T.; BASSINELLO, P. Z.; ZIMMERMANN, F. J. P. 'BRS Requite': nem common bean Carioca cultivar with delayed grain darkness. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, Lavras, v. 4, n. 3, p. 366-368, 2004.

FARIA, L. C.; DEL PELOSO, M. J.; MELO, L. C.; COSTA, J. G. C.; RAVA, C. A.; DÍAZ, J. L. C.; FARIA, J. C.; SILVA, H. T.; SARTORATO, A.; BASSINELLO, P. C.; TROVO, B. F. BRS Cometa: a carioca common bean cultivar with erect growth habit. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, Viçosa, v. 2, n. 8, p. 167-169, 2008.

FARIAS, F. J. C. **Índice de seleção em cultivares de algodoeiro herbáceo**. 2005. 121 f. Tese (Doutorado em Agronomia: Genética e Melhoramento de Plantas) – Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz, Piracicaba, 2005.

GONÇALVES-VIDIGAL, M. C.; MORA, F.; BIGNOTTO, T. S.; MUNHOZ, R. E. F.; SOUZA, L. D. Heritability of quantitative traits in segregating common bean families using a Bayesian approach. **Euphytica**, Heidelberg, v. 164, n. 2, p. 551-560, 2008.

IBGE - **Instituto Brasileiro de Geografia e Estatística**. 2012. Disponível em: <http://www.ibge.gov.br/home>. Acesso em: 04 set. 2014.

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

JOST, E.; RIBEIRO, N. D.; ROSA, D. P.; POSSOBOM, M. T. D. F.; MAZIEIRO, S. M. Methods of selecting common bean lines having high yield, early cycle and erect growth. **Revista Ciência Agrônômica**, Fortaleza, v. 45, n. 1, p. 101-110, 2014.

JOST, E.; RIBEIRO, N. D.; MAZIEIRO, S. M.; POSSOBOM, M. T. D. F.; ROSA, D. P.; DOMINGUES, L. S. Comparison among direct, indirect and index selections on agronomic traits in common bean. **Journal Science Food Agriculture**, v. 93, n. 5, p. 1097-1104, 2012.

JUNK-KNIEVEL, D. C.; VANDENBERG, A.; BETT, K. An accelerated post-harvested seed coat darkening protocol for pinto beans grown across different environments. **Crop Science**, Madison, v. 47, n. 2, p. 694-702, 2007.

JUNK-KNIEVEL, VANDENBERG, A.; BETT, K. E. Slow darkening in pinto bean (*Phaseolus vulgaris* L.) seed coats is controlled by a single major gene. **Crop Science**, Madison, v. 48, n. 1, p. 189-193, 2008.

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 milho. **Ciência Rural**, Santa Maria, v. 33, n. 6, p. 1031-1037, 2003.

MELO, L. C. (Ed.). **Procedimentos para condução de ensaios de valor de cultivo e uso em feijoeiro-comum**. Santo Antônio de Goiás: Embrapa Arroz e Feijão, 2009. 104 p. (Série Documentos, 239).

MELO, L. C.; DEL PELOSO, M. J.; PEREIRA, H. S.; FARIA, L. C.; COSTA, J. G. C.; DÍAZ, J. L. C.; RAVA, C. A.; WENDLAND, A.; ABREU, A. F. B. BRS Estilo – Common bean cultivar with Carioca grain, upright growth and high yield potential. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, Viçosa, v. 10, n. 4, p. 377-379, 2010.

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

MENDES, M. H. S.; ABREU, A. F. B.; RAMALHO, M. A. P. Associação entre produtividade média de grãos e a herdabilidade em populações de feijoeiro oriundas do cruzamento entre linhagens elite. In: CONGRESSO BRASILEIRO DE MELHORAMENTO DE PLANTAS, 7. Variedade melhorada: a força da nossa agricultura, 7., 2013, Uberlândia. **Anais...** Uberlândia: UFLA, 2013. Disponível em: <www.sbmp.org.br/7congresso/anais>. Acesso em: 10 set. 2014.

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

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

MOURA, M. M. **Potencial de caracteres para avaliação da arquitetura de plantas de feijão**. 2011. 57 f. Dissertação (Genética e Melhoramento de Plantas) – Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, 2011.

MOURA, M. M.; CARNEIRO, P. C. S.; CARNEIRO, J. E. S.; CRUZ, C. D. Potencial de caracteres na avaliação da arquitetura de plantas de feijão. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 48, n. 4, p. 417-425, 2013.

PIANA, C. F. B.; ANTUNES, I. F.; SILVA, J. G. C.; SILVEIRA, E. P. Adaptabilidade e estabilidade do rendimento de grãos de genótipos de feijão. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 34, n.4, p. 553-564, 1999.

PEREIRA, H. S. **Seleção assistida por marcadores microsatélites para produtividade de grãos em feijoeiro**. 2006. 149 f. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) -Universidade Federal de Lavras, Lavras, 2006.

PEREIRA, H. S.; SANTOS, J. B.; SOUZA, T. P.; LIMA, I. A. Seleção fenotípica e assistida por marcadores moleculares de famílias de feijoeiro-comum com alta produtividade. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 43, n. 11, p. 1551-1558, 2008.

PEREIRA, H. S.; WENDLAND, A.; MELO, L. C.; DEL PELOSO, M. J.; FARIA, L. C.; COSTA, J. G. C.; NASCENTE, A. S.; DÍAZ, J. L. C.; CARVALHO, H. W. L.; ALMEIDA, V. M.; MELO, C. L. P.; COSTA, A. F.; POSSE, S. C. P.; SOUZA, J. F.; ABREU, A. F. B.; MAGALDI, M. C. S.; GUIMARÃES, C. M.; OLIVEIRA, J. P. BRS Notável: a medium-early-maturing, disease-resistant Carioca common bean cultivar with high yield potential. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, Viçosa, v. 12, n. 3, p. 220-223, 2012.

PEREIRA, H. S.; MELO, L. C.; FARIA, L. C.; WENDLAND, A.; DEL PELOSO, M. J.; COSTA, J. G. C.; NASCENTE, A. S.; DÍAS, J. L. C.; CARVALHO, H. W. L.; ALMEIDA, V. M.; MELO, C. L. P.; COSTA, A. F.; POSSE, S. C. P.; MAGALDI, M. C. S.; ABREU, A. F. B.; GUIMARÃES, C. M.; OLIVEIRA, J. P.; MOREIRA, J. AL.; MARTINS, M.; SOUZA FILHO, B. F. BRS Esteio – Common bean cultivar with black grain, high yield potential and moderate resistance to anthracnose. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, Viçosa, v. 13, n. 4, p. 373-376, 2013.

PEREIRA, H. S.; ALMEIDA, V. M.; MELO, L. C.; WENDLAND, A.; FARIA, L. C.; DEL PELOSO, M. J.; MAGALDI, M. C. S. Influência do ambiente em cultivares de feijoeiro-comum em cerrado com baixa altitude. **Bragantia**, Campinas, v. 71, n. 2, p. 165-172, 2012.

PEREIRA, H. S.; MELO, L. C.; FARIA, L. C.; DÍAZ, J. L. C.; DEL PELOSO, M. J.; COSTA, J. G. C.; WENDLAND, A. Stability and adaptability of carioca common bean genotypes in states of the central South Region of Brazil. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, Viçosa, v. 9, n. 2, p. 181-188, 2009.

PIMENTEL-GOMES, F.; GARCIA, C. H. **Estatística aplicada a experimentos agrônomicos e florestais**: exposição com exemplos e orientações para uso de aplicativos. v. 11. Piracicaba: FEALQ, 2002. 309 p.

PONTES JR, V. A.; MELO, L. C.; PEREIRA, H. S.; DEL PELOSO, M. J.; FARIA, L. C.; WENDLAND, A.; BRAZ, A. J. B. P.; FERREIRA, S. B. Productive potential and interaction of elite bean lines with environments in the Central Cerrado of Brazil. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, Viçosa, v. 12, n. 1, p. 8-16, 2012.

RAMALHO, M. A. P.; SANTOS, J. B.; ZIMMERMANN, M. J. O. **Genética quantitativa em plantas autógamas**. Goiânia: Editora da UFG, 1993. 271 p.

RAMALHO, M. A. P.; ABREU, A. F. B.; SANTOS, J. B.; NUNES, J. A. R. **Aplicações da genética quantitativa no melhoramento de plantas autógamas**. Lavras: Editora UFLA, 2012. 522 p.

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

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

RIBEIRO, N. D.; JOST, E.; CARGNELUTTI FILHO, A. Efeitos da interação genótipos x ambiente no ciclo e na coloração do tegumento dos grãos do feijoeiro-comum. **Bragantia**, Campinas, v. 63, n. 3, p. 373-380, 2004.

SANTOS, C. A. F.; ARAÚJO, F. P. Aplicação de índices para seleção de caracteres agronômicos em feijão-de-corda. **Ciência Agrônômica**, v. 32, p. 78-84, 2001.

SAS INSTITUTE INC. **SAS/STAT® Software Version 9.1**. Cary, NC: SAS Institute Inc., 2000.

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

SILVA, F. C. **Potencial genético de populações segregantes de feijoeiro-comum para escurecimento e cocção dos grãos**. 2012. 104 f. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas) -Escola de Agronomia, Universidade Federal de Goiás, Goiânia, 2012.

SILVA, F. C.; MELO, P. G. S.; PEREIRA, H. S.; MELO, L. C. Genetic control and estimation of genetic parameters for seed-coat darkening of carioca beans. **Genetics and Molecular Research**, Ribeirão Preto, v. 13, n. 3, p. 6486-6496, 2014.

SILVA, G. S. **Controle genético do escurecimento precoce de grãos de feijão tipo carioca**. 2007. 62 f. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas) -Escola de Agronomia, Universidade Federal de Lavras, Lavras, 2007.

SILVA, G. S.; RAMALHO, M. A. P.; ABREU, A. F. B.; SILVA, F. B. Genetic control of early grain darkening of carioca common bean. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, Viçosa, v. 8, n. 2, p. 299-304, 2008.

SILVA, O. F.; WANDER, A.E. **O feijão-comum no Brasil: passado, presente e futuro**. Santo Antônio de Goiás: Embrapa Arroz e Feijão, 2013. 63 p. - (Documentos / Embrapa Arroz e Feijão.

SILVA, A. C. F.; MELO, P. G. S.; MELO, L. C.; BASSINELLO, P. Z.; PEREIRA, H. S. Eficiência de métodos de melhoramento para teor de fibra e produtividade de grãos em progênies de feijoeiro-comum. **Bragantia**, Campinas, v. 72, n. 4, p. 326-331, 2013.

SIQUEIRA, B. S.; PEREIRA, W. J.; BATISTA, K.; OOMAH, B. D.; FERNANDES, K. F.; BASSINELLO, P. Z. Influence of storage on darkening and hardening of slow-and reg-

ular-darkening carioca bean (*Phaseolus vulgaris* L.) genotypes. **Journal of Agricultural Studies**, Las Vegas, v. 2, n. 2, p. 87-104, 2014.

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

VENCOSKY, R. Herança quantitativa. In: PATERNIANI, E.; VIEGAS, G. P. **Melhoramento e produção do milho**. 2. ed. Campinas: Fundação Cargill, 1987. v. 1, cap. 5, p. 137-214.

VENCOVSKY, R.; BARRIGA, P. **Genética biométrica no fitomelhoramento**. Ribeirão Preto: Revista Brasileira de Genética, 1992. 496 p.

VIANA, J. M. S. **Análises individual e conjunta intrablocos de experimentos em Látice Quadrado ("Square Lattice"), com aplicação no melhoramento genético**. 1993. 89 f. Monografia (Genética e Melhoramento) -Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, 1993.

4 MÉTODOS DE AVALIAÇÃO DO ESCURECIMENTO DE GRÃOS DE FEIJÃO E ASSOCIAÇÃO COM O TEMPO DE COCÇÃO APÓS O ARMAZENAMENTO

RESUMO

O objetivo deste trabalho foi verificar a existência de associação entre o escurecimento lento e o tempo de cocção dos grãos, após o armazenamento, em linhagens de feijoeiro-comum e avaliar dois métodos de indução do escurecimento dos grãos. As linhagens foram oriundas de quatro populações segregantes derivadas do cruzamento entre a cultivar de escurecimento lento dos grãos BRSMG Madrepérola e os genitores BRS Estilo, BRS Cometa, BRS Notável e CNFC 10429, de escurecimento normal. Foi instalado um experimento com 220 linhagens, sendo 55 de cada população e os cinco genitores em delineamento experimental látice 15x15, com parcelas de duas linhas de três metros. O experimento foi realizado na safra de inverno/2012, em Brasília. Os caracteres avaliados foram escurecimento e tempo de cocção dos grãos. Foram estimados os coeficientes de correlação fenotípica, genética e ambiental entre escurecimento de grãos e tempo de cocção aos 90 e aos 180 dias após colheita, para verificar a associação entre esses caracteres. Foi feita comparação entre os métodos de indução de escurecimento acelerado e prolongado. Os valores de correlação genética entre escurecimento e tempo de cocção variaram de -0,06 a -0,48, indicando que não existe correlação genética importante entre o escurecimento e o tempo de cocção dos grãos. Assim, grãos claros não são indicativos de baixo tempo de cocção, quando são considerados genótipos com variação genética para o escurecimento dos grãos. A correlação entre os métodos de indução de escurecimento dos grãos variou de 0,77 a 0,85, para as diferentes populações. A porcentagem de linhagens de grãos claros identificadas por ambos os métodos de indução ao escurecimento variou de 75,0 a 85,7% nas populações. Portanto, os métodos de indução de escurecimento dos grãos, acelerado e prolongado, permitem discriminar as linhagens que possuem escurecimento lento e normal e fornecem informações semelhantes, o que permite a utilização de qualquer um dos dois, dependendo da necessidade.

Palavras-chave: escurecimento lento dos grãos, tempo de cocção, escurecimento prolongado, escurecimento acelerado, correlação genética.

ABSTRACT

ASSESSMENT METHODS OF COMMON BEAN GRAIN DARKENING AND RELATION TO COOKING TIME AFTER STORAGE

The objectives of this study were to verify the association between slow grain darkening and cooking time, after storage in different common bean lines and to evaluate

two induction methods of grain darkening. The lines were derived from four segregating populations resulting from crosses between cultivar BRSMG Madrepérola with slow grain darkening and the parents BRS Estilo, BRS Cometa, BRS Notável, and CNFC 10429, with regular darkening. An experiment with 220 lines (55 per population) and 5 parents in a 15x15 triple lattice design, with plots of two 3-m rows, was installed. The experiment was conducted in the winter growing season 2012, in Brasília. The traits grain darkening and cooking time were evaluated. The phenotypic, genetic and environmental correlation coefficients between grain darkening and cooking time 90 and 180 days after harvest were estimated, to assess the association between darkening and cooking time after storage. A comparison was made between the induction methods of accelerated and slow grain darkening. The genetic correlation between grain darkening and cooking time varied from -0.06 to -0.48. There was no genetic correlation between grain darkening and cooking time of the beans, so light-colored grains do not indicate a short cooking time, among genotypes with genetic variation for grain darkening. The correlation between the induction methods of grain darkening varied from 0.77 to 0.85 for the different populations. The percentage of light-colored grain lines identified by both induction methods of grain darkening ranged from 75.0 to 85.7% in the populations. Therefore, the tested induction methods of accelerated and slow grain darkening allow the discrimination of lines with slow and regular darkening and provide similar information, which allows the use of either, as required.

Key words: slow grain darkening, cooking time, slow grain darkening, accelerated darkening, genetic correlation.

4.1 INTRODUÇÃO

O feijão-comum (*Phaseolus vulgaris* L.) é um dos mais importantes alimentos da dieta da população brasileira (Borém & Carneiro, 2011) e apresenta, em média, de 20 a 35% de proteína. Por essa razão, torna-se a principal fonte de proteínas para a população de baixa renda (Mesquita et al., 2007). Além da notória relevância na dieta do brasileiro, Ferreira et al. (2011) relatam que o feijão constitui-se um dos produtos agrícolas de maior importância econômica, abrangendo produtores tanto de alto como de baixo nível tecnológico.

Para serem comercializados, os grãos de feijão carioca devem apresentar coloração do fundo dos grãos de cor creme clara e rajas marrons. Qualquer alteração neste padrão, como o escurecimento dos grãos, leva a prejuízos na comercialização, pois os consumidores associam feijão com grãos escuros como mais velhos e, conseqüentemente, dificuldade para cozinhar (Sartori, 1996; Junk-Knievel et al., 2007; Couto et al., 2010). Estudos indicam que fatores ambientais, genéticos e bioquímicos são responsáveis pela mudança na coloração do tegumento dos grãos. Dentre os fatores ambientais estão as condições

no momento da colheita, como temperatura, umidade, luminosidade (Junk-Knievel et al., 2007) e o tempo e as condições de armazenamento (Couto et al., 2010).

As alterações bioquímicas provocam mudança na coloração do tegumento dos grãos, aumento do tempo de cocção e depreciação do valor econômico, especialmente em feijões carioca e *pinto*. Alguns estudos têm relatado que o escurecimento dos grãos está relacionado com altos teores de polifenóis (taninos) dos grãos (Junk-Knievel et al., 2007; Silva et al., 2008). Estes componentes são convertidos em pigmentos visíveis durante o processo de oxidação e desidratação dos grãos durante o armazenamento, sendo encontrados em maior concentração em genótipos de feijão com escurecimento normal dos grãos (Marles, et al., 2008).

A cultivar BRSMG Madrepérola, de grãos tipo carioca, foi identificada como de escurecimento lento (Carneiro et al., 2012), por manter a coloração creme dos grãos mesmo após longos períodos de armazenagem, em torno de seis meses (Silva et al., 2008). Na literatura são encontradas informações divergentes a respeito do controle genético para esse caráter, no entanto, demonstra-se a possibilidade de seleção de linhagens com escurecimento lento dos grãos (Silva et al., 2008; Junk-Knievel et al., 2008; Silva et al., 2014).

A seleção de novas cultivares deve agregar também reduzido tempo de cocção, pois a demanda dos consumidores é por grãos com rápido tempo de preparação, em razão do reduzido tempo disponível para cozinhar (Corte et al., 2003; Ribeiro et al., 2013). Assim como o escurecimento, o tempo de cocção também é influenciado por fatores ambientais na colheita e por fatores genéticos, havendo a presença de interação de genótipos com ambientes (Carbonell et al., 2003; Corte et al., 2003; Rodrigues et al., 2005; Ribeiro et al., 2007a; Bertoldo et al., 2009; Perina et al., 2014). A avaliação do tempo de cocção é um dos parâmetros requeridos pelo Ministério da Agricultura Pecuária e Abastecimento para registro de novas cultivares, determinado no cozedor de Mattson (Proctor & Watts, 1987).

Os programas de melhoramento têm focado na obtenção de cultivares com elevado potencial produtivo e resistência a pragas e doenças, no entanto, caracteres tecnológicos dos grãos, como tempo de cocção, igualmente relevância, pois genótipos com menor tempo de cocção dos grãos são preferidos pelos consumidores, em virtude da economia de energia e tempo na sua preparação (Corte et al., 2003).

Perina et al. (2014) avaliaram 25 genótipos dos principais programas de melhoramento do país, nos anos de 2009/2010/2011, no estado de São Paulo, para qualidade de grãos. Os autores identificaram genótipos que apresentaram melhor performance para tem-

po de cocção considerando as três épocas avaliadas, ressaltando a importância do genótipo para a expressão do caráter. Os autores ainda relatam a presença de interação de genótipos com ambientes, reforçando que o tempo de cocção varia em função das diferentes épocas de cultivo.

Corte et al. (2003) encontraram médias para tempo de cocção que variaram de 26 a 42 minutos e Perina et al. (2014) encontraram variação de 26 a 34 minutos. Silva (2012) encontrou média de cocção de 27,3 a 36,8 minutos para avaliações realizadas em Santo Antônio de Goiás-GO e de 48,4 a 80,0 minutos em Ponta Grossa-PR, para grãos armazenados durante 190 dias. Entre os 25 genótipos de feijoeiro-comum avaliados por Chiorato et al. (2015) para tempo de cocção, foram encontradas médias que variaram de 26,51 a 32,10 minutos, para avaliação realizada em três safras. Os autores reforçam que a variação encontrada é função de diferenças genéticas presentes nos genótipos, influência do ambiente e da interação de genótipos com ambientes. A partir dos relatos de presença de variabilidade genética evidencia-se a possibilidade de seleção de linhagens promissoras.

Arruda et al. (2012) avaliaram o desempenho de duas cultivares comerciais para tempo de cocção, após diferentes períodos e condições de armazenamento. Os autores concluíram que além do tempo de armazenamento, as condições de armazenamento exercem influência sobre o tempo de cocção. A melhor condição de armazenamento identificada pelos autores é acondicionar os grãos em sacos plásticos a baixa temperatura, pois foi a condição com menor incremento no tempo de cozimento. Morais et al. (2010) também concluíram que o armazenamento dos grãos a baixa temperatura, em condição de câmara fria, manteve constante o tempo de cocção durante o período avaliado. No entanto, o tipo de embalagem utilizada na condição de câmara fria não influenciou no tempo de cocção dos grãos.

Em razão do escurecimento dos grãos e do aumento do tempo de cocção com a armazenagem, o período de estocagem dos grãos de feijão é muito baixo, o que obriga o produtor a comercializar seu produto, independentemente dos preços pagos. Uma alternativa eficaz aos produtores seriam cultivares que mantivessem a coloração e reduzido tempo de cocção mesmo após estocagem, sem perda das qualidades nutricionais. Na cultura do feijoeiro-comum a associação entre caracteres agrônômicos e culinários, bem como a identificação de genótipos que aliem características de importância comercial é essencial no processo de seleção (Bertoldo et al., 2009).

Apesar de ser relatada a existência de linhagens com escurecimento lento dos grãos (Junk-Knievel et al. 2008; Silva et al. 2008; Elsadr et al. 2011), são raros os trabalhos que comprovem a associação com tempo de cocção. Há indícios na literatura de que o escurecimento dos grãos esteja diretamente relacionado com acréscimos no tempo de cocção. Entretanto, tais conclusões são baseadas em avaliações que relacionam o alto tempo de cocção após o armazenamento em linhagens que apresentam escurecimento normal, portanto, não incluindo genótipos com escurecimento lento. São frequentes os estudos que demonstram acréscimo para tempo de cocção após aumento no período de armazenamento (Brackmann et al., 2002; Baldoni & Santos, 2005; Ribeiro et al., 2007a, 2008; Morais et al., 2010). Porém, é preciso entender esta associação em linhagens com escurecimento lento dos grãos sobre a influência de um período maior de armazenamento.

A possibilidade de sucesso com a seleção de linhagens promissoras para escurecimento lento dos grãos leva à necessidade de técnicas eficazes na identificação desta característica. O teste de escurecimento acelerado, que emprega a luz ultravioleta, é uma técnica rápida e eficaz na seleção de linhagens com escurecimento lento dos grãos, tendo como principal vantagem a capacidade de diferenciação independentemente das condições ambientes que o feijão foi cultivado (Junk-Knievel et al., 2007). O armazenamento prolongado apresenta-se como uma técnica que permite o acompanhamento gradativo da mudança de cor dos grãos, bem como a diferenciação da intensidade presente entre os genótipos avaliados. Ambas técnicas apresentam vantagens e desvantagens e a escolha entre elas depende da necessidade do programa de melhoramento.

Diante do exposto, os objetivos deste trabalho foram verificar a existência de associação entre o escurecimento lento e o tempo de cocção dos grãos, após o armazenamento, em linhagens de feijoeiro-comum e avaliar dois métodos de indução do escurecimento dos grãos.

4.2 MATERIAL E MÉTODOS

4.2.1 Avaliação do escurecimento e do tempo de cocção dos grãos

As populações segregantes utilizadas foram obtidas visando linhagens com potencial para escurecimento lento de grãos e menor tempo de cocção. Foram utilizadas quatro populações segregantes, obtidas a partir do cruzamento de um genitor com escureci-

mento lento dos grãos, a cultivar BRSMG Madrepérola (Carneiro et al., 2012) com quatro genitores com escurecimento normal dos grãos, BRS Estilo (Melo et al., 2010), BRS Cometa (Faria et al., 2008), BRS Notável (Pereira et al., 2012) e a linhagem CNFC 10429 (capítulo 3).

De cada população foram selecionadas aleatoriamente 55 linhagens, que juntamente com os cinco genitores, foram avaliados em Brasília, na fazenda Sucupira, da Embrapa Transferência de Tecnologia/Brasília, na safra de inverno, em 2012. O delineamento utilizado foi um látice 15 x 15, com parcelas de duas linhas de três metros espaçadas de 0,45 m entre linhas. Este experimento é o mesmo citado no capítulo 1, denominado como Brasília – 1º plantio. Foi realizada irrigação suplementar e adubação de acordo com a análise de solo. Os demais tratos culturais seguiram as recomendações comuns para cultura do feijoeiro-comum, com exceção ao controle de doenças, o qual não foi realizado.

Os caracteres avaliados foram escurecimento e tempo de cocção de grãos coletados a partir de amostras em cada parcela. Para avaliação de escurecimento foram utilizadas todas as populações e genitores, e para tempo de cocção dos grãos, apenas as populações BRSMG Madrepérola x BRS Estilo e BRSMG Madrepérola x BRS Cometa, com seus respectivos genitores. A cultivar BRS Estilo apresenta o menor tempo médio para cocção (Melo et al., 2010) dentre as cultivares utilizadas como genitores, já a BRS Cometa apresenta o maior tempo médio de cocção (Faria et al., 2008). Os grãos pós-colhidos foram induzidos ao escurecimento, utilizando-se duas metodologias, a de escurecimento prolongado e a de escurecimento acelerado dos grãos.

Na metodologia de escurecimento prolongado, os grãos foram colocados em sacos plásticos transparentes e armazenados em condições de temperatura e umidade ambiente, durante 90 dias, em prateleiras dentro de um galpão, na Embrapa Arroz e Feijão, em Santo Antônio de Goiás. Para avaliação do escurecimento dos grãos foi adotada a escala de notas proposta por Silva (2007) (Figura 2.1, Capítulo 2). Foram consideradas de grãos claros as linhagens que apresentaram média menor a 2,5 da escala de notas.

Outra metodologia utilizada foi a proposta por Junk-Knievel et al. (2007), em que os grãos são expostos a luz ultravioleta, que representa um teste de escurecimento acelerado, simulando as condições de armazenamento prolongado (Junk-Knievel et al., 2007; Elsadr et al., 2011; Felicetti et al., 2012). Os grãos foram colocados em placas de petri e expostos sob a luz ultravioleta e fluorescente na câmara de luz por 72 horas. Como padrão de escurecimento lento foi utilizada a cultivar BRSMG Madrepérola. Os demais genitores,

que sabidamente são de escurecimento normal, BRS Estilo, BRS Cometa, BRS Notável e CNFC 10429 foram utilizados como padrões de escurecimento normal.

Os grãos que apresentaram mudança evidente na coloração do tegumento foram classificados como de escurecimento normal e os que não apresentaram mudança e/ou apresentaram leve mudança na coloração do tegumento, compatível com o padrão de escurecimento lento, foram classificados como tal. Não foram utilizadas repetições para essa avaliação. Foram atribuídas notas 1 para as linhagens que apresentaram escurecimento lento, e nota 2 para as que apresentaram escurecimento normal.

Para medição do tempo de cocção foram utilizados os grãos das amostras armazenadas para avaliação de escurecimento dos grãos. A cocção foi realizada em dois momentos, aos 90 (TC90) e 180 (TC180) dias após colheita. Após a retirada das amostras dos grãos para avaliação de cocção aos 90 dias após colheita, os sacos contendo os grãos foram novamente acondicionados em prateleiras no galpão, para posterior avaliação de tempo de cocção, aos 180 dias após colheita. As análises de cocção foram realizadas utilizando-se o Cozedor de Mattson, seguindo a metodologia de Proctor & Watts (1987).

Os grãos inteiros foram colocados em embebição em 100 ml de água destilada, por 16 horas a temperatura ambiente. Vinte e cinco grãos escolhidos ao acaso foram colocados no Cozedor de Mattson e, em seguida, em um béquer com 1.000 ml de água fervente. O cozedor é composto de 25 hastes, com cada grão individualizado em uma cavidade do aparelho, apoiado perpendicularmente, a uma haste de metal de 90 gramas e com 1,0 mm de diâmetro de ponta. Foi cronometrado o tempo, em minutos, até a queda da 13ª haste do cozedor. O tempo limite para a cocção das amostras foi estipulado em 60 minutos.

A cocção aos 90 dias após colheita foi escolhida por representar uma simulação do tempo médio decorrido entre a colheita dos grãos de feijão no campo e a disponibilização nas gôndolas dos supermercados, em uma situação na qual os produtores pudessem esperar o melhor momento para sua comercialização. A cocção aos 180 dias representa um longo período de armazenamento, assim, linhagens que permanecerem com tempo de cocção baixo nessa situação serão consideradas promissoras para o caráter.

4.2.2 Análises estatísticas

Inicialmente, os dados de escurecimento de grãos (armazenamento prolongado), TC90 e TC180 dias após colheita foram submetidos a análises de variância individuais, considerando o efeito de tratamentos aleatório, adotando-se o seguinte modelo:

$$Y_{ijp} = \mu + t_i + b_{j(p)} + r_p + e_{ijp}$$

em que:

Y_{ijp} : é a observação na unidade experimental que recebeu o tratamento i , no bloco j ;

μ : é a média geral;

t_i : é o efeito do tratamento i ;

$b_{j(p)}$: é o efeito do bloco j , dentro da repetição p ;

r_p : é o efeito da repetição p ; e

e_{ijp} : é o erro na unidade experimental observada.

Foi realizado o desdobramento dos graus de liberdade de tratamentos nas fontes devidas às populações em estudo (Tabela 4.1).

Tabela 4.1. Resumo da análise de variância individual e esperanças dos quadrados médios.

F.V	GL	QM	E(QM)
Blocos	$r - 1$	Q_1	-
Tratamentos	$t - 1$	Q_{2l}	$\sigma_E^2 + r\sigma_{G_l}^2$
Linhagens	$(t - 1) - g$	Q_{2pl}	$\sigma_E^2 + r\sigma_{G_{0l}}^2$
Linhagens da População 1	$t_1 - 1$	Q_{2pl}	$\sigma_E^2 + r\sigma_{G_{1l}}^2$
Linhagens da População 2	$t_2 - 1$	Q_{2pl}	$\sigma_E^2 + r\sigma_{G_{2l}}^2$
Tipos de Pop.	$np - 1$	Q_{2pl}	-
Genitores	$g - 1$	Q_{2gl}	$\sigma_E^2 + r\sigma_{G_{gl}}^2$
Linhagens vs. Genitores	1	Q_3	-
Erro	$(t - 1)(r - 1)$	Q_{4l}	$\sigma_{E_l}^2$

r : número de repetições; g_p : número de genitores da população p ; t_p : número de linhagens na população p ; $\sigma_{E_l}^2$: variância do erro no ambiente l ; $\sigma_{G_{pl}}^2$: variância genética entre linhagens da população p , no ambiente l ; np : número de populações.

Como medida de qualificação da precisão experimental foi calculada a acurácia seletiva (AS), conforme proposto por Resende & Duarte (2007), que leva em consideração os valores do teste F da análise de variância. As interpretações dos valores obtidos de AS obedeceram aos limites de classe propostos por Cargnelutti Filho & Storck (2009), sendo: muito alta ($AS \geq 0,9$), alta ($\geq 0,7$ e $< 0,9$), moderada ($AS \geq 0,5$ e $< 0,7$) e, baixa ($AS < 0,5$). A AS foi calculada utilizando-se a expressão proposta por Resende (2002):

$$\hat{r}_{\hat{g}g} = \left(1 - \frac{1}{F}\right)^{\frac{1}{2}}$$

em que:

$\hat{r}_{\hat{g}g}$: estimativa de acurácia seletiva;

F: de Snedecor, é o valor da razão de variâncias para os efeitos de tratamentos, associada á análise de variância.

As médias obtidas foram comparadas pelo teste de agrupamento de médias de Scott-Knott, a 5 % de probabilidade. Foram estimados os coeficientes de correlação fenotípica, genética e ambiental entre o escurecimento de grãos obtido com o armazenamento prolongado e TC90 e TC180 dias após colheita, para verificar a associação entre escurecimento e tempo de cocção após o armazenamento. As correlações fenotípicas, genéticas e ambientais utilizadas estão descritas em Ramalho et al. (2012).

Os métodos de indução de escurecimento prolongado aos 90 dias após colheita (TC90) e escurecimento acelerado foram comparados utilizando-se o coeficiente de correlação linear simples de Pearson (Steel & Torrie, 1980).

Foi calculado também o índice de coincidência (IC (%)), que representa a porcentagem de linhagens que foram identificadas como de escurecimento lento pelo método de indução de escurecimento prolongado e acelerado.

4.3 RESULTADOS E DISCUSSÃO

4.3.1 Escurecimento dos grãos após armazenamento

Verificaram-se diferenças significativas entre as linhagens das quatro populações para escurecimento de grãos ($P < 0,01$), entre as linhagens dentro de cada população ($P < 0,01$) e entre as populações, evidenciando a existência de variabilidade para seleção de linhagens promissoras para esse caráter entre e dentro das populações (Tabela 4.2). Estes resultados foram confirmados pela análise de comparação de médias, na qual a população BRSMG Madrepérola x CNFC 10429 obteve a melhor média para escurecimento de grãos, diferindo das demais e apresentando os grãos mais claros, seguida da população BRSMG Madrepérola x BRS Notável (Tabela 4.3). A média das quatro populações para esse caráter foi igual a média obtida pelos genitores.

Tabela 4.2. Resumo da análise de variância individual para escurecimento de grãos após armazenamento prolongado, das linhagens de quatro populações de feijoeiro-comum, avaliadas em Brasília, na safra de inverno de 2012.

	FV	GL	QM	P-valor
Blocos		1	0,009	0,9378
Tratamentos		224	1,291	0,0000
Linhagens		219	1,273	0,0000
BRSMG Madrepérola x CNFC 10429		54	0,948	0,0000
BRSMG Madrepérola x BRS Estilo		53	1,326	0,0000
BRSMG Madrepérola x BRS Cometa		54	1,431	0,0000
BRSMG Madrepérola x BRS Notável		55	1,277	0,0000
Tipos de Pop.		3	3,270	0,0000
Genitores		4	2,600	0,0000
Pops vs. Genitores		1	0,013	0,7592
Erro		224	0,138	
CV(%)			13,0	
Média			2,9	
AS			0,94	

Sabidamente, a cultivar BRSMG Madrepérola apresenta escurecimento lento dos grãos (Silva et al., 2008; Carneiro et al., 2012; Silva et al., 2014). Esse resultado foi confirmado pela presença de diferenças significativas entre os genitores na análise de variância e por essa ser classificada como de grãos claros (Tabela 4.3). Já a cultivar BRS Estilo e a linhagem CNFC 10429 apresentaram comportamento e as cultivares BRS Notável e BRS Cometa apresentaram grãos mais escuros.

Tabela 4.3. Média para escurecimento de grãos dos genitores e das populações segregantes, obtidas com o armazenamento prolongado para genitores e populações, em Brasília, na safra de inverno de 2012.

Genótipos	Escurecimento
BRSMG Madrepérola	1,1 A
BRS Estilo	2,8 B
BRS Cometa	3,5 C
BRS Notável	4,2 D
CNFC 10429	2,7 B
Média dos genitores	2,9
BRSMG Madrepérola x CNFC 10429	2,7 a
BRSMG Madrepérola x BRS Estilo	3,0 c
BRSMG Madrepérola x BRS Cometa	3,0 c
BRSMG Madrepérola x BRS Notável	2,9 b
Média das populações	2,9

Médias seguidas de mesma letra (maiúscula e minúscula) na vertical não diferem entre si pelo teste de agrupamento de médias de Scott & Knott, a 5% de probabilidade.

4.3.2 Tempo de cocção após armazenamento

A precisão experimental, avaliada com base nos valores de acurácia seletiva (AS), foi considerada alta para TC180 e moderada para TC90 (Tabela 4.4). Não foram observadas diferenças significativas entre as linhagens da população BRSMG Madrepérola x BRS Estilo, para cocção de grãos armazenados durante 90 dias. Morais et al. (2010) e Bertoldo et al. (2009) avaliaram cultivares comerciais tanto do grupo carioca como preto e não identificaram diferenças significativas para esse caráter.

Silva (2012) não obteve diferença significativa para tempo de cocção de populações avaliadas em Santo Antônio de Goiás; no entanto, para o ambiente de Ponta Grossa foi identificada variabilidade genética. Foram detectadas diferenças significativas para a população BRSMG Madrepérola x BRS Estilo para cocção aos 180 dias, e para a população BRSMG Madrepérola x BRS Cometa aos 90 e 180 dias, evidenciando a presença de variabilidade genética. Grande parte da variabilidade observada tem sido atribuída ao efeito de ambiente e da interação de genótipos com ambientes (Corte et al., 2003; Rodrigues et al., 2005; Ribeiro et al., 2007a; Bertoldo et al., 2009; Silva, 2012; Perina et al., 2014).

Tabela 4.4. Resumo das análises de variância individuais para o tempo de cocção TC90 e TC180 dias após colheita, avaliados em Brasília, na safra de inverno de 2012.

FV	GL	TC90		TC180	
		QM	P-valor	QM	P-valor
Blocos	1	182,00	0,003	269,50	0,001
Tratamentos	111	28,00	0,023	49,77	0,000
Linhagens	108	23,78	0,127	49,25	0,000
BRSMG Madrepérola x BRS Estilo	53	17,33	0,649	46,66	0,002
BRSMG Madrepérola x BRS Cometa	54	28,87	0,035	37,28	0,034
Tipos de Pop.	1	90,18	0,032	833,04	0,000
Genitores	2	70,15	0,029	80,95	0,041
Pops vs. Genitores	1	433,87	0,000	43,97	0,184
Erro	111	19,11		24,59	
Média dos tratamentos		20,68		26,78	
CV (%)		21,1		18,5	
AS		0,57		0,71	

As linhagens originadas da população BRSMG Madrepérola x BRS Cometa apresentaram o menor tempo médio de cocção nos dois períodos de armazenamento, de 19,8 min para TC90 e de 24,8 min para TC180 (Tabela 4.5). Silva (2012) obteve média de 29,3 min para tempo de cocção para a população BRSMG Madrepérola x BRS Estilo, e

33,6 min para a população BRSMG Madrepérola x BRS Cometa, em Santo Antônio de Goiás, para grãos armazenados por 190 DAC.

Tabela 4.5. Médias de tempo de cocção aos 90 (TC90) e aos 180 dias após colheita (TC180) (em minutos), avaliados em Brasília, na safra de inverno de 2012.

Genótipos	TC90	TC180
BRSMG Madrepérola	24,2 A	24,4 A
BRS Estilo	28,7 A	27,3 A
BRS Cometa	36,1 B	36,6 B
Média dos genitores	29,7	29,4
BRSMG Madrepérola x BRS Estilo	21,6 b	28,7 b
BRSMG Madrepérola x BRS Cometa	19,8 a	24,8 a
Média das populações	20,7	26,8

Médias seguidas de mesma letra (maiúscula e minúscula) na vertical não diferem entre si pelo teste de agrupamento de médias de Scott & Knott, a 5% de probabilidade.

As médias das linhagens das duas populações nos dois períodos, TC90 e TC180 e as notas escurecimento de grãos são apresentadas nos Apêndices G e H. Ficou evidente que após aumento do tempo de armazenamento, há acréscimo no tempo de cocção das linhagens, corroborando com a expectativa de que o tempo de cocção de um genótipo seja fortemente influenciado pelo período de armazenamento (Brackmann et al., 2002; Baldoni & Santos, 2005; Ribeiro et al., 2007a, 2008; Moraes et al., 2010; Siqueira et al., 2014).

Quanto ao desempenho dos genitores, BRSMG Madrepérola e BRS Estilo apresentaram os menores valores para cocção nas avaliações, permanecendo agrupados pelo teste de comparação de médias, aos 90 e 180 dias após colheita (Tabela 4.5). A cultivar BRS Cometa exibiu o pior desempenho, apresentando média de 36 min para cocção. Um dos fatores atribuídos à perda de qualidade de grãos armazenados é o endurecimento dos grãos, caracterizado pela ação de polifenóis, por meio de sua polimerização no tegumento ou pela lignificação dos cotilédones, que por sua vez dificultam a penetração da água e a capacidade de hidratação dos grãos (Moura, 1998), resultando em acréscimos no tempo de cocção.

4.3.3 Relação entre escurecimento dos grãos e tempo de cocção após armazenamento

Com o intuito de verificar se há associação entre a cor dos grãos e tempo de cocção após armazenamento, foram obtidas estimativas de correlação fenotípica, genética e ambiental entre os caracteres TC90, TC180 e escurecimento de grãos (notas obtidas com o armazenamento prolongado) para as populações BRSMG Madrepérola x BRS Estilo e BRSMG Madrepérola x BRS Cometa (Tabela 4.6). Há indícios na literatura de que o tempo de cocção seja relacionado com o escurecimento dos grãos. No entanto, tais conclusões são baseadas em avaliações de genótipos que apresentam apenas escurecimento normal dos grãos.

Tabela 4.6. Estimativas do coeficiente de correlação fenotípica, genética e ambiental entre tempo de cocção aos 90 (TC90) e 180 (TC180) dias após colheita e notas de escurecimento obtidas com o armazenamento prolongado dos grãos, avaliado em Brasília, na safra de inverno de 2012.

Genótipos	Correlações fenotípicas		
	TC90/Esc.	TC180/Esc.	TC90/TC180
Populações	-0,08	-0,13	0,60 ^{**}
BRSMG Madrepérola x BRS Estilo	0,01	0,01	0,68 ^{**}
BRSMG Madrepérola x BRS Cometa	-0,16	-0,30 [*]	0,53 ^{**}
	Correlações genéticas		
Populações	-0,13	-0,22	0,98
BRSMG Madrepérola x BRS Estilo	-0,06	-0,23	0,99
BRSMG Madrepérola x BRS Cometa	-0,48	-0,38	0,97
	Correlações ambientais		
Populações	0,01	0,18	0,31 [*]
BRSMG Madrepérola x BRS Estilo	0,13	0,44 [*]	0,32 [*]
BRSMG Madrepérola x BRS Cometa	0,01	-0,01	0,18

^{*} e ^{**} significativo a 1 e 5% de probabilidade, respectivamente, pelo teste *t* de Student.

Para a estimativa de correlação fenotípica entre TC90 e escurecimento não foi verificada associação significativa (Tabela 4.6) em nenhuma das populações. Em contrapartida, foi verificada correlação fenotípica negativa e significativa (-0,30) na população BRSMG Madrepérola x BRS Cometa, entre TC180 e o escurecimento de grãos. Observa-se que a presença da correlação significativa foi detectada após aumento do tempo de armazenamento. Assim, com o armazenamento houve maior escurecimento dos grãos, no entanto, não refletindo em acréscimo do tempo de cocção, por ser a correlação negativa. Este resultado discorda dos relatados na literatura (Brackmann et al., 2002; Baldoni & Santos, 2005; Coelho et al., 2009; Morais et al., 2010; Oliveira et al., 2011; Silva, 2012; Araújo et al., 2012).

Houve correlação fenotípica positiva e significativa entre TC90 e TC180 entre as linhagens das as duas populações, sugerindo que a seleção para cocção pode ser praticada já aos 90 dias após colheita.

Os resultados apresentados para correlação fenotípica entre escurecimento e tempo de cocção revelam que para a população BRSMG Madrepérola x BRS Estilo não há qualquer relação entre os caracteres, enquanto para BRSMG Madrepérola x BRS Cometa foi detectada correlação negativa, mas baixa. Logo, em ambas as situações apresentadas há evidências de que não haja relação entre aumento do tempo de cocção e grãos escuros, quando são consideradas populações de escurecimento lento. Nem tampouco, que genótipos de grãos claros são indicativo de baixo tempo de cocção. Para a população BRSMG Madrepérola x BRS Estilo, tempo de cocção e escurecimento apresentaram-se como duas variáveis aleatórias independentes. Os resultados sugerem ainda que a seleção deve ser praticada para cada caráter individualmente, pois grão claro não é indicativo de menor tempo de cocção.

Silva (2012) também não obteve correlações significativas para escurecimento e tempo cocção, concluindo que as médias para escurecimento dos grãos não refletem o comportamento dos genótipos para tempo de cocção após armazenamento dos grãos. Vale ressaltar que a autora também trabalhou com populações de escurecimento lento. Oliveira et al. (2011) avaliaram a qualidade para cozimento de grãos imediatamente após colheita e após seis meses de armazenamento refrigerado a 0°C. Os resultados mostraram que para os genótipos de grãos carioca, Pérola, Carioca e LH5, houve aumento no escurecimento do tegumento, porém apenas para a cultivar Pérola houve acréscimo no tempo de cocção. Estes resultados corroboram com os obtidos neste trabalho, inclusive com Oliveira et al. (2011), que avaliaram genótipos de escurecimento normal.

Araújo et al. (2012) obtiveram estimativas de correlação fenotípica, genética e ambiental para escurecimento com tempo de cocção, produtividade e teor de tanino dos grãos, para uma população do cruzamento de BRSMG Madrepérola x RP-2 (linhagem de escurecimento lento). As avaliações foram realizadas aos 30, 60 e 90 dias após colheita. Os autores encontraram correlação fenotípica significativa e positiva apenas entre escurecimento e tempo de cocção aos 60 dias após colheita (0,69). As demais correlações entre esses dois caracteres foram não significativas. Foram obtidas correlações significativas também para escurecimento e teor de tanino, de 0,69; 0,77 e 0,83 para aos 30, 60 e 90 dias após colheita, respectivamente.

O aumento no tempo de cocção foi significativamente correlacionado com o tempo de armazenagem dos grãos no trabalho de Siqueira et al. (2014), ao avaliarem cinco cultivares e uma linhagem do programa de melhoramento da Embrapa Arroz e Feijão, para tempo de cocção, coloração, dureza e teores de lignina, em seis condições de armazenamento. Dentre as cultivares avaliadas apenas uma apresentava escurecimento lento dos grãos, a cultivar BRSMG Madrepérola. Os autores identificaram, ainda, que os acréscimos no tempo de cocção com armazenamento independem do processo de lignificação dos grãos. Outra constatação é a de que escurecimento e endurecimento dos grãos ocorrem durante o armazenamento dos grãos em diferentes intensidades em cada genótipo e nem sempre há correlação entre essas variáveis. A cultivar BRSMG Madrepérola não teve seu tempo de cocção afetado com o armazenamento; em contrapartida, BRS Pontal obteve acréscimos no tempo de cocção, além de apresentar grãos escuros.

Neste trabalho as correlações genéticas entre escurecimento e tempo de cocção foram negativas e de baixa magnitude, corroborando com as estimativas de correlação fenotípica. Araújo et al. (2012) encontraram valor negativo e de baixa magnitude para tempo de cocção aos 90 dias após colheita e escurecimento dos grãos (-0,11). No entanto, os autores obtiveram valor alto e positivo para escurecimento e tempo de cocção aos 60 dias após colheita (0,87), discordando dos resultados apresentados.

A correlação genética ocorreu entre escurecimento e cocção para a população BRSMG Madrepérola x BRS Cometa, aos 90 (-0,48) e 180 dias após colheita (-0,38), indicando que a associação entre os dois caracteres é inversamente proporcional. A presença de correlações negativas para o melhoramento é indesejável, uma vez que ao selecionar para baixo tempo de cocção poderá provocar mudanças indesejáveis para escurecimento de grãos. No entanto, vale ressaltar que embora tenha ocorrido valores significativos eles variaram de intermediários a baixos, indicando associação pequena.

Os resultados apresentados indicam que ao se observar uma cultivar que apresenta grãos claros mesmo após longo período de armazenamento, não se pode inferir sobre seu tempo de cocção. Os resultados sinalizam que grãos claros não são indicativo de baixo tempo de cocção, nem tampouco que grãos escuros necessitem de maior tempo para cocção. Acréscimos no tempo de cocção após armazenamento têm sido relatados como associados a alterações nas proteínas dos grãos após armazenamento, que podem provocar o endurecimento do tegumento e, conseqüentemente, maior tempo para sua cocção (Rios et al., 2003).

Araújo et al. (2012) complementam que grãos com escurecimento lento apresentam menor quantidade de tanino e necessitam de menor tempo para cocção. Os autores conseguiram valores de correlação positivos e de elevada magnitude para teor de tanino e escurecimento dos grãos, sugerindo que o aumento do tempo de cocção pode ser atribuído ao aumento do teor de tanino. Portanto, o hábito da consumidora em observar os grãos claros na gôndola do supermercado não implica, necessariamente, em menor tempo de cocção na panela haja vista não ter sido identificada nenhuma correlação positiva e significativa entre tempo de cocção e escurecimento de grãos. Este resultado concorda com Siqueira et al. (2014) segundo os quais a coloração do tegumento em feijão carioca não é um parâmetro apropriado para prever o tempo de cocção dos grãos, como tem sido usado por comerciantes e consumidores.

As correlações genéticas entre os tempos de cocção foram positivas e próximas à unidade, de acordo com o esperado (Tabela 4.6). Logo, a seleção de linhagens com menor tempo de cocção pode ser praticada aos 90 dias após colheita.

Houve a presença de correlação ambiental positiva entre TC180 e escurecimento para a população BRSMG Madrepérola x BRS Estilo, e para TC90 e TC 180 para as populações e para BRSMG Madrepérola x BRS Estilo. A presença deste tipo de correlação indica que a variação nos fatores ambientais afetou o tempo de cocção e a cor dos grãos das linhagens dessa população na mesma direção. Logo, se as condições a que foram submetidas as linhagens forem desfavoráveis para o cozimento dos grãos, o escurecimento de grãos será diretamente influenciado, propiciando grãos mais escuros. Araújo et al. (2012) não obtiveram correlação ambiental significativa para tempo de cocção e escurecimento de grãos de progênies $F_{2,3}$.

Em 100% dos pares de caracteres estudados, as correlações genéticas foram iguais ou superiores às correlações fenotípicas, fato de extremo interesse, uma vez que as correlações genéticas têm maior efeito prático nos trabalhos de melhoramento de plantas. Em 88,8% dos casos, as estimativas de correlação fenotípica e genética juntas foram superiores às correlações ambientais. Embora algumas correlações indesejáveis tenham sido significativas, não se configuram em associação completa, sendo possível obter recombinantes que sejam promissores para ambos os caracteres.

4.3.4 Comparação entre os métodos de indução de escurecimento por armazenamento prolongado e acelerado

O teste de escurecimento acelerado dos grãos foi utilizado para comparar a indução de escurecimento com a utilização de câmara de luz com os resultados fornecidos pelo armazenamento prolongado de grãos. Visualmente, foi possível verificar que os genitores apresentaram diferenças na coloração dos grãos (Figura 4.1). A cultivar BRSMG Madrepérola apresentou padrão de cor mais clara após o escurecimento acelerado, em relação aos demais genitores, assim como relatado para as cultivares de escurecimento lento de feijão tipo *pinto* (Junk-Knievel et al., 2007; Elsadr et al., 2011). Felicetti et al. (2012) apresentaram as mudanças na coloração do tegumento dos grãos de feijão tipo *pinto* após 72 horas de exposição à luz ultravioleta.

As cultivares BRS Estilo, BRS Cometa, BRS Notável e a linhagem CNFC 10429 apresentaram coloração mais escura após o teste, e foram, portanto, classificadas como de escurecimento normal. Deste modo, o escurecimento acelerado dos grãos permitiu a separação entre as linhagens que possuem escurecimento lento e normal. Os resultados obtidos com os genitores foram utilizados como padrão para avaliação das linhagens.



Figura 4.1. Genitores de feijoeiro-comum após 72 horas de teste de escurecimento acelerado dos grãos.

Assim como para os genitores, o teste de escurecimento acelerado dos grãos possibilitou observar diferenças na coloração dos grãos entre as linhagens, permitindo a distinção entre as de escurecimento normal e lento. Junk-Knievel et al. (2007) relatam que essa distinção é possível, independentemente do local de cultivo de feijoeiro-comum, se em casa de vegetação ou a campo, sob diferentes condições de ambiente. Logo, a classificação da linhagem/genótipo será baseada em fatores genéticos e ambientais no momento de colheita, pois há a eliminação da influência do tempo e das condições de armazenamento dos grãos. Junk-Knievel et al. (2007) relatam ainda que o teste é consistente ao longo dos anos e não altera a germinação das sementes. Assim, a seleção de genótipos de grãos

claros pode ser realizada em nível de planta nas fases iniciais do programa de melhoramento, e em seguida serem plantados.

Para a comparação entre os resultados do teste de escurecimento acelerado com o escurecimento prolongado foram obtidas as estimativas de correlação de Pearson (Tabela 4.7). Correlação fenotípica de alta magnitude e significativa foi obtida entre as avaliações por escurecimento prolongado e acelerado (0,77), considerando as linhagens das quatro populações conjuntamente e as linhagens de cada população separadamente. O maior valor de correlação foi obtido para a população BRSMG Madrepérola x BRS Cometa (0,85).

Tabela 4.7. Estimativas do coeficiente de correlação de Pearson entre a indução de escurecimento dos grãos por armazenamento prolongado (90 dias) e pelo teste de escurecimento acelerados dos grãos (72 h), colhidos em Brasília, na safra de inverno de 2012.

Genótipos	Correlação	P-valor
Populações	0,77	0,0001
BRSMG Madrepérola x CNFC 10429	0,78	0,0000
BRSMG Madrepérola x BRS Estilo	0,77	0,0000
BRSMG Madrepérola x BRS Cometa	0,85	0,0000
BRSMG Madrepérola x BRS Notável	0,78	0,0000

Comparando-se as linhagens classificadas como de escurecimento lento pelos dois métodos de indução de escurecimento, nota-se que houve elevada concordância, consequência dos elevados valores de correlação entre os dois métodos (Tabela 4.8).

Tabela 4.8. Número de linhagens classificadas como de escurecimento lento (EL) e escurecimento normal (EN), de acordo com o método de indução de escurecimento, avaliadas em Brasília, safra de inverno de 2012.

Genótipos	EL		C (%) ³	EN	
	EA ¹	EP ²		EA	EP
Populações	73	70	83,6	144	150
BRSMG Madrepérola x CNFC 10429	14	16	75,0	41	39
BRSMG Madrepérola x BRS Estilo	13	14	85,7	41	40
BRSMG Madrepérola x BRS Cometa	24	21	83,3	29	34
BRSMG Madrepérola x BRS Notável	22	19	77,3	33	37

¹Escurecimento acelerado; ²escurecimento prolongado; ³número de coincidentes: porcentagem de linhagens que foram identificadas como de escurecimento lento pelo teste de escurecimento acelerado e escurecimento prolongado.

O maior número de linhagens identificadas de grãos claros por ambos os métodos foi observado na população BRSMG Madrepérola x Estilo, com 85,7% de coincidência. A menor porcentagem de coincidência foi obtida pela população BRSMG Madrepérola x CNFC 10429, com 75%. Pelos resultados apresentados, pode-se concluir que houve sa-

tisfatória concordância entre a classificação dos grãos pelos métodos, sugerindo que o escurecimento acelerado pode ser incorporado à rotina dos programas de melhoramento de feijoeiro-comum para seleção de grãos claros.

Vale ressaltar que o uso da câmara de luz ultravioleta disponibiliza resultados mais rápidos quando comparado com o escurecimento prolongado. Possui ainda, a vantagem de não prejudicar a germinação da semente (Junk-Knievel et al., 2007), podendo ser realizada a seleção a nível de planta para escurecimento lento dos grãos. No entanto, a escolha entre um dos métodos deve estar de acordo com as necessidades do programa de melhoramento, pois em ambos os testes é possível a identificação das linhagens de grãos claros.

4.4 CONCLUSÕES

- i Não existe correlação genética importante entre o escurecimento e o tempo de cocção dos grãos, sendo assim, grãos claros não são indicativos de baixo tempo de cocção, quando são considerados genótipos com variação genética para o escurecimento dos grãos;
- ii Os métodos de indução de escurecimento dos grãos, acelerado e prolongado, permitem discriminar as linhagens que possuem escurecimento lento e normal e fornecem informações semelhantes, com estimativas de correlação significativa que variaram de 0,77 a 0,85, permitindo a utilização de qualquer um dos dois, dependendo da necessidade.

4.5 REFERÊNCIAS

- ARAÚJO, L. C. A.; RAMALHO, M. A. P.; ABREU, A. F. B. Estimates of genetic parameters of late seed-coat darkening of carioca type dry beans. **Ciência e Agrotecnologia**, Lavras, v. 36, n. 2, p. 156-162, 2012.
- ARRUDA, B.; GUIDOLIN, A. F.; COIMBRA, J. L. M.; BATTILANA, J. Environment is crucial to the cooking time of beans. **Ciência e Tecnologia de Alimentos**, v. 32, n. 3, p. 573-578, 2012.
- BALDONI, B. A.; SANTOS, J. B. Capacidade de cozimento de grãos de famílias de feijão do cruzamento ESAL 693 x Rosinha. **Acta Scientiarum**, Maringá, v. 27, n. 2, p. 233-236, 2005.
- BERTOLDO, J. G.; COIMBRA, J. L. M.; BARILI, L. D.; VALE, N. M. do; ROCHA, F. Correlação entre caracteres de produção e tempo de cocção em feijão em dois ambientes. **Revista Ciência Agrônômica**, Fortaleza, v. 40, n. 1, p. 135-140, 2009.

BORÉM, A.; CARNEIRO, J. E. A cultura. In: VIEIRA, C.; PAULA JÚNIOR, T. J.; BORÉM, A. **Feijão**. 2. ed. Viçosa: Editora UFV, 2011. cap. 1, p. 13-18.

BRACKMANN, A.; NEUWALD, D. A.; RIBEIRO, N. D.; FREITAS, S. T. Conservação de três genótipos de feijão (*Phaseolus vulgaris* L.) do grupo carioca em armazenamento refrigerado e em atmosfera controlada. **Ciência Rural**, Santa Maria, v. 32, n. 6, p. 911-915, 2002.

CARBONELL, S. A. M.; CARVALHO, C. R. L.; PEREIRA, V. R. Qualidade tecnológica de grãos de genótipos de feijoeiro cultivados em diferentes ambientes. **Bragantia**, Campinas, v. 62, n. 3, p. 369-379, 2003.

CARNEIRO, J. E. S.; ABREU, A. F. B.; RAMALHO, M. A. P.; PAULA JÚNIOR, T. J.; DEL PELOSO, M. J.; MELO, L. C.; PEREIRA, H. S.; PEREIRA FILHO, I. A.; MARTINS, M.; VIEIRA, R. F.; MARTINS, F. A. D.; COELHO, M. A. O.; CARNEIRO, P. C. S.; MOREIRA, J. A. A.; SANTOS, J. B.; FARIA, L. C.; COSTA, J. G. C.; TEIXEIRA, H. BRSMG Madrepérola: common bean cultivar with late-darkening Carioca grain. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, Viçosa, v. 4, n. 12, p. 281-284, 2012.

CARGNELUTTI FILHO, A.; STORCK, LINDOLFO. Medidas do grau de precisão experimental em ensaios de competição de cultivares de milho. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 44, n. 2, p. 111-117, 2009.

CHIORATO, A. F.; CARBONELL, S. A. M.; BOSETTI, F.; SASSERON, G. R.; LOPES, R. L. T.; AZEVEDO, C. V. G. Common bean genotypes for agronomic and marker-related traits in VCU trials. **Scientia Agricola**, Piracicaba, v. 72, n. 1, p. 34-40, 2015.

COELHO, S. R. M.; PREUDENCIO, S. H.; NÓBREGA, L. H. P.; LEITE, C. F. R. Alterações no tempo de cozimento e textura dos grãos de feijão comum durante o armazenamento. **Ciência e Agrotecnologia**, Lavras, v. 33, n. 2, p. 539-544, 2009.

CORTE, A. D.; MODA-CIRINO, V.; SCHOLZ, M. B. S.; DESTRO, D. Environment effect on grain quality in early common bean cultivars and lines. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, Viçosa, v. 3, n. 3, p. 193-202, 2003.

COUTO, K. R.; SANTOS, J. B.; RAMALHO, M. A. P.; SILVA, G. S. Identificação de marcadores moleculares microssatélites relacionados ao escurecimento de grãos em feijão. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 45, n. 11, p. 1268-1274, 2010.

ELSADR, H. T.; WRIGHT, L. C.; PAULS, K. P.; BETT, K. E. Characterization of seed coat post-harvest darkening in common bean (*Phaseolus vulgaris* L.). **Theoretical and Applied Genetics**, Berlin, v. 123, n. 8, p. 1467-1472, 2011.

FALCONER, D. S. **Introdução à genética quantitativa**. Viçosa: Universidade Federal de Viçosa, 1987. 279 p.

FARIA, L. C.; DEL PELOSO, M. J.; MELO, L. C.; COSTA, J. G. C.; RAVA, C. A.; DÍAZ, J. L. C.; FARIA, J. C.; SILVA, H. T.; SARTORATO, A.; BASSINELO, P. C.; TRO-

VO, B. F. BRS Cometa: a carioca common bean cultivar with erect growth habit. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, Viçosa, v. 2, n. 8, p. 167-169, 2008.

FELICETTI, E.; SONG, Q.; JIA, G.; CREGAN, P.; BETT, K. E.; MIKLAS, P. N. Simple sequence repeats linked with slow darkening trait in pinto bean discovered by single nucleotide polymorphism assay and whole genome sequencing. **Crop Science Society of America**, Madison, v. 52, n. 3, p. 1600-1608, 2012.

FERREIRA, C. M.; SANTOS, M. L.; BRAGA, M. J.; DEL PELOSO, M. J. Aspectos econômicos. In: VIEIRA, C.; PAULA JÚNIOR, T. J.; BORÉM, A. **Feijão**. 2. ed. Viçosa: Editora UFV, 2011. cap. 2, p. 19-40.

JUNK-KNIEVEL, D. C.; VANDENBERG, A.; BETT, K. An accelerated post-harvested seed coat darkening protocol for pinto beans grown across different environments. **Crop Science**, Madison, v. 47, n. 2, p. 694-702, 2007.

JUNK-KNIEVEL, D. C.; VANDERBERG, A.; BETT, K. E. Slow darkening in pinto bean (*Phaseolus vulgaris* L.) seed coats is controlled by a single major gene. **Crop Science**, Madison, v. 48, n. 1, p. 189-193, 2008.

MARLES, M. A. S.; VANDENBERG, A.; BETT, K. B. Polyphenol oxidase activity and differential accumulation of polyphenolics in seed coats of pinto bean (*Phaseolus vulgaris* L.) characterize postharvest color changes. **Journal of Agricultural and Food Chemistry**, v. 56, n. 3, p. 7049-7056, 2008.

MELO, L. C.; DEL PELOSO, M. J.; PEREIRA, H. S.; FARIA, L. C.; COSTA, J. G. C.; DÍAZ, J. L. C.; RAVA, C. A.; WENDLAND, A.; ABREU, A. F. B. BRS Estilo – Common bean cultivar with Carioca grain, upright growth and high yield potential. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, Viçosa, v. 10, n. 4, p. 377-379, 2010.

MESQUITA, F. R.; CORRÊA, A. D.; ABREU, C. M. P.; LIMA, R. A. Z.; ABREU, A. F. B. Linhagens de feijão (*Phaseolus vulgaris* L.): composição química e digestibilidade protéica. **Ciência e Agrotecnologia**, Lavras, v. 31, n. 4, p. 1114-1121, 2007.

MORAIS, P. P. P.; VALENTINI, G.; GUIDOLIN, A. F.; BALDISSERA, J. N. C.; COIMBRA, J. L. M. Influência do período e das condições de armazenamento de feijão no tempo de cocção. **Revista Ciência Agronômica**, Fortaleza, v. 41, n. 4, p. 593-598, 2010.

MOURA, A. C. C. **Análises físico-químicas e enzimáticas antes e após armazenamento em grãos de feijão (*Phaseolus vulgaris* L.) submetidos a diferentes tempos e tipos de secagem**. 1998. 70 f. Dissertação (Mestrado em Ciência dos Alimentos) – Universidade Federal de Lavras, Lavras, 1998.

OLIVEIRA, V. R.; RIBEIRO, N. D.; MAZIEIRO, S. M.; CARGNELUTTI FILHO, A.; JOST, E. Qualidade para o cozimento e composição nutricional de genótipos de feijão com e sem armazenamento sob refrigeração. **Ciência Rural**, Santa Maria, v. 41, n. 5, p. 746-752, 2011.

PEREIRA, H. S.; WENDLAND, A.; MELO, L. C.; DEL PELOSO, M. J.; FARIA, L. C.; COSTA, J. G. C.; NASCENTE, A. S.; DÍAZ, J. L. C.; CARVALHO, H. W. L.; ALMEIDA, V. M.; MELO, C. L. P.; COSTA, A. F.; POSSE, S. C. P.; SOUZA, J. F.; ABREU, A. F. B.; MAGALDI, M. C. S.; GUIMARÃES, C. M.; OLIVEIRA, J. P. BRS Notável: a medium-early-maturing, disease-resistant Carioca common bean cultivar with high yield potential. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, Viçosa, v. 12, n. 3, p. 220-223, 2012.

PERINA, E. F.; CARVALHO, C. R. L.; CHIORATO, A. F.; LOPES, R. L. T.; GONÇALVES, J. G. R.; CARBONELL, S. A. M. Technological quality of common bean grains obtained in different growing seasons. **Bragantia**, Campinas, v. 73, n. 1, p. 14-22, 2014.

PROCTOR, J. R.; WATTS, B. M. Development of a modified Mattson bean cooker procedure based on sensory panel cookability evaluation. **Canadian Institute of Food Science and Technology**, Ottawa, v20, n. 1, p. 9-14, 1987.

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

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

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

RIBEIRO, N. D.; JOST, E.; CARGNELUTTI FILHO, A. Padronização de metodologia para avaliação do tempo de cozimento dos grãos de feijão. **Bragantia**, Campinas, v. 66, n. 2, p. 335-346, 2007.

RIBEIRO, N. D.; RODRIGUES, J. A.; CARGNELUTTI FILHO, A.; POERSCH, N. L.; TRENTIN, M.; ROSA, S. S. Efeitos de períodos de semeadura e das condições de armazenamento sobre grãos de feijão para o cozimento. **Bragantia**, Campinas, v. 66, n. 1, p. 157-163, 2007a.

RIBEIRO, N. D.; POERSCH, N. L.; ROSA, S. S. Períodos de semeadura e condições de armazenamento na qualidade de cozimento de grãos de feijão. **Ciência Rural**, Santa Maria, v. 38, n. 4, p. 936-941, 2008.

RIBEIRO, N. D.; MAMBRIN, R. B.; STORCK, L.; PRIGOL, M.; NOGUEIRA, C. W. Combined selection for grain yield, cooking quality and minerals in the common bean. **Revista de Ciências Agrônomicas**, Fortaleza, v. 44, n. 4, p. 869-877, 2013.

RIOS, A. O.; ABREU, C. M. P.; CORRÊA, A. D. Efeito da estocagem e das condições de colheita sobre algumas propriedades físicas, químicas e nutricionais de três cultivares de feijão (*Phaseolus vulgaris* L.). **Ciência e Tecnologia de Alimentos**, Campinas, v. 23 (Supl), p. 39-45, 2003.

RODRIGUES, J. A.; RIBEIRO, N. D.; CARGNELUTTI FILHO, A.; TRENTIN, M.; LONDERO, P. M. G. Qualidade para o cozimento de grãos de feijão obtidos em diferentes épocas de semeadura. **Bragantia**, Campinas, v. 64, n. 3, p. 369-376, 2005.

SARTORI, M. R. Armazenamento. In: ARAÚJO, S. A.; RAVA, C. A.; STONE, L. F.; ZIMMERMANN, M. J. O. **Cultura do feijoeiro comum no Brasil**. Piracicaba: Potafos, 1996. p. 543-558.

SILVA, G. S. **Controle genético do escurecimento precoce de grãos de feijão tipo carioca**. 2007. 62 f. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas) - Universidade Federal de Lavras, Lavras, 2007.

SILVA, G. S.; ABREU, A. F. B.; SILVA, F. B. Genetic control of early grain darkening of carioca common bean. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, Lavras, v. 8, n. 4, p. 299-304, 2008.

SILVA, F. C. **Potencial genético de populações segregantes de feijoeiro-comum para escurecimento e cocção dos grãos**. 2012. 102 f. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Escola de Agronomia, Universidade Federal de Goiás, Goiânia, 2012.

SILVA, F. C.; MELO, P. G. S.; PEREIRA, H. S.; MELO, L. C. Genetic control and estimation of genetic parameters for seed-coat darkening of carioca beans. **Genetics and Molecular Research**, Ribeirão Preto, v. 13, n. 3, p. 6486-6496, 2014.

SIQUEIRA, B. S.; PEREIRA, W. P.; BATISTA, K. A.; OOMAH, B. D.; FERNANDES, K. F.; BASSINELLO, P. Z. Influência of storage on darkening and hardening of slow-and regular-darkening carioca bean (*Phaseolus vulgaris* L.) genotypes. **Journal of Agricultural Studies**, Las Vegas, v. 2, n. 2, p. 87-104, 2014.

STEEL, R. G. D.; TORRIE, J. H. **Principles and procedures of statistic**: with special reference to the biological sciences. New York: Mc Graw-hill, 1980. 632 p.

5 VALIDAÇÃO DE MARCADORES MOLECULARES MICROSSATÉLITES ASSOCIADOS AO ESCURECIMENTO LENTO DOS GRÃOS EM FEIJÃO CARIOCA

RESUMO

O objetivo deste trabalho foi validar os marcadores Pvsd-1158 e PVM02TC116, associados ao escurecimento lento dos grãos, em populações de melhoramento de feijoeiro-comum do grupo carioca obtidos a partir de diferentes genitores. As linhagens foram oriundas de quatro populações segregantes derivadas do cruzamento entre a cultivar de escurecimento lento dos grãos BRSMG Madrepérola e os genitores BRS Estilo, BRS Cometa, BRS Notável e CNFC 10429. Os ensaios foram instalados com 220 linhagens, sendo 55 de cada população e os cinco genitores, em delineamento experimental látice 15x15, com parcelas de duas linhas de três metros espaçadas de 0,45 m entre linhas. Os experimentos foram realizados na safra de inverno/2012, sendo um em Santo Antônio de Goiás e outros dois em Brasília. O caráter avaliado foi o escurecimento lento dos grãos. Foram utilizados os marcadores Pvsd-1158 e PVM02TC116, previamente identificados como ligados ao gene que controla o escurecimento lento dos grãos. Foi feita a análise de segregação (χ^2) e estimada a frequência de recombinação e a eficiência de seleção dos marcadores. Para o marcador Pvsd-1158, a frequência de recombinação variou de 1,8 a 10,0% conforme o ambiente e de 1,8 a 4,0%, para as diferentes populações. Entretanto as estimativas foram sempre baixas, indicando que o marcador é intimamente ligado ao gene que controla o escurecimento dos grãos, sendo estável nos diferentes ambientes e populações. Isso foi confirmado pelas estimativas de eficiência de seleção, que foram sempre elevadas, acima 90%. Sendo assim, o marcador Pvsd-1158 apresenta elevada eficiência na identificação de linhagens de grãos carioca portadoras do alelo de escurecimento lento dos grãos. Já o marcador PVM02TC116 não se mostrou polimórfico em três das quatro populações avaliadas. Na população polimórfica, o PVM02TC116 apresentou elevada frequência de recombinação em relação ao gene que controla o escurecimento lento dos grãos (35,3%), sendo, portanto, inadequado para utilização em seleção assistida.

Palavras-chave: *Phaseolus vulgaris* L.; populações segregantes, Pvsd-1158, PVM02TC116, frequência de recombinantes, eficiência de seleção.

ABSTRACT

VALIDATION OF MARKERS ASSOCIATED WITH SEED-COAT DARKENING IN CARIOCA BEAN FOR MARKER-ASSISTED SELECTION

The objective of this study was to validate the markers Pvsd-1158 and PVM02TC116 associated with seed-coat darkening in common bean breeding populations with different

genetic backgrounds. The lines were derived from four segregating populations resulting from a cross between cultivar BRSMG Madrepérola with slow grain darkening and the parents BRS Estilo, BRS Cometa, BRS Notável, and CNFC 10429. The experiment was conducted with 220 lines (55 per population) and the 5 parents, in a 15x15 triple lattice design, in plots of two 3-m rows. The experiments were conducted in the winter growing season 2012, one in Santo Antônio de Goiás and two in Brasília. The trait seed-coat darkening was assessed. The markers Pvsd-1158 and PVM02TC116, previously identified as linked to the gene that controls grain darkening, were used. The frequency of recombination and the selection efficiency of the markers of each population and environment and in the mean of the environments were estimated. For marker Pvsd-1158, the recombination frequency ranged from 1.8 to 10.0%, according to the environment, and from 1.8 to 4.0% for the different populations. The estimates were however always low, indicating that the marker is closely linked to the gene that controls grain darkening, and were stable in the different environments and populations. This was confirmed by the selection efficiency, which were always high (> 90%). Thus, marker Pvsd-1158 has high sensitivity for identifying Carioca lines carrying the allele of slow grain darkening. Marker PVM02TC116 however, was not polymorphic in three of the four populations. In a polymorphic population, the recombination frequency of PVM02TC116 was higher than that of the gene controlling grain darkening (35.3%), and is therefore unsuitable for marker-assisted selection.

Key-words: *Phaseolus vulgaris* L.; segregating population; Pvsd-1158; PVM02TC116, recombinant frequency; selection efficiency.

5.1 INTRODUÇÃO

O cultivo do feijoeiro-comum (*Phaseolus vulgaris* L.) é bastante difundido em todo o território brasileiro, abrangendo desde a agricultura de subsistência em pequenas propriedades até a agricultura comercial de grande escala. Isso torna a cultura uma das mais importantes no país, mantendo o Brasil como um dos maiores produtores mundiais, com produção de 2,6 milhões de toneladas em 1,9 milhões de hectares no ano 2013 (Embrapa Arroz e Feijão, 2014).

Dentro dessa perspectiva, o feijão carioca representa 70% do mercado consumidor brasileiro (Del Peloso & Melo, 2005) e sua comercialização é baseada nas características visuais dos grãos. Dentre essas características, a coloração dos grãos é uma das mais importantes, que deve se apresentar com fundo creme claro e rajas marrons. Qualquer alteração nesse padrão, como a mudança da cor creme para marrom, provoca rejeição pelos consumidores, por associarem feijão com grãos mais escuros a serem mais velhos, e por isso, uma potencial dificuldade para cozimento (Sartori, 1996; Junk-Knievel, et al., 2008; Couto et al., 2010).

Sabe-se que fatores genéticos e ambientais são responsáveis pela mudança na coloração do tegumento dos grãos (Junk-Knievel et al., 2008; Silva et al., 2008; Elsadr et al., 2011; Araújo et al., 2012; Silva et al., 2014). Dentre as causas ambientais atribuídas ao escurecimento estão as condições na colheita, o tempo e as condições de armazenamento.

O gene *sd* (*slow darkening* – escurecimento lento) foi identificado por influenciar no tempo do escurecimento do tegumento dos grãos, e outro gene, denominado *J*, é responsável por condicionar se o feijão escurecerá ou não (Elsadr, et al., 2011). O gene *J* é epistático ao gene *sd*, sugerindo assim, a ação conjunta de dois genes para a expressão fenotípica do escurecimento dos grãos, evidenciando que o controle genético desta característica seja oligogênico (Elsadr et al., 2011; Silva et al., 2014). Por outro lado, Junk-Knievel et al. (2008) e Silva et al. (2008) relataram que esse caráter tem controle monogênico com dominância do alelo que condiciona o escurecimento normal. Apesar da divergência de resultados disponíveis na literatura, tem-se demonstrado a possibilidade de seleção de linhagens com escurecimento lento dos grãos (Junk-Knievel et al., 2008; Silva et al., 2008; Silva et al., 2014).

O melhoramento visando a obtenção de cultivares com escurecimento lento dos grãos em feijão carioca é baseado na seleção fenotípica de linhagens superiores dentro de cruzamentos controlados. A seleção é praticada em linhagens que passaram por algum processo de indução de escurecimento, que normalmente é o armazenamento por longo período em prateleiras dentro de galpões. Diante desta realidade, algumas dificuldades no processo de seleção são evidentes, como o tempo gasto para avaliação e a influência do ambiente. Sabe-se que o ambiente altera significativamente a coloração dos grãos, resultando em comportamento diferencial das linhagens à variação ambiental (Ribeiro et al., 2004; Junk-Knievel et al., 2007; Araújo et al., 2012; Silva et al., 2014; Siqueira et al., 2014).

Os marcadores moleculares podem ser uma ferramenta bastante útil, pois se estreitamente ligados aos alelos de interesse, podem ser utilizados na seleção assistida por marcadores moleculares (SAM), especialmente para as fases iniciais de seleção, na qual o número de genótipos em avaliação é grande (Gupta et al., 1999; Alzate-Marin et al., 2005). Possuem a vantagem de não serem influenciados pelo ambiente e sua aplicação é possível em qualquer fase de desenvolvimento da planta (Gupta et al., 1999; Schuster, 2011).

A viabilização da seleção assistida por marcadores moleculares na rotina do programa de melhoramento de feijoeiro-comum revela-se uma alternativa promissora para seleção de genótipos de grãos claros, pois a seleção fenotípica desse caráter corre após a

colheita com a exposição dos grãos à algum método de indução ao escurecimento. Assim, como relata Xu & Crouch (2008), a seleção assistida por marcadores moleculares é viável para caracteres que requerem um longo período para a avaliação. Embora Sakiyama et al. (2014) afirmem a existência de poucos marcadores relevantes e confiáveis, para caracteres em geral, reforçando a dificuldade de aplicação da seleção assistida. Para a cultura do feijão-comum, a utilização dos marcadores moleculares se dá principalmente na seleção para resistência às doenças (Miklas et al., 2000; Oliveira et al., 2005; Alzate-Marin et al., 2005; O'Boyle & Kelly, 2007; Ender et al., 2008; Duncan et al., 2012; Souza et al., 2014).

Na literatura são poucos os relatos referentes à identificação de marcadores moleculares para escurecimento lento dos grãos da classe comercial carioca, e sua aplicação na seleção assistida é ainda mais restrita. Couto et al. (2010) identificaram três marcadores microssatélites, sendo eles: PVM02TC116, X57022 e PVESTBR-98, para a população derivada do cruzamento de VC-3 (BRSMG Madrepérola) x BRSMG Majestoso. Segundo os autores, os três marcadores moleculares podem ser utilizados na realização de seleção assistida para escurecimento, especialmente o marcador PVM02TC116.

Para a classe comercial de feijão *pinto*, Felicetti et al. (2012) identificaram dois marcadores moleculares microssatélites (Pvsd-1157 e Pvsd-1158), promissores para utilização na seleção assistida (SAM). A população utilizada foi de 159 genótipos, derivados do cruzamento de duas fontes de escurecimento lento dos grãos, SDIP-1 e 1533-15, com os genitores de escurecimento normal Stampede e Santa Fe. Os dois marcadores mostraram-se próximos com o gene *sd* em populações de feijão *pinto*. Para o feijão carioca, o seu uso foi relatado como promissor pelos autores, no entanto, não foram testados genótipos com escurecimento normal.

Alves (2014) testou a eficiência dos marcadores Pvsd-1158 e PVM02TC116 para seleção assistida, na população $F_{2:4}$ derivada do cruzamento da cultivar BRSMG Madrepérola com a linhagem de escurecimento normal RP-2. De acordo com o autor, uma parcela muito baixa da variação fenotípica (2%) para o escurecimento dos grãos foi explicada pelo marcador PVM02TC116. Para o marcador Pvsd-1158, o autor não identificou polimorfismo para os genitores, assim, não foi utilizado na população segregante.

Os marcadores Pvsd-1158 e PVM02TC116 foram previamente identificados como estreitamente ligados ao gene que controla o escurecimento dos grãos em feijões *pinto* e carioca (Couto et al., 2010; Felicetti et al., 2012). Para que esses marcadores sejam realmente úteis, é necessário que sejam validados em diferentes populações elites dos pro-

gramas de melhoramento visando a obtenção de genótipos com escurecimento lento dos grãos. Assim, plantas portadoras do alelo de interesse podem ser identificadas logo após a germinação, reduzindo o tempo necessário de avaliação desse caráter (Couto et al., 2010).

O objetivo deste trabalho foi validar os marcadores Pvsd-1158 e PVM02TC116, associados ao escurecimento lento dos grãos, em populações de feijoeiro-comum do grupo comercial carioca originado a partir do cruzamento da fonte de escurecimento lento dos grãos BRSMG Madrepérola cruzadas com quatro genótipos de escurecimento normal dos grãos, e incorporá-los ao programa de melhoramento para utilização da seleção assistida por marcadores.

5.2 MATERIAL E MÉTODOS

5.2.1 Material genético

Foram utilizadas 220 linhagens de feijoeiro-comum oriundas dos cruzamentos entre uma cultivar de escurecimento lento, a BRSMG Madrepérola (Carneiro et al., 2012) e quatro genitores de escurecimento normal (BRS Estilo, BRS Cometa, BRS Notável e a linhagem elite CNFC 10429) do Programa de Melhoramento do Feijoeiro-comum da Embrapa Arroz e Feijão (capítulo 1). Esses genitores apresentam porte ereto e altas produtividades (Faria et al., 2008; Melo et al., 2010; Pereira et al., 2012). Foram utilizadas 55 linhagens de cada cruzamento na geração $F_{5:7}$.

A cultivar BRS Notável agrega ainda resistência a antracnose, murcha-defusário, crestamento bacteriano comum e a murcha de *curtobacterium* (Pereira et al., 2012), e as cultivares BRS Cometa e BRS Estilo apresentam resistência à antracnose (Faria et al., 2008; Melo et al., 2010). A linhagem CNFC 10429 apresenta resistência a mancha-angular.

5.2.2 Avaliação fenotípica do escurecimento dos grãos

Os dados fenotípicos foram provenientes de três ensaios (capítulo 1), um ensaio realizado em Santo Antônio de Goiás, na fazenda Capivara da Embrapa Arroz e Feijão e os outros dois em Brasília, na fazenda Sucupira, da Embrapa Transferência de Tecnologia/Brasília, com datas distintas de semeadura, todos na safra de inverno/2012. Cada ensaio continha 220 linhagens e os cinco genitores, em delineamento experimental látice

15x15, com parcelas de duas linhas de três metros. Foi realizada irrigação suplementar e adubação de acordo com a análise de solo. Os demais tratamentos culturais seguiram as recomendações comuns para cultura do feijoeiro-comum, com exceção ao controle de doenças, o qual não foi realizado.

Os grãos pós-colhidos foram induzidos ao escurecimento prolongado, que consistiu em colocar os grãos em sacos plásticos transparentes e armazená-los em condições de temperatura e umidade ambiente durante 90 dias em prateleiras dentro do galpão de trilhagem na Fazenda Capivara, da Embrapa Arroz e Feijão, em Santo Antônio de Goiás. Para avaliação do escurecimento dos grãos foi adotada a escala de notas proposta por Silva (2007) (Figura 2.1, cap. 2).

5.2.3 Avaliação genotípica

Foram retiradas amostras de dez sementes de cada linhagem e dos genitores, e semeadas em bandejas de isopor, preenchidas com substrato e mantidas em casa de vegetação. Aos 20 dias após semeadura foram coletadas uma folha jovem de cada uma das dez plântulas, para compor um “bulk” de cada linhagem. A extração de DNA das amostras foi realizada utilizando o kit comercial de extração Invisorb[®] Spin Plant Mini Kit, de acordo com as instruções do fabricante. A quantidade de DNA genômico total foi estimada com o uso do NanoDrop 2000 (Thermo Scientific), sendo o estoque de uso diluído para 10 ng μL^{-1} , em água Mili-Q autoclavada.

Os estudos relacionados ao uso de marcadores moleculares foram conduzidos no Laboratório “Dry Bean Breeding and Genetic”, nas dependências do USDA – United States Department of Agriculture, em Prosser – WA, como atividades propostas para o Programa de Doutorado Sanduíche no Exterior da autora, e no Laboratório de Biotecnologia da Embrapa Arroz e Feijão, em Santo Antônio de Goiás – GO.

Para as análises genotípicas foram utilizados os marcadores moleculares microsatélites Pvsd-1158 (Felicetti et al., 2012) e PVM02TC116 (Couto et al., 2010), identificados previamente como ligados ao gene que controla o escurecimento lento dos grãos (Tabela 5.1). Os *primers* foram sintetizados na Eurofins Genomics e o protocolo de reação em cadeia da polimerase (PCR) utilizado para os dois marcadores microsatélites seguiu o descrito por Felicetti et al. (2012) e Couto et al. (2010), respectivamente.

Tabela 5.1. Marcadores microssatélites identificados como fortemente ligados ao loco “sd”, que controla o escurecimento lento dos grãos em feijão pinto e carioca.

Marcador	Sequência do <i>primer</i>	Tamanho de banda esperado (pb)	T ¹	Referências
Pvsd-1158	Foward: GCAATTGA- CAAAAAGCTTCG	EL ² : 120	58	Felicetti et al. (2012)
	Reverse: TTGTCATGCGGTTTT	EN ³ : 130 e 140		
PVM02TC116	Foward: CGCCATTT- GGATTGGATT	EL: 175	58	Couto et al. (2010)
	Reverse: AGGCGTGGAAGTG- GAGTG	EN: 191		

¹Temperatura de anelamento do primer, em graus celsius. ²Escurecimento lento; ³Escurecimento normal.

Inicialmente os dois marcadores moleculares, Pvsd-1158 e PVM02TC116 foram testados nos genitores de feijoeiro-comum de grãos carioca (BRSMG Madrepérola, BRS Estilo, BRS Cometa, BRS Notável e CNFC 10429), afim de observar ocorrência de polimorfismo. Posteriormente os marcadores microssatélites polimórficos foram testados nas linhagens das populações já citadas.

O termociclador utilizado foi MJ Research PTC-0200 DNA Engine, programado com 40 ciclos de desnaturação a 94°C durante 60 segundos, anelamento a 58°C por 30 segundos, extensão a 72°C por 45 segundos, outra extensão final a 72°C durante cinco minutos, para ambos os marcadores. Os produtos de amplificação da PCR foram visualizados em gel de agarose na concentração de 3,3%, com a utilização de brometo de etídio (1µg mL⁻¹) e a solução utilizada para a corrida do gel foi o tampão TBE (Tris/Borate/EDTA) (1X). A visualização das bandas foi feita em transiluminador de luz ultravioleta. As estimativas dos tamanhos dos fragmentos amplificados foram determinadas comparando-se sua posição no gel em relação à posição das bandas de tamanho definido do marcador padrão de massa molecular (*ladder* 100 bp).

Foram utilizados como controles a linhagem SDIP-1 (Singh et al., 2006), que apresenta escurecimento lento dos grãos e a cultivar comercial Stampede (Osorno et al., 2010), que apresenta escurecimento normal dos grãos. A cultivar e a linhagem são de grãos tipo *pinto bean*. A genotipagem das linhagens e genitores obedeceu o polimorfismo alélico e tamanho de bandas apresentado pelos controles (SDIP-1 e Stampede) para o marcador Pvsd-1158. A genotipagem para o marcador PVM02TC116 seguiu o polimorfismo e tamanho de bandas apresentados pelos genitores de grãos tipo carioca, BRSMG Madrepérola, BRS Estilo, BRS Notável, BRS Cometa e a linhagem CNFC 10429.

5.2.4 Análises genético-estatísticas

Os dados de escurecimento de grãos foram submetidos à análise de variância individual, considerando o efeito de tratamentos aleatório e adotando o modelo e esquema de análise de variância já descritos (capítulo 3). As médias dos três ambientes para escurecimento de grãos foram agrupadas pelo teste de agrupamento de médias de Scott & Knott, a 5% de probabilidade.

Os marcadores foram avaliados nos genitores e nas 220 linhagens F_{5:7}. Conforme citado anteriormente, considerando a escala de notas de escurecimento de grãos (Silva, 2007), as linhagens com média igual ou inferior a 2,5 foram consideradas de grãos claros e as linhagens com média superior a 2,5, de grãos escuros, conforme Couto et al. (2010). A segregação dos marcadores foi avaliada com a utilização do teste estatístico qui-quadrado (χ^2) para testar a hipótese de segregação esperada de 1:1, para um único gene que controla o caráter escurecimento lento dos grãos, de herança recessiva.

Com o intuito de quantificar a distância entre o gene que controla o escurecimento de grãos em feijão carioca e os marcadores Pvsd-1158 e PVM02TC116 foi estimada a porcentagem de recombinantes. Sturtevant (1913) propôs como base para a quantificação da distância entre dois genes a frequência de recombinação entre eles. Assim, a porcentagem de recombinantes tem sido utilizada como uma maneira de estimar a distância linear entre dois genes (ou marcas moleculares) (Carneiro & Vieira, 2002). Portanto, admite-se que a distância entre dois genes é igual à porcentagem de recombinantes entre eles (Cruz & Silva, 2009). Segundo os autores, são denominados recombinantes os tipos que se formam a partir da ocorrência de permuta entre os locos, que não são produzidos pelos pais, sendo resultado de recombinação.

Para isso foi utilizada a seguinte expressão, adaptada de Ramalho et al. (2008):

$$FR (\%) = \frac{NR_{EN_f/EL_g} + NR_{EL_f/EN_g}}{n} \times 100$$

em que:

FR (%): é a frequência de recombinantes observada na população em estudo. A *FR* fornece uma estimativa da distância entre o gene e o marcador, em cM;

NR_{EN_f/EL_g} : é o número de recombinantes observado na população, que pela avaliação fenotípica apresentou escurecimento normal e pelo marcador molecular o alelo *sd*, de escurecimento lento;

NR_{EL_f/EN_g} : é o número de recombinantes observado na população, que pela avaliação fenotípica apresentou escurecimento lento e pelo marcador molecular o alelo *Sd*, de escurecimento normal;

n: total de descendentes do cruzamento.

Foi estimada a eficiência de seleção (ES) dos marcadores para escurecimento de grãos, baseando-se na comparação entre os dados fenotípicos e genotípicos para as quatro populações em conjunto e para cada população. A ES foi estimada pela expressão descrita em Silva et al. (2007):

$$ES(\%) = [MFMF + mfmf]/(MM + mm)] * 100$$

em que:

MFMF: número de famílias selecionadas como de escurecimento normal, baseado nas análises genética e fenotípica;

mfmf: número de famílias selecionadas como de escurecimento lento, baseado nas análises genética e fenotípica;

MM + mm: número de famílias selecionadas como de escurecimento lento e normal, baseando-se apenas nos dados do marcador.

5.3 RESULTADOS E DISCUSSÃO

5.3.1 Análise fenotípica para escurecimento de grãos

Pela análise de variância conjunta para escurecimento de grãos (Tabela 3.3, capítulo 1) detectou-se diferença significativa entre as linhagens de cada população, confirmando os resultados das análises individuais. A interação linhagens das diferentes populações x ambientes foram significativas. A presença de interação de genótipos com ambientes tem sido constatada por vários autores para escurecimento de grãos (Ribeiro et al., 2004; Junk-Knievel et al., 2007; Silva, 2012; Araújo et al., 2012; Siqueira et al., 2014).

A cultivar BRSMG Madrepérola diferiu das demais, apresentando grãos mais claros (Tabela 5.2) em todos os ambientes e na análise conjunta dos ambientes. O resultado está de acordo com o esperado, pois a cultivar BRSMG Madrepérola foi identificada como fonte de escurecimento lento dos grãos (Carneiro et al., 2012). Em geral, a cultivar BRS Estilo e a linhagem CNFC 10429 apresentaram comportamento intermediário e as cultivares BRS Cometa e BRS Notável, grãos mais escuros.

Em razão da presença de interação de genótipos com ambientes para o caráter, justificou-se a estimação da frequência de recombinantes, eficiência de seleção e correlação entre os dados fenotípicos dos três ambientes e da análise conjunta com os dados genotípicos.

Tabela 5.2. Médias de escurecimento de grãos (escala de notas) avaliado aos 90 dias após a colheita, na safra de inverno de 2012, em Santo Antônio de Goiás (Sto) e Brasília, primeiro (Bra1) e segundo plantio (Bra2), e média com base na análise conjunta dos três ambientes.

Genótipos	Escurecimento			
	Sto	Bra1	Bra2	Conjunta
BRSMG Madrepérola	1,0 A	1,1 A	2,0 A	1,4 A
BRS Estilo	3,0 B	2,8 B	3,7 B	3,2 B
BRS Cometa	4,3 C	3,5 C	4,7 B	4,2 C
BRS Notável	4,3 C	4,2 D	4,3 B	4,3 C
CNFC 10429	3,0 B	2,7 B	3,3 B	3,0 B
Médias dos genitores	3,1	2,9	3,6	3,2
BRSMG Madrepérola x CBFC 10429	2,8 a	2,7 a	2,9 a	2,8 a
BRSMG Madrepérola x BRS Estilo	3,0 b	3,0 c	2,9 a	2,9 b
BRSMG Madrepérola x BRS Cometa	2,9 b	3,0 c	3,1 b	3,0 c
BRSMG Madrepérola x BRS Notável	2,9 b	2,9 b	3,2 b	3,0 c
Média das populações	2,9	2,9	3,0	2,9

Médias seguidas de mesma letra (maiúscula e minúscula) na vertical não diferem entre si pelo teste de agrupamento de médias de Scott & Knott, a 5% de probabilidade.

A população BRSMG Madrepérola x CNFC 10429 apresentou a melhor média para escurecimento de grãos, ou seja, grãos mais claros, diferindo das demais populações em Santo Antônio de Goiás, Brasília primeiro plantio e na análise conjunta dos ambientes. As populações BRSMG Madrepérola x CNFC 10429 e BRSMG Madrepérola x BRS Estilo apresentaram os grãos mais claros no ambiente de Brasília segundo plantio. No trabalho de Silva (2012), a linhagem CNFC 10429 também se destacou por contribuir para a obtenção de populações segregantes promissoras para escurecimento lento dos grãos.

Os testes de segregação fenotípica para escurecimento de grãos foram feitos na geração F_{5:7} (Tabela 5.3). De acordo com as estimativas do teste qui-quadrado para segre-

gação monogênica, os desvios foram não significativos ($p < 0,05$), em Santo Antônio de Goiás para as populações BRSMG Madrepérola x BRS Cometa e BRSMG Madrepérola x BRS Notável. Para Brasília e para a média dos ambientes, apenas para a população BRSMG Madrepérola x BRS Cometa os desvios foram não significativos. Portanto, para essas populações nesses ambientes, as frequências observadas se ajustam as frequências esperadas, indicando que o caráter possui controle monogênico, com dominância do alelo que confere o escurecimento normal dos grãos.

Tabela 5.3. Teste qui-quadrado da segregação fenotípica monogênica da geração F_{5:7}, avaliadas em três ambientes, para escurecimento lento dos grãos de feijoeiro-comum, obtidos após armazenamento prolongado dos grãos.

Genótipos	Santo Antônio de Goiás				Brasília 1			
	FO		χ^2	p (%)	FO		χ^2	p (%)
	EL ⁵	EN ⁶			EL	EN		
Populações	74	146	21.37	0.0003	69	151	28.06	0.0000
População 1 ¹	17	38	7.38	0.6605	15	40	10.60	0.1131
População 2 ²	15	39	9.93	0.1624	14	40	11.72	0.0617
População 3 ³	21	34	2.68	10.1580	21	34	2.68	10.1580
População 4 ⁴	21	35	3.08	7.9410	19	37	5.24	2.2096
	Brasília 2				Conjunta			
Populações	71	149	25.28	0.0000	70	150	26.65	0.0000
População 1	16	39	8.92	0.2828	16	39	8.915	0.2828
População 2	16	38	8.29	0.3984	14	40	11.72	0.0617
População 3	20	35	3.64	5.6526	21	34	2.68	10.1600
População 4	19	37	5.24	2.2096	19	37	5.24	2.2096

¹BRSMG Madrepérola x CNFC 10429; ²BRSMG Madrepérola x BRS Estilo; ³BRSMG Madrepérola x BRS Cometa; ⁴BRSMG Madrepérola x BRS Notável; ⁵EL: escurecimento lento; ⁶EN: escurecimento normal.

Apenas a população BRSMG Madrepérola x BRS Cometa manteve resultado coincidente com a mudança de ambiente, confirmando o controle monogênico. Esses resultados concordam com Silva et al. (2014). Os autores obtiveram segregação monogênica para as populações BRSMG Madrepérola x BRS Cometa e BRSMG Madrepérola x BRS Notável, nas gerações F₃ em Santo Antônio de Goiás e, na geração F₄ em Ponta Grossa, respectivamente.

As populações BRSMG Madrepérola x BRS Estilo e BRSMG Madrepérola x CNFC 10429 apresentaram desvios significativos para o teste qui-quadrado, indicando que as frequências observadas não se ajustaram à frequência esperada. Em contrapartida, no trabalho de Silva et al. (2014), a população BRSMG Madrepérola x BRS Estilo apresentou controle monogênico para escurecimento de grãos no ambiente de Ponta Grossa, na gera-

ção F₄. Os autores sugeriram controle oligogênico para o caráter. Fica evidenciada a presença da interação de genótipos com ambientes para os resultados fenotípicos de avaliação do escurecimento dos grãos, pois houve alteração da classificação dos genótipos para o caráter.

Silva et al. (2008), avaliando apenas uma população (VC-3 x BRSMG Majestoso), obtiveram padrão de herança simples, controlado por um único gene. Junk-Knievel et al. (2008) apresentaram resultados similares para populações de feijão tipo *pinto*.

5.3.2 Análises moleculares

5.3.2.1 Marcador molecular microssatélite Pvsd-1158

O marcador Pvsd-1158 apresentou polimorfismo entre o genitor de escurecimento lento e os quatro genitores de escurecimento normal. A presença de polimorfismo também foi detectada para esse marcador em feijão tipo *pinto* por Felicetti et al. (2012), para três populações na geração F₂, de duas fontes de escurecimento lento, 1533-15 (linhagem oriunda do programa de melhoramento Crop Development Center (CDC), University of Saskatchewan) e SDIP-1 (Singh et al., 2006). No trabalho, o alelo que condiciona escurecimento lento apresentou tamanho 120 pb, enquanto que o alelo que condiciona escurecimento normal apresentou tamanho de banda de 130 e 140 pb.

Alves (2014) apresentou resultados discordantes para o marcador Pvsd-1158, em uma população segregante derivada do cruzamento de BRSMG Madrepérola x RP-2 (linhagem de escurecimento normal). O autor não identificou polimorfismo entre os genitores, e conseqüentemente para a população segregante. Alguns trabalhos têm encontrado baixa taxa de polimorfismo, como no de Torga et al. (2010) que avaliaram 480 marcadores microssatélites para produtividade e tipo de grão em 100 famílias F_{3:7} de feijão carioca, sendo que apenas oito apresentaram polimorfismo. A baixa taxa de polimorfismo, segundo os autores, pode ser explicada pela baixa variabilidade do cruzamento, pois foram utilizados genitores considerados linhagens “elites”.

Blair et al. (2006) complementam que combinações entre acessos de germoplasma são mais polimórficos que combinações entre linhagens avançadas e variedades, especialmente para o mesmo *pool* gênico, para marcadores microssatélites. Xu & Crouch (2008) relatam que marcadores identificados como intimamente ligados a um loco de inte-

resse podem ser facilmente perdidos quando estes marcadores são aplicados a outras populações com diferentes padrões de recombinação. Os autores recomendam que sejam desenvolvidos vários marcadores próximos ao gene de interesse, aumentando assim a probabilidade de genitores de qualquer população serem polimórficos a pelo menos um marcador.

Foram identificados dois alelos de tamanhos diferentes para o marcador Pvsd-1158, definidos de acordo com o marcador padrão de massa molecular (ladder). A cultivar BRSMG Madrepérola apresentou o alelo de peso molecular de 120 pb. Os genitores BRS Estilo, BRS Cometa, BRS Notável e CNFC 10429 apresentaram um alelo de maior peso molecular, de 130 pb. Observou-se que o mesmo padrão de bandas foi obtido entre os controles de escurecimento lento (SDIP-1) e normal (Stampede), de acordo os resultados apresentados por Felicetti et al. (2012). Esse é um indicativo de que populações oriundas desses cruzamentos poderão segregar e ser eficientemente selecionadas com base nos dados deste marcador.

De acordo com as expectativas, foi possível verificar que o marcador apresentou polimorfismo entre as linhagens das diferentes populações, apresentando dois alelos, com tamanhos de banda facilmente distinguíveis. A banda de maior peso molecular (130 pb) foi associada às linhagens de escurecimento normal dos grãos (alelo *Sd*) e a banda de menor peso molecular (120 pb) foi associada às cultivares BRSMG Madrepérola e SDIP-1, portanto, ao alelo *sd*, de escurecimento lento (Elsadr et al., 2011; Felicetti et al., 2012; Couto et al., 2010).

A presença de polimorfismo associado ao marcador Pvsd-1158 gera expectativa da contribuição do mesmo para incremento dos ganhos com a seleção de linhagens promissoras para escurecimento de grãos, com o reforço de mais uma ferramenta, a seleção assistida por marcadores moleculares. A utilidade de um determinado marcador é dependente da sua capacidade em revelar polimorfismos na sequência de nucleotídeos que permitam discriminação entre os diferentes alelos dos marcadores moleculares (Francia et al., 2005). Esse marcador apresentou elevada eficiência para a seleção assistida por marcadores moleculares para a classe comercial de feijões *pinto* (Felicetti et al., 2012), porém até o momento, não se sabia sobre sua eficiência para o feijão carioca.

Após a análise das linhagens com o marcador Pvsd-1158 foram identificadas 69 linhagens portadoras do alelo *sd* e, portanto, associadas ao escurecimento lento dos grãos, 132 linhagens portadoras do alelo *Sd* e 17 linhagens portadoras dos dois alelos, portanto, heterozigotas. Duas linhagens não apresentaram amplificação de DNA, a suspeita foi

de falha na extração do DNA e/ou na diluição da solução de estoque. Teoricamente, sempre haverá genótipos heterozigotos após sucessivas gerações de autofecundação, mas em proporção muito baixa. Associado a isso, pode ter ocorrido que, em meio à amostra de 10 sementes semeadas para compor o “bulk” para extração de DNA das linhagens, haja plantas homozigotas para grãos claros e para grãos escuros, e ao serem misturadas, produziram a falsa impressão de heterozigose da linhagem.

De acordo com as estimativas do teste de qui-quadrado (Tabela 5.4), a segregação nas populações BRSMG Madrepérola x BRS Cometa e BRSMG Madrepérola x BRS Notável se ajustaram a segregação testada (1:1), indicando a presença de apenas 1 gene segregando. Os resultados obtidos corroboram com os apresentados por Felicetti et al. (2012), ao avaliarem a segregação genotípica de 1:2:1 de três populações segregantes na geração F_{2.3}. Logo, os resultados indicam um único gene de herança recessiva no controle do caráter escurecimento lento dos grãos em feijão carioca.

Tabela 5.4. Teste qui-quadrado da segregação genotípica da geração F_{5.7}, para o marcador microssatélite polimórfico Pvsd-1158.

Genótipos	Tipo de segregação	Frequência observada		χ^2	p (%)
		EL	EN		
Populações	Monogênica	68	128	18,36	0,0018
BRSMG Madrepérola x CNFC 10429	Monogênica	15	37	9,31	0,2281
BRSMG Madrepérola x BRS Estilo	Monogênica	12	35	11,26	0,0793
BRSMG Madrepérola x BRS Cometa	Monogênica	22	27	0,51	47,5050
BRSMG Madrepérola x BRS Notável	Monogênica	19	29	2,08	14,8914

Para as populações BRSMG Madrepérola x BRS Estilo e BRSMG Madrepérola x CNFC 10429, a frequência observada não se ajustou à frequência esperada (Tabela 5.4). O que pode explicar a distorção da segregação esperada é o fato de as populações segregantes terem sido conduzidas em bulk nas gerações F₂ a F₅. De acordo com Carneiro & Vieira (2002), a distorção de segregação pode ser causada, por exemplo, pelo efeito de amostragem ou viabilidade diferencial de gametas.

Como estimativa da distância entre o gene de escurecimento de grãos e o marcador Pvsd-1158 em populações de feijão carioca, foram obtidas as frequências de recombinantes na região (Tabela 5.5). A porcentagem de recombinantes, considerando as populações em geral variou de 2,8 a 5,6%, para a média dos ambientes e Brasília primeiro plantio, respectivamente. Portanto, pode-se dizer que a distância entre o gene e o marcador

variou de 2,8 a 5,6 cM. A menor distância obtida foi de 1,8 cM, para a população BRSMG Madrepérola x CNFC 10429 em Brasília segundo plantio e na média dos ambientes. A população BRSMG Madrepérola x BRS Estilo apresentou a maior porcentagem de recombinantes em todos os ambientes analisados. De modo geral, houve variação na frequência de recombinação entre os diferentes ambientes, confirmando a existência da interação genótipos x ambientes. Entretanto, essa variação foi baixa, mostrando que o efeito dessa interação é pequeno.

Para feijões tipo *pinto*, Felicetti et al. (2012) obtiveram distância de 0,4 cM entre o gene *sd* e o marcador Pvsd-1158. Para a população BRSMG Madrepérola x BRS Estilo, a distância foi cerca de 10 vezes maior que a obtida pelos autores. Provavelmente isso se deve ao tamanho das populações avaliadas. Em seu estudo, Silva et al. (2007) concluíram que a precisão das estimativas de distância entre o marcador e o gene melhora com o aumento do tamanho da população em estudo. Ou ainda, que recombinações aconteceram na região entre o gene e o marcador para a população de feijão carioca, provocando aumento da distância estimada.

Tabela 5.5. Frequência de tipos recombinantes baseada no número de coincidências entre o escurecimento dos grãos (claros ou escuros) após o armazenamento e o alelo correspondente, fornecido pelo marcador Pvsd-1158, em Santo Antônio de Goiás (Sto), Brasília primeiro (Bra1) e segundo (Bra2) e para análise conjunta dos três ambientes.

Genótipos	Total	R ¹ FR ²		R FR		R FR		R FR	
		Sto		Bra1		Bra2		Conjunta	
Populações	213	8	3,8	12	5,6	8	3,8	6	2,8
BRSMG Madrepérola x CNFC 10429	55	2	3,6	2	3,6	1	1,8	1	1,8
BRSMG Madrepérola x BRS Estilo	50	3	6,0	5	10,0	3	6,0	2	4,0
BRSMG Madrepérola x BRS Cometa	54	1	1,9	2	3,7	2	3,7	1	1,9
BRSMG Madrepérola x BRS Notável	54	2	3,7	3	5,6	2	3,7	2	3,7

¹número de recombinantes; ²frequência de recombinantes, em %.

Como exemplo de recombinantes, observa-se a linhagem (8), a CNFC 16722 (Figura 5.1). Essa linhagem apresentou os dois alelos *Sd* e *sd*, o que não era esperado, pois é uma linhagem fenotipicamente identificada como de escurecimento lento e, portanto,

portadora apenas do alelo *sd*. As linhagens recombinantes identificadas foram novamente genotipadas a partir do marcador Pvsd-1158, a fim de averiguar os resultados obtidos, confirmando a presença dos alelos.

Esses resultados “falso-positivos” ocorreram pela presença de permuta genética entre o marcador e o alelo de escurecimento, provocando distorção nos resultados obtidos. A linhagem CNFC 16722 (linhagem 8, Figura 5.1) pertence à população BRSMG Madrepérola x CNFC 10429. Foi observada a presença de pelo menos uma linhagem recombinante em cada população (Tabela 5.5). Estes resultados reforçam a hipótese levantada por Felicetti et al. (2012), de que um evento recombinante entre o gene *sd* e o marcador ocorreu em um ancestral em comum em gerações iniciais dos genitores, para linhagens oriundas do mesmo cruzamento.



Figura 5.1. Gel de agarose com visualização dos produtos de amplificação de DNA obtidas com o marcador Pvsd-1158, ligado ao alelo “*sd*” associado ao escurecimento lento dos grãos. Na sequência, temos: 1-SDIP-1, 2-Stampede, 3-BRSMG Madrepérola, 4-BRS Estilo, 5-BRS Cometa, 6-CNFC 16720, 7-CNFC 16721, 8-CNFC 16722, 9-CNFC 16723, 10-CNFC 16724, 11-CNFC 16725, 12-CNFC 16726, 13-CNFC 16727, 14-CNFC 16728, 15-CNFC 16729, 16-CNFC 16730, 17-CNFC 16731, 18-CNFC 16732 e 18-CNFC 16733.

Quanto mais distante fisicamente estiver um marcador do alelo de interesse, maior a probabilidade de ocorrência de falsos positivos, isto é, plantas com o marcador, mas sem o alelo de interesse (Ramalho et al., 2012). Portanto, é desejável que estejam identificados e validados marcadores que sejam próximos ao alelo de interesse, diminuindo a chance de ocorrência de recombinantes.

A seleção fenotípica a partir da indução dos grãos ao escurecimento prolongado foi adequada para a validação do marcador nas populações segregantes para escurecimento lento dos grãos. Os resultados demonstram que o marcador molecular Pvsd-1158 foi

eficiente na seleção de linhagens com o alelo de escurecimento lento dos grãos (*sd*), para as quatro populações de feijão carioca em estudo. E houve consistência dos resultados com a variação do ambiente de avaliação fenotípica. De tal modo, os resultados obtidos corroboram com Felicetti et al. (2012).

A eficiência de seleção do marcador Pvsd-1158 foi alta para as populações (Tabela 5.6), em todos ambientes analisados. Assim, as linhagens selecionadas fenotipicamente foram praticamente as mesmas selecionadas pelo marcador.

Felicetti et al. (2012) não apresentaram valores de eficiência de seleção para as populações testadas, no entanto, os genótipos selecionados fenotipicamente como de escurecimento lento e normal foram os mesmos, indicando eficiência de seleção alta, de acordo com os resultados obtidos nesse trabalho, cujos valores de eficiência de seleção variaram de 90,0 a 98,2% para os diferentes ambientes (Tabela 5.6).

Tabela 5.6. Eficiência de seleção do marcador Pvsd-1158 para seleção de linhagens com escurecimento lento dos grãos, em Santo Antônio de Goiás (Sto) e Brasília, primeiro (Bra1) e segundo (Bra2) plantio, e com base na média da análise conjunta.

Genótipos	Eficiência de seleção (%)			
	Sto	Bra1	Bra2	Conjunta
Populações	96,2	94,4	96,2	97,2
BRSMG Madrepérola x CNFC 10429	96,4	96,4	98,2	98,2
BRSMG Madrepérola x BRS Estilo	94,0	90,0	94,0	96,0
BRSMG Madrepérola x BRS Cometa	98,1	96,3	96,3	98,1
BRSMG Madrepérola x BRS Notável	96,3	94,4	96,3	96,9

Conforme relatado por Felicetti et al. (2012), até o momento não haviam sido testadas linhagens de feijão carioca com escurecimento normal dos grãos para o marcador Pvsd-1158. Sua utilização na classe comercial carioca foi avaliada em quatro linhagens de escurecimento lento derivadas da linhagem *pinto* 1533-15, oriundas do programa melhoramento da Universidade de Saskatchewan – Canadá. Os resultados da amplificação de DNA com o marcador Pvsd-1158 e a elevada correspondência entre os dados fenotípicos sugerem que o loco que controla o escurecimento lento em feijões *pinto* seja o mesmo para o feijão carioca. Igualmente, para as quatro populações, o marcador permitiu uma classificação segura das linhagens portadoras do gene *sd*. Ainda havendo interação de genótipos com ambientes para o caráter, o marcador mostrou-se consistente e confiável na geração dos resultados.

Os resultados reforçam o potencial do marcador na seleção assistida para escurecimento lento dos grãos, especialmente por ser um marcador co-dominante e o gene *sd* ser de herança recessiva (Elsadr et al., 2011). A utilização desse tipo de marcador nas gerações segregantes iniciais tem potencial para aumentar a eficiência dos programas de melhoramento por fixar genótipos homocigotos desejáveis nas primeiras gerações (Guimarães et al., 2009), na geração F₂, por exemplo. Vale ressaltar que a validação do marcador se deu em populações de melhoramento. Para escurecimento de grãos a seleção assistida torna-se particularmente uma estratégia, pois a seleção fenotípica deve ser realizada em grãos expostos a algum tipo de indução de escurecimento. E o uso desse marcador pode ser utilizado como referência para desenvolver novos marcadores.

5.3.2.2 Marcador molecular microsatélite PVM02TC116

Quanto ao marcador PVM02TC116, a presença de polimorfismo foi detectada apenas entre os genitores BRSMG Madrepérola e a linhagem CNFC 10429, justificando a genotipagem das linhagens apenas dessa população. Este resultado concorda com Couto et al. (2010), que identificaram a presença de polimorfismo para esse marcador entre os genitores de feijão carioca BRSMG Madrepérola e BRSMG Majestoso. A não detecção de polimorfismo para os genitores das populações BRSMG Madrepérola x BRS Estilo, BRSMG Madrepérola x BRS Cometa e BRSMG Madrepérola x BRS Notável se deu provavelmente porque houve recombinações na região, que provocando a separação do marcador com o gene nessas três populações.

A cultivar BRSMG Madrepérola apresentou um alelo, de tamanho de 175 pb, já a linhagem CNFC 10429 apresentou outro alelo de tamanho de 191 pb (Figura 5.2). Os genitores BRSMG Madrepérola, BRS Estilo, BRS Cometa e BRS Notável revelaram bandas fracas e inespecíficas. A presença desse tipo de banda em marcadores microsatélites é atribuída como uma das desvantagens do marcador, que podem dificultar a acurada avaliação dos polimorfismos (Faleiro & Santos, 2004; Faleiro, 2007).

O teste de segregação do marcador PVM02TC116 para escurecimento de grãos na população BRSMG Madrepérola x CNFC 10429 não se ajustou à segregação esperada de 1:1. A probabilidade associada à estimativa foi significativa a 1% de probabilidade. Couto et al. (2010) também obtiveram desvio do teste qui-quadrado significativo para o marcador, indicando que ele apresentou segregação distorcida em relação à esperada. Os

autores utilizaram para estimação 185 progênies $F_{2:3}$ derivadas do cruzamento de VC-3 (BRSMG Madrepérola) e BRSMG Majestoso.

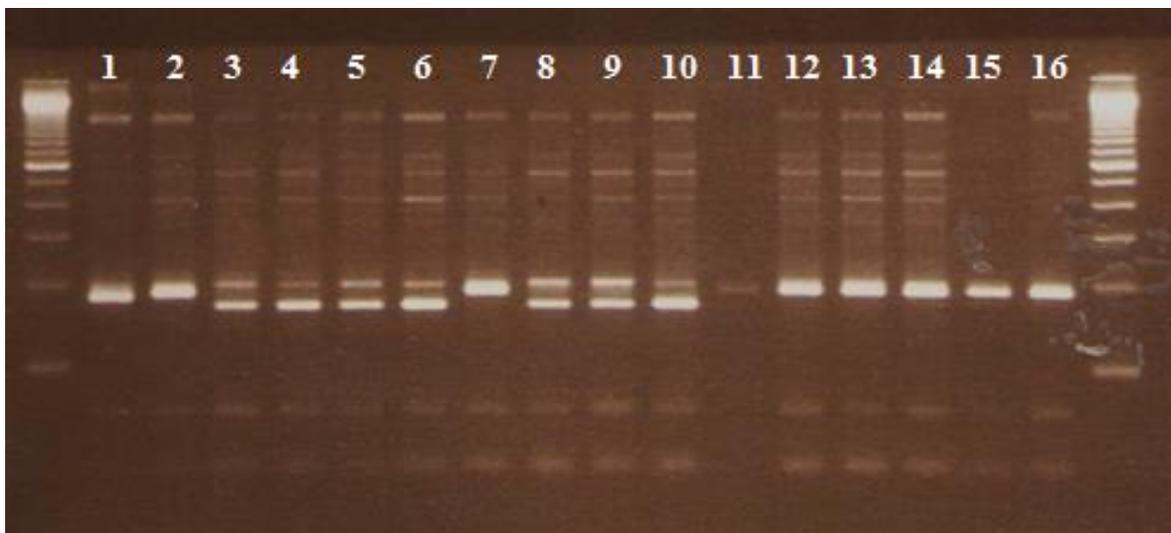


Figura 5.2. Gel de agarose com visualização dos produtos de amplificação de DNA obtidas com o marcador PVM02TC116, ligado ao alelo “*sd*” associado ao escurecimento lento dos grãos. Na sequência da esquerda para direita: 1-SDIP-1, 2-Stampede, 3-BRSMG Madrepérola, 4-BRS Estilo, 5-BRS Cometa, 6-BRS Notável, 7-CNFC 10429, 8-CNFC 16688, 9-16689, 10-CNFC 16697, 11-CNFC 16702, 12-CNFC 16714, 13-CNFC 16718, 14-CNFC 16691, 15-CNFC 16721 e 16-CNFC 16722.

Como estimativa da distância entre o gene de escurecimento de grãos e o marcador PVM02TC116 em populações de feijão carioca, foram obtidas as frequências de recombinantes na região (Tabela 5.7). A porcentagem de recombinantes para a população BRSMG Madrepérola x CNFC 10429 variou de 35,3 a 37,3% para os ambientes estudados. Admitindo-se que a distância entre dois genes e/ou marcador é igual a porcentagem de recombinantes entre eles (Cruz & Silva, 2009), pode-se dizer que a distância entre o gene e o marcador variou de 35,3 a 37,3 cM, considerado distante do alelo de interesse. Para o marcador Pvsd-1158 a população BRSMG Madrepérola x CNFC 10429 apresentou a menor distância (1,8 cM) para a média dos ambientes (Tabela 5.5).

Este resultado concorda com os apresentados por Alves (2014), que o marcador também apresentou polimorfismo para os genitores BRSMG Madrepérola e RP-2; no entanto, explicou apenas 2% da variação fenotípica, não sendo caracterizado pelos autores como eficiente para a seleção assistida. Em contrapartida, Couto (2010) relata que o marcador cossegrega com o QTL que controla o escurecimento de grãos, para a população

VC-3 (BRSMG Madrepérola) x BRS Majestoso, apresentando frequência de recombinação igual a zero e, portanto, ideal para a seleção assistida do caráter.

Tabela 5.7. Frequência de tipos recombinantes (FR (%)) baseada no número de coincidências entre o escurecimento dos grãos e o alelo correspondente fornecido pelo marcador PVM02TC116 e eficiência de seleção (ES (%)), nos três ambientes e para a média dos três ambientes, para a população BRSMG Madrepérola x CNFC 10429.

	Sto	Bra1	Bra2	Conjunta
Total	51	51	51	51
Recombinantes	19	19	18	18
FR (%)	37,3	37,3	35,3	35,3
ES (%)	62,7	62,7	64,7	70,6

A eficiência de seleção do marcador PVM02TC116 para a seleção de linhagens de grãos claros foi variável entre os ambientes (Tabela 5.7), variando de 62,7 a 70,6%. A eficiência obtida foi menor que a apresentada pelo marcador Pvsd-1158 para a população BRSMG Madrepérola x CNFC 10429 (Tabela 5.6). No ambiente de Santo Antônio de Goiás e Brasília primeiro plantio, a frequência de recombinação foi de 3,6%, já para Brasília segundo plantio e para a média dos ambientes a frequência foi de 1,8%, para o marcador Pvsd-1158, enquanto que para o marcador PVM02TC116 as frequências obtidas foram superiores a 35%.

Após a genotipagem das linhagens com o marcador PVM02TC116 da população BRSMG Madrepérola x CNFC 10429 foi possível concluir que esse marcador não foi promissor para a seleção assistida por marcadores moleculares para escurecimento de grãos. A sua utilização é, pois, inviável, pela falta de consistência entre os resultados genotípicos e fenotípicos. Além disso, o marcador PVM02TC116 não foi polimórfico no monitoramento da presença do alelo favorável nas populações BRSMG Madrepérola x BRS Estilo, BRSMG Madrepérola x BRS Cometa e BRSMG Madrepérola x BRS Notável.

5.4 CONCLUSÃO

i O marcador Pvsd-1158 apresenta elevada eficiência na identificação de linhagens de grãos carioca portadoras do alelo de escurecimento lento, em diferentes populações segregantes, podendo ser incorporado no processo de seleção assistida por marcadores;

ii O marcador PVM02TC116 não é promissor para a seleção assistida por marcadores moleculares para escurecimento lento de grãos.

5.5 REFERÊNCIAS

ALVES, F. C. **Eficiência da seleção assistida por marcadores moleculares para o escurecimento tardio de grãos em feijão-comum**. 2014. 64 f. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas), Universidade Federal de Lavras, Lavras, 2014.

ALZATE-MARIN, A. L.; CERVIGNI, G. D. L.; MOREIRA, M. A.; BARROS, E. G. Seleção assistida por marcadores moleculares visando ao desenvolvimento de plantas resistentes a doenças, com ênfase em feijoeiro e soja. **Fitopatologia Brasileira**, Lavras, v. 30, n. 4, p. 333-342, 2005.

ARAÚJO, L. C. A.; RAMALHO, M. A. P.; ABREU, A. F. B. Estimates of genetic parameters of late seed-coat darkening of carioca type dry beans. **Ciência e Agrotecnologia**, Lavras, v. 36, n. 2, p. 156-162, 2012.

BLAIR, M. W.; GIRALDO, M. C.; BUENDÍA, H. F.; TOVAR, E.; DUQUQ, M. C.; BEEB, S. E. Microsatellite marker diversity in common bean (*Phaseolus vulgaris* L.). **Theoretical Applied Genetics**, Berlim, v. 113, n. 1, p. 100-109, 2006.

CARNEIRO, M. S.; VIEIRA, M. L. Mapas genéticos em plantas. **Bragantia**, Campinas, v. 61, n. 2, p. 89-100, 2002.

CARNEIRO, J. E. S.; ABREU, A. F. B.; RAMALHO, M. A. P.; PAULA JÚNIOR, T. J.; DEL PELOSO, M. J.; MELO, L. C.; PEREIRA, H. S.; PEREIRA FILHO, I. A.; MARTINS, M.; VIEIRA, R. F.; MARTINS, F. A. D.; COELHO, M. A. O.; CARNEIRO, P. C. S.; MOREIRA, J. A. A.; SANTOS, J. B.; FARIA, L. C.; COSTA, J. G. C.; TEIXEIRA, H. BRSMG Madrepérola: common bean cultivar with late-darkening Carioca grain. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, Viçosa, v. 4, n. 12, p. 281-284, 2012.

COUTO, K. R.; SANTOS, J. B.; RAMALHO, M. A. P.; SILVA, G. S. Identificação de marcadores moleculares microssatélites relacionados ao escurecimento de grãos em feijão, **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 45, n. 11, p. 1268-1274, 2010.

CRUZ, C. D.; SILVA, L. C. Análise de marcadores moleculares. In: BORÉM, A.; CAIXETA, E. T. **Marcadores moleculares**. 2. ed. Viçosa: Universidade Federal de Viçosa, 2009. cap. 9, p. 371-442.

DEL PELOSO, M.J.; MELO, L.C. **Potencial de rendimento da cultura do feijoeiro comum**. Santo Antônio de Goiás: Embrapa Arroz e Feijão, 2005. 131p.

DUNCAN, R. W.; GILBERTSON, R. L.; SINGH, S. P. Direct and marker-assisted selection for resistance to common bacterial blight in common bean. **Crop Science**, Madison, v. 52, n. 4, p. 1511-1521, 2012.

ELSADR, H. T.; WRIGHT, L. C.; PAULS, K. P.; BETT, K. E. Characterization of seed coat post-harvest darkening in common bean (*Phaseolus vulgaris* L.). **Theoretical Applied Genetics**, Berlim, v. 123, n. 8, p. 1467-1472, 2011.

ENDER, M.; TERPSTRA, K.; KELLY, J. D. Marker-assisted selection for white mold resistance in common bean. **Molecular Breeding**, East Lansing, v. 21, n. 2, p. 149-157, 2008.

Embrapa Arroz e Feijão. Home Page, 2014. Disponível em: <<https://www.embrapa.br/arroz-e-feijao/produtos-processos-e-servicos>>. Acesso em: 22/02/2015.

FALEIRO, A. S. G.; SANTOS, M. C. M. Variability in cacao accessions from the Brazilian Ecuadorian, and Peruvian Amazons based on molecular markers. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, Viçosa, v.4, n. 1, p. 227-233, 2004.

FALEIRO, F. G. **Marcadores genético-moleculares aplicados a programas de conservação e uso de recursos genéticos**. Planaltina: Embrapa Cerrados, 2007. 102 p.

FARIA, L. C.; DEL PELOSO, M. J.; MELO, L. C.; COSTA, J. G. C.; RAVA, C. A.; DÍAZ, J. L. C.; FARIA, J. C.; SILVA, H. T.; SARTORATO, A.; BASSINELLO, P. C.; TROVO, B. F. BRS Cometa: a carioca common bean cultivar with erect growth habit. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, Viçosa, v. 2, n. 8, p. 167-169, 2008.

FELICETTI, E.; SONG, Q.; JIA, G.; CREGAN, P.; BETT, K. E.; MIKLAS, P. N. Simple sequence repeats linked with slow darkening trait in pinto bean discovered by single nucleotide polymorphism assay and whole genome sequence. **Crop Science Society of America**, Madison, v. 52, n. 4, p. 1600-1608, 2012.

FRANCIA, E.; TACCONI, G.; CROSATTI, C.; BARABASCHI, D.; BULGARELLI, D.; DALL'AGLIO, E.; VALÈ, G. Marker assisted selection in crop plants. **Plant Cell, Tissue and Organ Culture**, v. 82, n. 3, p. 317-342, 2005.

GUIMARÃES, C. T.; SCHUSTER, I.; MAGALHÃES, J. V.; SOUSA JÚNIOR, C. L. Marcadores moleculares no melhoramento. In: BORÉM, A.; CAIXETA, E. T. **Marcadores moleculares**. 2. ed. Viçosa: Universidade Federal de Viçosa, 2009. cap. 3, p. 103-128.

GUPTA, P. K.; VARSHNEY, R. K.; SHARMA, P. C.; RAMESH, B. Molecular markers and their applications in wheat breeding. **Plant Breeding**, Berlim, v. 118, n. 5, p. 369-390, 1999.

JUNK-KNIEVEL, D. C.; VANDENBERG, A.; BETT, K. An accelerated post-harvested seed coat darkening protocol for pinto beans grown across different environments. **Crop Science**, Madison, v. 47, n. 2, p. 694-702, 2007.

JUNK-KNIEVEL, D. C.; VANDERBERG, A.; BETT, K. E. Slow darkening in pinto bean (*Phaseolus vulgaris* L.) seed coats is controlled by a single major gene. **Crop Science**, Madison, v, 48, n. 1, p. 189-193, 2008.

MELO, L. C.; DEL PELOSO, M. J.; PEREIRA, H. S.; FARIA, L. C.; COSTA, J. G. C.; DÍAZ, J. L. C.; RAVA, C. A.; WENDLAND, A.; ABREU, A. F. B. BRS Estilo – Common bean cultivar with Carioca grain, upright growth and high yield potential. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, Viçosa, v. 10, n. 4, p. 377-379, 2010.

MIKLAS, P. N.; LARSEN, R. C.; RILEY, R.; KELLY, J. D. Potential marker-assisted selection for *bc-1²* resistance to bean common mosaic potyvirus in common bean. **Euphytica**, Heidelberg, v. 116, n. 3, p. 211-219, 2000.

O'BOYLE, P. D.; KELLY, J. D. Use of marker-assisted selection to breed resistance to common bacterial blight in common bean. **Journal of the American Society for Horticultural Science**, Alexandria, v. 132, n. 3, p. 381-386, 2007.

OLIVEIRA, E. J.; ALZATE-MARIN, A. L.; BORÉM, A.; FAGUNDES, S. A.; BARROS, E. G.; MOREIRA, M. A. Molecular marker-assisted selection for development of common bean lines resistant to angular leaf spot. **Plant Breeding**, Berlim, v. 124, n. 6, p. 572-575, 2005.

OSORNO, J. M.; GRAFTON, K. F.; ROJAS-CIFUENTES, G. A.; GELIN, R.; WAL, A. J. V. Registration of 'Lariat' and 'Stampede'. **Journal of Plants Registrations**, Davis, v. 4, n. 1, p. 5-11, 2010.

PEREIRA, H. S.; WENDLAND, A.; MELO, L. C.; DEL PELOSO, M. J.; FARIA, L. C.; COSTA, J. G. C.; NASCENTE, A. S.; DÍAZ, J. L. C.; CARVALHO, H. W. L.; ALMEIDA, V. M.; MELO, C. L. P.; COSTA, A. F.; POSSE, S. C. P.; SOUZA, J. F.; ABREU, A. F. B.; MAGALDI, M. C. S.; GUIMARÃES, C. M.; OLIVEIRA, J. P. BRS Notável: a médium-early-maturing, disease-resistant Carioca common bean cultivar with high yield potential. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, Viçosa, v. 12, n. 3, p. 220-223, 2012.

RAMALHO, M. A. P.; SANTOS, J. B.; PINTO, C. A. B. P. **Genética na agropecuária**. 4. ed. Lavras: Editora UFLA, 2008. 463 p.

RAMALHO, M. A. P.; ABREU, A. F. B.; SANTOS, J. B.; NUNES, J. A. R. **Aplicação da genética quantitativa no melhoramento de plantas autógamas**. Lavras: Editora UFLA, 2012. 522 p.

RIBEIRO, N. D.; JOST, E.; CARGNELUTTI FILHO, A. Efeitos da interação genótipos x ambiente no ciclo e na coloração do tegumento dos grãos do feijoeiro-comum. **Bragantia**, Campinas, v. 63, n. 3, p. 373-380, 2004.

SAKIYAMA, N. S.; RAMOS, H. C. C.; CAIXETA, E. T.; PEREIRA, M. G. Plant breeding with marker-assisted selection in Brazil. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, Viçosa, v. 14, n. 1, p. 64-60, 2014.

SARTORI, M. R. Armazenamento. In: ARAÚJO, S. A.; RAVA, C. A.; STONE, L. F.; ZIMMERMANN, M. J. O. **Cultura do feijoeiro comum no Brasil**. Piracicaba: Potafos, 1996. p. 543-558.

SCHUSTER, I. Marker-assisted selection for quantitative traits. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, Viçosa, v. 11, n. S1, p. 50-55, 2011.

SILVA, G. S. **Controle genético do escurecimento precoce de grãos de feijão tipo carioca**. 2007. 62 f. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas) -Escola de Agronomia, Universidade Federal de Lavras, Lavras, 2007.

SILVA, L. C.; CRUZ, C. D.; MOREIRA, M. A.; BARROS, E. G. Simulation of population size and genome saturation level for genetic mapping of recombinant inbred lines (RILs). **Genetics and Molecular Biology**, Ribeirão Preto, v. 30, n. 4., p. 1101-1108, 2007.
SILVA, M. F.; SCHUSTER, I.; SILVA, J. F. V.; FERREIRA, A.; BARROS, E. G.; MOREIRA, M. A. Validation of microsatellite markers for assisted selection of soybean resistance to cyst nematode races 3 and 14. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 42, n. 8, p. 1143-1150, 2007.

SILVA, G. S.; RAMALHO, M. A. P.; ABREU, A. F. B; SILVA, F. B. Genetic control of early grain darkening of carioca common bean. **Crop Breeding And Applied Biotechnology**, Viçosa, v. 8, n. 4, p. 299-304, 2008.

SILVA, F. C. **Potencial genético de populações segregantes de feijoeiro-comum para escurecimento e cocção dos grãos**. 2012. 104 f. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas) -Escola de Agronomia, Universidade Federal de Goiás, Goiânia, 2012.

SILVA, F. C.; MELO, P. G. S.; PEREIRA, H. S.; MELO, L. C. Genetic control and estimation of genetic parameters for seed-coat darkening of carioca beans. **Genetics and Molecular Research**, Ribeirão Preto, v. 13, n. 3, p. 6486-6496, 2014.

SINGH, S. P.; TÉRAN, H.; LEMA, M.; DENNIS, M. F.; HAYES, R. Registration of slow darkening pinto bean germplasm line SDIP-1. **Crop Science**, Madison, v. 46, n. 6, p. 2726-2727, 2006.

SIQUEIRA, B. S.; PEREIRA, W. J.; BATISTA, K.; OOMAH, B. D.; FERNANDES, K. F.; BASSINELLO, P. Z. Influence of storage on darkening and hardening of slow-and regular-darkening carioca bean (*Phaseolus vulgaris* L.) genotypes. **Journal of Agricultural Studies**, Las Vegas, v. 2, n. 2, p. 87-104, 2014.

SOUZA, T. L. P. O.; RAGAGNIN, V. A.; DESSAUNE, S. N.; SANGLARD, D. A.; CARNEIRO, J. E. S.; MOREIRA, M. A.; BARROS, E. G. DNA marker-assisted selection to pyramid rust resistance genes in “carioca” seeded common bean lines. **Euphytica**, Heidelberg, v. 199, n. 3, p. 303-316, 2014.

TORGA, P. P.; SANTOS, J. B.; PEREIRA, H. S., FERREIRA, D. F.; LEITE, M. E. Seleção de famílias de feijoeiro baseada na produtividade, tipo de grãos e informações de QTLs. **Ciência e Agrotecnologia**, Lavras, v. 34, n. 1, p. 95-100, 2010.

XU, Y.; CROUCH, J. H. Marker-assisted selection in plant breeding: from publications to practice. **Crop Science**, Madison, v. 48, n. 2, p. 391-407, 2008.

6 CONCLUSÕES GERAIS

- i As estimativas de herdabilidade, variância genética e ganho esperado com a seleção para as quatro populações são elevadas, indicando boa possibilidade de sucesso com a seleção para escurecimento lento dos grãos;
- ii Para produtividade, arquitetura de plantas e massa de cem grãos, as estimativas de herdabilidade e variância genética são elevadas, no entanto, não evidencia altos ganhos com a seleção simultânea;
- iii As quatro populações possibilitaram a obtenção de linhagens com escurecimento lento dos grãos, sendo BRSMG Madrepérola x BRS Estilo e BRSMG Madrepérola x BRS Cometa as que forneceram maior número de linhagens que associaram o escurecimento lento com arquitetura ereta, alta produtividade e tamanho comercial de grãos;
- iv Não existe correlação genética importante entre o escurecimento e o tempo de cocção dos grãos, sendo assim, grãos claros não são indicativos de baixo tempo de cocção, quando são considerados genótipos com variação genética para o escurecimento dos grãos;
- v Os métodos de indução de escurecimento dos grãos, acelerado e prolongado, permitem discriminar as linhagens que possuem escurecimento lento e normal e fornecem informações semelhantes, o que permite a utilização de qualquer um dos dois, dependendo da necessidade;
- vi O marcador Pvsd-1158 apresenta elevada eficiência na identificação de linhagens de grãos carioca portadoras do alelo de escurecimento lento, em diferentes populações segregantes, podendo ser incorporado no processo de seleção assistida por marcadores;
- vii O marcador PVM02TC116 não é promissor para a seleção assistida por marcadores moleculares para escurecimento lento de grãos.

APÊNDICES

Apêndice A. Resumo da análise de variância individual para produtividade de grãos, escurecimento de grãos, arquitetura de plantas e massa de 100 grãos das populações de feijoeiro-comum avaliadas em Santo Antônio de Goiás na safra de inverno de 2012.

FV	GL	Produtividade		Escurecimento		Arquitetura		Massa de 100 grãos	
		QM	P-valor	QM	P-valor	QM	P-valor	QM	P-valor
Blocos	2	325.619	0,5860	0,203	0,4592	1,735	0,0035	8,952	0,0002
Tratamentos	224	1.263.965	0,0000	3,534	0,0000	0,676	0,0000	10,753	0,0000
Linhagens das Pop(s)	219	1.268.928	0,0000	3,509	0,0000	0,686	0,0000	10,967	0,0000
Linhagens da Pop1 ¹	54	1.037.167	0,0022	2,540	0,0000	0,907	0,0000	11,571	0,0000
Linhagens da Pop2 ²	53	971.775	0,0067	3,291	0,0000	0,550	0,0007	15,032	0,0000
Linhagens da Pop3 ³	54	1.249.255	0,0000	4,294	0,0000	0,761	0,0000	7,038	0,0000
Linhagens da Pop4 ⁴	55	1.607.006	0,0000	4,060	0,0000	0,345	0,2363	8,867	0,0000
Tipos de Pop.	3	4.846.355	0,0000	1,527	0,0092	3,985	0,0000	37,490	0,0000
Genitores	4	800.804	0,2631	5,600	0,0000	0,333	0,3551	1,555	0,2010
Pops vs. Genitores	1	2.029.627	0,0685	0,703	0,1007	0,001	0,9458	0,768	0,3899
Erro	448	608.520		0,260		0,303		1,036	
CV(%)		14,8		17,5		10,6		4,2	
Média		5257 Kg/ha		2,9		5,2		24,4 g	
AS		0,72		0,96		0,74		0,95	

¹BRSMG Madrepérola x CNFC 10429; ²BRSMG Madrepérola x BRS Estilo; ³BRSMG Madrepérola x BRS Cometa; ⁴BRSMG Madrepérola x BRS Notável.

Apêndice B. Resumo da análise de variância individual para produtividade de grãos (kg ha^{-1}), escurecimento de grãos (escala de notas de 1 a 5), arquitetura de plantas e massa de 100 grãos das populações de feijoeiro-comum avaliadas em Brasília – primeiro plantio, na safra de inverno de 2012.

FV	GL	Produtividade		Escurecimento		Arquitetura		Massa de 100 grãos	
		QM	P-valor	QM	P-valor	QM	P-valor		
Blocos	1	4.107.360	0,0001	0,009	0,9378	0,088	0,6702	4,702	0,0225
Tratamentos	224	693.183	0,0000	1,291	0,0000	0,571	0,0000	7,508	0,0000
Linhagens das Pop(s)	219	694.534	0,0000	1,273	0,0000	0,561	0,0000	7,660	0,0000
Linhagens da Pop1 ¹	54	591.853	0,0000	0,948	0,0000	0,813	0,0000	6,953	0,0000
Linhagens da Pop2 ²	53	809.772	0,0000	1,326	0,0000	0,524	0,0000	11,088	0,0000
Linhagens da Pop3 ³	54	625.401	0,0000	1,431	0,0000	0,410	0,0004	6,005	0,0000
Linhagens da Pop4 ⁴	55	692.930	0,0000	1,277	0,0000	0,393	0,0008	6,216	0,0000
Tipos de Pop.	3	1.780.745	0,0001	3,270	0,0000	2,445	0,0000	16,072	0,0000
Genitores	4	527.137	0,0684	2,600	0,0000	0,394	0,1298	0,985	0,3535
Pops vs. Genitores	1	1.061.423	0,0360	0,013	0,7592	3,603	0,0001	0,433	0,4860
Erro	224	239.944		0,138		0,220		0,891	
CV(%)		17,4		13,0		10,0			3,9
Média		2819 Kg/ha		2,9		4,7			24,0 g
AS		0,81		0,94		0,78			0,94

¹BRSMG Madrepérola x CNFC 10429; ²BRSMG Madrepérola x BRS Estilo; ³BRSMG Madrepérola x BRS Cometa; ⁴BRSMG Madrepérola x BRS Notável.

Apêndice C. Resumo da análise de variância individual para produtividade de grãos (kg ha^{-1}), escurecimento de grãos (escala de notas de 1 a 5) e arquitetura de plantas das populações de feijoeiro-comum avaliadas em Brasília – segundo plantio, na safra de inverno de 2012.

FV	GL	Produtividade		Escurecimento		Arquitetura		Massa de 100 grãos	
		QM	P-valor	QM	P-valor	QM	P-valor	QM	P-valor
Blocos	2	2.949.118	0,0000	5,081	0,0000	0,024	0,9100	11,959	0,0096
Tratamentos	224	627.622	0,0000	3,170	0,0000	0,878	0,0000	16,851	0,0000
Linhagens das Pop(s)	219	639.326	0,0000	3,160	0,0000	0,868	0,0000	17,122	0,0000
Linhagens da Pop1 ¹	54	576.699	0,0000	2,904	0,0000	0,878	0,0000	15,065	0,0000
Linhagens da Pop2 ²	53	481.455	0,0006	2,424	0,0000	0,853	0,0000	22,332	0,0000
Linhagens da Pop3 ³	54	614.739	0,0000	3,560	0,0000	0,784	0,0000	13,954	0,0000
Linhagens da Pop4 ⁴	55	753.425	0,0000	3,746	0,0000	0,797	0,0000	15,997	0,0000
Tipos de Pop.	3	2.906.400	0,0000	2,872	0,0000	3,793	0,0000	39,742	0,0000
Genitores	4	65.455	0,9096	3,233	0,0000	1,433	0,0002	4,069	0,1742
Pops vs. Genitores	1	313.250	0,2745	4,907	0,0002	0,862	0,0647	8,713	0,0651
Erro	448	261.737		0,348		0,251		2,549	
CV(%)		21,2		19,4		10,5		5,9	
Média		2416 Kg/ha		3,0		4,8		27,1 g	
AS		0,76		0,94		0,84		0,92	

¹BRSMG Madrepérola x CNFC 10429; ²BRSMG Madrepérola x BRS Estilo; ³BRSMG Madrepérola x BRS Cometa; ⁴BRSMG Madrepérola x BRS Notável.

Apêndice D. Limite inferior (LI) e limite superior (LS) da média de produtividade de grãos (kg/ha), escurecimento de grãos (escala de 1 a 5), arquitetura de plantas (escala de 1 a 9) e massa de cem grãos (g) das populações e linhagens das populações, nos três ambientes e na análise conjunta.

Genótipos	Santo Antônio de Goiás		Brasília 1		Brasília 2		Conjunta	
	LI	LS	LI	LS	LI	LS	LI	LS
	Produtividade							
Populações	3.170	6.704	1.046	5.078	1.087	3.386	2.424	4.548
Pop 1	3.170	6.173	1.467	4.421	1.087	3.302	2.424	4.321
Pop 2	3.990	6.704	1.260	5.078	1.566	3.386	2.818	4.522
Pop 3	3.814	6.201	1.367	4.270	1.328	3.201	2.616	4.056
Pop 4	3.471	6.519	1.046	4.627	1.158	3.306	2.473	4.548
	Escurecimento							
Populações	1,0	5,0	1,0	4,5	1,0	5,0	1,2	4,6
Pop 1	1,0	4,0	1,0	4,4	1,0	4,7	1,3	3,8
Pop 2	1,0	4,0	1,0	4,5	1,0	4,3	1,2	4,1
Pop 3	1,0	5,0	1,3	4,5	1,3	5,0	1,4	4,6
Pop 4	1,0	4,7	1,4	4,5	1,3	5,0	1,3	4,3
	Arquitetura							
Populações	3,3	6,3	2,3	6,2	3,3	6,0	3,6	5,9
Pop 1	4,1	6,3	2,5	6,2	3,6	5,7	3,8	5,9
Pop 2	4,4	6,1	2,3	5,9	3,3	5,7	3,6	5,6
Pop 3	3,3	5,9	3,6	6,0	3,3	5,7	3,9	5,5
Pop 4	4,6	6,2	3,4	5,8	3,4	6,0	3,8	5,6
	Massa de 100 grãos							
Populações	19,8	30,2	18,0	30,3	21,2	34,3	20,3	30,9
Pop 1	20,5	29,0	19,7	29,8	21,2	32,0	20,6	30,2
Pop 2	20,6	30,2	18,0	29,9	22,3	34,3	20,7	30,9
Pop 3	20,9	26,9	20,5	28,2	23,3	32,4	22,3	28,8
Pop 4	19,8	28,7	19,4	30,3	21,8	32,2	20,3	29,4

¹BRSMG Madrepérola x CNFC 10429; ²BRSMG Madrepérola x BRS Estilo; ³BRSMG Madrepérola x BRS Cometa; ⁴BRSMG Madrepérola x BRS Notável.

Apêndice E. Estimativas de variância genética (σ_E^2) e herdabilidade (h^2) relativas à produtividade de grãos, escurecimento, arquitetura de plantas e massa de 100 grãos, nos três ambientes.

Genótipos	Santo Antônio		Brasília 1		Brasília 2	
	σ_g^2	h^2	σ_g^2	h^2	σ_g^2	h^2
Produtividade						
Populações	220.136	52,0 (39,4-61,7) ⁵	227.295	65,5 (56,4-72,4)	125.863	59,1 (48,3-67,3)
Pop1 ¹	142.882	41,3 (9,4-59,5)	175.955	59,5 (37,4-72,0)	104.988	54,6 (29,9-68,7)
Pop2 ²	121.085	37,4 (2,9-59,9)	284.914	70,4 (54,0-79,6)	73.240	45,6 (15,7-62,6)
Pop3 ³	213.578	51,3 (24,8-66,4)	192.728	61,6 (40,7-73,5)	117.667	57,4 (34,2-70,6)
Pop4 ⁴	332.829	62,1 (41,7-73,8)	226.493	65,4 (46,7-76,0)	163.896	65,3 (46,6-76,0)
Escurecimento						
Populações	1,08	92,6 (90,6-94,1)	0,57	89,1 (86,3-91,3)	0,94	89,0 (86,1-91,2)
Pop1	0,76	89,8 (84,2-92,9)	0,41	85,4 (77,5-89,9)	0,85	88,0 (81,5-91,7)
Pop2	1,01	92,1 (87,8-94,6)	0,59	89,6 (83,9-92,8)	0,69	85,6 (77,7-90,1)
Pop3	1,34	93,9 (90,7-95,8)	0,65	90,3 (85,1-93,3)	1,07	90,2 (84,9-93,3)
Pop4	1,27	93,6 (90,2-95,6)	0,57	89,2 (83,3-92,5)	1,13	90,7 (85,7-93,6)
Arquitetura						
Populações	0,13	55,9 (44,3-64,8)	0,17	60,7 (50,4-68,6)	0,21	71,0 (63,4-76,9)
Pop1	0,20	66,6 (48,5-77,0)	0,30	72,9 (58,2-81,3)	0,21	71,4 (55,8-80,2)
Pop2	0,08	45,0 (14,7-62,2)	0,15	58,0 (34,8-71,1)	0,20	70,5 (54,3-79,7)
Pop3	0,15	60,3 (38,6-72,6)	0,10	46,3 (17,1-63,0)	0,18	67,9 (50,5-77,9)
Pop4	0,01	12,4 (34,8-39,4)	0,09	44,0 (34,8-61,2)	0,18	68,4 (34,8-78,2)
Massa de 100 grãos						
Populações	3,31	90,5 (88,1-92,4)	3,38	88,4 (85,3-90,7)	4,86	85,1 (81,2-88,1)
Pop1	3,51	91,0 (86,2-93,8)	3,48	87,2 (80,2-91,2)	4,17	83,1 (73,9-88,3)
Pop2	4,67	93,1 (89,3-95,3)	5,54	92,0 (87,5-94,5)	6,59	88,6 (82,3-92,1)
Pop3	2,00	85,3 (77,3-89,8)	3,00	85,2 (77,1-89,8)	3,80	81,7 (71,8-87,4)
Pop4	2,61	88,3 (82,0-91,9)	3,11	85,7 (77,9-90,1)	4,48	84,1 (75,5-89,0)

¹BRSMG Madrepérola x CNFC 10429; ²BRSMG Madrepérola x BRS Estilo; ³BRSMG Madrepérola x BRS Cometa; ⁴BRSMG Madrepérola x BRS Notável; ⁵Limites inferior e superior para herdabilidade ($\alpha=0,05$).

Apêndice F. Média das linhagens da análise conjunta dos três ambientes para produtividade (PROD), arquitetura (ARQ), massa de cem grãos (M100G) e escurecimento (ESC)

Linhagens	População	Médias dos três ambientes			
		PROD	ARQ	M100G	ESC
BRSMG Madrepérola	Genitor	3832.6	5.5	25.3	1.4
CNFC 16684	1	3768.4	4.3	26.0	3.4
CNFC 16685	1	4006.0	3.8	25.5	3.3
CNFC 16686	1	4158.1	4.1	26.0	3.0
CNFC 16687	1	3216.7	4.8	27.2	3.5
CNFC 16688	1	3665.1	5.4	23.9	1.3
CNFC 16689	1	3736.6	5.0	26.9	3.6
CNFC 16690	1	3727.8	5.1	21.7	1.4
CNFC 16691	1	3744.9	4.4	22.6	3.0
BRS Estilo	Genitor	3827.3	4.5	26.7	3.2
CNFC 16692	1	3459.8	5.6	24.3	2.2
CNFC 16693	1	3546.0	5.0	24.7	3.6
CNFC 16694	1	3613.4	4.7	23.7	1.9
CNFC 16695	1	3877.6	3.9	25.7	3.2
CNFC 16696	1	3426.9	4.9	23.0	3.1
CNFC 16697	1	3347.9	5.4	28.0	1.3
CNFC 16698	1	2806.0	4.4	28.3	3.6
CNFC 16699	1	3756.3	4.8	21.8	2.9
CNFC 16700	1	2967.3	4.1	25.9	3.2
BRS Cometa	Genitor	3542.8	4.6	24.8	4.2
CNFC 16701	1	3136.5	5.2	23.2	3.2
CNFC 16702	1	3795.5	5.0	22.8	1.4
CNFC 16703	1	2997.1	5.6	23.7	1.4
CNFC 16704	1	3773.7	4.7	23.3	3.4
CNFC 16705	1	3445.4	4.8	24.5	3.6
CNFC 16706	1	3192.4	4.1	23.9	3.5
CNFC 16707	1	2881.7	5.0	26.3	3.3
CNFC 16708	1	3320.3	4.8	26.2	3.3
CNFC 16709	1	4216.4	4.8	24.7	1.3
BRS Notável	Genitor	3618.0	4.4	24.9	4.3
CNFC 16710	1	3141.2	5.3	24.7	3.0
CNFC 16711	1	3869.6	4.9	25.0	2.7
CNFC 16712	1	3197.9	4.7	24.7	3.5
CNFC 16713	1	3082.0	4.3	20.6	1.7
CNFC 16714	1	3241.0	4.8	24.9	3.8
CNFC 16715	1	3475.1	5.0	28.5	3.5
CNFC 16716	1	3301.9	4.6	25.0	3.4
CNFC 16717	1	3267.2	4.2	24.4	3.3
CNFC 16718	1	3380.0	5.1	27.8	3.7
CNFC 10429	Genitor	3461.8	4.5	25.8	3.0
CNFC 16719	1	3153.3	4.2	25.1	3.4
CNFC 16720	1	3260.9	4.7	23.6	3.4
CNFC 16721	1	3452.7	5.0	23.5	2.9

Continua...

Continua...

Linhasgens	População	Médias dos três ambientes			
		PROD	ARQ	M100G	ESC
CNFC 16722	1	3501.8	4.8	25.7	1.7
CNFC 16723	1	2477.4	5.1	21.4	1.5
CNFC 16724	1	3866.0	4.8	22.5	2.0
CNFC 16725	1	3378.9	4.2	24.1	3.6
CNFC 16726	1	2873.9	5.0	20.7	1.6
CNFC 16727	1	3259.7	4.3	24.1	3.5
CNFC 16728	1	3804.1	5.0	24.2	3.2
CNFC 16729	1	3366.7	5.3	26.6	1.7
CNFC 16730	1	3809.1	4.2	25.7	3.5
CNFC 16731	1	4262.2	4.3	25.3	3.0
CNFC 16732	1	3632.7	5.0	26.3	3.1
CNFC 16733	1	2829.6	5.5	26.0	1.7
CNFC 16734	1	3996.3	5.0	30.2	3.3
CNFC 16735	1	2761.4	5.9	24.1	1.4
CNFC 16736	1	3907.2	4.9	24.5	3.8
CNFC 16737	1	3869.2	4.8	24.1	3.2
CNFC 16738	1	3268.6	5.7	24.3	3.1
CNFC 16739	2	3815.5	4.9	26.7	3.1
CNFC 16740	2	4422.0	4.4	27.2	3.5
CNFC 16741	2	3299.3	5.2	25.3	1.5
CNFC 16742	2	3917.6	5.2	30.1	3.2
CNFC 16743	2	4195.3	4.9	24.8	3.3
CNFC 16744	2	3613.9	4.2	27.6	3.5
CNFC 16745	2	4432.9	3.6	26.7	3.2
CNFC 16746	2	3847.5	4.5	25.2	3.2
CNFC 16747	2	3267.2	4.9	23.6	1.6
CNFC 16748	2	3075.1	5.0	27.9	3.4
CNFC 16749	2	3609.3	4.3	28.0	4.0
CNFC 16750	2	3440.5	5.1	29.4	3.9
CNFC 16751	2	3389.7	4.2	26.0	3.3
CNFC 16752	2	3657.9	4.8	27.4	3.2
CNFC 16753	2	3147.8	4.9	25.2	2.9
CNFC 16754	2	3695.6	5.3	25.9	1.2
CNFC 16755	2	3304.7	4.4	21.4	3.5
CNFC 16756	2	3826.2	4.4	24.7	3.3
CNFC 16757	2	4000.0	5.2	25.1	2.0
CNFC 16758	2	2472.4	5.1	24.0	3.9
CNFC 16759	2	3934.0	5.0	29.9	4.1
CNFC 16760	2	4683.7	4.8	27.9	2.2
CNFC 16761	2	3499.2	4.7	21.1	1.8
CNFC 16762	2	3651.0	5.1	22.9	3.3
CNFC 16763	2	2502.6	5.0	22.2	1.7
CNFC 16764	2	4265.3	3.8	27.2	3.4
CNFC 16765	2	2936.5	5.0	28.6	3.7
CNFC 16766	2	2951.2	4.9	23.7	3.7

Continua...

Continua...

Linhagens	População	Médias dos três ambientes			
		PROD	ARQ	M100G	ESC
CNFC 16767	2	4247.4	4.1	29.7	3.8
CNFC 16768	2	4115.7	5.3	26.8	2.8
CNFC 16769	2	3566.0	5.5	27.1	4.0
CNFC 16770	2	4390.1	4.4	28.4	3.4
CNFC 16771	2	3242.8	5.4	20.7	1.7
CNFC 16772	2	3497.5	5.1	25.8	1.2
CNFC 16773	2	3399.0	5.5	23.6	1.3
CNFC 16774	2	3979.7	5.0	28.2	3.4
CNFC 16775	2	4039.7	5.3	26.4	1.9
CNFC 16776	2	3177.0	4.8	22.9	2.7
CNFC 16777	2	3980.5	5.6	24.4	1.6
CNFC 16778	2	3006.5	5.3	24.3	1.2
CNFC 16779	2	3871.8	5.0	27.4	2.8
CNFC 16780	2	3509.2	5.0	24.9	3.2
CNFC 16781	2	2936.2	4.6	21.2	3.8
CNFC 16782	2	3890.1	5.1	22.7	3.0
CNFC 16783	2	3289.9	4.9	24.5	3.5
CNFC 16784	2	3479.4	5.4	29.3	3.8
CNFC 16785	2	3959.5	5.1	30.9	3.8
CNFC 16786	2	2888.0	5.6	26.0	2.9
CNFC 16787	2	3749.1	4.6	26.2	3.4
CNFC 16788	2	3815.3	5.2	25.7	1.9
CNFC 16789	2	3165.9	5.0	24.9	4.0
CNFC 16790	2	4213.0	4.5	26.8	3.6
CNFC 16791	2	3619.9	4.3	25.4	2.9
CNFC 16792	2	3857.0	4.9	26.1	3.4
CNFC 16793	3	3365.5	4.7	27.1	1.8
CNFC 16794	3	3786.7	4.2	25.0	4.2
CNFC 16795	3	3451.4	5.4	25.3	3.5
CNFC 16796	3	3162.9	5.5	24.2	3.4
CNFC 16797	3	2519.5	4.8	23.2	1.8
CNFC 16798	3	3516.2	4.9	26.2	4.2
CNFC 16799	3	2468.4	4.3	28.8	4.3
CNFC 16800	3	4100.6	4.9	24.7	4.4
CNFC 16801	3	3452.4	5.0	22.8	4.2
CNFC 16802	3	3466.7	4.1	24.9	3.4
CNFC 16803	3	3543.6	5.0	26.4	3.9
CNFC 16804	3	2852.7	5.1	25.5	1.6
CNFC 16805	3	3346.0	4.6	27.3	3.2
CNFC 16806	3	3427.1	4.1	24.1	3.2
CNFC 16807	3	2583.0	5.2	25.6	1.7
CNFC 16808	3	3686.1	5.3	26.6	3.4
CNFC 16809	3	3111.2	4.4	26.5	4.2
CNFC 16810	3	3099.8	4.6	26.7	4.2
CNFC 16811	3	3834.3	5.4	25.6	4.0

Continua...

Continua...

Linhasgens	População	Médias dos três ambientes			
		PROD	ARQ	M100G	ESC
CNFC 16812	3	3309.6	4.6	23.8	3.6
CNFC 16813	3	3333.2	5.0	23.3	1.9
CNFC 16814	3	2810.2	5.0	22.8	3.4
CNFC 16815	3	3538.6	5.2	24.1	4.1
CNFC 16816	3	2813.4	4.3	24.2	3.5
CNFC 16817	3	3710.7	4.7	26.8	2.7
CNFC 16818	3	2884.5	5.4	23.3	1.6
CNFC 16819	3	3067.1	4.9	25.2	2.0
CNFC 16820	3	3426.8	4.5	23.4	2.0
CNFC 16821	3	3165.5	5.1	24.7	2.9
CNFC 16822	3	3286.1	4.4	24.0	3.1
CNFC 16823	3	2543.9	4.5	27.5	3.3
CNFC 16824	3	3005.6	4.8	22.7	1.9
CNFC 16825	3	2715.6	5.1	22.7	1.8
CNFC 16826	3	2817.8	4.7	24.9	2.0
CNFC 16827	3	3880.3	5.1	23.1	1.6
CNFC 16828	3	3459.2	5.5	24.8	3.4
CNFC 16829	3	2724.7	5.5	25.4	1.8
CNFC 16830	3	3607.6	5.2	26.5	1.8
CNFC 16831	3	3217.0	4.2	26.3	1.8
CNFC 16832	3	3285.2	4.4	28.4	2.0
CNFC 16833	3	3244.6	5.3	22.3	1.6
CNFC 16834	3	3156.4	5.0	23.8	4.6
CNFC 16835	3	3203.8	4.5	23.7	3.2
CNFC 16836	3	4264.2	4.8	23.3	4.2
CNFC 16837	3	4146.9	5.2	24.7	3.8
CNFC 16838	3	3663.0	5.1	26.1	1.4
CNFC 16839	3	3943.2	5.0	23.8	3.6
CNFC 16840	3	3202.7	5.0	26.3	3.3
CNFC 16841	3	3303.4	3.9	24.5	3.3
CNFC 16842	3	3423.6	4.7	25.1	4.4
CNFC 16843	3	3483.7	5.2	23.7	1.8
CNFC 16844	3	3082.9	5.5	24.4	1.9
CNFC 16845	3	3110.0	5.3	24.0	3.8
CNFC 16846	3	3537.8	4.9	27.9	2.3
CNFC 16847	3	3794.8	5.1	26.2	3.5
CNFC 16848	4	2751.8	5.2	24.0	2.6
CNFC 16849	4	3279.3	4.5	28.6	1.9
CNFC 16850	4	3865.1	4.8	26.3	3.8
CNFC 16851	4	3083.8	5.2	23.4	4.1
CNFC 16852	4	2663.0	5.0	24.0	1.9
CNFC 16854	4	3648.5	4.5	25.3	3.8
CNFC 16855	4	2279.2	5.3	24.9	3.6
CNFC 16856	4	2936.7	5.0	21.9	1.9
CNFC 16857	4	3295.9	4.6	24.1	1.5

Continua...

Continua...

Linhagens	População	Médias dos três ambientes			
		PROD	ARQ	M100G	ESC
CNFC 16853	4	3154.1	5.0	23.4	4.0
CNFC 16858	4	3029.0	4.8	25.3	4.3
CNFC 16859	4	2586.9	4.5	25.4	4.3
CNFC 16860	4	3992.0	3.8	23.6	4.2
CNFC 16861	4	2887.3	5.1	20.3	1.7
CNFC 16862	4	3718.1	5.1	22.0	1.7
CNFC 16863	4	3397.1	5.0	27.1	4.1
CNFC 16864	4	4020.8	4.9	24.1	3.2
CNFC 16865	4	4371.7	4.7	26.3	4.1
CNFC 16866	4	3991.5	4.9	23.6	1.7
CNFC 16867	4	4088.3	5.1	27.1	4.0
CNFC 16868	4	2990.7	5.3	25.3	1.5
CNFC 16869	4	3498.0	4.7	27.8	3.8
CNFC 16870	4	3878.5	5.2	27.3	3.9
CNFC 16871	4	2319.3	4.9	22.8	1.3
CNFC 16872	4	3772.8	5.2	24.5	1.5
CNFC 16873	4	3465.5	5.0	24.2	2.7
CNFC 16874	4	2742.8	5.3	27.7	3.0
CNFC 16875	4	3104.8	4.8	26.7	3.5
CNFC 16876	4	3154.1	4.7	22.8	2.0
CNFC 16877	4	3882.1	4.8	25.2	2.1
CNFC 16878	4	4125.8	5.6	25.8	3.4
CNFC 16879	4	3687.9	5.0	26.6	3.5
CNFC 16880	4	3016.9	4.8	27.0	4.0
CNFC 16881	4	3881.0	4.7	24.1	1.9
CNFC 16882	4	4222.8	5.4	25.3	1.5
CNFC 16883	4	3441.5	5.2	26.3	3.9
CNFC 16884	4	3331.0	5.6	24.9	3.0
CNFC 16885	4	3118.2	5.4	27.6	3.9
CNFC 16886	4	3183.9	5.3	25.3	3.9
CNFC 16887	4	4974.6	5.2	29.4	3.3
CNFC 16888	4	4066.5	5.5	25.5	3.0
CNFC 16889	4	3177.8	5.4	25.2	3.8
CNFC 16890	4	4517.9	5.2	27.3	3.6
CNFC 16891	4	3217.4	4.6	26.1	4.2
CNFC 16892	4	3892.9	5.5	26.1	3.5
CNFC 16893	4	2904.2	5.3	24.4	2.2
CNFC 16894	4	3476.3	4.9	28.2	3.6
CNFC 16895	4	3901.9	4.3	25.6	3.6
CNFC 16896	4	3728.0	5.5	23.3	1.9
CNFC 16899	4	3898.7	4.8	25.3	3.7
CNFC 16900	4	2784.6	5.6	24.6	1.9
CNFC 16901	4	2927.4	4.9	23.8	2.8
CNFC 16902	4	3876.6	5.2	24.3	1.6
CNFC 16897	4	3741.4	4.8	23.0	3.0

Continua...

Continua...

Linhagens	População	Médias dos três ambientes			
		PROD	ARQ	M100G	ESC
CNFC 16898	4	3416.2	4.6	26.1	3.6
CNFC 16903	4	3127.5	5.3	24.0	1.5

Apêndice G. Médias das linhagens da população BRSMG Madrepérola x BRS Estilo, para tempo de cocção aos 90 dias (TC90) e 180 dias (TC180) após colheita, notas de escurecimento de grãos obtidas por indução ao escurecimento prolongado e resultado do escurecimento de grãos pelo teste de escurecimento acelerado, avaliados em Brasília, safra de inverno de 2012.

Genótipo	TC90	TC180	Escurecimento prolongado	Escurecimento acelerado
BRSMG Madrepérola	24.2	24.4	1.0	Escurecimento lento
BRS Estilo	28.7	27.3	3.0	Escurecimento normal
CNFC 16739	20.5	33.0	3.0	Escurecimento normal
CNFC 16740	24.4	31.9	3.0	Escurecimento normal
CNFC 16741	20.9	24.7	2.0	Escurecimento normal
CNFC 16742	17.1	31.6	3.0	Escurecimento normal
CNFC 16743	19.5	26.9	3.0	Escurecimento normal
CNFC 16744	21.5	28.4	3.0	Escurecimento normal
CNFC 16745	20.8	26.7	3.0	Escurecimento normal
CNFC 16746	19.5	20.9	3.5	Escurecimento normal
CNFC 16747	19.6	24.1	2.5	Escurecimento lento
CNFC 16748	16.8	28.9	3.0	Escurecimento normal
CNFC 16749	21.4	24.8	3.5	Escurecimento normal
CNFC 16750	20.7	26.2	4.0	Escurecimento normal
CNFC 16751	19.1	29.2	3.0	Escurecimento normal
CNFC 16752	26.1	27.5	3.5	Escurecimento normal
CNFC 16753	17.5	23.5	1.5	Escurecimento normal
CNFC 16754	23.6	31.9	1.0	Escurecimento lento
CNFC 16755	19.3	28.0	3.5	Escurecimento normal
CNFC 16756	19.1	26.8	3.0	Escurecimento normal
CNFC 16757	20.3	29.6	4.0	Escurecimento lento
CNFC 16758	27.0	38.2	4.0	Escurecimento normal
CNFC 16759	18.2	26.2	4.0	Escurecimento normal
CNFC 16760	19.2	23.2	2.0	Escurecimento lento
CNFC 16761	21.6	27.5	2.0	Escurecimento lento
CNFC 16762	24.1	36.2	3.5	Escurecimento normal
CNFC 16763	22.4	34.5	2.0	Escurecimento lento
CNFC 16764	30.8	42.0	3.5	Escurecimento normal
CNFC 16765	19.8	25.1	4.0	Escurecimento normal
CNFC 16766	27.5	41.8	3.5	Escurecimento normal
CNFC 16767	17.7	24.9	4.0	Escurecimento normal
CNFC 16768	24.0	38.6	2.0	Escurecimento normal
CNFC 16769	23.7	27.7	3.5	Escurecimento normal
CNFC 16770	20.6	30.4	3.0	Escurecimento normal
CNFC 16771	16.6	22.5	1.5	Escurecimento lento
CNFC 16772	20.7	30.6	1.5	Escurecimento lento

Continua...

Continua...

Genótipo	Cocção 90 DAC	Cocção 180DAC	Escurecimento prolongado	Escurecimento acele- rado
CNFC 16773	21.3	31.0	1.5	Escurecimento lento
CNFC 16774	17.9	30.6	3.0	Escurecimento normal
CNFC 16775	22.0	22.7	2.0	Escurecimento lento
CNFC 16776	22.7	30.9	3.0	Escurecimento normal
CNFC 16777	23.9	23.7	2.0	Escurecimento normal
CNFC 16778	22.4	34.5	1.5	Escurecimento lento
CNFC 16779	21.4	27.7	4.0	Escurecimento normal
CNFC 16780	19.7	22.9	3.0	Escurecimento normal
CNFC 16781	20.1	26.3	3.5	Escurecimento normal
CNFC 16782	22.3	27.2	3.0	Escurecimento normal
CNFC 16783	20.3	24.2	3.5	Escurecimento normal
CNFC 16784	18.1	22.1	3.5	Escurecimento normal
CNFC 16785	18.4	23.2	3.5	Escurecimento normal
CNFC 16786	21.9	29.3	2.5	Escurecimento normal
CNFC 16787	24.4	30.9	3.0	Escurecimento lento
CNFC 16788	19.4	28.6	2.5	Escurecimento lento
CNFC 16789	14.9	24.7	4.0	Escurecimento normal
CNFC 16790	21.0	31.1	4.0	Escurecimento normal
CNFC 16791	22.4	30.6	3.0	Escurecimento normal
CNFC 16792	23.9	32.5	3.5	Escurecimento normal

Apêndice H. Médias das linhagens da população BRSMG Madrepérola x BRS Cometa, para tempo de cocção aos 90 dias (TC90) e 180 dias (TC180) após colheita, notas de escurecimento de grãos obtidas por indução ao escurecimento prolongado e resultado do escurecimento de grãos pelo teste de escurecimento acelerado, avaliados em Brasília, safra de inverno de 2012.

Genótipos	TC90	TC180	Escurecimento prolongado	Escurecimento acelerado
BRSMG Madrepérola	24.2	24.4	1.0	Escurecimento lento
BRS Cometa	36.1	36.6	3.5	Escurecimento normal
CNFC 16793	19.5	24.3	2.0	Escurecimento lento
CNFC 16794	19.8	21.9	4.0	Escurecimento normal
CNFC 16795	15.3	24.5	3.0	Escurecimento normal
CNFC 16796	17.8	26.2	3.0	Escurecimento normal
CNFC 16797	20.1	20.3	2.0	Escurecimento lento
CNFC 16798	17.0	22.6	4.0	Escurecimento normal
CNFC 16799	20.0	26.2	4.0	Escurecimento normal
CNFC 16800	19.7	22.6	4.0	Escurecimento normal
CNFC 16801	17.5	23.0	4.0	Escurecimento normal
CNFC 16802	16.8	20.4	3.0	Escurecimento normal
CNFC 16803	14.0	19.5	4.0	Escurecimento normal
CNFC 16804	20.7	30.6	2.0	Escurecimento lento
CNFC 16805	18.4	32.1	3.0	Escurecimento lento
CNFC 16806	26.8	30.4	3.0	Escurecimento normal
CNFC 16807	20.7	27.8	2.0	Escurecimento lento
CNFC 16808	16.0	18.4	3.0	Segregando
CNFC 16809	17.0	24.0	4.0	Escurecimento normal
CNFC 16810	25.3	21.3	4.0	Escurecimento normal
CNFC 16811	23.8	30.5	4.0	Escurecimento normal
CNFC 16812	18.0	22.4	4.0	Escurecimento normal
CNFC 16813	23.7	21.6	2.0	Escurecimento lento
CNFC 16814	23.3	24.6	3.5	Escurecimento normal
CNFC 16815	17.9	24.1	3.5	Escurecimento normal
CNFC 16816	23.1	26.1	4.0	Segregando
CNFC 16817	16.8	23.1	2.5	Escurecimento lento
CNFC 16818	22.6	25.5	2.0	Escurecimento lento
CNFC 16819	22.4	35.6	2.0	Escurecimento lento
CNFC 16820	25.0	34.0	3.0	Escurecimento lento
CNFC 16821	12.2	16.2	3.0	Escurecimento lento
CNFC 16822	22.9	28.4	2.0	Escurecimento normal
CNFC 16823	22.3	18.4	3.0	Escurecimento normal
CNFC 16824	19.0	23.1	2.0	Escurecimento lento
CNFC 16825	19.2	22.3	2.0	Escurecimento lento
CNFC 16826	19.0	25.8	2.0	Escurecimento lento

Continua...

Continua...

Genótipos	Cocção 90 DAC	Cocção 180 DAC	Escurecimento prolongado	Escurecimento acelerado
CNFC 16827	20.6	26.0	2.0	Escurecimento lento
CNFC 16828	19.6	20.8	3.5	Escurecimento normal
CNFC 16829	28.7	36.8	2.0	Escurecimento lento
CNFC 16830	20.7	22.8	2.0	Escurecimento normal
CNFC 16831	20.6	29.1	1.5	Escurecimento lento
CNFC 16832	18.4	26.3	2.0	Escurecimento lento
CNFC 16833	22.8	28.0	1.5	Escurecimento lento
CNFC 16834	15.1	20.6	4.0	Escurecimento normal
CNFC 16835	13.5	23.1	3.0	Escurecimento normal
CNFC 16836	19.0	25.1	4.0	Escurecimento normal
CNFC 16837	13.0	22.1	4.0	Escurecimento normal
CNFC 16838	15.1	22.8	2.0	Escurecimento lento
CNFC 16839	17.5	19.3	3.0	Escurecimento normal
CNFC 16840	30.8	22.8	4.0	Escurecimento lento
CNFC 16841	21.6	30.4	3.0	Escurecimento normal
CNFC 16842	18.3	25.6	4.0	Escurecimento normal
CNFC 16843	19.1	22.5	2.5	Escurecimento lento
CNFC 16844	26.6	29.7	2.5	Escurecimento lento
CNFC 16845	19.9	21.2	3.5	Escurecimento normal
CNFC 16846	17.6	24.6	2.5	Escurecimento lento
CNFC 16847	18.5	25.2	3.5	Escurecimento normal